

RESUM



6. Resum

La diversitat genètica és un dels tres nivells que componen la Biodiversitat (juntament amb la diversitat d'espècies i la diversitat d'ecosistemes), i té implicacions molt directes pel que fa a la capacitat evolutiva dels organismes i la seva supervivència. El seu coneixement, per tant, és un dels aspectes bàsics que s'aborden en la Biologia de la Conservació. La conca Mediterrània és una de les àrees del planeta més riques pel que fa a biodiversitat vegetal, però alhora també és una de les regions on l'impacte de les activitats humanes està afectant més negativament al medi ambient. El coneixement dels nivells de diversitat genètica en els vegetals i dels efectes que comporten les activitats humanes sobre aquesta variabilitat, és un camp encara poc estudiat. El plantejament d'aquest treball és l'aprofundiment en el coneixement de la caracterització de la diversitat genètica de les espècies vegetals, en especial d'aquelles que són endèmiques d'un determinat territori i/o de les que es troben en una situació d'amenaça, per tal de discernir possibles patrons o pautes de variabilitat genètica i les seves possibles aplicacions en gestió i conservació de recursos naturals.

S'han seleccionat una sèrie de tàxons vegetals –la majoria endèmics de la Mediterrània Occidental– representatius de diferents processos i situacions: endèmics d'àrea molt restringida (*Seseli farrenyi*, *Silene sennenii*), d'àmplia distribució però en procés de rarificació progressiu (*Stachys maritima*), diploides i poliploides (*Thymus loscosii*, *Delphinium montanum*), exclusivament insulars (*Delphinium pentagynum* subsp. *formenteratum*), i d'hàbitat molt específic, com ara les roques calcàries (*Erodium rupestre*, *Petrocoptis montsicciana*, *P. pardoi*). De cada tàxon, hem seleccionat una sèrie de poblacions que, un cop mostrejades, s'han sotmès a electroforesi d'isoenzims (en gels de midó) per tal de determinar els nivells de variabilitat genètica i la seva distribució (intra- i inter-poblacional). En total, s'han analitzat al voltant de 2.000 individus corresponents a 41 poblacions naturals, i s'han assajat fins a 28 enzims diferents.

Els nivells de diversitat genètica obtinguts han estat força variables: des de valors elevadíssims, com és el cas de *Seseli farrenyi* ($P = 83,30\%$, $A = 3,00$, $H_e = 0,297$) o per al tetraploide *Thymus loscosii* ($P = 85,00\%$, $A = 3,00$, $H_e = 0,422$), fins a nivells extremadament petits, com ara els obtinguts per a *Stachys maritima* ($P = 14,00\%$, $A = 1,16$, $H_e = 0,066$) i per a *Erodium rupestre* ($P = 7,10\%$, $A = 1,07$, $H_e = 0,025$). De la mateixa manera, la distribució de la diversitat entre poblacions també ha resultat ésser força variable: des de casos on pràcticament les poblacions són genèticament idèntiques entre sí, com ara *Thymus loscosii* ($G_{ST} = 0,033$), fins a casos on la divergència entre poblacions arriba a valors propers al 40%, com són els casos de *Petrocoptis montsicciana* ($G_{ST} = 0,376$), *P. pardoi* ($G_{ST} = 0,354$) o *Erodium rupestre* ($F_{ST} = 0,372$). Per a la majoria de casos, les poblacions presenten dèficits significatius d'heterozigots, causats habitualment per subdivisions de les poblacions en veïnatges genètics (autogàmia biparental o geitonogàmia) resultat d'una limitada dispersió de pol·len i granes.

Quan unim les nostres dades amb les de la resta dels tàxons vegetals estudiats electroforèticament dels Països Catalans, obtenim globalment uns nivells relativament elevats de diversitat genètica ($P = 26,70\%$, $A = 1,44$, $H_e = 0,118$), interpretables, entre d'altres raons, pel paper jugat per les nostres contrades com a refugi de flora durant les glaciacions del Pleistocè. No obstant, la fragmentació dels hàbitats naturals mediterranis pot conduir a una davallada d'aquesta variabilitat, i pot ésser la responsable, almenys en part, de l'alta taxa d'al·lels rars per població detectada per als diferents tàxons vegetals catalans (prop del 6%) i dels elevats nivells de consanguinitat dins de les poblacions. Les espècies vegetals dels Països Catalans estudiades fins a l'actualitat també es caracteritzen perquè presenten una elevada divergència genètica

entre les poblacions (mitjana de $F_{ST} = 0,224$), que pot explicar-se per raons històriques (aïllament dels nuclis poblacionals des de les glaciacions del Quaternari) i per la gran diversitat climàtica i topogràfica d'aquesta regió, però també per la fragmentació dels seus hàbitats naturals.

