

Dispersión polínica y estructura genética del pinsapo (*Abies pinsapo* Boiss.), abeto relicto y endemismo de las Sierras Béticas Andaluzas

Resumen

Con esta tesis doctoral se intenta cubrir una laguna importante en el conocimiento de la identidad y diversidad genética de uno de los árboles más notable de Andalucía: *Abies pinsapo* Boiss. Este abeto es un relicto del Terciario y es endémico de las Sierras Occidentales de la Cordillera Bética, con tres núcleos poblacionales: uno en la Serranía de Grazalema (con unas 400 ha), en la provincia de Cádiz, y los otros dos en la provincia de Málaga, uno en la Serranía de Ronda (con cerca de 1.000 ha) y el otro en los Reales de Sierra Bermeja de Estepona, con unas 150 ha.

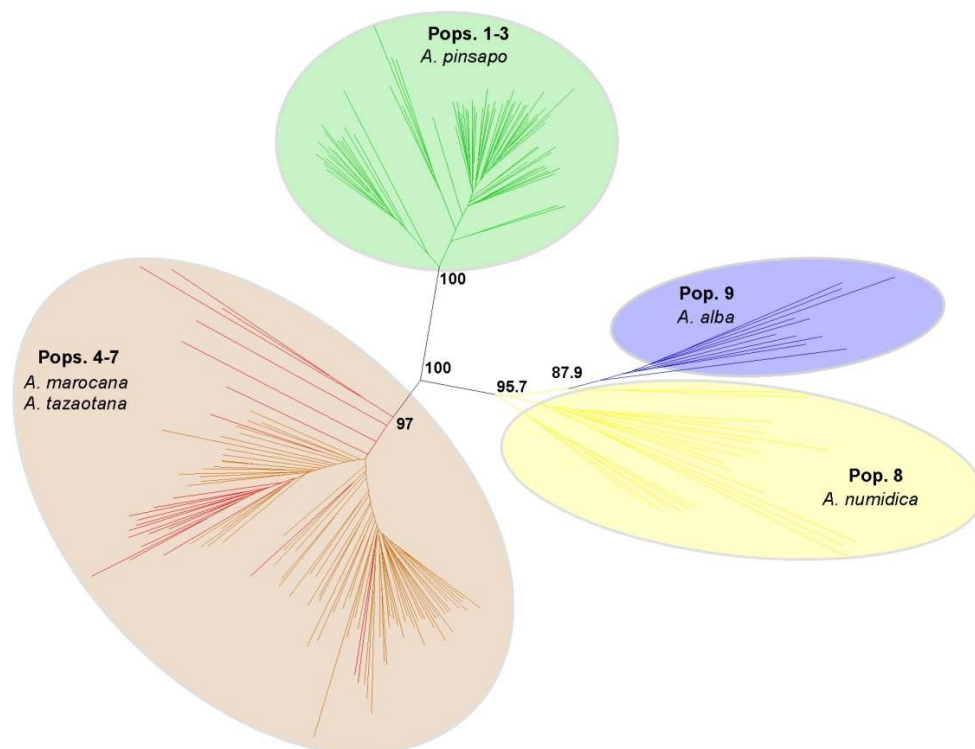
Los marcadores moleculares nucleares (AFLPs) y cloroplásticos (cpSSRs) han revelado que *A. pinsapo* es una especie muy bien definida genéticamente y diferenciada de las demás especies que componen la sección a la cual pertenece (sección *Piceaster*), manteniéndose separada genéticamente de los abetos marroquíes (*Abies marocana* y *Abies tazaotana*), probablemente desde la apertura del Estrecho de Gibraltar (hace 5,3 Ma aproximadamente). También encontramos diferencias entre esta especie y *Abies alba*, especie perteneciente a la otra sección de abetos presente en el Mediterráneo (sección *Abies*); no obstante, ambas especies han podido tener contacto genético durante el Plio-Pleistoceno, probablemente propiciado por expansiones en su rango de distribución, debidas a las oscilaciones climáticas que han acontecido en este período.

