

7. ANEXOS

ANEXO I. Conceptos básicos de diversidad y especiación del género *Centaurea*

Disploidia

Es el proceso de alteración en el número de cromosomas de una determinada especie sin que hayan variaciones en el contenido del ADN total.

En el género *Centaurea* la variabilidad cromosómica está comprendida entre $2n = 14$ y $2n = 110$ (García-Jacas, 1998). Diversos estudios con numerosas especies y secciones del género *Centaurea*, han demostrado que los números básicos en el género *Centaurea* constituyen una serie disploide ($x = 8, 9, 10, 11, 12, 13$ y 15), producidos por traslocaciones y pérdidas de porciones cromosómicas (Guinochet, 1957a), que $x = 9, 10$ y 12 son los números básicos de los táxones del subgénero *Cyanus* (Poddubnaja-Arnoldi, 1931) y que existe un paralelismo entre las secciones establecidas sobre la base de características morfológicas y los números cromosómicos. Además, los números básicos elevados corresponden con taxones más primitivos los cuales presentan capítulos grandes, con brácteas involucrales simples y más o menos enteras, con polen de tipo *Serratula* (más complejo) y hojas más o menos enteras y anchas, y números básicos más bajos presentan capítulos por lo general pequeños y con brácteas involucrales más o menos complejas, con polen de tipo *Jacea* (más simple) y hojas divididas, siendo estos taxones más especializados (Guinochet, 1957b).

Más tarde se estudió el cariotipo de 35 especies de 14 secciones, corroborando la relación existente entre el tamaño de los cromosomas y los tipos polínicos definidos por (Wagenitz, 1955), y se observó que para especies con polen de tipo *Serratula* (menos evolucionadas para Wagenitz), (más cromosomas y más pequeños) predominan los cromosomas pequeños, mientras que en las especies con polen de tipo *Jacea* (más evolucionados para Wagenitz), (menos cromosomas pero más grandes) predominan los cromosomas grandes (Guinochet y Foissac, 1962).

Para el género *Centaurea* se conoce en la actualidad la serie de números básicos $x = 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15$ y 16 , esta serie disploide es provocada a causa de un aumento en la asimetría del cariotipo, que produjo una disminución en el número cromosómico básico (Fernández Casas et al., 1985; Fernández Casas y Fernández Morales, 1979; Siljak-Yakovlev, 1986). Los estudios más modernos con marcadores moleculares (García-Jacas et al., 2001c) han respaldado la fuerte correlación existente entre el número cromosómico y el tipo de polen, apoyando así las ideas propuestas por (Guinochet, 1957c).

En cuanto a la subtribu *Centaureinae*, se establece en el número $2n = 24$ el límite cromosómico entre “lo primitivo” y “lo derivado” (García-Jacas et al., 1996a). Taxones con número cromosómicos superiores al límite son los más primitivos, presentando polen de tipo *Serratula* o de tipo *Centaurea centaurium*, y considerados también primitivos por (Wagenitz, 1955). A esta categoría pertenecen, por ejemplo, los táxones que tradicionalmente se reunían en la sección *Centaurea*, pero que integran un clado diferente al de las restantes especies de *Centaurea* (García-Jacas et al., 2000e), por lo que han sido segregadas en un género diferente: *Rhaponticooides* Vaill. (Gabrielian et al., 1995; García-Jacas et al., 2000; Greuter et al., 2001).

En el género, además, la poliploidía constituye un mecanismo de especiación o diferenciación frecuente, como extraordinariamente frecuentes-y a menudo viables- son también los cruces entre táxones, incluso con dotaciones cromosómicas de diferente número básico (García-Jacas et al., 1996b). Con esto se obtiene que el género *Centaurea* muestra una compleja disploidia, en la que existe una variabilidad en el número cromosómico básico ($x=7$, $x=16$) entre distintas secciones.

Poliploidización

Teniendo en cuenta el número cromosómico característico de una especie, la poliploidía es una condición hereditaria que consiste en la variación o cambio de este número de cromosomas (más de dos juegos de cromosomas por núcleo), donde se originan células, tejidos u organismos con tres o más juegos de cromosomas completos de la misma o distintas especies (o con dos o más genomas de especies distintas).

Cuando los genomas provienen de la misma especie ancestral se denomina especie autopoliploide, y si provienen de dos especies ancestrales distintas se denomina alopoliploide. Actualmente se considera un mecanismo clave en la evolución y diversificación de plantas (Soltis y Soltis, 1999; Jiao et al., 2011).

Las duplicaciones del genoma completas, han sido descritas repetidamente en la historia evolutiva de las plantas (Otto y Whitton, 2000; Cui et al., 2006; Soltis et al., 2009), siendo correlacionadas con explosiones de diversidad (Soltis y Soltis, 1999; Soltis et al., 2009;)

La poliploidización puede conferir aislamiento reproductivo inmediato de aquellos individuos en los que tiene lugar respecto de los del resto de la población, ya que la descendencia híbrida entre ambos resultaría estéril, esto es debido a que la meiosis que precede a la formación de gametos no se da de forma normal, si no que una de las dotaciones cromosómicas no tiene homólogo con el que juntarse, por tanto, los poliploides únicamente tendrán descendencia fértil al cruzarse entre ellos, por lo que es considerada como un importante mecanismo de especiación simpátrica (Otto y Whitton, 2000), sin necesidad alguna de barreras físicas.

Un 30% de las especies de angiospermas son alopoliploides por lo que la poliploidía se encuentra muy extendida en dicha división, además guarda cierta relación con la latitud geográfica, ya que a medida que aumenta la latitud, la distribución geográfica de las especies vegetales presenta un incremento de la proporción de especies poliploides. Esto es debido a una mayor adaptabilidad de los poliploides a condiciones climáticas y resistencia a condiciones adversas, por la adquisición de ventajas evolutivas derivadas del aumento de la heterocigosidad y de diversidad genética sobre la que la selección puede actuar (Soltis et al., 2004).

En el género *Centaurea* se considera a la poliploidía como uno de los mecanismos de especiación más frecuente, además, también son frecuentes los cruces entre taxones, incluso entre individuos de distinto número básico (García-Jacas et al., 1996c), estos cruces son a menudo viables, dependiendo de las dotaciones cromosómicas de los cruces. En el género son bastante comunes distintos niveles de ploidía dentro de algunos grupos y complejos entre especies afines (García-Jacas et al., 2009), o en el de *C. jacea*-*C. nigra* s.l. (Hardy et al., 2000; Vanderhoeven et al., 2002). En el complejo poliploide objeto de estudio aparecen individuos triploides (3n) y tetraploides (4n) además del parental diploide (2n). La poliploidía como tetraploidía está relacionada con importantes transiciones evolutivas, grandes saltos en el desarrollo y/o radiaciones adaptativas de especies (Roth et al., 2007).

Los triploides son individuos que poseen tres juegos completos de cromosomas (3n), son bastante raros ya que, si bien pueden ser viables, son generalmente estériles debido a la formación de gametos defectuosos. En nuestro caso el individuo triploide (*Centaurea x subdecurrens* Pau *nothosubsp. subdecurrens* (3n)), corresponde con la forma híbrida resultante del cruce entre el parental diploide y el tetraploide.

En definitiva, la poliploidía puede tener influencia directa en el incremento del número de especies de plantas y la complejidad de éstas a través de eventos de duplicación

ancestrales a partir del Cretácico temprano (Wendel, 2000; Adams y Wendel, 2005). La verdadera importancia de la poliploidía reside en que constituye una fuerza evolutiva y junto con la hibridación ha moldeado la aparición y distribución de cientos de especies.

Hibridación

La hibridación es el proceso de mezclar, de forma natural o artificial, diferentes especies o variedades de organismos para crear un híbrido.

La hibridación es un fenómeno muy extendido en el género *Centaurea*, incluso entre especies de secciones muy dispares, lo que complica extraordinariamente la taxonomía del género, como sucede en el complejo *C. jacea*- *C. nigra* s.l. (Marsden-Jones et al., 1954; Gardou, 1972;). En este género, a causa de la morfología del aquenio y del tipo de polen cuya dispersión es bastante limitada, la hibridación entre clados separados geográficamente (especiación alopátrica) es poco frecuente.

La hibridación entre las dos especies del estudio (*C. aspera* subsp. *stenophylla* y *C. seridis* subsp. *Maritima*), da lugar a formas morfológicamente transitorias, cuya diferenciación taxonómica es todavía muy confusa (Farinós et al., 2009; Mateo y Crespo, 2009). La existencia de zonas híbridas, se han demostrado con anterioridad (Barton, 1979; Barton y Hewitt, 1989) y han sido identificadas en la recogida de datos de este estudio.

La especie diploide *Centaurea aspera* y la tetraploide *C. seridis* pertenecen a la sección Seridia y comparten el número cromosómico básico $n=11$ (García-Jacas et al., 2006c). Ambas especies coexisten en distintos puntos de la costa mediterránea del levante español, los principales hábitats donde entran en contacto son zonas de dunas de arena y/o cantos rodados, donde se generan frecuentemente híbridos triploides estériles *C. x subdecurrens* (Garmendia et al., 2010; Ferriol et al., 2012).

La hibridación tiene un importante efecto sobre las especies raras o amenazadas que entran en contacto con otras especies emparentadas más numerosas, dada la rápida asimilación genética que puede ocurrir, con la consecuente pérdida de diversidad de la especie amenazada. Por lo que se considera que es un factor importante a tener en cuenta en los planes de manejo para la conservación de especies amenazadas.

Teniendo en cuenta la multitud de factores y parámetros que pueden afectar en la asimilación genética en las plantas, y dependiendo de las cantidades de individuos, la cantidad de recursos y la competencia por ellos, facilidad de segregación en nichos ecológicos y sobretodo las relaciones entre taxones, es importante tener en cuenta que las zonas híbridas también pueden actuar como focos de biodiversidad y representar centros de abundancia para especies raras (Martinsen y Whitham, 1994; Whitham et al, 1994; Martinsen et al, 2001), esto puede ocurrir cuando la mayoría de factores de competencia no afectan negativamente en la producción y dispersión de variabilidad genética.

