

Tesis doctoral

*Estructura poblacional y flujo genético de *Pinus pinaster* Aiton en el noroeste de la Península Ibérica.*

El pino negral (*Pinus pinaster* Ait.) es una especie forestal de gran importancia en el suroeste de Europa. En España ocupa más de 1.000.000 de ha, siendo un 40% de las masas de origen natural. La distribución geográfica de esta especie en la Península Ibérica, con poblaciones centrales de gran tamaño, y otras aisladas y con bajo número efectivo poblacional, hacen al pino negral una especie arbórea idónea para estudios fitogeográficos y evolutivos. En esta tesis doctoral se analiza la distribución geográfica de la diversidad genética tanto a escala molecular (isoenzimas) como cuantitativa (altura total, forma del fuste y supervivencia), con especial referencia al ámbito noroccidental de la especie. Además de los análisis clásicos en genética de poblaciones (estadísticos F de Wright, partición de la diversidad genética entre y dentro de poblaciones, dendrogramas basados en distancias genéticas, etc), se han utilizado técnicas de análisis espacial (*geoestadística*) para profundizar en las causas y estructura de la variación genética.

El análisis a escala regional (35 poblaciones y 3 ensayos de campo: S1, S2, S3; ver Figura 1) se ha completado con el análisis mediante tres microsatélites nucleares de un *Rodal de Estudio Intensivo* situado en la parte segoviana de la Meseta Castellana. En dicho rodal se han obtenido los genotipos de todos los individuos, tanto árboles adultos como plántulas procedentes de regeneración natural, analizándose la estructura genética dentro de poblaciones (estructura familiar, endogamia y autocorrelación de alelos y genotipos) y el flujo genético local. A escala regional, se distinguen tres grupos de poblaciones claramente diferenciados: grupo Noroeste, grupo Sureste y grupo Este, concentrándose la mayor parte de la diversidad y riqueza alélica en los dos últimos. Existe una mayor diversidad genética en las poblaciones cercanas a la costa Mediterránea, reduciéndose la misma según nos aproximamos al noroeste Peninsular. Dicha estructura puede explicarse mediante la existencia de refugios glaciares de la especie en zonas, próximas a la costa, hoy ocupadas por poblaciones marginales de gran singularidad y riqueza alélica. Por otra parte, existe un importante efecto aleatorio que distorsiona el patrón de diversidad regional y que podría estar relacionado con la existencia de estructura genética local, según el modelo de *aislamiento por distancia* de Wright. La variación genética cuantitativa está relacionada de forma muy débil con la variación molecular, indicando la gran importancia de la selección natural en el proceso de diferenciación y adaptación de esta especie a la gran variación ecológica de las estaciones que ocupa. Esta conclusión se ve apoyada no sólo por la comparación de caracteres moleculares y cuantitativos sino también por la evaluación de la interacción genotipo-ambiente en ensayos de campo. Con respecto al análisis de la estructura genética local se ha encontrado una autocorrelación positiva de los alelos en el regenerado en clases de distancia menores de

Tesis doctoral

Autor:

Santiago César González Martínez

Directores:

Ricardo Alía Miranda
Luis Gil Sánchez

Centro:

Departamento de
Silvopascicultura, Universidad
Politécnica de Madrid

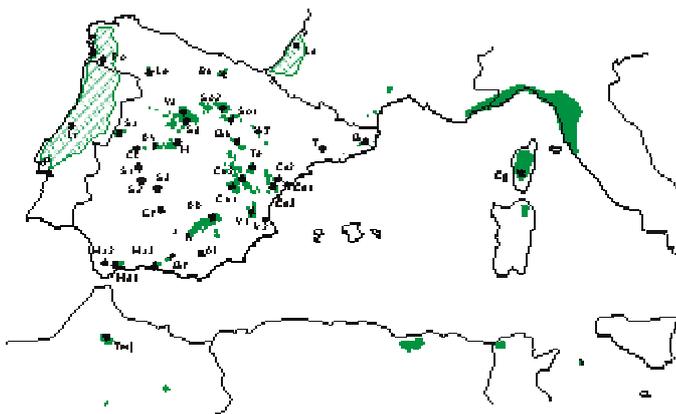
Fecha de lectura:

Septiembre de 2001

15 m y que puede ser explicada por una dispersión restringida de la semilla. Dicha correlación no se mantiene en la población adulta, a pesar de presentar ésta una estructura familiar similar a la del regenerado. El pino negral presenta un sistema reproductor con una elevada tasa de polinización cruzada, próxima al 100%, y un elevado flujo genético tanto regional ($N_{em} = 5,36$) como local (flujo genético por semilla: $56 \pm 8\%$; flujo genético por polen: $85 \pm 13\%$). Por otra parte, existe una relación positiva entre el éxito reproductor individual y el perímetro del tronco a 1,30 m, generalmente bien correlacionado con el tamaño de la copa, mientras que la altura total de un árbol adulto no parece relevante en su éxito reproductor. La existencia de flujo genético local condiciona las estrategias de conservación y mejora de recursos genéticos de *P. pinaster*. Con respecto a la primera, el elevado flujo genético detectado en la especie indica la adecuación de la conservación *ex situ* en bancos de semilla, ya que el número de parentales que contribuyen a la formación de la cosecha de un árbol madre es elevado. Por otra parte, la existencia de estructura genética intrapoblacional exige recoger la semilla con destino la conservación de recursos genéticos de árboles madre suficientemente separados entre sí (al menos 15 m) para evitar la endogamia producida por la estructura familiar. El elevado flujo genético también advierte del alto peligro potencial de contaminación polínica en las masas naturales, especialmente aquellas de alto valor fitogeográfico, desde repoblaciones de origen no local. Con respecto a la estrategia de mejora de la especie, una baja cantidad de flujo genético puede producir una notable reducción en la ganancia genética obtenida tras la selección fenotípica de los árboles padre en una corta. Esta práctica selvícola podría tener interés en aquellos caracteres con alta heredabilidad (p.ej. la producción de resina) cuando se aplican intensidades de selección altas.

Variación y estructura genética del Pino Negral

Escala Regional



Análisis de variación genética con marcadores moleculares (isoenzimas)

+

Análisis de variación genética cuantitativa con ensayos de campo (32 años de edad)

Escala Local



Rodal de estudio tentativo de Coca (Segovia)

Estructura familiar

Endogamia

Autocorrelación espacial de aleros y fenotipos

Flujo genético local

