



HAL
open science

Diversidad y flujo genético en plantaciones de *Pinus canariensis*

Miguel Navascues, Brent C. Emerson

► **To cite this version:**

Miguel Navascues, Brent C. Emerson. Diversidad y flujo genético en plantaciones de *Pinus canariensis*. IV Jornadas Forestales de la Macaronesia, Jun 2006, Breña Baja, La Palma, España. hal-00255828

HAL Id: hal-00255828

<https://hal.science/hal-00255828v1>

Submitted on 14 Feb 2008

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

Diversidad y flujo genético en plantaciones de *Pinus canariensis*

Miguel de Navascués* y Brent C. Emerson

Centre for Evolution, Ecology and Conservation, School of Biological Sciences, University of East Anglia, Norwich NR4 7TJ, Reino Unido.

*Dirección actual: Unidad de Genética Forestal, Departamento de Sistemas y Recursos Forestales, Centro de Investigación Forestal (CIFOR-INIA), Carretera de La Coruña km 7.5, 28040 Madrid. Correo electrónico: m.navascues@gmail.com

RESUMEN

El pino canario (*Pinus canariensis*) constituye la especie dominante de uno de los principales ecosistemas forestales de las Islas Canarias. En este archipiélago, los pinares están formados por un mosaico de áreas naturales (supervivientes de la explotación pasada) y plantaciones que se han realizado a partir del año 1940. La viabilidad de estas formaciones artificiales depende en cierta medida de la variabilidad de su acervo genético. En este trabajo se estudió la diversidad genética a lo largo de un transecto trazado entre dos masas forestales naturales conectadas por un área reforestada de pino canario. Se analizaron: 1) árboles adultos de las masas naturales, 2) árboles plantados de las reforestaciones y 3) regenerado natural dentro de las plantaciones con ocho microsatélites nucleares y ocho microsatélites de cloroplasto. Se detectó una reducción significativa de diversidad genética con los marcadores de cloroplasto de las masas artificiales con respecto a las masas naturales. El genoma del cloroplasto, al tener un tamaño efectivo poblacional menor, resulta más sensible para detectar efectos de los métodos silviculturales que aumenten la deriva genética. Cuando se compararon los árboles plantados con el regenerado natural se observó un incremento significativo de diversidad genética tanto en los marcadores nucleares como de cloroplasto. Este incremento se interpreta como un enriquecimiento debido al flujo genético desde los pinares naturales colindantes. Estos resultados se interpretan en el contexto específico de las parcelas estudiadas.

INTRODUCCIÓN

Los niveles de diversidad genética de las especies forestales son potencialmente afectados por las prácticas silviculturales (véanse las revisiones de Finkeldey y Ziehe 2004; Lefèvre 2004; Rajora y Mosseler 2001). Esto debe tenerse en cuenta para la restauración de ecosistemas autóctonos pues conservar los patrones naturales de diversidad genética es una condición imprescindible para mantener la viabilidad a largo plazo de las poblaciones (Franklin y Frakham 1998). Por tanto, en el marco de la gestión para la conservación, la evaluación genética de las repoblaciones históricas y de los proyectos de reforestación actuales puede ser muy conveniente para la planificación de nuevas acciones encaminadas a la restauración genética de los bosques.

La presencia y magnitud de la reducción de diversidad genética en repoblaciones depende de las circunstancias particulares de cada especie y localidad. Algunos estudios han detectado pérdida de diversidad genética en plantaciones (Burgarella y col. 2006; Glaubitz y col. 2003a; Li y col. 2005; Macdonald y col. 2001; Raja y col.

1998; Rajora 1999) mientras que otros estudios no muestran ninguna reducción o incluso un aumento de la diversidad (Glaubitz y col. 2003b; Rajora y Pluhar 2003; Savolainen y Yazdani 1991; Thomas y col. 1999). Aunque ciertos patrones generales se pueden deducir de estos estudios cada especie necesita de un estudio independiente para evaluar las consecuencias genéticas de su regeneración artificial.

