



**La importancia de los Atlas Biogeográficos para la conservación de la biodiversidad.**

Juan J. Morrone  
Museo de Zoología  
Facultad de Ciencias  
UNAM  
Apdo. Postal 70-399  
04510 México D.F.  
MÉXICO  
jjm@hp.fciencias.unam.mx

*Hacia un Proyecto CYTED para el Inventario y Estimación de la Diversidad Entomológica en Iberoamérica: PrIBES 2000.*  
Martín-Piera, F., J.J. Morrone & A. Melic (Eds.)  
ISBN:  
**m3m. Monografías Tercer Milenio**  
vol. 1, SEA, Zaragoza, 2000  
pp.: 69 - 78.

**PrIBES 2000:**  
**Proyecto CYTED para Iberoamérica de Entomología Sistemática.**  
<http://entomologia.rediris.es/pribes2000>  
Coordinador del proyecto :  
Dr. Fermín Martín-Piera  
Dpto. Biodiversidad y Biología Evolutiva  
Museo Nacional Ciencias Naturales-CSIC  
c/. José Gutiérrez Abascal, 2  
28006 Madrid (ESPAÑA)  
fermin@mncn.csic.es

Coeditores del volumen:  
**Sociedad Entomológica Aragonesa (SEA),**  
<http://entomologia.rediris.es/sea>  
Avda. Radio Juventud, 6  
50012 Zaragoza (ESPAÑA)  
Director Publicaciones: Antonio Melic  
amelic@retemail.es

**CYTED—** Programa Iberoamericano de Ciencia y Tecnología para el Desarrollo.  
Coordinador Internacional:  
Dr. Gonzalo Halffter.  
Instituto de Ecología  
2,5 km antigua Ctra. a Coatepec  
Apdo. Correos, 63  
Xalapa 9100, Veracruz (MÉXICO).

Con la colaboración del  
**Instituto HUMBOLDT**  
COLOMBIA

## LA IMPORTANCIA DE LOS ATLAS BIOGEOGRÁFICOS PARA LA CONSERVACIÓN DE LA BIODIVERSIDAD

Juan J. Morrone

### Resumen:

A pesar de que los inventarios globales de la biota mundial podrían parecer un curso de acción apropiado para la conservación de la biodiversidad, el tiempo requerido para coleccionar y documentar todos los taxones sobrepasaría la actual infraestructura taxonómica. Se ha sugerido que los métodos panbiogeográficos y biogeográficos cladísticos pueden ser herramientas útiles para la biología de la conservación. Se presentan brevemente algunos métodos biogeográficos, como el análisis de trazos, el análisis de parsimonia de endemismos y la biogeografía cladística, y se discute su aplicación a la conservación de la biodiversidad. Se propone que los atlas biogeográficos, incluyendo trazos, áreas de endemismo y cladogramas de áreas, son un medio apropiado para contribuir a la conservación de la biodiversidad.

**Palabras Clave:** Biodiversidad, Biogeografía, Atlas, Conservación.

### The importance of biogeographic atlases for biodiversity conservation

#### Abstract:

Although global inventories of the world's biota may represent an appropriate action for the preservation of biodiversity, the time required to both survey and document all taxa would outstrip current taxonomic expertise. It has been suggested that panbiogeographic and cladistic biogeographic methods can be useful tools for conservation biology. Some biogeographic methods, namely track or panbiogeographic analysis, parsimony analysis of endemism, and cladistic biogeography, are briefly presented and their application to biodiversity conservation is discussed. Biogeographic atlases encompassing tracks, areas of endemism, and area cladograms are proposed as a mean to contribute to biodiversity conservation.

**Key words:** Biodiversidad, Biogeografía, Atlas, Conservación.

### INTRODUCCIÓN

El fin del segundo milenio ha traído consigo una profunda crisis de la biodiversidad, en que millones de especies están desapareciendo de la superficie de la tierra a un ritmo acelerado. Las consecuencias de esta pérdida son desconocidas, aunque algunos indicios permiten suponer que su impacto sería altamente negativo. Para permitir la adecuada conservación y uso sustentable de la biodiversidad, es preciso evaluarla, tanto a nivel específico como de ecosistemas. Pese a que la conservación es un objetivo común de muchos biólogos, cuánto podemos rescatar de esta biodiversidad de la destrucción es más materia de optimismo que de certidumbre.

Podemos considerar a los patrones de la biodiversidad como un fenómeno esencialmente espacial, pues diferentes áreas del planeta poseen distintos niveles de representación de especies y taxones supraespecíficos. Por ello, resulta imprescindible desarrollar programas que documenten dichos patrones a diferentes escalas espaciales (Morrone, 1999a). La biogeografía es la disciplina encargada de analizar e interpretar los patrones de distribución de los seres vivos, por lo que está destinada a cumplir un importante papel en la conservación de la biodiversidad. La elaboración de atlas biogeográficos, empleando métodos panbiogeográficos y cladísticos, permitiría documentar de manera eficiente los patrones de la diversidad biológica, con miras a su conservación y uso sustentable (Morrone y Espinosa, 1998).

Un Atlas Biogeográfico constituye la síntesis de los patrones de distribución de taxones de un país o área biogeográfica, representada por trazos, áreas de endemismo y cladogramas de áreas (Espinosa y Llorente, 1993; Morrone *et al.*, 1996). Los Atlas proporcionan información relacionada con la identificación de centros de diversidad y la importancia relativa que los mismos poseen, la cual puede llegar a ser clave para determinar prioridades en la selección de áreas para su conservación y el uso sustentable de diferentes ecosistemas. Además permiten identificar áreas y/o grupos taxonómicos que merecen estudios más detallados, maximizando el potencial científico que pueda tener su investigación en el futuro, y también integrar otros tipos de datos (ecológicos, geológicos, urbanísticos, etc.).

## MARCO TEÓRICO

Durante los últimos dos siglos los taxónomos hemos generado una enorme cantidad de información relacionada con la biodiversidad, la cual podría llegar a ser crítica para el desarrollo de una evaluación integral de la misma. Sin embargo, y aunque parezca irónico, en el preciso momento en que la biodiversidad se ha convertido en una preocupación tan importante, la sistemática recibe globalmente cada vez menos soporte económico. Así vemos día a día cómo disminuyen los cargos de conservadores en los más importantes museos del mundo y la taxonomía se convierte en una actividad académica secundaria. Esta negligencia seguramente habrá de llevar a una pérdida de valioso material biológico.

