

Análisis de la variabilidad genética de *Moricandia moricandioides*. Implicaciones en su conservación.

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.

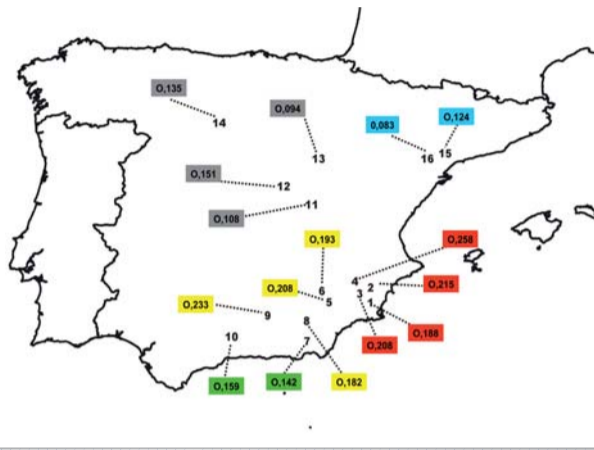
INTRODUCCIÓN

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 *pseudofaetida*). Desde el punto de vista legal, las subespecies *pseudofaetida* y *cavanillesiana* están protegidas a nivel regional en las Comunidades Autónomas donde se localizan.

En este trabajo se presentan datos sobre la variabilidad genética de esta especie a nivel intra e interpoblacional, a partir de marcadores moleculares ISSR (intersimple sequence repeats). Este tipo de marcadores son una herramienta que ha demostrado ser muy útil en numerosos estudios taxonómicos con especies amenazadas o raras (Wolfe & Liston, 1998). Así los objetivos de este estudio son inferir la viabilidad de las poblaciones de *M. moricandioides* a partir de estos datos de variabilidad genética intra e interpoblacional, para poder establecer medidas de gestión adecuadas para la conservación de esta especie.

Mapa de localización de las poblaciones muestreadas para el análisis con marcadores ISSR. Las etiquetas indican los valores de diversidad genética intrapoblacional, y los colores a que subespecie pertenece cada población.

Gris= *moricandioides*
Azul= *cavanillesiana*
Amarillo= *giennensis*
Verde= *baetica*
Rojo= *pseudofaetida*



Detalle de las inflorescencias de las cinco subespecies descritas de *M. moricandioides*.

De izquierda a derecha y de arriba abajo, subsp. *moricandioides*, subsp. *cavanillesiana*, subsp. *baetica*, subsp. *giennensis* y subsp. *pseudofaetida*.



RESULTADOS Y DISCUSIÓN

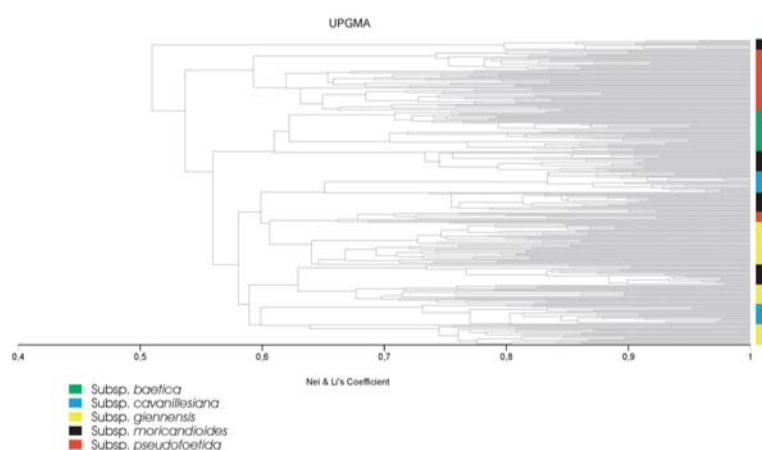
A partir del análisis de 4 cebadores ISSR se obtuvieron un total de 70 bandas, siendo polimórficas 68 (97,1%). No se encontraron bandas marcadoras de población, aunque sí bandas en pequeño porcentaje exclusivas de algunas poblaciones.

El estudio de la variabilidad genética intrapoblacional determinó que existían poblaciones que no estaban empobrecidas genéticamente, mientras que otras sí lo estaban. En general, las poblaciones de la mitad meridional peninsular presentaban unos valores de variabilidad genética más elevados que las de la mitad más septentrional. Estos resultados están en concordancia con los obtenidos en el estudio de la distribución de la variación genética a nivel del cloroplasto.

