

SEBOT

Sociedad Botánica Española

VI Simposio



BASES DE DATOS BOTÁNICAS Y BIODIVERSIDAD (DEL
CUADERNO DE CAMPO AL BIG DATA)

<https://www.simsebot.org/sexta-simposio.html>

28 - 30 noviembre 2025

Mieres (Asturias)





Laboratorio de Vegetación y Biodiversidad (VegBioLab)

Colaboran:



CONCEYU
MIERES



Comités organizadores y programa del Simposio

COMITÉS

Comité científico y colaboradores

Presidente: Borja Jiménez-Alfaro

Coordinador: Luis Carlón Ruiz

Secretario: Jorge González Le Barbier

Colaboradores:

Norma Alas Gutiérrez
Pedro Álvarez Álvarez
José Manuel Álvarez Martínez
Ángel Argüelles Longo
Clara Espinosa del Alba
Eduardo Fernández Pascual
Zuzana Ferencova
Erica García Álvarez
Víctor González García
Adrián Lázaro Lobo
Marta Pérez Suárez
Giacomo Trotta
Alicia Valdés Rapado

Comité asesor de la SEBOT

Juan Carlos Moreno
Gonzalo Nieto-Feliner
Marcial Escudero

PROGRAMA RESUMIDO

Viernes, 28 de noviembre 2025

10:00 - 13:00	Talleres.
15:00 - 16:00	Registro participantes.
16:00 - 16:30	Apertura.
16:30 - 17:30	Conferencia inaugural.
17:30 - 17:45	Presentación.
17:45 - 18:00	Anuncio.
18:00 - 20:00	Café y pósters.

Sábado, 29 de noviembre 2025

9:30 - 11:00	Segunda sesión de ponencias.
11:00 - 11:30	Pausa café.
11:30 - 13:00	Tercera sesión de ponencias.
13:00 - 15:00	Pausa almuerzo.
15:00 - 17:00	Cuarta sesión de ponencias.
17:00 - 18:00	Discusión final. Premios. Despedida.

Domingo, 30 de noviembre 2025

10:00 - 14:00	Visita guiada al Jardín Botánico de Gijón.
14:00 - 16:00	Espicha en sidrería.

PROGRAMA

Viernes, 28 de noviembre 2025

10:00 - 13:00	Talleres.	
	Jorge González Le Barbier y Adrián Lázaro-Lobo (Universidad de Oviedo). Preparación de datos espaciales en R: captura de información geoespacial a partir de coordenadas geográficas.	Eduardo Fernández Pascual, Giacomo Trotta y Luis Carlón (Universidad de Oviedo). Estandarización nomenclatural en R y validación taxonómica a partir de bases de datos botánicas.
15:00 - 16:00	Registro participantes.	
16:00 - 16:30	Apertura. Teresa Iglesias (Alcaldesa de Mieres en funciones), Carmen Acedo (Presidenta de la Sociedad Botánica Española, Universidad de León), Gonzalo Nieto-Feliner (Real Jardín Botánico de Madrid), Marcial Escudero (Universidad de Sevilla), Borja Jiménez-Alfaro (Universidad de Oviedo). Introducción al simposio.	
16:30 - 17:30	Conferencia inaugural. Milan Chytrý (Universidad Masaryk, República Checa). European vegetation databases.	
17:30 – 17:45	Presentación. Borja Jiménez-Alfaro (Universidad de Oviedo - IMIB - Jardín Botánico Atlántico de Gijón). IberoAtlantica.eu : portal de la flora y los hábitats de la región íbero-atlántica.	
17:45 - 18:00	Anuncio. Pedro Jiménez-Mejías (Universidad Pablo de Olavide), Lisa Pokorny (Real Jardín Botánico de Madrid - CSIC) y Juan Viruel (Royal Botanic Gardens, Kew) Integrando genómica y taxonomía: hacia una red de colaboración y formación.	
18:00 - 20:00	Café y pósters.	

Sábado, 29 de noviembre 2025

9:30 - 10:15	Sònia Garcia (Institut Botànic de Barcelona, CSIC). Bases de datos citogenéticas y citogenómicas: utilidad práctica en la era de la genómica.
--------------	--

10:15 - 11:00	Pedro Jiménez-Mejías (Universidad Pablo de Olavide). Tackling the taxonomic impediment in sedges: www.cyperaceae.org , opportunities and challenges for building a taxonomic aggregator.
11:00 - 11:30	Pausa café.
11:30 - 12:15	Ignacio Ramos-Gutiérrez (Universidad Autónoma de Madrid). Retos en la compilación y actualización del Atlas de Flora Vascular de la Península Ibérica – <i>AFLIBER</i>
12:15 - 13:00	Xavier Font Castell (Universitat de Barcelona). Dieciocho años del Sistema de Información de la Vegetación Ibérica y Macaronésica (<i>SIVIM</i>). Situación actual y nuevos retos de futuro.
13:00 - 15:00	Pausa almuerzo.
15:00 - 15:45	Glenda Mendieta Leiva (Universidad de Marburg, Alemania). Using <i>EpIG-DB</i> to investigate biogeographic patterns and support the conservation of Neotropical epiphytes.
15:45 - 16:45	Rodrigo Cámara Leret (Universidad de Zúrich, Suiza). La dimensión cultural de la biodiversidad.
17:00 - 18:00	Discusión final. Premios. Despedida.

Domingo, 30 de noviembre 2025

10:00 - 14:00	Visita guiada al Jardín Botánico de Gijón (https://maps.app.goo.gl/2C9UyE3eed6dHjQF6)
14:00 - 16:00	Espicha en sidrería El Trole (https://maps.app.goo.gl/YuJ7BKJsxurzoU59A)



**Ponentes invitados
y
resúmenes de ponencias**



Milan Chytrý

Masaryk University, Brno, Czech Republic

chytry@sci.muni.cz

Milan Chytrý is a professor of botany at Masaryk University, Brno, Czech Republic. He is Secretary of the Working Group European Vegetation Survey of the International Association for Vegetation Science (IAVS) and President of the Czech Botanical Society. In the last 15 years, he served as Chief Editor of the IAVS journals: Journal of Vegetation Science and Applied Vegetation Science. His scientific interests include plant community ecology, macroecology, vegetation classification, invasion biology and palaeoecology.

European vegetation databases.

In his talk, he will present four major databases of European vegetation, habitats and flora that he founded or co-founded: FloraVeg.EU, European Vegetation Archive, sPlot and ReSurveyEurope.



Sònia Garcia

Institut Botànic de Barcelona, CSIC

soniagarcia@ibb.csic.es

Sònia Garcia es licenciada y doctora en Farmacia (especialidad Botánica) por la Universidad de Barcelona y es Científica Titular en el Instituto Botánico de Barcelona (CSIC-CMCNB). Su investigación actual se centra en la genómica y la citogenética de plantas invasoras, que incluye, entre otros aspectos, el estudio de elementos repetitivos, la organización y estructura del ADN ribosómico, el análisis de fenómenos como la hibridación y la poliploidía, y cómo estos factores promueven el potencial invasor de ciertas especies de clima mediterráneo. Ha publicado más de un centenar de artículos científicos y de divulgación y ha liderado diversos proyectos de investigación nacionales e internacionales. De manera complementaria, impulsa acciones de divulgación sobre referentes femeninos en la investigación.

Bases de datos citogenéticas y citogenómicas de plantas: utilidad práctica en la era de la genómica.

Las bases de datos www.plantrdnadatabase.com, www.bchrom.csic.es y www.sexchrom.csic.es representan tres recursos para la citogenómica vegetal aportando metadatos que pueden complementar las investigaciones genómicas. Plant rDNA database compila información sobre número, estructura y posición de loci 35S/5S rDNA en casi 2800 especies vegetales, facilitando análisis comparativos de organización genómica. B-chrom integra más de 6000 registros sobre presencia y frecuencia de cromosomas B en plantas, pero también en animales y hongos, y se ha convertido en una referencia para estudiar el origen, mantenimiento y efectos genómicos de estos elementos supernumerarios. Sex-chrom reúne información sobre cromosomas sexuales de algas verdes y plantas terrestres (tipo y morfología y sistema sexual, acompañado del número cromosómico, nivel de ploidía y tamaño del genoma), proporcionando un marco global para abordar la evolución independiente de los sistemas sexuales vegetales.

Estas bases de datos nacieron como recopilaciones cuidadosamente curadas a partir de la literatura citogenética y se han ido actualizando para integrar nueva información y armonizar taxonomía y metadatos en un contexto crecientemente dominado por las investigaciones de base genómica. En esta contribución se presenta brevemente la historia y el alcance de cada base de datos, su utilidad para conectar citogenética clásica y genómica, y un ejercicio piloto en el que exploramos herramientas de inteligencia artificial para extraer automáticamente datos de la literatura, comparando la extracción manual tradicional con la extracción automatizada en términos de cobertura, precisión, sesgos y esfuerzo de curación, y discutiendo las implicaciones para el futuro mantenimiento de recursos citogenómicos abiertos.



Pedro Jiménez-Mejías

Universidad Pablo de Olavide

pjimmej@upo.es

Experto en evolución y sistemática del género *Carex*, en la actualidad trabaja como investigador en la Universidad Pablo de Olavide (Sevilla) a través de un contrato Ramón y Cajal. Previamente ejerció como Profesor Ayudante Doctor en la Universidad Autónoma de Madrid durante 5 años, antes de los cuales desarrolló investigaciones posdoctorales durante un lustro en varias instituciones botánicas estadounidenses (Washington State University, New York Botanical Garden y Smithsonian Institution).

Tackling the taxonomic impediment in sedges: www.cyperaceae.org, opportunities and challenges for building a taxonomic aggregator.

La crisis de la biodiversidad exige comprender mejor la diversidad vegetal, pero el impedimento taxonómico y la dispersión de datos dificultan este objetivo. iSedge propone crear un *digital dashboard* para unificar y actualizar información sobre las Cyperaceae, una de las 10 familias más diversas de las angiospermas. Este portal ofrecerá entradas accesibles para cada especie con un formato similar a una guía de flora, tomando información de diversas fuentes como tratamientos taxonómicos o herbarios. El Portal www.cyperaceae.org aspira a ser un recurso pionero y modelo para futuros tableros digitales en otros grupos taxonómicos.



Ignacio Ramos-Gutiérrez

Universidad Autónoma de Madrid

ignacio.ramosgutierrez@uam.es

Ignacio Ramos-Gutiérrez realizó su tesis en el desarrollo de nuevas metodologías e incorporación de aspectos evolutivos en análisis de biogeografía y conservación de plantas. Como parte de su tesis doctoral, desarrolló el Atlas de Flora Vascular de la Península Ibérica (AFLIBER), que utilizó como base para realizar estudios macroecológicos, como la delimitación de biorregiones de flora o la definición de áreas de interés para la conservación de especies evolutivamente singulares.

Retos en la compilación y actualización del Atlas de Flora Vascular de la Península Ibérica – AFLIBER.

El Atlas de Flora Vascular de la Península Ibérica (AFLIBER) constituye una base de datos exhaustiva que integra toda la flora vascular nativa de la región ibero-balear con registros de presencia estandarizados a una resolución de cuadrícula UTM de 10 km. El atlas incluye actualmente cerca de dos millones de registros de distribución para unas 6.500 especies y subespecies de plantas. En esta comunicación se presentan los principales desafíos afrontados durante el proceso de recopilación y se describen los procedimientos empleados para actualizar el atlas. Finalmente, se destacan varios aspectos que aún requieren mejora y se proponen nuevas ideas y herramientas para automatizar los flujos de trabajo relacionados con la incorporación de datos espaciales a la base de datos.



Xavier Font Castell

Universitat de Barcelona

xfont@ub.edu

Al finalizar la licenciatura en ciencias Biológicas (1981) se especializó en el estudio de la vegetación pratense de los Pirineos, tema sobre el cual realizó la tesis de Licenciatura y la tesis doctoral (Estudis geobotànics sobre els prats xeròfils de l'estatge montà dels Pirineus), galardonada con el premio Font Quer del año 1990 y publicada el 1993.

Sin abandonar los estudios de la vegetación, a partir de 1993 empieza a trabajar en el campo de la distribución de las plantas (corología) y asume la secretaría del grupo de trabajo ORCA (Organización para la Cartografía de les plantes vasculares de las tierras de habla catalana, <http://www.orca.cat>). En este ámbito, se han editado 16 volúmenes del Atlas Corológico, con 4.113 mapas de distribución de taxones.

A raíz de un convenio entre la “Generalitat de Catalunya” y la Universidad de Barcelona (año 1998) se hace cargo de crear y dirigir el BDBC (Banco de Datos de Biodiversidad de Cataluña). En la actualidad el BDBC es un portal de referencia de la biodiversidad de Catalunya y es consultable en la dirección <http://biodiver.bio.ub.es/biocat>.

A partir del año 2000 se inicia, en relación con dos tesis doctorales, diversos proyectos de desarrollo de programas informáticos, entre los cuales destaca el paquete B-VegAna (Vegetation edition and Analysis Tools, <http://biodiver.bio.ub.es/vegana>). Finalmente, su grupo ha desarrollado el Sistema de Información de de la Vegetación Ibérica y Macaronesica (SIVIM, <http://www.sivim.info>)

Dieciocho años del Sistema de Información de la Vegetación Ibérica y Macaronésica (SIVIM). Situación actual y nuevos retos de futuro.

Qué es SIVIM

El *Sistema de Información de la Vegetación Ibérica y Macaronésica* es un sistema de información y un portal web que recopila, estandariza y publica **inventarios fitosociológicos** (relevés) y sus **observaciones florísticas asociadas** de la vegetación Ibérica y Macaronésica.

Qué tipo de datos contiene

- Tablas de **inventarios fitosociológicos** completos (comunidades vegetales).
- **Citas florísticas** derivadas de esos inventarios (que, en parte, se publican también como conjunto de datos de observaciones en GBIF)
- Información **geográfica** (cuadrículas UTM 10×10 km y 1×1 km, según el caso).
- **Diccionarios de comunidades fitosociológicas (asociaciones, alianzas, etc.) y su correspondencia con otros sistemas (p. ej. cartografías de hábitats).**

Para qué sirve

El objetivo es proporcionar una base de datos sólida para:

- **Revisar sintaxones** a gran escala mediante métodos numéricos.
- Hacer **cartografía de comunidades vegetales** y analizar su distribución.
- **Modelizar** la distribución potencial de taxones y sintaxones.
- Apoyar proyectos de conservación (Red Natura 2000, LPEHT, cartografía de hábitats, etc.), integrando SIVIM con cartografías de hábitats.



Glenda Mendieta-Leiva

Universidad de Marburgo (Alemania)

glendamendieta@gmail.com

Su carrera investigadora, que se ha desarrollado en numerosas instituciones de Perú natal, de Ecuador, de Panamá y de Alemania se ha centrado en el esclarecimiento de las causas y la proyección espacio-temporal de la diversidad vegetal de los bosques tropicales a través del estudio de los epífitos vasculares desde enfoques demográficos, ecofisiológicos y ecológicos. Su óptica macroecológica la ha llevado a cimentar su trabajo en la recopilación, evaluación crítica y análisis de grandes cantidades de datos a lo largo de escalas espaciales muy amplias, que por ahora abarcan todo el Neotrópico. Asimismo está desarrollando una red de parcelas de seguimiento a largo plazo de las comunidades de epífitos en diversos tipos de bosques neotropicales, con el fin de detectar dinámicas temporales, ya sean inherentes al ecosistema o cuasadas por una simplificación antrópica.

Utilizando la base de datos EpiG-DB para investigar patrones biogeográficos y apoyar la conservación de las epífitas neotropicales.

Las epífitas vasculares enriquecen la complejidad estructural y funcional de los bosques que habitan mediante sus importantes contribuciones a los procesos hidrológicos, a la retención de nutrientes y a la provisión de hábitats, lo que, a su vez, amplifica la biodiversidad. El “Epiphyte Inventory Group” (EpiG) ha desarrollado “EpiG-DB v2.0”, una base de datos continental actualmente centrada en los Neotrópicos, que integra listas de especies, registros de ocurrencia, datos de comunidades e información filogenética con el fin de abordar lagunas históricas de información y avanzar en la biogeografía de la conservación. EpiG-DB v2.0 mejora sustancialmente la cobertura y la calidad de los datos disponibles sobre epífitas. Las investigaciones que emplean

esta base de datos han revelado altos niveles de endemismo y una proporción considerable de especies potencialmente amenazadas, en particular entre las orquídeas. La plataforma respalda diversas iniciativas de investigación centradas en las interacciones hospedero-epífita, el estado de conservación, la vulnerabilidad al cambio climático, el endemismo y los efectos de la pérdida de hábitat. Los patrones emergentes de diversidad de epífitas neotropicales muestran fuertes asociaciones con variables climáticas, especialmente con la estacionalidad de la temperatura y la precipitación, lo que subraya la sensibilidad de este grupo a los efectos del cambio climático. Los proyectos actuales y futuros de EplG incluyen la evaluación de la vulnerabilidad del endemismo al cambio climático, el análisis de los impactos de la pérdida de hábitat y la contribución a los esfuerzos de biorregionalización global. Asimismo, se prevé expandir la base de datos hacia los trópicos asiáticos y africanos, contribuyendo a subsanar importantes vacíos en los modelos de biodiversidad, que con frecuencia subestiman las regiones ricas en epífitas. En conjunto, la iniciativa EplG proporciona una base esencial para comprender la biogeografía de las epífitas a gran escala y para fortalecer las estrategias de conservación de uno de los grupos de plantas más diversos y menos estudiados de los ecosistemas tropicales. El Atlas de Flora Vascular de la Península Ibérica (AFLIBER) constituye una base de datos exhaustiva que integra toda la flora vascular nativa de la región ibero-balear con registros de presencia estandarizados a una resolución de cuadrícula UTM de 10 km. El atlas incluye actualmente cerca de dos millones de registros de distribución para unas 6.500 especies y subespecies de plantas. En esta comunicación se presentan los principales desafíos afrontados durante el proceso de recopilación y se describen los procedimientos empleados para actualizar el atlas. Finalmente, se destacan varios aspectos que aún requieren mejora y se proponen nuevas ideas y herramientas para automatizar los flujos de trabajo relacionados con la incorporación de datos espaciales a la base de datos.



Rodrigo Cámara Leret

Universidad de Zúrich (Suiza)

rodrigo.camaraleret@uzh.ch

Nacido en España y criado entre Madrid, El Cairo (Egipto) y Río de Janeiro (Brasil), en 2010 obtuvo un máster en biodiversidad en la Universidad de Leiden, y 4 años después se doctoró en biología en la Universidad Autónoma de Madrid. Fue investigador posdoctoral en la Universidad de Aarhus (Dinamarca), en los Royal Botanic Gardens de Kew (Reino Unido) y en el laboratorio Bascompte de la Universidad de Zúrich, en cuyo Departamento de Botánica Sistemática y Evolutiva ejerce desde 2023 como Profesor Adjunto.

La dimensión cultural de la biodiversidad.

Las comunidades indígenas y locales dependen en gran medida de sus conocimientos sobre las plantas para su alimentación, refugio y medicina. Sin embargo, a diferencia de la quema de la Biblioteca de Alejandría, el conocimiento de estas sociedades con tradición oral puede extinguirse sin dejar rastro. En esta presentación expondré el estado actual del conocimiento etnobotánico en regiones tropicales, con ejemplos que van desde observaciones de campo hasta comparaciones a grandes escalas entre las lenguas del mundo, explorando hasta qué punto este conocimiento se ve afectado por la extinción cultural frente a la biológica. Con estos ejemplos, espero mostrar por qué el estudio tanto de la diversidad biológica como de la cultural es vital para la conservación de la biodiversidad y cómo la investigación participativa e intercultural permite su integración.



Resúmenes de pósters

1. Biogeografía de los helechos termófilos Ibero-Atlánticos.

Jorge Casado Valledor *¹, Víctor González García*²⁻³, Eduardo Fernández Pascual ²⁻³.

