

Variabilidad genética de *Taxus baccata* L. en el Mediterráneo occidental: el papel de los procesos históricos y de la fragmentación del paisaje

MARIA MAYOL*, MARTA DUBREUIL*, SANTIAGO C. GONZÁLEZ-MARTÍNEZ**, FEDERICO SEBASTIANI***, GIOVANNI G. VENDRAMIN**** & MIQUEL RIBA**

*CREAF (Centre de Recerca Ecològica i Aplicacions Forestals), Universitat Autònoma de Barcelona, E-08193 Bellaterra. Maria.Mayol@uab.cat, m.dubreuil@creaf.uab.cat, Miquel.Riba@uab.cat

**CIFOR-INIA (Centro de Investigación Forestal), Carretera de La Coruña km 7.5, E-28040 Madrid. santiago@inia.es

***Department of Agricultural Biotechnology, GenExpress, University of Florence, Via della Lastruccia 14/16, 50019 Sesto Fiorentino, Florence. federico.sebastiani@unifi.it

****Plant Genetics Institute, National Research Council, Via Madonna del Piano 10, 50019 Sesto Fiorentino, Florence giovanni.vendramin@igv.cnr.it

RESUMEN

Las estrategias de gestión a largo plazo para la conservación de las poblaciones de tejo exigen la evaluación de los recursos genéticos existentes a diferentes escalas espaciales. Por tanto, resulta fundamental incrementar el conocimiento sobre la organización espacial de la variabilidad genética en esta especie, así como el flujo génico existente, y su relación con el grado de fragmentación y/o aislamiento de muchas de sus poblaciones. Por todo ello, nuestro equipo ha desarrollado 7 *loci* microsatélite específicos para tejo con el fin de investigar la estructura genética de esta especie, a diferentes escalas espaciales. En esta comunicación se presentan los resultados obtenidos hasta el momento para las poblaciones ubicadas en el Mediterráneo occidental, y se discute el papel de la compleja historia paleogeográfica y paleoclimática de esta región en la distribución actual de la diversidad genética. Por último, se espera que la difusión de estos resultados contribuya a facilitar el desarrollo de programas de gestión y conservación adecuados para la especie.

PALABRAS CLAVE: *Taxus baccata*, Mediterráneo occidental, estructura y diversidad genética.

RESUM

Les estratègies de gestió a llarg termini per a la conservació de les poblacions de teix exigeixen l'avaluació dels recursos genètics existents a diferents escales espacials. Per tant, resulta fonamental incrementar el coneixement sobre l'organització espacial de la variabilitat genètica en aquesta espècie, així com el flux gènic existent, i la seva relació amb el grau de fragmentació i/o aïllament de moltes de les seves poblacions. Per tot això, el nostre equip ha

desenvolupat 7 *loci* microsatèl·lit específics per a teix a fi d'investigar l'estructura genètica d'aquesta espècie, a diferents escales espacials. En aquesta comunicació es presenten els resultats obtinguts fins al moment per a les poblacions ubicades al Mediterrani occidental, i es discuteix el paper de la complexa història paleogeogràfica i paleoclimàtica d'aquesta regió en la distribució actual de la diversitat genètica. Finalment, s'espera que la difusió d'aquests resultats contribueixi a facilitar el desenvolupament de programes de gestió i conservació adequats per a l'espècie.

PARAULES CLAU: *Taxus baccata*, Mediterrani occidental, estructura i diversitat genètica.

ABSTRACT

Long-term management strategies for conservation of yew populations require the assessment of the distribution of genetic resources at different spatial scales. Therefore, knowledge is needed about the spatial organization of its genetic variation, as well as about gene flow and their relationship with fragmentation and/or isolation in this species. We have developed 7 specific microsatellite *loci* for *Taxus baccata* in order to investigate the genetic structure of this species at different spatial scales. In this communication we present the results obtained so far for the populations located in the western Mediterranean. We discuss the role of the complex paleogeographic and paleoclimatic history of the region in the current distribution of genetic diversity. Finally, it is expected that these results will help in designing appropriate management strategies for its conservation.

KEY WORDS: *Taxus baccata*, western Mediterranean, genetic diversity and structure.