Tras la presentación de estas tres causas de tipo genético que justifican la gran diversidad del género *Centaurea* y concluyendo que la distribución geográfica de los taxones influye fuertemente sobre la diversidad a causa de poliploidias e hibridaciones, se presenta como factor importante estas zonas de contacto entre parentales diploides, donde se genera el complejo poliploide que da razón a este estudio.

Definiciones de complejo poliploide y patrones geográficos

El estudio de los complejos poliploides y los patrones geográficos que presentan en su estado natural, puede darnos información muy relevante sobre los procesos implicados en la formación, establecimiento y consecuente evolución de los poliploides, para ello es indispensable conocer la descripción de la diversidad y distribución geográfica de los citotipos en su medio natural. Por ello, se considera a las zonas de contacto entre distintos citotipos, laboratorios naturales donde poder estudiar la evolución de las interacciones reproductivas entre niveles de ploidía y procesos evolutivos en tiempo real (Thompson and Lumaret, 1992; Petit et al., 1999; Lexer y van Loo, 2006).

Se clasifican las zonas de contacto de formas distintas y complementarias según: 1) patrones geográficos, 2) historia evolutiva del complejo, y finalmente 3) interacciones entre citotipos.

1) Patrón geográfico: Los distintos citotipos que podemos encontrar dentro de un mismo complejo pueden distribuirse en áreas geográficas solapadas, adyacentes o separadas, denominadas de especiación simpátrica, parapátrica o alopátrica respectivamente. Estos patrones de distribución de los citotipos reflejan, entre otras cosas, la dinámica de la duplicación del genoma, las preferencias ecológicas de los distintos citotipos (nichos ecológicos), las interacciones entre citotipos y su capacidad de dispersión (Petit y Thompson, 1999; Husband et al., 2013).

2) Historia evolutiva del complejo: Teniendo en cuenta el momento de formación de los neopoliploides dentro de un mismo complejo se pueden diferenciar dos tipos de zonas de contacto (Petit et al., 1999), zonas de contacto primarias, resultantes de la formación repetida y constante de neopoliploides en la población diploide (por ejemplo, (Kim et al., 2012)), y zonas de contacto secundarias, que resultan del contacto entre citotipos alopátricos tras la migración o expansión del área de distribución como en *Dactylorhiza maculata*, (Ståhl ahlberg, 2009); *Centaurea stoebe*, (Mráz et al., 2012). Esto provoca generalmente que los citotipos tengan distribuciones parapátricas y un elevado aislamiento. La existencia de estos dos tipos de zonas de contacto se puede observar incluso en el mismo complejo como se ha observado en el género *Melampodium*, (Stuessy et al., 2004); *Dianthus broteri*, (Balao et al., 2009); o en *Knautia arvensis agg.* (Kolář et al., 2009).

3) Naturaleza de las interacciones entre citotipos: Teniendo en cuenta el grado de interacción entre distintos citotipos dentro de una misma población así como de su éxito reproductivo, es posible encontrar zonas de contacto en mosaico cuando los citotipos ocupan nichos ecológicos diferentes, o zonas de tensión con tasas de flujo de genes variables en función de la densidad de cada citotipo (Petit y Thompson, 1999).

Definiciones de estrategias en ecología de la reproducción.

Citotipo minoritario

Cuando estos dos citotipos se encuentran, es frecuente la producción de híbridos triploides, los cuales suelen ser viables pero estériles, causando la existencia de una barrera reproductiva entre los citotipos y poniendo en riesgo la supervivencia del citotipo más raro. Esto es debido al principio del citotipo minoritario, ya que el citotipo más numeroso poliniza proporcionalmente más al citotipo menos común que a la inversa. Consecuentemente, el citotipo minoritario producirá mayor proporción de descendientes triploides estériles, provocando una disminución paulatina de sus poblaciones (Levin, 1975).

Métodos de supervivencia

Varios factores pueden asegurar la supervivencia de ambos citotipos en estas zonas de contacto, como la segregación espacial, mediante la ocupación de nichos ecológicos distintos, siendo uno de los objetivos principales de este estudio el análisis de la distribución espacial del complejo poliploide en el género *Centaurea*.

Los procesos evolutivos entre taxones estrechamente relacionados y fenómenos de especiación que ocurren en estas zonas de contacto son de especial interés para el estudio y pueden dilucidar tanto problemas de organización taxonómica, identificación sólida de nuevas especies o su reorganización. También las nuevas especies tienen que adaptarse a las nuevas condiciones por lo que se espera que se estén produciendo fenómenos evolutivos de adaptación de los citotipos para superar la barrera reproductiva evitar la competencia por los polinizadores, como la segregación espacial de sus nichos ecológicos, segregaciones temporales (divergencia fenológica), aumento de la tasa de autofecundación, etc.

Tamaño del genoma

El incremento en el volumen celular es una de las consecuencias más comunes y universales de la poliploidización, relacionada directamente con la morfología de la planta.

Los organismos poliploides tienen el núcleo y por tanto sus células, de mayor tamaño que los diploides (Petit et al., 1999) y por tanto las flores son de mayor tamaño, lo que conlleva a una mayor atracción de insectos polinizadores siendo esto una ventaja evolutiva de los individuos poliploides (Petit et al., 1999). Cambios en el volumen celular causan cambios en el radio superficie-volumen, los cuales alteran las tasas de procesos fisiológicos y metabólicos que dependen de sistemas regulatorios cuidadosamente balanceados. En consecuencia, el crecimiento y las tasas de desarrollo son a menudo afectados en plantas poliploides (Mable, 2004; De Bodt et al., 2005; Maxime, 2008).

Flujo génico y mecanismos de aislamiento reproductivo

El conjunto de características, comportamientos y procesos fisiológicos que impiden que los individuos de dos especies diferentes puedan cruzarse o aparearse entre sí, producir descendencia o que la misma sea viable o fértil, se denominan mecanismos de aislamiento reproductivo o barreras a la hibridación. Estas barreras son una fase indispensable en la formación de nuevas especies (especiación) ya que mantienen las características propias de las mismas a través del tiempo debido a que disminuyen, o directamente impiden, el flujo genético entre los individuos de diferentes especies (Baker, 1959; Strickberger, 1978; Barton y Bengtsson, 1986; Futuyma, 1998)

Los diferentes mecanismos de aislamiento reproductivo están controlados genéticamente y se ha demostrado experimentalmente que pueden evolucionar tanto en especies cuya distribución geográfica se superpone (especies simpátricas), o bien, como resultado de la divergencia adaptativa que acompaña a la evolución alopátrica de las mismas.

Cruzamientos selectivos y equilibrio entre citotipos

Dentro de un complejo poliploide puede existir un equilibrio entre los distintos citotipos de una misma población, esto ocurre cuando hay cruzamientos selectivos que intervengan en el aislamiento reproductivo entre ellos. Los cruzamientos selectivos reducen el número de polinizaciones entre citotipos, disminuyendo la desventaja del citotipo minoritario y permitiendo su mantenimiento y su fijación en la población.

Los cruzamientos selectivos solo ocurren cuando la poliploidización es capaz de generar un conjunto de nuevos atributos en los que la selección pueda actuar. (Tamaño del individuo, métodos de atracción de distintos polinizadores, etc.)

Efectos de la duplicación del genoma en el sistema de reproducción

La poliploidización puede alterar la capacidad de autofecundación, incrementando las tasas de autofecundación en comparación con los parentales diploides (Grant, 1956; Stebbins, 1957; Mable, 2004; Comai, 2005). Utilizando un análisis filogenético y un análisis cruzado entre especies, (Barringer, 2007) demostró que los poliploides presentan tasas de autofecundación superiores a los diploides. Se confirman estas observaciones en los resultados obtenidos para la especie autopoliploide *Chamerion angustifolium*, donde el coste inicial de la autofecundación fue bajo, aumentando la dispersión de las autofecundaciones en los neopoliploides. No obstante, la baja depresión endogámica (pérdida de adaptación (vigor, viabilidad, fecundidad...) producida por la pérdida de variación genética debido a la homocigosidad) detectada a través de generaciones sugiere que la predominancia de la autofecundación podrá ser transitoria, ya que la selección natural podrá favorecer sistemas de reproducción mixtos o cruzados en los autopoliploides (Husband et al., 2008).

Técnicas de estudio de la distribución espacial

La distribución geográfica de los citotipos, a diferentes escalas, es uno de los principales objetivos científicos que se requiere en la investigación sobre poliploides en sistemas naturales (Hodalova et al., 2007; Suda et al., 2007; Rivero-Guerra, 2008).

En el estudio de complejos diploides-poliploides, los datos de distribución nos proporcionan información muy útil de su historia evolutiva y nos ayudan en la interpretación de las relaciones filogenéticas (Baack, 2004b, 2005; Baack et al., 2005).

