

XXII Jornadas de la Sociedad Española de Paleontología

**y simposios de los proyectos
PICG 493, 503, 499, y 467**

Libro de Resúmenes

E. Fernández-Martínez (Editora)



Universidad de León
Secretariado de Publicaciones
2006

Diseño y maquetación: Antonio Buil
Dibujos de portada y contraportada: Cristina García Núñez

© Universidad de León
Secretariado de Publicaciones

© Los autores

I.S.B.N. : 84-9773-293-6

Depósito Legal: LE-1584-2006

Impresión: Universidad de León. Servicio de Imprenta

Diversificación de los mamíferos en el Terciario de Norteamérica: una aproximación macroevolutiva y paleoecológica

Figueirido, F.^{1,2}, De Renzi, M.¹, Pérez-Claros, J.A.², Janis, C.M.³ y Palmqvist, P.²

¹ Institut Cavanilles de Biodiversitat i Biología evolutiva. Universitat de València, Apartado Oficial 22085. 46071 Valencia. francisco.figueirido@uv.es; miquel.de.renzi@uv.es

² Departamento de Ecología y Geología, Facultad de Ciencias, Universidad de Málaga, Campus Universitario de Teatinos. 29071 Málaga. johnny@uma.es; ppb@uma.es

³ Department of Ecology and Evolutionary Biology, Box G-B207. Brown University, Providence, RI 0291, USA. Christine_Janis@brown.edu

Uno de los principales objetivos de la Paleontología durante las últimas décadas ha sido el estudio del patrón de diversidad taxonómica a través del tiempo geológico (Alroy, 2000a). El registro fósil muestra la evolución transespecífica o macroevolución, que desde los años 70 dejó de ser vista como simple extrapolación de los procesos microevolutivos a gran escala temporal. La explicación se ha hecho mucho más compleja y se integra en un esquema jerarquizado de individuos genealógicos y procesos de cambio asociados (Eldredge & Cracraft, 1980; Gould, 1980; Vrba & Eldredge, 1984; Vrba, 1984, 1989; Gould 2002; cf. también De Renzi, 1986, 1990). De esta aproximación se deriva el análisis de los patrones de diversidad

taxonómica y disparidad anatómica en el registro fósil. La base de estas últimas estaría en el nivel de especie. Sin embargo, por diversos motivos que radican en la propia naturaleza del registro fósil, la riqueza específica está muy sesgada y es mejor usar taxones supraespecíficos, cuyo número refleja *grosso modo* dicha riqueza. El problema está en resolver las enormes variaciones espaciotemporales en términos de unas pocas variables que den razón de aquéllas (Sepkoski, 1981).

Desde este punto de vista se aborda el estudio de la diversificación de los mamíferos terrestres euterios de Norteamérica a lo largo del Terciario, junto con un intento de comprender cuáles han sido los principales procesos acontecidos en su historia evolutiva. Para ello se precisa conocer la distribución estratigráfica de cada taxón. Las tablas de rangos temporales estandarizados se tomaron de Janis *et al.* (1998) y se ha partido del número de géneros por familia como unidad de análisis. El intervalo temporal abarcado comprende desde principios del Paleoceno (65,1 Ma) hasta finales del Plioceno (1,8 Ma). A fin de que los intervalos de mayor duración no quedasen sobredimensionados en cuanto a número de taxa respecto a los de menor duración (Sepkoski, 1981), muchos de estos últimos se han fusionado y se ha reducido el número total de intervalos a 27.