INTRODUCCIÓN

El conocimiento de la Biodiversidad y el desarrollo de planes estratégicos para su uso sostenible, en especial por lo que se refiere a especies y hábitats singulares, es una de las prioridades en las políticas de Investigación y Desarrollo Nacionales e Internacionales. En este contexto, el estudio de la diversidad genética y el análisis de los factores y procesos históricos, evolutivos y ecológicos que la condicionan contribuyen a establecer las políticas de uso y gestión más apropiadas para la conservación. Las estrategias de gestión a largo plazo para la conservación de las poblaciones de tejo exigen la evaluación de los recursos genéticos existentes a diferentes escalas espaciales. Por tanto, resulta fundamental incrementar el conocimiento sobre la organización espacial de la variabilidad genética en esta especie, así como el flujo génico existente, y su relación con el grado de fragmentación y/o aislamiento de muchas de sus poblaciones. Los estudios realizados hasta el momento son escasos (LEWANDOWSKI *et al.*, 1995; COLLINS *et al.*, 2003; HILFIKER *et al.*, 2004a, b), y no han incluido ninguna de las poblaciones ubicadas en el área mediterránea. Por todo ello, nuestro equipo ha desarrollado 7 *loci* microsatélite específicos para tejo con el fin de investigar la estructura genética espacial de esta especie. El estudio se plantea a diferentes escalas espaciales (escala europea, en la región mediterránea, a escala local), con los siguientes objetivos: (i) detectar los niveles de variabilidad y su distribución en regiones o áreas geográficas específicas; (ii) evaluar la importancia de los procesos históricos que pueden haber generado dichos patrones; (iii) determinar cuál es la interacción entre la dinámica ecológico-demográfica y evolutiva bajo diferentes escenarios de fragmentación.

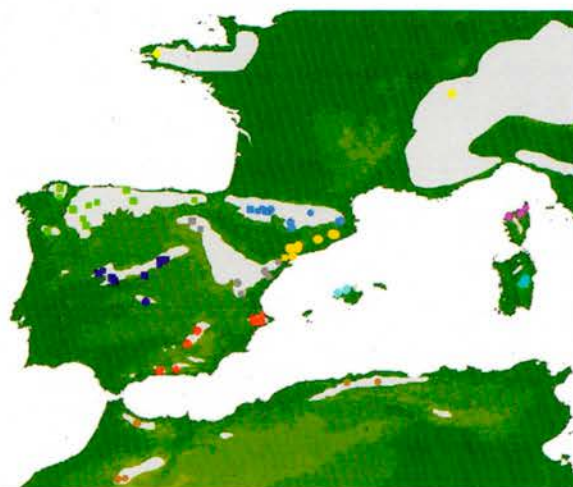


Figura 1. Distribución geográfica de las 93 poblaciones de *Taxus baccata* incluidas en el estudio. Los diferentes colores indican cada una de las once regiones definidas para el análisis a nivel regional: Centro y oeste de Europa, Baleares, Córcega, Cerdeña, Norte de África, Pirineos, Cordillera Cantábrica, Sistema Central, Montañas Catalánicas, Sistema Ibérico, Sistema Bético. En gris se muestra el área de distribución de *Taxus baccata* L.

En esta comunicación se presentan los resultados obtenidos hasta el momento para las poblaciones ubicadas en el Mediterráneo occidental, y se discute el papel de la compleja historia paleogeográfica y paleoclimática de esta región en la distribución actual de la diversidad genética. Por último, se espera que la difusión de estos resultados contribuya a facilitar el desarrollo de programas de gestión y conservación adecuados para esta especie.

