

I Encuentro Nacional de Conservación Genética en Plantas



PROGRAMA Y RESÚMENES

Las Palmas de Gran Canaria
14 – 16 de julio de 2011



PROGRAMA

JUEVES, 14 DE JULIO DE 2011

8:00 - 9:00

Recepción y documentación

9:00 - 9:30

Inauguración: **Fernando Real Varcárcel** (Vicerrectorado de Investigación, Desarrollo e Innovación, ULPGC); **Luisa F. Cuesta Vestías** (Colegio Oficial de Biólogos de Canarias); **Ángel Bañares** (Sociedad Española de la Biología de la Conservación de Plantas) y **Pedro A. Sosa** (Departamento de Biología, ULPGC).

Hora

Nº Sección I - Bases de Datos y Herramientas en Conservación Genética
Moderadores: Pilar Catalán y Juli Caujapé-Castells

9:30 - 10:00

1. Instrumentos estatales para la conservación de la flora amenazada en España.

Ricardo Gómez Calmaestra

10:00 - 10:30

2. Algunas piezas básicas para la preparación de una estrategia de conservación genética de la flora.

C. Blanché y J. Simon

10:30 - 11:00

3. Genética de la conservación, Unidades Genéticas Relevantes para la Conservación, y categorías de IUCN de plantas ibéricas amenazadas.

Pilar Catalán, Ernesto Pérez-Collazos y José Gabriel Segarra-Moragues

11:00 - 11:30

Pausa para el café

11:30 - 12:00

4. BANMAC: recopilando herramientas y datos para la conservación genética de la flora Macaronésica.

Miguel Ángel González-Pérez y Pedro A. Sosa

12:00 - 12:30

5. El sistema de información T4-Demiurge, hacia un estándar para datos genéticos poblacionales.

Juli Caujapé-Castells e Izzat Sabbagh Rodríguez

12:30 - 13:00

6. Centro de Caracterización de Recursos Biológicos: Banco de ADN de especies vegetales.

Andrés C. García Montero y M^a. Montserrat Martínez-Ortega

13:00 - 13:30

7. CromoCat y GenoCat: dos bases de datos genéticas con estrategias diferentes.

J. Simon y C. Blanché

13:30 - 15:00

Almuerzo

15:00 - 15:30

8. La importancia de los bancos de ADN en la conservación: El banco de ADN de la flora canaria.

Ruth Jaén Molina, Águedo Marrero y Juli Caujapé-Castells

15:30 - 16:00

9. Flujo genético, adaptación, marcadores moleculares y conservación vegetal.

Juan José Robledo Aruncio

16:00 - 16:30

10. El uso de herramientas de análisis genético a diversas escalas: desde el individuo hasta el paisaje vegetal y la flora regional.

Abelardo Aparicio y Juan Arroyo

I Encuentro Nacional de Conservación Genética en Plantas



- 16:30 - 17:00 **11. Genética de la conservación de la flora en hábitats fragmentados.**
Ana Juan y M^a. Ángeles Alonso
- 17:00 - 17:30 **12. ARRLPs ("Amplified Ribosomal Repeats Length Polymorphisms")
¿Nuevos marcadores genéticos en plantas?**
José A. Galián
- 17:30 - 18:00 Discusión y Conclusiones

VIERNES, 15 DE JULIO DE 2011

- Hora** **Nº Sección II - Casos de Estudio en Conservación Genética**
Moderadores: José M. Iriando y Josep A. Rosselló
- 9:00 - 9:30 **13. Actuaciones para la conservación de la flora amenazada en los
Parques Nacionales Canarios.**
Ángel Bañares, Eduardo Carqué, Manuel V. Marrero y Ángel Palomares
- 9:30 - 10:00 **14. Diversidad genética en especies endémicas apomícticas e insulares y
estrategias de conservación *ex situ*. ¿algo más que un asunto banal?**
Josep A. Rosselló, M. Rosato y R. Ibáñez
- 10:00 - 10:30 **15. Información filogenética, datos genéticos y acciones de
conservación. El caso de *Navaea phoenicea*.**
Javier Fuertes Aguilar, Alejandro González Fernández de Castro y Juan Carlos Moreno Saiz
- 10:30 - 11:00 **16. ¿Cómo nos pueden ayudar los datos moleculares en la conservación
de la flora? El ejemplo de dos endemismos baleares.**
Alberto del Hoyo y Josep Antoni Rosselló
- 11:00 - 11:30 Pausa para el café
- 11:30 - 12:00 **17. Variación genética y conservación en Pinos ibéricos.**
R. Alia, J. Climent, S.C. Gonzalez-Martinez, I. Kovacevic, M. Heuertz y D. Grivet
- 12:00 - 12:30 **18. Expresión de la depresión endogámica bajo diferentes niveles de
estrés.**
José M. Iriando, Alfredo García y Adrián Escudero
- 12:30 - 13:00 **19. Ecología, diversidad genética y filogeografía del endemismo ibérico
Jurinea pinnata (Lag.) DC. (Compositae) sobre dos sustratos
edáficos especiales: dolomías y yesos.**
E. Salmerón-Sánchez, M.I. Martínez-Nieto, F. Martínez-Hernández, J.A. Garrido, A.J. Mendoza, C. Gil de Carrasco, J.J. Ramos-Miras, R. Lozano, M.E. Merlo y J.F. Mota
- 13:00 - 13:30 **20. Biología reproductiva y diversidad genética en Canarias.
Implicaciones en las políticas de conservación. Mitos y realidad
empírica.**
Julia Pérez de Paz, Rosa Febles, Olga Fernández-Palacios y Magui Olangua
- 13:30 - 15:00 Almuerzo
- 15:00 - 15:30 **21. Detección de las líneas evolutivas amenazadas en *Jasione gr. crispa*.
Cuando la complejidad taxonómica impide la toma de decisiones en
conservación. Un caso práctico de intervención in extremis.**
Miguel Serrano, Santiago Ortiz, Llorenç Sáez y María Luz González Caamaño

I Encuentro Nacional de Conservación Genética en Plantas



- 15:30 - 16:00 **22. Análisis de la variabilidad genética, estructura poblacional y filogeográfica de *Convolvulus boissieri* Steud. (Convolvulaceae), dolomitófito Bético.**
E. Salmerón-Sánchez, J.M. Medina-Cazorla, A. Mendoza-Fernández, F. Martínez-Hernández, F.J. Pérez-García, E. Merlo Calvente y J.F. Mota Poveda
- 16:00 - 16:30 **23. Análisis de paternidad como herramienta de la gestión de especies vegetales. Una población de *Abis pinsapo* como especie de estudio.**
José Manuel Sánchez Robles
- 16:30 - 17:00 **24. Los atributos de la biodiversidad como base para la conservación genética de la fanerógama marina *Cymodocea nodosa* en las Islas Canarias.**
Pablo Manent Sintés, Filipe Alberto, Juli Caujapé-Castells, Ester Serrão y Nieves González Henríquez.
- 17:00 - 17:30 Discusión y Conclusiones
- 17:30 - 18:00 Clausura
- 21:00 **Cena de Clausura**
Salida a las 20:30 desde la Residencia Universitaria de Tafira

SÁBADO, 16 DE JULIO DE 2011

- 9:30 Excursión*
"Itinerario por el Centro-Norte y Cumbre de Gran Canaria".
Guía: Marcos Salas
- 15:00 Almuerzo
Restaurante La Cilla, Artenara.
- 19:00 Regreso a la Residencia Universitaria

* Se recomienda llevar calzado cómodo, protección solar, gorra y agua.