¹ Universidad de Oviedo ² Instituto Mixto de Investigación en Biodiversidad - IMIB (CSIC); ³ Dpto de Biología de Organismos y Sistemas, Universidad de Oviedo.

*uo288767@uniovi.es

En este estudio se analiza mediante modelos de distribución la biogeografía de 13 helechos termófilos iberoatlánticos, considerados relictos de la flora subtropical del Terciario que han sobrevivido a distintas crisis climáticas gracias a la presencia de refugios climáticos. Mediante los análisis se identificaron 2 corotipos: helechos subtropicales, adaptados a inviernos suaves y veranos húmedos en zonas del litoral; y helechos submediterráneos, adaptados a inviernos más fríos y veranos más secos. Los modelos simulaban su distribución en escenarios desde el Último Máximo Glacial hasta posibles futuros. A partir de los modelos se puede observar el papel clave que tienen las precipitaciones para estos helechos y las posibles consecuencias del cambio climático. Un escenario de descenso de las precipitaciones favorecerá un futuro mediterráneo; mientras que el mantenimiento de precipitaciones similares a las actuales junto a la subida de las temperaturas nos conduciría a un futuro subtropical.

2. Visitas de insectos polinizadores en el complejo híbrido poliploide formado por *Centaurea aspera*, *C. seridis* y su híbrido *C. ×subdecurrens*.

Alfonso Garmendia^{*1}, Hugo Merle², Pau Lucio-Puig³ y María Ferriol¹.

¹ Instituto Agroforestal Mediterráneo, Universitat Politècnica de València; ² Dpto de Ecosistemas Agroforestales, Universitat Politècnica de València; ³ Institut d'Investigació per a la Gestió Integrada de Zones Costaneres (IGIC), Universitat Politècnica de València.

*algarsal@upvnet.upv.es

La poliploidía es clave para la evolución de las plantas, ya que contribuye a la especiación, la diversificación y la adaptabilidad. Sin embargo, el efecto de exclusión de los citotipos minoritarios puede limitar la persistencia de los poliploides, lo cual puede mitigarse mediante barreras reproductivas como la diferencia en la visita de insectos entre citotipos. En el este de España, la diploide *C. aspera*, su alotetraploide emparentada *C. seridis* y su híbrido triploide estéril *C. × subdecurrens* coexisten en zonas de contacto. En este estudio, evaluamos la diversidad y el comportamiento de los insectos que visitan estos taxones de *Centaurea*, identificamos los factores que influyen en la visita de insectos y exploramos los posibles cambios en la composición y frecuencia de los visitantes entre taxones en la zona de contacto de El Saler (Valencia, España). Se monitorizaron semanalmente cinco bloques naturales (25-50 m²) en dunas de arena, cada uno con los tres taxones de plantas en proximidad, cuando sus periodos de floración se solapaban. Se identificaron los insectos visitantes y se registró el número de visitas y de capítulos. Se utilizó un modelo lineal para identificar los factores que predicen la frecuencia de visitas y las diferencias en la composición de insectos entre los taxones de plantas. Diecisiete especies de insectos voladores visitaron plantas de *Centaurea*. El número de flores y el número de capítulos fueron los predictores más fuertes de la frecuencia de visitas, mostrando resultados similares, en lugar del taxón de planta o la fecha. Aunque las tasas generales de visitas no difirieron significativamente entre los taxones de plantas, las especies de insectos variaron. *Centaurea seridis* atrajo un conjunto distinto de insectos en comparación con *C. aspera* y *C. × subdecurrens*, y algunos insectos mostraron sesgos de visita en momentos específicos. Las diferencias en los conjuntos de insectos sugieren posibles barreras precigóticas que podrían ayudar a *C. seridis* a superar la exclusión del citotipo minoritario, lo que respaldaría su establecimiento a largo plazo.

3. Phenological trends influenced by climatic and spatial variables in a Mediterranean mountain (Sierra Nevada, SE Spain) using herbarium specimens.

Katy V. Rondinel-Mendoza ^{*1}, Eva M. Cañadas ², Matilde García-Valdecasas ³ y Juan Lorite ².

¹ Universidad de Granada; ² Dpto de Botánica, Universidad de Granada; ³ Dpto de Física, Universidad de Granada.

[*kondinel@correo.ugr.es](mailto:kondinel@correo.ugr.es)

This study investigates the influence of climatic and spatial variables on the phenological trends in endemic vascular species of Sierra Nevada (SE Spain) from 1951 to 2019. For this purpose, we integrated herbarium specimen records with climatic (temperature and precipitation) and spatial (altitude, latitude, and longitude) data. Phenological patterns were analyzed for the entire massif, with endemisms being grouped by biotype, pollination and dispersal type, and finally by specific species for those with the greatest number of records. Shifting phenological patterns reflect a general advancement in flowering and fruiting since the 1970s, mainly driven by increased mean annual temperatures and modulated by precipitation availability. However, at shorter temporal scales, climatic conditions preceding phenological events such as the temperature in the previous month and the cumulative precipitation from January to the previous month, induced phenological delays, revealing heterogeneous responses. Spatial variables also significantly influenced these patterns. Among biotypes, hemicryptophytes exhibited greater phenological sensitivity during flowering than chamaephytes, although both interacted during fruiting. Regarding reproductive mechanisms, an advancement was detected, suggesting potential ecological mismatches. At the species level, analyses underscored differential sensitivities to climatic and spatial variables. These findings reinforce the role of endemic plants as bioindicators of climate change and highlight the use of historical herbaria for long-term phenological monitoring, offering valuable guidance for conservation strategies in Mediterranean mountain ecosystems.

4. Contribuciones del seguimiento nacional de flora protegida a la mejora del conocimiento: cooperación interinstitucional y digitalización.

Carmela Capistrós Bitrián ^{*1}, Jorge Miguel Isabel Rufo ¹, Luz Mauro Gutiérrez ¹, Argantonio Rodríguez-Merino ¹, Marta Viu Cuerda ² y Noelia Vallejo Pedregal ².

¹ TRAGSATEC; ² MITECO.

*carmelacapistros@gmail.com

En 2022, el Ministerio para la Transición Ecológica y el Reto Demográfico (MITECO) puso en marcha un proyecto nacional para mejorar el conocimiento sobre el estado de conservación de la flora protegida en España. Esta iniciativa, basada en la digitalización de datos y en la coordinación interadministrativa, tiene como objetivo establecer una base sólida para un sistema de seguimiento a largo plazo. Las especies objeto del seguimiento son las incluidas en la Directiva Hábitats (92/43/CEE), en la Ley 42/2007 y en el Real Decreto 139/2011, integradas en el Catálogo Español de Especies Amenazadas (CEEa) y el Listado de Especies Silvestres en Régimen de Protección Especial (LESRPE). La metodología aplicada sigue las Directrices para la vigilancia y evaluación del estado de conservación de las especies amenazadas y de protección especial. Uno de los pilares del proyecto ha sido la coordinación entre administraciones, que permitió repartir el trabajo por especies y localidades, optimizando los esfuerzos de muestreo. El trabajo de campo fue ejecutado con el apoyo técnico de TRAGSATEC y la Sociedad Española de Biología de la Conservación de Plantas (SEBiCoP). Otro eje fundamental fue la digitalización. La recogida de datos en campo se realizó mediante dispositivos móviles con la aplicación ArcGIS Field Maps. Estos datos se integraron con bases de datos previas (AFA, SEFA), bibliografía e información inédita proporcionada por las administraciones para generar las evaluaciones finales. El proyecto ha permitido construir una base de conocimiento robusta, fomentar la cooperación entre administraciones y expertos, y avanzar en el desarrollo de metodologías digitales trazables y accesibles. La información obtenida ya está disponible para las comunidades autónomas a través del Portal de Datos del Sistema Integrado de Información de la Biodiversidad. Una vez finalizado el desarrollo del sistema y la interoperabilidad de datos, también se ofrecerá acceso completo a la información por taxón.

5. El papel estratégico de InvaPlant y la participación ciudadana en la detección temprana de flora exótica invasora.

Adrián García Rodríguez ^{*1}, Sara Santamarina ¹, Andrea Fernández Gómez ¹, Alejandra Españadero Espino ¹, Jorge Miguel Isabel Rufo ¹, Carmela Capistrós Bitrián ¹, Marta Viu Cuerda ² y Noelia Vallejo Pedregal ².

¹ Dpto de Medio Natural, Tecnologías y Servicios Agrarios S.A., S.M.E., M.P. (TRAGSATEC).; ² Dirección General de Biodiversidad, Bosques y Desertificación de España, Ministerio para la Transición Ecológica y el Reto Demográfico.

*agarc173@tragsa.es

Las especies exóticas invasoras son uno de los principales causantes de la pérdida de biodiversidad a nivel global. En respuesta a este desafío, el Ministerio para la Transición Ecológica y el Reto Demográfico lanzó en abril de 2023 «InvaPlant», una iniciativa de participación ciudadana para concienciar y fomentar la implicación de la sociedad en la detección de flora exótica invasora y optimizar los mecanismos de alerta temprana. Las especies objetivo, denominadas «invaplantas», son los taxones de flora no marina del Catálogo Español de Especies Exóticas Invasoras (Real Decreto 630/2013) y de la Lista de especies exóticas invasoras preocupantes para la Unión (Reglamento de Ejecución (UE) 2016/1141 de la Comisión). La metodología se apoya sobre tres pilares: concienciación y dinamización, a través de campañas y colaboraciones en redes sociales —@invaplant—; capacitación, mediante recursos y actividades formativas durante biomaratones; y la interacción con la comunidad de observadores —«invaplanters»—, expertos y administraciones. La plataforma iNaturalist recopila automáticamente los registros (<https://www.inaturalist.org/projects/invaplant>), y posteriormente son analizados para identificar la necesidad de realizar muestreos técnicos en campo, con el foco en posibles novedades corológicas. Asimismo, se interactúa con la comunidad inaturalista para recabar información sobre la abundancia, los impactos, el origen y la dispersión de las especies o la eficacia de las medidas de gestión implementadas. Para maximizar la capacidad de detección temprana, se ha implementado un sistema de alerta basado en el análisis de datos en tiempo real. Se recopilaban más de 30 000 registros, que incluyen novedades corológicas autonómicas y provinciales. Con una comunidad de 600 miembros, InvaPlant se posiciona como el proyecto de escala nacional más numeroso de España. Los datos validados, en combinación con otras fuentes, contribuirán a responder a los requerimientos de información comunitarios y nacionales. El éxito de InvaPlant demuestra cómo la acción y concienciación colectivas pueden complementar los sistemas de vigilancia institucionales y mejorar la capacidad de respuesta frente a las invasiones biológicas. Para consolidar este observatorio ciudadano, se invita a la comunidad científica, técnica y docente a difundir su propósito y unirse al proyecto.

6.

Contribuciones del seguimiento nacional de flora exótica invasora a la mejora del conocimiento: cooperación interinstitucional, digitalización y participación ciudadana.

Sara Santamarina ¹, Adrián García Rodríguez ¹, Andrea Fernández Gómez ¹, Alejandra Españadero Espino ¹, Jorge Miguel Isabel Rufo ¹, Carmela Capistrós Bitrián ¹, Marta Viu Cuerda ² y Noelia Vallejo Pedregal ².

¹ TRAGSATEC; ² MITERD.

Una base de conocimiento sólida y actualizada es clave para enfrentar los desafíos asociados a las especies exóticas invasoras. Para ello, el Ministerio para la Transición Ecológica y el Reto Demográfico inició en 2022 un proyecto para mejorar el conocimiento sobre la situación actual, la distribución y las tendencias de las especies de flora exótica invasora en el territorio nacional. El proyecto se centra en los taxones de flora no marina del Catálogo Español de Especies Exóticas Invasoras (Real Decreto 630/2013) y de la Lista de especies exóticas invasoras preocupantes para la Unión (Reglamento de Ejecución (UE) 2016/1141 de la Comisión). Para su seguimiento, se integran metodologías innovadoras junto con enfoques tradicionales. Se ejecutaron muestreos técnicos en campo basados en la priorización de recursos en contacto con administraciones y en la toma de datos con una aplicación móvil. De forma complementaria, se lanzó InvaPlant, una iniciativa que capacita y moviliza a la ciudadanía para registrar datos utilizando la plataforma iNaturalist. Además, se desarrolló un proyecto piloto de teledetección por satélite. Finalmente, se recopiló y estandarizó la información procedente de bases públicas, literatura científica y gris, proyectos y administraciones. Los muestreos técnicos en campo permitieron la identificación de riesgos, frentes de expansión activa, impactos sobre especies y espacios sensibles, así como la evaluación de medidas de gestión. Además, contribuyeron a validar observaciones ciudadanas procedentes de InvaPlant, que desempeñó un papel clave en la detección temprana. Esta metodología generó información sobre 53 taxones en más de 1300 cuadrículas UTM de 1×1 km, y recopiló más de 30 000 observaciones a través de InvaPlant. Los datos validados fueron integrados con otras fuentes, constituyendo un repositorio de más de medio millón de registros corológicos. Asimismo, se identificaron especies y métodos para un seguimiento a largo plazo mediante teledetección. El proyecto ha generado una base metodológica, documental y corológica actualizada y robusta. Los datos estarán disponibles en el Sistema Integrado de Información de Biodiversidad, y apoyarán el diseño de estrategias para la gestión y conservación de la biodiversidad en España.

7. Tecnología al Servicio de la Biodiversidad: Trabajos de campo y Cartografía Nacional de Hábitats.

Núria Borràs Latorre *¹, Marina Coca De La Iglesia ¹, Miguel Suárez-Couselo ¹, Maria Soraya Colino Jiménez ¹, Cristina Moreno Gutiérrez ² y Blanca Ruiz Franco ².

¹ TRAGSATEC; ² Subdirección General de Sistema Integrado de Información de la Biodiversidad, MITECO.

*nborras@tragsa.es

La cartografía y conservación de la biodiversidad requieren datos precisos y actualizados. Partiendo de esta necesidad, en el proyecto de “Cartografía de Hábitats Terrestres: Mejora de la Información Territorial a Escala Nacional (EXP. 22BDES905)”, se ha desarrollado un proceso para homogeneizar el muestreo entre distintas zonas geográficas y grupos de hábitats, desde la toma de datos en campo hasta su incorporación en bases de datos nacionales. El procedimiento se inicia con la definición consensuada del modelo de datos de la geodatabase de campo y la configuración del entorno de captura de datos en Field Maps y su visor online. La información georreferenciada registrada es posteriormente sometida a un control de calidad exhaustivo, que incluye la revisión de más de 80 parámetros temáticos y espaciales. Una vez validados, los datos de campo se integran mediante un proceso de Extract, Transform and Load (ETL) a la Cartografía Nacional de Hábitats, que ya recoge información procedente de diversas fuentes (cartografía base, cartografías autonómicas, modelos ambientales, inventarios previos, etc.). Esta etapa mejora la coherencia del conjunto y aporta un valor añadido para el análisis espacial. Durante los años 2023 y 2024 se muestrearon 19.000 polígonos y se cartografiaron 820 hábitats pertenecientes a la Lista Patrón Española de Hábitats los cuales se relacionan con 95 Hábitats de Interés Comunitario, lo que evidencia la magnitud y solidez del trabajo desarrollado. Este proyecto ejemplifica cómo la tecnología y el uso de sistemas de información geográfica y bases de datos permite transformar los registros de campo en información estructurada y homogénea, mejorando su integración y análisis para la conservación de la biodiversidad. La digitalización y estandarización de los procesos aumentan la eficiencia y la calidad de los datos, demostrando cómo la tecnología puede potenciar la gestión del “big data” ambiental y apoyar la conservación de los ecosistemas.

8. Del herbario al algoritmo: cómo la IA está transformando la botánica.

Joshua Borràs *¹

¹ Universitat de les Illes Balears.

*j.borras@uib.es

La inteligencia artificial (IA) está transformando la ciencia, facilitando el procesamiento masivo de datos. En botánica, las bases de datos sobre biodiversidad han sido tradicionalmente un cuello de botella para el avance científico debido al gran esfuerzo humano necesario para generarlas y mantenerlas. Hoy en día existen múltiples fuentes de información aún poco exploradas, como los herbarios digitalizados, las plataformas de ciencia ciudadana (e.g. iNaturalist) o fuentes poco convencionales como imágenes de Google Street View y redes sociales. Todas ellas contienen una cantidad sin precedentes de datos sobre la distribución, morfología y fenología de las plantas. Sin embargo, aprovechar eficazmente esta información requiere herramientas capaces de procesarla de forma automatizada, precisa y escalable. En este contexto, la IA representa un auténtico cambio de paradigma. Los algoritmos de aprendizaje automático permiten la curación de bases de datos botánicas, corrigiendo errores taxonómicos, estandarizando metadatos y detectando duplicados entre colecciones. Las redes neuronales aplicadas a imágenes de herbarios han mostrado una alta precisión en la identificación de especies y órganos vegetales (Younis et al., 2020; Ueda et al., 2022). Además, el uso de imágenes procedentes de Google Street View o redes sociales se ha revelado prometedor para detectar vegetación espontánea, mapear especies invasoras o monitorear floraciones (Hultquist et al., 2023; Velasquez et al., 2022). Estas aproximaciones reducen la necesidad de muestreos intensivos de campo y amplían el alcance de los estudios de biodiversidad. Por otra parte, los modelos de lenguaje natural permiten extraer información de etiquetas históricas, publicaciones o bases de datos antiguas, conectando registros dispersos y facilitando la creación de bases de datos dinámicas y autodepurables. La aplicación de la IA puede acelerar el avance del conocimiento botánico y mejorar la gestión de los ecosistemas, transformando la botánica.

9. Técnicas de muestreo aerobiológico, identificación y cuantificación de las microalgas aéreas.

Lenis Alejandra Prieto-Herrera ¹, **Guillermo Muñoz-Gómez** *¹ y Rosa Pérez-Badía ¹.

¹ Instituto de Ciencias Ambientales. Universidad de Castilla-La Mancha.

*guillermo.munoz@uclm.es

En este trabajo se analizan los tipos de muestreo y las técnicas empleadas para la identificación y la cuantificación de las microalgas presentes en el aire. Se ha realizado una revisión sistemática de la bibliografía existente al respecto siguiendo el protocolo normalizado PRISMA 2020 (Preferred Reporting Items for Systematic Reviews and Meta-Analyses 2020) utilizando las bases de datos Scopus y Web of Science. La revisión ha incluido un total de 80 publicaciones realizadas entre los años 1995 y 2024. Respecto al muestreo, las microalgas se han recolectado por deposición pasiva en un 46 % de los trabajos, mayoritariamente sobre placas de Petri con agar u otros medios de cultivo, pero también mediante toma directa de muestras depositadas sobre superficies como cortezas de árboles, musgos o nieve, y otros métodos pasivos que capturan las microalgas por gravedad. La utilización de aparatos volumétricos, que realizan la recolección de las muestras succionando un determinado volumen de aire con caudales o flujos que varían desde menos de 1 hasta más de 1000 L/min, se emplea en un 54 % de los artículos revisados. Respecto a la identificación y cuantificación, a lo largo del periodo revisado se observa una tendencia creciente hacia la utilización de técnicas moleculares, aunque la caracterización morfológica mediante microscopía óptica, de epifluorescencia o electrónica (para observaciones ultraestructurales) sigue siendo básica. La combinación de la observación morfológica con los análisis genéticos (qPCR, metabarcoding y metagenómica) permite obtener resultados más detallados. Los órdenes de cianobacterias más representados han sido Nostocales, Synechococcales, Oscillatoriales y Chroococcales. Respecto a las algas eucariotas la división *Chlorophyta* es predominante, con *Chlorella* como género más citado, seguido por *Scenedesmus*. Las diatomeas de la división *Bacillariophyta* ocupan la segunda posición, destacando los géneros *Nitzschia* y *Navicula*.

10. Phenotypic differentiation between native and introduced populations of *Cortaderia selloana*.

Ainhoa Hernández-García *¹, Jorge González Le Barbier ¹⁻², Clara Espinosa del Alba ¹⁻², Eduardo Fernández-Pascual ¹⁻², Víctor González-García ¹⁻², Borja Jiménez-Alfaro ¹⁻², Ana Elisa Valdés ¹⁻² y Adrián Lázaro-Lobo ¹⁻².