Los estudios de biodiversidad usualmente se limitan a coleccionar organismos, con el objeto de confeccionar listas de las especies de un área o región determinada. A través de los Atlas Biogeográficos, la biodiversidad se trata como un complejo espacio-temporal, analizable y documentable mediante mapas biogeográficos. Esto es una diferencia básica con el enfoque biogeográfico tradicional, que reconoce que las entidades biológicas viven en ambientes determinados (ecosistemas, biomas o áreas biogeográficas), los cuales son 'contenedores' de dicha biodiversidad y no están directamente sujetos a documentación y análisis.

La biodiversidad tiene una distribución espaciotemporal tanto en su evolución como en su existencia actual. El desafío para la biología de la conservación es documentar este carácter espacio-temporal, para representar la estructura evolutiva de la biodiversidad, a través de un sistema de clasificación natural. En este contexto, el concepto de 'natural' es el mismo que en la sistemática, es decir que implica la monofilia de las unidades estudiadas. Sólo a través de la incorporación del concepto de 'naturalidad' será posible proveer un fundamento científico para establecer prioridades para la conservación. De allí que la biodiversidad se relacione íntimamente con la Biogeografía (Grehan, 1993; Morrone y Espinosa, 1998).

Desde el inicio de las exploraciones modernas, los biólogos se han enfrentado con el problema de representar en una mapa la biodiversidad. Los primeros esfuerzos se desarrollaron en forma de esquemas, que asignaban los organismos a determinadas áreas de endemismo. Los esfuerzos pioneros de Buffon (1761) y de Candolle (1820) por tabular a los seres vivos en una clasificación biogeográfica, fueron transferidos a la biología por Darwin y Wallace (Nelson y Platnick, 1981). Así, el mundo fue dividido en áreas diferentes, cada una con una diversidad propia, resultado del proceso evolutivo. Sin embargo, el escaso conocimiento de la biodiversidad en el siglo pasado hizo muchas veces que se enfatizaran más el aislamiento y las diferencias que las conexiones entre las biotas.

Nuevos desarrollos teórico-metodológicos en la biología comparada, tales como la sistemática filogenética de Willi Hennig (1966) y la panbiogeografía de Léon Croizat (1958, 1964), han permitido que se prestara una creciente atención a la influencia de procesos geotectónicos en la evolución espacial de la biodiversidad (Nelson y Platnick, 1981; Wiley, 1987, 1988; Humphries y Parenti, 1986; Morrone y Crisci, 1990, 1995; Espinosa y Llorente, 1993).

## MARCO METODOLÓGICO

Las clasificaciones naturales requieren de un concepto de homología que agrupe a las entidades de acuerdo con su historia, es decir que dichas entidades deberían ser monofiléticas. En la sistemática, este proceso de descubrimiento se lleva

a cabo a través de las sinapomorfias, las cuales, se hipotetiza que estaban presentes en el ancestro del taxón estudiado. En la biogeografía, la aplicación intuitiva de la homología, generalmente en el pasado, se limitó a establecer relaciones de similitud global entre áreas geográficas o unidades geopolíticas, las que muchas veces resultan ser artefactos. Estos sistemas de clasificación, que van desde reinos o regiones hasta biomas, provincias y distritos, no proveen una clasificación natural en el sentido de la sistemática filogenética. En los atlas biogeográficos, los métodos panbiogeográficos y cladísticos permiten aplicar el concepto de homología espacial, al delimitar áreas biogeográficas "naturales", es decir sustentadas por especies endémicas compartidas (Morrone y Espinosa, 1998).