1

Jueves 14 de julio
9:30 - 10:00

Instrumentos estatales para la conservación de la flora amenazada en España

Ricardo Gómez Calmaestra

Dirección General de Medio Natural y Política Forestal, MARM

Los instrumentos estatales aplicables a la conservación de la flora derivan de la Ley 42/2007, del Patrimonio Natural y de la Biodiversidad, y del Convenio de NNUU sobre la Diversidad Biológica. La Ley 42 también incorpora las Directivas origen de la Red Natura 2000, principal pilar para la conservación *in situ* en España.

El conocimiento de la flora se recopila en el Inventario del Patrimonio Natural y de la Biodiversidad, (Real Decreto 556/2011), que incluye un Inventario de Especies terrestres y otro de marinas, con información corológica, demográfica y status de conservación. Desde hace una década, el MARM y el colectivo botánico desarrollan AFA (Atlas de Flora Amenazada), que ya ha evaluado el estado de conservación del 20% más amenazado de nuestra flora vascular y ha generado información corológica para 623 taxones.

Para su protección, el Listado de Especies Silvestres en Régimen de Protección Especial incluye 314 taxones vegetales. De éstos, 146 forman parte del Catálogo Español de Especies Amenazadas (34 "Vulnerables", 112 "En peligro"; Real Decreto 139/2011). Un Comité Científico asesor y nuevos criterios técnicos para catalogar taxones abren nuevas vías para actualizar Listado y Catálogo. A través del Fondo del Patrimonio Natural y la Biodiversidad se podrán financiar acciones para conservación de flora catalogada.

El MARM y las Comunidades Autónomas elaboran estos instrumentos conjuntamente y se coordinan técnicamente a través del Comité de Fauna y Flora Silvestres. La conservación de la flora se verá reforzada con la próxima constitución de un grupo de trabajo sobre flora.

La Estrategia Global para la Conservación de Plantas (GSPC) constituye un marco para Estrategias y Planes de Conservación más específicos. Todos los instrumentos antes mencionados están contemplados en el Plan Estratégico del Patrimonio Natural y la Biodiversidad, con objeto de facilitar el cumplimiento de las metas post-2010 a escalas global y comunitaria.



2

Jueves 14 de julio
10:00 - 10:30

Algunas piezas básicas para la preparación de una estrategia de conservación genética de flora

C. Blanché y J. Simon

BioC (GReB), Laboratori de Botànica, Facultat de Farmàcia, Universitat de Barcelona

Se examinan los elementos normativos (ESA, UE, españoles y autonómicos), los convenios internacionales (CBD, convenios post-2010) y los logros científico-técnicos recientes como base para el establecimiento de principios para la conservación de diversidad genética de plantas y se señala la interpretación del concepto "Estado de Conservación Favorable" (ECF, *FCS*) como elemento clave para la traslación de información científica a la normativa jurídica.

Se presentan las estrategias adoptadas por algunos países europeos (Suecia, Reino Unido), sus bases conceptuales y su desarrollo práctico, así como una propuesta para Cataluña, que incluye, en una primera etapa, la sinergia de proyectos de investigación, de conservación *ex situ* y de sistemas de información, en desarrollo del anteproyecto de ley catalana de biodiversidad.

En general, a pesar del reconocimiento por el CBD en 1992 de la diversidad genética como uno de los tres niveles de biodiversidad, se aprecia una muy escasa traslación a los programas de conservación y, todavía, restringida habitualmente a recursos genéticos forestales o agrícolas.

En el momento de desarrollar estrategias y planes para la conservación de la flora a partir de a) la aprobación de planes de actuación 2010-2020 (2050) a escala internacional y b) del despliegue legislativo en España (Ley 42/2007 y normas derivadas: CEAE/LESPRE, Inventario de Biodiversidad, Plan Estratégico de PN y BD, etc.) se señalan los márgenes de actuación realistas en los que pueden plantearse objetivos susceptibles de integrarse en un documento estratégico para la conservación genética de la flora.

*Financiado parcialmente por el proyecto CGL2007-60475/BOS (MEC).



3

Jueves 14 de julio
10:30 - 11:00

Genética de la conservación, Unidades Genéticas Relevantes para la Conservación, y categorías IUCN de plantas ibéricas amenazadas

Pilar Catalán, Ernesto Pérez-Collazos y José Gabriel Segarra-Moragues

Escuela Politécnica Superior de Huesca (Universidad de Zaragoza), Ctra. Cuarte km 1, 22071 Huesca.

La genética de la conservación es una disciplina que se ha desarrollado enormemente en las últimas décadas; pese a ello, todavía carecemos de criterios que permitan aplicar los resultados de los estudios genético poblacionales a la definición de parámetros de conservación específicos, tales como los demográficos, los de dinámica poblacional y los de distribución espacial que utiliza la IUCN para clasificar los organismos en las diversas categorías de amenaza. No obstante, se han adoptado diversas estrategias que permiten trasladar los resultados de los estudios genéticos a la selección de poblaciones diana para la conservación en especies clasificadas en niveles de amenaza medios o bajos (p. ej. Vulnerable, Menos Amenazada). La selección de Unidades Genéticas Relevantes para la Conservación (*Relevant Genetic Units for Conservation*, RGUC) es una de ellas. Esta aproximación garantiza la conservación de niveles aceptables o incluso elevados de diversidad genética específica, con unos costes económicos bajos, antes de que se produzca el declive de una especie o de una población. Nosotros hemos utilizado este método en la selección de poblaciones representativas para la conservación de la planta de montaña *Borderea pyrenaica* en el Parque nacional de los Pirineos (Francia), donde está clasificada como especie Vulnerable, y de la planta esteparia *Boleum asperum* en la región de los Monegros (España, Aragón), donde está clasificada como especie De interés especial. Además, discutimos también cómo diferentes índices de diversidad genética (por ejemplo heterocigosidades, h de Nei, riqueza alélica, etc.) y de estructura genética varían considerablemente en especies ibéricas altamente amenazadas (*Borderea chouardii*, *Vella pseudocytisus* subsp., *Ferula loscosii*), que han sido clasificadas como en riesgo de extinción. Quisiéramos también abrir el debate sobre la cuestión de si estos parámetros genéticos podrían ser utilizados para circunscribir categorías de amenaza de especies amenazadas o raras (tipo IUCN).



4

Jueves 14 de julio
11:30 - 12:00

BANMAC: recopilando herramientas y datos para la conservación genética de la flora Macaronésica

Miguel Ángel González-Pérez y Pedro A. Sosa

Departamento de Biología, Universidad de Las Palmas de Gran Canaria, Islas Canarias.

La importancia de los datos genéticos en la conservación de plantas ha sido ampliamente demostrada en un número creciente de estudios, especialmente en la investigación de especies amenazadas, en la gestión de endemismos, o en la resolución de incertidumbres taxonómicas. Aunque en menor medida, pero incrementándose en los últimos años, la información genética se está teniendo también en cuenta en los planes de recuperación de las especies amenazadas. La información referente a las herramientas (marcadores moleculares) necesarias para obtener dicha relevante información genética se encuentra diseminada en multitud de publicaciones científicas, comunicaciones a congresos, o simplemente sin publicar. En este sentido, el Banco de Marcadores Moleculares de la Flora Macaronésica (BANMAC), pretende recopilar dicha información en una única matriz de datos de libre acceso para totalidad de la comunidad científica, de forma que su acceso sea más rápido, libre y eficiente. En una primera aproximación BANMAC recogerá información genética generada con tres marcadores moleculares ampliamente utilizados en la Flora Macaronésica (microsatélites, RAPD y aloenzimas), facilitando información sobre secuencias de cebadores, protocolos de laboratorio, condiciones de PCR, etc. El acceso a la información se dirigirá seleccionado uno de los marcadores moleculares, una especie determinada, o mediante una simple búsqueda genérica.