¹ Department of Organismal and Systems Biology, University of Oviedo; ² Biodiversity Research Institute (IMIB), University of Oviedo-CSIC-Principality of Asturias.

*ainhoahdez2507@gmail.com

The success of invasive plants in the introduced areas largely depends on both the biological attributes of the species and the novel environmental conditions. Invasive species have to adapt to the new biotic (e.g., herbivory, predation) and abiotic (e.g., climate, soil, resource availability) environment if they are to persist over time. *Cortaderia selloana* (Pampas grass) is a highly adaptable species that produces numerous viable seeds and can grow in a wide range of environments, although it prefers wet areas with mild temperatures. However, to date, there are no studies evaluating the ecological adaptations that may have helped the species succeed globally. Previous research that evaluated phenotypic responses of isolated populations of *C. selloana* to environmental conditions found that the main limiting factors for the species persistence are low temperatures and water availability, which constrain seed germination and seedling establishment. However, we know very little about the ecological differentiation between native and invaded regions. In this study, we evaluated the regeneration niche of *C. selloana* populations from its native (South America) and introduced (Europe, South Africa, Australia, New Zealand, and North America) ranges, with the help of 26 international researchers. We evaluated the species germination and growth under different temperature and water treatments to identify climate constraints that would limit invasion by *C. selloana* along latitudinal and altitudinal gradients. We found that introduced populations had faster germination and early growth than native populations, specially under stressful conditions. Our results also suggest that *C. selloana* can tolerate a wide range of temperature and water availability conditions. These findings can enhance management programs by identifying areas at high risk of invasion and those that are unsuitable for the regeneration of *C. selloana*.

11. Sangrando bedules. Sostenibilidad de la extracción de savia de *Betula celtiberica* Rothm. & Vasc. en la comarca de Omaña (León).

Sergio Rodríguez-Fernández ¹, Blanca Cortón Gracia ¹, Pau Cruz Ramón ¹, Ana Belén Fernández-Salegui ¹, Sandra Lobato-Pérez ³, Ana I. Paniagua-García ³, Rebeca Díez-Antolínez ³ y Estrella Alfaro-Saiz ¹⁻².

¹ Dpto de Biodiversidad y Gestión Ambiental. Facultad de Ciencias Biológicas y Ambientales. Universidad de León; ² Herbario LEB Jaime Andrés Rodríguez. Facultad de Ciencias Biológicas y Ambientales. Universidad de León; ³ Centro de Biocombustibles y Bioproductos. Instituto Tecnológico Agrario de Castilla y León.

La extracción de savia de abedul es una práctica muy habitual en las regiones templadas y boreales de Europa, Asia y América pero no es tan común en la Península Ibérica. El presente estudio plantea evaluar si esta extracción puede llevarse a cabo sin generar estrés fisiológico en los árboles con el objetivo de promover un aprovechamiento forestal comercial sostenible en la comarca de Omaña (León). Para el diseño experimental se seleccionaron tres zonas de muestreo en este territorio, con 18 abedules en cada una, que se dividieron en tres tratamientos en función del número de perforaciones realizadas en sus troncos para la extracción de savia: control (0), extracción moderada (2) y extracción elevada (4). Para analizar el estado fisiológico de los abedules, se analizó la cantidad y composición de la savia recogida, el potencial hídrico en ramas terminales y la fluorescencia de la clorofila a del fotosistema II en las hojas. Los resultados indicaron la ausencia de signos de estrés en los abedules tras la extracción. Se observó que factores como el diámetro del tronco, la ramificación, la altura del árbol y la densidad del bosque pueden influir en la cantidad de savia recolectada, al contrario que el número de perforaciones realizadas para la extracción. La composición de la savia fue similar entre las zonas de estudio, pero distinta entre abedules, sugiriendo que su variación se deba a factores ambientales y edafoclimáticos. Como conclusión, la extracción de savia de abedul podría ser una alternativa forestal viable y sostenible, ya que no se han encontrado efectos negativos significativos, aunque serían necesarios más estudios para reafirmarlo si la extracción fuese más intensa o se repitiese anualmente. Este estudio abre una oportunidad para diversificar el uso de los abedulares en la región de Omaña desde un punto de vista sostenible.

12. El género *Retama* (Genisteae, Leguminosae) como modelo de estudio de la hiperdominancia en puntos calientes de biodiversidad: Una aproximación herbariómica.

Elsa Alonso Moreno ^{*1-2}, Mónica García-Gallo Pinto ¹, Manuel de la Estrella ³ y Lisa Pokorny ¹.

¹ Real Jardín Botánico de Madrid-CSIC; ² Universidad Internacional Menéndez Pelayo (UIMP) ; ³ Universidad de Córdoba (UCO).

[*elsa.alonso21@gmail.com](mailto:elsa.alonso21@gmail.com)

En ocasiones, en puntos calientes de biodiversidad (Cuenca Mediterránea y Macaronesia), se observa que el paisaje está dominado por unas pocas especies, circunstancia conocida como hiperdominancia. En el caso de las leguminosas de la tribu Genisteae, algunas especies dominan las formaciones vegetales (llegando a darles nombre: piornales, retamares, escobonales), mientras que otras presentan una distribución restringida y escasa abundancia. El género *Retama* (Genisteae, Leguminosae) es un ejemplo paradigmático de este patrón, ya que incluye especies hiperdominantes, como *R. monosperma* y *R. sphaerocarpa* (Mediterráneo occidental) o *R. raetam* (que llega al Levante) y especies endémicas de áreas específicas, como *R. dasycarpa* (Marruecos) o *R. rhodorhizoides* (Canarias). Para comprender cómo procesos eco-evolutivos han dado lugar a estos patrones de dominancia y rareza, hemos llevado a cabo un muestreo exhaustivo del género en toda su área de distribución, integrando datos procedentes de cinco herbarios de referencia (BC, E, MA, FCO y P). Gracias a enfoques herbariómicos basados en el aprovechamiento de las colecciones de historia natural, hemos aplicado técnicas de secuenciación de última generación (Hyb-Seq, que combina captura masiva de dianas genómicas con barrido genómico) para obtener datos filogenómicos y poblacionales a gran escala. La implementación de flujos de trabajo computacionales en supercomputadoras nos ha permitido analizar este conjunto de datos complejos. Nuestros resultados proporcionan nuevas perspectivas sobre la evolución del género *Retama* y contribuyen a esclarecer el papel de la hiperdominancia en la formación y resiliencia de los puntos calientes de biodiversidad. Este estudio ilustra el potencial de la herbariómica como herramienta clave en la investigación de patrones eco-evolutivos en taxa con relevancia biogeográfica y ecológica en áreas de difícil acceso, al tiempo que destaca la importancia de las colecciones de historia natural como fuentes invaluables de datos para la investigación en el siglo XXI.

13. Ecological drivers of island colonization and speciation in European Ivies (*Hedera* L., Araliaceae): the case of *Hedera azorica* Carrière.

David G. del Olmo ^{*1}, Sofía Ruiz ¹, Marina Coca-de-la-Iglesia ², Angélica Gallego-Narbón ³, Nagore García Medina ¹ y Virginia Valcárcel ¹.

¹ Universidad Autónoma de Madrid, Facultad de Ciencias; ² TRAGSATEC; ³ Smithsonian National Museum of Natural History.

[*davidgarciadelolmo@gmail.com](mailto:davidgarciadelolmo@gmail.com)

Plant colonization of remote islands is profoundly influenced by phylogenetic constraints and ecological processes over time. In ivies (*Hedera* L., Araliaceae), variation in ploidy levels, geographical barriers, and evolution of climatic niche over time are thought to be key drivers of diversification. The presence of three macaronesian species in this genus, each endemic to a different archipelago with a unique and independent colonization event, makes *Hedera* an exceptional study case to analyze the ecological and evolutionary forces behind island speciation. Indeed, for *H. maderensis*, we already know that climatic niche conservatism—accompanied by trait conservatism—played a relevant role in speciation (Alonso et al., 2022), while for *H. canariensis* we identified a climatic niche differentiation that could be associated with the colonization of the Canary Islands (Gallego-Narbón et al., 2023). However, for the third macaronesian ivy species, *H. azorica*, which is closely related to the widespread European *H. helix*, the role of ecological processes—such as climatic and trait differentiation—in its origin remains insufficiently understood. In this study, we investigate the ecological responses involved in the colonization and speciation of ivies in the Azorean archipelago, focusing on functional trait variation, climatic niche differentiation and its phylogenetic placement. We analyze 13 functional traits in *H. azorica* and *H. helix*, assessing their correlation with the phylogenomic structure—based on a Hyb-Seq phylogeny of the genus—and their climatic niche preferences. We aim to test the hypothesis of ecological preadaptation in western populations of *H. helix*, which may have facilitated the colonization of island environments, as similarly observed in *H. maderensis* and *H. iberica*.

14.

Unmasking the geographic and evolutionary patterns of endemism in the tribe Antirrhineae (Plantaginaceae) at multiple scales.

Alejandro Alonso ^{*1}, Alberto José Coello ², Virginia Valcárcel ¹ y Mario Fernández-Mazuecos ³.

¹ Universidad Autónoma de Madrid; ² Smithsonian Institution; ³ Real Jardín Botánico de Madrid-CSIC.

*alejandro.alonso@uam.es

Biodiversity metrics based on species richness have been commonly used to investigate biogeographic patterns and delimit priority areas for conservation. However, some of the most evolutionarily relevant areas could be left unprotected based solely on these metrics. The field of spatial phylogenetics has proven useful in complementing conservation decision-making, ensuring that the most unique areas and taxa are protected. The tribe Antirrhineae (Plantaginaceae) is representative of the overall patterns of plant species richness in the western Mediterranean, specifically in the Ibero-Balearic region. This group is highly diverse in terms of its ecology, morphology, and life history. These characteristics, coupled with the heterogeneity of diversification rates, generates interesting patterns of evolutionary diversity and endemism within the tribe. To investigate spatial phylogenetic patterns in the Antirrhineae from the global to the Iberian scale, phylogenies have been constructed using different techniques. Sanger sequencing has been used at the worldwide scale, and high-throughput sequencing (genotyping by sequencing) at the Iberian scale. Distribution databases have been generated from online platforms, including GBIF and AFLIBER, and filtered and supplemented with coordinates georeferenced from bibliographic sources and herbarium specimens. Preliminary assemblies of phylogenetic and geographic data at various scales suggest that scale is crucial and that environmental gradients influence the emergence of centers of paleo- and neoendemism.

15. Datos actualizados de algunos taxones introducidos de la flora de la isla de Tenerife (Islas Canarias).

Manuel Rodríguez López ¹, **María Leticia Rodríguez Navarro**^{*2}, Miguel Antonio Padrón-Mederos ³ y Jorge Alfredo Reyes-Betancort ³.

¹ IPNA-CSIC; ² Escuela de Doctorado y Estudios de Posgrado, Universidad de La Laguna; ³ Jardín de Aclimatación de La Orotava, Instituto Canario de Investigaciones Agrarias

[*alu0100297997@ull.edu.es](mailto:alu0100297997@ull.edu.es)

El Banco de Datos de Biodiversidad de Canarias (en adelante, BDBC) es un registro oficial taxonómico, público y de carácter administrativo de las especies silvestres presentes en el archipiélago canario. El contenido corológico de las especies registradas, se nutre de la documentación publicada o de informes internos inéditos, tanto actual como histórica, incluyendo desde especies nativas o introducidas con numerosas citas y una amplia distribución, hasta taxones cuya presencia en el archipiélago está refrendada por una o escasas menciones. Para este segundo caso, en ocasiones dichas citas no han podido ser confirmadas con posterioridad, adoptando un estado de presencia dudosa en dicho BDBC. *Convolvulus farinosus* L., *Fuchsia coccinea* Aiton, *Gnidia polystachya* P.J. Bergius, *Lepidium virginicum* L., *Melinis minutiflora* P. Beauv., *Phormium tenax* J.R. Forst. & G. Forst, *Setaria viridis* (L.) P. Beauv., *Sigesbeckia orientalis* L. y *Trifolium pratense* L., son ejemplos de especies citadas para la isla de Tenerife hace décadas y que no cuentan con posterior confirmación. Con la presente comunicación queremos confirmar la presencia de estas especies en dicha ínsula, aportando registros cuyos testigos se encuentran depositados en herbarios, además de actualizando (y en algunos casos ampliando) su distribución corológica y aportando aspectos ligados a la ecología que presentan a nivel insular.

16.

Estudiando la taxonomía de los géneros *Athamanta* L., *Rutheopsis* A. Hansen & G. Kunkel y *Todaroa* Parl. (Apiaceae Lindl.) en las Islas Canarias: Objetivos generales, aspectos metodológicos y primeros resultados.

María Leticia Rodríguez Navarro^{*1}, Miguel Antonio Padrón-Mederos ² y Jorge Alfredo Reyes-Betancort ².

¹ Escuela de Doctorado y Estudios de Posgrado, Universidad de La Laguna; ² Jardín de Aclimatación de La Orotava, Instituto Canario de Investigaciones Agrarias

[*alu0100297997@ull.edu.es](mailto:alu0100297997@ull.edu.es)

Los archipiélagos macaronésicos son uno de los “puntos calientes de biodiversidad” con mayor relevancia del mundo. Canarias, dentro de este amplio territorio, es una de las superficies con mayor riqueza en especies, motivo suficiente para profundizar en el estudio sistemático de las especies endémicas de su flora. Diferentes géneros de la familia Apiaceae Lindl., con representantes endémicos en el archipiélago canario, son de especial interés taxonómico tales como *Athamanta* L., *Rutheopsis* A. Hansen & G. Kunkel y *Todaroa* Parl. En este sentido, el enfoque molecular ha contribuido a la comprensión de las relaciones evolutivas de estos grupos dentro de la familia, estableciendo que la anatomía y morfología de los frutos son los caracteres que aportan mayor congruencia a las filogenias moleculares. Los relativamente recientes cambios en las adscripciones de los diferentes taxones a diferentes géneros en este grupo, así como la segregación de poblaciones insulares en taxones infra específicos, inducen a considerar que la taxonomía de estos grupos aún se encuentra sin esclarecer. Por esto se ha propuesto iniciar un estudio biosistemático de estos géneros en las islas Canarias, exponiendo en la presente comunicación los objetivos, la metodología a seguir y resultados previos, como por ejemplo, la evidencia de signos de hibridación entre los representantes de los géneros *Todaroa* y *Athamanta*, así como divergencias entre las poblaciones insulares del género *Todaroa*.

17. Conservación y ecología de *Asplenium adiantum-nigrum* subsp. *corunnense* en sustratos ultrabásicos.

Adrián Ramos ^{*1}, Mario Mairal ¹, Sonia Molino ² y Mario Fernández-Mazuecos ³.

¹ Universidad Complutense de Madrid; ² Universidad Europea de Madrid; ³ Real Jardín Botánico de Madrid-CSIC.

*adramo02@ucm.es

Las especies adaptadas a sustratos ultramáficos o serpentínicos presentan distribuciones muy restringidas y elevada vulnerabilidad frente a amenazas naturales y antrópicas. Por ello, resulta esencial profundizar en su conocimiento taxonómico y ecológico para diseñar estrategias de conservación eficaces. En la península ibérica se encuentra un ejemplo claro de esta problemática: *Asplenium adiantum-nigrum* subsp. *corunnense*, un helecho estrictamente ligado a afloramientos ultramáficos que hasta ahora no había sido incluido en estudios filogenéticos, y cuyo origen evolutivo no se había estudiado en profundidad. En este trabajo se abordaron tres objetivos principales: (i) esclarecer las relaciones evolutivas dentro del complejo *A. adiantum-nigrum* mediante estimaciones de ploidía obtenidas por citometría de flujo y análisis filogenéticos bayesianos basados en ADN plastidial; (ii) determinar las variables que condicionan su distribución geográfica a través de la modelización de nicho; y (iii) evaluar su estado de conservación en la península ibérica aplicando el criterio B de la UICN. Los resultados muestran que *A. adiantum-nigrum* subsp. *corunnense* no comparte el mismo origen evolutivo que la subespecie típica (*A. adiantum-nigrum* subsp. *adiantum-nigrum*). Ambos taxones serían alotetraploides, pero formadas por hibridaciones con los parentales invertidos: en *corunnense* el parental materno es *A. cuneifolium*, mientras que en la forma típica lo es *A. onopteris*. No obstante, no se descarta un posible origen por autopolioidía a partir de *A. cuneifolium*, lo que pone de manifiesto la necesidad de nuevos estudios filogenéticos. La modelización de nicho confirmó que la litología ultramáfica constituye el principal factor limitante de su distribución, explicando su carácter extremadamente restringido, e identificó áreas de distribución potencial en el sur de Portugal y Extremadura. Finalmente, la estimación del área de ocupación, extensión de presencia y número de localidades conocidas permitió asignar a la subespecie la categoría de amenaza “En Peligro” (EN), proporcionando una base científica sólida para su protección y conservación.

18. Limitaciones y riesgos del uso de datos globales de biodiversidad en entornos insulares.

Miquel Capó ^{*1}, Iván Cortés-Fernández ¹, Esperança Perelló-Alomar ¹, Joshua Borràs ², Llorenç Gil-Vives ¹, Montserrat Compa ¹, Antoni Sureda ³, Rafel Llobet-Deià ¹, Maurici Ruiz-Pérez ⁴ y Samuel Pinya ¹.

¹ Interdisciplinary Ecology Group. Research Group of Botany on Mediterranean Islands. Universitat de les Illes Balears; ² Research Group of Botany on Mediterranean Islands. Universitat de les Illes Balears; ³ Research Group on Community Nutrition & Oxidative Stress. Universitat de les Illes Balears; ⁴ Observatori de riscos naturals i emergències de les Illes Balears. Universitat de les Illes Balears.

[*miquel.capo@uib.es](mailto:miquel.capo@uib.es)

GBIF constituye actualmente la principal infraestructura global de datos abiertos sobre biodiversidad y una fuente de referencia para estudios ecológicos, biogeográficos y de conservación. Sin embargo, el uso directo de sus registros sin una validación rigurosa comporta riesgos significativos derivados de errores de georreferenciación, identificación o estandarización. En las islas, la escala espacial reducida y la fragmentación del territorio amplifican los efectos de los errores de localización. Un desplazamiento de pocos cientos de metros puede situar una observación fuera de su hábitat natural, en el mar o incluso en otra isla, alterando por completo la percepción de la distribución real de una especie. Además, la transformación de datos procedentes de cuadrículas o sistemas locales de referencia en coordenadas puntuales tiende a simplificar en exceso la realidad espacial, generando registros ficticios o poco representativos. En este sentido, la validación manual y el control experto resultan imprescindibles, ya que los filtros automáticos y los procedimientos estandarizados, aunque útiles, no eliminan todas las fuentes de error. Mientras que en áreas continentales los desplazamientos geográficos pueden diluirse en extensiones amplias sin modificar sustancialmente los patrones de distribución, en las islas cualquier error adquiere una magnitud ecológica desproporcionada. Por ello, el filtrado y la verificación de los datos deben entenderse no como una fase complementaria, sino como un requisito metodológico esencial. Solo mediante procesos de depuración exhaustivos, trazables y apoyados en conocimiento local es posible garantizar que la información derivada de GBIF sea fiable, puesto que en islas la precisión espacial constituye un elemento crítico para la interpretación biogeográfica y la toma de decisiones en conservación.

19. The Secret Ornamentation of Alpine Plant Seeds.

Clara Espinosa del Alba ^{*1}, Sandra González García ¹, Eduardo Fernández-Pascual ¹, Borja Jiménez-Alfaro ¹.

¹ Universidad de Oviedo.