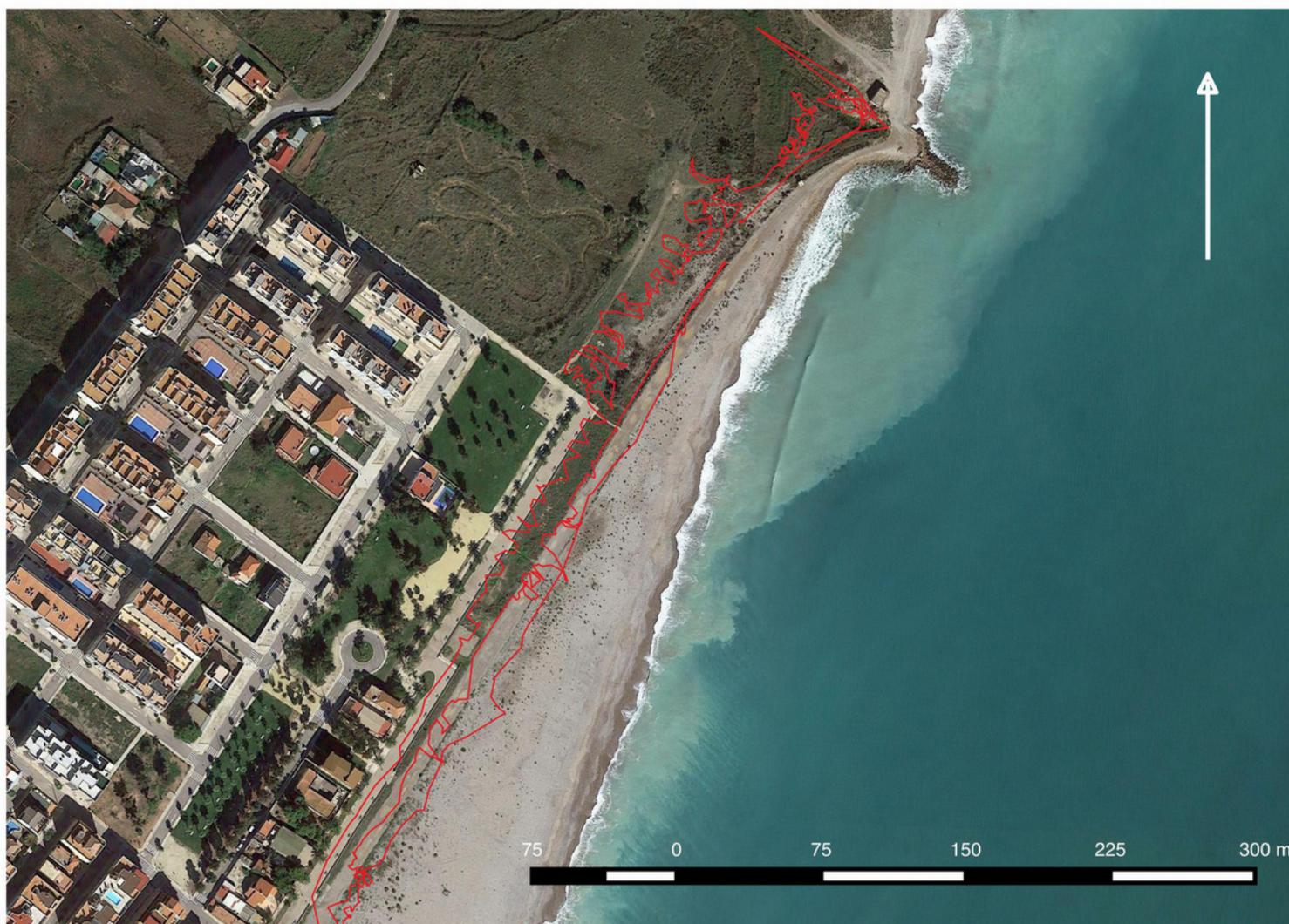
También podemos obtener información acerca de las preferencias ecológicas de los distintos citotipos y los grados de interacción entre ellos (patrones de polinización y competencia) gracias a los datos de distribución a un nivel de macroescala (Petit et al., 1999).

A un nivel de microescala, los estudios de la distribución espacial de los distintos citotipos pueden dilucidar cuestiones sobre la diferenciación de nichos y sobre barreras para el cruzamiento. Poblaciones con varios citotipos anuncian escasas interacciones negativas entre éstos (Husband y Schemske, 1998, 2000; Burton y Husband, 1999). En cambio, la ausencia de poblaciones con citotipos mezclados a pesar de la existencia de su proximidad geográfica indica que existe exclusión reproductiva o ecológica a escala de microhábitat (Novak et al., 1991; Van Dijk y Bakx-Schotman, 1997).

Desde un punto de vista ecológico, cuando una población de diploides-poliploides presenta una distribución aleatoria responde a que los distintos citotipos tienen necesidades de hábitat similares, mientras que las distribuciones agregadas o heterogéneas en la misma población puede deberse a diferencias en los requerimientos de hábitat o necesidad de nichos ecológicos distintos, lo que reducirá o evitará el efecto del citotipo minoritario.

ANEXO II. Tracks realizados en el muestreo de cada una de las parcelas

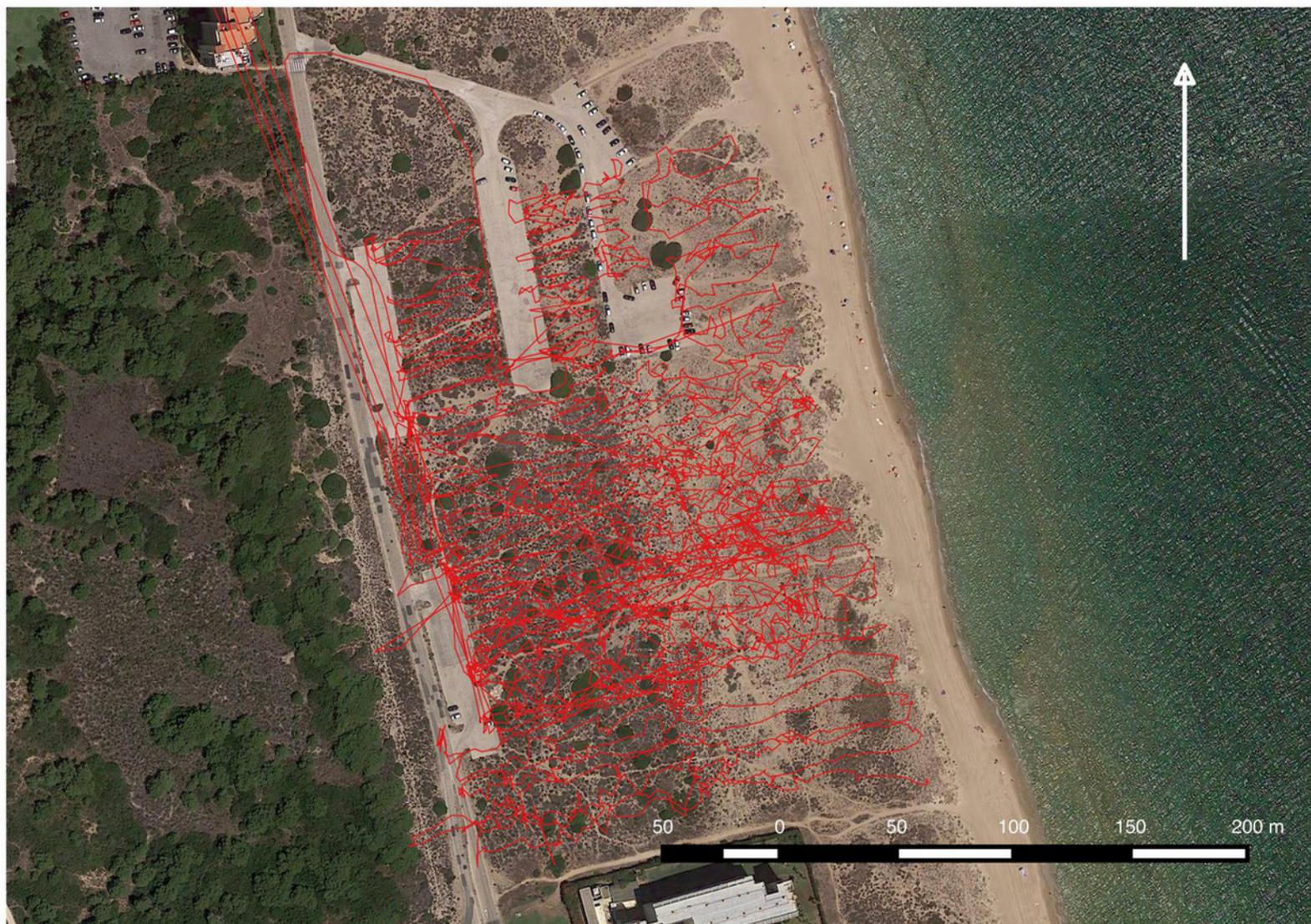
Chilches (Castellón)



Marjal dels Moros (Castellón)



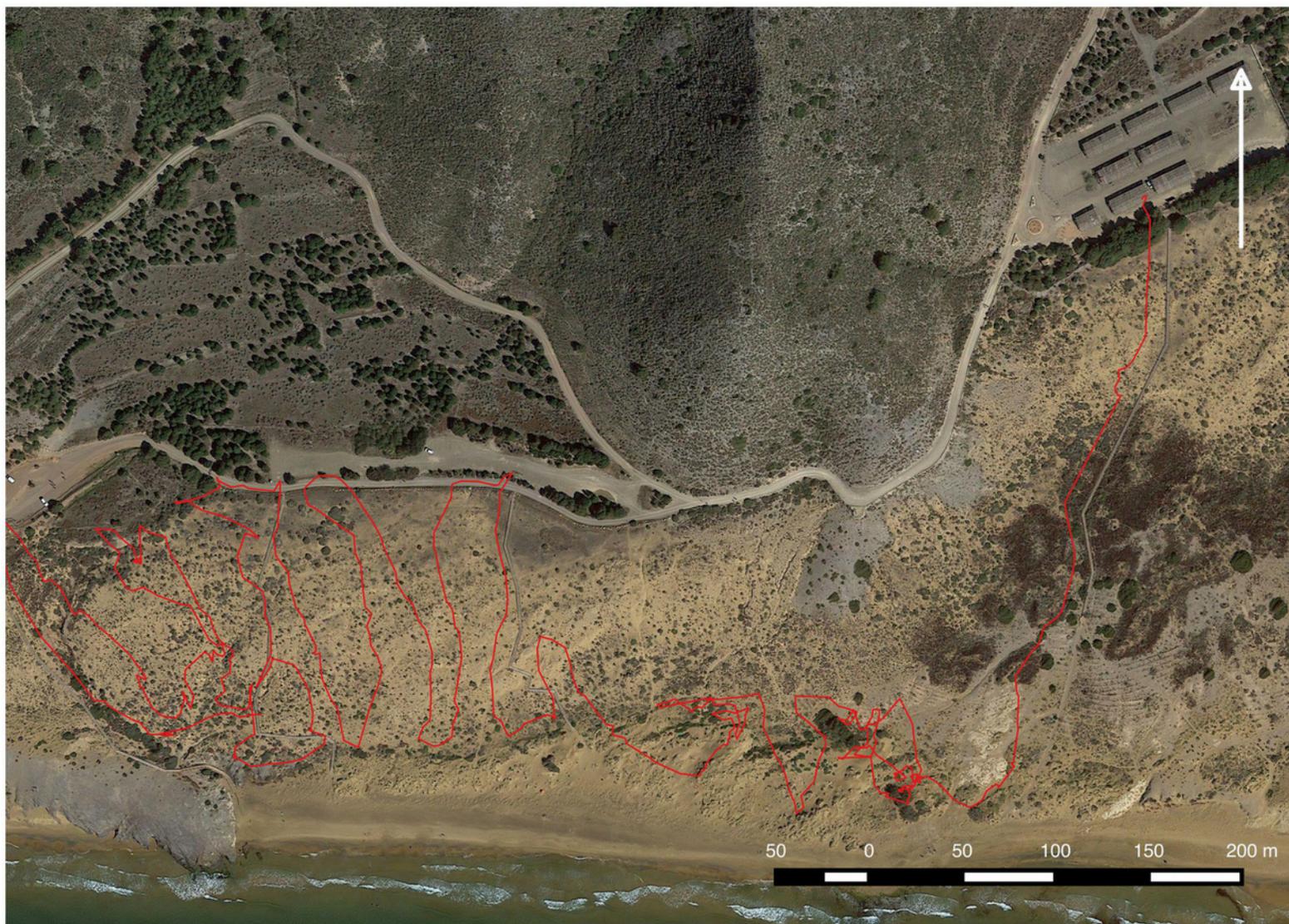
El Saler (Valencia)



