

ANÁLISIS DE LA VARIABILIDAD GENÉTICA DE *JUNIPERUS TURBINATA* EN ARGELIA. IMPLICACIONES EN SU CONSERVACIÓN.

Juan F. Jiménez¹, Miloud Aouissat², Isabell Hensen³, Jose Luis Cánovas¹, Juan Bautista Vera¹ & Pedro Sánchez-Gómez¹

¹ Departamento de Biología Vegetal (Botánica). Universidad de Murcia. 30100 Murcia. España (fjimenez@um.es).

² Departamento de Biología. Universidad de Saida. Saida. Argelia

³ Institut für Biologie. Martin-Luther Universität. 06099 Halle. Alemania

INTRODUCCIÓN

Juniperus turbinata Guss. es un elemento distribuido por la cuenca mediterránea y Macaronesia. Se localiza en poblaciones frecuentemente aisladas que se corresponden con ambientes en los que las condiciones edafoclimáticas son desfavorables, como son formaciones dunares litorales, litosuelos (Fig. 1), páramos fríos o lugares venteados. Es una especie que presenta gran interés desde el punto de vista de la conservación, ya que forma parte de hábitats considerados como prioritarios en la Directiva Europea 92/43/CE.

En este trabajo se presentan datos sobre la diversidad y distribución de la variación genética de varias poblaciones argelinas de *J. turbinata* (Fig.2) a partir de marcadores AFLP. Este tipo de marcadores son muy útiles a la hora de determinar la historia evolutiva de especies que presentan poblaciones separadas, ya que permiten identificar que poblaciones son las más emparentadas e incluso inferir procesos evolutivos subyacentes como deriva génica, cuellos de botella poblacionales, fragmentación, dispersión a larga distancia, etc.



Fig. 1. Población mixta de *J. turbinata* en la zona Norte de Argelia.



Fig. 2. Ejemplar de *J. turbinata* en la población de Mecheria.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se han recolectado un total de 94 individuos de *Juniperus turbinata*, correspondientes a un total de 5 poblaciones a lo largo del área de distribución de Argelia (Fig. 3). Todas las muestras recolectadas fueron incluidas en bolsas zip-lock y desecadas en gel de sílice hasta la extracción del ADN. La extracción del ADN fue realizada con el método CTAB y los extractos almacenados a -20°C hasta su posterior digestión, ligación y realización de amplificaciones preselección y selectiva.

El estudio de la variabilidad genética intrapoblacional y la diferenciación interpoblacional ha sido realizado con 3 combinaciones de cebadores AFLP elegidos de un total de 12 combinaciones, ya que daban productos de amplificación reproducibles y suficientemente polimórficos (Fig. 4).

Las bandas obtenidas con el marcador AFLP han sido incluidas en una matriz binaria de ausencia/presencia, que ha servido de base para la realización de la matriz de distancias (Nei & Li, 1979); y los análisis estadísticos pertinentes realizados con los programas AFLPsurv 1.0 y MVSP 3.2d. La estructura genética de las poblaciones ha sido obtenida a partir de inferencia bayesiana con el programa Structure 2.2. El número de grupos asignados por el programa Structure ha sido calculado a partir de los valores de ΔK .

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

A partir de las 3 combinaciones de cebadores AFLP se obtuvieron un total de 605 fragmentos, de los que resultaron ser polimórficos 577 (95.4%). No se localizaron fragmentos fijados exclusivos de población, aunque si numerosos fragmentos que aparecían en pocos individuos de una misma población. Todos los individuos presentan un patrón de AFLP único.

El estudio de la variabilidad genética intrapoblacional determinó que las poblaciones argelinas no estaban empobrecidas genéticamente, presentando unos valores de diversidad altos (Fig. 3, $H_s=0.209$), en general más altos que los obtenidos para la variabilidad genética intrapoblacional de esta misma especie en Cerdeña ($H_s=0.13$).

Además se ha visto que existe un aislamiento genético moderado ($F_{st}=0.15$) entre las poblaciones. Estos valores son más altos que los obtenidos para coníferas en general, aunque están en concordancia con los obtenidos para *J. turbinata* en Cerdeña ($F_{st}=0.12$), y *J. thurifera* ($F_{st}=0.186$).

