

# Caracterización de la variación natural en las raíces del género *Mammillaria*

González Sánchez, J.J.<sup>1,2</sup>; Lara González, J.A.<sup>1,3</sup>; Santiago Sandoval, I.<sup>1,2</sup>; Colchado López, G.J.<sup>1,2\*</sup> y Rosas, U.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratorio de Biología de Raíces, Jardín Botánico, IB-UNAM. <sup>2</sup>Posgrado en Ciencias Biológicas, IB-UNAM. <sup>3</sup>FES Iztacala, UNAM.

<sup>4</sup>Facultad de Ciencias, UNAM. \*Presentador del cartel. Contacto: [jcl.irimitekua@ciencias.unam.mx](mailto:jcl.irimitekua@ciencias.unam.mx)



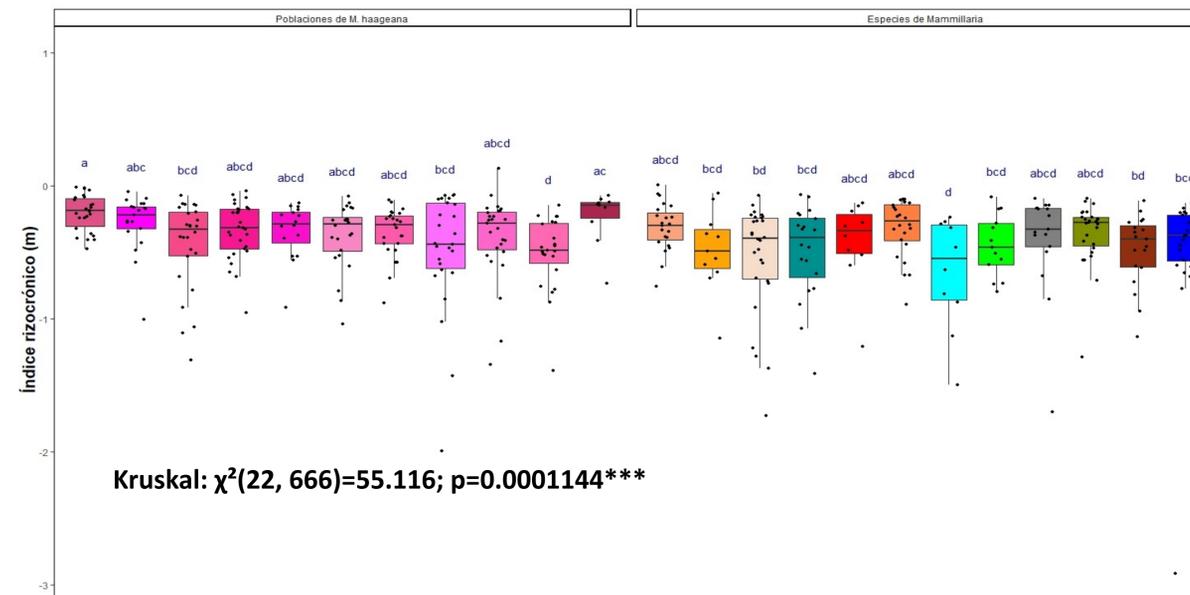
## Introducción

El estudio de la variación en la morfología y geometría de las raíces (arquitectura de la raíz, AR) es importante para conocer la ecología y evolución subaérea de las plantas. Existen modelos alométricos (integrativos) para estudiar la AR, como el “índice rizocrónico” que relaciona la elongación lateral con la primaria. Además, existen análisis multivariados (ej. correlaciones) que describen patrones entre distintos fenotipos. En este trabajo, preliminar de un artículo en proceso sobre la variación micro- y macroevolutiva, presento ambos métodos aplicados a describir la raíz de especies de *Mammillaria* y poblaciones de *M. haageana* (fig. 1).



Figura 1. Sitios de muestreo de las 11 poblaciones de *Mammillaria haageana*. Para las especies, se utilizaron semillas previamente colectadas por distintos investigadores.

## Resultados



### Análisis alométrico

Figura 2. Valores de índice rizocrónico (*m*) para poblaciones (tonos rosas) y especies.

El análisis alométrico exhibe diferencias en los patrones de elongación lateral/principal entre los genotipos (Kruskal:  $p < 0.001$ \*\*\*).

Prueba post-hoc de Dunn generó 7 grupos estadísticos. No hay estructura taxonómica entre los genotipo. Estrategias similares se exploran a nivel microevolutivo y entre especies.

### Análisis multivariado

Figura 3. Correlación para distintos atributos de la raíz. Fenograma refleja poblaciones (♦), especies de la serie *Supertexta* (●) y otras series (▲). Heatmap construido a partir de medianas por genotipo.

El análisis multivariado muestra la existencia de 5 grupos (‘clústeres’) de AR. Globalmente, existe un cúmulo de atributos que distinguen a la especie *M. haageana* (clúster 3). Algunas poblaciones, sin embargo, exploran arquitecturas de otras especies tanto serie *Supertexta* como fuera (clúster 1).

