

Tesis Doctorales del MNCN

Regeneración de la encina en ambientes fragmentados: una aproximación mecanicista

Teresa Morán López

Universidad Rey Juan Carlos

Directores: Mario Díaz Esteban y Fernando Valladares Ros

Enero 2016

Debido a su extensión y velocidad de cambio, la fragmentación del hábitat es un gran desafío para la sostenibilidad de los ecosistemas a escala global. En los últimos años ha habido grandes avances a la hora de documentar sus impactos sobre la estructura y funcionamiento de los ecosistemas. Sin embargo, establecer puentes entre los avances científicos y las políticas de conservación sigue siendo un reto. Para poder diseñar pautas de manejo adecuadas, es necesario conocer los procesos que subyacen a las respuestas ecológicas frente a la fragmentación. En este contexto, centrar los esfuerzos sobre especies clave resulta una estrategia eficiente ya que el mantenimiento de sus poblaciones tiene consecuencias que trascienden a todo el sistema.

La encina es un ejemplo claro de este tipo de especies. Se encuentra ampliamente distribuida en el Mediterráneo occidental donde juega un papel importante como estructuradora del bosque. Gran parte de los encinares están sujetos a

algún tipo de manejo y se sabe que en sistemas agroforestales la regeneración natural puede ser insuficiente para su mantenimiento a largo plazo. Además, se conocen los factores que condicionan las transiciones entre las distintas etapas de su ciclo vital. Esto nos permitió preguntarnos qué etapas del ciclo de regeneración (polinización, fructificación, dispersión) ponen en peligro la viabilidad de los encinares fragmentados y entender qué cambios ambientales estaban produciendo estos cuellos de botella.



Fig. 1 Fragmento de encinar en Lerma, bellotas de encinas, *Quercus ilex* / Mario Díaz. Ratón de campo, *Apodemus sylvaticus* / Ignacio Torre- Arrendajo, *Garrulus glandarius* / César Luis Alonso

Nuestros resultados mostraron un efecto positivo de la fragmentación sobre el estado hídrico de las encinas y su producción de bellotas, así como un flujo de polen extenso. Sin embargo, el empobrecimiento de los servicios de dispersión de bellotas comprometió seriamente tanto el reclutamiento como la diversidad genética de los nuevos individuos. La encina depende de dos vectores de dispersión, los arrendajos, *Garrulus glandarius*, y los roedores (*Apodemus sylvaticus* y, en menor medida, *Mus spretus*). La fragmentación tuvo un efecto negativo sobre los servicios de dispersión de ambos. Nuestros resultados muestran que los arrendajos usan de manera esporádica zonas no forestadas, posiblemente debido a balances inadecuados entre costes y beneficios de la búsqueda de alimento. Si queremos recuperar el papel de estas aves como dispersantes debemos asegurar la presencia de parches forestales cercanos (< 2 km) y evitar densidades de arbolado bajas en bosques abiertos y dehesas. Si esto no se cumple, el papel de los arrendajos como dispersores eficaces es prácticamente nulo. Con respecto a los roedores, las tasas de depredación de las bellotas se disparan en los pequeños fragmentos forestales debido al aumento de la cobertura de microhábitats abiertos junto con una disminución de la competencia intraespecífica. Sin embargo, si mejoramos la permeabilidad de la matriz esta situación puede revertirse pasando de depredadores netos de semillas a dispersantes locales.

De todas las etapas, la dispersión resultó ser el cuello de botella para la regeneración de la



encina y la cohesión genética de sus poblaciones. Por tanto, mejorar los servicios de dispersión debe ser un objetivo prioritario en las políticas de manejo de los bosques de encina. Para ello es necesario potenciar configuraciones y estructuras del paisaje amigables desde el punto de vista de los dispersantes.

Mitogenómica y filogenia de linajes de gasterópodos altamente diversificados (Vetigastropoda, Neritimorpha y Conoidea)

Juan Esteban Uribe Arboleda

Universidad Autónoma de Madrid

Directores: Rafael Zardoya y José Templado

Julio de 2016

A pesar de los importantes avances habidos en las últimas décadas en lo referente a la evolución y filogenia de los gasterópodos, las diferentes aproximaciones generales basadas en datos morfológicos, del registro fósil y moleculares han dado lugar a interpretaciones muy dispares sobre las relaciones filogenéticas dentro de esta clase de moluscos, que hoy día permanecen en buena parte sin resolver.