En cuanto a la estructura genética de las poblaciones, a partir del programa Structure 2.2 se ha inferido un $\Delta K=2$ como óptimo (Fig. 5), que indicaba que los individuos de las 5 poblaciones muestreadas se agrupaban en 2 clusters; uno formado por las poblaciones Beni Saf, Stidia y La Calle, además de Mecheria parcialmente, y otro formado por parte de la población de Mecheria y la población de Cherchell. Esta población está localizada únicamente en una zona costera denominada Roche Blanche, y al parecer totalmente aislada del resto de poblaciones. No obstante, el PCO (Fig. 6) permite identificar en el espacio multivariante todas las poblaciones, aunque las más próximas son las de Beni Saf y Stidia, que posiblemente formaban un continuo en épocas recientes, o bien sigue existiendo flujo génico importante en la actualidad.

A partir de estos resultados se pueden extraer algunas conclusiones:

Todos los análisis indican la buena salud de las poblaciones en cuanto a niveles de diversidad genética. No obstante, se ha visto que todas, a excepción de Beni Saf y Stidia están diferenciadas genéticamente. Estas poblaciones están aisladas entre sí y sufren presión antrópica, lo que puede hacer que disminuya su diversidad en un futuro próximo, y que la diferenciación ya existente se acentúe. Estos resultados pueden ser utilizados para definir propuestas de conservación tanto ex situ como in situ.

La singularidad genética de la población de Cherchell debe ser tenida en cuenta a la hora de mantener el pool génico de las poblaciones argelinas en bancos de germoplasma (conservación ex situ). La distribución de la variabilidad genética también debería ser tenida en cuenta en la realización de reintroducciones o reforzamientos poblacionales en las zonas donde se requiera una reforestación o recuperación de la cubierta vegetal.