El pino canario (*Pinus canariensis*) es una especie endémica de las Islas Canarias occidentales, donde forma uno de los principales ecosistemas forestales del archipiélago. La explotación de ésta especie durante los últimos cinco siglos ha reducido la extensión de pinar a la mitad de la original (Parsons 1981). Los esfuerzos de repoblación iniciados en la década de 1940 han producido una cierta recuperación del área del pinar con el resultado de un mosaico de parcelas de origen natural y origen artificial (del Arco Aguilar y col. 1992; del Arco Aguilar y col. 1990; Pérez de Paz y col. 1994a; Pérez de Paz y col. 1994b). La diversidad genética parece estar más o menos uniformemente repartida por la distribución natural de la especie (Gómez y col. 2003) con algunas poblaciones aisladas presentando ciertas particularidades (Vaxevanidou y col. 2006). En el presente trabajo se analizan plantaciones de pino canario con el objetivo de evaluar sus niveles de diversidad genética en contraste con los niveles de las poblaciones naturales. Asimismo se evalúa el potencial de recuperación de acervo genético en las generaciones sucesivas mediante el análisis del regenerado natural dentro del área reforestada.

MATERIALES Y MÉTODOS

Muestreo y diseño experimental

El lugar de muestreo escogido es un área de Tenerife dentro del piso de pinar del Teide, donde queda cierta interrupción del bosque natural sólo conectado por una franja estrecha de plantaciones (figura 1). Éstas parcelas artificiales de *P. canariensis* fueron plantadas en Fasnía entre 1956 y 1965 y en Arico entre 1981 y 1985 (del Arco Aguilar y col. 1992). El origen del material de reproducción usado es desconocido, pero es probable que sea de la misma isla de Tenerife (Climent y col. 1996). Nueve zonas fueron muestreadas en las plantaciones (2–6 en Arico y 7–10 en Fasnía, figura 1). En cada una de estas sitios se muestrearon 10 árboles adultos plantados y 10 pimpollos de regeneración natural. De las zonas de pinar natural en Arico (sitio 1) y Güímar (sitio 11) se muestrearon 50 y 47 árboles adultos respectivamente.

Marcadores moleculares

Los microsatélites son secuencias de ADN que debido a su estructura repetitiva (motivos cortos repetidos en tándem) presentan un alto polimorfismo de longitud (los alelos difieren en el número de repeticiones). Este tipo de polimorfismo es fácilmente analizable mediante electroforesis, lo que ha convertido a los microsatélites en uno de los marcadores moleculares más usados en genética de poblaciones (Zhang y Hewitt 2003). Su alto nivel de polimorfismo y su distribución aleatoria por el genoma resultan de gran utilidad para estudiar los procesos de deriva genética y flujo genético que determinan la diversidad genética de las poblaciones.

Las muestras de pino canario recogidas fueron genotipificadas con ocho microsatélites del genoma del cloroplasto (Pt1254, Pt26081, Pt15169, Pt30204, Pt36480, Pt71936, Pt87268 y Pt110048; Vendramin y col. 1996) y ocho microsatélites del genoma nuclear (PtTX3116 y PtTX4001, Auckland y col. 2002;

ssrPt_ctg4363, ssrPt_ctg4698 y ssrPt_ctg7731, Chagné y col. 2004; SPAC 11.5, SPAC 11.8 y SPAG 7.14, Soranzo y col. 1998). Los datos completos de este estudio se presentan en Navascués y Emerson (2006).

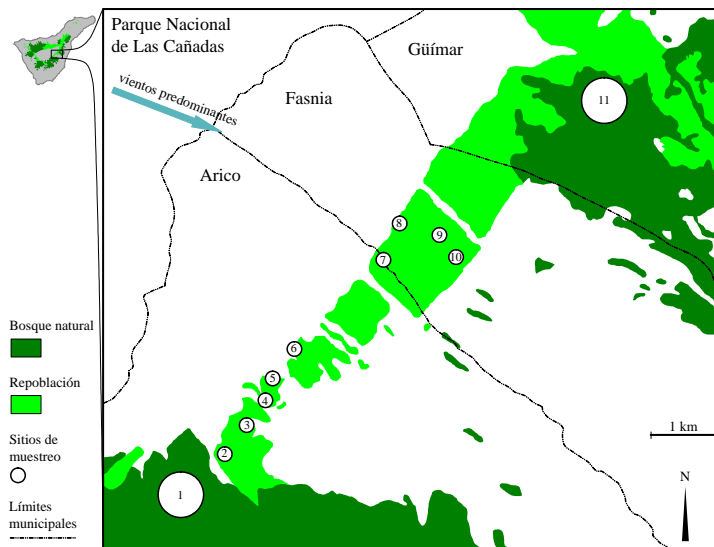


Figura 1.- Área estudiada. Los lugares muestreados están marcados con círculos blancos proporcionales al tamaño de la muestra. Figura basada en los mapas de Arco Aguilar y col. (1992).