De esta manera, se obtuvo una matriz de datos con las familias y los intervalos temporales, en la que las familias están representadas por un cierto número de géneros en cada intervalo. Sobre esta matriz, se ha efectuado un análisis factorial en *modo-Q*, tras tomar las familias como variables (Smith, 1977; Sepkoski, 1981). Una vez elegido el número de factores que explican una porción significativa de la variancia original, se efectúa una rotación VARIMAX a fin de evitar correlaciones anómalas entre taxones segregados en el tiempo (Sepkoski, 1981). Con ello se ha intentado resumir los principales cambios acontecidos en la historia evolutiva del grupo, en términos de unas pocas "*faunas evolutivas*" que se suceden en el tiempo, como consecuencia de una tasa de reemplazamiento faunístico lenta y de fondo. Cada factor se interpreta como una muestra idealizada. Las puntuaciones miden la importancia relativa que adquiere cada taxón en cada una de estas muestras ideales y los coeficientes de carga reflejan la contribución de los intervalos estratigráficos sobre cada factor. Los resultados derivados del análisis muestran que el 88% de la variabilidad de la base de datos queda explicado en términos de seis *faunas evolutivas*, que se suceden en el tiempo unas a otras y que, además, presentan una composición taxonómica determinada (Fig. 1); las denominaciones de las mismas aluden al momento en que alcanzan el clímax.

Podemos decir que existe una *Fauna Paleocena* y una *Fauna del Eoceno medio inicial*, las cuales surgen en el Paleoceno y se extinguen hacia finales del Eoceno y del Oligoceno, respectivamente. La *Fauna del Eoceno medio final*, la *Fauna Oligocena* y la *Fauna Miocena* surgen durante el Eoceno y muestran un aspecto residual durante el Plioceno. Finalmente, la *Fauna Pliocena* sería la última fauna evolutiva, que se inicia ya prácticamente en el Oligoceno y probablemente se

