

Filogeografía de *Moricandia moricandioides* a partir de marcadores moleculares plastidiales

Juan F. Jiménez¹,
Esteban Salmerón²,
Isabell Hensen³ &
Pedro Sánchez-Gómez¹

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

² Departamento de Biología Vegetal y Ecología, Universidad de Almería, 04120 Almería, Spain.

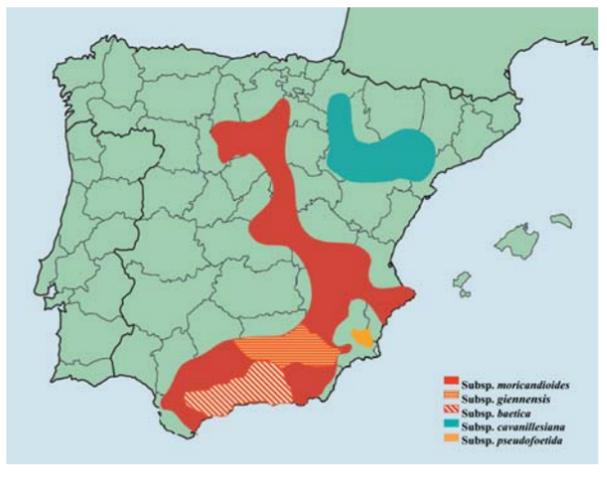
³ Institut für Biologie, Martin-Luther Universität, 06099 Halle, Germany.

INTRODUCCIÓN

Moricandia moricandioides (Boiss.) Heywood es un endemismo ibérico que se localiza en poblaciones fragmentadas y aisladas sobre substratos margosos y yesosos de la mitad Este de España, sobre hábitats en muchos casos prioritarios por la Directiva Hábitat 42/93. Se han reconocido 5 subespecies, en algunos casos difícilmente reconocibles a partir de los caracteres morfológicos (*moricandioides*, *baetica*, *giennensis*, *cavanillesiana* y *pseudofoetida*). Desde el punto de vista legal, las subespecies *pseudofoetida* y *cavanillesiana* están protegidas a nivel regional en las Comunidades Autónomas donde se localizan.

En este trabajo se presentan datos sobre la distribución de la variación genética de la especie en toda su área de distribución a partir de marcadores moleculares plastidiales. 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.

Mapa de distribución de las subespecies de *Moricandia moricandioides* s.l.



MATERIAL Y MÉTODOS

Se han muestreado un total de 80 individuos pertenecientes a 16 poblaciones de *Moricandia moricandioides*, intentando cubrir todo su área de distribución, así como las diferentes subespecies.

El estudio de los patrones filogeográficos de esta especie ha sido llevado a cabo mediante la secuenciación del espaciador intergénico *trnT-trnL* del ADN plastidial, utilizando los marcadores universales de Taberlet et al. (1991). La amplificación de esta región plastidial ha sido llevada a cabo utilizando un programa estándar de PCR, con temperatura de anillamiento de 52°C. La secuenciación ha sido llevada a cabo en el Servicio de secuenciación de la Universidad de Murcia.

Las secuencias obtenidas fueron alineadas con el programa Bioedit 7.0.9 (Hall 1999), y a partir del alineamiento se construyeron redes de parsimonia con el programa Network 4.6, utilizando el método RM (Reduced Median) de Bandelt et al. (1995). Además se construyó un mapa de distribución de haplotipos a fin de ver como se distribuían en las poblaciones.

Hábito de las cinco subespecies de *M. moricandioides* descritas.



Subsp. *cavanillesiana*



Subsp. *giennensis*



Subsp. *moricandioides*



Subsp. *pseudofoetida*



Subsp. *baetica*

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

El alineamiento de la región del intrón *trnT* y el espaciador *trnT-trnL* presentó un tamaño de 854 pb, observándose 21 haplotipos diferentes. En cuanto a las subespecies, únicamente se observaron haplotipos únicos para las subespecies *cavanillesiana* y *pseudofoetida*, (subespecie *cavanillesiana* 2 haplotipos exclusivos y subespecie *pseudofoetida* presenta 10 haplotipos únicos) mientras que el resto de subespecies comparten haplotipos.

Además, se ha observado que estos haplotipos presentan un patrón geográfico de distribución, de manera que se han observado dos grupos de haplotipos: el primero, propio de las poblaciones del norte, centro y las más interiores del Sur peninsular, y el segundo grupo, propio de las poblaciones del Sur y Sureste Peninsular. Además, se puede observar que las poblaciones del Norte y Centro de España presentan un número muy bajo de haplotipos por población y en la mayor parte de los casos un único haplotipo.

