

RESÚMENES DE TESIS DOCTORALES RECIENTES

EL GÉNERO DE MUSGOS *CERATODON*: ESTUDIOS DE BIOLOGÍA EVOLUTIVA Y TAXONOMÍA EN EL SUR DE EUROPA

Marta Nieto-Lugilde

Universidad de Murcia

Directores: Olaf F. Werner, Rosa M. Ros Espín & Stuart F. McDaniel

Fecha de defensa: 26-09-2019

Este trabajo de investigación se ha enfocado desde un punto de vista multidisciplinar con el objetivo general de estudiar la biología evolutiva y la taxonomía en el género *Ceratodon* en el sur de Europa. Se han combinado estudios de morfometría, análisis filogenético basado en secuencias de ADN y citometría de flujo. Asimismo se han tenido en cuenta datos de biogeografía y ecología. Con el fin de conocer la morfología de las especies de *Ceratodon* susceptibles de estar presentes en el área mediterránea, se llevó a cabo la revisión del tipo nomenclatural de *Ceratodon conicus* y de los sinónimos propuestos para este nombre. Para ello se estudiaron los especímenes tipo y se compararon con los datos de los protólogos. El lectótipo de *C. conicus* fue confirmado, pero el material de los isolectotipos no se correspondieron con el protólogo de la especie. Además, los tipos de los tres sinónimos *C. cedricola*, *C. dimorphus*, and *C. purpureus* var. *graefii*, fueron aquí designados como lectotipos. *Ceratodon purpureus* var. *graefii* fue considerado como sinónimo de *C. purpureus* s.l., ya que sus características morfológicas coincidieron con las descritas para esta especie.

Para evaluar el papel de la alopatría y el cambio de ploidía en la divergencia de las poblaciones del sur de Europa de *Ceratodon*, se examinó la diversidad genética y el tamaño del genoma. Se muestrearon áreas montañosas y tierras bajas de la región Mediterránea, así como de Europa occidental y central. Se realizaron análisis filogenéticos y de coalescencia con las secuencias del ADN de cinco intrones nucleares y un locus cloroplastidial. Los análisis filogenéticos resolvieron dos clados bien diferenciados, que discriminaron dos grupos homogéneos: uno correspondiente a la

especie cosmopolita *C. purpureus* y otro restringido a las montañas del sur de España. Las muestras de este grupo local también poseían un tamaño del genoma un 25% más grande que el de *C. purpureus*, y eran exclusivamente hembras. También se encontraron híbridos, y algunos de ellos tenían un tamaño de genoma equivalente a la suma del genoma de *C. purpureus* y el de los especímenes del sur de España, lo que hace pensar que se formaron por aloploidía. Todos estos datos sugieren que una especie nueva de *Ceratodon* surgió por un proceso de especiación peripátrica, lo que potencialmente implicó un cambio en el tamaño del genoma y una fuerte desviación en la proporción de sexos.

Se evaluó el efecto de la variación ambiental en la taxonomía del género *Ceratodon* mediante un análisis biométrico basado en 22 caracteres morfológicos, tanto en plantas recolectadas en campo como en plantas cultivadas *in vitro*. Estos datos se compararon con los del análisis filogenético basado en sus secuencias de ADN y los del tamaño del genoma. Los resultados mostraron que la expresión de varios rasgos gametofíticos cambió entre las muestras recolectadas en campo y las muestras cultivadas *in vitro*, lo que confirmó que la variabilidad ambiental complica las inferencias taxonómicas y sugirió que algunos caracteres deben usarse con precaución para la distinción entre especies. Sin embargo, coincidiendo con los datos genéticos y de citometría de flujo, se encontró una clara discontinuidad biométrica entre algunas plantas del sur de España y las de otras partes del mundo. La aproximación integrativa apoyó de manera inequívoca el reconocimiento de una nueva especie, que se describió formalmente con el nombre de *Ceratodon amazonum*. Los resultados también sugirieron que la previamente reconocida *C. conicus* es un recombinante entre *C. purpureus* y *C. amazonum*. Por ello se consideró como una notoespecie, para la cual se designó un epítipo porque el lectótipo es demostrablemente ambiguo.

Por último, se reconstruyó la historia demográfica y evolutiva de *C. purpureus*, *C. amazonum* y la recombinante *C. ×conicus* con los datos generados con nueve marcadores genéticos, algo que ha sido realizado en pocas especies de briófitos. Se confirmó un evento de especiación hace aproximadamente 1.7 millones de años y se encontró evidencia de flujo génico asimétrico entre los parentales *C. purpureus* y *C. amazonum*, lo que favoreció la introgresión de la especie cosmopolita en la aislada del sur de Europa. Además se estimó que *C. ×conicus* se formó por múltiples eventos de hibridación entre los parentales.

En conjunto esta tesis pone de manifiesto las carencias actuales en el conocimiento sobre la diversidad de briófitos y en los mecanismos que la generan, incluso en especies comunes y ampliamente distribuidas, y demuestra que las especies silvestres cosmopolitas tienen el potencial de revelar las diversas causas genéticas de la especiación. Asimismo, confirma que los fenómenos de hibridación y poliploidía son mecanismos que también intervienen en la especiación de briófitos.