^{*}clara.esdal@hotmail.es

Las semillas son pequeños repositorios de energía y diversidad genética que sirven de base para la reproducción de las plantas espermatófitas. Estas semillas tienen además la capacidad de dispersarse en el tiempo y el espacio hasta que detectan las condiciones ambientales favorables para crecer. La importancia biológica de las semillas está fuera de toda duda; sin embargo, estas tienen también una belleza, muchas veces microscópica y pocas veces apreciada. Las paredes de la testa de la semilla presentan en muchos casos una ornamentación variable que históricamente se ha usado para taxonomía y sistemática dentro de varios géneros. En este trabajo, presentamos las imágenes de SEM de 64 semillas de especies de plantas de pastos alpinos para dar a conocer la diversidad de patrones de micromorfología en las semillas de las plantas de este hábitat.

20. AI methods for Automatic Relevé Classification Systems.

Xavier Font ^{*1}, Raúl Pérez ¹.

¹ Universidad de Barcelona.

[*xfont@ub.edu](mailto:xfont@ub.edu)

Los algoritmos de aprendizaje automático, y en particular las técnicas de aprendizaje profundo, llamadas en general Inteligencia Artificial (IA), se están consolidando como herramientas fundamentales para abordar tareas complejas de clasificación de grandes volúmenes de datos ecológicos. Las técnicas de aprendizaje automático generan un modelo, a partir de datos de entrenamiento etiquetados, que nos permiten hacer predicciones sobre datos no vistos. En este estudio, exploramos el uso de redes neuronales artificiales para la predicción y la clasificación de inventarios de vegetación en hábitats. El objetivo principal de este ensayo es entrenar una IA (basada en redes neuronales artificiales) para obtener un algoritmo que sirva como una herramienta de reconocimiento automático de hábitats de la Lista Patrón Española de Hábitats Terrestres (MITECO, 2017) a partir de inventarios fitosociológicos. Esta herramienta permitirá identificar el hábitat más probable que corresponde a un inventario fitosociológico dado. A diferencia de los métodos tradicionales basados principalmente en el criterio experto de botánicos, el modelo generado por la red neuronal permitirá establecer métodos cuantificables y tangibles para la determinación de inventarios en hábitats y su asignación a distintas clasificaciones de hábitats. Además, la reproducibilidad y escalabilidad de la herramienta facilitará su futura implementación a otros territorios y en servidores de datos, por ejemplo, en SIVIM (Sistema de Información de la Vegetación Ibérica y Macaronésica), donde los usuarios podrán hacer consultas y predicciones de sus inventarios, con una alta precisión, sin necesidad de disponer de un profundo criterio experto en la materia.

21. Long-term changes in the chorology of alpine species: a distribution modelling approach in the Iberian Peninsula.

Anna Borràs Masip ^{*1}, Pau Carnicero ² y Miquel Ninyerola¹.

¹ Universitat Autònoma de Barcelona; ² Universität Innsbruck.

*annaborrasmasip@gmail.com

This study analyzes the potential distribution of four endemic alpine herbaceous species from the Iberian Peninsula (*Galium pyrenaicum*, *Festuca gautieri*, *Sedum candollei*, and *Senecio pyrenaicus*) using Species Distribution Models (SDMs) across three temporal scenarios: the Last Glacial Maximum, the present, and the future (RCP8.5). The results show a progressive reduction of their habitat, with a forecast of further contraction and isolation. Despite the good performance of the models, certain limitations are identified, such as the lack of absence data under extreme conditions and insufficient spatial resolution. The study highlights the vulnerability of these species to climate change and the importance of identifying priority conservation areas.

22. ¿Se puede predecir el nivel de ploidía mediante medidas estomáticas?

Álvaro Giráldez ^{*1}, Sergio Rodríguez ¹, Angélica Gallego-Narbón ^{1,2}, Marina Coca-de-la-Iglesia ³, Nagore García ⁴ y Virginia Valcárcel ⁴.

¹ Universidad Autónoma de Madrid; ² Museo Nacional de Historia Smithsonian, Washington; ³ TRAGSATEC; ⁴ Universidad Autónoma de Madrid, CIBC.

*alvarogiraldezguerrero22@gmail.com

Varios estudios han identificado una correlación entre el nivel de ploidía y las características estomáticas, presentando los poliploides estomas más grandes y en menor densidad que los diploides. Esto abre la posibilidad de utilizar los rasgos estomáticos para estimar los niveles de ploidía, lo cual representa una ventaja significativa, dado que los métodos tradicionales, como los recuentos cromosómicos o la citometría de flujo, requieren material fresco. Debido a que los estomas participan en la termorregulación y la evapotranspiración de las plantas, también varían con las condiciones climáticas. Este estudio pretende analizar si el tamaño y la densidad estomática se correlacionan con el nivel de ploidía y/o las condiciones climáticas en especies de hiedra (*Hedera* L. spp.). El género representa un excelente caso de estudio, ya que incluye especies con cuatro niveles de ploidía, de diploide a octoploide, y distintas preferencias climáticas. Se incluyeron tres especies diploides (*H. azorica* Carrière, *H. helix* L. y *H. canariensis* Willd.), una tetraploide (*H. hibernica* hort. ex G. Kirchn), dos hexaploides (*H. maderensis* K. Koch ex A. Rutherf. y *H. iberica* (McAll.) Ackerf. & J.Wen) y la única especie octoploide (*H. colchica* (K.Koch) K.Koch). Para ello se analizaron 155 pliegos de herbario en los que se realizaron impresiones foliares con laca de uñas. Las impresiones se observaron al microscopio y se midieron la densidad estomática, la longitud y la anchura de los estomas. En total se midieron 8.850 estomas. Se analizó la relación entre la densidad y el tamaño de los estomas con la ploidía y con el clima empleando análisis de comparaciones múltiples y componentes principales (PCA). Adicionalmente se evaluó la capacidad de predecir la ploidía en función de las variables estomáticas y el clima, mediante modelos de regresión bayesianos. El mejor modelo, que se basaba en variables estomáticas y climáticas, alcanzó una precisión moderadamente alta para estimar ploidía. Este estudio confirma la utilidad de los rasgos estomáticos como herramienta indirecta para inferir la ploidía en especies de *Hedera*, especialmente cuando no se dispone de material fresco. Se destaca además la importancia de considerar factores climáticos para interpretar correctamente esta relación.

23. Phenotypic Selection on floral traits in a pollination-generalized plant.

Carlos J. Almeida-Valido *¹, Felipe Torres Vanegas ², Magne Friberg ² y Øystein Opedal ².

¹ Universidad Complutense de Madrid; ² Lund University.

*c.almeidavalido@gmail.com

Phenotypic selection on floral traits can vary due to spatial and temporal differences in the ecological context experienced by specific plant populations. However, there are few long-term empirical studies that assess the role of spatial and temporal variation as a factor that can lead to divergent outcomes in the patterns of phenotypic selection on floral traits in generalized plant–pollinator interactions. In this study, we examined temporal variation in the strength and direction of phenotypic selection on floral traits in *Viscaria vulgaris*, a perennial herb that interacts with a wide diversity of pollinator taxa. We conducted phenotypic selection studies over a period of four years (2021–2024) in a single *V. vulgaris* population located in southern Sweden. For each year, we estimated and compared mean-standardized selection gradients for a suite of floral traits functionally involved in the pollination process. In addition to the selection analyses, we conducted annual censuses of pollinators throughout the study period. These surveys revealed substantial temporal variation in pollinator community composition, with some functional groups of pollinators appearing or disappearing between years. We found that the strength and direction of phenotypic selection on some floral traits remained constant during the four-year study period. However, other floral traits, particularly those involved in flower–pollinator fit, experienced detectable temporal variation in the strength and direction of selection. Such variation may reflect the interannual changes in the composition of the pollinator community. We underscore that *V. vulgaris* is subject to temporal variation in phenotypic selection on floral traits and that the extent of such variation depends on the function of each floral trait.

24. Evaluación de la hidrofobicidad y resistencia a la difusión del agua en las superficies foliares de plantas canarias.

María Ruiz Navarro *¹, Alicia Perera Castro ² y Águeda María González Rodríguez ¹.

¹ Universidad de La Laguna; ² Universitat de Illes Balears.

*mruiznavarro@gmail.com

La hidrofobicidad y resistencia a la difusión de agua de la superficie foliar son dos parámetros que pueden estar ligados a las relaciones hídricas en las plantas. El objetivo de este estudio fue examinar estos parámetros en diferentes pisos de vegetación canarios a lo largo de un gradiente ambiental. Para ello, se determinaron tres indicadores de hidrofobicidad: ángulo de contacto, área de contacto foliar y ángulo máximo de retención del rocío, y la conductancia mínima foliar, como indicador de la resistencia a la difusión del agua en la superficie foliar en condiciones de máximo cierre estomático posible. Las hojas en todos los pisos de vegetación resultaron ser altamente hidrofílicas, y no se detectaron diferencias significativas de hidrofobicidad entre ellos. Los valores de conductancia mínima foliar tampoco mostraron diferencias significativas entre pisos de vegetación. Se evaluó el tipo de superficie foliar en todos los pisos de vegetación y no se observaron diferencias significativas en ninguna de las especies estudiadas. Adicionalmente se evaluó la edad y exposición lumínica foliar para el monteverde, detectándose diferencias significativas para los valores de hidrofobicidad de algunas especies, y una tendencia, en ocasiones significativa, de mayor conductancia foliar en hojas adultas y en hojas de sol.

25. iNaturalist como herramienta para la creación de una base de datos de líquenes de la provincia de León.

Rubén Pérez-González *¹ y Ana Belén Fernández-Salegui ¹.

¹ Dpto. Biodiversidad y Gestión Ambiental, Área de Botánica. FFCC Biológicas y Ambientales. Universidad de León.

*rupeg@unileon.es

El proyecto “Líquenes de León” es una iniciativa de ciencia ciudadana desarrollada a través de la plataforma iNaturalist, cuyo objetivo principal es recopilar y analizar observaciones de líquenes presentes en la provincia de León. Este proyecto paraguas recopila automáticamente todas las observaciones de líquenes ocurridas dentro de la provincia, generando cada día una base de datos útil para investigaciones en biodiversidad. Mediante la colaboración de observadores y especialistas, se han registrado numerosas observaciones de líquenes procedentes de distintas zonas de León. Cada registro incluye datos geográficos, fotografías y las correspondientes identificaciones taxonómicas, hasta la categoría que sea posible, lo que permite evaluar la riqueza y distribución de especies en la región. Un aspecto destacado del proyecto es el bajo número de observaciones que alcanzan el “Grado de Investigación”, es decir, aquellas que han sido verificadas por la comunidad científica y cumplen los estándares de calidad de iNaturalist, haciéndolas aptas para su inclusión en bases de datos globales como GBIF (Global Biodiversity Information Facility). Este proyecto lleva activo desde agosto de 2023 y acumula a octubre de 2025, un total de 1.397 observaciones, de las cuales solamente 445 alcanzan el “Grado de Investigación”, es decir, aptos para su inclusión a GBIF. El total de especies observadas asciende a 178 destacando Evernia prunastri con 106 registros, seguido de Xanthoria parietina y Lobaria pulmonaria con 84 y 78 registros, respectivamente. En cuanto al número de observadores, el proyecto cuenta actualmente con 304 ciudadanos fotografiando líquenes. En conjunto, “Líquenes de León” demuestra el potencial de las plataformas de ciencia ciudadana como herramientas para generar bases de datos, sin embargo, es necesaria la participación de más expertos liquenólogos que validen las observaciones a “Grado de Investigación” para incluirlas a GBIF.

26. Myxospermy as a key innovation promoting diversification in *Helianthemum* across xeric environments

Julia López Vállez ^{*2}, Aparicio A. ¹, Albaladejo RG. ¹, Viruel J. ³⁻⁴, Hernández-Olmos R. ² y Martín-Hernanz S. ¹⁻².

¹ Department of Plant Biology and Ecology, University of Seville; ² Department of Biodiversity, Ecology and Evolution, Complutense University of Madrid; ³ Department of Ecosystem Stewardship, Royal Botanic Gardens, Kew; ⁴ Polytechnic School of Huesca, University of Zaragoza.

*lopezvallezj@gmail.com

Myxospermy is a process by which seeds, upon hydration, release a viscous gel rich in pectin and/or cellulose, known as mucilage. Widely distributed among angiosperms, this trait plays key roles in arid environments by regulating germination and promoting or inhibiting seed dispersal (telechory and antitelechory). However, its role in plant diversification in dry regions remains poorly understood. The genus *Helianthemum* (Cistaceae), broadly distributed across the Palearctic and diversified in subdesert and xeric Mediterranean regions, provides an ideal model to explore the evolutionary role of mucilage. Seeds from 82 species and subspecies (over 75% of the genus) were studied using optical and electron microscopy, as well as selective staining, to characterize the structure, composition, and water-holding capacity of the mucilage. These data were integrated into a time-calibrated phylogeny to perform ancestral reconstructions and phylogenetic correlation analyses with 19 bioclimatic variables. The study revealed three mucilage types: (i) Simple pectic mucilage (PSM) — the ancestral state of the genus; (ii) Hydrating pectic mucilage (PHM) — a dome-shaped structure that stores water internally; and (iii) Expansive cellulosic mucilage (CEM) — a bilayer envelope with external fibrils providing maximal hydration capacity. The latter two represent more complex derived states. Although mucilage type alone showed weak correlations with climate, phenotypes integrating seed morphology (shape and size) and mucilage performance were strongly structured according to aridity and thermal stability. Overall, the results support that myxospermy represents a multicomponent functional syndrome, whose derived architectures acted as key innovations driving the diversification of *Helianthemum* in arid environments.

27. Acalypha Taxonomic Information System.

Pablo Muñoz-Rodríguez*¹, Iris Montero-Muñoz ²; Claudia Escobar-Rodríguez ¹, Lucía Villaescusa-González ¹, Roberto Gamarra ³, Emma Ortúñez ³ y José María Cardiel ³.

¹ Universidad Complutense de Madrid, ² Universidad de Alcalá; ³ Universidad Autónoma de Madrid.

*pablo.munoz@ucm.es

Acalypha Taxonomic Information System (ATIS) es un recurso en línea, gratuito y revisado por expertos, que ofrece información taxonómica integral sobre *Acalypha* L. (Euphorbiaceae), un género megadiverso de plantas con distribución pantropical. *Acalypha* comprende unas 500 especies de importancia ecológica, económica y farmacológica, varias de ellas reconocidas por sus propiedades antibacterianas, antifúngicas y anticancerígenas, o por su uso tradicional en el tratamiento de mordeduras de insectos y reptiles. Desarrollado como parte de un programa de investigación más amplio destinado a establecer un marco taxonómico y evolutivo completo para el género, ATIS integra datos nomenclaturales, registros de especímenes, información filogenética, evaluaciones de conservación, usos medicinales y herramientas de identificación en una única plataforma dinámica. Actualmente incluye información de más de 1.700 nombres publicados, 40.000 registros de herbario, 25.000 imágenes y 1.600 referencias bibliográficas, constituyendo un recurso sin precedentes para la investigación en biodiversidad. El sistema proporciona además información etnobotánica y evaluaciones de conservación para más de 200 especies, junto con enlaces a claves interactivas e información filogenómica en desarrollo. ATIS ejemplifica un modelo de recurso taxonómico dinámico, revisado y en continua actualización, que combina la taxonomía clásica con la infraestructura digital moderna, promoviendo la transparencia, la accesibilidad y la integración de datos a largo plazo. Este trabajo demuestra cómo las plataformas especializadas y mantenidas de forma continua pueden complementar la publicación taxonómica tradicional y fortalecer la investigación, la identificación de especies y la conservación. Proponemos ATIS como modelo replicable para otros grupos megadiversos y taxonómicamente complejos, contribuyendo a mejorar la gestión del conocimiento botánico y a reforzar la colaboración interdisciplinar en el estudio y conservación de la diversidad vegetal.

28. Seguimiento de los procesos recientes de renaturalización pasiva ocurridos en el noroeste de España.

Daniel Pfitzer-López¹⁻², Rubén Ramírez-Rodríguez¹⁻², José Valentín Rocas-Díaz¹⁻², José Manuel Álvarez-Martínez¹⁻², Mario Quevedo¹⁻², Daniel García¹⁻², Borja Jiménez-Alfaro¹⁻² y Susana Suárez-Seoane¹⁻².

¹ Instituto Mixto de Investigación en Biodiversidad (IMIB) (Universidad de Oviedo – CSIC); ² Dpto de Biología de Organismos y Sistemas (Universidad de Oviedo).

La renaturalización pasiva constituye un proceso clave para restaurar la funcionalidad y la integridad ecológica de los bosques, especialmente frente a los desafíos impuestos por el cambio global. En este trabajo se propone un índice bidimensional de renaturalización pasiva, basado en la complejidad estructural de los ecosistemas y en sus tendencias sucesionales. La complejidad estructural se evaluó en función del tipo de vegetación, mientras que las tendencias sucesionales se analizaron mediante mapas y matrices de transición entre los tipos de vegetación. El índice se aplicó en el noroeste de España, utilizando una serie multitemporal CORINE Land Cover (1990-2018), revisada con cartografía auxiliar, como fuente de datos. Los resultados muestran una reducción aproximada del 3% en la superficie ocupada por el bosque respecto a la inicial en las tres últimas décadas, lo que evidencia que la renaturalización no constituye la tendencia dominante de cambio en el paisaje del área de estudio, frente a otros procesos como la expansión de las plantaciones forestales monoespecíficas, que aumentaron más de un 10%. El carácter espacialmente explícito del índice permitió identificar áreas de expansión del bosque que, por su posición clave, mejoraron la conectividad estructural del paisaje. En concreto se cuantificó un incremento de la conectividad cercano al 6%, fundamentalmente en zonas de Galicia y en la Cordillera Cantábrica. Los valores más elevados del índice de renaturalización pasiva se concentraron en nuevas manchas grandes y compactas que pueden funcionar como núcleos de regeneración desde los cuales el bosque se expande de forma natural. En cambio, los valores más bajos del índice se asociaron a manchas pequeñas e irregulares, vinculadas con la expansión de matorral en zonas que mantienen usos activos. El índice desarrollado ofrece una herramienta útil para identificar y evaluar los patrones espacio-temporales de renaturalización pasiva escala regional.

29. Patrón de colonización insular del endemismo macaronésico *Chrysojaminum odoratissimum* (Oleaceae).

Xavier Estellés Herrero ^{*1}, Carlos García-Verdugo ¹ y Sara Martín-Hernanz ².

¹ Universidad de Granada; ² Universidad Complutense de Madrid.

^{*}xavierestelles@gmail.com

Los sistemas insulares albergan una fracción muy significativa de la biodiversidad terrestre pero mucha de esa biodiversidad, y los procesos por los que se genera, están poco estudiados. Una de estas especies es *Chrysojasminum odoratissimum* que, a pesar de ser un endemismo de amplia distribución en Macaronesia, presenta aún muchas incógnitas en relación a su origen biogeográfico. Nuestra hipótesis de partida es que, como muchos otros linajes macaronésicos, *C. odoratissimum* constituye un grupo monofilético resultado de un único evento de colonización desde el continente. Además, trabajamos con la hipótesis de que *C. odoratissimum* debería presentar una fuerte estructura genética como consecuencia de la gran fragmentación y distancia geográfica existente entre las poblaciones que constituyen su área de distribución. Para investigar estos supuestos, se analizaron datos moleculares (secuencias de ADN plastidial) de un conjunto de poblaciones de *C. odoratissimum* representativas de su rango de distribución. Estos datos se emplearon para llevar a cabo reconstrucciones filogenéticas y dataciones moleculares. Encontramos que *C. odoratissimum* es, en efecto, un taxón monofilético resultado de un único evento de colonización relativamente reciente (c. 1,5 Ma) y que su especie hermana es *C. fruticans* (cuenca del Mediterráneo), aunque el patrón de colonización interinsular no queda totalmente claro. Nuestros análisis muestran que *C. odoratissimum* tiene una estructura genética fuerte, con sublinajes bien diferenciados en grupos de islas vecinas. Los resultados obtenidos apoyan el origen relativamente reciente de un taxón clave en las formaciones termófilas de Canarias y Madeira, sus afinidades mediterráneas y la existencia de una diferenciación genética fuerte en el conjunto de la especie, aunque también se infiere la existencia de flujo génico entre islas vecinas.