Los árboles estudiados en una población concreta de *A. pinsapo* mediante marcadores nucleares (nSSRs) presentaron un efecto de su arquitectura en el patrón de fecundación, siendo los conos femeninos de la parte baja del árbol (más cercanos a los conos masculinos) los que presentaron mayor porcentaje de semillas de origen autógeno en comparación con los situados en la parte superior del árbol, predominantemente de origen xenógeno. Se encontró una alta tasa de germinación, y una relación positiva entre el peso de las semillas y el vigor de la plántula emergente. No obstante, estas variables no mostraron ningún patrón de variación dependiente de su origen en el árbol. Por otra parte, en esta población se halló una muy corta distancia media de polinización efectiva (entre los 113 y 227 m), indicando que la dispersión

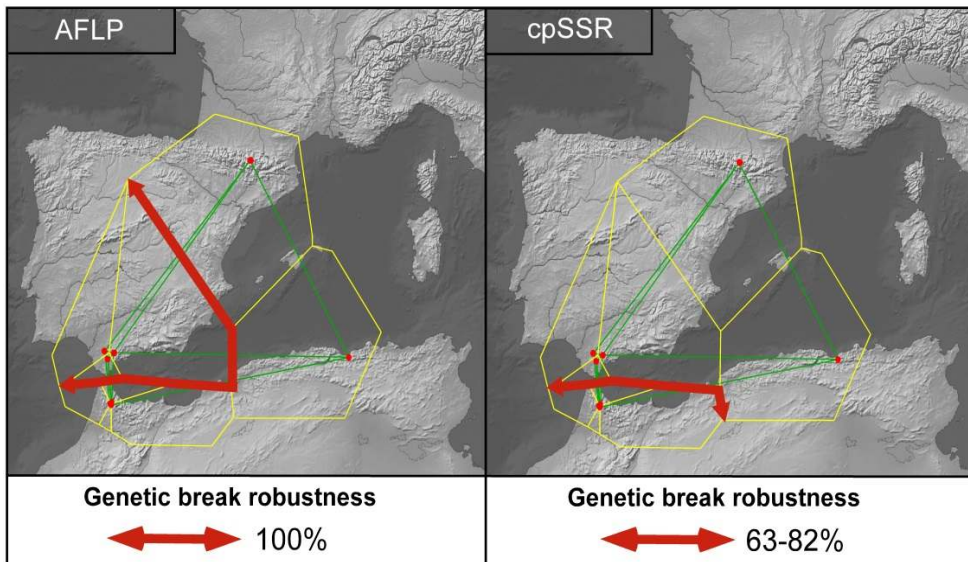
polínica podría ser restringida para esta especie; en cualquier caso, la posibilidad de eventos esporádicos de fecundación a larga distancia no es descartable.

El estudio de la diversidad genética de los pinsapares andaluces con marcadores nucleares (nSSRs) y cloroplásticos (cpSSRs) ha revelado que no existe una estructura genética fuerte, lo que podría indicar que las tres masas boscosas actuales eran un bosque más o menos continuo hace relativamente poco tiempo. Posiblemente la actividad humana desde el Paleolítico, así como los numerosos incendios ocurridos en el sur de España, han originado la fragmentación actual que presentan los pinsapares de Andalucía. También estos marcadores han revelado que en cada una de las sierras existen masas boscosas depauperadas genéticamente, efecto debido principalmente a aislamientos que han permitido a la deriva genética actuar con más fuerza.