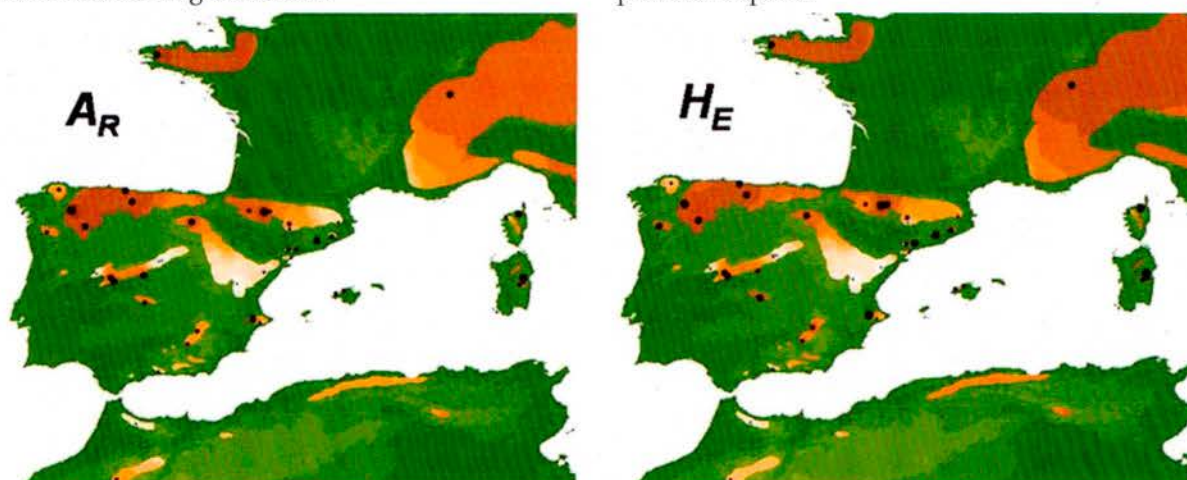


Figura 2. Representación gráfica de los valores de diversidad genética (A_R , H_E) obtenidos en este estudio. El tamaño de los círculos es proporcional al valor obtenido de diversidad para cada población. Para facilitar la visualización de los datos se ha incorporado una capa de valores interpolados para todo el área de distribución de la especie (un color más oscuro indica una mayor diversidad).

MATERIAL Y MÉTODOS

En total se analizaron 1.008 individuos procedentes de 93 poblaciones situadas en el Mediterráneo occidental (figura 1), utilizando siete marcadores microsatélite nucleares desarrollados específicamente para *T. baccata* (DUBREUIL *et al.*, 2008).

Los datos obtenidos se analizaron tanto a escala regional como local. A nivel regional, las poblaciones fueron agrupadas en once regiones: Centro y oeste de Europa, Baleares, Córcega, Cerdeña, Norte de África, Pirineos, Cordillera Cantábrica, Sistema Central, Montañas Catalanílicas, Sistema Ibérico, Sistema Bético y Penibético (figura 1). En ambos casos se calcularon los estadísticos habituales de diversidad (AR, HE) y estructuración genética (FST). También se utilizaron métodos de agrupamiento bayesiano para inferir la existencia de grupos genéticos diferenciados.

RESULTADOS

A escala regional, los métodos de agrupamiento bayesiano identificaron varias poblaciones como unidades diferenciadas a nivel genético, pero no se detectó un patrón evidente de estructuración de la diversidad genética. Según el análisis, el número óptimo de grupos fue de tres ($K=3$) y, en principio, los grupos obtenidos no siguieron un patrón geográfico definido. Por ejemplo, uno de los grupos incluyó las poblaciones del Norte de África juntamente con las de Córcega, Cerdeña, Centro Europa, una población del Montseny y otra del Prepirineo. Otra de las unidades genéticas agrupó las muestras de Baleares juntamente con algunas poblaciones prepirenaicas y la mayoría de poblaciones de las Montañas Catalanílicas. El tercer grupo incluyó el resto de las poblaciones analizadas.

Cuando se llevaron a cabo los análisis de agrupamiento bayesiano para cada una de las once regiones, también se detectaron diversas poblaciones como unidades genéticas diferenciadas. No obstante, esto fue particularmente evidente en los sistemas montañosos mediterráneos (por ejemplo, en las Montañas Catalanílicas o en el Sistema Bético), y en las islas (Baleares, Córcega y Cerdeña), donde casi todas las poblaciones constituyeron un grupo genético diferenciado. En cambio, los niveles de estructuración genética en las áreas geográficas más húmedas, como la Cordillera Cantábrica o los Pirineos fueron mucho más

bajos, y se detectaron pocas poblaciones con una composición génica singular.

Por otra parte, se detectó un cierto gradiente de disminución de la diversidad genética y de aumento de la diferenciación poblacional en sentido norte-sur. Estudios recientes indican que las condiciones climáticas durante el Cuaternario fueron más áridas y cálidas en la parte mediterránea de la Península Ibérica que en la zona atlántica (SÁNCHEZ-GOÑI *et al.*, 2002; MORENO *et al.*, 2005), de manera similar a las condiciones climáticas actuales (figura 3). Las poblaciones situadas en aquellas áreas menos afectadas por los períodos de aridez extrema podrían haber mantenido mayores tamaños de población, y una mayor conectividad entre poblaciones. Esto habría permitido el mantenimiento de unos niveles más altos de diversidad y una menor diferenciación entre las poblaciones, en concordancia con los resultados obtenidos en este estudio.