La última finalidad de esta iniciativa, además de recopilar información sobre marcadores moleculares de la Flora Macaronésica, es agilizar y facilitar los procesos de laboratorio necesarios para generar nuevos datos moleculares. Además, BANMAC contendrá información básica de la diversidad genética (valores de variabilidad, diferenciación genética, conclusiones de estudios realizados, etc.) de las especies Macaronésicas estudiadas con estos marcadores moleculares, listados de publicaciones en conservación genética, y manuales para cada uno de los marcadores moleculares. Estos manuales de libre acceso incluirán conceptos básicos de las técnica, interpretación de datos, genotipado, etc.

BANMAC es una página web integrada dentro del proyecto europeo DEMIURGO (PCT-MAC 2007-2013).



5

Jueves 14 de julio
12:00 - 12:30

El sistema de información T4-Demiurge, hacia un estándar para datos genético poblacionales

Juli Caujapé Castells¹ e Izzat Sabbagh Rodríguez²

¹Jardín Botánico Canario "Viera y Clavijo"-Unidad Asociada CSIC (Cabildo de Gran Canaria)

²Instituto Tecnológico de Canarias (Gobierno de Canarias)

Por varias causas, mucho conocimiento nuevo que podría generarse a partir de las matrices de genotipos en las que se basan investigaciones ya publicadas reside actualmente en un inaccesible "limbo de información", que está además atomizado (cuando no extraviado, o inutilizado) en incontables ordenadores particulares de nuestro planeta. Además, no existe actualmente un formato estándar para los datos genotípicos, y su análisis implica el uso de varios programas informáticos cuyos archivos de entrada son complicados, heterogéneos, y frecuentemente incompatibles. Como respuesta a estos problemas de transmisión de conocimiento en genética poblacional, presentamos el esquema de funcionamiento del sistema de información [T4-Demiurge](#). Por un lado, la versión actual del software multi-plataforma [Transformer-4](#) (T4) permite transformar cualquier matriz de genotipos al formato de entrada de 38 programas de análisis de manera fiable, inmediata y versátil. Proponiendo el formato T4 como estándar para datos genotípicos respondemos a una de las propuestas del "International meeting of experts in molecular population genetic markers and biological databases", celebrado en 2007 en el JBCVCSIC. Por otro lado, T4 permite transmitir datos al sistema de información Demiurge para la rápida publicación de "compendios de diversidad genética", formados por una matriz T4 geo-referenciada y cualquier información adicional relevante que los autores consideren apropiado suministrar. Conservando estos compendios en el formato propuesto conseguimos poner la información existente sobre la diversidad genética de la biodiversidad a disposición permanente de la creatividad científica, de publicaciones especializadas, de administraciones públicas, o de educadores. Demiurge y T4 son fruto de la colaboración inter-disciplinaria entre [ocho instituciones Canarias](#), y representan el resultado de actividades del proyecto DEMIURGO (MAC/1/C20) co-financiadas por el Programa PCT-MAC 2007-2013, el [Instituto Tecnológico de Canarias \(Gobierno de Canarias\)](#) y el [Depto. de Biodiversidad Molecular del Jardín Botánico Canario "Viera y Clavijo"-Unidad Asociada CSIC \(Cabildo de Gran Canaria\)](#).



Centro de Caracterización de Recursos Biológicos: Banco de ADN de especies vegetales

A.C. García Montero¹ y M.M. Martínez-Ortega²

¹ Centro de Investigación del Cáncer; Universidad de Salamanca. Campus Miguel de Unamuno, E-37007 Salamanca.

² Departamento de Botánica, Facultad de Biología, Universidad de Salamanca. Campus Miguel de Unamuno, E-37007 Salamanca.

El Centro de Caracterización de Recursos Biológicos (CCRB) es una iniciativa creada en la Universidad de Salamanca a partir del Banco Nacional de ADN, el cual comenzó su andadura en 2004, con objeto de apoyar y facilitar la investigación genética/genómica en biomedicina.

En este contexto, y con una clara vocación de servicio de apoyo a la investigación genómica, el CCRB se ha propuesto ampliar el esfuerzo inicial y extenderlo a las áreas de genética/genómica de especies vegetales, animales y microorganismos, para tratar de responder a las necesidades científicas y socioeconómicas existentes, con especial impacto en la preservación del medioambiente y el desarrollo industrial sostenido.

Entre las acciones propuestas se incluye la creación de un banco de ADN de especies vegetales, con énfasis en endemismos, especies amenazadas y otros taxones de interés, así como en especies relevantes por su interés agronómico, farmacológico y/o industrial.

El CCRB se propone ser algo más que un simple bio-repositorio de colecciones con un elevado estándar de calidad, pues pretende también la caracterización masiva de los recursos biológicos almacenados, tanto a nivel genómico, como fenotípico y funcional. Su propósito es facilitar el acceso de los investigadores, tanto a las muestras biológicas, como a los datos asociados a las mismas, con el fin último de promover y apoyar la participación y competitividad de investigadores españoles en grandes proyectos y consorcios internacionales de investigación en genética/genómica.

Para la caracterización de las muestras biológicas almacenadas se contempla la incorporación de procedimientos y tecnologías de última generación y un esfuerzo en innovación importante, en: 1) tecnologías de gestión de archivos automatizados; 2) tecnologías de ultrasecuenciación, identificación de marcadores genéticos, epigenética y genómica funcional; y 3) tecnologías de fraccionamiento, purificación, análisis celular de alta capacidad y proteómica.

Este proyecto pretende aglutinar, complementar y sumar esfuerzos, evitando duplicidades. Nace con una clara vocación de servicio para potenciar la investigación cooperativa en genética/genómica de plantas; aunque, obviamente, sin la colaboración de las iniciativas nacionales existentes en la actualidad y la participación de expertos en genética y/o en taxonomía, la consecución de los objetivos planteados será mucho más modesta.



7

Jueves 14 de julio
13:00 - 13:30

CromoCat y GenoCat: dos bases de datos genéticas con estrategias diferentes

J. Simon y C. Blanché

BioC (GReB), Laboratori de Botànica, Facultat de Farmàcia, Universitat de Barcelona

Se exponen los datos cromosómicos de la flora silvestre de los Países Catalanes (CROMOCAT) que ha recopilado información citogenética desde 1999. Actualmente la base de datos contiene 51.098 registros, documentados con 7.115 referencias bibliográficas y cubre un total de 4.235 taxones que representa el 86,5% de la flora vascular de los PPCC. A partir del año 2006, el proyecto ha incorporado un nuevo módulo (GENOCAT) que agrupa los datos de marcadores moleculares y que permite completar una base de datos global de diversidad genética. En la actualidad, GenoCat consta de 3.012 referencias, que cubren 1.325 taxones, el 26,3 % de la flora de los PPCC.