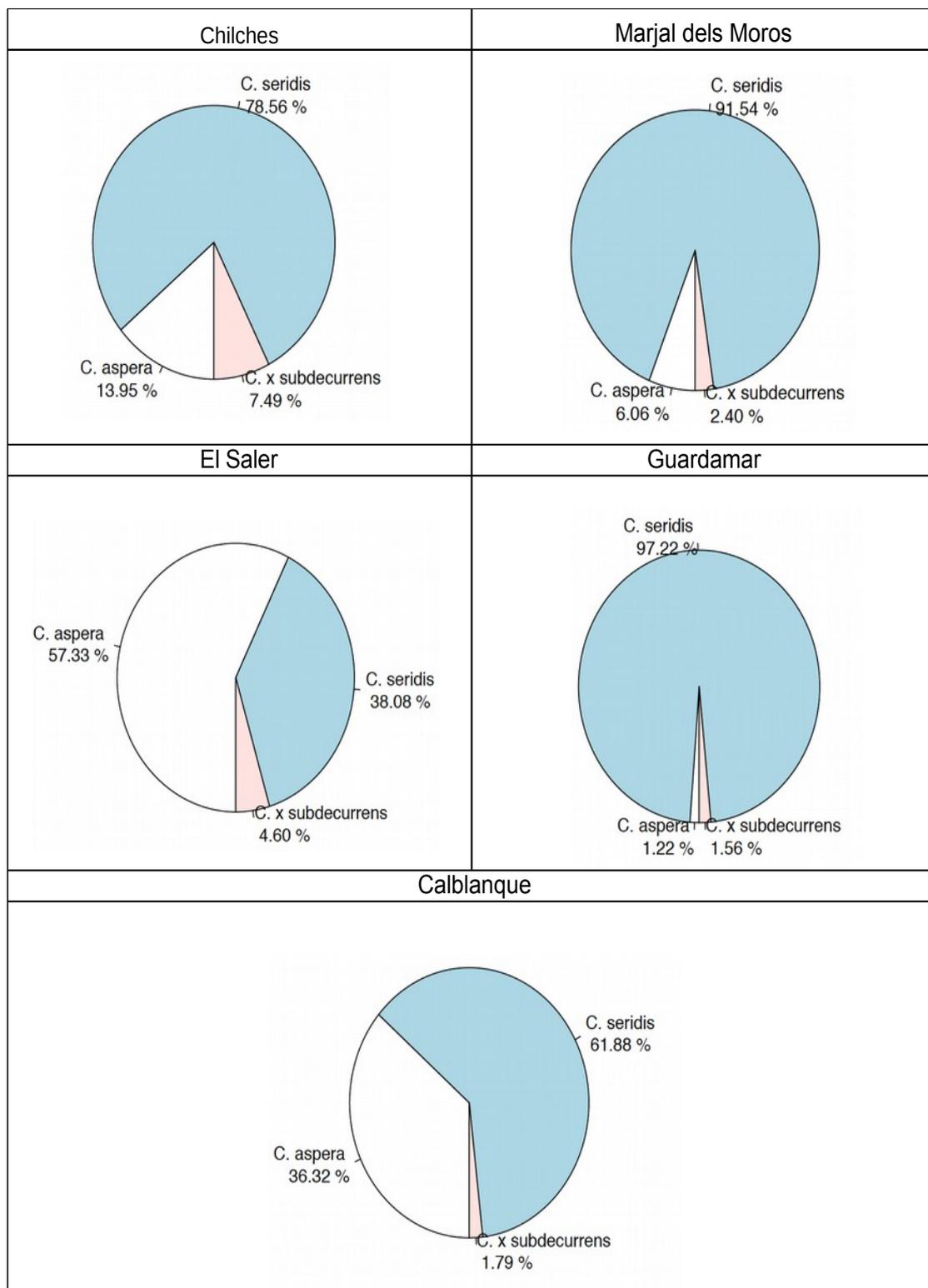
Guardamar del Segura (Alicante)



Calblanque (Murcia)



ANEXO III. Proporción de taxones en las diferentes parcelas de estudio



**ANEXO IV. Polígonos de las áreas de muestreo.
Chilches (Castellón)**



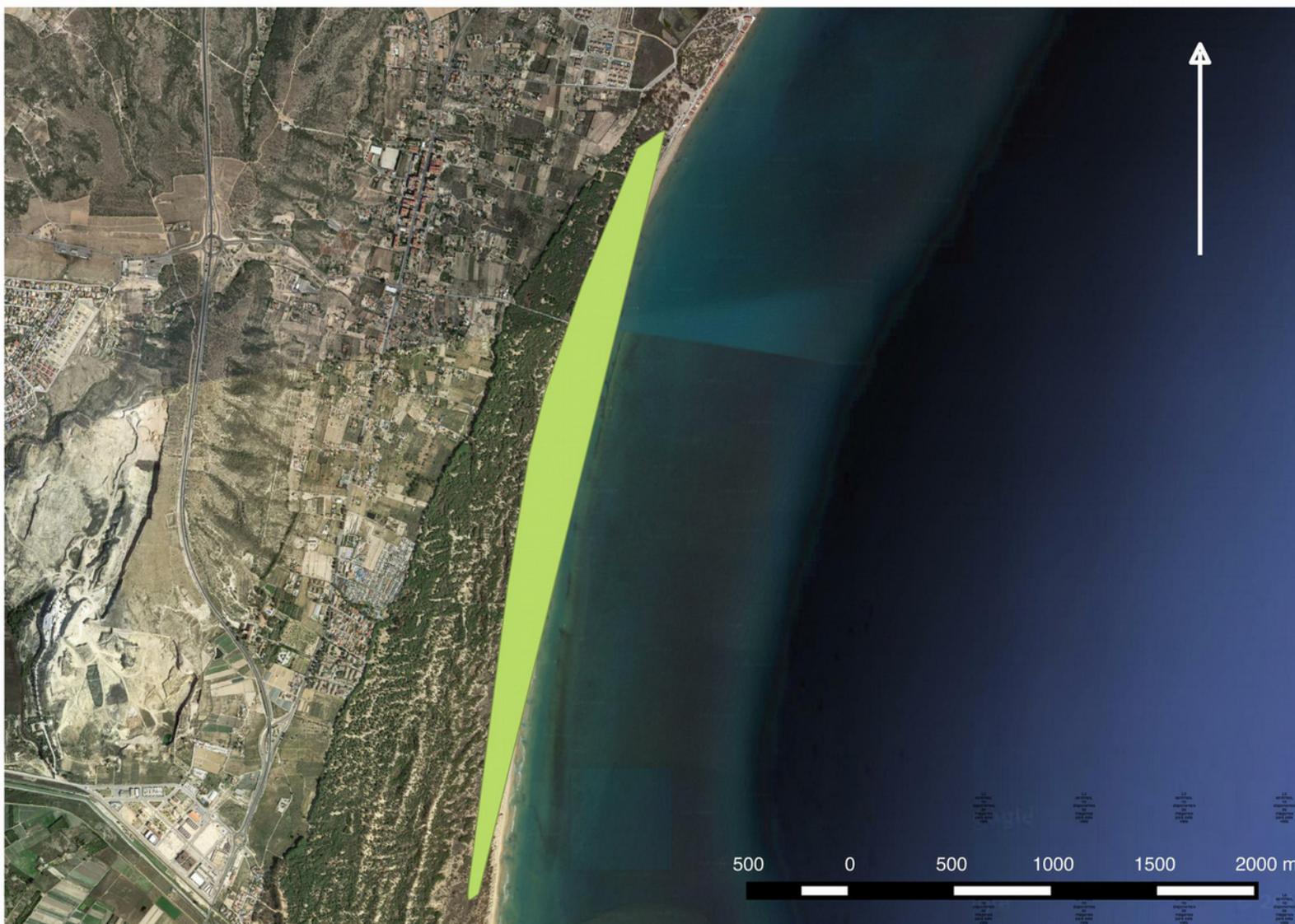
Marjal dels Moros (Castellón)



El Saler (Valencia)