Índices de diversidad genética

A partir de los datos obtenidos con los microsatélites de cloroplasto se calculó el número efectivo de haplotipos (n_e , Kimura y Crow 1964) de cada muestra (i.e. población natural, árboles plantados y regeneración natural):

$$n_e = 1 / \sum_{h=1}^{n_h} p_h^2 \quad (1)$$

donde p_h es la frecuencia relativa del haplotipo h y n_h es el número total de haplotipos diferentes. Con microsatélites nucleares se calculó el número efectivo de alelos por locus (A_e , Kimura y Crow 1964) y su media aritmética entre loci (\bar{A}_e) para cada muestra:

$$A_e = 1 / \sum_{i=1}^A p_i^2 \quad (2)$$

donde p_i es la frecuencia relativa del alelo i y A es el número total de alelos. La significación estadística de las diferencias en los índices de diversidad genética fue estimada con un método de Monte Carlo (es decir, re-muestreos aleatorios; véase Manly 1997).

Estos índices de diversidad haplotípica o alélica cuantifican el número de haplotipos o alelos encontrados corregido por sus frecuencias. La corrección permite que los haplotipos o alelos presentes en bajas frecuencias tengan un menor peso en el índice de la diversidad. El valor resultante del índice equivale al número de haplotipos o alelos que tendría la muestra si todos ellos tuviesen la misma frecuencia, manteniendo el mismo nivel de diversidad genética.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

El número efectivo de alelos de los microsatélites nucleares encontrado en la muestra de árboles adultos de las plantaciones es similar al encontrado en las masas naturales colindantes (figura 2), con una diferencia no significativa ($p = 0,35$). Sin embargo el

número efectivo de haplotipos obtenidos con los microsatélites de cloroplasto es significativamente mayor en las masas naturales ($p = 0,01$). Estos resultados diferentes para los dos tipos de marcadores podrían explicarse por un proceso de la deriva genética.

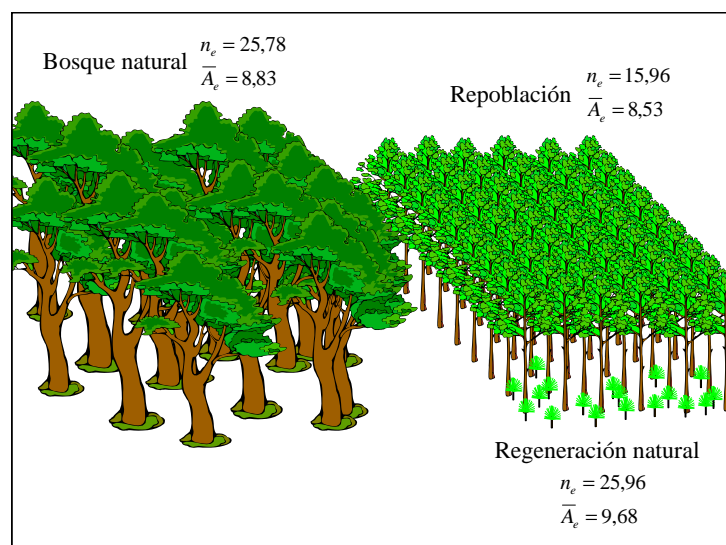


Figura 2.- Valores de los índices de diversidad genética en la masa natural de bosque, repoblaciones y regeneración natural dentro de las plantaciones.

La deriva genética consiste en el cambio de la composición genética de una población debido a un número limitado y aleatorio de eventos de reproducción. Cuanto menor es el número de eventos de reproducción (i.e. menor es el número de individuos reproductores o menor es el tamaño de la población) mayor es la probabilidad de que se pierdan alelos de una generación a la siguiente. La deriva genética es más fuerte en el genoma del cloroplasto (haploide) que en el genoma nuclear (diploide) debido a que posee la mitad de copias para cada gen en la población. Visto de otro modo, en cada evento de reproducción se transmiten a la siguiente generación dos alelos nucleares pero un solo haplotipo de cloroplasto. Un proceso de deriva genética asociado a las actuaciones de reforestación afectaría en mayor medida al genoma plastidial. Esto podría explicar por que una reducción en la diversidad genética sólo se detecta con los marcadores de cloroplasto.