Se explicitan los dos modelos que fundamentan la estructura de datos en CromoCat y GenoCat y se describen las innovaciones en el software para una nueva versión basada en un sistema de biblioteca de enlaces interactivos en función de los usuarios según criterios Web 2.0.

Se discute finalmente la conveniencia de implementar futuros sistemas integrados de manejo de conocimiento sobre diversidad genética, a través del uso intensivo de la información fácilmente convertible en conocimiento, mediante metadatos, esquemas de visualización, modelado, análisis y presentación de grandes volúmenes de información en formato wiki.

La captura de datos de Cataluña, para los dos módulos, es financiada por el DMAH de la Generalitat de Cataluña y es consultable en línea a través del Banco de Datos de Biodiversidad de Cataluña (<http://biodiver.bio.ub.es/biocat/homepage.html>).



8

Jueves 14 de julio
15:00 - 15:30

La importancia de los bancos de ADN en la Conservación. El Banco de ADN de la Flora Canaria.

Ruth Jaén Molina^{1*}, Águedo Marrero² y Juli Caujapé-Castells³

¹Departamento de Biodiversidad Molecular y Banco de ADN

²Herbario LPA; Jardín Botánico Canario "Viera y Clavijo"-Unidad Asociada CSIC (JBCVCSIC)

En el año 2004, la Asociación Ibero-Macaronésica de Jardines Botánicos (AIMJB) publicó un documento en el que se establecía el nuevo marco de referencia de los Jardines Botánicos como instituciones activas en la conservación de la Biodiversidad y en el conocimiento y gestión sostenible de la misma. Poco después, el JBCVCSIC creó el [Banco de ADN de la Flora Canaria](#) que, en la actualidad, cuenta con más de 7.000 muestras entre las que se encuentran elementos de los principales archipiélagos Macaronésicos (ca. 70% de la flora endémica de Canarias), además de numerosas especies de zonas geográficas que tienen vínculos florísticos con la actual flora endémica de Canarias. Aunque los bancos de ADN no son instrumentos de conservación directa (como pueden serlo los bancos de semillas), sí constituyen potentes catalizadores del conocimiento molecular sobre la Biodiversidad, lo que los convierte en herramientas importantes para el establecimiento de estrategias que ayuden a la conservación de la riqueza genética de las floras que representan. Muchas de las muestras de ADN residentes en nuestro banco han sido utilizadas dentro de numerosos proyectos de investigación liderados por nuestro propio centro, pero también en proyectos surgidos de colaboraciones con importantes instituciones científicas nacionales e internacionales. Todo ello refleja que el Banco de ADN de la Flora Canaria no es un almacén estático de muestras, sino un elemento dinamizador de la investigación pura y aplicada de la biodiversidad vegetal Macaronésica, habiéndose convertido en un referente para otros bancos de ADN que se están creando en Jardines Botánicos. El importante papel que juegan los bancos de ADN en la conservación de la biodiversidad y los beneficios asociados a su labor investigadora son incuestionables, como lo demuestra la creación de la Red Europea de bancos de ADN y tejidos.



9

Jueves 14 de julio
15:30 - 16:00

Flujo genético, adaptación, marcadores moleculares y conservación vegetal

Juan José Robledo Arnuncio

Dpto. de Ecología y Genética Forestal, Centro de Investigación Forestal (CIFOR)
Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria (INIA)

El flujo genético interacciona con la selección, la deriva y la arquitectura genética, pudiendo favorecer o dificultar la adaptación local de las poblaciones naturales. Su relevancia en conservación genética deriva de sus consecuencias evolutivas por un parte, y de su sensibilidad a las actividades humanas y susceptibilidad de ser gestionado por otra. En esta charla se revisan distintos conceptos de genética de poblaciones de interés en conservación genética aplicada, con especial énfasis en: (1) métodos para la evaluación del riesgo del flujo genético alóctono contemporáneo en plantas; y (2) métodos para estimar tasas de migración histórica y otros parámetros demográficos ancestrales y su interpretación práctica. Se realiza finalmente una reflexión crítica sobre las limitaciones de los marcadores moleculares en conservación genética y sobre la necesidad de una mayor presencia de la genética evolutiva de caracteres cuantitativos en los estudios y estrategias de conservación genética.



10

Jueves 14 de julio
16:00 - 16:30

El uso de herramientas de análisis genético a diversas escalas: desde el individuo hasta el paisaje vegetal y la flora regional

Abelardo Aparicio y Juan Arroyo

Departamento de Biología Vegetal y Ecología, Universidad de Sevilla

Hasta hace no mucho Biología de la Conservación y Genética eran ramas de la Biología que rara vez se cruzaban. Más recientemente, la necesidad de pasar de describir la Biodiversidad a analizar sus causas y predecir su futuro ha hecho que se necesiten herramientas de análisis cada vez más potentes. Dado que la Biología de la Conservación se dedica a explicar los mecanismos de la Biodiversidad para prevenir su deterioro, los procesos a estudiar son todos aquellos que afectan a la ecología y evolución de las poblaciones y linajes de plantas y organismos interactuantes. Por ello es difícil encontrar una disciplina más transversal que la Biología de la Conservación. En nuestro grupo de investigación "Ecología, Evolución y Conservación de Plantas Mediterráneas" llevamos a cabo una serie de estudios que pueden ilustrar bien distintos niveles en lo que se usan herramientas genéticas para dilucidar problemas directamente relacionados con la conservación: 1. Análisis de parentesco dentro de poblaciones para determinar el fitness individual o de tipos de individuos (*Narcissus*, *Myrtus*); 2. Estructura genética de poblaciones en gradientes geográficos (*Narcissus*); 3. Procesos de hibridación interespecífica (*Phlomis*, *Helianthemum*); 4. Estudios de evolución del rango geográfico de las especies (*Laurus*, *Myrtus*, *Linum*); 5. Estudio de las consecuencias genéticas de la fragmentación y de la estructura del paisaje (*Cistus*, *Myrtus*, *Pistacia*, *Quercus*); 6. Biología de la polinización y de la dispersión (*Pistacia*, *Myrtus*, *Narcissus*); 7. Estudios biogeográficos de linajes mediterráneos (*Narcissus*); 8. Evolución de rasgos fenotípicos en filogenias (*Narcissus*); 9. Uso de superfilogenias para dilucidar procesos biogeográficos al nivel de flora (la región del Estrecho de Gibraltar). Para estos fines usamos marcadores moleculares con diverso nivel de resolución: isoenzimas, secuencias nucleares y plastidiales, AFLP y microsatélites nucleares. Nuestro objetivo último es comprender cómo se ha generado la biodiversidad de nuestra flora, con especial atención a la mediterránea.



11

Jueves 14 de julio
16:30 - 17:00

Genética de la conservación de flora en hábitats fragmentados

Ana Juan y M^a Ángeles Alonso

Instituto de la Biodiversidad-CIBIO. Universidad de Alicante. Apdo. 99. 03080 Alicante.