30. *Carex* sect. *Fecundae*: una monografía neotropical en el siglo XXI.

Raúl Lois Madera*¹, Pablo García Moro ², Ana Morales Alonso ³, Socorro González Elizondo ⁴, Antón Reznicek ⁵, Eduardo Ruiz ⁶, Marcial Escudero ⁷ Asunción Cano ⁸, Yun Wen ⁹, Laurence Dorr ⁹, Carmen Acedo ¹ y Pedro Jiménez de Mejías ².

¹ Universidad de León; ²Universidad Pablo de Olavide; ³ Universidad Rey Juan Carlos; ⁴ Instituto Politécnico Nacional; ⁵ University of Michigan; ⁶ Universidad de Guadalajara; ⁷ Universidad de Sevilla; ⁸ Universidad de Lima; ⁹ Smithsonian Institution.

*rloim@unileon.es

Carex sect. *Fecundae* (Cyperaceae) constituye un linaje taxonómicamente complejo y ecológicamente diverso del Neotrópico, restringido a hábitats montanos desde el centro de México hasta el norte de Chile y Argentina. Representa uno de los pocos clados totalmente tropicales dentro de un género predominantemente boreotemplado. A pesar de su diversidad y relevancia ecológica, este grupo ha sido escasamente estudiado. En este trabajo se presenta el primer tratamiento monográfico e integrativo de la sección, que combina una revisión taxonómica completa con análisis filogenéticos, biogeográficos, ecológicos y morfológicos. La revisión se basa en el estudio de más de 1,200 especímenes de herbario, trabajo de campo extensivo y análisis estadísticos de caracteres morfológicos. Se reconocen 39 especies, incluyendo 21 nuevas para la ciencia, y se ofrecen descripciones detalladas, fotografías, mapas de distribución, datos fenológicos, notas diagnósticas y la primera clave de identificación completa para la sección en más de un siglo. La filogenia, que incluye 37 de las 39 especies reconocidas, respalda la monofilia de la sección (excepto *C. hebetata*) y sugiere un origen por dispersión de larga distancia desde Norteamérica hacia los Andes centrales, seguido de una expansión norteña hacia Centroamérica y México. La diversificación coincidió con el enfriamiento global del Mioceno y el levantamiento andino y mesoamericano, procesos que favorecieron la adaptación a pastizales y bosques montanos tropicales. El análisis integrativo de datos climáticos, ecológicos y morfológicos revela que la temperatura y la precipitación son variables clave en la diferenciación ecológica entre linajes sudamericanos y mexicanos. Rasgos como el número de estigmas y las invaginaciones del fruto parecen haber contribuido a la divergencia. Este estudio establece el marco taxonómico y evolutivo más completo para *Carex* sect. *Fecundae*, aportando información esencial sobre la diversificación y biogeografía de linajes neotropicales montanos.

31. The Dark Diversity of Plant Communities: An Application in Ordesa National Park.

Alba López ^{*1} y **Guillermo Bueno ²**.

¹ Real Jardín Botánico de Madrid-CSIC; ² Instituto Pirenaico de Ecología-CSIC.

*alv6798@gmail.com

The current global change scenario demands new approaches that complement our knowledge and address emerging uncertainties. Dark diversity is a novel concept referring to plant species that are absent from a community but have the ecological potential to be present. A recent global collaborative network (DarkDivNet) has shown that dark diversity is more sensitive than observed diversity in detecting human footprint, as it captures changes in relative observed versus dark diversity along different ecological and degradation gradients. Despite this, dark diversity application at local scale (for example, in protected areas) remains scarce. Studying dark diversity in Ordesa and Monte Perdido National Park provides new insights for more targeted conservation actions in alpine grasslands. The processes that cause species presence and absence are revealed by employing this method. We explore the dark diversity of a sensitive to disturbance ecosystem in the Spanish Pyrenees: alpine grassland communities of Ordesa and Monte Perdido National Park. The aim of this study is to achieve a more comprehensive understanding of floral integrity and the potential patterns driven by human activities in these communities. To this end, vegetation sampling was carried out in (i) two local plots (50 × 50 m), including an overgrazed site and a seminatural reference site (with light grazing) and (ii) 30 regional plots (10 × 10 m) used for species co-occurrence analyses. We used species co-occurrence-based estimations, comparing the dark diversity populations of local plots that remains present in the regional plots. Differences in floristic composition among local plots were also analyzed using biodiversity indices. This case study highlights dark diversity as a indicator of human impacts on alpine flora ecosystems, which extend far beyond what is visually apparent. These results should serve as motivation to foster coordinated conservation efforts, acting as a complementary tool for conservation planning in sensitive alpine flora.

32. Filogenia y evolución del complejo *Linaria amethystea* (Plantaginaceae): convergencia y radiación en el Mediterráneo occidental.

Sara Caicoya ^{*1}, Alejandro Alonso ¹, Carmen Gil-Hoed ¹, Ana Otero ¹ y Mario Fernández-Mazuecos ².

¹ Universidad Autónoma de Madrid; ² Real Jardín Botánico de Madrid-CSIC.

[*73saracaicoya25@gmail.com](mailto:73saracaicoya25@gmail.com)

La región mediterránea, incluida la península ibérica, constituye uno de los principales focos de diversidad florística del planeta, y se caracteriza por un alto número de endemismos. Un ejemplo es *Linaria amethystea* (Vent.) Hoffmanns. & Link, una especie endémica de la península ibérica y el noroeste de África, en la que se ha reconocido una amplia diversidad morfológica. Esta variabilidad ha generado debate sobre su clasificación taxonómica, por lo que en este trabajo se ha realizado un análisis filogenético del complejo *L. amethystea*, compuesto por las siete subespecies actualmente reconocidas de *L. amethystea* y dos especies muy similares morfológicamente, descritas en los últimos años. Se generaron árboles con secuencias nucleares (ITS) y plastidiales (rpl32-trnL, trnS-trnG y trnL-trnF), se infirió una red de haplotipos plastidiales, y se dató el árbol plastidial. Los resultados apoyaron una gran separación de una de las especies separadas, *L. pseudamethystea*, respecto al resto del grupo, lo que sugiere que las similitudes morfológicas con *L. amethystea* son resultado de una convergencia evolutiva. El agrupamiento del taxon norteafricano *L. amethystea* subsp. *broussonetii* con *L. munbyana* apunta a una posible polifilia de la especie *L. amethystea*. Finalmente, a pesar de la baja resolución de algunos clados, los resultados apuntan a una radiación reciente, en el Cuaternario, de las subespecies ibéricas de *L. amethystea* junto con otras especies estrechamente emparentadas, lo que ha resultado en una alta diversidad morfológica y ecológica a pesar de la baja diferenciación genética.

33. Guía Ilustrada de las Plantas Urbanas de Gijón.

Zuzana Ferencova ¹, **Víctor González García***²⁻³, Eduardo Fernández Pascual ²⁻³ y Luis Carlón Ruiz ²⁻³.

¹ Jardín Botánico Atlántico, Ayuntamiento de Gijón/Xixón; ² Instituto Mixto de Investigación en Biodiversidad - IMIB (CSIC); ³ Dpto de Biología de Organismos y Sistemas, Universidad de Oviedo.

*gonzalezgvictor@uniovi.es

La flora espontánea urbana representa un componente esencial de la biodiversidad vegetal en las ciudades, a menudo ignorada o considerada como “maleza” o “malas hierbas”. En Gijón/Xixón, hemos desarrollado una guía ilustrada que documenta 54 especies de plantas vasculares nativas que crecen de forma espontánea en espacios urbanos, destacando su valor ecológico, resiliencia y belleza. Este enfoque permite evaluar la biodiversidad urbana desde una perspectiva ecológica y paisajística, reconociendo el papel de las especies espontáneas en la sostenibilidad urbana. Las 54 especies seleccionadas son fruto de varios muestreos por la ciudad que incluyeron siete tipos de hábitats definidos según su grado de naturalidad y alteración: (1) remanentes de bosque, (2) prados de siega, (3) parques, (4) cunetas y bordes de caminos, (5) solares abandonados residenciales, (6) solares abandonados industriales y (7) muros y pavimentos. En total se establecieron 35 parcelas (5 por hábitat), distribuidas por toda la ciudad para analizar su diversidad vegetal, donde se encontraron 240 especies de plantas vasculares. Adicionalmente, hemos creado un proyecto de ciencia ciudadana en iNaturalist “Flora Urbana de Gijón” (<https://www.inaturalist.org/projects/flora-urbana-de-gijon>) donde se han registrado más de 500 especies para todo el concejo. Los resultados preliminares evidencian una notable riqueza florística en hábitats altamente alterados, subrayando la capacidad de adaptación de estas especies y su contribución a la resiliencia ecológica de la ciudad. Este trabajo busca fomentar una nueva mirada hacia la flora urbana, integrándola en estrategias de conservación y planificación verde.

34. CISTAGEN – Exploring Genome Structure and Diversification in Cistaceae: A Global, Ecological and Geographic Perspective.

Martín-Hernanz S. ^{*1}, González-Albaladejo R. ², Valerio-de-Arana M. ², Castillo-Lorenzo E. ³, Castro Loureiro JCM. ⁴, Celep F. ⁵, Díazgranados Cadelo M. ⁶, Djamel Miara M. ⁷, Mailhos Derman AF. ⁸, García S. ⁹, Hernández Gutiérrez R. ¹⁰, Hernández Ledesma P. ¹¹, Litt A. ¹², Olangua Corral M. ¹³, Reid Keener B. ¹⁴, Ulukuş D. ¹⁵, Viruel J. ³, Vitales Serrano D. ⁹ y Aparicio-Martínez A. ².

¹ Universidad Complutense de Madrid; ² Universidad de Sevilla; ³ RBG Kew; ⁴ Universidad de Coimbra; ⁵ Kırıkkale University; ⁶ New York Botanical Garden; ⁷ Université Ibn Khaldoun; ⁸ Universidad de la República; ⁹ IBB-CSIC; ¹⁰ CINVESTAV; ¹¹ INECOL; ¹² University of California Riverside; ¹³ Jardín Botánico Canario – CSIC; ¹⁴ University of West Alabama; ¹⁵ Selçuk University.

*sarmar37@ucm.es

The project CISTAGEN investigates how variation in genome structure drives diversification and adaptation in the plant family Cistaceae. This lineage includes about 240 species distributed across eight genera throughout the Holarctic region. Although the Mediterranean Basin represents its principal centre of diversity, Cistaceae also occur in adjacent regions and Macaronesia, as well as in the Americas. Cistaceae species are key components of Mediterranean-type shrublands, contributing to post-fire recovery, soil stabilization, and pollinator support, and display remarkable variation in morphology, life history, and chromosome organization. Despite their ecological relevance, phylogenetic relationships and the genomic mechanisms underlying diversification across the family remain poorly resolved. CISTAGEN integrates phylogenomics, cytogenetics, phenotypic, and ecological data to investigate how genome evolution shapes speciation patterns and resilience under global environmental change. The project is structured around three main objectives: (i) Reconstructing a time-calibrated, species-level phylogeny of Cistaceae using target capture sequencing (Angiosperms353) to resolve evolutionary relationships and biogeographic patterns across the family's full geographic range, (ii) Analysing the evolution of genome structure including genome size, ploidy, karyotype architecture, and repeatome composition; under a comparative phylogenetic framework to assess how genomic traits underlie functional strategies and explain species' ecological success under stress conditions, (iii) Investigating chromosomal evolution in *Tuberaria*, a therophytic genus showing remarkable intrachromosomal asymmetry and multiple ploidy levels across its 12 species, through Fluorescence In Situ Hybridization (FISH) to infer the mechanisms underlying its exceptional genomic and biological characteristics. By linking genome architecture to diversification and adaptation, CISTAGEN will provide a model for understanding the genomic basis of biodiversity and its conservation in Mediterranean and Holarctic ecosystems.

35.

Refugios templados en la región Mediterránea: Modelización bayesiana de los hayedos de interés comunitario bajo escenarios de cambio climático.

Giovanni-Breogán Ferreiro-Lera^{*1}, Ángel Penas¹ y Sara del Río¹⁻².

¹ Dpto de Biodiversidad y Gestión Ambiental (Botánica), Facultad de Ciencias Biológicas y Ambientales, Universidad de León; ² Instituto de Ganadería de Montaña (CSIC-ULE).

[*gferl@unileon.es](mailto:gferl@unileon.es)

Los informes más recientes emitidos por organismos regionales e internacionales en materia climática evidencian un acusado “bioclimatic shift” en la Región Mediterránea Europea (RME). A la tendencia general de incremento térmico se sumaría la intensificación, en áreas de macrobioclima Mediterráneo, o la progresiva aparición, en regiones de macrobioclima Templado, de una marcada sequía estival. Ambas dinámicas podrían comprometer la persistencia de hábitats emblemáticos como los hayedos, que actualmente actúan como refugios templados dentro de un contexto bioclimático predominantemente adverso. Estos hábitats, clasificados como Casi Amenazados (NT) en la Lista Roja de Hábitats Terrestres, figuran además entre los prioritarios del Anexo I de la Directiva 92/43/EEC. El presente estudio tiene como objetivo evaluar los posibles cambios en la distribución potencial de los hayedos prioritarios presentes en la RME (códigos 9110, 9120, 9130, 9140, 9150, 91K0, 91S0, 91V0, 91W0, 9210, 9220 y 9280). Para ello se empleó el algoritmo Bayesian Additive Regression Trees (BART), junto con un conjunto de 40 variables que incluyen parámetros climáticos, índices bioclimáticos e indicadores edáficos y topográficos. Los registros de presencia fueron obtenidos a partir de la información geoespacial de hábitats proporcionada por la Agencia Medioambiental Europea (<https://www.eea.europa.eu/data-and-maps/data/article-17-database-habitats-directive-92-43-eec-2/article-17-2020-spatial-data>). Los resultados preliminares apuntan a una posible reducción generalizada en la distribución potencial de los hábitats analizados, con pérdidas especialmente acusadas en: (i) áreas de menor altitud actualmente idóneas para el desarrollo de hayedos; (ii) límites meridionales de hayedos centroitalianos e ibéricos; y (iii) el Mediterráneo oriental, donde el incremento de la continentalidad sería más pronunciado que en el resto de la región. En determinados sectores noroccidentales se observan, no obstante, leves incrementos potenciales que podrían amortiguar parcialmente dichas pérdidas. Se prevé que las conclusiones derivadas de este estudio permitan orientar estrategias de gestión y conservación de unos bosques de alto valor no sólo ecológico, sino también económico, social y cultural.

36. Desarrollo de una clave dicotómica interactiva para el género *Carex* (Cyperaceae) de Flora Europaea en el marco del proyecto iSEDGE.

Nuria Marco-Rosado ^{1*}, Minkyung Jung ², Sangtae Kim ² y Pedro Jiménez-Mejías ¹.

¹ Universidad Pablo de Olavide; ² Seoul's Women University.

*nuriamarcorosa@gmail.com

El género *Carex* (Cyperaceae) constituye uno de los grupos más diversos de plantas vasculares, con más de 2.000 especies distribuidas a nivel mundial. En Europa, este género está ampliamente representado y desempeña un papel ecológico fundamental en diversos hábitats húmedos y montanos. Sin embargo, la identificación de las especies de *Carex* resulta especialmente compleja debido a la gran variabilidad morfológica y a la presencia de numerosos caracteres diagnósticos difíciles de observar. Con el objetivo de facilitar su identificación, se ha desarrollado una clave dicotómica interactiva para las especies europeas de *Carex*, basada en los datos de Flora Europaea y creada mediante el software Lucid. A diferencia de las claves tradicionales, las claves interactivas permiten seleccionar los caracteres en cualquier orden y descartar aquellos que no pueden evaluarse, ofreciendo una identificación flexible y adaptada al conocimiento del usuario. Este trabajo se enmarca dentro del proyecto iSEDGE, cuyo propósito es generar una plataforma digital integral para la familia Cyperaceae (<https://cyperaceae.org>). La clave de *Carex* se integra en este entorno web, mejorando el acceso y la experiencia de uso tanto para especialistas en taxonomía como para estudiantes, técnicos de conservación y público interesado en la flora europea. La interfaz de la clave muestra una lista inicial de especies que se va reduciendo conforme el usuario selecciona los estados de carácter observados (por ejemplo, “hojas anchas” o “hojas finas”). De esta manera, el sistema filtra automáticamente las especies incompatibles, acercando progresivamente al usuario a la identificación correcta. El desarrollo de esta herramienta constituye un avance en la digitalización de la taxonomía botánica y contribuye a la difusión del conocimiento sobre la biodiversidad europea, promoviendo la accesibilidad y el uso de claves interactivas en estudios florísticos.

37. Bases de datos citogenéticas en plantas: actualización y perspectivas de futuro.

Mar Torres*¹, Mireia Farré*¹, Joan Pere Pascual¹ y Sònia Garcia¹.

¹ Instituto Botánico de Barcelona.

*serrotram@gmail.com

En este póster presentamos el desarrollo de tres bases de datos complementarias destinadas a centralizar y sistematizar el conocimiento genómico: Plant rDNA Database, enfocada en la localización y características de los loci de ADN ribosomal; Sex-Chrom, dedicada a recopilar información citogenética sobre los cromosomas sexuales; y B-Chrom, una base de datos transversal que reúne registros sobre cromosomas B. Estas herramientas se encuentran aún en fase de construcción, con bases de datos preliminares y recopilación bibliográfica en curso. Nuestro objetivo es integrar estos recursos en plataformas abiertas y de fácil consulta, que permitan búsquedas rápidas, visualización de datos y comparaciones entre taxones. A largo plazo, aspiramos a ampliar su cobertura para mejorar el acceso a la información, fomentar la colaboración científica y acelerar el estudio de la evolución a nivel genómico.

38. Identificación de áreas prioritarias para la conservación de pteridófitos en Europa.

Carlos Eced*¹, Daniel Ballesteros ², Juan Lorite ¹ y Eva María Cañadas Sánchez ¹.

¹ Universidad de Granada; ² Universitat de Valencia.

*cecedr@correo.ugr.es

Los pteridófitos s.l. (helechos y licófitos), son plantas vasculares que producen esporas y que son altamente sensibles a los cambios ambientales, lo que los hace especialmente vulnerables frente al cambio global. A pesar de ello, su conservación ha recibido escasa atención científica. En Europa existen aproximadamente 200 especies de pteridófitos, de las cuales un 20% están catalogadas como amenazadas (VU, EN, CR, EW o EX según las categorías UICN) en la Lista Roja Europea de Helechos y Lycopodios. En este continente sus amenazas son especialmente severas, debido al elevado grado de alteración de hábitats y a los efectos negativos previstos del cambio climático. Por ello, la identificación de áreas prioritarias para la conservación de pteridófitos, caracterizadas por su elevada riqueza de especies y por la presencia de especies amenazadas, resulta un paso esencial para establecer medidas y prioridades de conservación en Europa. Para abordar esta tarea, se descargó los registros de presencia de pteridófitos en Europa disponibles en GBIF, que se filtraron geográfica y taxonómicamente. Posteriormente, se procesaron usando una malla de 10 x 10 km para estimar la riqueza de especies y calcular un índice de amenaza. Los resultados preliminares obtenidos mostraron que la riqueza varía entre 0 y 59 especies por cuadrícula, siendo superior a cero en el 42% de las cuadrículas. Los taxones amenazados se encontraron en un 4,5% de las cuadrículas con pteridófitos, llegando hasta seis taxones amenazados en alguna cuadrícula. Las áreas más ricas se localizaron principalmente en las ecorregiones alpina y atlántica, mientras que los taxones amenazados se distribuyeron también en los archipiélagos macaronésicos y en la ecorregión mediterránea. Los registros de GBIF constituyen una herramienta valiosa para identificar áreas prioritarias para la conservación, sin embargo, su disponibilidad desigual en los distintos países limita los resultados en aquellas áreas con menor cobertura de datos.

39. El Inventario Español del Patrimonio Natural y la Biodiversidad (IEPNB): Una herramienta clave para la conservación de la biodiversidad en España.