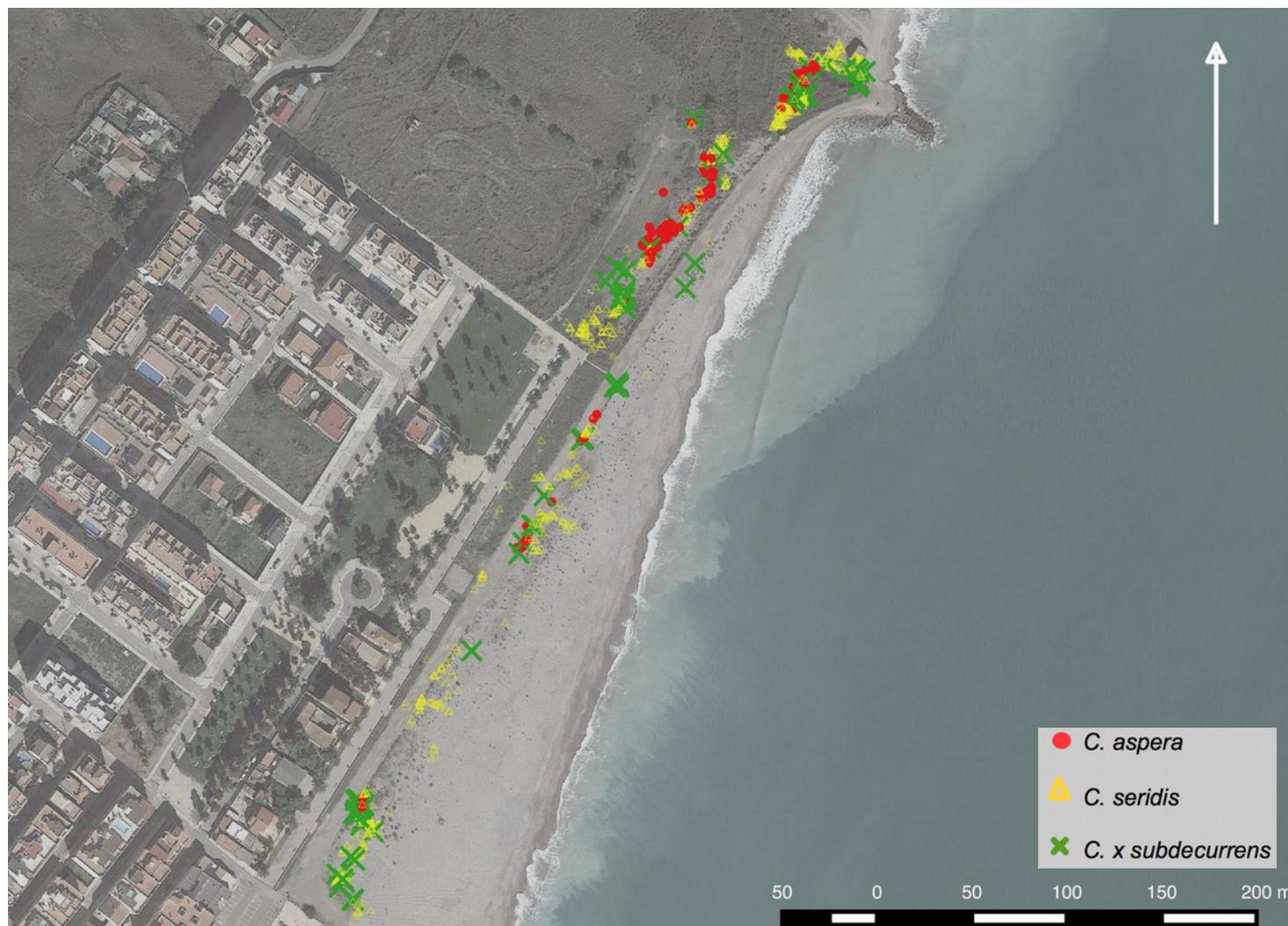
Guardamar del Segura (Alicante)



Calblanque (Murcia)



**ANEXO V. Distribución de taxones en las parcelas de muestreo
Chilches (Castellón)**



Marjal dels Moros (Castellón)



El Saler (Valencia)



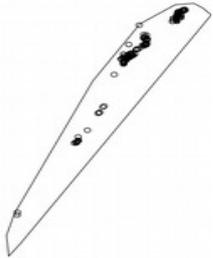
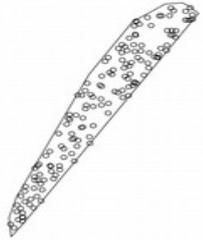
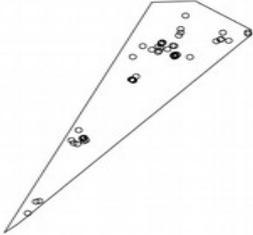
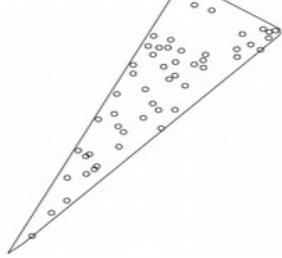
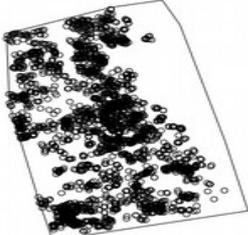
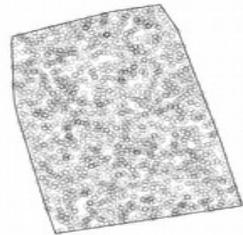
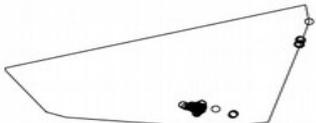
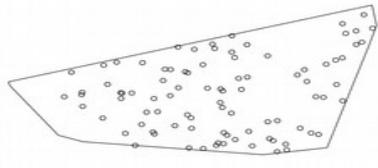
Guardamar del Segura (Alicante)

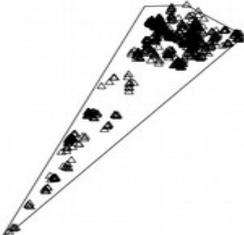
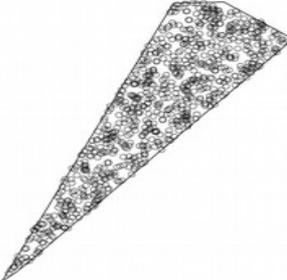
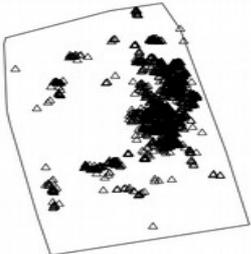
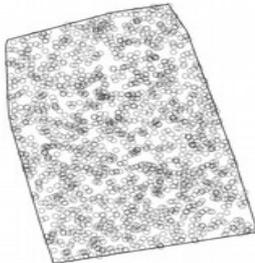
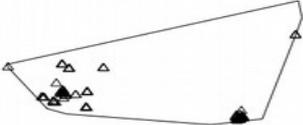
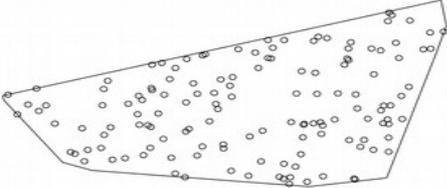


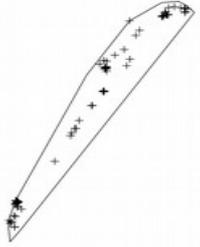
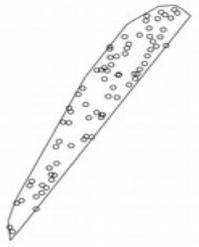
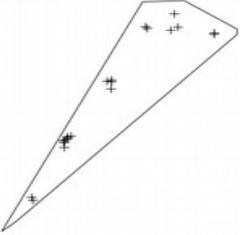
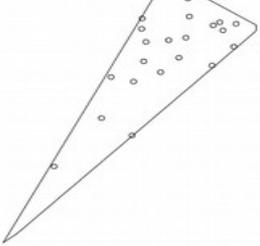
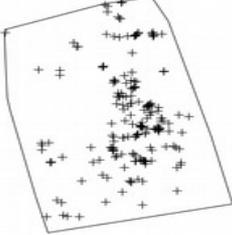
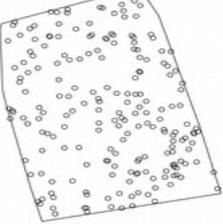
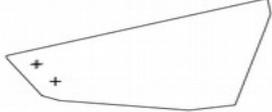
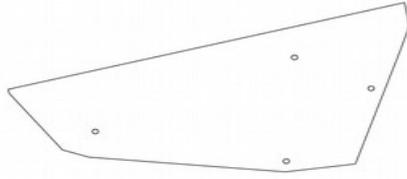
Calblanque (Murcia)