Las poblaciones naturales de muchas especies vegetales están notablemente influidas por el aislamiento y la fragmentación de los hábitats donde se desarrollan sus especies. La propia fragmentación de los ecosistemas puede estar influyendo directamente en la comunicación o flujo genético entre las poblaciones. Consecuentemente, aquellas especies de amplia distribución no puedan mantener una población uniforme por interrupción del flujo genético entre los diferentes núcleos poblacionales creados, mientras que para las especies con una distribución reducida supone que ésta disminuya llegando a provocar su extinción. Así, la fragmentación de los hábitats conlleva una reducción de la viabilidad de cada una de las subpoblaciones identificadas, debido a la pérdida de variabilidad genética y a las fluctuaciones demográficas intrínsecas y ambientales. Cabe reseñar que muchos de los hábitats conocidos ya están fragmentados por sí mismos, como es el caso de las islas, roquedos verticales, dunas litorales, arenales continentales, saladares o los propios yesares. Muchas especies vegetales presentan sus poblaciones naturales ligadas a estos medios, y por tanto, la fragmentación forma parte de su evolución. No obstante, los efectos causados por la fragmentación pueden estar notablemente acrecentados por la acción antrópica. Las diversas acciones humanas sobre el medio natural estarían influyendo, entre otros factores, a las vías naturales de flujo genético, estructura espacial y diversidad genética. En el ámbito de la cuenca Mediterránea existen numerosas especies que cumplen todos los requisitos indicados, como es el caso, entre otras, de *Medicago citrina*, *Silene hifacensis*, *Juniperus oxycedrus* subsp. *macrocarpa*, *Linaria depauperata*, *Helianthemum caput-felis*, *Sarcocornia perennis* y *Ononis tridentata*. El uso de diversas herramientas moleculares, como los AFLP o marcadores plastidiales, ha permitido discernir la influencia de la fragmentación natural en sus poblaciones junto con la importancia que toma la biología reproductiva de cada uno de estos táxones.



12

Jueves 14 de julio
17:00 - 17:30

ARRLPs ("Amplified Ribosomal Repeats Length Polymorphisms") ¿Nuevos marcadores genéticos en plantas?

José A. Galián

Instituto Cavanilles de Biodiversidad y Biología Evolutiva, Jardí Botànic, Grupo de Biodiversidad y Evolución de Plantas, Universitat de Valencia, c/Quart 80, E-46008 Valencia

Son muchos los marcadores moleculares que se han usado y se usan actualmente en biología de plantas, y son muchos los estudios que se llevan a cabo con ellos, entre otros: mapas genéticos de especies, localización de marcadores ligados a genes de mayor interés, selección del genoma parental en programas de mejora vegetal, disección de caracteres cuantitativos y comparación de mapas entre taxones. Entre los más usados se encuentran aquellos basados en secuencias de ADN no conocidas (RFLPs, RAPDs, ISSRs y AFLPs), y aquellos basados en secuencias de ADN conocidas a priori (SSRs, CAPSs, SCARs y SNPs).

Como regla general, en los eucariotas los genes de ARN ribosomal 18S, 5.8S y 26S, forman parte de una única unidad transcripcional (45S), repetida en tándem dentro de un mismo locus desde unos cientos hasta miles de veces, y separadas unas de otras por regiones espaciadoras no codificantes (IGS). Hasta ahora, se conocía la existencia de diferencias en longitud de las unidades IGS-45S dentro de un mismo genoma, diferencias todas ellas debidas a diferencias en tamaño del espaciador, así como que una de las principales características de los IGSs es que contienen multitud de secuencias repetidas en número variable, y que dependiendo de ese número, para una misma especie, serán más o menos largos. Tras más de dos años de estudio del IGS ribosomal en numerosos y dispares taxones de plantas, hemos constatado que esas diferencias en longitud son mayores y más sutiles de lo que en un principio se sospechaba, suponiendo una enorme fuente de variabilidad genética hasta ahora no tenida en cuenta. Se discutirá la utilidad de estas secuencias repetidas dentro de los IGSs (Ribosomal Repeats) como posibles nuevos marcadores moleculares, su nivel de variabilidad intra- e interespecífica, su metodología, ventajas y desventajas, y en qué estudios podrían ser utilizados.



13

Viernes 15 de julio
9:00 - 9:30

Actuaciones para la conservación de la flora Amenazada en los Parques Nacionales Canarios

Ángel Bañares¹, Eduardo Carqué², Manuel V. Marrero² y Ángel Palomares³

¹Servicio de Biodiversidad, Gobierno de Canarias

²Parque Nacional del Teide

³Parque Nacional de la Caldera de Taburiente

Desde hace casi una treintena de años los Parques Nacionales de Canarias, a través de sus Planes Rectores de Uso y Gestión, han venido promoviendo la recuperación de diversas especies amenazadas. La realización de actuaciones que entrañaban riesgos para la conservación de las especies propició el desarrollo de estudios genéticos que junto a otras disciplinas enmarcadas en la Biología de la Conservación condujeron a una mejora en la gestión de las mismas.

Dichos estudios resultan del todo necesarios ya que garantizan un diagnóstico del estado de conservación de las especies y facilitan una correcta gestión de actuaciones de cara a la recuperación de las mismas a través de reintroducciones en el medio natural; asimismo, determinadas dudas taxonómicas con especies amenazadas han venido solventándose a través de estudios moleculares. Pero sin duda, el mayor protagonismo de estos estudios ha residido en los análisis de distribución de la variabilidad genética inter e intrapoblacional, ya que han interpretado el efecto y la magnitud de determinados factores de amenaza -en especial las importantes fragmentaciones producidas por el pastoreo y especies introducidas- a la vez que han propiciado un correcto diseño para la recolecta de semillas y manejo de ejemplares en las campañas de reintroducción.

Un total de nueve especies de los Parques Nacionales de Canarias han sido promovidas en estos estudios, de los cuales expondremos, de forma muy somera, cómo han sido gestionadas en base a los resultados moleculares. Entre ellos *Helianthemum juliae*, una especie particularmente sensible al cambio climático, escasamente representada en tres pequeñas entidades locales del Parque Nacional del Teide; *Bencomia exstipulata*, especie que al menos en Tenerife ha experimentado un singular fenómeno de cuello de botella por emplazamiento de coladas volcánicas; *Cistus osbeckiifolius*, una especie proveedora de altos niveles de variabilidad interpoblacional, posiblemente propiciada por fenómenos de fragmentación y deriva genética.



14

Viernes 15 de julio
9:30 - 10:00

Diversidad genética en especies endémicas apomícticas e insulares y las estrategias de conservación ex situ: ¿algo más que un asunto banal?

Josep A. Rosselló^{1,2}, M. Rosato¹ y R. Ibáñez¹

¹ Jardín Botánico, ICBI, Universidad de Valencia, c/Quart 80, E-46008, Valencia.

² Marimurtra Bot. Garden, Carl Faust Fdn., PO Box 112, E-17300 Blanes, Catalonia.

Las islas de la cuenca mediterránea pertenecen a uno de los puntos más especiosos ubicados dentro del conjunto del hotspot de diversidad Mediterráneo (en sentido lato) e incluye centenares de táxones endémicos que presentan una distribución restringida y se encuentran sometidos a diversos grados de amenazas. Una buena parte de esta riqueza florística está constituida por grupos con numerosos representantes poliploides y reproducción apomíctica (p.ej. *Hieracium*, *Limonium*, *Cotoneaster*). Las estrategias de conservación de las especies apomícticas se basan en planteamientos teóricos no suficientemente contrastados, en los cuales prevalece la idea de una nula o inexistente diversidad genética. En esta comunicación se presentan datos relativos al género *Limonium* en Baleares. En ella se cuestiona ciertas aproximaciones de conservación ex situ realizadas hasta ahora y se sugiere que los entes poliploides apomícticos son entes dinámicos en términos de diversidad nucleotídica y estructura del genoma. De igual modo se proporcionan datos que sugieren que el cultivo in vitro sin formación de callos en especies de *Limonium* amenazadas produce mutaciones estructurales del genoma al cabo de escasas generaciones. Estos datos apuntan a la necesidad de una nueva visión relativa a la conservación ex situ de la diversidad genética de las especies apomícticas.

