

Estructura genética de *Tetraclinis articulata*. Aspectos relevantes para su conservación

Juan F. Jiménez¹
Joseph Buhagiar²
Juan B. Vera¹
Juan F. Martínez³
Francisco J. Sanchez-Saorín³ &
Pedro Sánchez-Gómez¹

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

² Department of Biology, University of Malta, MSD 2080 Msida, Malta.

³ Dirección General de Patrimonio Natural y Biodiversidad, Consejería de Agricultura y Agua de la Región de Murcia, 30008 Murcia, Spain.

INTRODUCCIÓN

Tetraclinis articulata (Vahl) Masters es un árbol de pequeño tamaño distribuido por la mitad occidental del Mediterráneo, presentando poblaciones principalmente en el norte de África, en Marruecos, Argelia y Túnez, y otras de menor extensión en la isla de Malta y en el Sureste peninsular, en la provincia de Murcia. Desde el punto de vista bioclimático se localiza en el piso termomediterráneo, generalmente con ombrotipo semiárido o seco, sobre diferentes tipos de sustrato.

Las poblaciones tradicionalmente han sufrido gran presión antrópica, por lo que es una especie amenazada por la fragmentación y destrucción de su hábitat, estando incluida en los listados de la IUCN a nivel europeo, así como en listados de protección a nivel regional.

En el presente trabajo se presentan resultados sobre la variabilidad genética de las poblaciones y sobre la distribución de la diversidad genética de las mismas en toda su área de distribución a partir de marcadores moleculares ISSR, una herramienta que ha demostrado ser muy útil en numerosos estudios taxonómicos con especies amenazadas o raras (Wolfe & Liston, 1998). Los resultados obtenidos pueden ser muy útiles a la hora de establecer medidas de gestión y conservación adecuadas a los requerimientos de esta especie.



Tetraclinis articulata en la naturaleza. Izquierda, Individuo de la población del Monte de las Cenizas (Cartagena). Arriba derecha, Hábitat de la población de El Sabinar (Cartagena). Abajo derecha, Población de Oujda (Marruecos).

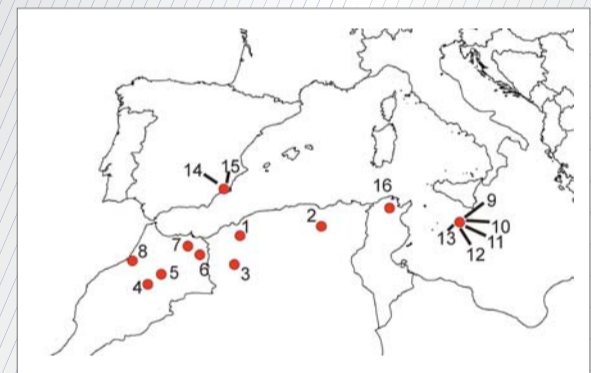


MATERIAL Y MÉTODOS

Se han recolectado un total de 188 individuos de *Tetraclinis articulata*, correspondientes a un total de 15 poblaciones distribuidas por todo su área de distribución. Así, se han muestreado las 2 poblaciones naturales del Sureste ibérico (Murcia), 5 poblaciones de Marruecos, 3 de Argelia, 1 de Túnez, y 5 poblaciones naturales de Malta.

El estudio de la variabilidad genética intrapoblacional y la diferenciación interpoblacional ha sido realizado con 5 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 (Norris, 1990), MVSP 3.2d y ARLEQUIN 1.1 (Schneider et al. 1997).



Localización de las poblaciones muestreadas de *Tetraclinis articulata*.