Finalment, es revisa l'estat de conservació de cada un dels 9 tàxons analitzats electroforèticament i se'ls hi assigna la categoria d'amenaça segons els darrers criteris de la UICN del 2001. D'aquests, sis cal llistar-los dins d'alguna de les categories d'amenaça (CR, EN o VU), mentre que la resta no pateixen cap amenaça seriosa que posi en compromís la seva supervivència. Per a la majoria dels tàxons estudiats, es proposa la creació de micro-reserves botàniques per a determinades poblacions (les de major significació genètica i/o ecològica), el seguiment regular de les poblacions i la recol·lecció de granes per al seu emmagatzemament en bancs de germoplasma (amb selecció de poblacions i nombre d'individus derivats de l'anàlisi genètica prèvia). Finalment, per a aquelles espècies que sofreixen un major grau d'amenaça, es suggereix la seva inclusió dins els catàlegs legals d'espècies protegides.

Resumen

La diversidad genética es uno de los tres niveles de que se compone la Biodiversidad (junto con la diversidad de especies y la diversidad de ecosistemas), y tiene implicaciones directas sobre la capacidad evolutiva de los organismos y su supervivencia. Su conocimiento, por tanto, es uno de los aspectos básicos que se abordan en Biología de la Conservación. La cuenca Mediterránea es una de las áreas del planeta más ricas en lo que se refiere a biodiversidad vegetal pero a la vez una de las regiones donde el impacto de las actividades humanas ha afectado de forma más negativa al medio ambiente. El conocimiento de los niveles de diversidad genética en las plantas y los efectos que tienen las actividades humanas sobre esta variabilidad constituyen un campo escasamente estudiado. El planteamiento de este trabajo es el avance en la caracterización de la diversidad genética de las especies vegetales, en especial de aquellas que son endémicas de una determinada área y/o las que se encuentran bajo algún tipo de amenaza, con el objetivo de discernir posibles patrones o pautas de variabilidad genética y sus posibles aplicaciones en gestión y conservación de recursos naturales.

Se han seleccionado un conjunto de taxones vegetales –la mayoría endémicos del Mediterráneo Occidental- representativos de diferentes procesos y situaciones: endémicos de área restringida (*Seseli farrenyi*, *Silene sennenii*), de amplia distribución pero bajo un proceso de rarificación progresivo (*Stachys maritima*), diploides y poliploides (*Thymus loscosii*, *Delphinium montanum*), de distribución exclusivamente insular (*Delphinium pentagynum* subsp. *formenterianum*) y de hábitat altamente específico, como por ejemplo los roquedos calizos (*Erodium rupestre*, *Petrocoptis montsiciana*, *P. pardoii*). De cada uno de los taxones, se han seleccionado un conjunto de poblaciones que, una vez muestreadas, se han sometido a electroforesis de isoenzimas (en geles de almidón) para la determinación de los niveles de variabilidad genética y su distribución (intra- e inter-poblacional). En total, se han analizado alrededor de 2.000 individuos correspondientes a 41 poblaciones naturales, y se han ensayado un total de 28 enzimas diferentes.

Los niveles de diversidad genética obtenidos han sido altamente variables: desde valores muy elevados, como en el caso de *Seseli farrenyi* ($P = 83,30\%$, $A = 3,00$, $H_e = 0,297$) o en la especie tetraploide *Thymus loscosii* ($P = 85,00\%$, $A = 3,00$, $H_e = 0,422$), hasta valores extremadamente pequeños, como por ejemplo los obtenidos en *Stachys maritima* ($P = 14,00\%$, $A = 1,16$, $H_e = 0,066$) y *Erodium rupestre* ($P = 7,10\%$, $A = 1,07$, $H_e = 0,025$). Asimismo, la distribución de la diversidad entre poblaciones ha resultado también ser muy variable: nos encontramos con casos donde las poblaciones prácticamente son idénticas desde el punto de vista genético, como por ejemplo *Thymus loscosii* ($G_{ST} = 0,033$), pero también con otros donde la divergencia entre poblaciones llega a valores cercanos al 40%, por ejemplo *Petrocoptis montsiciana* ($G_{ST} = 0,376$), *P. pardoii* ($G_{ST} = 0,354$) o *Erodium rupestre* ($F_{ST} = 0,372$). En la mayoría de casos, las poblaciones presentan déficits significativos de heterocigotos, ocasionados muy a menudo por subdivisiones de las poblaciones en vecindarios genéticos (autogamia biparental o geitonogamia) resultado de una limitada dispersión de polen y semillas.

Cuando unimos nuestros datos con el resto de taxones vegetales estudiados electroforéticamente de los Països Catalans, obtenemos, en conjunto, unos niveles relativamente elevados de diversidad genética ($P = 26,70\%$, $A = 1,44$, $H_e = 0,118$), que puede interpretarse, entre muchas otras razones, por el papel jugado por esta región como refugio de flora durante las glaciaciones pleistocénicas. Sin embargo, la fragmentación de los hábitats naturales

mediterràneos puede conducir a una pérdida de esta variabilidad, pudiendo ser la responsable – al menos en parte- de la elevada tasa de alelos raros por población detectada en los diferentes taxones vegetales catalanes (alrededor del 6%) y de los importantes niveles de consanguinidad dentro de las poblaciones. Las especies de vegetales de los Països Catalans estudiadas hasta el momento también se caracterizan por una elevada divergencia genética entre poblaciones (media de $F_{ST} = 0,224$), hecho que puede explicarse por razones históricas (aislamiento de los núcleos poblacionales desde las glaciaciones del Cuaternario) y por la gran diversidad climática y topográfica de esta región, pero también por la fragmentación de sus hábitats naturales.