Esta investigación ha sido parcialmente realizada con los fondos de los proyectos CGL2007-60550/BOS, CGL2010-22347-C02-01, y 2009 SGR 608.



15

Viernes 15 de julio
10:00 - 10:30

Información filogenética, datos genéticos y acciones de conservación. El caso de *Navaea phoenicea*.

Javier Fuertes Aguilar¹, Alejandro González Fernández de Castro¹,
Juan Carlos Moreno Saiz²

¹ Real Jardín Botánico-CSIC

² Universidad Autónoma de Madrid

El uso de criterios demográficos, autoecológicos y del efecto de los riesgos exógenos en la selección de especies amenazadas, en buena parte derivados del uso generalizado de las categorías de UICN, limita tanto las prioridades como las acciones dirigidas a la conservación de especies de plantas. La consideración del papel de las distintas especies en las redes del ecosistema y la incorporación del uso de datos genéticos y filogenéticos, que no se contemplan en la categorización de las especies amenazadas, ha cambiado nuestra visión a la hora de aplicar medidas de conservación. Hay tres puntos en la escala de toma de decisiones para la conservación donde los datos filogenéticos y genéticos resultan decisivos: 1) en la asignación de prioridades y enfoques como el denominado EDGE, que incorpora información filogenética, contribuye a crear una jerarquía y a discriminar aquellos táxones más relevantes desde el punto de vista evolutivo, una componente frecuentemente olvidada en conservación; 2) en la selección de germoplasma para su almacenamiento "ex situ", donde la caracterización genética de los progenitores puede determinar en gran medida la viabilidad e idoneidad de las semillas almacenadas; y 3) en las medidas de reintroducción y reforzamiento demográfico, donde decisiones como la población fuente condiciona en muchos casos el éxito de este tipo de medidas. Estos aspectos serán discutidos sobre la base de diversos casos de estudio, en particular el del endemismo canario *Navaea phoenicea* (Malvaceae).



16

Viernes 15 de julio
10:30 - 11:00

¿Cómo nos pueden ayudar los datos moleculares en la conservación de flora? El ejemplo de dos endemismos baleares.

Alberto del Hoyo¹ y Josep Antoni Rosselló^{2,3}

¹ Institut de Recerca de la Biodiversitat (IRBIO), Universidad de Barcelona. Av. Diagonal 645, 08028, Barcelona.

² Jardí Botànic, Universidad de Valencia, c/Quart 80, 46008 Valencia.

³ Jardí Botànic Marimurtra – Fundació Carl Faust. Paseo de Carles Faust 9, 17300 Blanes, Girona.

Los datos moleculares pueden ser una herramienta muy importante a la hora conocer una especie y establecer un plan de conservación, aunque muchas veces estos no son usados, bien por desconocimiento del gestor o bien por la falta de una aplicación práctica de estos. Por ello, en muchos casos se utilizan otros criterios, por ejemplo geográficos o ecológicos, que suelen ser más próximos al gestor pero no resultando siempre la mejor aproximación. Como ejemplo, este podría ser el caso de dos endemismos baleáricos: *Diplotaxis ibicensis* (Brassicaceae) y *Rhamnus ludovici-salvatoris* (Rhamnaceae). La primera de las dos especies se encuentra distribuida principalmente por el litoral de Ibiza y Cabrera, con algunas poblaciones en el SW de Mallorca y Cap de la Nao (Alicante). Un criterio muy extendido pero en muchos casos equivocado, sugiere hacer una recolección de semillas para su conservación en bancos de germoplasma que sea significativa de toda su área de distribución, con el objetivo de conservar casi toda la diversidad genética de la especie. Para *D. ibicensis* este criterio sería erróneo, ya que toda la diversidad genética encontrada se encuentra en Ibiza y Cabrera. En el caso de *Rhamnus ludovici-salvatoris*, esta especie se encuentra distribuida en diversos núcleos en Mallorca y una única población en Menorca. Los datos moleculares, nos han mostrado en algunas zonas la existencia de procesos de hibridación natural con *R. alaternus*, fenómeno a tener en cuenta en el momento de establecer un plan de conservación para esta especie y que siguiendo un criterio geográfico o ecológico se nos podría haber pasado por alto.



17

Viernes 15 de julio
11:30 - 12:00

Variación genética y conservación en Pinos ibéricos

R. Alía, J. Climent, S.C. Gonzalez-Martinez, I. Kovacevic, M. Heuertz y D. Grivet

Departamento de Sistemas y Recursos Forestales, CIFOR-INIA

Los pinos ibéricos (*P. sylvestris*, *P. uncinata*, *P. nigra*, *P. pinaster*, *P. halepensis* y *P. pinea*) constituyen un grupo heterogéneo en cuanto a sus hábitats, distribución y características de historia vital. Los estudios realizados para analizar su variación genética incluyen ensayos en ambiente común (vivero, invernadero, ensayos de campo), y análisis de la diversidad molecular y genómica. Los principales objetivos de la línea de investigación se relaciona con el estudio de los patrones de variación de distintos caracteres con posible valor adaptativo en las especies, y su relación con el ambiente original de las poblaciones (ej. crecimiento, discriminación isotópica, fenología del crecimiento). Es interesante el análisis de la heredabilidad de los caracteres, los niveles de variación genética existentes, así como los niveles de diferenciación entre poblaciones y la existencia de adaptación local. Aproximaciones como la genómica de poblaciones permite avanzar en la comprensión de los mecanismos moleculares de la adaptación de las poblaciones con vistas a programas de conservación genética de las especies.



18

Viernes 15 de julio
12:00 - 12:30

Expresión de la depresión endogámica bajo diferentes niveles de estrés

José M. Iriondo, Alfredo García y Adrián Escudero

Universidad Rey Juan Carlos, Madrid

Las poblaciones marginales son a menudo pequeñas y se encuentran sujetas a condiciones de estrés. En estas condiciones la endogamia puede jugar un papel importante sobre la viabilidad poblacional a través de la expresión de la depresión endogámica. Existen evidencias de que la intensidad de la depresión endogámica puede ser dependiente de las condiciones de estrés que experimentan las poblaciones, pero existen datos contradictorios sobre si las condiciones de estrés contribuyen a incrementar o a disminuir los niveles de depresión endogámica. En este contexto se estudiaron tres poblaciones de *Silene ciliata* con niveles semejantes de endogamia a lo largo de un gradiente altitudinal, considerando que las poblaciones más bajas se encuentran sometidas a condiciones de mayor estrés hídrico, el cual determina en gran medida la supervivencia de los individuos. Se llevaron a cabo estimaciones de eficacia biológica de la progenie obtenida a partir de autocruzamientos con respecto a la obtenida mediante polinización cruzada dentro y entre poblaciones, mediante experimentos de siembras *in situ*. En la mayoría de las variables analizadas los niveles de depresión endogámica fueron similares en las tres poblaciones, pero en el análisis de supervivencia de las plántulas la depresión endogámica solamente fue significativa en las poblaciones sujetas a mayor estrés hídrico. Los cruzamientos entre individuos de poblaciones distintas contribuyeron a incrementar la eficacia biológica lo cual sugiere que los beneficios de una reducción de la depresión endogámica fueron superiores a los posibles efectos deletéreos derivados de una interrupción de la adaptación local.