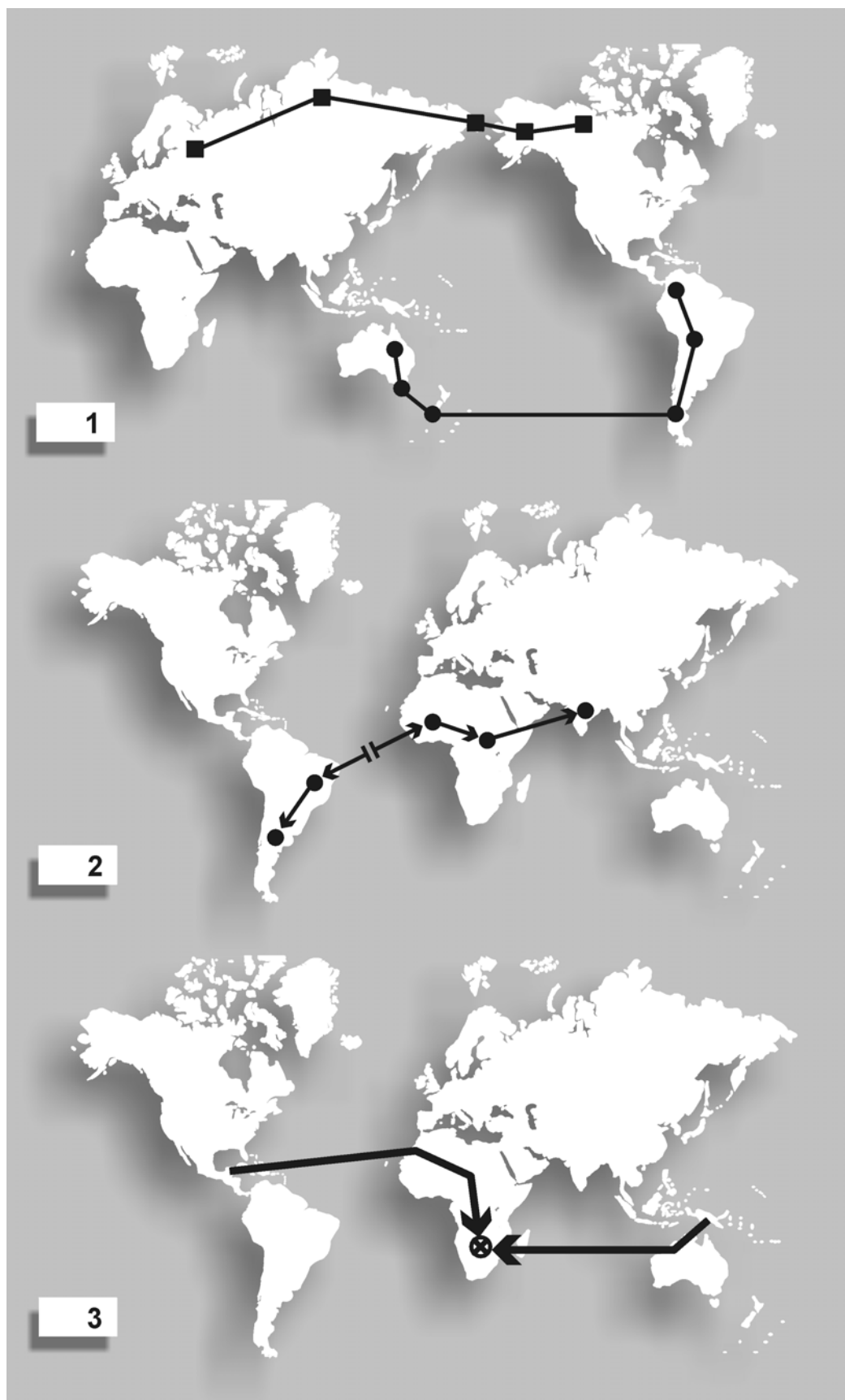
## Análisis panbiogeográfico

El desarrollo de un sistema para representar distribuciones en mapas comenzó a desarrollarse en la década de 1950, a partir de los trabajos pioneros de Léon Croizat (1952, 1958, 1964), quien estableció un método objetivo para representar la geometría espacial de la diversidad. Las distribuciones comprenden localidades, que pueden ser representadas gráficamente en forma de símbolos. Sin embargo, estas localidades en sí mismas no representan el componente espacial de la diversidad y, por ello, no son susceptibles de análisis. La manera en que Croizat resolvió este problema fue uniendo esas localidades disjuntas mediante líneas, denominadas trazos ('tracks'). Los trazos individuales se obtienen conectando las localidades de distribución de un taxón de cualquier rango que se hallen más cercanas entre sí, de modo que el total posea una distancia mínima (Fig. 1). La elección del criterio de la mínima distancia se basa en el criterio metodológico de la parsimonia, y su objetivo es reducir el número de hipótesis *ad hoc* necesario para explicar las disyunciones a gran distancia, eliminando otras conexiones alternativas.

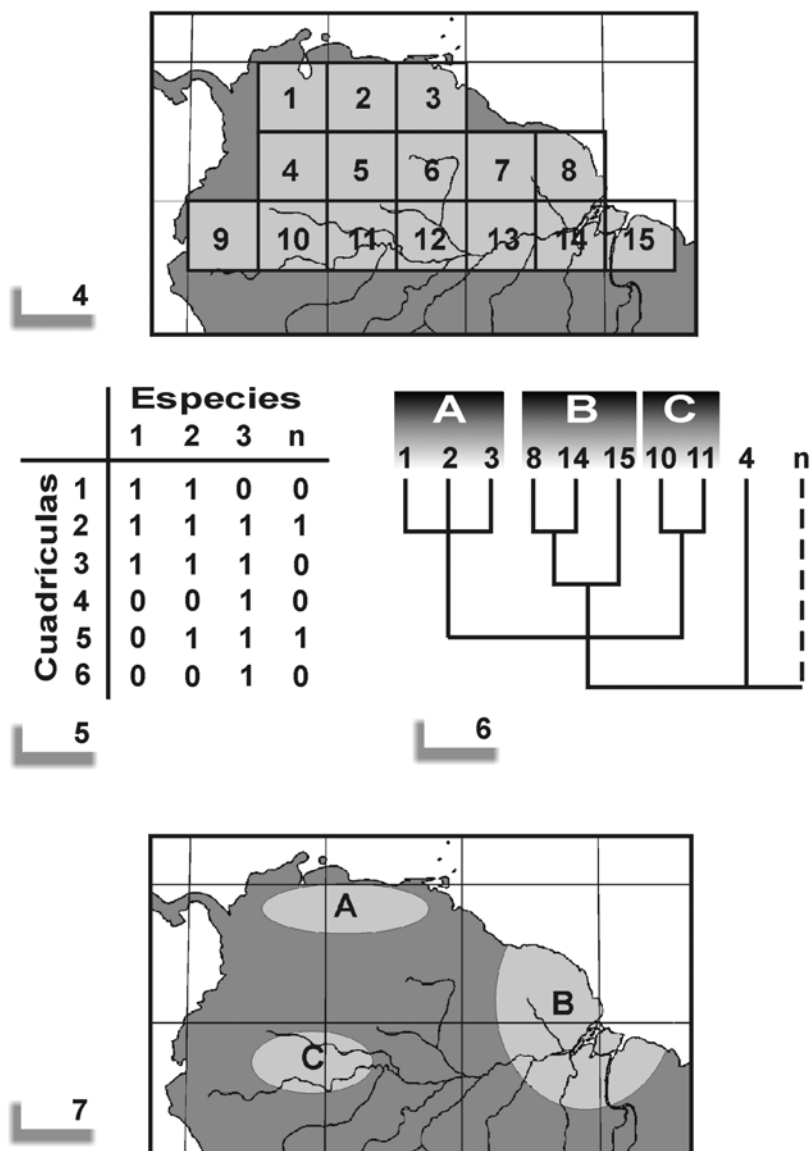
Los trazos individuales se clasifican de acuerdo a su correlación espacial con caracteres geológicos o geomorfológicos asociados con la historia de la tierra: fallas de transformación, zonas de suturas entre diferentes placas tectónicas, plataformas oceánicas, etc. Esta correlación representa el concepto de línea de base ('baseline'). La asignación de la línea de base (Fig. 2) se determina por algún atributo geotectónico cruzado por el trazo individual. Esta correlación no proporciona automáticamente evidencia de conexión histórica entre las áreas involucradas, sino que provee una hipótesis biogeográfica, análoga a una sinapomorfia en sistemática.

En casos complejos, la distribución geográfica puede ser insuficiente para asignar una línea de base, por ejemplo si el rango de distribución es adyacente a más de un atributo que podría ser considerado como una línea de base. En estos supuestos, se puede 'preferir' la línea de base que se superpone con el centro de masas ('main massing'), que es el sitio de mayor concentración de diversidad taxonómica, genética o ecológica. También es posible emplear información filogenética, conectando las localidades entre sí de acuerdo con las relaciones filogenéticas de los taxones que integran el trazo, de modo semejante a la aplicación de la regla de la progresión corológica en la biogeografía filogenética de Hennig y Brundin.

Cuando los trazos individuales de diferentes taxones coinciden, determinan trazos generalizados (Fig. 3), que indican biotas ancestrales, ampliamente distribuidas en el pasado y fragmentadas por eventos físicos (Morrone y Crisci, 1995).