Dada la utilidad de los genomas mitocondriales completos en la resolución de relaciones filogenéticas a diferentes niveles taxonómicos, y que su catálogo es todavía muy insuficiente y desigual en lo referente a los gasterópodos, se incide en la

presente tesis en la secuenciación de estos marcadores moleculares en algunos grupos de esta clase de moluscos aún poco representados y que cuentan con un alto grado de diversificación. En concreto, la presente tesis doctoral se centra en las subclases Vetigastropoda, Neritimorpha y en la superfamilia Conoidea (dentro de la subclase Caenogastropoda).



Calliostoma zizyphinum, una de las especies estudiadas

Como resultado, se han determinado las secuencias completas o casi completas de los genomas mitocondriales de 29 especies de gasterópodos utilizando técnicas de secuenciación masiva: 11 correspondientes a Vetigastropoda, 6 a Neritimorpha y 12 a Conoidea (Caenogastropoda). A partir de las secuencias obtenidas se infieren los reordenamientos génicos mitocondriales dentro de los grupos objeto de estudio y se reconstruye su filogenia, así como la del conjunto de los Gastropoda.

Colonización microbiana y sucesión primaria en suelos descubiertos tras el retroceso de glaciares en Tierra del Fuego, Chile

Miguel Ángel Fernández Martínez
Universidad Autónoma de Madrid

Directores: Asunción de los Ríos y Sergio Pérez Ortega

Julio 2016

El calentamiento global está acelerando el retroceso de los glaciares de nuestro Planeta, especialmente en las zonas polares. El retroceso del hielo glacial supone la exposición de suelos que han estado cubiertos por hielo por extensos periodos de tiempo, los cuales son progresivamente colonizados por diversos organismos y en los que hay un dominio de comunidades microbianas en fases iniciales. En los glaciares en retroceso se pueden establecer cronosecuencias, basadas en la relación entre distancia al frente glacial y tiempo de exposición, que permiten analizar la dinámica de los procesos de sucesión primaria que tienen lugar en la zona. Por ello, en esta tesis nos hemos propuesto como objetivo principal caracterizar la diversidad microbiana taxonómica y funcional, en suelos a lo largo de cronosecuencias establecidas en glaciares en retroceso en el área de Cordillera Darwin (Tierra del Fuego, Chile), donde los procesos de sucesión vegetal son muy rápidos e incluyen en fases tempranas la colonización extensiva de la planta *Gunnera magellanica* en simbiosis con cianobacterias. La cordillera Darwin recorre longi-





tudinalmente la Isla Grande de Tierra del Fuego y muestra marcadas diferencias climáticas entre sus vertientes norte y sur, especialmente en cuanto a las precipitaciones, así como de velocidad de desarrollo de comunidades vegetales. Se analizaron terrenos de las dos vertientes para analizar la influencia de factores abióticos sobre la sucesión ecológica.

A través de un estudio *metabarcoding* utilizando NGS de los tres grupos principales de microorganismos en el suelo: bacterias, hongos y algas, se ha comprobado que la sucesión comienza en terrenos recién deglaciados con la colonización de comunidades microbianas muy diferentes a las presentes en estados sucesionales posteriores. La práctica ausencia de cianobacterias y hongos de la clase *Chytridiomycetes* tras los primeros años de exposición, son los cambios más drásticos detectados. A lo largo de la sucesión hay también un incremento de la abundancia de clases *Alphaproteobacteria* y *Acidobacteria*, de hongos micorrícicos y de los ordenes de algas *Microthamniales* y *Chamydomonadales*. Se han detectado diferencias en dinámica de sucesión de comunidades microbianas entre glaciares de las dos vertientes de la Cordillera Darwin, lo que pone de manifiesto que la diferente dinámica de sucesión vegetal observada, está precedida por una distinta dinámica de sucesión microbiana, la cual está influenciada por las condiciones climatológicas. Nuestros resultados han mostrado también que las relaciones simbióticas juegan un papel muy importante en la trayectoria y dinámica de la sucesión, ya que

hongos formadores de líquenes (*Lecanoromycetes*), así como microorganismos en simbiosis con plantas vasculares (asociaciones de *Gunnera magellanica* con *Nostoc* y micorrizas), están muy extendidos en la etapas intermedias y avanzadas de la sucesión. Estas relaciones simbióticas facilitan el asentamiento de los organismos implicados y al influir en las propiedades del suelo favorecen también el establecimiento posterior de otros taxones. Por otro lado, la detección de distintas familias de virus, asociada a la presencia de sus hospedadores potenciales, permite inferir un papel regulador a este grupo de microorganismos en la sucesión.