19

Viernes 15 de julio
12:30 - 13:00

Ecología, diversidad genética y filogeografía del endemismo ibérico *Jurinea pinnata* (Lag.) DC. (Compositae) sobre dos sustratos edáficos especiales: dolomías y yesos.

E. Salmerón-Sánchez¹; M.I. Martínez-Nieto¹; F. Martínez-Hernández¹; J.A. Garrido¹; A. J. Mendoza¹; C. Gil de Carrasco²; J.J. Ramos-Miras²; R. Lozano³; M.E. Merlo¹ y J.F. Mota¹.

¹ Dpto. Biología Vegetal y Ecología.

² Dpto. Edafología y Química Agrícola.

³ Dpto. Biología Aplicada. Universidad de Almería. E-04120-Almería.

Jurinea pinnata (Lag.) DC. es el único taxón de la flora ibérica que ha sido considerado tanto un gipsófito (planta restringida a los yesos) como un dolomitófito (planta restringida a las dolomías kakiritizadas). Su distribución se restringe a la Península Ibérica en la que ocupa tres áreas o territorios biogeográficos bien diferenciados. Así, ocupa las llanuras de la porción oriental del valle del Ebro y de la submeseta sur, la serranía de Ronda y los territorios de la Hoya de Baza y relieves montañosos circundantes (sierras de Baza, de los Filabres y María). Sólo en esta última unidad crece tanto sobre dolomías como sobre yesos, mientras que en las otras dos unidades o bien crece sobre dolomías (Ronda) o bien sobre yeso (llanuras del Ebro). Por lo tanto, se trata de una especie que crece en afloramientos de yeso de clima continental y en áreas de montaña. También se restringen a territorios de montaña sus dos congéneres ibéricos, *J. humilis* y el endemismo local *J. fontqueri* (Sierra de Mágina, Jaén), por lo que el género se ajusta bien al elemento corológico irano-turaniano que tan bien representado está en el mundo mediterráneo estépico y en algunas montañas. En todos los casos, sus poblaciones son disyuntas y fragmentadas, como corresponde a especies que crecen sobre rocas especiales que afloran a la superficie en forma de ventanas tectónicas o como depósitos sedimentarios. Este rasgo es incluso evidente en la zona de la Hoya de Baza aunque, en este caso, las poblaciones llegan a estar relativamente próximas.

De unas 300 especies valoradas por más de 50 expertos para elaborar por una parte la checklist de los gipsófitos ibéricos y por otra la checklist de los dolomitófitos béticos, sólo *Jurinea pinnata* resultó incluida en las dos listas. De hecho, aunque tanto los matorrales de dolomías kakiritizadas (brechoides) como los de yeso se incluyen en la clase *Rosmarinetea*, comparten muy pocas especies, y presentan cortejos florísticos propios que sirven para dar entidad a los órdenes *Gypsophiletalia* y *Convolvuletalia boissieri*.



20

Viernes 15 de julio
13:00 - 13:30

Biología reproductiva y diversidad genética en Canarias. Implicaciones en las políticas de conservación. Mitos y realidad empírica

Julia Pérez de Paz, Rosa Febles, Olga Fdez-Palacios y Magui Olangua

Dpto. de Biología Reproductiva y Micromorfología del Jardín Botánico Canario "Viera y Clavijo".

Desde una perspectiva poblacional que contempla el nivel de los organismos como únicos vehículos de la diversidad genética, se puede admitir que los sistemas reproductivos son los principales responsables de la generación de biodiversidad y estructuración poblacional. Desde esta perspectiva, el conocimiento de la biología de poblaciones se considera clave y de aplicación directa en la conservación de especies amenazadas, y mientras unos autores consideran el conocimiento genético como esencial, otros dudan de su eficacia para la supervivencia de especies a corto plazo, considerando a los factores reproductivos y demográficos de importancia dominante (Hamrick & Godt, 1996). La población natural, unidad de la especie, se identifica como recurso de supervivencia y potencial evolutivo, aunque se generaliza la idea que las especies con mayor distribución y grandes tallas poblacionales, ostentan mayor variabilidad genética y menor peligro de extinción que los endemismos restringidos, asociados a un menor polimorfismo genético y mayor riesgo, que se maximiza en los ecosistemas isleños (Frankham, 1997 y 2005).

En Canarias, testando recientemente la influencia de variables reproductivas en la diversidad aloenzimática (Pérez de Paz & Caujapé-Castell, 2010 y prep), se ha puesto de manifiesto que algunos endemismos restringidos y amenazados con poblaciones pequeñas, poseen niveles similares o mayores de variabilidad genética que congéneres más ampliamente distribuidos (*Limonium*, *Crambe*, *Parolinia*, *Lotus*..), sin embargo con éxito reproductivo mermado por la pérdida de individuos susceptibles de producir cruces fértiles (dimorfismo floral cob-pap de SSI-He en *Limonium dendroides* o alelos S de cualquiera de los SI homomorficos). Estas primeras evidencias refuerzan a Hamrick & Godt (1996) y Gitzendanner & Soltis (2000), poniendo de manifiesto en Canarias que los síndromes florales morfológicos y fisiológicos (influenciados por mecanismos genéticos inherentes a la filogenia de los taxones colonizadores) según sistemas sexuales y de auto-incompatibilidad, están configurando los sistemas de cruzamiento y diversidad genético-morfológica de la progenie. La diversidad aloenzimática en Canarias, también se ve afectada por el nº cromosómico, talla poblacional y factores ambientales geográficos (bióticos y abióticos). Con la debida precaución se podría decir que las especies canarias requieren de un conocimiento no solo genético sino también morfológico -reproductivo para una evaluación adecuada que debiera estar integrada en las bases científicas de sus estrategias de recuperación.



21

Viernes 15 de julio
15:00 - 15:30

Detección de líneas evolutivas amenazadas en *Jasione gr. crispa*. Cuando la complejidad taxonómica impide la toma de decisiones en conservación. Un caso práctico de intervención *in extremis*.

Miguel Serrano¹, Santiago Ortiz¹, Llorenç Sáez², María Luz González Caamaño³

¹ Departamento de Botánica. Universidade de Santiago de Compostela

² Departament de Biologia Animal, Biologia Vegetal i Ecologia. Universitat Autònoma de Barcelona.

³ Departamento de Fisiología Vexetal. Universidade de Santiago de Compostela

J. crispa s.l. es un complejo poliploide de poblaciones y microespecies de distribución principalmente orófila ibérica. La gran variabilidad que presenta parece resultado de procesos de colonización/fragmentación que han producido grupos de poblaciones, con frecuencia aisladas, diferenciadas desde el punto de vista morfológico y ecológico.

Aunque se ha constatado la reducción reciente de diversas poblaciones, sin que exista una causa directa conocida, sólo en muy contadas ocasiones se ha reconocido una categoría de protección legal a subtaxones del grupo *J. crispa*. La amplitud del grupo y su extrema complejidad taxonómica parecen haber impedido la detección de líneas evolutivas amenazadas merecedoras de esfuerzos para su conservación.

Se han estudiado 79 poblaciones a lo largo de todo el área de distribución de *J. crispa* s.l., empleando secuencias de cinco marcadores del ADN cloroplástico y ADNr nuclear. Se han identificado los niveles de ploidía de los individuos, mediante recuento cromosómico y citometría de flujo.

