

Tesis del MNCN

Estructura genética y conectividad en especies de invertebrados marinos costeros.

Violeta López Márquez

Universidad Autónoma de Madrid

Directores: Annie Machordom y José Templado

Mayo 2021

La pérdida de biodiversidad y la necesidad de tomar medidas para mitigar este proceso requieren un profundo conocimiento de la dinámica de sus componentes en diferentes escalas temporales y espaciales. La información sobre los procesos de dispersión y conectividad entre poblaciones se considera clave, ya que dichos procesos intervienen directamente en el potencial adaptativo de las distintas especies y en su persistencia en el tiempo. Por tanto, su conocimiento es crucial para adoptar medidas de conservación eficaces. Profundizar en el conocimiento de los factores abióticos que pueden modular esta conectividad permite tanto entender mejor los patrones poblacionales, como hacer predicciones ante cambios ambientales naturales o antropogénicos. Con la presente tesis se persigue, por consiguiente, estudiar un grupo de especies de invertebrados marinos (dos moluscos gasterópodos, *Gibbula divaricata* y *Dendropoma lebeche*, y un coral escleractinio, *Cladocora caespitosa*) ligadas a hábitats restringidos a la línea de cos-

ta para, a través de marcadores moleculares hipervariables, analizar parámetros determinantes de su variación genética, estructura poblacional y conectividad, y así hacer inferencias sobre su historia evolutiva reciente y sobre

los parámetros que han podido determinarla o condicionarla.

La novedad del estudio radica en el planteamiento a distintos niveles espaciales (micro-,

