

Estudio sobre el origen híbrido y la diversidad genética de *Centaurea genesii-lopezii* (*Cardueae*, *Compositae*)

Almudena Galian, Roser Vilatersana, Jordi López-Pujol & Núria Garcia-Jacas

GReB, Institut Botànic de Barcelona (IBB-CSIC-ICUB), Pg. del Migdia s/n, 08038 Barcelona



Introducción y objetivos

Centaurea genesii-lopezii Fern. Casas & Susanna es una especie tetraploide ($2n=4x=40$), de la sección *Chamaecyanus*, que únicamente se encuentra en la provincia de Málaga (Sierra Tejeda). Este taxon está listado como CR en el *Atlas y Libro Rojo de la Flora Vasculare Amenazada de España* ya que cuenta con una única población de menos de 200 individuos. Primeramente se clasificó como subespecie (= *Centaurea haenseleri* Boiss. subsp. *epapposa* G. López) pero posteriormente diversos autores sospecharon de su naturaleza híbrida por la presencia de flósculos blanquecinos, rosados y amarillos en una misma inflorescencia; además, hay otros caracteres morfológicos como la distribución irregular de las páleas en el vilano y presencia de escapo que también se han encontrado en otros híbridos interseccionales entre *Chamaecyanus* y *Acrocentron*.



Los objetivos del trabajo son: (i) realizar un estudio sobre el posible origen híbrido mediante el análisis de las secuencias de genes nucleares, (ii) evaluar la variabilidad genética del taxon utilizando marcadores nucleares AFLP y (iii) establecer una correcta clasificación del taxon y una estrategia adecuada para su conservación.

Dado que se trata de un estudio actualmente en curso, la presente contribución solo recoge los resultados obtenidos con el espaciador ETS y con el gen de baja copia *Agt1*.



Figura 1.
A: *Centaurea genesii-lopezii* Fern. Casas & Susanna (*Chamaecyanus*; $2n=4x=40$)
B: detalle del capítulo de *C. genesii-lopezii*
C: *C. josiae* Humbert (*Acrocentron*; $2n=2x=20$)
D: *C. litardierei* Jahand & Maire (*Acrocentron*; $2n=4x=40$)
E: *C. cephalariifolia* Willk. (*Acrocentron*; $2n=4x=40$)
F: *C. malinvaldiana* Batt. (*Acrocentron*; $2n=2x=20$)
G: *C. amblensis* Graells (*Chamaecyanus*; $2n=4x=40$)
H: *C. prolongi* Boiss. (*Acrocentron*; $2n=2x=20$)
I: *C. pubescens* Willd. (*Acrocentron*; $2n=2x=20$)
J: *C. nana* Desf. (*Acrocentron*; $2n=4x=40$)
K: *C. boissieri* DC. (*Willkommia*; $2n=2x=18$)
L: *C. haenseleri* (Boiss.) Boiss. (*Chamaecyanus*; $2n=4x=40$)