Resultados:

-Detección del grado singularidad/amenaza. Se ponderan diversos factores (singularidad haplotípica, ribotípica, del nivel de ploidía y envergadura poblacional) y se otorga una valoración a cada una de las poblaciones. Se ha comprobado la existencia de líneas evolutivas amenazadas, a veces merecedoras de una caracterización taxonómica independiente. Se establece una jerarquía para la toma de medidas.

- Intervención: El caso de Ports de Besseit (Tarragona). Albergan una población caracterizada morfológica, ecológica y molecularmente, que constituiría una entidad con endemidad estricta. Ha experimentado una reducción poblacional extrema y su viabilidad a corto plazo parece difícil. Tras la decisión de intervenir con urgencia, comenzamos a intentar establecer un protocolo de propagación *in vitro*.



22

Viernes 15 de julio
15:30 - 16:00

Análisis de la variabilidad genética, estructura poblacional y filogeográfica de *Convolvulus boissieri* Steud. (Convolvulaceae), dolomitófito Bético.

Esteban Salmerón-Sánchez, José Miguel Medina-Cazorla, Antonio Mendoza-Fernández, Fabián Martínez-Hernández, F.J. Pérez-García; Encarnación Merlo Calvente y Juan Francisco Mota Poveda

Dpto. de Biología Vegetal y Ecología, Universidad de Almería, 04120 Almería.

Convolvulus boissieri Steud. es un endemismo edáfico que se encuentra en la mayor parte de las Cordilleras Béticas, siempre asociado a afloramientos dolomíticos o calcodolomíticos de alta montaña. Esta especie, que figura en la Lista Roja de la flora vascular de Andalucía (en la categoría de Datos Insuficientes), también puede verse afectada por factores de riesgo atribuibles a los hábitats de dolomías, particularmente la explotación de canteras. Debido a la presencia discontinua de las dolomías en estas sierras, la distribución de la especie es disyunta. Ello, unido a que la mayor parte de las poblaciones cuentan con un bajo número de individuos, podría afectar al nivel diversidad genética de las mismas y a su viabilidad.

Para evaluar el estado actual de las poblaciones y realizar un estudio de los patrones filogeográficos, y así poder disponer de más información para el desarrollo de planes de conservación adecuados, recurrimos al uso de distintos marcadores moleculares. Por un lado usamos marcadores moleculares dominantes tipo AFLP, y por otro, secuencias de cloroplastos (no codificantes) y nucleares (ITS). Las matrices de datos fueron generadas a partir de 12 o 2 individuos (dependiendo de si fueron usados en AFLPs o secuencias), tomados de quince localidades distintas de las cordilleras Béticas. Para el análisis AFLP, la especie *C. linneatus* fue utilizada a modo de "outgroup". Para el análisis de secuencias, se usaron además, *C. compactus*, *C. arvensis*, *C. althaeoides* y secuencias correspondientes a otras especies del género *Convolvulus* disponibles en las bases de datos moleculares.

Los resultados preliminares muestran una baja diversidad genética intrapoblacional, una fuerte estructuración interpoblacional, y gran diferenciación en la especie, debida sobretudo a la existencia de dos grandes grupos de poblaciones separados por la cuenca del Guadiana Menor. El análisis de secuencias, además, revela que existió una expansión desde las localidades occidentales hacia las orientales, que posiblemente sufrieron de forma más drástica el efecto de las glaciaciones.



23

Viernes 15 de julio
16:00 - 16:30

Análisis de paternidad como herramienta de gestión en especies vegetales. Una población de *Abies pinsapo* como especie de estudio

José Manuel Sánchez Robles

Depto. Biología Vegetal y Ecología, Facultad de Biología, Universidad de Sevilla.

El pinsapo (*Abies pinsapo* Boiss.) es un abeto relictado del terciario, endémico de las montañas andaluzas de Cádiz y Málaga. Estudios llevados a cabo acerca de su biología de la reproducción ponen de manifiesto la baja capacidad de vuelo del polen de esta especie, así como evidencias que indican una alta tasa de autofecundación en poblaciones aisladas. Gracias al estudio de marcadores moleculares como son los microsatélites nucleares podemos profundizar en la comprensión del flujo génico. En una población modelo de *Abies pinsapo*, mediante el análisis de paternidad de la descendencia de diferentes árboles (árboles madre), estimamos niveles de autofecundación en distintas alturas del árbol así como el número de árboles reales que participaron en la polinización como donadores de polen (árboles padre). Se observó que fueron muy pocos los árboles padre y muy altos los niveles de autofecundación para los árboles madre. Se encontró mayor nivel de autofecundación en las zonas más bajas del árbol (piñones localizados en piñas a menor altura), disminuyendo este nivel de autofecundación a medida que nos acercamos a la copa, donde encontramos mayor número de piñones procedentes de fecundación cruzada. También se estudiaron diferentes aspectos acerca del éxito reproductor de estos árboles madre, relacionándose ambos resultados. De este estudio, podemos inferir, que son las piñas situadas en los niveles de mayor altura las más adecuadas para el manejo de esta especie.



24

Viernes 15 de julio
16:30 - 17:00

Los atributos de la biodiversidad como base para la conservación genética de la fanerógama marina *Cymodocea nodosa* en las Islas Canarias.

**Pablo Manent Sintés^{1,2}, Filipe Alberto², Juli Caujapé-Castells³, Ester Serrão²,
Nieves González Henríquez¹**

¹ Instituto Canario de Ciencias Marinas.

² Centro de Ciências do Mar, CIMAR-Laboratório asociado, Universidade do Algarve.

³ Jardín Botánico Canario "Viera y Clavijo". Unidad Asociada CSIC (Cabildo de Gran Canaria).

Diversas indicaciones muestran la necesidad de aplicar urgentes medidas de conservación a la fanerógama marina clonal *Cymodocea nodosa* en el archipiélago Canario: (i) es una especie clave y la única planta marina capaz de crear extensas praderas submarinas en los fondos sedimentarios litorales canarios con una importante biodiversidad asociada; (ii) desempeña multitud de funciones ecológicas fundamentales en la dinámica litoral marina; (iii) singularidad filogeográfica de la región canaria representada por el clúster con mayor divergencia genética el rango biogeográfico de la especie; (iv) los niveles de diversidad genotípica o clonal en esta región destacan el papel relevante de la reproducción sexual efectiva en el mantenimiento de sus poblaciones; (v) aumento de la presión antrópica en la franja costera, la fragmentación de sus poblaciones naturales y el vacío legal de protección en el archipiélago.

Así, pretendemos aplicar el conocimiento empírico sobre *C. nodosa* en las Islas Canarias a unas recomendaciones para su gestión y conservación genética, considerando los tres atributos genéticos fundamentales de la biodiversidad: composición (variación alélica), estructura (patrón genético) y función (flujo y deriva genética). Concretamente, se analizaron los niveles de variación, estructura y conectividad genética sobre diferentes escalas espaciales muestreando 26 praderas en 6 islas y utilizando 13 marcadores microsatélites. Los resultados sugirieron las unidades de conservación genética así como las praderas más influyentes en el mantenimiento tanto de la diversidad genética como de los procesos evolutivos en el archipiélago.

Además, los niveles de variación genética detectada en 8 marcadores microsatélites sobre los individuos parentales y su descendencia muestreados en una parcela de 3500 m² permitieron comparar las semillas con la población adulta y evaluar el uso de las primeras como fuente de variación genética en programas de restauración genética.