**Figs. 1-3.** Análisis panbiogeográfico. **1.** Trazos no orientados; **2.** Trazo orientado con una línea de base en el Océano Atlántico; **3.** Trazos generalizados y nodo.



**Figs. 4-7.** Identificación de áreas de endemismos. 4. Mapa con cuadrículas; 5. Matriz de cuadrículas x especies (representación parcial); 6. Cladograma de consenso obtenido a partir de la matriz (representación parcial); 7. Superposición de las distribuciones de las especies de cada clado.

Las localidades o áreas donde se intersectan diferentes trazos generalizados se denominan nodos (Fig. 3). Estos nodos son significativos para la biodiversidad y pueden equivaler a los 'hot spots'. Sin embargo, a diferencia de ellos, los nodos no poseen sólo una alta riqueza taxonómica, sino que también poseen diversidad de relaciones geográficas y filogenéticas. Al respecto, cabe comentar que es posible la complementación de la identificación de nodos con el cálculo de índices filogenéticos a partir de los taxones para los que se cuenta con hipótesis cladísticas (Morrone, 1999b).

#### Identificación de áreas de endemismo

El área de distribución de un taxón es el espacio geográfico que el mismo ocupa. Los datos a partir de los cuales reconocemos un área de distribución son las localidades donde el mismo ha sido registrado. Para delinearla simplemente debemos encerrar dichas localidades de registro mediante una

línea. Para ello, podremos ayudarnos con cartografía digitalizada y emplear sistemas de información geográfica.

Un área de endemismo se define a partir de la superposición de las áreas de distribución de dos o más taxones diferentes (Morrone, 1994). Müller (1973) consideró que deberían darse tres condiciones para la identificación de áreas de endemismo: (1) las áreas de distribución de las especies analizadas deben ser relativamente menores en relación con el área en estudio; (2) las áreas de distribución deben ser apropiadamente conocidas; y (3) la validez de las especies no debería estar en disputa. Luego de cumplidas estas condiciones, las áreas de endemismo simplemente se hallan superponiendo las áreas de distribución. Morrone (1994) propuso un método cuantitativo para identificar áreas de endemismo, basado en el análisis de parsimonia de endemismos de Rosen (1988), que emplea conjuntos monofiléticos de cuadrículas cartográficas para elegir las especies que van a ser superpues-

tas en la determinación de las áreas de endemismo (para una aplicación véase Posadas, 1996).

Los pasos del método son los siguientes (Figs. 4-7):

1. Dibujar una cuadrícula en el mapa del área a estudiar (Fig. 4).
2. Construir una matriz 'r x c', donde 'r' representen las cuadrículas y 'c' las especies, donde la entrada sea '1' si la especie está presente en la cuadrícula y '0' si está ausente en la misma (Fig. 5). Para enraizar el cladograma se utiliza un área codificada con todos '0'.
3. Aplicar un programa de parsimonia a la matriz de datos y obtener el cladograma correspondiente (Fig. 6). Si se obtuviera más de un cladograma, obtener el árbol de consenso estricto.
4. Definir en el cladograma los grupos de cuadrículas definidos por al menos dos especies cada uno.
5. Superponer las distribuciones de las especies que definen cada grupo de cuadrículas, con el fin de delinear los límites de cada área de endemismo (Fig. 7).

### Análisis biogeográfico cladístico

La biogeografía cladística emplea información sobre relaciones cladísticas entre organismos y su distribución geográfica para proponer hipótesis sobre relaciones entre áreas de endemismo (Morrone y Crisci, 1995; Enghoff, 1996; Morrone, 1997). Un análisis biogeográfico cladístico básicamente comprende tres pasos sucesivos: (1) la construcción de cladogramas taxonómicos de áreas, a partir de los cladogramas de dos o más taxones diferentes; (2) la obtención de cladogramas resueltos de áreas a partir de los cladogramas taxonómicos de áreas; y (3) la obtención de cladogramas generales de áreas, a partir de los cladogramas resueltos de áreas.

**Cladogramas taxonómicos de áreas.** Los cladogramas taxonómicos de áreas se obtienen simplemente reemplazando en los cladogramas de los distintos taxones analizados, el nombre de cada taxón terminal por el área de endemismo donde éste se distribuye (Figs. 8-10).

**Cladogramas resueltos de áreas.** La construcción de cladogramas taxonómicos de áreas es simple si cada taxón es endémico de una única área y si cada área posee un único taxón, pero se complica cuando los cladogramas incluyen taxones ampliamente distribuidos, distribuciones redundantes y áreas. En estos casos, los cladogramas taxonómicos de áreas deben ser convertidos en cladogramas resueltos de áreas, aplicando los supuestos 0, 1 y 2 (Nelson y Platnick, 1981; Wiley, 1987, 1988; Zandee y Roos, 1987; Morrone, 1997). Estos supuestos no son mutuamente excluyentes, ya que sería posible tratar los taxones ampliamente distribuidos bajo un supuesto y las distribuciones redundantes bajo otro (Enghoff, 1996).

Cuando alguno de los taxones terminales de un cladograma taxonómico de áreas se encuentra en dos o más de las áreas en estudio (Figs. 11-13), hablamos de taxones ampliamente distribuidos (Nelson y Platnick, 1981). Bajo el supuesto 0 (Zandee y Roos, 1987), las áreas habitadas por un taxón ampliamente distribuido son consideradas como un grupo monofilético en el cladograma resuelto de áreas, es decir que dicho taxón es tratado como una sinapomorfia de las áreas. Bajo el supuesto 1, las áreas habitadas por el taxón ampliamente distribuido pueden constituir un grupo mono o parafilético al construir los cladogramas resueltos de áreas. Bajo el supuesto 2, sólo una de las ocurrencias es considerada como