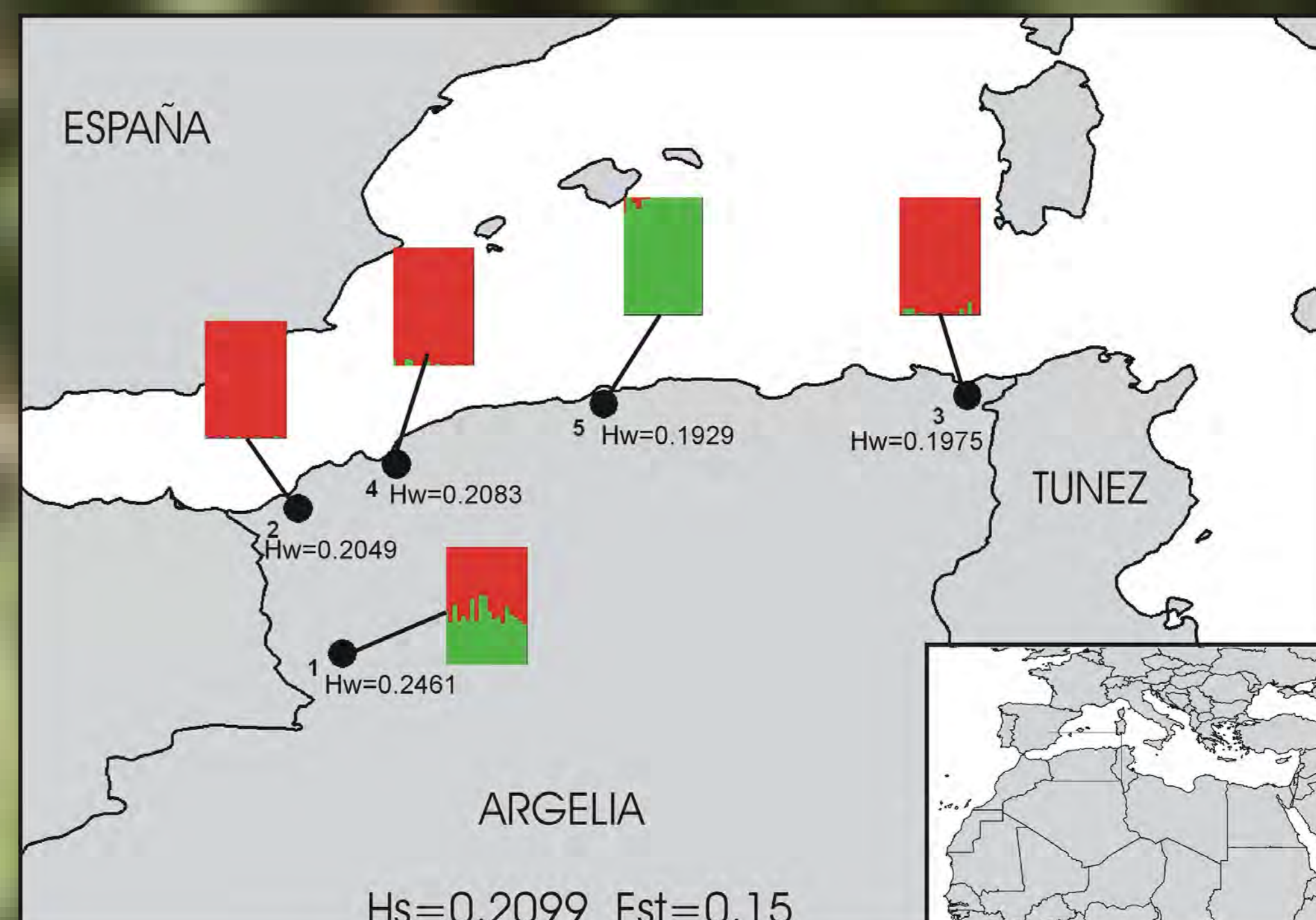


Fig. 3. Mapa de localización de las poblaciones muestreadas. Para cada población se aportan datos de su diversidad genética (H_w), y de la asignación de los individuos a los clusters definidos por el programa Structure. Además se dan los valores de diversidad genética de las poblaciones (H_s) y del coeficiente de diferenciación genética (F_{st}). Poblaciones: 1. Mecheria, 2. Beni Saf, 3. La Calle, 4. Stidia, 5. Cherchell.