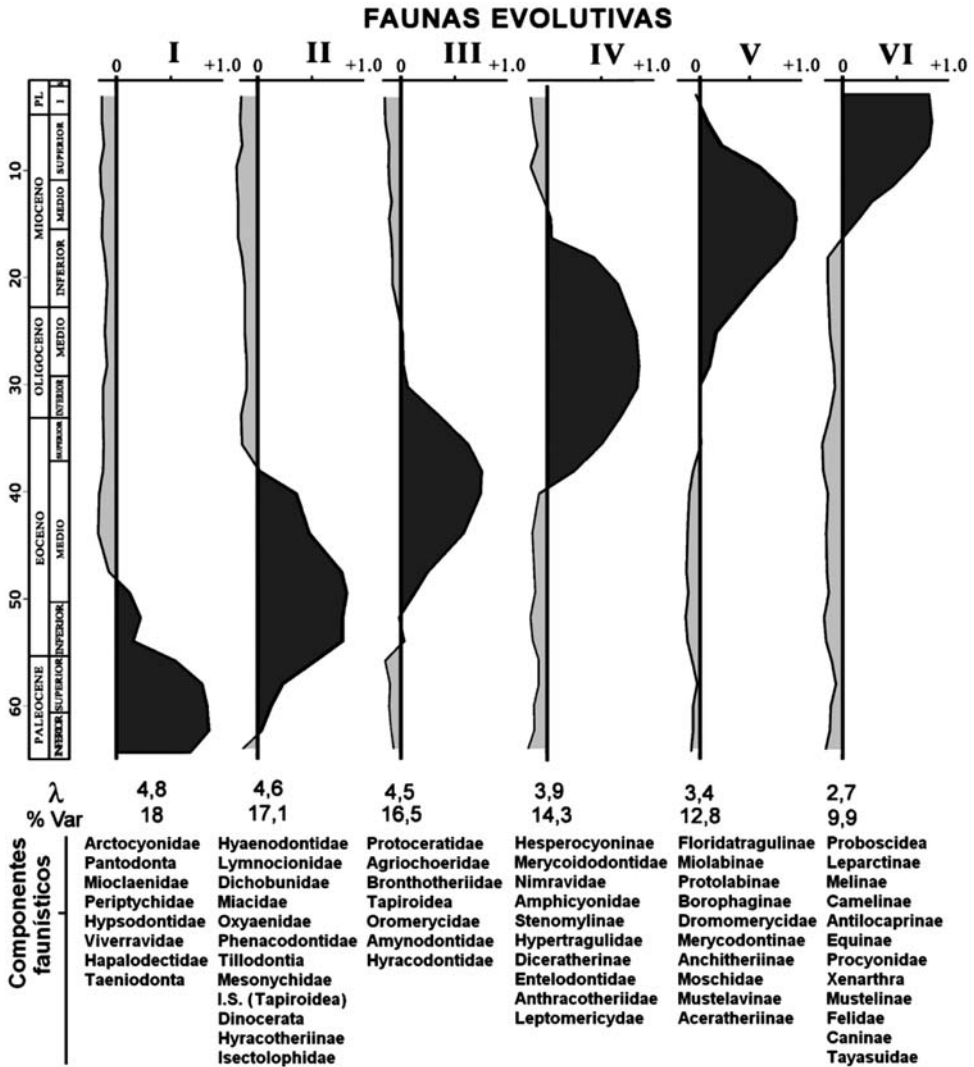


Figura 1. Gráfico de los coeficientes de carga de los seis primeros factores en función del tiempo (escala vertical). Los autovalores relativos (λ) y el porcentaje de varianza que explica cada componente se muestran en la parte inferior de la figura. Los factores se interpretan como las seis grandes "faunas evolutivas".

extiende de un modo expansivo durante el Pleistoceno. La Figura 1 muestra la composición de taxones para cada una de estas faunas evolutivas, tal y como se deriva de las puntuaciones de cada variable en cada factor. Cada fauna reemplaza gradualmente a la anterior, como consecuencia de una tasa de reemplazamiento taxonómico (*turnover*) lenta y de fondo (Sepkoski, 1981). Cada una de estas faunas evolutivas parece estar asociada a distintas fases de diversificación en las comunidades de mamíferos, que se relacionan con los cambios en las comunidades vegetales, por lo que reflejan los diferentes cambios climáticos acontecidos a lo largo del Terciario norteamericano.

Agradecimientos

Este trabajo se enmarca en los proyectos CGL2004-01615 y CGL2005-08238-02-02/BTE.

Referencias

- Alroy, J. 2000. New methods for quantifying macroevolutionary patterns and processes. *Paleobiology*, **26**, 707-733.
- De Renzi, M. 1986. Algunas claves para la comprensión del proceso evolutivo: una reflexión. In: *La sociedad naturalizada. Genética y conducta* (Eds. J. Sanmartín, V. Simón & M.L. García-Merita). Tirant Lo Blanch, Valencia, 51-85.
- De Renzi, M. 1990. Allò que no diu la genètica de poblacions sobre l'evolució. In: *Temas actuales de Biología evolutiva* (Coord. A. Ruíz & M. Santos), 221-237.
- Eldredge, N. & Cracraft, J. 1980. *Phylogenetic Patterns and the Evolutionary Process. Method and Theory in Comparative Biology*. Columbia University Press. New York, 1-340.
- Gould, S.J. 1980. Is a new and general theory of evolution emerging? *Paleobiology*, **6**, 119-130.
- Gould, S. 2002. *The Structure of Evolutionary Theory*. Harvard Belknap Press, Cambridge, Massachusetts, 1-1426.
- Janis, C.M., Scott, K.M. & Jacobs, L.L. (eds.) 1998. *Evolution of Tertiary Mammals of North America*. Vol. 1: *Terrestrial Carnivores and Ungulates*. Cambridge University Press, Cambridge, UK, 1-691.
- Sepkoski, J.J., Jr. 1981. A factor analytic description in the Phanerozoic marine fossil record. *Paleobiology*, **7**, 36-53.
- Smith, C.A.F., III. 1977. Diversity associations as stochastic variables. *Paleobiology*, **3**, 41-48.
- Vrba, E.S. 1984. What is species selection?. *Systematic Zoology*, **33**, 318-328.
- Vrba, E.S. 1989. Levels of selection and sorting with special reference to the species level. *Oxford Surveys in Evolutionary Biology*, **6**, 111-168.
- Vrba, E.S. & Eldredge, N. 1984. Individuals, hierarchies and processes: towards a more complete evolutionary theory. *Paleobiology*, **10**, 146-171.