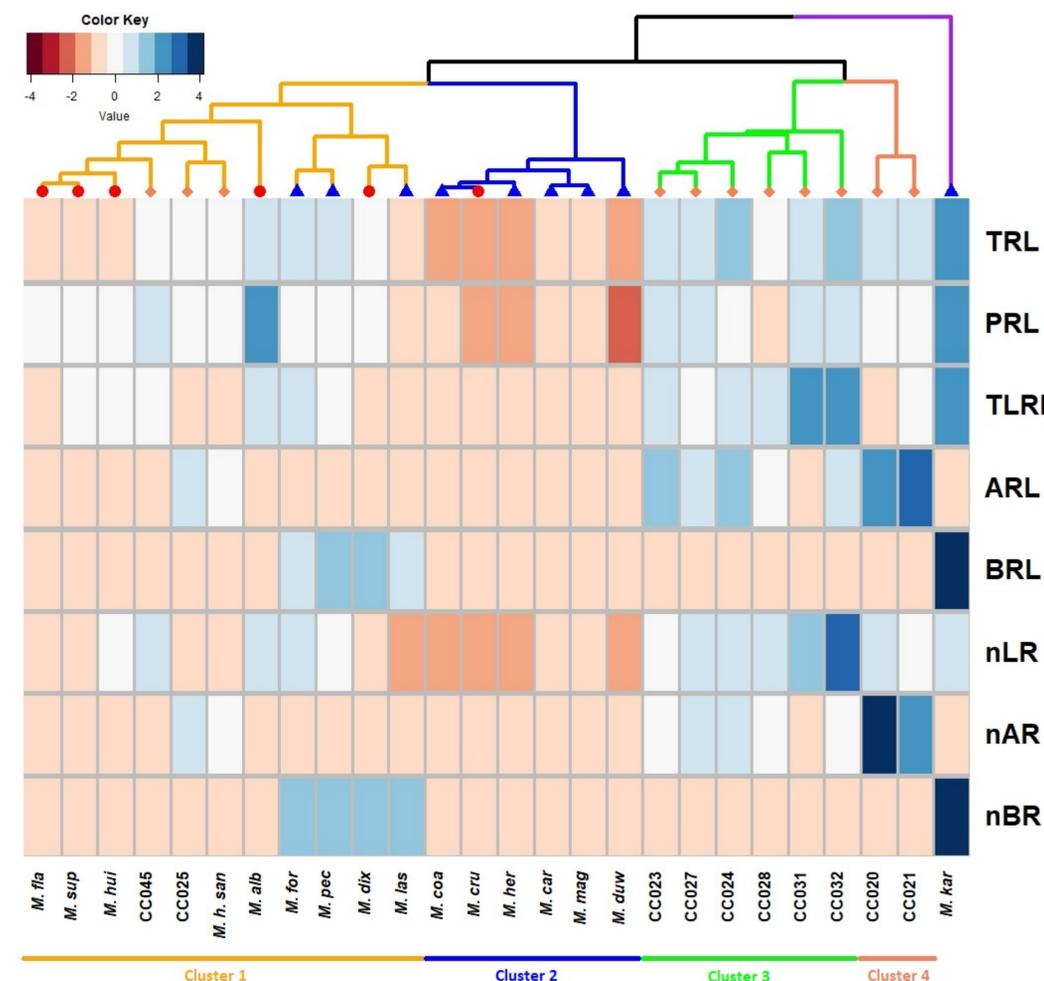
Este análisis sugiere un solapamiento entre la variación intra- e interespecífica. Aún así, existe un prototipo distintivo de la AR en poblaciones de *M. haageana*.

## Conclusiones

El uso de estrategias alométricas y multivariadas otorgan información complementaria para estudiar la variación de AR a distintos niveles taxonómicos.

## Agradecimientos

PAPIIT – Fondos IA200217 y IN211319. Compañeros del Laboratorio de Raíces.



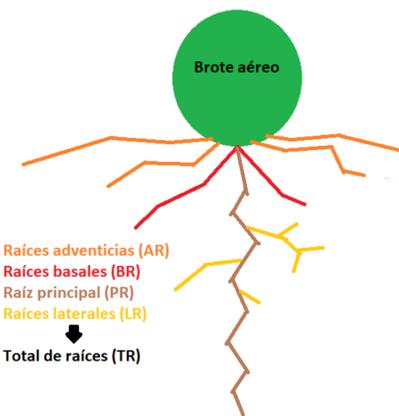
## Método



Siembra de semillas y germinación en incubadora (n=22-30). 11 poblaciones, 12 especies



Escaneo de placas. EPSON V600. 600 dpi



Cuantificación de atributos. Longitud (mm) y número. Plataforma ImageJ (NIH).

Índice rizocrónico: función propia  
 Boxplots: paquetería ‘ggplot2’  
 Prueba Kruskal: paquetería ‘agricolae’  
 Prueba de Dunn (BH): paquetería ‘rcompanion’  
 Dendrograma: paquetería ‘dendextend’  
 Heatmap: paquetería ‘gplots’

Todos los scripts disponibles al contacto\*



Procesamiento de datos y visualización. Etapa: 128 días después de la germinación