ANEXO VI. Comparativa entre distribuciones real y Poisson

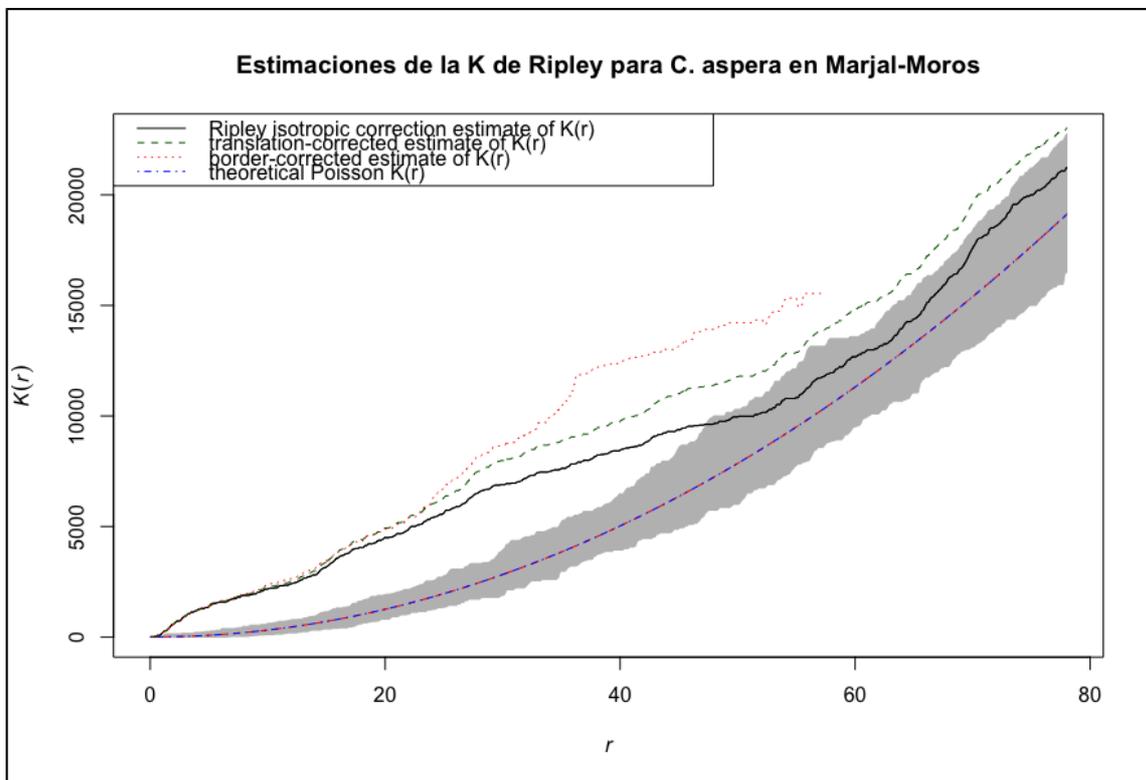
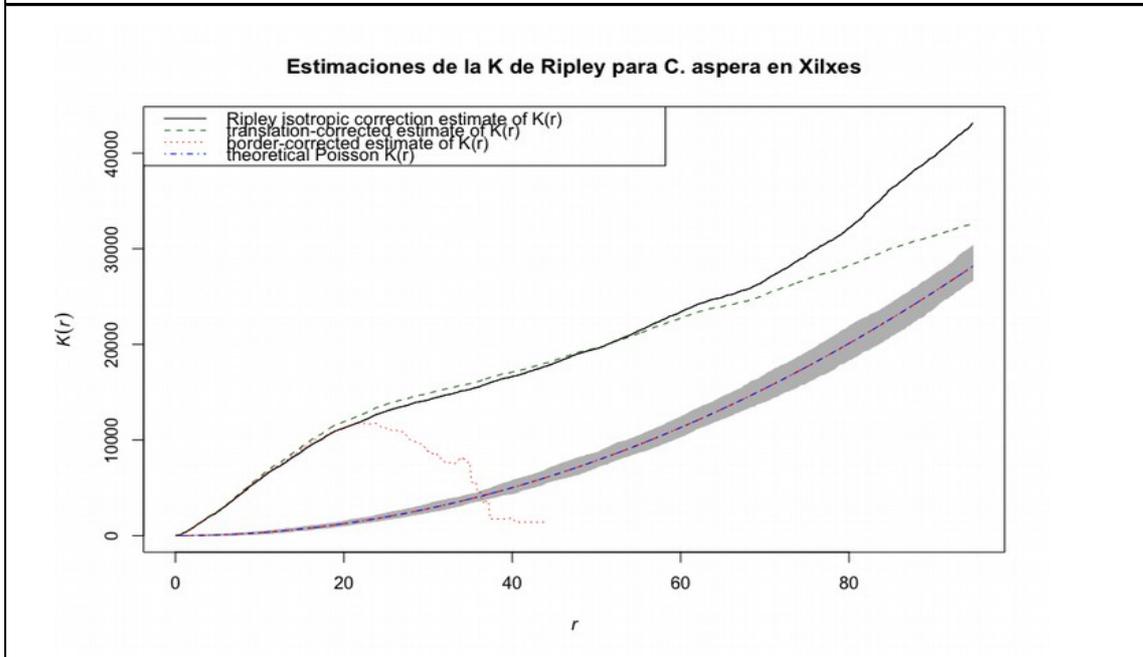
Distribución real de <i>C. aspera</i>	Distribución de Poisson de <i>C. aspera</i>
<p>C. aspera en Xilxes</p> 	<p>Mapa aleatorio de C. aspera en Xilxes</p> 
<p>C. aspera en Marjal-Moros</p> 	<p>Mapa aleatorio de C. aspera en Marjal-Moros</p> 
<p>C. aspera en Sidi-Saler</p> 	<p>Mapa aleatorio de C. aspera en Sidi-Saler</p> 
<p>C. aspera en Guardamar</p> 	<p>Mapa aleatorio de C. aspera en Guardamar</p> 
<p>C. aspera en Calblanque</p> 	<p>Mapa aleatorio de C. aspera en Calblanque</p> 

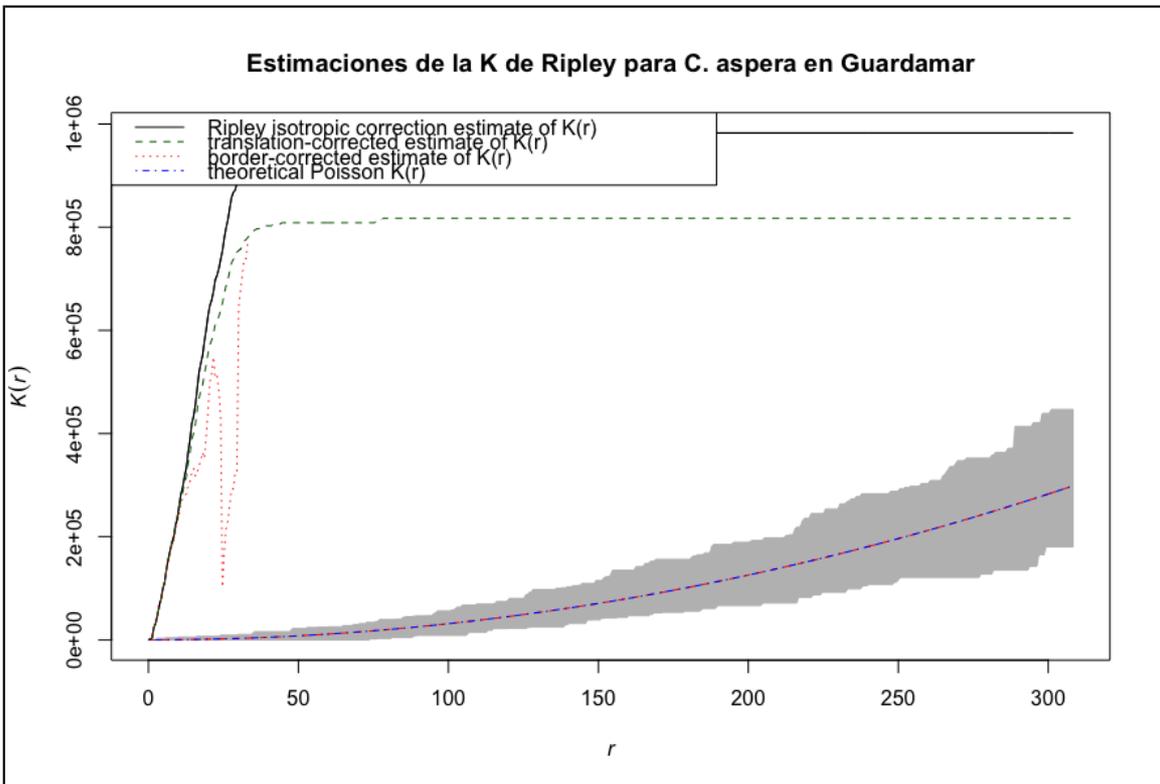
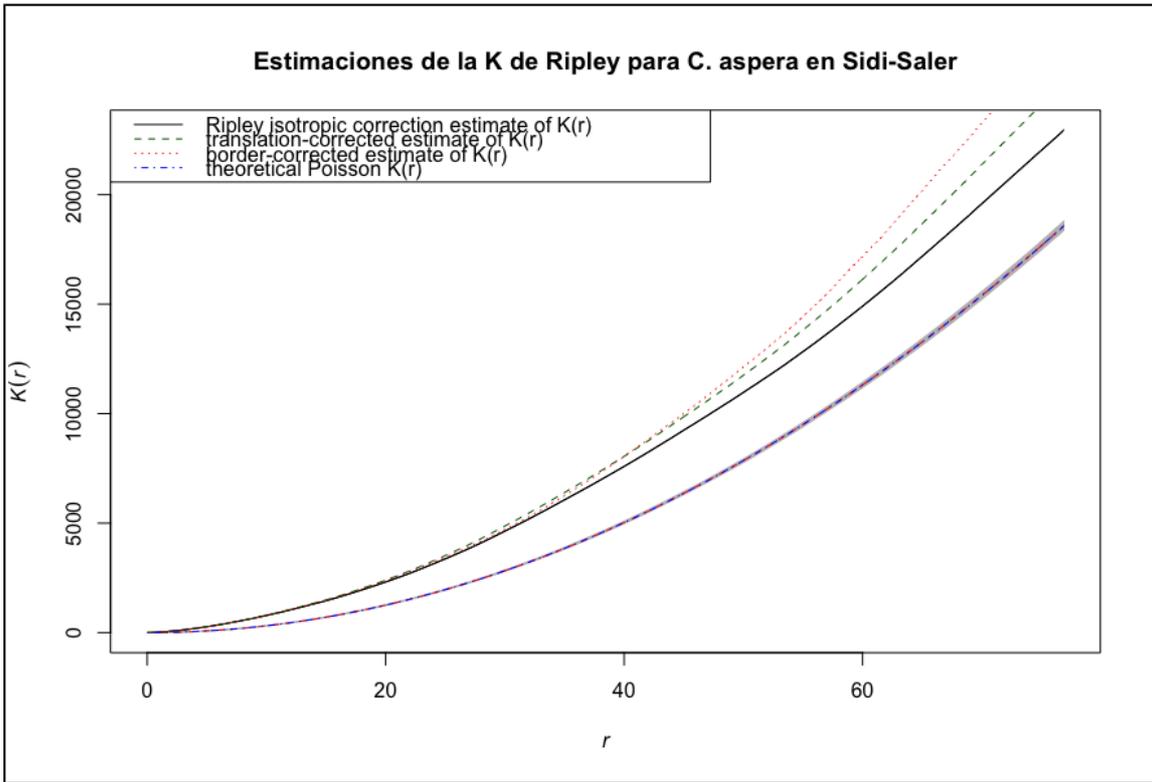
Distribución real de <i>C. seridis</i>	Distribución de Poisson de <i>C. seridis</i>
<p>C. seridis en Xilxes</p> 	<p>Mapa aleatorio de C. seridis en Xilxes</p> 
<p>C. seridis en Marjal-Moros</p> 	<p>Mapa aleatorio de C. seridis en Marjal-Moros</p> 
<p>C. seridis en Sidi-Saler</p> 	<p>Mapa aleatorio de C. seridis en Sidi-Saler</p> 
<p>C. seridis en Guardamar</p> 	<p>Mapa aleatorio de C. seridis en Guardamar</p> 
<p>C. seridis en Calblanque</p> 	<p>Mapa aleatorio de C. seridis en Calblanque</p> 