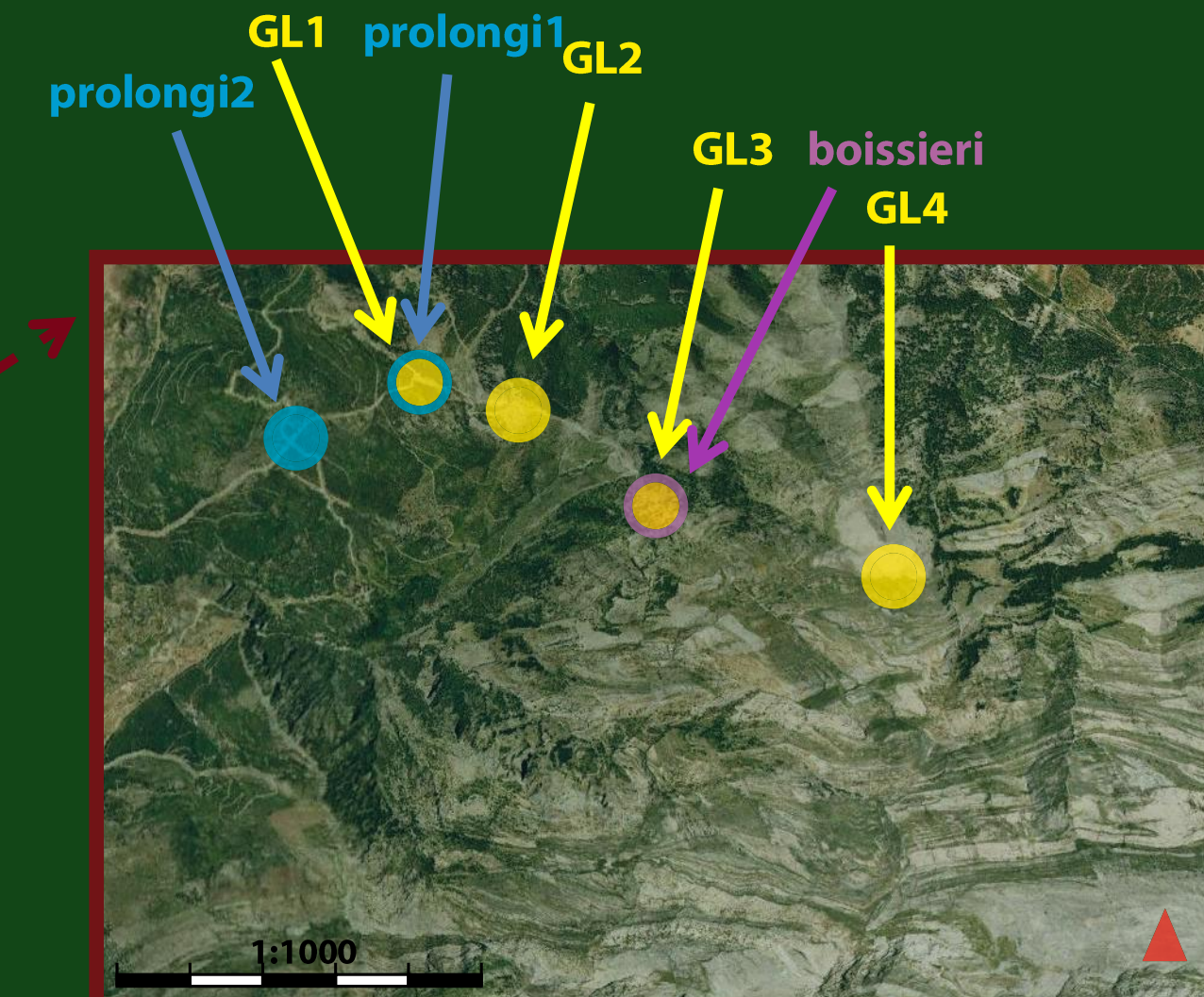


Figura 2. Localidades muestreadas de las diferentes especies del estudio

Material y métodos

En el estudio se escogieron una serie de especies como posibles progenitoras de *Centaurea genesii-lopezii* (Fig. 1) atendiendo a criterios morfológicos, cariológicos y geográficos. De cada especie se muestrearon una o dos poblaciones. Para determinar el origen de *C. genesii-lopezii* se emplearon una región del rDNA (ETS) y un gen de baja copia (*Agt1*).

Resultados y discusión

A partir de los resultados obtenidos en el diagrama *Neighbor-Net* del ETS (Fig. 3) se descartaron como posibles parentales las especies que presentaban copias alejadas de *Centaurea genesii-lopezii* (*C. cephalariifolia*, *C. litardierei*, *C. malinvaldiana*, *C. nana* y *C. pubescens*). También se descartó *C. boissieri*, ya que las secuencias para este marcador no se pudieron alinear con el resto. El diagrama *NeighborNet* del *Agt1* (Fig. 4) se realizó sin las especies descartadas anteriormente; éste parece que muestra una mayor resolución respecto al del ETS, puesto que especies que aparecen cercanas en el ETS en el análisis con este marcador aparecen más separadas.

Ambos diagramas muestran claramente que no se trata de una subespecie de *C. haenseleri*, dado que en sendas representaciones se observa como mínimo una copia independiente a ésta; por tanto, queda patente su naturaleza híbrida. Respecto a sus progenitores, solo podemos afirmar con cierta seguridad que *C. haenseleri* constituye uno de ellos, mientras que en el caso del segundo progenitor sólo podemos especular sobre su identidad; una posibilidad es que éste fuese un *Chamaecyanus* de flores rosas, posiblemente un ancestro de *C. amblensis* que en los períodos glaciares del Pleistoceno hubiese migrado a latitudes más bajas donde hubiese hibridado con *C. haenseleri*.

En cuanto a *C. prolongi*, creemos que ha habido introgresión secundaria con *C. genesii-lopezii*, ya que coexisten en la actualidad; en ningún caso, pero, se trataría de un parental puesto que en el diagrama del *Agt1* aparece una copia muy alejada de *C. genesii-lopezii*. Fruto de esta hibridación, *C. genesii-lopezii* habría adquirido algunos caracteres propios de los híbridos interseccionales entre *Chamaecyanus* y *Acrocentron*.

Conservación

Queda demostrado que *Centaurea genesii-lopezii* es una especie y que en ningún caso se trata de una entidad subordinada a *C. haenseleri*. Tanto su rango taxonómico como su delicada situación demográfica hacen que *C. genesii-lopezii* requiera de la toma de medidas urgentes que aseguren su conservación. En todo caso, la implementación de cualquier medida de protección deberá tener en cuenta los resultados de la variabilidad genética de este taxon, actualmente en fase de realización.