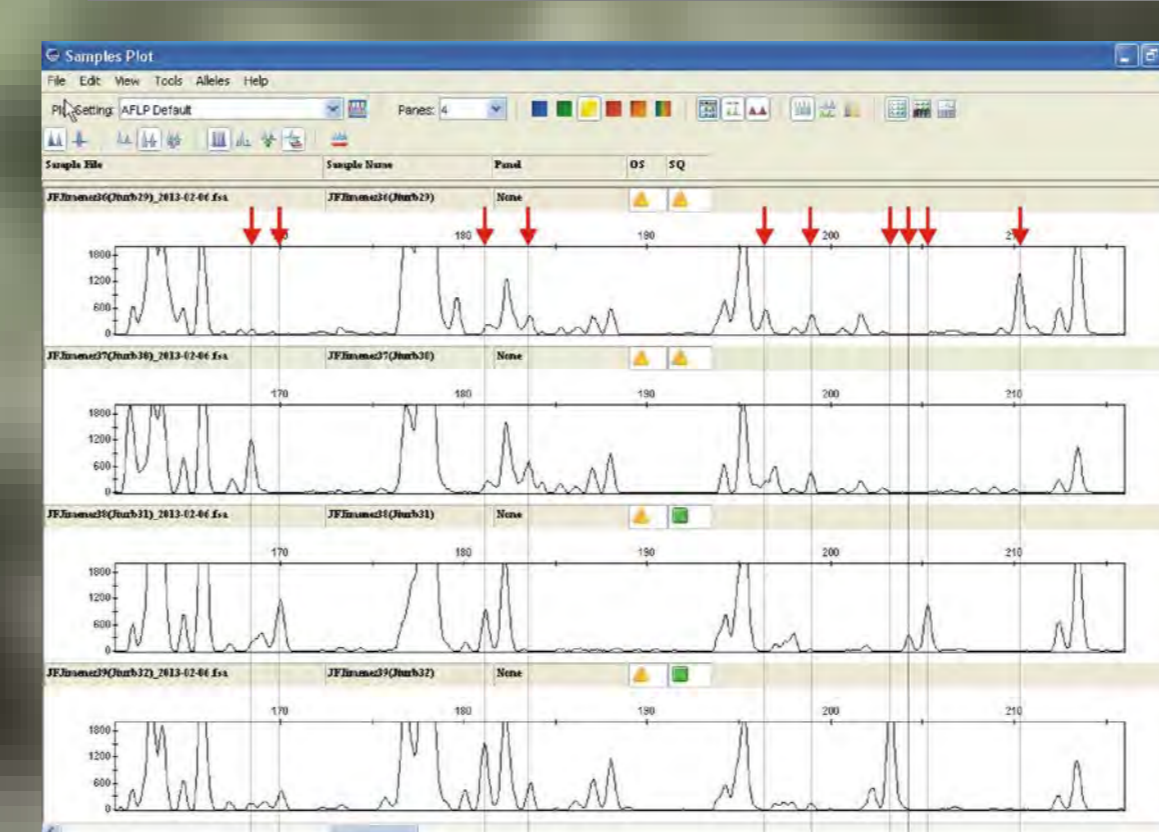


Fig. 4. Electroferograma de una de las combinaciones de cebadores elegidos para el análisis genético.

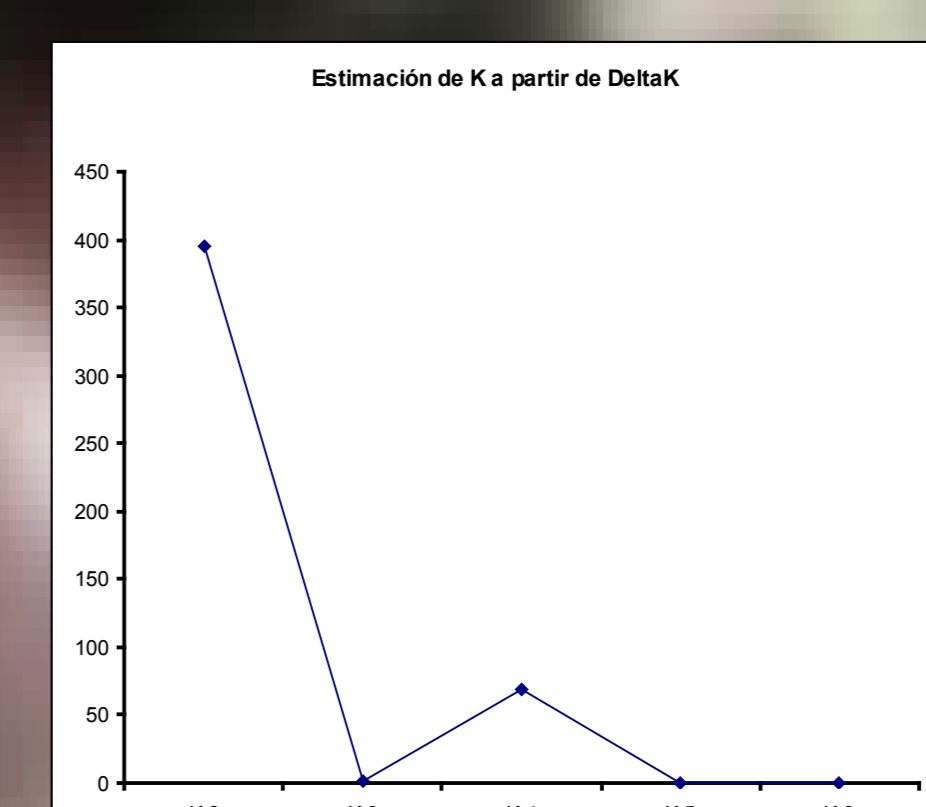


Fig. 5. Valores de ΔK obtenidos a partir del programa Structure.