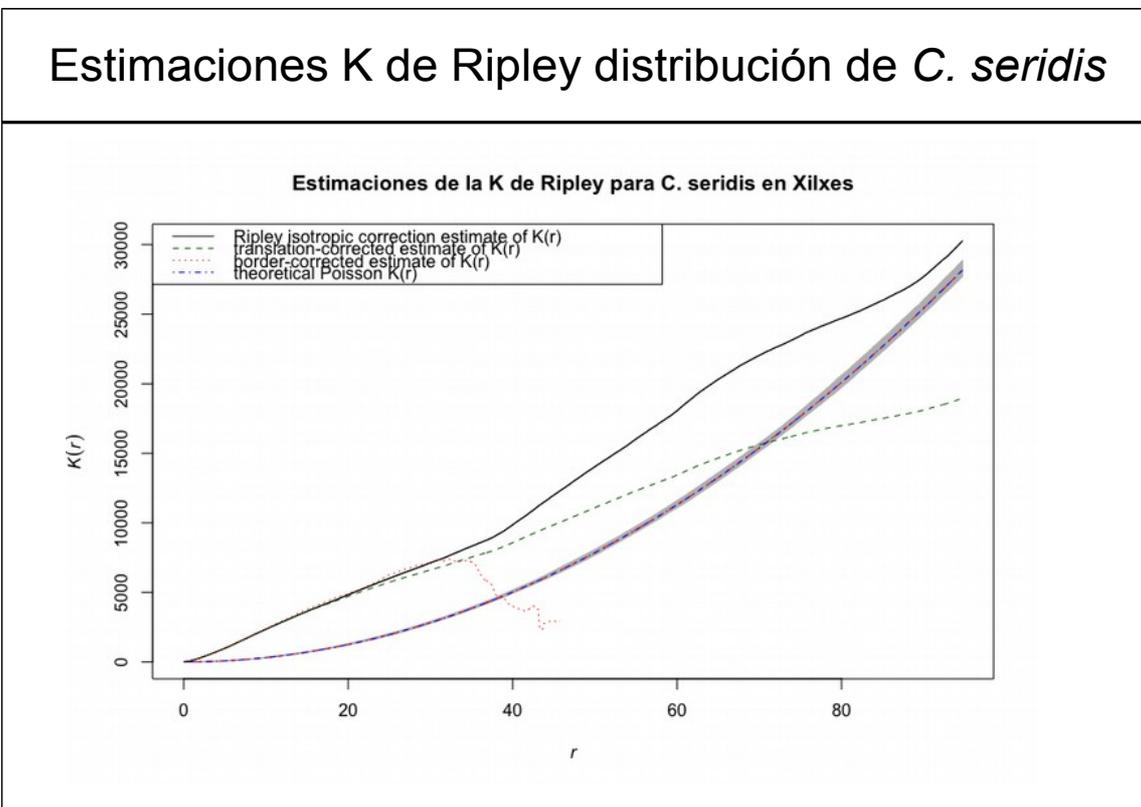
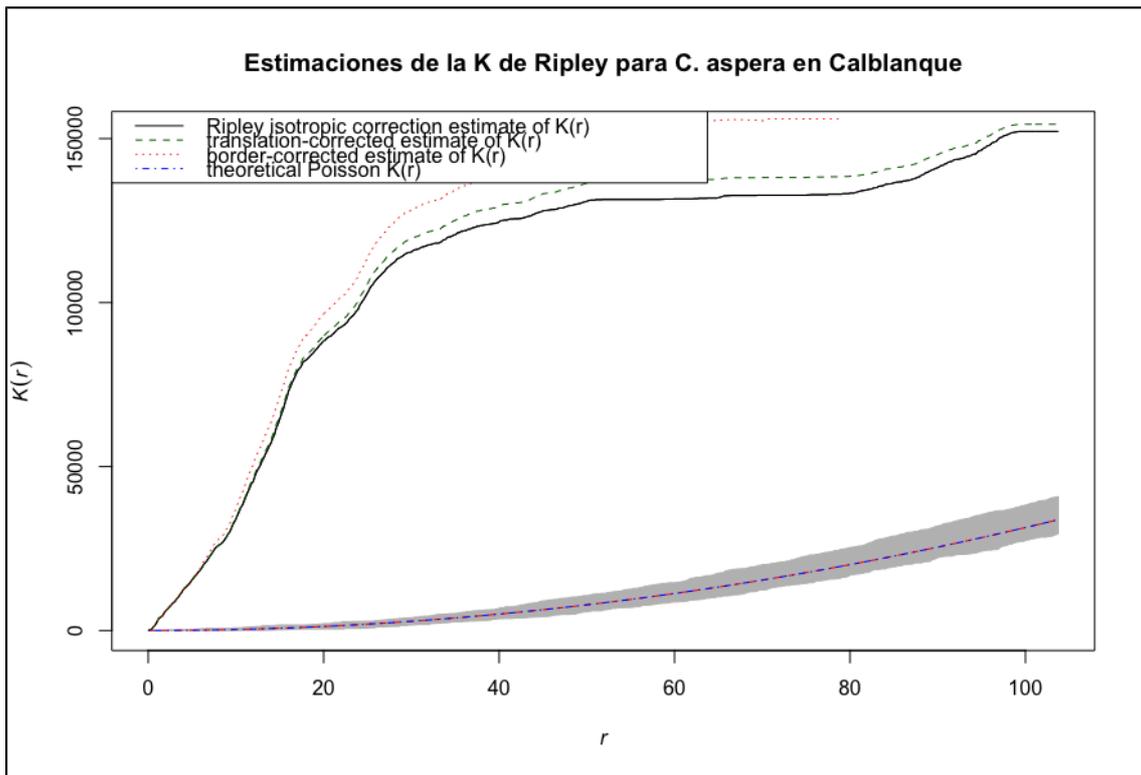
Distribución real de <i>C. x subdecurrens</i>	Distribución de Poisson de <i>C. x subdecurrens</i>
<p>C. x subdecurrens en Xilxes</p> 	<p>Mapa aleatorio de C. x subdecurrens en Xilxes</p> 
<p>C. x subdecurrens en Marjal-Moros</p> 	<p>Mapa aleatorio de C. x subdecurrens en Marjal-Moros</p> 
<p>C. x subdecurrens en Sidi-Saler</p> 	<p>Mapa aleatorio de C. x subdecurrens en Sidi-Saler</p> 
<p>C. x subdecurrens en Guardamar</p> 	<p>Mapa aleatorio de C. x subdecurrens en Guardamar</p> 
<p>C. x subdecurrens en Calblanque</p> 	<p>Mapa aleatorio de C. x subdecurrens en Calblanque</p> 