Esta investigación ha sido financiada por los proyectos CGL2007-60781/BOS y CGL2010-18631/BOS del MICINN y por los *Ajuts a Grups de Recerca Consolidats* 2009/SGR 439 de la Generalitat de Catalunya. Agradecemos el permiso de recolección a la Consejería de Medio Ambiente de la Junta de Andalucía (Ref.: SGB/FOA/CRH Re-519/08)

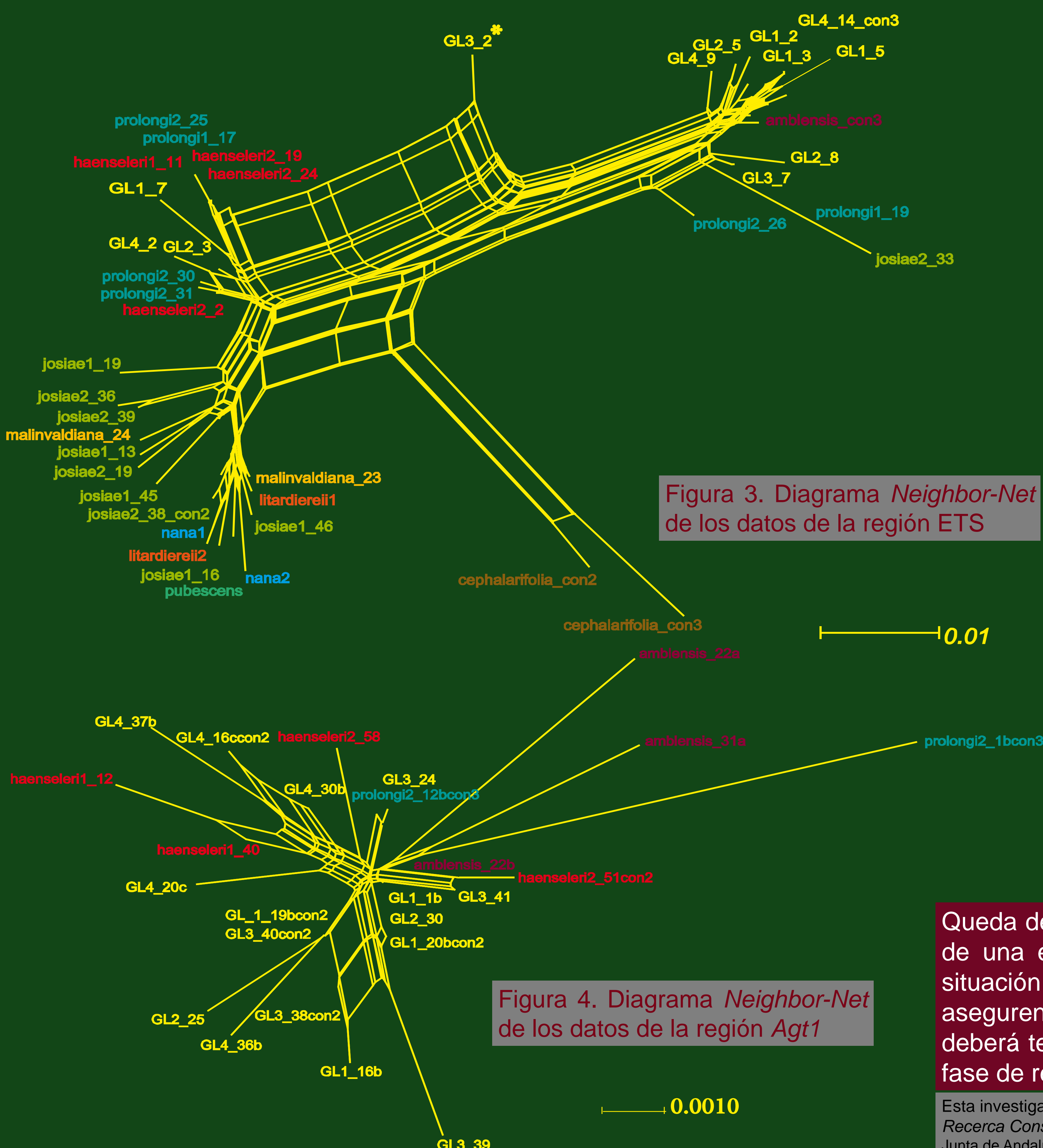


Figura 3. Diagrama *Neighbor-Net* de los datos de la región ETS

Figura 4. Diagrama *Neighbor-Net* de los datos de la región *Agt1*