Además, se pudo demostrar mediante un estudio basado en el *microarray* Geochip 4.0, que los cambios detectados en composición de las comunidades microbianas a lo largo de la sucesión vienen acompañados de un cambio en la estructura funcional de la comunidad, en especial en relación a las rutas del ciclo del carbono y del nitrógeno, el cual está asociado a un reemplazo de taxones microbianos y al desarrollo del suelo. En etapas iniciales, con dominio de comunidades microbianas, las rutas que incrementan la disponibilidad de nutrientes tienen una mayor notoriedad, mientras que transformaciones más complejas como la desnitrificación y la metanogénesis, y la degradación de sustratos orgánicos complejos, podrían tener un papel más relevante en estados sucesionales con vegetación. Por todo ello, se puede concluir que los procesos de sucesión primaria en áreas descubiertas por el retroceso de glaciares en Tierra de Fuego implican cambios en la composición



Imagen de la zona de estudio / Sergio Pérez Ortega

y estructura funcional de las comunidades microbianas, determinados principalmente por la disponibilidad de nutrientes a lo largo de la sucesión, e influenciados por factores climatológicos.

Biología de la conservación de las comunidades de gorgonias tropicales en el Pacífico oriental (Ecuador)

María del Mar Soler Hurtado
Universidad Internacional Menéndez Pelayo.

Directora: Annie Machordom
Octubre 2016

Las gorgonias (*Cnidaria: Alcyonacea: Octocorallia*) constituyen uno de los grupos zoológicos del





bentos marino con mayor endemidad en aguas tropicales, en ambas costas del continente americano. Sin embargo, en áreas geográficas como el litoral de Ecuador, reconocido por su amplia biodiversidad global, es importante destacar la gran falta de información existente sobre estas especies. Conscientes de esto, el objetivo principal de la presente tesis fue mejorar el conocimiento sobre las comunidades de gorgonias (familia Gorgoniidae), a través de un enfoque multidisciplinar, en este de área y en el contexto biogeográfico del Pacífico oriental.

Acorde a nuestros resultados, por medio del estudio faunístico y taxonómico de los tres géneros de Gorgoniidae presentes en la costa de Ecuador, se identificaron 14 especies, de las cuales siete representaban nuevos registros para este área. Además, a través de una taxonomía morfológica clásica o bien por medio de una taxonomía integradora, con la incorporación de análisis morfométricos y moleculares, se describieron cuatro nuevas especies para la ciencia, comprobándose la utilidad de la búsqueda de nuevos caracteres en la delimitación e identificación de las especies bajo estudio.

Por otro lado, el estudio de las relaciones filogenéticas de los organismos encontrados, incluyendo a sus congéneres más cercanos del Pacífico oriental, mostró que: 1) la combinación de marcadores mitocondriales y nucleares proporcionaba la mayor resolución de la relaciones evolutivas entre estos taxones; 2) dentro de los géneros de Gorgoniidae estudiados, *Pacifigorgia* mostró un perfil claramente monofilético, mien-

tras que los géneros *Leptogorgia* y *Eugorgia* se integran en un mismo clado; 3) diferentes patrones evolutivos fueron propuestos para las especies de *Pacifigorgia* y *Leptogorgia*, tales como un proceso de radiación explosiva, evolución reticulada o resolución incompleta de linajes.

Entre el amplio espectro de ciclos reproductivos presentes en octocorales, las dos especies representativas estudiadas, *Leptogorgia alba* y *Muricea plantaginea*, mostraron el mismo modelo de reproducción con ciertas características diferenciales. Ambas especies eran gonocóricas y emitían sus gametos al medio, sin una sincronización anual determinada, y mostrando una diferencia en el tamaño de sus productos sexuales.

A través de esta memoria se ha demostrado la efectividad de las gorgonias del litoral de Ecuador como bio-constructoras de la heterogeneidad bentónica. Se observó una hiper-abundancia de fauna asociada a estos hospedadores, alcanzando los mayores valores hasta ahora registrados en gorgonias y escleratinios u otros grupos bentónicos considerados también 'ingenieros ecosistémicos'. Además, se encontraron diferencias significativas en la estructura de la comunidad asociada, abundancia y diversidad, debidas a la estacionalidad climática del área, así como entre las especies de gorgonias estudiadas.

Finalmente, se identificó una diversa comunidad fúngica asociada a dos especies de gorgonias del área de estudio. Así mismo, se detectaron hongos patógenos tales como *Aspergillus sydowii* en individuos sanos, lo que podría favorecer el desarrollo



Diferentes especies de gorgonias / MAría del Mar Soler de enfermedades como la conocida aspergilosis, que podría estar latente en esta área.

En conclusión, esta tesis proporciona una base sólida para futuras investigaciones en el campo de la biodiversidad, conservación y gestión de estos ecosistemas tropicales, proporcionando nuevos datos, a través de los diferentes estudios englobados en un enfoque integrador multidisciplinario

