

NUCLEOTIDE VARIATION, GENE FLOW AND THE IMPRINT OF NATURAL SELECTION IN PINES

**Santiago C. González-Martínez, Álvaro Soto, María Ángeles Guevara, Juan José Robledo-
Arnuncio, Ricardo Alía, Carmen Collada and María Teresa Cervera.**
CIFOR-INIA & ETSIM-UPM.

Mediterranean pines are a complex group of species, which phylogenetic relationships are still unclear. Recent population genetic studies using neutral molecular markers (allozymes, cpSSRs, nSSRs and AFLPs) have shown contrasting population structures and levels of diversity. Our major research line in this field is to contrast variation data from neutral markers with nucleotide variation from candidate genes for various important adaptive traits (namely, drought, phenology and growth) in nature. We benefit from genome projects in economically important species (e.g., *Pinus taeda*, *Pinus pinaster* and poplars) to identify genes that are important for local adaptation to a changing environment. Then, our research focuses on identifying major evolutionary processes such as genetic drift in marginal populations, gene interchange and the imprint of natural selection for a wide range of pines, including model species (*Pinus pinaster*) and other with a pressing lack of knowledge (*Pinus uncinata*, for instance).

VARIACIÓN EN SECUENCIAS DE ADN, FLUJO GENÉTICO Y SELECCIÓN NATURAL EN PINOS

**Santiago C. González Martínez, Álvaro Soto, María Ángeles Guevara, Juan José Robledo
Arnuncio, Ricardo Alía, Carmen Collada y María Teresa Cervera.**
CIFOR-INIA & ETSIM-UPM.

Los pinos mediterráneos son un grupo de especies complejo cuyas relaciones filogenéticas no son bien conocidas en la actualidad. Trabajos recientes con marcadores moleculares neutrales (isoenzimas, cpSSRs, nSSRs y AFLPs) muestran diferentes niveles de diversidad y estructura genética para estas especies. Nuestra línea de investigación principal en este campo consiste en la comparación de la información obtenida con marcadores neutrales con aquella procedente de secuencias de ADN en genes candidatos para caracteres cuantitativos con importancia adaptativa (sequía, fenología y crecimiento, principalmente) en el medio natural. Nuestra aproximación se beneficia de los proyectos de genómica en especies con importancia económica (ejemplo, *Pinus taeda*, *Pinus pinaster* y *Populus* spp) para identificar aquellos genes que participan en procesos adaptativos a condiciones locales en un ambiente cambiante. Una vez seleccionados los genes, se estudian los procesos evolutivos, tales como el efecto de la deriva genética en poblaciones marginales, el flujo genético entre poblaciones y la impronta de la selección natural, que explican la estructura poblacional actual de las diferentes especies. Estos trabajos se realizan tanto con especies modelo (*Pinus pinaster*) como con otras donde existe una acusada falta de conocimiento (por ejemplo, *Pinus uncinata*).