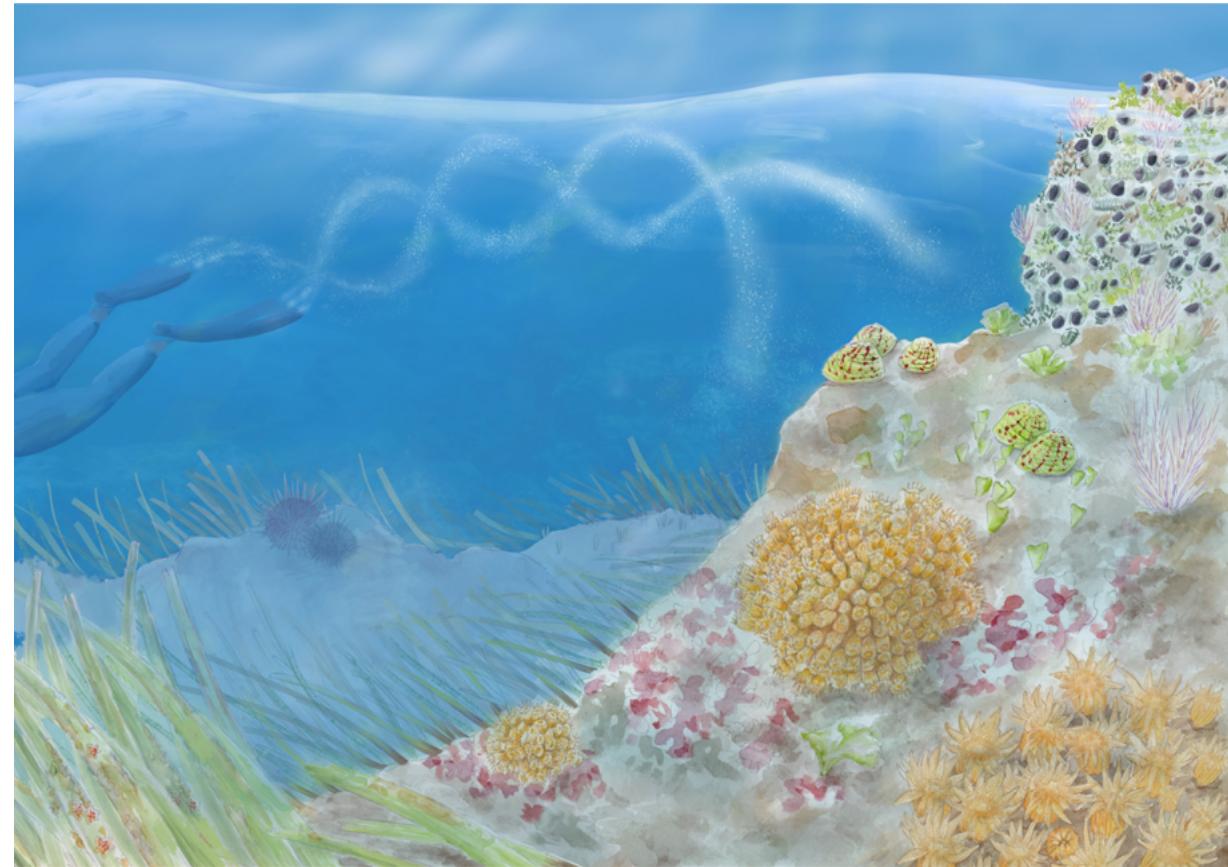


Ilustración de Clara Cerviño de un fondo marino



meso- y gran escala) nunca llevado a cabo en las especies seleccionadas y en contadas ocasiones en invertebrados marinos endémicos del Mediterráneo. Además, el estudio plantea una comparación final de los resultados obtenidos para las tres especies estudiadas, con ciertas características biológicas diferenciales que permiten testar su influencia en los patrones obtenidos. Finalmente, la tesis se encuadra en un marco de *seascape genetics*, evaluando los factores abióticos determinantes de las diferenciaciones obtenidas, disciplina en desarrollo en la actualidad y que puede proporcionar una mejor comprensión de los condicionantes del flujo génico y de las posibles barreras a la conectividad entre las poblaciones. Los factores abióticos que determinan (o influyen) en los patrones de diferenciación observados para las especies de estudio se evaluaron bajo este marco. Entre las variables ambientales consideradas, la salinidad se significó como principal modulador del flujo génico de ambos gasterópodos, en combinación con la temperatura superficial y las corrientes marinas. La conectividad del coral resultó afectada principalmente por el movimiento de las larvas a lo largo de la línea a lo largo de la línea de costa y, en segundo lugar, por las corrientes superficiales marinas.

Sistemática, biogeografía y patrones evolutivos de la familia Hydrobiidae (Mollusca: Caenogastropoda)

Félix Jonathan Pereira Miller

Universidad Autónoma de Madrid

Directores: Marian Ramos y Diana Delgado Iglesias

Mayo 2021

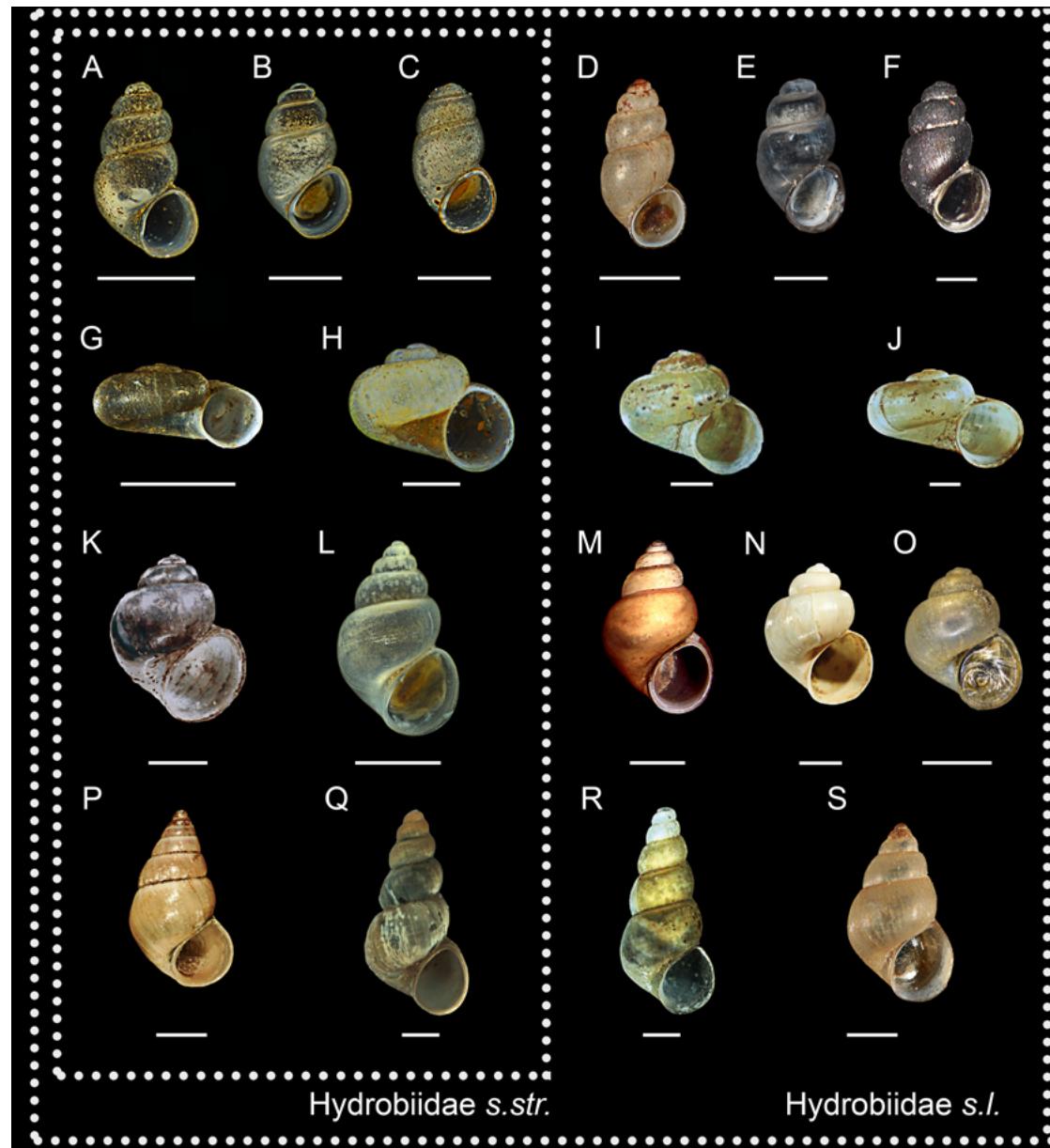
Dentro del filum Mollusca, los gasterópodos de agua dulce son uno de los grupos más diversos. Estudios anteriores han informado que este grupo está compuesto por aproximadamente 4,000 especies nominales válidas, pero también han concluido que esta estimación puede representar solo el 25% de su diversidad real. Los caracoles de agua dulce se encuentran en todos los continentes, excepto en la Antártida, y en casi todos los hábitats acuáticos (lóticos y lénticos), incluidos lagos, pantanos, ríos, arroyos, manantiales, acuíferos subterráneos y aguas intersticiales, entre otros. La familia Hydrobiidae Stimpson, 1865 (Truncatelloidea) constituye el grupo más diverso de gasterópodos de agua dulce, con ca. 1.000 especies reconocidas. Sin embargo, hasta la aplicación de herramientas moleculares, la mayoría de los caracoles de agua dulce o salobre que eran pequeños (entre 0,5 y 8 mm) y tenían conchas sin caracteres específicos se clasificaban típicamente como hidrobioides (= Hydrobiidae sensu lato [s. l.]). Esto probablemente resultó en una sobreestimación de la riqueza real de especies de la familia. De ello deriva la necesidad de nuevas investigaciones de patrones a escala