Javier Fernández Fernández ^{*1}, María Rosario Rebolé Marín ¹, Juan Manuel Villares Muyo ² y Blanca Ruiz Franco ².

¹ TRAGSATEC; ² Subdirección General del Sistema Integrado de Información de la Biodiversidad. Ministerio para la Transición Ecológica y el Demográfico.

* javi.ff.978@gmail.com

El nuevo portal del Inventario Español del Patrimonio Natural y la Biodiversidad (IEPNB, <https://iepnb.es/>) del Ministerio para la Transición Ecológica y el Reto Demográfico se ha diseñado para constituirse como la principal herramienta de conocimiento sobre la naturaleza en España. El IEPNB está compuesto por un conjunto de inventarios, catálogos, registros y listados que permiten conocer los elementos que conforman el patrimonio natural, su riqueza, su estado de conservación y el uso de sus recursos naturales. Estos datos se han unificado en un Sistema Integrado de Biodiversidad, con funciones de armonización, análisis y difusión de la información. Gracias a los diferentes proyectos y programas que nutren al IEPNB, existe una gran cantidad de recursos y herramientas disponibles tanto para el público general como para usuarios autenticados de diferentes administraciones públicas. Entre sus módulos destacan el Inventario de especies silvestres: EIDOS, con información taxonómica, descriptiva, de distribución y normativa sobre más de 63 000 especies registradas; el Subsistema de información territorial: EIKOS, con aplicaciones para el seguimiento, implantación y planificación de políticas y estudios medioambientales; las listas patrón de las especies silvestres presentes en España; un visor cartográfico que permite la visualización de datos espaciales del IEPNB, incluyendo espacios protegidos, el Mapa Forestal de España o la distribución de diversos hábitats y especies; o diversos servicios interoperables (API REST, WMS y WFS) para acceder a la información de forma más automática y estructurada. Este nuevo portal en continuo crecimiento logra aunar los datos acumulados durante décadas por las administraciones públicas sobre especies silvestres, hábitats, espacios protegidos, recursos genéticos y otros elementos clave. La precisión y fiabilidad de su información facilitará la elaboración de estudios, planes o proyectos tanto científicos como técnicos, que contribuirán a la toma de decisiones informadas en materia de biodiversidad.

40. Unraveling the Role of Climatic Extinction and Geographic Migration in the African Rand Flora: *Campylanthus* (Plantaginaceae) as a Case Study.

Elena Quesada Chicharro^{*1}, Mónica García-Gallo Pinto ², Isabel Sanmartín ² y Lisa Pokorny ².

¹ Universidad Rey Juan Carlos, Madrid; ² Real Jardín Botánico de Madrid-CSIC.

*elenaqch00@gmail.com

The Rand Flora (RF) represents a disjunct distribution pattern affecting species inhabiting the continental margins of Africa. Alternative explanations have been proposed for the origin of this pattern: ecological vicariance and climate-driven extinction, as well as long distance dispersal followed by subsequent in situ speciation. We selected the genus *Campylanthus* (Plantaginaceae) as a case study. This genus comprises 18 species, two endemic to Macaronesia, with the remainder distributed throughout the Horn of Africa and southern Arabia. The primary objective of this research is to reconstruct the phylogeny and evolutionary history of 14 of the 18 *Campylanthus* species, and to investigate the mechanisms—namely climatic vicariance versus long-distance dispersal—that have shaped this disjunction, with particular emphasis on the Afro-Arabian divergence. This study provides the most extensive taxon sampling of the genus to date, including multiple individuals per species and generating the largest genomic dataset currently available for the group (311 nuclear orthologous genes and 67 plastid coding sequences, CDS).

To achieve this, we employed a high-throughput sequencing approach (namely, Hyb-Seq), inferring gene trees using IQ-TREE 2 for 63 nuclear samples and then a species tree using ASTRAL, and a concatenated plastid tree for 57 samples. The nuclear phylogeny was subsequently dated using RelTime as implemented in MEGA 11. Our analyses revealed notable discrepancies between the delimitations of morphological and molecular species, underscoring the need for a comprehensive taxonomic revision of the genus. Furthermore, incongruences between nuclear and plastid phylogenies suggest potential reticulation processes such as hybridization with introgression—factors that complicate the accurate reconstruction of the group's evolutionary history. Finally, the dated nuclear phylogeny supports scenarios of long-distance dispersal over ecological vicariance as the leading mechanism explaining the disjunctions of *Campylanthus* species in both Afro-Macaronesian and Afro-Arabian contexts.

41. Integrando competencia y tolerancia térmica en modelos de distribución de especies.

Sofía Ruiz Cano*¹, Julia Burción ¹, Luis García Quintanilla ² y Nagore García Medina ¹.

¹ Universidad Autónoma de Madrid; ² Universidad Rey Juan Carlos, Madrid.

*sofia.ruizc@uam.es

La distribución de las especies depende de la combinación de factores abióticos, como el clima, y factores bióticos, como la competencia interespecífica. Tradicionalmente, los modelos de distribución de especies (SDMs, por sus siglas en inglés) han priorizado variables climáticas para predecir la presencia o ausencia de especies, pero esta aproximación resulta limitada si no se consideran las interacciones ecológicas. En este trabajo exploramos cómo la integración de datos experimentales sobre tolerancia térmica y competencia puede informar los SDMs. Nos centramos en dos especies de helechos de afinidad tropical con distribuciones parcialmente solapadas: *Culcita macrocarpa* y *Woodwardia radicans*. Mediante un experimento de germinación a lo largo de un gradiente térmico, evaluamos la respuesta de *C. macrocarpa* en presencia y ausencia de *W. radicans*, cuantificando el efecto de la competencia en distintas temperaturas. Comparamos modelos de distribución estimados con y sin la incorporación de estos datos experimentales, y analizamos su capacidad para representar la distribución actual y predecir escenarios futuros bajo cambio climático. Este enfoque permite identificar la influencia de variables fisiológicas y bióticas en los resultados de los SDMs, aportando una visión más completa de los factores que determinan la presencia de las especies. El objetivo final es avanzar hacia modelos más realistas y ecológicamente informados, que integren la biología de las especies y sus interacciones. De esta manera, se contribuye a mejorar la comprensión y conservación de la biodiversidad en un contexto de cambio global.

42. *Sedum dasyphyllum* L. subsp. *glanduliferum* (Guss.) Nyman: una nueva adición a la flora del noroeste ibérico.

Giovanni-Breogán Ferreiro-Lera ¹, Raquel Alonso-Redondo ¹, Ángel Penas ¹, Aitor Álvarez-Santacoloma ¹, **Alejandro González-Pérez***¹, Norma-Yolanda Ochoa-Ramos ¹ y Sara del Río ¹⁻².

¹ Dpto de Biodiversidad y Gestión Ambiental (Botánica), Facultad de Ciencias Biológicas y Ambientales, Universidad de León; ² Instituto de Ganadería de Montaña (CSIC-ULE).

*agonzp07@gmail.com

El tratamiento infraespecífico de *Sedum dasyphyllum* L. ha sido objeto de debate, dado que su variabilidad morfológica ha conducido a distintas interpretaciones taxonómicas. En la Península Ibérica, se han reconocido tradicionalmente tres subespecies, diferenciadas principalmente por la densidad y abundancia del indumento glandular. Entre ellas, *S. dasyphyllum* L. subsp. *glanduliferum* (Guss.) Nyman, caracterizada por la presencia de numerosos pelos glandulares, se ha descrito como un taxón de afinidad meridional y baleárica, con escasas y poco precisas citas en el noroeste peninsular. Con el objetivo de clarificar su distribución, se revisaron 56 ejemplares de herbario depositados en las colecciones LEB (Universidad de León), FCO (Universidad de Oviedo) y SANT (Universidad de Santiago), previamente identificados como *Sedum dasyphyllum* L. o, en menor medida, como *S. dasyphyllum* L. subsp. *dasyphyllum*. De ellos, 45 (80%) fueron reasignados a *S. dasyphyllum* L. subsp. *glanduliferum* (Guss.) Nyman, lo que representa los primeros registros confirmados de este taxón en las provincias de León, Lugo, Oviedo, Orense, Palencia y Santander. 5 ejemplares (9%) se reclasificaron como *S. dasyphyllum* L. subsp. *dasyphyllum*, mientras que 6 (11%) mantuvieron su determinación original (*S. dasyphyllum* L. subsp. *dasyphyllum*). Las poblaciones ahora adscritas a *S. dasyphyllum* L. subsp. *glanduliferum* (Guss.) Nyman no evidencian una preferencia clara por enclaves o laderas de orientación sur, aunque, en promedio, se sitúan a mayores altitudes dentro del ámbito analizado.

43. Análisis comparativo del éxito reproductivo en el complejo híbrido *Quercus faginea* × *Q. Pyrenaica*.

Victoria Ferrero^{*1}, Santiago José González Carrera ², Daniel Pinto Carrasco ², Carmen Acedo ¹, Alfonso Escudero Berián ², Sonia Mediavilla Gregorio² y María Montserrat Martínez Ortega ².

¹ Universidad de León; ² Universidad de Salamanca.

[*victoria.ferrero@unileon.es](mailto:victoria.ferrero@unileon.es)

Quercus faginea y *Q. pyrenaica* son especies arbóreas de amplia distribución en la Península Ibérica, caracterizadas por la frecuente ocurrencia de procesos de hibridación entre ellas. La eficacia biológica relativa de los individuos híbridos, en comparación con la de las especies parentales —especialmente bajo los escenarios climáticos previstos—, podría constituir un factor determinante en la dinámica poblacional futura de estos taxones. En este contexto, el estudio de la biología reproductiva de dichas especies adquiere una relevancia particular desde las perspectivas ecológica y evolutiva. En el presente trabajo se analizan la producción de frutos y la viabilidad de las bellotas en individuos pertenecientes a tres grupos genéticos diferenciados mediante marcadores AFLP. El estudio se llevó a cabo en bloques experimentales compuestos por tres parcelas cada uno: dos correspondientes a las especies parentales y una a los individuos híbridos, dispuestas a lo largo de un gradiente latitudinal. Los resultados obtenidos muestran, en general, una mayor similitud entre los individuos de *Q. faginea* y los híbridos en las variables analizadas, mientras que *Q. pyrenaica* presenta diferencias más acusadas. Estos hallazgos podrían tener implicaciones relevantes en las aptitudes biológicas de las especies y ponen de manifiesto la importancia de considerar condiciones ambientales contrastantes, integrando además enfoques genéticos y ecológicos complementarios, con el fin de profundizar en la comprensión de los procesos evolutivos y adaptativos que afectan a este complejo híbrido.

44. Estudio palinológico del yacimiento oligoceno de Olocau (Valencia): reconstrucción paleoambiental y paleoclimática.

Julia López Martínez ^{*1-2}, Manuel Casas-Gallego ¹ y Eduardo Barrón ³.

¹ Dpto de Geodinámica, Estratigrafía y Paleontología. Universidad Complutense de Madrid; ² Sección de Paleontología, Asociación Iberochoa, Madrid; ³ Museo Geominero, Instituto Geológico y Minero de España (IGME-CSIC), Madrid.

*julilo10@ucm.es

Este trabajo presenta un análisis paleopalínológico de nueve niveles estratigráficos del afloramiento de Olocau (Cuenca de Valencia-Lliria, este de España). Las asociaciones registradas han permitido realizar una reconstrucción de la vegetación, los ambientes y el clima que se desarrollaron en esta zona durante el Cenozoico, así como estimar la edad de los materiales estudiados. Se han identificado 6.898 palinomorfos, los cuales corresponden a 46 taxones que incluyen esporas de algas, hongos, helechos y granos de polen de gimnospermas y angiospermas. Entre los más abundantes destacan paraespecies relacionadas con los géneros actuales *Taxodium*, *Pinus*, *Alnus*, *Carya*, *Engelhardia* y *Ostrya*. Mediante el método “Registro Integrado de Plantas” (IPR) se ha reconstruido la vegetación, que estuvo dominada por bosques mixtos mesofíticos, principalmente integrados por coníferas y angiospermas arbóreas caducifolias, con escasa presencia de elementos termófilos perennifolios. Estas formaciones forestales fueron características de un medio templado-húmedo, en concordancia con las estimaciones paleoclimáticas obtenidas mediante el método de coexistencia, que indican una temperatura media anual entre 13,8 °C y 18,5 °C y una precipitación media de 748–1.355mm. La presencia de la especie fósil *Aglaoreidia pristina*, cuyo rango estratigráfico se extiende desde el Eoceno superior al Oligoceno superior, junto con la abundancia de taxones arctoterciarios, permite asignar el yacimiento al Chattense (Oligoceno superior, 27,82–23,03 millones de años). Estos resultados son relevantes debido a la escasez de datos acerca de la flora ibérica durante el Oligoceno.

45. La Península Ibérica como punto caliente de la diversidad genética de la vida silvestre.

Juan Jacobo Rodríguez Felizzola ¹, **Jesús José Soriano Bermúdez** ^{*1} y Jose Luis Blanco Pastor ¹.

¹ Universidad de Cádiz.

*jesussoriano18@gmail.com

El creciente interés comercial por *Vitis vinifera* ha impulsado numerosos estudios sobre su origen y sus recursos genéticos en el contexto del cambio global. En particular, para la subespecie *Vitis vinifera* L. ssp. *silvestris*, se ha avanzado recientemente en la comprensión de su historia evolutiva, identificando distintos grupos genéticos a escala global y estimando sus tiempos de divergencia. Sin embargo, a nivel regional, existe poca información sobre los patrones de diversidad y estructura genética en la Península Ibérica. En este estudio, se analizó la estructura genética de la vid silvestre ibérica mediante el reanálisis de 137 genomas completos. Los resultados de este estudio permiten identificar los grupos genéticos presentes, localizar áreas geográficas que funcionaron como refugios genéticos y evaluar la influencia de la acción humana en la estructuración y los flujos genéticos de la especie. Los datos sugieren la existencia de tres poblaciones ancestrales y cuatro posibles refugios genéticos en el sur de la Península Ibérica. Además, se detectó un flujo genético natural desde un grupo genético originario del norte de África hacia grupos genéticos con origen ibérico. Estos análisis demográficos sugieren un flujo genético sostenido entre hace 21.000 y 7.000 años, en lugar de pulsos migratorios discretos en esos períodos concretos

46. A Preliminary Classification of the European Alpine Vegetation.

Ángel Argüelles Longo *¹.

¹ Universidad de Oviedo-IMIB.

*arguellesangel@uniovi.es

The alpine vegetation in Europe is incredibly diverse and harbours hundreds of endemics, often restricted to a few mountain ranges or “alpine islands” which have surged through a series of glacial and interglacial events. For decades, hundreds of botanists have described numerous plant communities growing over the treelines of central and southern Europe. However, the differentiation and classification of these plant communities, specially at a global scale, remains confusing.

47. Evolución insular en las Islas Canarias de la especie amenazada *Euphorbia bourgaeana*.

Nicolás Echarren-Lucendo ^{*1-2}, Irene Villa Machío ¹⁻³, Tamara Villaverde Hidalgo ⁴, Isabel Sanmartín ¹ y Ricarda Riina ¹.

¹ Real Jardín Botánico de Madrid; ² Universidad Internacional Menéndez Pelayo; ³ Missouri Botanical Garden; ⁴ Universidad Rey Juan Carlos de Madrid.

*echarrenlucendonicolas@gmail.com

La caracterización de la diversidad y estructura genética es fundamental para comprender la historia evolutiva de las especies endémicas en ambientes insulares, así como para diseñar estrategias de conservación efectivas. Este estudio se centra en *Euphorbia bourgaeana* (Euphorbiaceae), una especie endémica de Tenerife y La Gomera (Islas Canarias) catalogada como Vulnerable por la UICN. El objetivo principal del trabajo es determinar la estructura genética poblacional de la especie y conocer su historia evolutiva. Para ello, se muestrearon 48 individuos distribuidos en nueve poblaciones (seis en La Gomera y tres en Tenerife), para los que se secuenciaron 431 genes nucleares aplicando la técnica genómica HybSeq y se identificaron Polimorfismos de Nucleótido Simple (SNPs). A partir de estos SNPs, se realizó un análisis de componentes principales (PCA) y se calculó el índice de diferenciación genética, (F_{st} , entre las diferentes poblaciones muestreadas y entre islas. Los análisis revelaron mayor diversidad genética en las poblaciones de Tenerife que en las poblaciones de La Gomera. Los valores de F_{st} indicaron una diferenciación moderadamente alta entre islas (0,32). Estos patrones sugieren un aislamiento relativamente reciente, con una posible colonización de La Gomera desde el noroeste de Tenerife. Este estudio demuestra que la diversidad genética de *E. bourgaeana* es sustancialmente más compleja de lo que se conocía, presentando una estructura poblacional bien definida. Como líneas futuras, se propone realizar un análisis filogenómico y del gradiente ambiental, que permitan esclarecer con mayor precisión la historia evolutiva insular de la especie.

48. Using botanical databases to refine biodiversity risk indicators for atmospheric nitrogen deposition.

Tania Carrasco Molina ¹, Rocío Alonso ¹, Marta G. Vivanco ¹, Mark Theobald ¹, G. W. Wieger Wamelink ², Hans D. Roelofsen ², Dennis E. te Beest ² y **Héctor García Gómez** ^{*1}.

¹ CIEMAT; ² WUR.

^{*}hector.garcia@ciemat.es

Empirical critical loads (CL) are indicators for nitrogen deposition (Ndep) that represent thresholds below which detrimental effects caused by eutrophication or acidification were not observed in ecosystems. Empirical CL were revised by an extensive group of experts within the Air Convention (Bobbink et al., 2022), including for the first time gradient studies to evaluate and determine empirical CL values. We present a methodology to reclassify the Spanish forest and biodiversity maps into a receptor map adapted to Air Convention and European Union standards. A 0.001° resolution raster was developed, mostly at EUNIS level 3. Empirical CL were applied to this map. To expand the area covered by the CL defined in 2022, EUNIS types were compared and associated by floristic composition using Rand's index. We performed a risk assessment based on Ndep exceedances for 2021-2022 (present) and under a RCP8.5 scenario for 2046-2055, considering emission reductions according to current European policies. For the present period, 53.6% of the evaluated area was classified as having a favourable status, 41.1% as unfavourable, and 5.3% as bad. Emissions-reduction policies mitigated the future risk in 33% of the assessed area. In any simulation, Mediterranean coniferous forests resulted the most endangered habitats. Finally, following Wamelink et al. (2024), we calculated response curves to (modelled) Ndep for Spanish habitats based on the occurrence of their characteristic plant species in their respective biogeographical region (plot data from the European Vegetation Archive) along Ndep gradients. Based on the 20-year average N deposition values for each EVA plot 227 responses curves were obtained across the three biogeographical regions. 134 responses corresponded to highest species occurrence at low Ndep, 54 to a preference for intermediate values of Ndep, and 39 for high Ndep. We compared the response curves with their currently established empirical CL.

49. Patrones de diversidad microbiana edáfica en comunidades vegetales ruderales de ambientes urbano.

Miriam García Torija *¹.

¹ Universidad Complutense de Madrid.

*miriga04@ucm.es.

En los suelos urbanos, las comunidades microbianas desempeñan un papel esencial, participando en el funcionamiento de los ecosistemas. Pese a ello, su composición y diversidad siguen siendo poco conocidas en muchos entornos, especialmente en bajo comunidades ruderales en zonas urbanas mediterráneas. Este estudio tuvo como objetivo caracterizar la diversidad taxonómica y funcional de las comunidades de hongos y bacterias edáficas asociadas a cuatro comunidades de herbáceas ruderales de cuatro zonas verdes urbanas de la ciudad de Madrid (España). Se aplicó la técnica de metabarcoding, utilizando la región ITS2 para la caracterización de la diversidad fúngica y la región 16S para la diversidad bacteriana. Las lecturas fueron procesadas mediante el pipeline DADA2 para filtrar los datos y generar los ASVs de cada comunidad. La asignación taxonómica se realizó con las bases de datos UNITE (hongos) y Silva 138.1 (bacterias), mientras que la clasificación funcional se llevó a cabo con FungalTraits (hongos) y Faprotax (bacterias). Se estudió la diversidad mediante índices y riqueza (Shannon e Inverso de Simpson) y se aplicaron modelos lineales generalizados para evaluar diferencias entre comunidades. Además, se realizaron análisis de NMDS (distancias de Bray-Curtis) para explorar la composición microbiana y pruebas ANOVA para determinar variaciones en la abundancia de microorganismos pertenecientes a distintos grupos. Los resultados muestran que las comunidades microbianas asociadas a las cuatro comunidades herbáceas ruderales presentan diferencias significativas en su composición taxonómica y funcional. Estos hallazgos aportan información relevante sobre el papel de los microorganismos del suelo en el mantenimiento y funcionamiento de los ecosistemas urbanos mediterráneos.