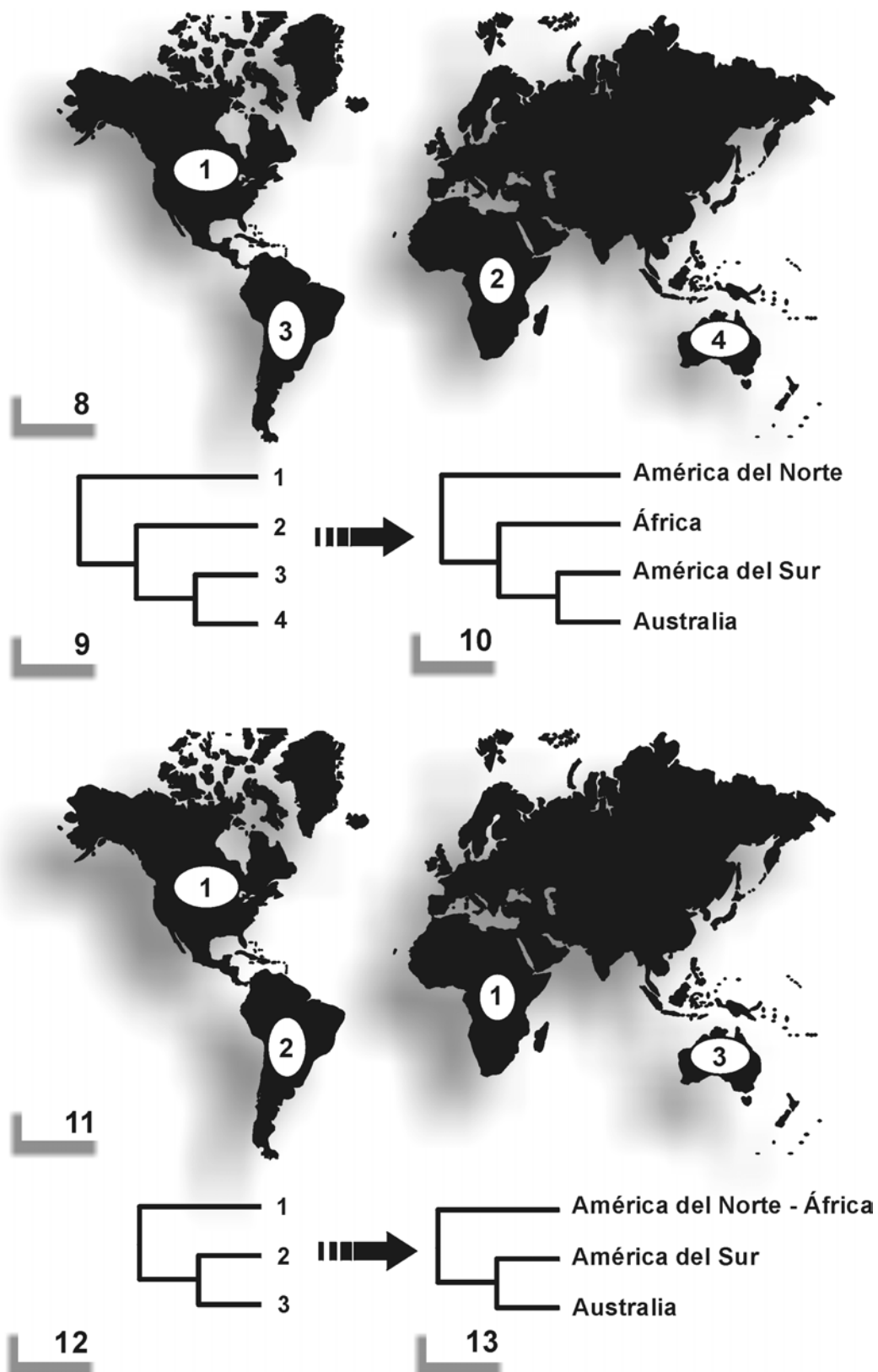
evidencia, mientras que la otra puede 'flotar' en los cladogramas resueltos de áreas, constituyendo así las áreas un grupo mono, para o polifilético. Para el tratamiento de los taxones ampliamente distribuidos, los tres supuestos manifiestan una relación de inclusión, ya que el supuesto 0 está incluido en el 1, y el 1 a su vez está incluido en el 2. La mayoría de los autores prefiere el supuesto 2, debido a que consideran a los taxones ampliamente distribuidos como una fuente de ambigüedad, porque: (1) un análisis futuro puede mostrar que un taxón ampliamente distribuido en realidad representa dos o más taxones, no necesariamente relacionados y endémicos de diferentes áreas; (2) un taxón puede poseer una distribución amplia debido a dispersión desde su área original hacia un área secundaria; y (3) un taxón puede poseer distribución amplia porque no respondió con especiación a un evento vicariante.

Las distribuciones redundantes (Figs. 14-16), también denominadas áreas de simpatria (Enghoff, 1996), se dan cuando una misma área aparece más de una vez en un cladograma taxonómico de áreas, debido a que en la misma se encuentran dos o más especies terminales del cladograma taxonómico. No existe un tratamiento especial para las distribuciones redundantes bajo el supuesto 0, aunque Kluge (1988) propuso un esquema de pesado en que se les da menor peso a los componentes que involucran distribuciones redundantes. Bajo el supuesto 1, se interpreta que las distribuciones redundantes resultan de patrones duplicados seguidos de extinción, mientras que bajo el supuesto 2 se agrega la posibilidad de que la simpatria se deba a dispersión (Enghoff, 1996). La mayor parte de los autores prefiere el supuesto 2 para tratar las distribuciones redundantes (Nelson y Platnick, 1981; Page, 1990; Morrone y Carpenter, 1994; Enghoff, 1996).