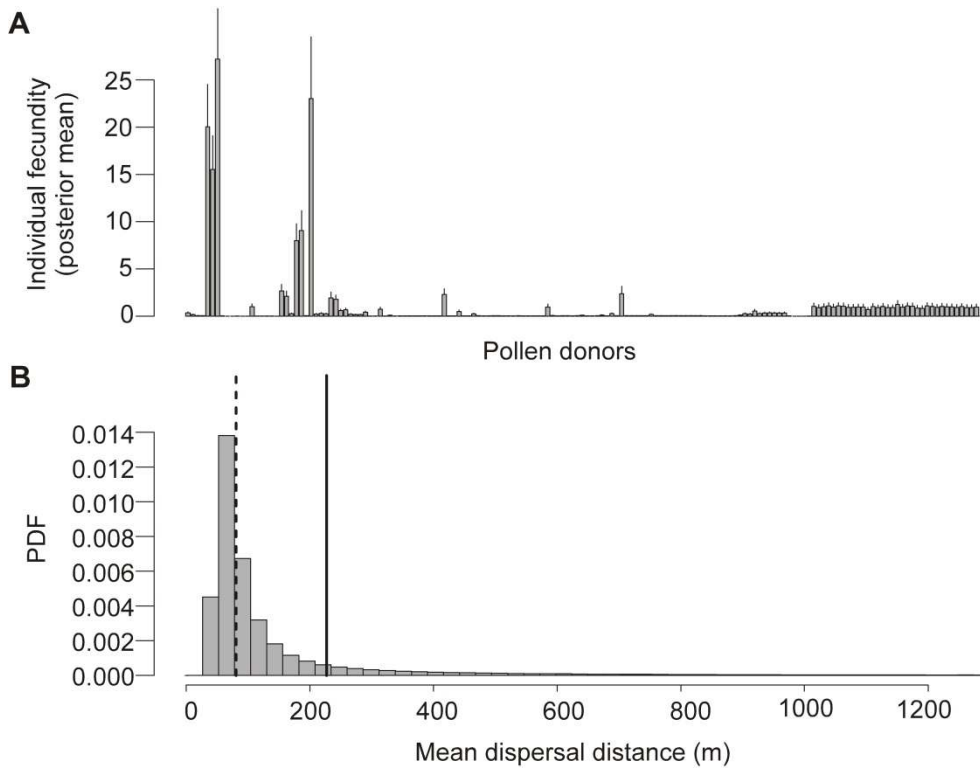
Figuras



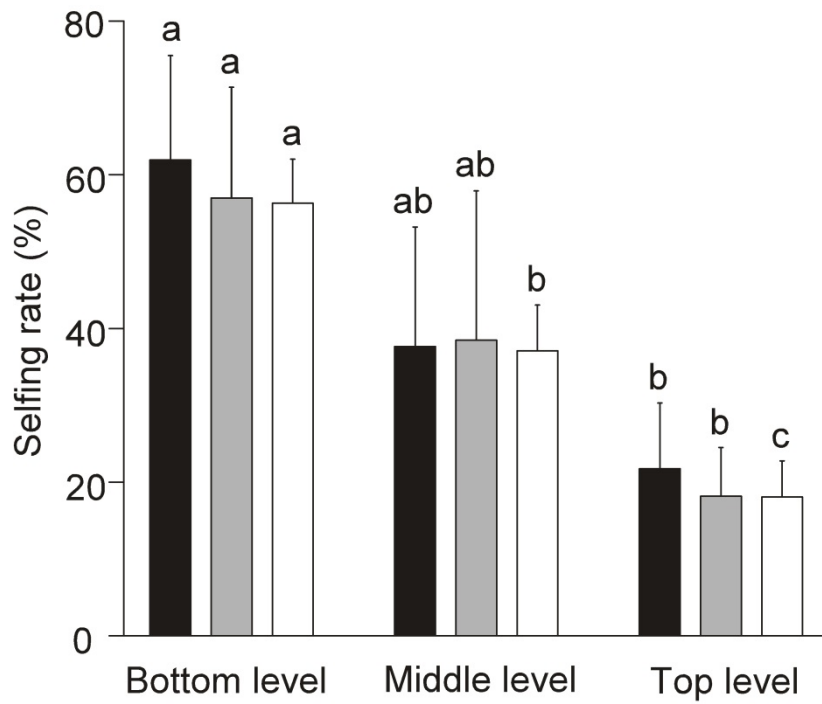
Neighbour-joining tree based on Nei-Li distances for AFLP markers in nine *Abies* populations. Numbers alongside branches indicate the bootstrap support.



