

Título: GENÉTICA POBLACIONAL Y FILOGENIA DE LA HORMIGA ESCLAVISTA ROSSOMYRMEX MINUCHAE

Nombre: Sanllorente Bolinches, Olivia M^a

Universidad: Universidad de Granada

Departamento: Biología animal

Fecha de lectura: 01/02/2010

Mención a doctor europeo: concedido

Programa de doctorado: Genética y Evolución

Dirección:

> **Director:** JOSÉ ALBERTO TINAUT RANERA

> **Codirector:** FRANCISCA RUANO DÍAZ

Tribunal:

> **presidente:** TERESA PALOMEQUE MESSÍA

> **secretario:** JUAN GABRIEL MARTÍNEZ SUÁREZ

> **vocal:** Serge Aron

> **vocal:** PEDRO LORITE MARTINEZ

> **vocal:** Alain Lenoir

Descriptores:

> GENETICA DE POBLACIONES

> ENTOMOLOGIA

El fichero de tesis no ha sido incorporado al sistema.

Resumen: *Rossomyrmex minuchae* es una hormiga esclavista endémica de las altas cumbres del Sureste de la Península Ibérica que vive entre los 1900 y los 2100 m de altitud en Sierra Nevada, Sierra de Gádor y Sierra de los Filabres. Su única especie hospedadora es *Proformica longiseta* también endémica del sureste español, si bien sus poblaciones son más abundantes y su distribución altitudinal mayor (se encuentra entre los 1800 y los 2700m). La densidad de sus hormigueros es muy baja, con una media de 0.002 nidos por m², además la producción de sexuales es ciertamente irregular (no todos los hormigueros producen sexuales cada año y si lo hacen es en bajo número) por lo que la especie se encuentra catalogada como vulnerable por la UICN. Así pues, resultaba necesario un análisis genético en profundidad para intentar explicar la actual situación de las poblaciones de esta hormiga tan escasa e intentar favorecer las condiciones óptimas para su conservación, que es lo que ha conducido a la realización de esta tesis.

En primer lugar, con los datos genéticos de parentesco entre obreras hemos descubierto que un 49% de las hembras de *R. minuchae* suelen copular varias veces, por otra parte, hemos confirmado las sospechas de que

los machos efectivamente se desplazan distancias mucho más cortas de las esperadas en la generalidad de hormigas pese a ser alados. Sin embargo, con los datos obtenidos no podemos asegurar que las poblaciones presenten depresión endogámica ya que apenas encontramos indicios de la presencia de machos diploides (3.2%). Por tanto, debe existir algún mecanismo que evite la aparición de machos adultos diploides en *R. minuchae*, bien por eliminación de las larvas o pupas o bien porque en esta especie el sexo no lo determine un solo locus. También comprobamos que las tres poblaciones conocidas han resultado ser genéticamente muy diferentes, tanto a nivel de ADN nuclear como mitocondrial. Sin duda, se trata de una consecuencia del reducido tamaño poblacional y del aislamiento geográfico, ambos favoreciendo la acción de la deriva génica y divergencia entre poblaciones. Además, podemos concluir que la situación actual no ha sido causada por cuellos de botella, sino a una progresiva reducción del tamaño poblacional por procesos naturales.

Los resultados sobre variabilidad genética confirman que la especie hospedadora no se encuentra amenazada, si bien en cada sistema montañoso o incluso en diferentes valles dentro de los sistemas montañosos, se han ido dando procesos locales de fijación de alelos. Al estudiar los hidrocarburos cuticulares encontramos mayores similitudes interespecíficas (entre *R. minuchae* y *P. longisetata*) a nivel local que intraespecíficas (entre poblaciones de la misma especie), lo que apoya la hipótesis de que en cada localidad se está produciendo un proceso de coevolución independiente.

La comparación entre especies cercanas con distinto patrón de distribución es una herramienta especialmente útil en conservación. Observamos que pese a un tamaño de muestra menor que en la especie ibérica, las poblaciones estudiadas de *R. anatolicus* (en Turquía) mostraban mayor variabilidad genética que *R. minuchae* y además que poblaciones muy alejadas geográficamente (500 Km) eran muy parecidas entre sí, apoyando la hipótesis de que sus poblaciones estarían distribuidas de forma más o menos continua. Por otra parte, parece ser característico que en principio parasiten a una sola especie de *Proformica* y no modifiquen el tamaño ni el diseño de los hormigueros a los que parasitan. Además la profundidad del nido (y presumiblemente el tamaño) no sería directamente proporcional al número de hormigas y aparentemente existirían diferencias específicas en la eficacia de los asaltos. En cuanto a las *Proformica* hospedadoras, como ya se ha comentado difieren en la profundidad de sus nidos y el número de obreras así como en el número de reinas. Al contrario que para *P. longisetata*, en las especies turca y kazaja no detectamos diferenciación entre poblaciones, seguramente por la compleja orografía de las béticas, en comparación con las inmensas llanuras en donde viven las especies asiáticas.

Nuestros resultados filogenéticos basados en el análisis de un fragmento de la citocromo oxidasa 1 (COI) muestran que ambos géneros son monofiléticos y muy posiblemente compartirían un ancestro común, con lo que seguirían la regla de Emery de forma laxa. Desafortunadamente, con las muestras analizadas no hemos podido aclarar la relación de estos dos grupos con el género *Cataglyphis*, próximo filogenéticamente. Por último, el origen geográfico de ambos géneros parece situarse en Asia central o bien en Anatolia.

Con todos los resultados anteriormente expuestos, en principio *R. minuchae* no se enfrenta a un peligro inmediato que amenace sus poblaciones, sin embargo, no podemos descartar que la especie sea vulnerable a la extinción dado el bajo número de nidos y de poblaciones. Por ello, proponemos que se inicien políticas de protección en las áreas donde se ha detectado la presencia de *R. minuchae*.