global de riqueza y endemidad de especies de hidróbidos para proporcionar una línea de base a partir de la cual inferir los factores que influyen en los procesos evolutivos y la distribución geográfica de Hydrobiidae.

La biogeografía histórica es de especial importancia para comprender los procesos evolutivos que han llevado a la distribución geográfica y la riqueza de especies de los clados existentes. La escasez de este tipo de estudios se debe, en parte, al hecho de que la gran mayoría de los géneros de hidróbidos que habitan las aguas continentales mediterráneas consisten en especies endémicas de distribución restringida en ecosistemas pobres en especies. Solo unos pocos géneros mediterráneos son lo suficientemente diversos y geográficamente distribuidos como para ser buenos candidatos para estudios destinados a reconstruir la biogeografía histórica e inferir procesos de especiación. Los taxones adecuados para tales estudios incluyen *Corrosella* Boeters, 1970, un género compuesto por 17 especies conocidas distribuidas principalmente en manantiales de montaña en la Península Ibérica, y los géneros que habitan a menor elevación *Pseudamnicola* Paulucci, 1878, *Islamia* Radoman, 1973 y *Mercuria* Boeters, 1971, con 70, 45 y 26 especies existentes actualmente reconocidas, respectivamente.

En general, este estudio confirma que la familia Hydrobiidae es un grupo muy diverso con hotspots de riqueza, endemismo y amenaza, principalmente en las ecorregiones de





agua dulce de la cuenca mediterránea. Esta distribución de la riqueza de especies estuvo determinada por factores geográficos y climáticos como latitud, conectividad de cuencas, precipitación, estacionalidad y rango de temperatura anual, pero no por elevación y heterogeneidad geológica (probablemente porque la agregación espacial de estos dos factores ocultaba su verdadera variabilidad). Por lo tanto, concluimos que los hotspots globales de riqueza de Hydrobiidae representan áreas de estabilidad climática con precipitación moderada y estacionalidad de temperatura que están bien conectadas con otras cuencas hidrológicas. Nuestro estudio también indica que los patrones actuales de riqueza de especies se han visto afectados por la estrategia de dispersión de los grupos, influenciada por el rango de elevación en el que ocurren, más que por la edad o el tipo de hábitat. Un mejor acceso para los vectores de dispersión y una mayor conectividad del hábitat en las elevaciones más bajas pueden haber facilitado la dispersión a larga distancia, lo que resultó en la especiación (cladogenética) por evento fundador. Por el contrario, los grupos altamente especializados y aislados, como las especies de *Corrosella* que habitan en los manantiales de alta montaña, tienen menos probabilidades de dispersarse y especiarse (y probablemente son más propensos a la extinción) en comparación con los que habitan en elevaciones más bajas. Tomados en conjunto, nuestros resultados ilustran que tanto los factores evolutivos como los ambientales determinan los patrones globales de especies y que los cambios futuros de estos últimos factores pueden afectar la riqueza de especies de hidróbidos.