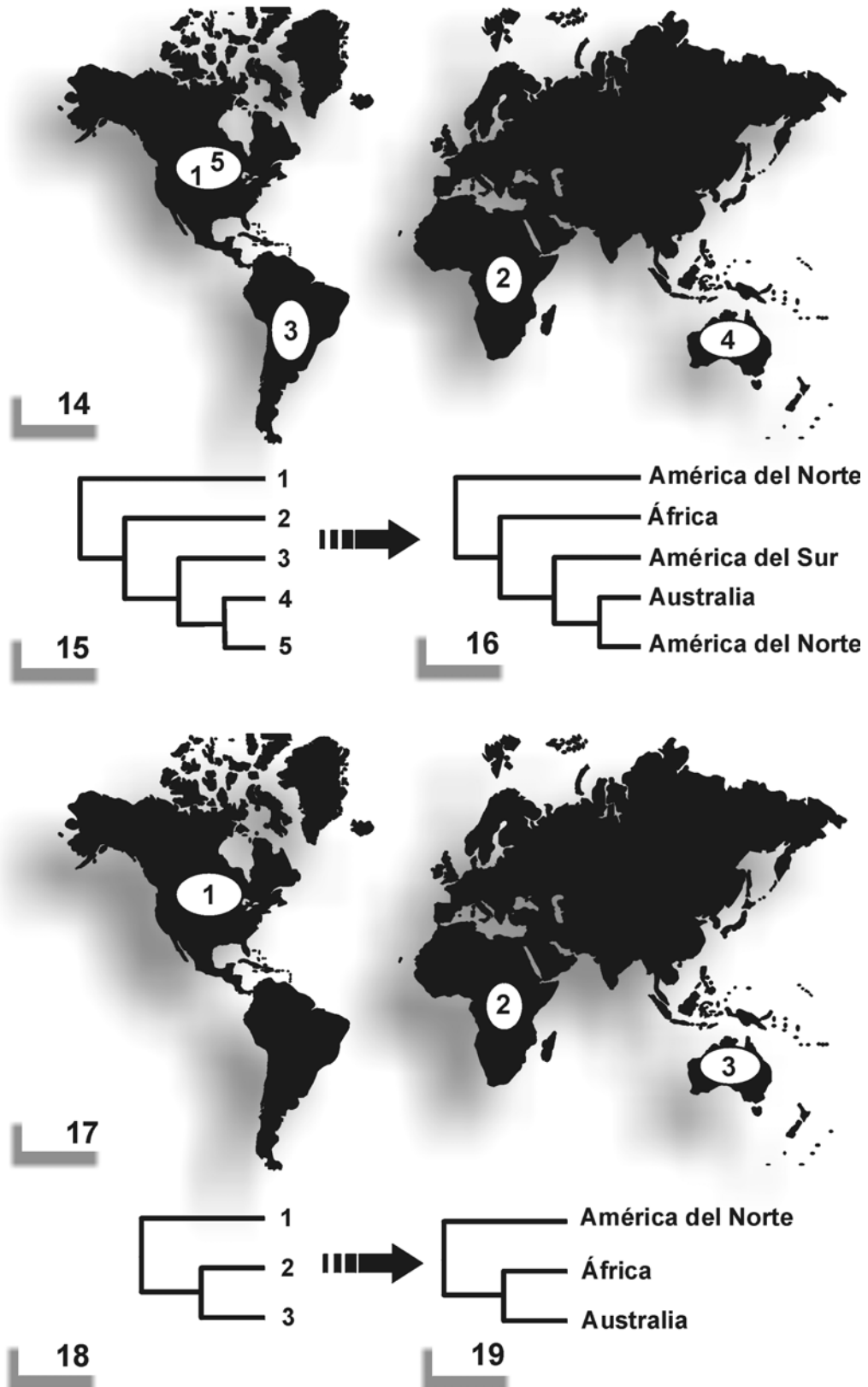
Cuando ninguno de los taxones terminales de un cladograma taxonómico se encuentra en un área determinada (Figs. 17-19), dicha área no aparecerá representada en el cladograma taxonómico de áreas. Los tres supuestos tratan a estas áreas ausentes como no informativas, por lo que las mismas se ubican en todas las posiciones posibles en los cladogramas resueltos de áreas.

**Cladogramas generales de áreas.** A partir de la información contenida en los cladogramas resueltos de áreas de los diferentes taxones analizados, se derivan los cladogramas generales de áreas, que expresan la historia común de los mismos. Para ello existen varios procedimientos, como el análisis de los componentes y los métodos de parsimonia.

El análisis de los componentes consiste en hallar el o los cladogramas comunes a todos los cladogramas resueltos de áreas (Morrone y Crisci, 1995). Para ello, simplemente se comparan los conjuntos de cladogramas resueltos de áreas obtenidos a partir de los distintos cladogramas taxonómicos de áreas y se determina su intersección. Si no es posible hallar un único cladograma común a todos los conjuntos, es posible encontrar uno compartido por, al menos, algunos de los mismos o construir un cladograma de consenso (Morrone y Carpenter, 1994). Para aplicar la técnica del análisis de los componentes existen diferentes implementaciones y programas disponibles. El programa Component 1.5 (Page, 1989) construye conjuntos de cladogramas resueltos de áreas a partir de los cladogramas taxonómicos de áreas bajo los supuestos 0, 1 ó 2 (opción BUILD) y luego determina su intersección (opción SHARED TREES). El programa Component 2.0 (Page, 1993) aplica un enfoque diferente, "reconciliando" los cladogramas taxonómicos de áreas entre sí (Morrone, 1995). Para ello, trata de maximizar la codivergencia, es decir la



**Figs. 8-13.** Construcción de cladogramas taxonómicos de áreas. **8-10.** Caso trivial: **8.** Mapa con las distribuciones de los taxones analizados; **9.** Cladograma taxonómico; **10.** Cladograma taxonómico de áreas. **11-13.** Taxones ampliamente distribuidos: **11.** Mapa con las distribuciones de los taxones analizados; **12.** Cladograma taxonómico; **13.** Cladograma taxonómico de áreas.



**Figs. 14-19.** Construcción de cladogramas taxonómicos de áreas. **14-16.** Taxones con distribuciones redundantes: **14.** Mapa con las distribuciones de los taxones analizados; **15.** Cladograma taxonómico; **16.** Cladograma taxonómico de áreas. **17-19.** Taxones con áreas ausentes: **17.** Mapa con las distribuciones de los taxones analizados; **18.** Cladograma taxonómico; **19.** cladograma taxonómico de áreas.

historia compartida, y de minimizar las pérdidas (debidas a extinciones o taxones no coleccionados) y duplicaciones (resultado de eventos de especiación independientes de las áreas).

Otros métodos emplean un algoritmo de parsimonia para obtener cladogramas generales de áreas. El primer método de parsimonia propuesto se conoce como Análisis de Parsimonia de Brooks (en inglés '*Brooks Parsimony Analysis*' o BPA) (Wiley, 1987, 1988; Kluge, 1988). Para aplicar BPA, se construye una matriz de datos basada en los cladogramas taxonómicos de áreas, basándose en el supuesto 0, la cual es luego analizada con un algoritmo de parsimonia, mediante un programa apropiado. Ha habido algunas críticas del BPA y la aplicación del principio de parsimonia en biogeografía debe aún ser justificada convincentemente (Carpenter, 1992; Morrone y Crisci, 1995).

## ETAPAS Y COMPONENTES DE UN ATLAS BIOGEOGRÁFICO

La ejecución de un Atlas Biogeográfico posee varias etapas (Fig. 20), ordenadas de acuerdo con tres niveles de análisis: preparación de una base de datos de distribución, identificación de los patrones biogeográficos y preparación formal del Atlas.

### Preparación de una base de datos de distribución

La etapa inicial básicamente comprende la documentación de las localidades de los taxones, expresadas a través de sus coordenadas de latitud y longitud. Como taxones para comenzar la base, sería conveniente emplear aquellos relativamente bien estudiados: plantas vasculares, algunos grupos de insectos y vertebrados. Luego se podría ampliar el estudio a otros grupos de seres vivos.