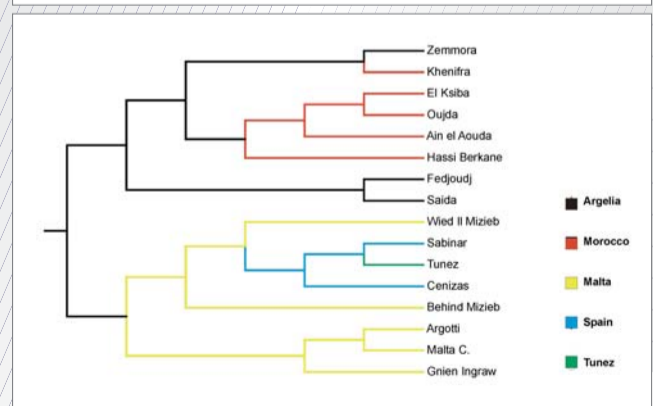
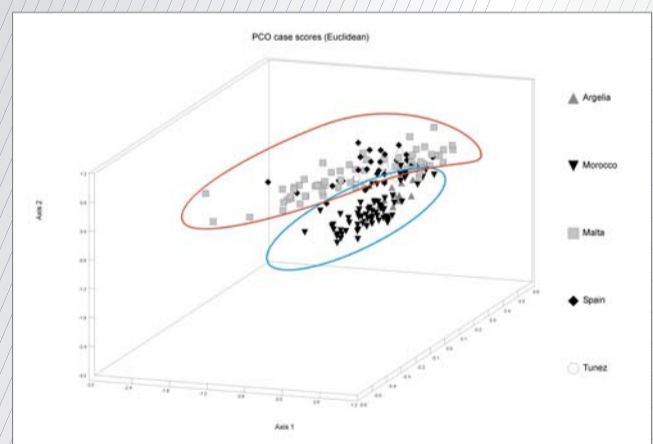
RESULTADOS Y DISCUSIÓN

A partir de los 5 cebadores ISSR analizados se han obtenido 82 bandas, de las cuales 80 (97,56%) son polimórficas, y además han permitido identificar a cada individuo con su fenotipo característico. No se han localizado bandas marcadoras de población ni de área geográfica (España, Malta, Norte de África). Los valores de diversidad genética obtenidos con el programa POPGENE indican que las poblaciones muestreadas de *Tetraclinis articulata* no se encuentran empobrecidas genéticamente. De hecho el AMOVA indica que el 75,45% de la variación genética se encuentra dentro de las poblaciones. Lo que si se ha encontrado es un alto grado de diferenciación genética interpoblacional, lo que es lógico, si tenemos en cuenta que las poblaciones están bastante aisladas desde el punto de vista geográfico.

En cuanto al PCO y el análisis de agrupamientos realizado con el UPGMA, las representaciones gráficas indican que las poblaciones tienden a separarse en dos grupos: uno que incluye las poblaciones marroquíes y argelinas, y otro en el que se incluiría la población de Túnez, las de Malta y las poblaciones ibéricas.

Mucho se ha discutido sobre la procedencia de las poblaciones de *Tetraclinis articulata* en la Península Ibérica, existiendo dos hipótesis principales: la primera sugiere que las poblaciones ibéricas son relictos de la flora iberoafricana existente en todo el Sur y particularmente

en el Sureste peninsular, que pudieron llegar en las épocas en las que existió conexión entre la Península Ibérica y el Norte de África. La segunda, atendiendo a la falta de registros fósiles del Neolítico y a la peculiar distribución de la especie en el Sureste Peninsular, acantonado únicamente en las sierras mineras de Cartagena, ya explotadas por los fenicios, sugiere que esta especie fue traída a esta zona por su utilidad como vigas para las minas, donde probablemente se naturalizó, quedando las poblaciones hoy conocidas. Existen vestigios arqueológicos muy puntuales del final del Neolítico, si bien se sabe que en esta época ya existía el comercio con el Norte de África. A falta de más evidencias, los resultados obtenidos sugieren que la segunda hipótesis sería la más correcta. No obstante, estos resultados habrían que tomarlos con cierta cautela, por lo que se secuenciaron varias regiones del ADN plastidial (*trnT-trnL*, *trnL-trnF*, *trnT-trnD*) de 12 de las 15 poblaciones muestreadas, siendo todas las secuencias obtenidas idénticas para todas las procedencias. La utilización de otros marcadores moleculares tipo microsatélites o la secuenciación del ADN mitocondrial podría servir para encontrar patrones de parentesco entre las poblaciones que ratifiquen estos resultados, o bien marcadores poblacionales o geográficos que permitan identificar las procedencias de individuos, ya que esta especie presenta interés ornamental, incluso llegando a naturalizarse en algunos casos.



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.
- Norris, J.M. 1990. SPSS advanced statistics user's guide, SPSS Inc. Chicago.
- Schneider, S., Kueffer, J. M., Roessler, 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 y proyecto PEPLAN (Convenio entre la Universidad de Murcia y la Consejería de Universidades, Empresa e Investigación de la Región de Murcia).