Por último, la fuerte estructuración detectada a escala local en algunas de las regiones probablemente sea debida a factores ligados a la actividad humana y a las actuales limitaciones ecológicas de la especie. En el caso del Montseny, por ejemplo, existe una fuerte competencia interespecífica con el haya que determina los picos de reclutamiento de tejo. Ello determina en gran medida que la variabilidad genética en esta zona se encuentre altamente estructurada, ya que los ejemplares de tejo existentes se encuentran altamente emparentados, porque provienen de unos pocos eventos exitosos de reclutamiento.

En resumen, existe un fuerte contraste entre la elevada estructuración detectada a escala local frente a la débil estructuración a escala regional. Los factores determinantes de esta estructuración pueden haber sido muy diferentes según la escala de estudio considerada, desde los procesos paleogeológicos y paleoclimáticos que podrían explicar los patrones de diversidad regional, hasta factores de tipo ecológico o antrópico que actuarían a escala local.

AGRADECIMIENTOS

Queremos agradecer a las siguientes personas o entidades por su apoyo en los muestreos de campo, en el trabajo de laboratorio o por proporcionarnos algunas de las muestras analizadas: R. ALÍ, J. ALONSO, G. BACCHETTA, E. BERGANZO, G. BOSCH, A. BUONAMICI, C. BURGARELLA, CIEF-GENERALITAT VALENCIANA, X. DOMENE, A. EL BOULLI, J. GAMISANS, D. GARCÍA,

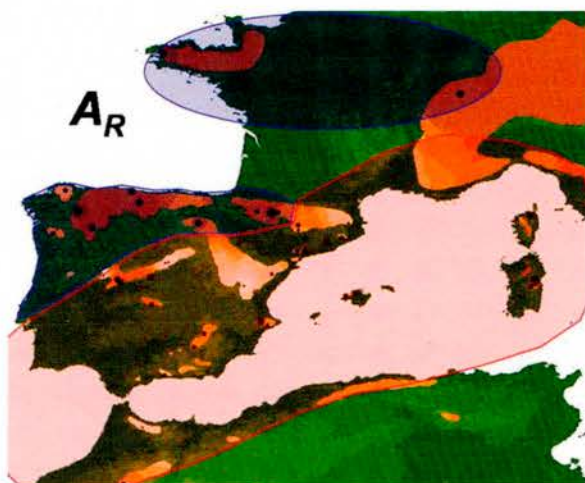


Figura 3: Representació aproximada de les condicions de arides durant el Cuaternari. En blau se indiquen les zones d'influència atlàntica, y en rojo las de influencia mediterrànea.

P. C. GRANT, D. GRIVET, L. GUÀRDIA, F. GUGERLI, M. HEUERTZ, S. IGLESIAS, E. IMBERT, J. LAVABRE, T. MARTÍNEZ, A. MOLINS, I. OLIVIERI, R. PASQUAL, B. REVUELTA, J. A. ROSSELLÓ, L. SÁEZ, J. SORANDO, M. VALBUENA, N. WAHID, M. ZABAL.