50. Climate-induced migration in tree species: Spatial Indicator for Migration Routes.

Andros Solakis Tena*¹, Noelia Hidalgo Triana ² y Dania Abdul Malak ¹.

¹ European Topic Centre; ² Dpto de Botánica y Fisiología Vegetal (Área de Botánica) – Universidad de Málaga.

*andros@uma.es

Climate change is reshaping species' climatic space, with the Mediterranean Basin identified as a global hotspot. The StrategyMedFor project develops a workflow to quantify climate-induced migration routes using Species Distribution Models (SDMs) for native Mediterranean trees that make up the forest vegetation. We delineated the study area from the Mediterranean terrestrial ecoregion expanded to adjacent sub-Mediterranean systems to reflect plausible changes in the distribution of tree species. Seven bioclimatic variables, three topographic, two environmental and two soil-related were selected for modelling the potential distribution of the species. Using modelling techniques, such as MaxEnt, Random Forest, GLM, GAM and GBM, we fitted an ensemble SDM and obtained continuous probability and binarized suitable maps. Multivariate Environmental Similarity Surfaces (MESS) masked novel climates to reduce unreliable extrapolation. We then compared current (1970-2000) and future (2081-2100, SSP2-4.5) suitability under two CMIP6 global climate models, bracketing precipitation uncertainty: IPSL-CM6A-LR (warmer-wetter model) and UKESM1-0-LL (hotter-drier model). Using *Abies alba* as a case study, the most influential predictors were annual mean temperature (bio1), precipitation of the driest quarter (bio17), and temperature seasonality (bio4). Within suitable areas, climatic ranges were 3.3-10.11°C (bio1), 79-305mm (bio17), and 5.65-7.64°C (bio4). Both GCMs projected substantial contractions of suitable habitat by 2100 (losses 76.5%-89.3%), with UKESM1-0-LL showing greater turnover and a smaller stable area than IPSL-CM6A-LR. Predicted shifts were predominantly northward and upslope; increasing elevation by 343m (IPSL-CM6A-LR) and 636m (UKESM-1-0-LL). Our workflow identifies areas of potential habitat gain or loss, as well as the direction and distance of suitable habitat shifts induced by climate. The methodology and resulting analyses highlight priority regions for assisted migration, restoration planning, and climate-smart management in Mediterranean forests. When applied to species of interest across different spatial scales, this approach can support area managers and decision-makers in integrating climate-smart strategies into their decisions and management schemes.

51. Adaptación de la colección EMMA-paleo a la base de datos de NEOTOMA para estudios de biodiversidad.

Marina Pascual*¹, Salvia García Álvarez ¹ e Ignacio García-Amorena ¹.

¹ Universidad Politécnica de Madrid.

*marina.pascual@alumnos.upm.es

Para poder entender el estado de la biodiversidad en una zona concreta, se necesita tener una perspectiva temporal. Los datos paleobotánicos proporcionan una información que permite ampliar dicha perspectiva a periodos en los que no existen datos documentales. En la Escuela Técnica Superior de Ingeniería de Montes, Forestal y del Medio Natural de Madrid, el herbario EMMA cuenta con una amplia colección paleobotánica (EMMA-Paleo), formada por registros polínicos, carbones y -mayormente- maderas no permineralizadas. El objetivo es que estos datos, vinculados a diversos trabajos de investigación, sean públicos y accesibles a través de Neotoma. Neotoma es una base de datos y soporte de software para la publicación y análisis de datos paleoecológicos, que recoge actualmente información de más de 26.000 yacimientos. La información se estructura desde yacimientos (site), en los que se pueden tomar varios puntos de muestro (collection unit), a distintas profundidades (análisis unit) hasta llegar a individuos identificables (sample). El reto que aborda este trabajo es el de adaptar la información recogida en los trabajos ya publicados, cuyos muestreos se hicieron sin tener en cuenta la estructura de Neotoma. Nuestra propuesta permitirá incorporar estos datos a Neotoma, hacerlos públicos y utilizarlos en estudios de biodiversidad. Este trabajo se ha desarrollado en el marco de la acción COST CA23116 – Open Palaeoecological Data - analysing the past building foresight (PalaeOpen).

52. Descarga, filtrado, limpieza y visualización masiva de datos de ocurrencias de especies de GBIF.

Rodrigo Monturiol ^{1*}, Salvia García Álvarez ¹, Juan Carlos Nuño ¹, Jaime Ribalaygua ¹⁻² y Ignacio García-Amorena ¹.

¹ Universidad Politécnica de Madrid; ² Fundación para la Investigación del Clima.

*rodrigomonturiol@hotmail.com

En un contexto de generación masiva de datos para superposición de abundancia de especies, resulta esencial disponer de herramientas que permitan su manejo eficiente y la automatización de los flujos de trabajo. En este proyecto se desarrolla un código que facilita el acceso a la base de datos del Global Biodiversity Information Facility (GBIF), permitiendo descargar, filtrar y limpiar los registros de forma automática según criterios definidos por el usuario. El proceso genera una estructura organizada e intuitiva de carpetas y archivos, personalizable de acuerdo con las necesidades específicas de cada caso. Adicionalmente, se implementa un segundo código que automatiza la creación de archivos QGZ para la visualización de mapas de presencia en QGIS, iterando sobre los datos previamente filtrados y depurados.

53. Endemicity patterns and threat as tools for prioritizing vascular plant conservation areas in north-western Iberia.

Pablo Rodeiro ^{*1} y Miguel Serrano ¹.

¹ Universidade de Santiago de Compostela.

^{*}pablo.rodeiro.otero@usc.es

The identification of priority conservation areas is essential for guiding effective biodiversity protection strategies. Galicia and northern Portugal constitute a biogeographical area with a singular floristic identity, strongly influenced by the ocean and characterized by being the westernmost finicolous area between the temperate and Mediterranean biomes. Its affinities connect it mainly with the biogeographic areas of the European Atlantic arc, western Iberia, and Macaronesia. This study uses the concept of subendemism, including discontinuous subendemism and biogeographical patterns, and identifies 163 vascular flora taxa for the study area, integrated into different categories of endemism, subendemism, and threat (IUCN). Based on records of endemic and/or threatened flora in the botanically curated databases biodiversidade.eu and Flora-On.pt, several indices were calculated in R using the phyloraster package, including the Weighted Endemism (WE), a newly proposed Valued Endemism Index (VEI), and a Threat Weighted Index (TWI) derived from IUCN threat categories, with the aim of identifying areas that maximize high levels of endemism and vulnerability, resulting in priority areas for conservation. The geographical overlap of Special Areas of Conservation (SACs) in these areas of interest was assessed, defining hot and cold protected areas and proposals for expanding the Natura 2000 network. This preliminary work is part of a broader project that is integrating ecological niche modeling, connectivity, uniqueness and phylodiversity, and threat mapping in collaboration with citizens, providing a solid basis for land use planning and the conservation of endemic vascular flora in the northwest of the Iberian Peninsula.

54. Identificación de potenciales Reservas Genéticas en la Reserva de la Biosfera de los Valles de Omaña y Luna.

Alexis Corrales Manchado *¹, Blanca Cortón Gracia ¹, Sergio Rodríguez Fernández ¹, Estrella Alfaro Saiz ¹ y Ana Belén Fernández Salegui ¹.

¹ Universidad de León.

*xis0ale@gmail.com

La conservación in situ de los Parientes Silvestres de los Cultivos (PSC), las Plantas Silvestres de Uso Alimentario (PSUA) y las Plantas con Usos Potenciales (PSUP) es crucial para desarrollar sistemas agrícolas resilientes en tiempos de crisis climática. Este estudio, enmarcado en el proyecto Somos Agua II, identificó potenciales Reservas Genéticas en la Reserva de la Biosfera de los Valles de Omaña y Luna (León, España). Se seleccionaron 40 áreas de muestreo, donde se realizaron inventarios florísticos. Se identificaron 79 especies de interés (64 PSC, 41 PSUA, 14 PSUP). Mediante un análisis de importancia relativa (rareza, endemidad, protección, amenaza), se priorizaron especies clave como *Narcissus minor*, *Narcissus pseudonarcissus* y *Gentiana lutea*. Se proponen cuatro Reservas Genéticas para la red estatal, asegurando la conservación de estos taxones y sus comunidades asociadas. Paralelamente, se identificó que la protección de solo 6 reservas es suficiente para conservar todos los recursos genéticos de las 14 PSUP estudiadas. Este trabajo demuestra el alto potencial de este territorio para albergar una red de reservas genéticas, integrando la conservación de la agrobiodiversidad con la preservación del patrimonio etnobotánico local.

55.

Evaluación del éxito de las translocaciones de conservación de plantas. Una aproximación comparada España-Italia.

Sandra Roldán Díaz ^{*1}, Giuseppe Fenu ² y Alfredo García-Fernández ³.

¹ Universidad Complutense de Madrid; ² University of Cagliari; ³ Universidad Rey Juan Carlos, Madrid.

[*srd2812@gmail.com](mailto:srd2812@gmail.com)

Las translocaciones de conservación de plantas constituyen una técnica cada vez más utilizada para hacer frente a la rápida pérdida de biodiversidad a la que el planeta se enfrenta sin cesar. Consisten en el movimiento deliberado de individuos que provienen tanto de poblaciones silvestres como de cautiverio con el objetivo de establecer poblaciones autosostenibles. Hay muchos factores que influyen en los resultados de estas acciones, por lo que en este trabajo se ha estudiado el efecto que tienen el grado de amenaza de las especies implicadas según la Lista Roja de la UICN y el tiempo que el material vegetal utilizado en estas actuaciones está almacenado ex situ tanto a corto como a largo plazo. Para llevarlo a cabo se han analizado las bases de datos de translocaciones de plantas española (Trans-Planta) e italiana (IDPlanT). Con análisis estadísticos mediante un modelo lineal generalizado (GLM) se ha podido observar que los mejores resultados se obtienen cuando el material ha sido conservado en condiciones ex situ durante más de 3 años (lo que se ha considerado como largo plazo) y cuando las especies implicadas están amenazadas. Sin embargo, debido a la elevada diferencia en el número de casos que se recogen en las bases de datos de cada uno de los países, los resultados deben ser interpretados con cierta cautela. Además, se pone de manifiesto la necesidad de ampliar los conocimientos y las publicaciones relacionados con estas actuaciones con el objetivo de desarrollar conclusiones más generalizables.

56. Hacia un marco metodológico integrado para la clasificación de la vegetación potencial en el occidente de México: resultados preliminares.

Norma Yolanda Ochoa-Ramos *¹, Alejandro González-Pérez ¹⁻², Miguel Ángel Macías-Rodríguez ³, Joaquín Jiménez de Azcárate ⁴, Ángel Penas ¹ y Sara del Río ¹.

¹ Universidad de León; ² Universidad Nacional Autónoma de México; ³ Universidad de Guadalajara, México; ⁴ Universidad de Santiago de Compostela.

*nochor00@estudiantes.unileon.es

El occidente de México comprende los estados de Jalisco, Michoacán, Nayarit, Colima y Aguascalientes, con una extensión aproximada de 178,000 km² y un gradiente altitudinal que va desde el nivel del mar hasta los 4,260 metros en el Nevado de Colima. La combinación de su ubicación geográfica, la complejidad fisiográfica y la influencia de distintos factores climáticos generan una marcada heterogeneidad bioclimática que sustenta una alta diversidad de comunidades vegetales. El presente estudio tiene como objetivo clasificar los tipos de vegetación potencial y delimitar los dominios climáticos en la región mediante un enfoque jerárquico integrado. Para ello, se consideró la información de la carta de uso de suelo y vegetación de México del INEGI (Serie VII) [1], los trabajos propuestos para México realizados por Miranda y Hernández-X. [2], Rzedowski [3], Pennington y Sarukhán [4], González-Medrano [5], Challenger y Soberón [6], así como el Sistema Mundial de Clasificación Bioclimática de Rivas-Martínez y colaboradores [7], junto con registros de especies vegetales bioindicadoras y patrones biogeográficos. La integración de estas fuentes permitió definir unidades bioclimáticas que reflejan las relaciones entre el clima y la estructura potencial de la vegetación. Los resultados preliminares muestran una correspondencia clara entre los pisos bioclimáticos y los patrones de distribución potencial de la vegetación. Esta propuesta ofrece una perspectiva integral y actualizada sobre la organización espacial de la vegetación potencial en el occidente de México, contribuyendo a mejorar la comprensión de la riqueza biológica regional. Asimismo, la metodología desarrollada constituye una herramienta flexible y transferible que podría aplicarse eficazmente a otras regiones del país, con fines de planificación ecológica, conservación y ordenamiento territorial.

57. Local Adaptation might be Driving Biased Hybridization between *Cistus ladanifer* and *C. laurifolius*.

Ainhara Su Castillo-Corrales ^{*1}, Mónica Rocha Lozano ¹, Joaquín Calatayud ², Inés Álvarez ¹ y Alejandro Llanos Garrido ³.

¹ Royal Botanical Garden, RJB-CSIC; ² Global Change Research Institute, Rey Juan Carlos University;

³ Complutense University of Madrid.

*ainhara.castillo@gmail.com

Hybridization consequences range from adaptation to extinction, and molecular data is crucial for understanding its dynamics and outcomes. Furthermore, any bias in which groups or individuals participate in hybridization could determine which alleles are transferred to hybrid offspring and flow between species. Here, we characterize for the first time a hybrid zone between *Cistus ladanifer* and *C. laurifolius* using genomic data. We sampled parental and intermediate phenotypes in sympatric populations of the Central System (Spain). We obtained 123,132 SNPs ($n = 218$) through ddRAD sequencing and estimated ancestry proportions with ADMIXTURE. We then conducted selection tests to identify SNPs under selection between groups of populations with different ecological characteristics. The hybrid zone displayed a trimodal structure with parents coexisting with first-generation hybrids, while evidence for advanced-generation hybrids, backcrossing, and introgression remained inconclusive. We found geographic structure in the ancestry of *C. laurifolius* and hybrids. Notably, hybrids inherited their *C. laurifolius* ancestry disproportionately from a particular lineage associated with high-altitude, open scrub ecosystems, even where this lineage was scarce among parents. Furthermore, we identified >700 SNPs potentially under directional selection in *C. laurifolius* between the former ecosystems and lower-altitude, forestal, nearby ones. In contrast, *C. ladanifer* showed neither clear geographic structure nor evidence of selection between these groups of populations. These findings reveal that local adaptation at the intraspecific level might be driving biased hybridization between these species. This may have significant evolutionary and ecological implications for hybrids (e.g., driving ecological preferences or range shifts) and parent species (e.g., adaptive introgression or unequal reproductive investment). Further research on reproductive barriers, selection, and gene flow is needed to clarify these processes.

58. Polen del pasado: explorando interacciones de polinización mediante colecciones de herbarios.

Macarena Marín-Rodulfo ^{*1}, Ana Teresa Romero ¹, Angela Cano García ¹, Carmen Quesada ² y Rocío Pérez-Barrales ¹.

¹ Dpto de Botánica, Facultad de Ciencias, Universidad de Granada; ² Herbario de la Universidad de Granada.

[*macamarin@correo.ugr.es](mailto:macamarin@correo.ugr.es)

Las colecciones de herbario, inicialmente creadas para la taxonomía de plantas, han adquirido en los últimos años un papel clave en estudios de biodiversidad y cambio global. Estas actúan como bases de datos históricas que, junto con la información de fecha y ubicación de los especímenes, permiten estudiar cambios ecológicos y evolutivos a lo largo del tiempo y el espacio. Recientemente, se ha comenzado a aprovechar estas colecciones para investigar interacciones bióticas, en particular la polinización, mediante el análisis de granos de polen preservados en estigmas florales. Este estudio (el cual ha sido financiado por “las Ayudas de SEBOT para Proyectos de Investigación Botánica 2025”) analiza interacciones históricas entre plantas y polinizadores en dos especies del género *Linum*: *L. narbonense* y *L. suffruticosum* s.l., que difieren en su grado de especialización en polinización. Examinando la carga polínica en los estigmas, se cuantificará la variación espacial y temporal en la deposición de polen intra- e interespecífico. Se han muestreado aproximadamente 1.600 flores de *L. suffruticosum* y 400 de *L. narbonense* de los principales herbarios españoles: BC, VAL, SEV y GDA. Las flores se retiraron de los pliegos y los estigmas se montaron en glicerogelatina con fucsina. Se examinaron bajo microscopio óptico, contando polen conspecífico y heteroespecífico, e identificarlo hasta nivel de familia o morfotipo. Los análisis estadísticos combinarán modelos lineales generalizados mixtos (GLMMs) y enfoques multivariantes (PERMANOVA) para evaluar cambios en riqueza, composición y patrones de transferencia de polen. Este estudio ofrece un marco novedoso para cuantificar interacciones históricas de polinización, ampliando el papel de los herbarios como recursos clave para la biología del cambio global. Se espera que los resultados aporten nuevas perspectivas sobre la resiliencia y alteración de las interacciones de polinización y sobre cómo los cambios históricos en clima y fenología han moldeado el éxito reproductivo de las plantas actualmente.

59. Primeros registros de *Drosera capensis*, insectívora con potencial invasor, como especie naturalizada en España y Europa.

Luis Carlón Ruiz ^{*1-2}, Sébastien Filoche ³, Andreas Fleischmann ⁴, Víctor González-García ¹⁻², Alessandra Pollo ⁵ Y Borja Jiménez-Alfaro ¹⁻².

¹ Jardín Botánico Atlántico; ² IMIB-Universidad de Oviedo; ³ Conservatoire botanique national du Bassin parisien; ⁴ Botanische Staatssammlung München; ⁵ Universidad de Turín.

[*carlonluis@uniovi.es](mailto:carlonluis@uniovi.es)

Se señala la existencia, en un sistema turboso de la costa asturiana, de una colonia de *Drosera capensis*, una planta carnívora de origen sudafricano que se ha naturalizado en varias regiones templadas de la Tierra, si bien su presencia en Europa –con la excepción de algunos intentos infructuosos de introducción, inéditos, que discutimos– aún no constaba. Por su bien documentado potencial invasor en ambientes muy escasos y frágiles, hasta ahora ajenos a esta fuente de deterioro, se recomienda la eliminación de la especie en este estado incipiente de colonización, y se advierte del peligro que entraña la jardinería irresponsable para los ecosistemas naturales.

60. SeedArc, a global archive of primary seed germination data.

Eduardo Fernández-Pascual ¹, **Giacomo Trotta** ^{*1}, Angelino Carta ², Sergey Rosbakh ³, Lydia Guja ⁴, Shyam S. Phartyal ⁵, Fernando A. O. Silveira ⁶, Si-Chong Chen ⁷, Julie E. Larson ⁸ y Borja Jiménez-Alfaro ¹.

¹ University of Oviedo; ² University of Pisa; ³ University of Copenhagen; ⁴ Australian National Botanic Gardens; ⁵ Nalanda University; ⁶ Federal University of Minas Gerais; ⁷ Wuhan Botanical Garden; ⁸ USDA-ARS, Eastern Oregon Agricultural Research Center.