En último lugar, se revisa el estado de conservación de cada uno de los 9 taxones analizados electroforéticamente y se les asigna la categoría de amenaza según los criterios más recientes de la UICN del 2001. De éstos, 6 deberían listarse dentro de alguna de las categorías de amenaza (CR, EN ó VU), mientras que el resto no padece ninguna amenaza que comprometa su supervivencia. Para la mayoría de los taxones estudiados, se propone la creación de microrreservas botánicas para determinadas poblaciones (las de mayor significación genética y/o ecológica), el seguimiento regular de las poblaciones y la recolección de semillas para su almacenamiento en bancos de germoplasma (con selección de poblaciones y número de individuos derivados del análisis genético previo). Por último, se propone la inclusión de aquellas poblaciones que sufren un mayor grado de amenaza en los catálogos legales de especies protegidas.

Abstract

Genetic diversity is one of the three levels of Biodiversity (in addition to species and ecosystem diversity), and it has direct implications on the evolutionary capability of organisms and their survival. Its knowledge is, therefore, one of the main concerns of Conservation Biology. The Mediterranean basin is one of the Earth's richest areas in plant biodiversity, although it is also one of the regions where the human activities has extensively degraded the natural environment. The knowledge of levels of genetic diversity in plants and the effects of human activities on this variability is still poorly studied. The aim of this work is to advance in the characterization of genetic diversity of plants, specially those endemic and/or threatened, in order to ascertain patterns of genetic variability and their implications on management and conservation of natural resources.

A series of plant taxa, mainly endemic to Western Mediterranean basin and representing several processes and situations, have been selected: some are narrow endemics (*Seseli farrenyi*, *Silene sennenii*), others are widespread but currently suffering from a rarefaction process (*Stachys maritima*), some are polyploid (*Thymus loscosii*, *Delphinium montanum*), island endemics (*Delphinium pentagynum* subsp. *formenterianum*), or they grow in a very specialized habitat, e.g. limestone (*Erodium rupestre*, *Petrocoptis montsiciana*, *P. pardoii*). From each taxon, a series of populations have been selected, sampled and subjected to allozyme electrophoresis (on starch gels) in order to determine the levels of genetic variation and its distribution (within and among populations). Summarizing, about 2.000 individuals belonging to 41 populations have been analyzed, and up to 28 enzyme systems have been assayed.

Levels of genetic diversity for the surveyed taxa are rather variable, ranging from extremely high values, e.g. *Seseli farrenyi* ($P = 83,30\%$, $A = 3,00$, $H_e = 0,297$) or the tetraploid *Thymus loscosii* ($P = 85,00\%$, $A = 3,00$, $H_e = 0,422$) to very scarce ones, e.g. *Stachys maritima* ($P = 14,00\%$, $A = 1,16$, $H_e = 0,066$) and *Erodium rupestre* ($P = 7,10\%$, $A = 1,07$, $H_e = 0,025$). The distribution of genetic variation also shows a great dispersion of values: there are some taxa with their populations nearly identical –from a genetical point of view– such as *Thymus loscosii* ($G_{ST} = 0,033$), but also some taxa with their populations showing divergences of nearly 40%, e.g. *Petrocoptis montsiciana* ($G_{ST} = 0,376$), *P. pardoii* ($G_{ST} = 0,354$) and *Erodium rupestre* ($F_{ST} = 0,372$). Most populations exhibit significant deficits of heterozigotes, because of their subdivision in genetic neighborhoods (biparental autogamy or geitonogamy), which results from a limited pollen and/or seed dispersal.

If we combine our data with those of other electrophoretically surveyed plant taxa in the Catalan Countries, relatively high levels of genetic diversity are globally obtained ($P = 26,70\%$, $A = 1,44$, $H_e = 0,118$), due, among other reasons, to the role of glacial refugia played by this region. However, fragmentation of mediterranean habitats may lead to a decrease of that variability and it is the responsible, at least partly, of the high levels of rare alleles per population found in the Catalan plant taxa (around 6%) and the significant inbreeding within populations. The studied plant taxa of the Catalan Countries also show a high genetic divergence among their populations (mean $F_{ST} = 0,224$) due to historical reasons (isolation of populations since the Quaternary glaciations), to the wide array of climatic and topographic features of this region, but also to the habitat fragmentation.

The conservation status of each of the 9 electrophoretically analyzed taxa is widely revised, assigning the threat category which best fits following the most recent criteria of IUCN of

2001. Of these, 6 taxa should be listed within one of the threat categories (CR, EN or VU), whereas the remaining ones do not suffer from a significant menace which may compromise their survival. For most of the studied taxa, we suggest the establishment of botanical micro-reserves for selected populations (those with major genetic and/or ecologic significance), the monitoring of populations and the collection of seeds for its long-term storage in germplasm banks (with the selection of number of individuals and populations based on the previous genetic data). Finally, we also recommend the inclusion of the most endangered taxa in the lists and catalogues of protected species.