Los datos para llevar a cabo un Atlas biogeográfico pueden provenir de dos fuentes principales: monografías y datos inéditos, estos últimos suministrados por los investigadores asociados en la elaboración del Atlas. Las localidades deberían ser indicadas en mapas apropiados y sus coordenadas ingresadas a un sistema de manejo de bases de datos, que permita luego incorporar otros datos.

Sería innecesario destacar la importancia primordial de esta primera etapa. Cada día son más frecuentes los análisis que emplean bases de datos, en las cuales la identificación de los taxones es 'dudosa'. Por ello, resulta fundamental contar con taxónomos especialistas en grupos particulares, para identificar correctamente las especies analizadas.

### Identificación de patrones biogeográficos

Comprende tres etapas sucesivas:

- **Reconocimiento de homologías espaciales**  
Consiste en ordenar los taxones en estudio en diferentes conjuntos (trazos generalizados), de acuerdo con su origen biótico. Los taxones pertenecientes a un mismo trazo generalizado se consideran 'homólogos' desde un punto de vista espacial. Aquí se aplicaría la metodología de la panbiogeografía para hallar trazos generalizados. Cada trazo generalizado representa una biota ancestral diferente, por lo que debería analizarse en forma separada. El objetivo de esta 'separación' es el de evitar una posible confusión debida al origen heterogéneo de los taxones estudiados.

- **Identificación de áreas de endemismo**  
Una vez que las homologías espaciales son reconocidas, se identifican las unidades en que se basará el análisis biogeográfico cladístico, es decir las áreas de endemismo. Un adecuado diagnóstico de las mismas resultará fundamental a la hora de diseñar una política de parques nacionales y reservas.
- **Formulación de hipótesis sobre relaciones entre áreas**  
Varios métodos cladísticos permiten construir cladogramas de áreas para diferentes taxones y luego determinar cladogramas generales de áreas, que reflejen la historia común de los taxones analizados. La biogeografía cladística compara los cladogramas de distintos taxones con el fin de reconstruir la secuencia de fragmentación de las áreas que ellos habitan en la actualidad. En relación con la conservación, un cladograma general de áreas podría ser de importancia clave. Conociendo las afinidades bióticas de un área, podremos elegir el área "fuente" de donde tomar elementos para restaurar un ambiente determinado.

### Preparación formal del Atlas

Un Atlas Biogeográfico incluiría los siguientes elementos:

- Mapas detallados de localidades y trazos individuales de diferentes taxones del área involucrada y áreas afines (en los países limítrofes y otros continentes).
- Mapas con trazos generalizados y nodos, indicando en forma precisa los distintos componentes bióticos existentes en el país, clasificados de acuerdo con las relaciones que ellos señalen, su importancia biológica y sus rasgos geográficos más significativos.
- Mapas con áreas de endemismo de diferentes niveles, de acuerdo con las distintas especies analizadas, detallando las especies endémicas y compartidas, así como los rasgos geológicos y ecológicos que las caracterizan.
- Cladogramas generales de áreas, señalando las relaciones entre las distintas áreas de endemismo.

## CONCLUSIONES

El alarmante declive de la biodiversidad convierte en urgente la necesidad de llevar a cabo inventarios biológicos. Sin embargo, es preciso no olvidar que sólo un contexto científico hará que dichos inventarios resulten útiles para la posteridad. El dilema acerca de 'inventariar' o 'interpretar' la diversidad es falso: como tareas científicas, describir e interpretar son elementos inseparables, ya que en realidad no existen los datos sin teorías previas. La panbiogeografía y la biogeografía cladística son herramientas que permiten proponer hipótesis acerca de los patrones históricos que subyacen a la diversidad biológica. A mi juicio, hacer un inventario de las especies que están presentes en un área o localidad, sin interpretación alguna, es una actividad ajena a la ciencia.

Las bases de datos de distribución, piezas fundamentales de los Atlas biogeográficos, requieren de la construcción previa de diccionarios nomenclaturales donde se relacionen los nombres científicos con sus familias, órdenes, clases, etc. La selección de un determinado sistema debería sustentarse en información filogenética robusta. Asimismo, las bases de datos requieren de un catálogo estandarizado de localidades geográficas, donde sus descriptores básicos sean las coordena-



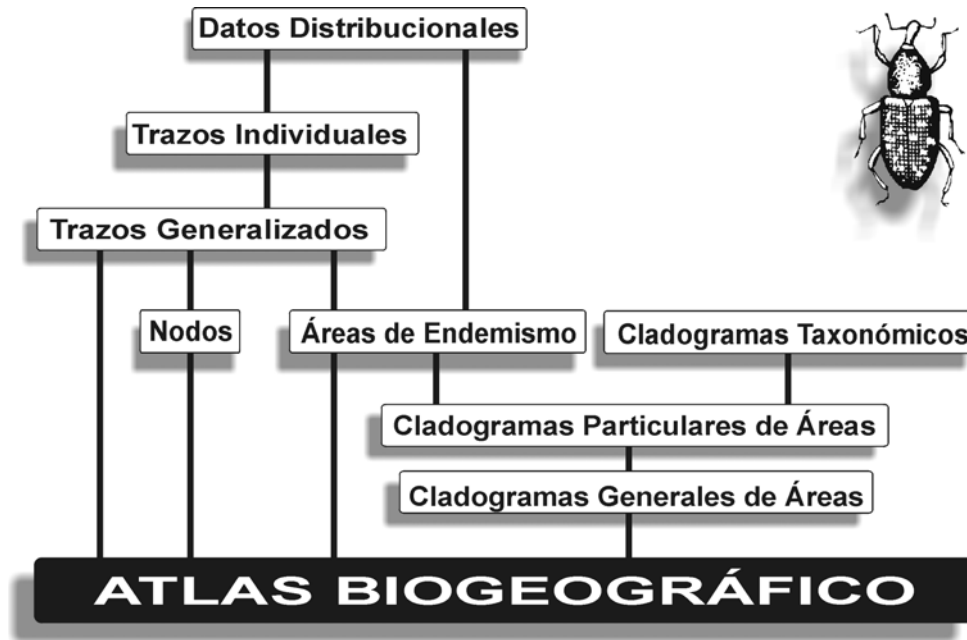


Fig. 20. Etapas de un Atlas Biogeográfico.

das y la altitud, y los descriptores complementarios sean la ubicación política (pertenencia a un determinado municipio y estado). Se debe recuperar además la información ambiental para precisar la distribución geográfica de cada especie

Es fundamental destacar que un Atlas biogeográfico no sólo tiene importancia desde el punto de vista teórico sino también desde el aplicado, ya que en combinación con otras herramientas, nos permitirá tomar acciones efectivas para la conservación y uso sustentable de la biodiversidad.