*trottagiacomo@uniovi.es

Understanding plant regeneration from seeds is essential to explain species distribution, community assembly, and ecosystem dynamics. Yet, compared to vegetative traits, global knowledge of seed germination ecology remains fragmented. To address this gap, we introduce “SeedArc”, a global open-access archive that compiles primary seed germination data, including raw experimental results obtained under controlled laboratory conditions for geo-referenced seed collections. The project “SeedArc” aims to synthesize the seed germination spectrum at a global scale, encompassing variation in germination proportions, speed, and environmental responses across species and biomes. The database aggregates both published and unpublished records, providing a standardized framework for storing, sharing, and analysing germination data within an open-science model. The initial release (SeedArc v.1.0) includes 47 433 germination records from 4 516 plant species, spanning multiple continents and biomes, and the network of contributors is continuously expanding the database with new datasets from diverse regions and ecological contexts. The project adopts a transparent data-management policy defining contributor ownership, access rights, and co-authorship rules. SeedArc is designed to support macroecological and evolutionary studies of seed traits, facilitate integration with global plant traits and inform conservation and restoration programs dependent on successful seed germination. Ultimately, this archive provides the foundation for a comprehensive understanding of the global diversity of germination strategies, offering unprecedented opportunities to explore how seeds respond to environmental gradients and how regeneration traits evolve across the plant tree of life.

61. Completando vacíos de conocimiento en criptogamia en las Islas Baleares: la base de datos Cryptogams of the Balearic Islands.

Pere Miquel Mir-Rosselló ^{*1}, Lluís Salom-Vicens ¹, Iván Cortés-Fernández ¹, Marcello Dante Cerrato ¹, Maria Roselló-Salvadó ¹, Arnau Ribas-Serra ¹, Miquel Rodríguez ¹, Llorenç Sáez ², Carles Cardona ¹, Lluna Jordà-Amengual ¹ y Llorenç Gil ¹.

¹ Universitat de les Illes Balears; ² Universitat Autònoma de Barcelona

[*peremiquelmir@gmail.com](mailto:peremiquelmir@gmail.com)

Las criptógamas son un grupo compuesto por los pteridófitos, los briófitos, las algas, los hongos y los líquenes. A pesar de su relevancia en la biodiversidad y los ecosistemas mediterráneos, las criptógamas se encuentran insuficientemente estudiadas en muchos territorios, incluyendo las Islas Baleares. En 2023 se creó una base de datos de distribución de criptógamas en las Islas Baleares. Esta base de datos, que incluye datos corológicos registrados a partir del 2016, se publicó en el Sistema Global de Información sobre Biodiversidad (GBIF) bajo el nombre Cryptogams of the Balearic Islands, con 1500 registros. Más de la mitad de los registros corresponden a briófitos (54,3 %), seguido por las algas (28,0 %), los pteridófitos (16,1 %), los líquenes (1,3 %) y los hongos (0,3 %). Este orden se mantiene en cuanto al número de taxones registrados en la base de datos. Actualmente, se está preparando una nueva versión con más de 4000 registros. Además, se están planteando salidas de campo específicas a zonas con pocos datos para ir completando la información disponible en las Islas Baleares.

62. NAMPHORA: An open-access database of fossil and modern pollen records from the Mediterranean, Arabian and Northern Africa regions.

Irene Solano ¹, Jakob Bro-Jørgensen ¹, Ignacio A. Lazagabaster ², Chris D. Thomas ³ y **Saúl Manzano** ^{*4}.

¹ University of Liverpool; ² Centro Nacional de Investigación Sobre Evolución Humana, CENIEH; ³ University of York; ⁴ Universidad de León.

[*saul.manzano@unileon.es](mailto:saul.manzano@unileon.es)

Northern Africa experienced profound climatic and ecological transformations during the Holocene, most notably during the African Humid Period (AHP; 14,800–5,500 years ago). Increased precipitation during this interval reactivated lacustrine and riverine systems, transforming the Sahara into a more vegetated landscape and promoting the dispersal of flora from adjacent regions. Fossil pollen records, the most widely used proxy for reconstructing past vegetation and climate, have more recently been integrated with plant functional trait data to provide deeper insights into past ecosystem functioning. However, existing pollen databases covering Northern Africa remain limited by non-standardised taxonomies, the omission of significant unpublished data from the grey literature, and the lack of standardised plant functional trait information. To address these limitations, we introduce the Northern African, Arabian, and Mediterranean Pollen Holocene Records Archive (NAMPHORA): a comprehensive, machine-readable, and open-access database that integrates fossil and modern pollen records with harmonised taxonomies, alongside plant functional traits, and ecological and phytogeographical information. NAMPHORA represents the most extensive and standardised pollen dataset currently available for the region, providing an essential resource for refining palaeoecological reconstructions and enhancing biogeographical analyses of northern Africa during the Holocene. The database, accompanying R code, and full documentation are openly accessible via GitHub, where community contributions and feedback are welcome and encouraged to ensure its ongoing expansion and refinement.



Lista de participantes

	Apellidos	Nombre	Institución	Email	Póster
1	Acedo	Carmen	Universidad de León	c.acedo@unileon.es	30, 43
2	Almeida Valido	Carlos José	Universidad Complutense de Madrid	c.almeidavalido@gmail.com	23*
3	Alonso Felpete	J. Ignacio	Herbario Jaime Andrés Rodríguez (LEB). Universidad de León	dbviaf@unileon.es	
4	Alonso Hernández	Alejandro	Universidad Autónoma de Madrid	alejandro.alonso@uam.es	14*, 32
5	Alonso Moreno	Elsa	Real Jardín Botánico de Madrid-CSIC	elsa.alonso21@gmail.com	12*
6	Álvarez Martínez	Jose Manuel	Universidad de Oviedo-IMIB	jm.alvarez@uniovi.es	28
7	Argüelles Longo	Ángel	Universidad de Oviedo - IMIB	arguellesangel@uniovi.es	46*
8	Benito Alonso	José Luis	Jolube Consultor Botánico y Editor	jolube@jolube.net	
9	Borràs	Joshua	Universitat de les Illes Balears	j.borras@uib.es	8*, 18
10	Borràs Latorre	Núria	TRAGSATEC	nborras@tragsa.es	7*
11	Borràs Masip	Anna	UCM	annaborrasmasip@gmail.com	21*
12	Caicoya Gomez Caldito	Sara	Universidad Autónoma de Madrid	73saracaicoya25@gmail.com	32*
13	Cámara Leret	Rodrigo	Universidad de Zúrich, Suiza	rodrigo.camaraleret@uzh.ch	
14	Cantoral González	Alberto Luis	Orocantábrica. Asociación para el Estudio y Conservación del Medio Natural de la Cordillera Cantábrica	albertoluiscantoral@gmail.com	
15	Capistrós Bitrián	Carmela	TRAGSATEC	carmelacapistros@gmail.com	4*, 5, 6
16	Capó Servera	Miquel	Universitat de les Illes Balears	miquel.capo@uib.es	18*
17	Carlón Ruiz	Luis	Jardín Botánico Atlántico - IMIB - Universidad de Oviedo	carlonluis@uniovi.es	33, 59*
18	Casado Valledor	Jorge	Universidad de Oviedo	uo288767@uniovi.es	1*
19	Castelló Perosillo	Alberto	CSIC- Instituto Pirenaico de Ecología	mariab@ipe.csic.es	
20	Castillo Corrales	Ainhara Su	Real Jardín Botánico de Madrid - CSIC	ainhara.castillo@gmail.com	57*
21	Cenalmor Maroto	David	Universidad de Salamanca	davidpepelu@gmail.com	
22	Chytrý	Milan	Universidad Masaryk, República Checa	chytry@sci.muni.cz	
23	Coca de la Iglesia	Marina	TRAGSATEC	mcoca@tragsa.es	7, 13, 22

24	Corrales Manchado	Alexis	Universidad de León	xis0ale@gmail.com	54*
25	Criado Ruiz	David	Real Jardín Botánico de Madrid-CSIC	davidcr1995qtd@gmail.com	
26	Cuerdo Pavón	Macarena	Universidad Autónoma de Madrid	macarena.cuerdo@gmail.com	
27	Eced Royo	Carlos	Universidad de Granada	cecedr@correo.ugr.es	38*
28	Echarren Lucendo	Nicolás	CSIC/UIMP	echarrenlucendonicolos@gmail.com	47*
29	Escobar Rodríguez	Claudia	Universidad Complutense de Madrid	claescob@ucm.es	27
30	Escudero	Marcial	Universidad de Sevilla	amesclir@gmail.com	30
31	Espinosa del Alba	Clara	Universidad de Oviedo	clara.esdal@hotmail.es	10, 19*
32	Estellés Herrero	Xavier	Universidad Complutense de Madrid	xavierestelles@gmail.com	29*
33	Farré Escudé	Mireia	Instituto Botánico de Barcelona	mireiafarreescude@gmail.com	37*
34	Ferencova	Zuzana	Jardín Botánico Atlántico	zferencova@gmail.com	33
35	Fernández Fernández	Javier	Jóvenes por la Botánica Española (JxBE)	javi.ff.978@gmail.com	39*
36	Fernández González	Federico	Universidad de Castilla-La Mancha	federico.fdez@uclm.es	
37	Fernández-Mazuecos	Mario	Real Jardín Botánico de Madrid-CSIC	mariomazuecos@gmail.com	14, 17, 32
38	Fernández-Pascual	Eduardo	IMIB - Universidad de Oviedo	fernandezpeduardo@uniovi.es	1, 10, 19, 33, 60
39	Ferreiro Lera	Giovanni Breogán	Universidad de León	gferl@unileon.es	35*, 42
40	Ferrero Vaquero	Victoria	Universidad de León	victoria.ferrero@unileon.es	43*
41	Font Castell	Xavier	Universidad de Barcelona	xfont@ub.edu	20*
42	Garcia	Sònia	Institut Botànic de Barcelona, CSIC	soniagarcia@ibb.csic.es	
43	García del Olmo	David	Universidad Autónoma de Madrid	davidgarciadelolmo@gmail.com	13*
44	García Gómez	Héctor	CIEMAT	hector.garcia@ciemat.es	48*
45	García Muro	Victoria	CONICET (Argentina)	vgarcia@mendoza-conicet.gov.ar	
46	García Rodríguez	Adrián	TRAGSATEC	agarc173@tragsa.es	5*, 6
47	García Torija	Miriam	Universidad Complutense de Madrid	miriga04@ucm.es	49*
48	García-Abad Alonso	Juan Javier	Universidad de Alcalá	juan.j.garciaabad@uah.es	
49	García-Amorena Gómez del Moral	Ignacio	Universidad Politécnica de Madrid	ignacio.garciaamorena@upm.es	51, 52
50	García-Verdugo	Carlos	Universidad de Granada	carlosgarciaverdugo@gmail.com	29*

51	Garmendia Salvador	Alfonso	Universitat Politècnica de València	algarsal@upvnet.upv.es	2*
52	Gavilán	Rosario	Universidad Complutense	rgavilan@ucm.es	
53	Giráldez Guerrero	Álvaro	Universidad Autónoma de Madrid	alvarogiraldezguerrero22@gmail.com	22*
54	González de Pablo	David	Universidad Complutense de Madrid	ptopelos@gmail.com	
55	González-García	Víctor	Instituto Mixto de Investigación en Biodiversidad - IMIB (CSIC)	gonzalezgvictor@uniovi.es	1, 10, 33*, 59
56	González Le Barbier	Jorge	Jardín Botánico Atlántico – IMIB – Universidad de Oviedo	lejorge@uniovi.es	10
57	González Pérez	Alejandro	PRAE//Universidad de León	agonzp07@gmail.com	42*, 56
58	Gutiérrez Girón	Alba	Universidad Complutense de Madrid	algutier@ucm.es	
59	Hernández García	Ainhoa	Universidad de Oviedo	ainhoahdez2507@gmail.com	10
60	Herrera Rodríguez	José Manuel	TRAGSATEC	herrera1988@hotmail.com	
61	Herrero González	Miriam	Universidad Complutense	mirherlez@gmail.com	
62	Isabel Rufo	Jorge Miguel	TRAGSATEC	jisabel@tragsa.es	4, 5, 6
63	Jiménez	Clara	Empresa privada	clara.jimenezalcazar@gmail.com	
64	Jiménez-Alfaro	Borja	Universidad de Oviedo	jimenezalfaro@uniovi.es	10, 19, 28, 59, 60
65	Jiménez-Mejías	Pedro	Universidad Pablo de Olavide	pjimmej@upo.es	
66	Juarez Escario	Alejandro	Universitat de Lleida	alejandro.juarez@udl.cat	
67	Lázaro Lobo	Adrián	Universidad de Oviedo	lazaroadrian@uniovi.es	10
68	Lázaro Piorno	Merche		merminatu1@gmail.com	
69	Lois Madera	Raúl	Universidad de León	rloim@unileon.es	30*
70	López Manso	Paula	JxBE	paulopman@gmail.com	
71	López Martínez	Julia	Universidad Complutense de Madrid	julilo10@ucm.es	44*
72	López Vállez	Julia	Universidad Complutense de Madrid	lopezvallezj@gmail.com	26*
73	López Varela	Alba	Real Jardín Botánico de Madrid-CSIC	alv6798@gmail.com	31*
74	Lorite Moreno	Juan	Universidad de Granada	jlorite@ugr.es	3, 38
75	Manzano Rodríguez	Saul	Universidad de León	saul.manzano@unileon.es	62*
76	Marco Rosado	Nuria	Universidad Pablo de Olavide	nuriamarcorosa@gmail.com	36*
77	Marín Rodulfo	Macarena	Universidad de Granada	macamarin@correo.ugr.es	58*

78	Martin Hernanz	Sara	Universidad Complutense de Madrid	sarmar37@ucm.es	26, 29, 34*
79	Martín Muñoz	Juan	Real Jardín Botánico de Madrid - CSIC	marmujuan@gmail.com	
80	Martínez Castro	Alba	Universidad Rey Juan Carlos	albaamartinez@gmail.com	
81	Mendieta Leiva	Glenda	Universidad de Marburg, Alemania	glendamendieta@gmail.com	
82	Millano Fernández	Daniel	TRAGSATEC	dmillano@tragsa.es	
83	Mir Rosselló	Pere Miquel	Universitat de les Illes Balears	peremiquelmir@gmail.com	61*
84	Molina	José Antonio	Universidad Complutense de Madrid	jmabril@ucm.es	
85	Monturiol Rolland	Rodrigo	Universidad Politécnica de Madrid	rodrigomonturiol@hotmail.com	52*
86	Morales Alonso	Ana	Universidad Rey Juan Carlos	aimoralons@gmail.com	30
87	Moreno Saiz	Juan Carlos	Universidad Autónoma de Madrid	jcarlos.moreno@uam.es	
88	Mugueta Sanz	Javier	Asociación Iberozaa	franci20@ucm.es	
89	Muñoz Gómez	Guillermo	Universidad de Castilla-La Mancha	guillermo.munoz@uclm.es	9*
90	Muñoz Rodríguez	Pablo	Universidad Complutense de Madrid	pablo.munoz@ucm.es	27*
91	Muñoz Sánchez	Álvaro	Universidad Autónoma de Madrid	alvamu07@gmail.com	
92	Nieto Feliner	Gonzalo	Real Jardín Botánico de Madrid-CSIC	nieto@rjb.csic.es	
93	Nuño	Juan Carlos	Universidad Politécnica de Madrid	juancarlos.nuno@upm.es	52
94	Ochoa Ramos	Norma Yolanda	Universidad de León	nochor00@estudiantes.unileon.es	42, 56*
95	Ortega Moreno	Miguel Ángel	IMIB	miguelortegas@gmail.com	
96	Pascual Buesa	Marina	Universidad Politécnica de Madrid	marina.pascual@alumnos.upm.es	51*
97	Pérez Badia	Rosa	Universidad de Castilla-La Mancha	rosa.perez@uclm.es	9
98	Pérez González	Rubén	Universidad de León	rupeg@unileon.es	25*
99	Pérez Suárez	Marta	Universidad de Oviedo	perezsmarta@uniovi.es	
100	Pfitzer López	Daniel	IMIB	pfitzerdaniel@uniovi.es	28*
101	Picó Mercader	Xavier	Estación Biológica de Doñana (EBD-CSIC)	xpico@ebd.csic.es	
102	Pokorny Montero	Cristina Isabel	Real Jardín Botánico de Madrid-CSIC	pokorny@rjb.csic.es	12, 40

103	Quesada Chicharro	Elena	Universidad Rey Juan Carlos (URJC)	elenaqch00@gmail.com	40*
104	Ramos Sainero	Adrián	Universidad Complutense de Madrid	adramo02@ucm.es	17*
105	Ramos-Gutiérrez	Ignacio	Universidad Autónoma de Madrid	ig.ramosgutierrez@gmail.com	
106	Rebolé Marín	María Rosario	TRAGSATEC	rosariorebole@gmail.com	39
107	Reviriego Villegas	Lucía	Universidad Complutense de Madrid	lucia.reviriegovi@gmail.com	
108	Ribera i Adrover	Anna	Universidad Complutense de Madrid	javecento@gmail.com	
109	Riina	Ricarda	Real Jardín Botánico de Madrid	rriina@rjb.csic.es	47
110	Roces Díaz	Jose Valentin (pipo)	Universidad de Oviedo / Instituto Mixto de Investigación en Biodiversidad (IMIB)	jvroces@gmail.com	28
111	Rodeiro Otero	Pablo	Universidade de Santiago de Compostela	pablo.rodeiro.otero@usc.es	53*
112	Rodríguez Fernández	Sergio	Universidad de León	srodf@unileon.es	11, 54
113	Rodríguez Hernández	Diego	CSIC	diegrodher@gmail.com	
114	Rodríguez López	Manuel	IPNA-CSIC	manuel.lopez.15@csic.es	15
115	Rodríguez Navarro	María Leticia	Universidad de La Laguna	alu0100297997@ull.edu.es	15*, 16*
116	Roldán Díaz	Sandra	Universidad Complutense	srd2812@gmail.com	55*
117	Rondinel Mendoza	Katy Virginia	Universidad de Granada	krondinel@correo.ugr.es	3*
118	Ruiz Cano	Sofía	Universidad Autónoma de Madrid	sofia.ruizc@uam.es	13, 41*
119	Ruiz Navarro	María	Universidad Complutense de Madrid	mruiznavarro@gmail.com	24*
120	Sánchez Correa	Daniel	IRNAS-CSIC	danisc008@gmail.com	
121	Sánchez Díaz-Corrales	Juan Manuel	Universidad Internacional Menéndez Pelayo	juanmanuelssanchez9@gmail.com	
122	Sánchez Villadeamigo	Óscar	Universidad de La Laguna	oscarsanchezvilladeamigo@gmail.com	
123	Sanmartín Bastida	Isabel	Real Jardín Botánico de Madrid - CSIC	isanmartin@rjb.csic.es	
124	Solakís Tena	Andros	European Topic Centre - Universidad de Málaga	andros@uma.es	50*
125	Solé Rovirosa	Rebeca	Fundación del Patrimonio Natural de Castilla y León	re.rovirosa@gmail.com	
126	Soriano Bermúdez	Jesús José	Universidad de Cádiz	jesussoriano18@gmail.com	45*
127	Suárez Couselo	Miguel	TRAGSATEC	msuare18@tragsa.es	7

128	Torío Marrón	Marta	Universidad Complutense de Madrid	martorio@ucm.es	
129	Torres Calvet	Mar	Institut Botànic de Barcelona	serrotram@gmail.com	37*
130	Tredinnick	Sofía	Universidad de Oviedo	UO298094@uniovi.es	
131	Trotta	Giacomo	Universidad de Oviedo	trottagiacomo@uniovi.es	60*
132	Valdés Rapado	Alicia	IMIB - Universidad de Oviedo	aliciavaldes1501@gmail.com	
133	Valerio de Arana	María	Universidad Autónoma de Madrid	mariavaleriodearana@gmail.com	34
134	Verduin Cortés	Sandra	Real Jardín Botánico, Universidad Internacional Menéndez Pelayo	sandraverduincortes@gmail.com	
135	Xia	Yi	Universidad Menéndez Pelayo	cristinaxia3@gmail.com	