En la comparación de la diversidad genética de los árboles plantados con la de la regeneración natural encontramos un incremento significativo de la diversidad en el regenerado, tanto para los marcadores nucleares ($p = 0,02$) como para los de cloroplasto ($p = 0,01$). Este incremento puede atribuirse a una alta tasa de flujo genético desde las masas naturales, como indican estimaciones de Navascués y Emerson (2006). Por tanto, es de suponer que la diversidad genética propia de las masas naturales puede recuperarse tras pocas generaciones en las repoblaciones.

Para concluir, se detectaron consecuencias genéticas de los procesos de reforestación en el genoma de cloroplasto mientras que la variabilidad nuclear parece indemne. Este resultado se puede explicar por una diferente sensibilidad a los efectos de la deriva genética en los dos genomas. Sin embargo, la reducción de diversidad observada en las reforestaciones no parece que pongan en peligro la viabilidad a largo plazo de las plantaciones pues la regeneración natural de ésta presenta niveles de diversidad significativamente mayores. Estos resultados resaltan el importante papel representado por las masas naturales para reforzar el acervo genético de las plantaciones. Por el contrario, en repoblaciones aisladas o donde predominen las

masas artificiales frente a las naturales puede producirse una disminución de la viabilidad tanto en las repoblaciones como en las masas naturales (Lefèvre 2004). En estas circunstancias debe ponerse una atención especial en el uso de material de reproducción con un alto nivel de diversidad genética.

AGRADECIMIENTOS

Agradecemos al Cabildo Insular de Tenerife por los permisos de recolección y a la University of East Anglia la beca de doctorado de MN. También debemos agradecer a Concetta Burgarella discusión crítica del manuscrito.

BIBLIOGRAFÍA

- del Arco Aguilar, M. J., P. L. Pérez de Paz, O. Rodríguez Delgado, M. Salas y W. Wildpret (1992). *Atlas Cartográfico de los Pinares Canarios II: Tenerife*. Santa Cruz de Tenerife, Gobierno de Canarias, Consejería de Política Territorial.
- del Arco Aguilar, M. J., P. L. Pérez de Paz, W. Wildpret, V. L. Sauquillo y M. Salas (1990). *Atlas Cartográfico de los Pinares Canarios I: La Gomera y El Hierro*. Santa Cruz de Tenerife, Gobierno de Canarias, Consejería de Política Territorial.
- Auckland, L., T. Bui, Y. Zhou, M. Shepherd y C. Williams (2002). *Conifer Microsatellite Handbook*. College Station, Texas, Texas A&M University.
- Burgarella, C., M. Navascués, Á. Soto, Á. Lora y S. Fici (2006). Forest restoration with holm oak (*Quercus ilex* L.): reduced genetic diversity linked to seed collection from a low number of trees. enviado
- Chagné, D., P. Chaumeil, A. Ramboer, C. Collada, A. Guevara, M. T. Cervera, G. G. Vendramin, V. Garcia, J.-M. Frigerio, C. Echt, T. Richardson y C. Plomion (2004). Cross-species transferability and mapping of genomic and cDNA SSRs in pines. *Theoretical and Applied Genetics* **109**: 1204–1214.
- Climent, J., L. Gil y M. de Tuero (1996). *Regiones de Procedencia de Pinus canariensis Chr. Sm. ex DC*. Madrid, ICONA.
- Finkeldey, R. y M. Ziehe (2004). Genetic implications of silvicultural regimes. *Forest Ecology and Management* **197**: 231–244.
- Franklin, I. y R. Frankham (1998). How large must populations be to retain evolutionary potential. *Animal Conservation* **1**: 69–73.
- Glaubitz, J. C., J. C. Murrell y G. F. Moran (2003a). Effects of native forest regeneration practices on genetic diversity in *Eucalyptus consideniana*. *Theoretical and Applied Genetics* **107**: 422–431.
- Glaubitz, J. C., H. X. Wu y G. F. Moran (2003b). Impacts of silviculture on genetic diversity in the native forest species *Eucalyptus sieberi*. *Conservation Genetics* **4**: 275–287.
- Gómez, A., S. C. González-Martínez, C. Collada, L. Gil y J. Climent (2003). Complex population genetic structure in an endemic Canary Island pine using chloroplast microsatellite markers. *Theoretical and Applied Genetics* **107**: 1123–1131.
- Kimura, M. y J. F. Crow (1964). The number of alleles that can be maintained in a finite population. *Genetics* **49**: 725–738.
- Lefèvre, F. (2004). Human impacts on forest genetic resources in the temperate zone: an updated review. *Forest Ecology and Management* **197**: 257–271.