Creo que la catástrofe de la biodiversidad difícilmente sea evitable, y millones de especies habrán de desaparecer sin

remedio. Sin embargo, sería esperable que en unas cuantas décadas —quizás a mediados del siglo XX— la población humana se estabilice (o, como está ocurriendo en algunas áreas del mundo desarrollado, decline) y que nuevas técnicas agrícolas permitan hacer un uso más eficiente de los agroecosistemas (Soulé, 1989). En ese momento, entonces, habrá más espacio en nuestro planeta para los ambientes naturales o cuasinaturales, y allí podremos comenzar a restaurarlos. La información que podamos ir acumulando en las próximas décadas, a través de los Atlas biogeográficos, será fundamental para llevar a cabo esa restauración.

## BIBLIOGRAFÍA

- BUFFON, C. DE. 1761. *Histoire naturelle, générale et particulière*. París.
- CANDOLLE, A. P. 1820. Géographie botanique. In: *Dictionnaire des Sciences Naturelles*, Strassbourg, pp. 359-422.
- CARPENTER, J. M. 1992. Incidit in Scyllam qui vult vitare Charybdim. *Cladistics*, **8**: 100-102.
- CROIZAT, L. 1952. *Manual of phytogeography*. Junk, La Haya.
- CROIZAT, L. 1958. *Panbiogeography*. Publicado por el autor, Caracas.
- CROIZAT, L. 1964. *Space, time, form: The biological synthesis*. Publicado por el autor, Caracas.
- ENGHOFF, H. 1996. Widespread taxa, sympatry, dispersal, and an algorithm for resolved area cladograms. *Cladistics*, **12**: 349-364.
- ESPINOSA, D. Y J. LLORENTE. 1993. *Fundamentos de biogeografías filogenéticas*. Facultad de Ciencias, UNAM, México D.F.
- GREHAN, J. R. 1993. Conservation biogeography and the biodiversity crisis: A global problem in space/ time. *Biodiv. Lett.*, **1**: 134-140.
- HENNIG, W. 1966. *Phylogenetic systematics*. University of Illinois Press, Urbana.
- HUMPHRIES, C. J. Y L. R. PARENTI. 1986. *Cladistic biogeography*. Oxford University Press, Oxford.
- KLUGE, A. G. 1988. Parsimony in vicariance biogeography: A quantitative method and a greater Antillean example. *Syst. Zool.*, **37**: 315-328.
- MORRONE, J. J. 1994. On the identification of areas of endemism. *Syst. Biol.*, **43**: 438-441.
- MORRONE, J. J. 1995. Asociaciones históricas en biología comparada. *Ciencia* (México), **46**: 229-235.
- MORRONE, J. J. 1997. Biogeografía cladística: Conceptos básicos. *Arbor*, **158**: 373-388.
- MORRONE, J. J. 1999a. Biodiversidad en el espacio: La importancia de los atlas biogeográficos. *Physis* (Buenos Aires), **55**: 47-48.
- MORRONE, J. J. 1999b. How can biogeography and cladistics interact for the selection of areas for biodiversity conservation?: A view from Andean weevils (Coleoptera: Curculionidae). *Biogeographica*, **75**(2): 89-96.
- MORRONE, J. J. Y J. M. CARPENTER. 1994. In search of a method for cladistic biogeography: An empirical comparison of component analysis, Brooks parsimony analysis, and three-area statements. *Cladistics*, **10**: 99-153.
- MORRONE, J. J. Y J. V. CRISCI. 1990. Panbiogeografía: Fundamentos y métodos. *Evol. Biol.* (Bogotá), **4**: 119-140.
- MORRONE, J. J. Y J. V. CRISCI. 1995. Historical biogeography: Introduction to methods. *Annu. Rev. Ecol. Syst.*, **26**: 373-401.
- MORRONE, J. J. Y D. ESPINOSA. 1998. La relevancia de los atlas biogeográficos para la conservación de la biodiversidad mexicana. *Ciencia* (México), **49**(3): 12-16.
- MORRONE, J. J., D. ESPINOSA Y J. LLORENTE. 1996. *Manual de biogeografía histórica*. Facultad de Ciencias, UNAM, México D.F.
- MÜLLER, P. 1973. *The dispersal centres of terrestrial vertebrates in the Neotropical realm: A study in the evolution of the Neotropical biota and its native landscapes*. Junk, La Haya.
- NELSON, G. Y PLATNICK, N. I. 1981. *Systematics and biogeography: Cladistics and vicariance*. Columbia University Press, New York.
- PAGE, R. D. M. 1989. *COMPONENT user's manual. Release 1.5*. Publicado por el autor, Auckland, Nueva Zelanda.
- PAGE, R. D. M. 1990. Component analysis: A valiant failure? *Cladistics* **6**: 119-136.
- PAGE, R. D. M. 1993. *COMPONENT user's manual. Release 2.0*. The Natural History Museum, Londres.
- POSADAS, P. E. 1996. Distributional patterns of vascular plants in Tierra del Fuego: A study applying parsimony analysis of endemism (PAE). *Biogeographica*, **72**: 161-177.
- ROSEN, B. R. 1988. From fossils to earth history: Applied historical biogeography. En: MYERS, A. Y P. GILLER (eds.), *Analytical biogeography: An integrated approach to the study of animal and plant distributions*, Chapman and Hall, Londres, pp. 437-481.
- SOULÉ, M. E. 1989. Conservation biology in the Twenty-first century: Summary and outlook. En: WESTERN, D. Y M. PEARL (eds.), *Conservation for the Twenty-first century*, Oxford University Press, New York, pp. 297-303..
- WILEY, E. O. 1987. Methods in vicariance biogeography. En: HOVENKAMP, P. et al. (eds.), *Systematics and evolution: A matter of diversity*, Institute of Systematic Botany, Utrecht University, Utrecht, pp. 283-306.
- WILEY, E. O. 1988. Vicariance biogeography. *Annu. Rev. Ecol. Syst.*, **19**: 513-542.
- ZANDEE, M. Y M. C. ROOS. 1987. Component-compatibility in historical biogeography. *Cladistics*, **3**: 305-332.