A partir de estos resultados se pueden extraer algunas conclusiones:

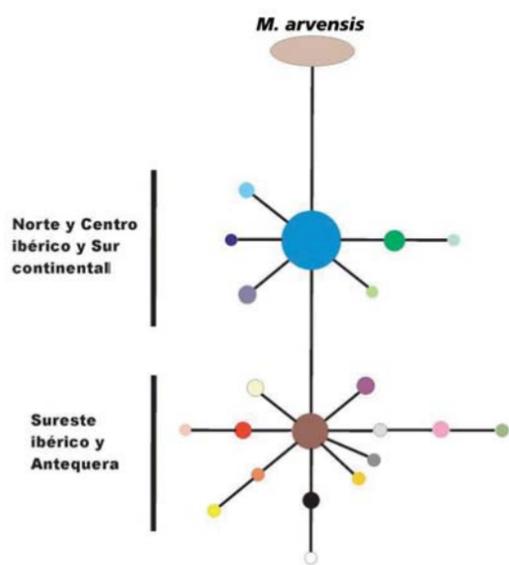
1. Las poblaciones del norte y centro peninsular, más empobrecidas en cuanto a número de haplotipos debieron verse afectadas muy posiblemente por fenómenos de cuello de botella

poblacionales, o incluso pudiendo llegar a perderse en épocas históricas en las que el clima era desfavorable (por ejemplo durante los sucesivos periodos glaciales).

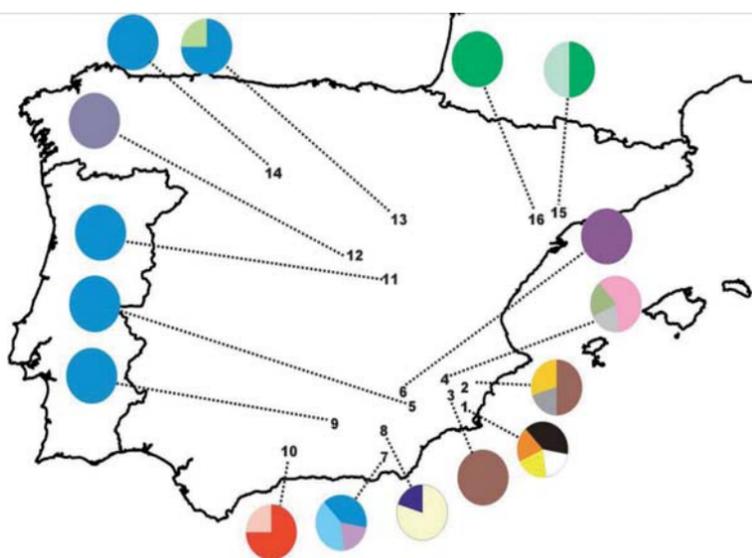
2. Las poblaciones del Sur Peninsular posiblemente se vieron menos afectadas por las glaciaciones, pudiendo actuar como refugios, e incluso en algún caso como poblaciones fuente para la colonización de los hábitat más septentrionales durante los periodos interglaciales.

A partir de estos resultados se pueden definir una serie de medidas de conservación para las dos subespecies incluidas en los catálogos de protección regionales, entre las que se puede destacar:

- Diseño adecuado de recolección de semillas para su inclusión en bancos de germoplasma, que implicarían el intentar recolectar la mayor parte de haplotipos exclusivos encontrados.
- Optimización de poblaciones a conservar. Ya que (siendo realistas) es imposible conservar todas las poblaciones, se debería priorizar la protección de las poblaciones más diversas y las que presenten haplotipos únicos o singulares, a fin de intentar maximizar la conservación de la mayor parte de la variabilidad en la naturaleza.



Red de parsimonia que muestra las relaciones entre los haplotipos encontrados en la región *trnT-trnL* del genoma plastidial de *M. moricandioides*.



Distribución de los haplotipos encontrados en la región *trnT-trnL* del genoma plastidial de *M. moricandioides*.

BIBLIOGRAFÍA

Bandelt, H.J., Forster, P., Sykes, B.C. & Richards, M.B. 1995. Mitochondrial protraits of human populations. *Genetics* 141: 743-753

Hall, T.A. 1999. Bioedit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Window 95/98/NT. *Nucl. Ac. Symp. Ser.* 41: 95-98.

Taberlet, P., Gielly, L., Pautou, G. & Bouvet, J. 1991. Universal primers for amplification of three non-coding regions of chloroplast DNA. *Pl. Molec. Biol.* 17: 1105-1109.

Este trabajo ha sido financiado con cargo al proyecto CGL2008-00423/BOS del Ministerio de Ciencia e Innovación.