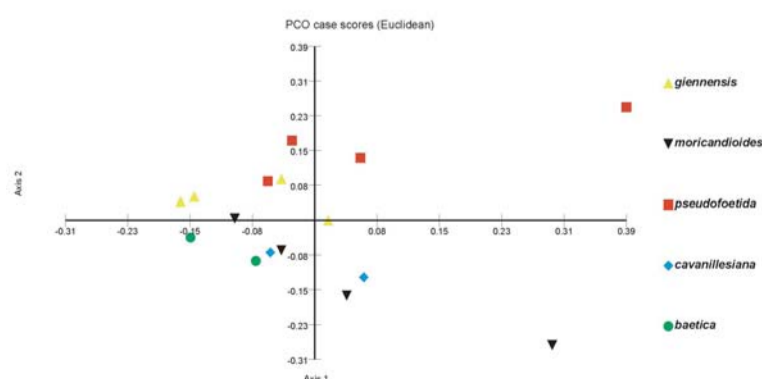
Además se ha visto que existe un gran aislamiento genético ($F_{ST} = 0,4$) entre las poblaciones, circunstancia lógica en una especie que se distribuye en hábitats muy específicos y fragmentados. No obstante, las diferencias genéticas interpopulacionales no presentan un patrón claro ni de tipo geográfico, ni taxonómico.

A partir de estos resultados se pueden extraer algunas conclusiones:

1. Los resultados obtenidos con los marcadores ISSR son muy concordantes con los obtenidos para los marcadores plastidiales, lo que refuerza la hipótesis de que las poblaciones más septentrionales debieron verse muy afectadas históricamente por las glaciaciones, y las existentes hoy en día, o provienen de unos pocos individuos que quedaron refugiados, o bien proceden de la migración de individuos de localizaciones más meridionales.
2. Los resultados de variabilidad genética intrapoblacional pueden ser utilizados para definir propuestas de conservación en las dos subespecies incluidas en catálogos de especies amenazadas. Teniendo en cuenta que la subespecie *pseudofaetida* no está empobrecida genéticamente, mientras que la subespecie *cavanillesiana* presenta unos valores de variabilidad intrapoblacional bastante bajos, estas medidas deben ser diferentes en cada caso tanto para conservación *in situ*, como para definir estrategias de recolección de germoplasma (conservación *ex situ*).



Dendrograma UPGMA de los 304 individuos muestreados de *M. moricandioides*, realizado a partir de los 70 fenotipos obtenidos con los marcadores moleculares ISSR



Representación gráfica del PCO obtenido a partir de los valores medios de distancia genética interpoblacional.

BIBLIOGRAFÍA

- Nei, M. & Li, W.-H. 1979. Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases. *Proceedings of National Academic of Sciences USA*, 76: 5269-5273.
- Norusis, J.M. 1990. *SPSS advanced statistics user's guide*. SPSS Inc. Chicago.
- Schneider, S., Kueffer, J. M., Roessli, D. & Excoffier, L. 1997. Arlequin v. 1.1: A software for population genetic data analysis. *Genetics and Biometry Laboratory, University of Geneva, Geneva*.
- Wolfe, K.H. & Liston, A. 1998. Contributions of PCR based-methods to systematics and evolutionary biology. In *Molecular Systematics of Plants II*. DNA sequencing. Soltis, D.E et al. (eds.). Kluwer, Dordrecht.
- Yeh, F.C., Yang, R. & Boyle, T. 1999. POPGENE, Version 1.32. Microsoft Window-Based Freeware for Population Genetic Analysis. University of Alberta, Edmonton, Canada.

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



MATERIAL Y MÉTODOS

Se han recolectado un total de 304 individuos de *Moricandia moricandioides*, correspondientes a un total de 16 poblaciones distribuidas por todo su área de distribución, e incluyendo varias poblaciones de cada una de las subespecies descritas.

El estudio de la variabilidad genética intrapoblacional y la diferenciación interpoblacional ha sido realizado con 4 cebadores ISSR elegidos de un total de 20, ya que daban productos de amplificación reproducibles y suficientemente polimórficos.

Las bandas obtenidas con el marcador ISSR 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 (PCO; AMOVA; UPGMA) realizados con los programas POPGENE 1.3 (Yeh et al. 1997), SPSS 11.0 (Norusis, 1990), MVSP 3.2d y ARLEQUIN 1.1 (Schneider et al. 1997).