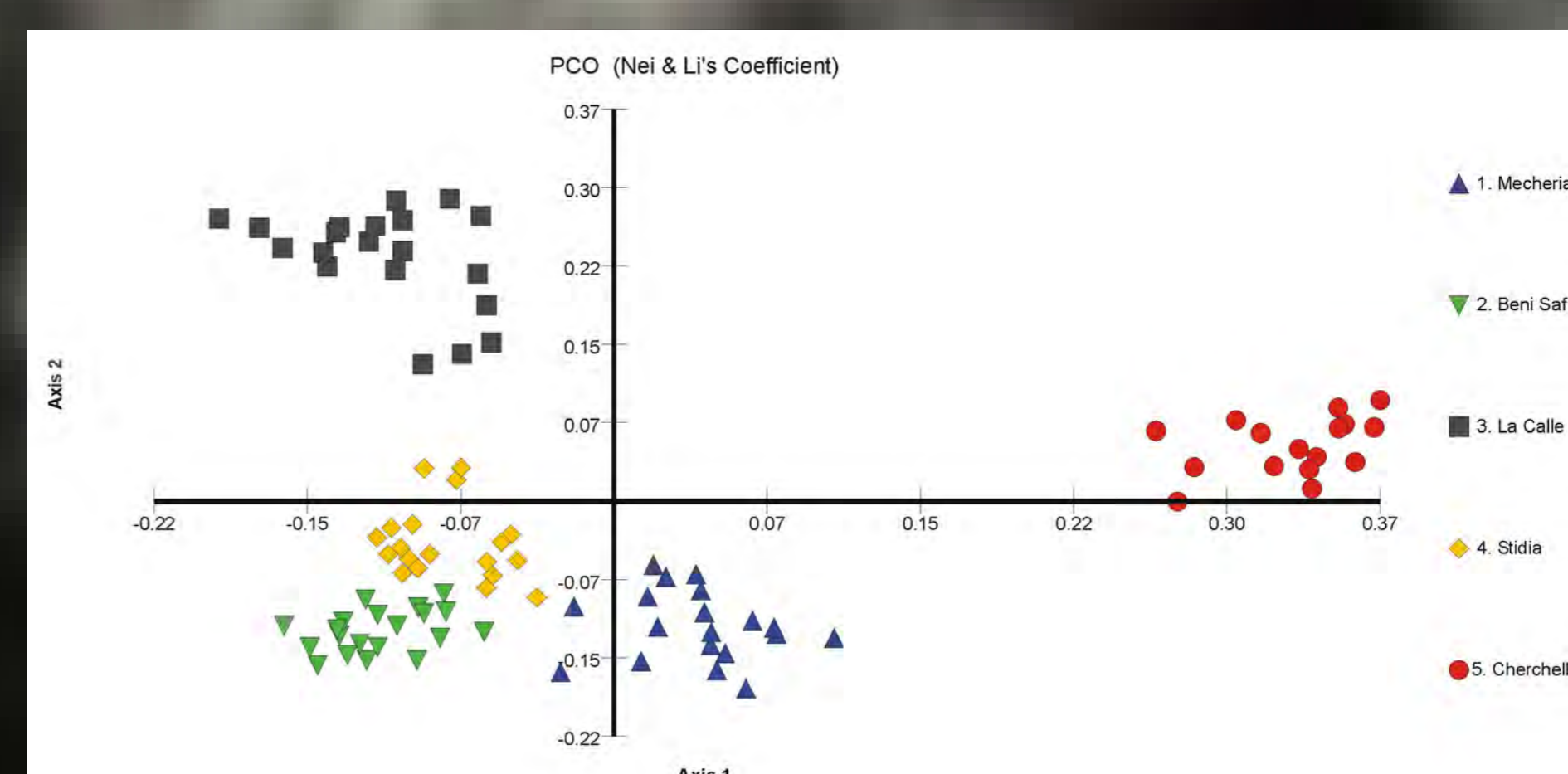


Fig. 6. Representación gráfica del PCO obtenido a partir de los valores de distancia genética de 95 individuos de *J. turbinata* de Argelia.