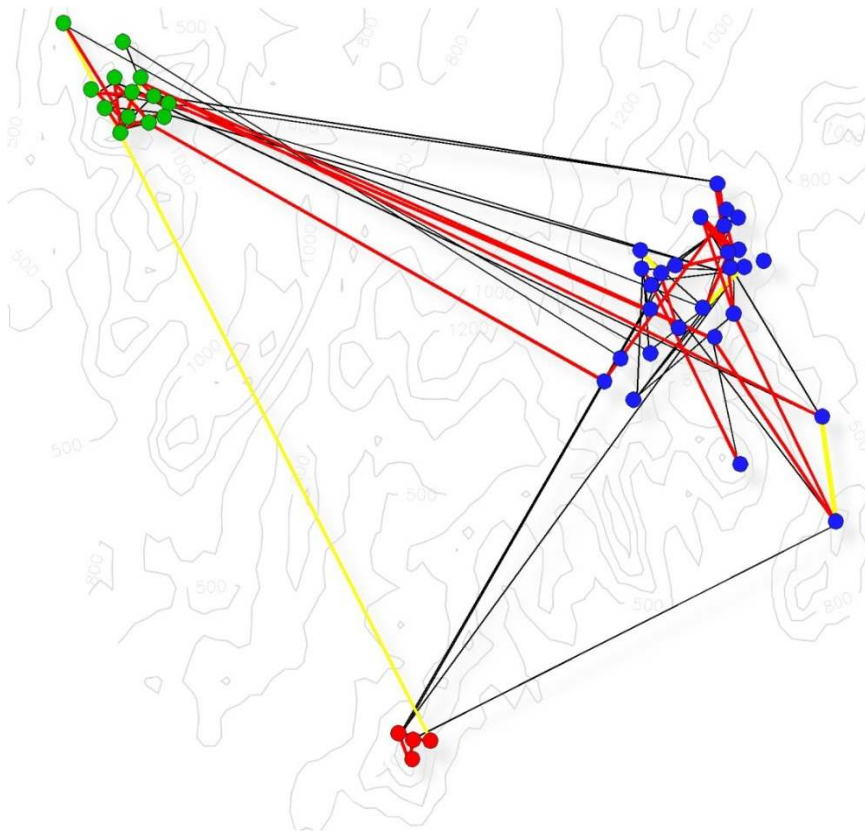
Genetic discontinuity found by Monmonier's maximum-difference algorithm for the nine *Abies* populations studied by AFLP and cpSSR marker. Bootstraps supports are indicated for each genetic barrier.



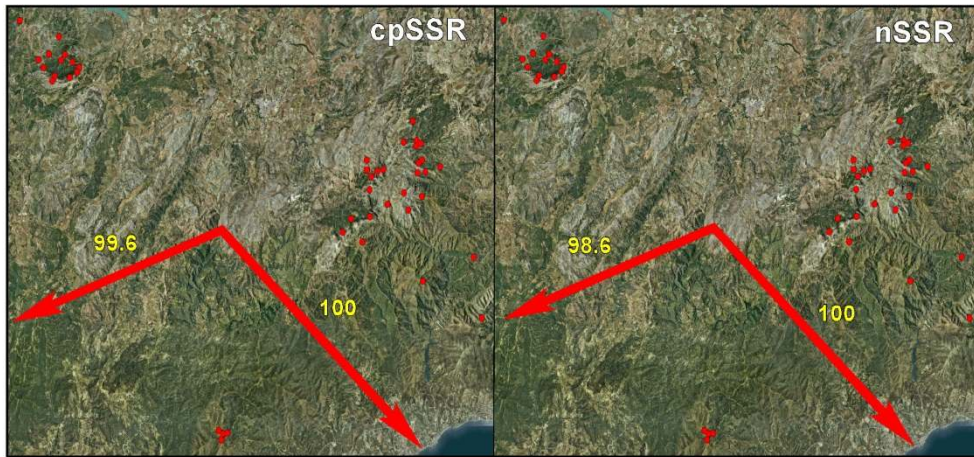
(A) Individual relative fecundities of the 162 pollen donors. **(B)** Posterior distribution for the mean pollen dispersal distance (PDF). The median and mean values are shown with a black vertical line and a dotted line, respectively. Values were estimated using Klein's Mixed Effect Mating Model.



Proportion of selfing (average and 95% CI upper limits) found for the different height levels of the mother tree (bottom, middle and top) taking into account three approaches: CERVUS (black bars), MLTR (gray bars) and MEMM (white bars).



Red de covarianza genética (Grafo) de ambos marcadores combinados indicando las covariaciones genéticas significativas (enlaces) entre los 44 núcleos poblacionales (nodos). Las líneas indican conexiones a un nivel de significación de 0.05 (negras, rojas y amarillas), 0.015 (amarillas y rojas) y 0.01 (rojas).



Discontinuidades genéticas encontradas por el algoritmo de máxima diferenciación de Monmonier entre las diferentes sierras. El soporte *bootstrap* es mostrado para las diferentes barreras genéticas.