BIBLIOGRAFÍA

- BURBAN, C. & PETIT, R.J. 2003. Phylogeography of maritime pine inferred with organelle markers having contrasted inheritance. *Molecular Ecology* 12: 1487-1495.
- COLLINS, D.; ROBERT, R.M. & MÖLLER, M. 2003. Species separation of *Taxus baccata*, *T. canadensis*, and *T. cuspidata* (Taxaceae) and origins of their reputed hybrids inferred from RAPD and cpDNA data. *American Journal of Botany* 90: 175-182.
- DUBREUIL, M.; SEBASTIANI, F.; MAYOL, M.; GONZÁLEZ-MARTÍNEZ, S.C.; RIBA, M. & VENDRAMIN, G.G. 2008. Isolation and characterization of polymorphic nuclear microsatellite loci in *Taxus baccata* L. *Conservation Genetics*, 9: 1665-1668.
- EL KASSABY, Y.A. & YANCHUK, A.D. 1994. Genetic diversity, differentiation, and inbreeding in Pacific yew from British-Columbia. *Journal of Heredity* 85: 112-117.
- GAO, L.M.; MÖLLER, M.; ZHANG, X.M.; HOLLINGSWORTH, M.L.; LIU, J.; MILL, R.R.; GIBBY, M & LI, D.Z. 2007. High variation and strong phylogeographic pattern among cpDNA haplotypes in *Taxus wallichiana* (Taxaceae) in China and North Vietnam. *Molecular Ecology* 16: 4684-4698.
- HAMRICK, J.L.; GODT, M.J.W. & SHERMAN-BROYLES, S.L. 1992. Factors influencing levels of genetic diversity in woody plant species. *New Forests* 6: 95-124.
- HILFIKER, K.; GUGERLI, F.; SCHÜTZ, J.P.; ROTACH, P. & HOLDEREGGER, R. 2004a. Low RAPD variation and female-biased sex ratio indicate genetic drift in small populations of the dioecious conifer *Taxus baccata* in Switzerland. *Conservation Genetics* 5: 357-365.
- HILFIKER, K.; HOLDEREGGER, R.; ROTACH, P. & GUGERLI, F. 2004b. Dynamics of genetic variation in *Taxus baccata*: local versus regional perspectives. *Canadian Journal of Botany* 82: 219-227.
- LEWANDOWSKI, A.; BURCZYK, J. & MEJNARTOWICZ, L. 1995. Genetic structure of English yew (*Taxus baccata* L.) in the Wierchlas Reserve: Implications for genetic conservation. *Forest Ecology and Management* 73: 221-227.
- MAGRI, D.; FINESCHI, S.; BELLAROSA, R.; BUONAMICI, A.; SEBASTIANI, F.; SCHIRONE, B.; SIMEONE, M.C. & VENDRAMIN, G.G. 2007. The distribution of *Quercus suber* chloroplast haplotypes matches the palaeogeographical history of the western Mediterranean. *Molecular Ecology* 16: 5259-5266.
- MORENO, A.; CACHO, I.; CANALS, M.; GRIMALT, J.O.; SÁNCHEZ-GOÑI, M.F.; SHACKLETON, N. & SIERRO, F.J. 2005. Links between marine and atmospheric processes oscillating on a millennial time-scale. A multi-proxy study of the last 50,000 yr from the Alboran Sea (Western Mediterranean Sea). *Quaternary Science Reviews* 24: 1623-1636.
- ROSENBAUM, G.; LISTER, G.S. & DUBOZ, C. 2002. Reconstruction of the tectonic evolution of the western Mediterranean since the Oligocene. *Journal of Virtual Explorer* 8: 107-130.
- SAIKIA, D.; KHANUJA, S.P.S.; SHASANY, A.K.; DAROKAR, M.P.; KUKREJA, A.K. & KUMAR, S. 2000. Assessment of diversity among *Taxus wallichiana* accessions from northeast India using RAPD analysis. *Plant Genetic Resources Newsletter* 121: 27-31.
- SÁNCHEZ-GOÑI, M.F.; CACHO, I.; TURON, J.L.; GUIOT, J.; SIERRO, F.J.; PEYPOUQUET J.P.; GRIMALT, J.O. & SHACKLETON, N.J. 2002. Synchronicity between marine and terrestrial responses to millennial scale climatic variability during the last glacial period in the Mediterranean region. *Climate Dynamics* 19: 95-105.
- SENNEVILLE, S.; BEAULIEU, J.; DAOUST, G.; DESLAURIERS, M. & BOUSQUET, J. (2001). Evidence for low genetic diversity and metapopulation structure in Canada yew (*Taxus canadensis*): considerations for conservation. *Canadian Journal of Forest Research* 31: 110-116.
- SHAH, A.; LI, D.H.; GAO, L.M.; LI, H.T. & MÖLLER, M. 2008. Genetic diversity within and among populations of the endangered species *Taxus fuana* (Taxaceae) from Pakistan and implications for its conservation. *Biochemical Systematics and Ecology* 36: 183-193.
- THOMPSON, J.D. 2005. Plant Evolution in the Mediterranean. Oxford University Press Inc., New York.
- WHEELER, N.C.; JECH, K.S.; MASTERS, S.A.; O'BRIEN, C.J.; STONECYPHER, R.W.; TIMMONS, D.W. & LUPKES, A. 1995. Genetic variation and parameter estimates in *Taxus brevifolia* (Pacific yew). *Canadian Journal of Forest Research* 25: 1913-1927.