- Li, Y.-Y., X.-Y. Chen, X. Zhang, T.-Y. Wu, H.-P. Lu y Y.-W. Cai (2005). Genetic differences between wild and artificial populations of *Metasequoia glyptostroboides*: implications for species recovery. *Conservation Biology* **19**: 224-231.
- Macdonald, S. E., B. R. Thomas, D. M. Cherniawsky y B. G. Purdy (2001). Managing genetic resources of lodgepole pine in west-central Alberta: patterns of isozyme variation in natural populations and effects of forest management. *Forest Ecology and Management* **152**: 45-58.
- Manly, B. F. J. (1997). *Randomization, Bootstrap and Monte Carlo Methods in Biology*. Boca Raton, Florida, Chapman & Hall/CRC.
- Navascués, M. y B. C. Emerson (2006). Restoration of genetic diversity in reforested areas of the endemic Canary Island pine, *Pinus canariensis*. enviado a *Forest Ecology and Management*.
- Parsons, J. J. (1981). Human influences on the pine and laurel forests of the Canary Islands. *Geographical Review* **71**: 253-271.
- Pérez de Paz, P. L., M. J. del Arco, O. Rodríguez, J. R. Acebes, M. Marrero y W. Wildpret (1994a). *Atlas Cartográfico de los Pinares Canarios III: La Palma*. Santa Cruz de Tenerife, Gobierno de Canarias, Consejería de Política Territorial.
- Pérez de Paz, P. L., M. Salas, O. Rodríguez, J. R. Acebes, M. J. del Arco y W. Wildpret (1994b). *Atlas Cartográfico de los Pinares Canarios IV: Gran Canaria y Plantaciones de Fuerteventura y Lanzarote*. Santa Cruz de Tenerife, Gobierno de Canarias, Consejería de Política Territorial.
- Raja, R. G., C. G. Tauer, R. F. Wittwer y Y. Huang (1998). Regeneration methods affect genetic variation and structure in shortleaf pine (*Pinus echinata* Mill.). *Forest Genetics* **5**: 171-178.
- Rajora, O. P. (1999). Genetic biodiversity impacts of silvicultural practices and phenotypic selection in white spruce. *Theoretical and Applied Genetics* **99**: 954-961.
- Rajora, O. P. y A. Mosseler (2001). Challenges and opportunities for conservation of forest genetic resources. *Euphytica* **118**: 197-212.
- Rajora, O. P. y S. A. Pluhar (2003). Genetic diversity impacts of forest fires, forest harvesting, and alternative reforestation practices in black spruce (*Picea mariana*). *Theoretical and Applied Genetics* **106**: 1203-1212.
- Savolainen, O. y R. Yazdani (1991). Genetic comparison of natural and artificial populations of *Pinus sylvestris*. *Genetic Variation in European Populations of Forest Trees*. G. Müller-Starck y M. Ziehe. Frankfurt am Main, Germany, Sauerländer's Verlag.
- Soranzo, N., J. Provan y W. Powell (1998). Characterization of microsatellite loci in *Pinus sylvestris* L. *Molecular Ecology* **7**: 1260-1261.
- Thomas, B. R., S. E. Macdonald, M. Hicks, D. L. Adams y R. B. Hodgetts (1999). Effects of reforestation methods on genetic diversity of lodgepole pine: an assessment using microsatellite and randomly amplified polymorphic DNA markers. *Theoretical and Applied Genetics* **98**: 793-801.
- Vaxevanidou, Z., S. González-Martínez, J. Climent y L. Gil (2006). Tree populations bordering on extinction: A case study in the endemic Canary Island pine. *Biological Conservation* **129**: 451-460.
- Vendramin, G. G., L. Lelli, P. Rossi y M. Morgante (1996). A set of primers for the amplification of 20 chloroplast microsatellites in Pinaceae. *Molecular Ecology* **5**: 595-598.

Zhang, D.-X. y G. M. Hewitt (2003). Nuclear DNA analyses in genetic studies of populations: practice, problems and prospects. *Molecular Ecology* **12**: 563–584.