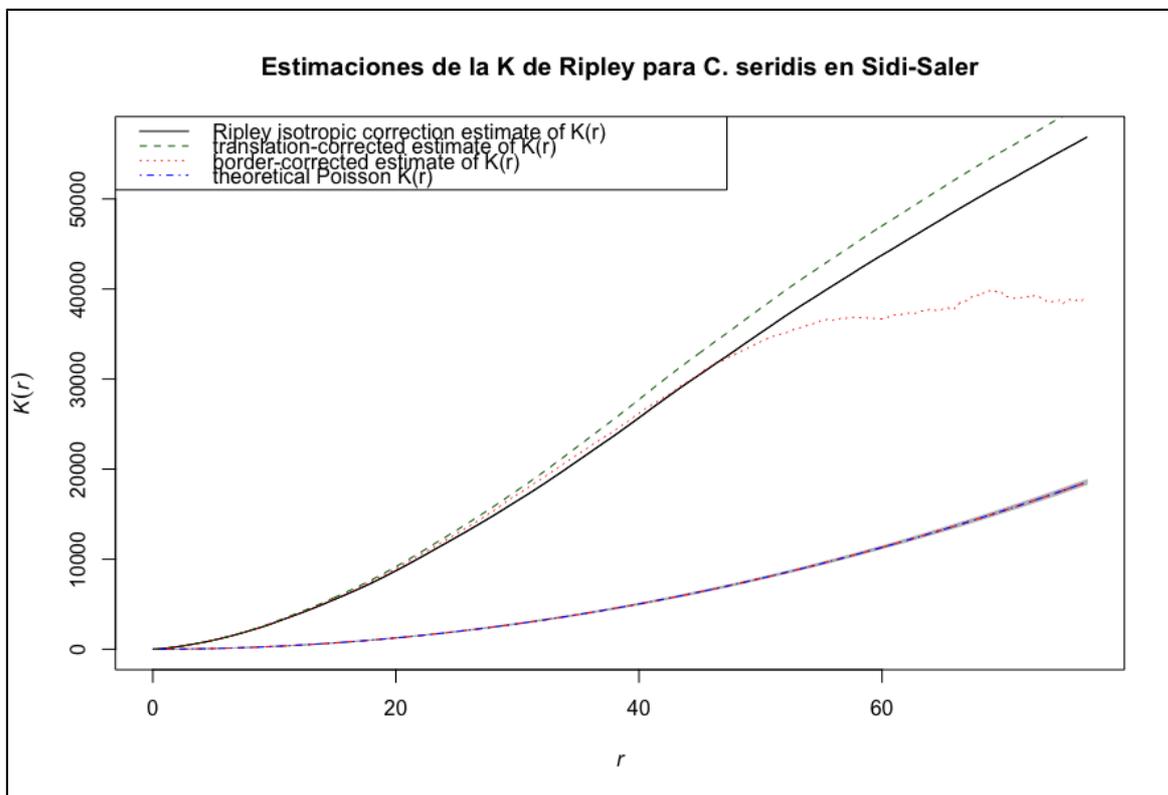
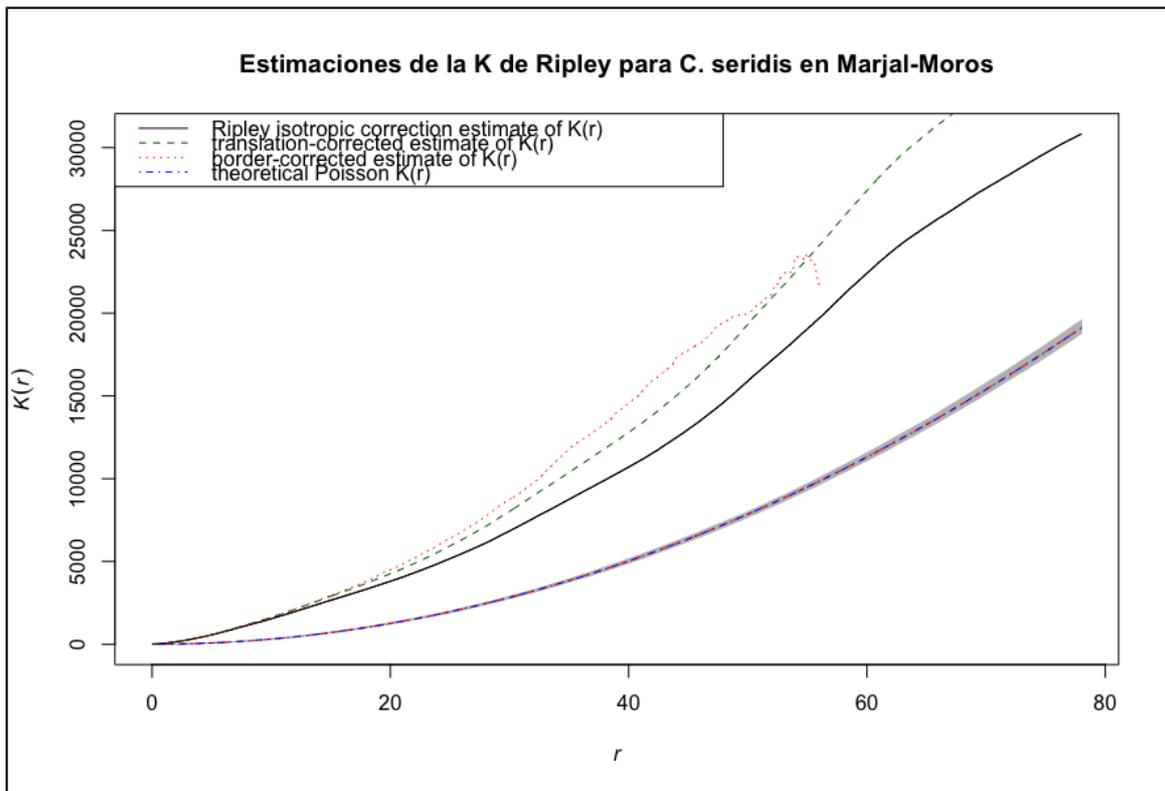
ANEXO VII. Funció K-Ripley para distribuciones reales y teóricas de Poisson

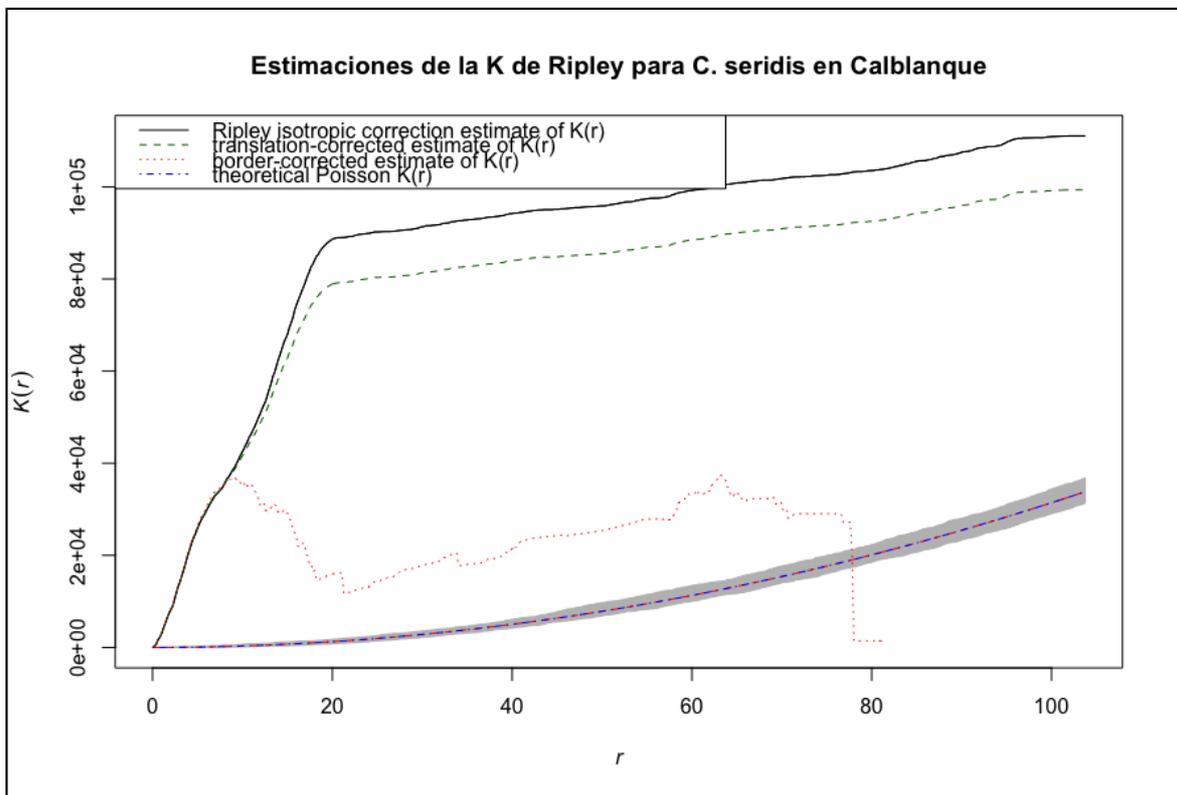
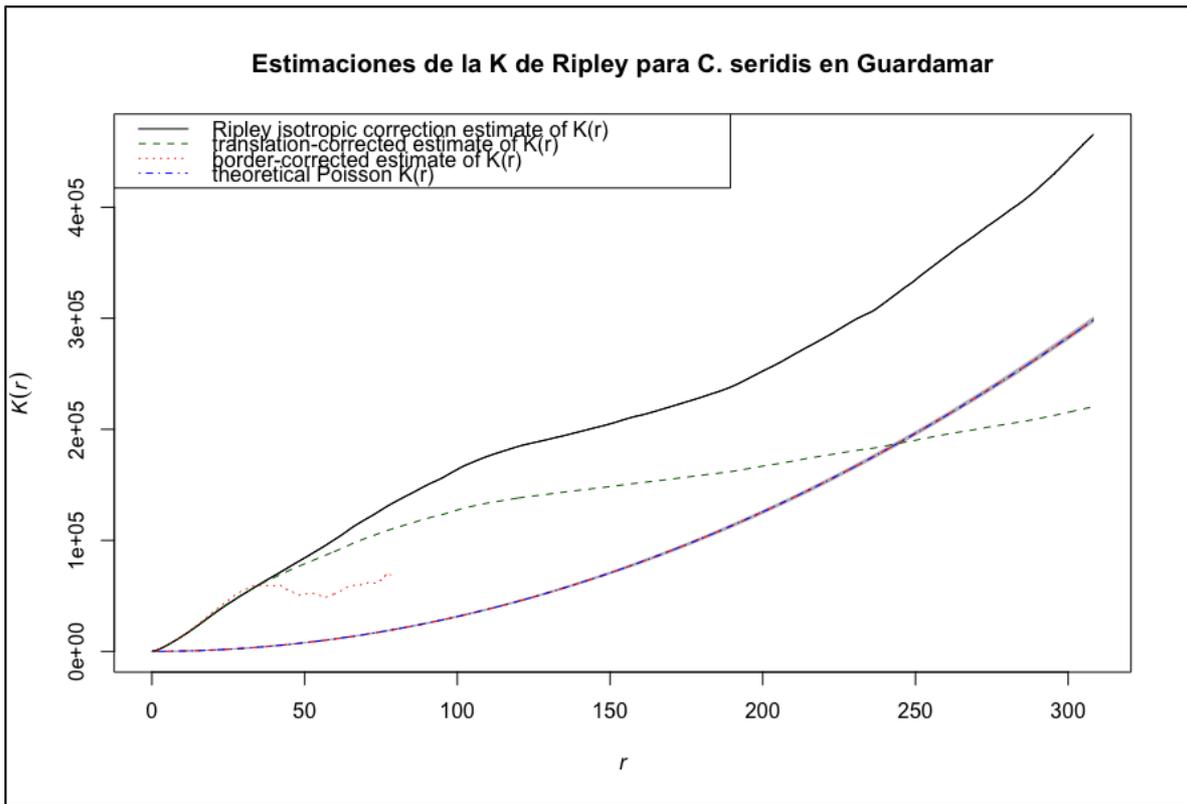
Estimaciones K de Ripley distribución de *C. aspera*



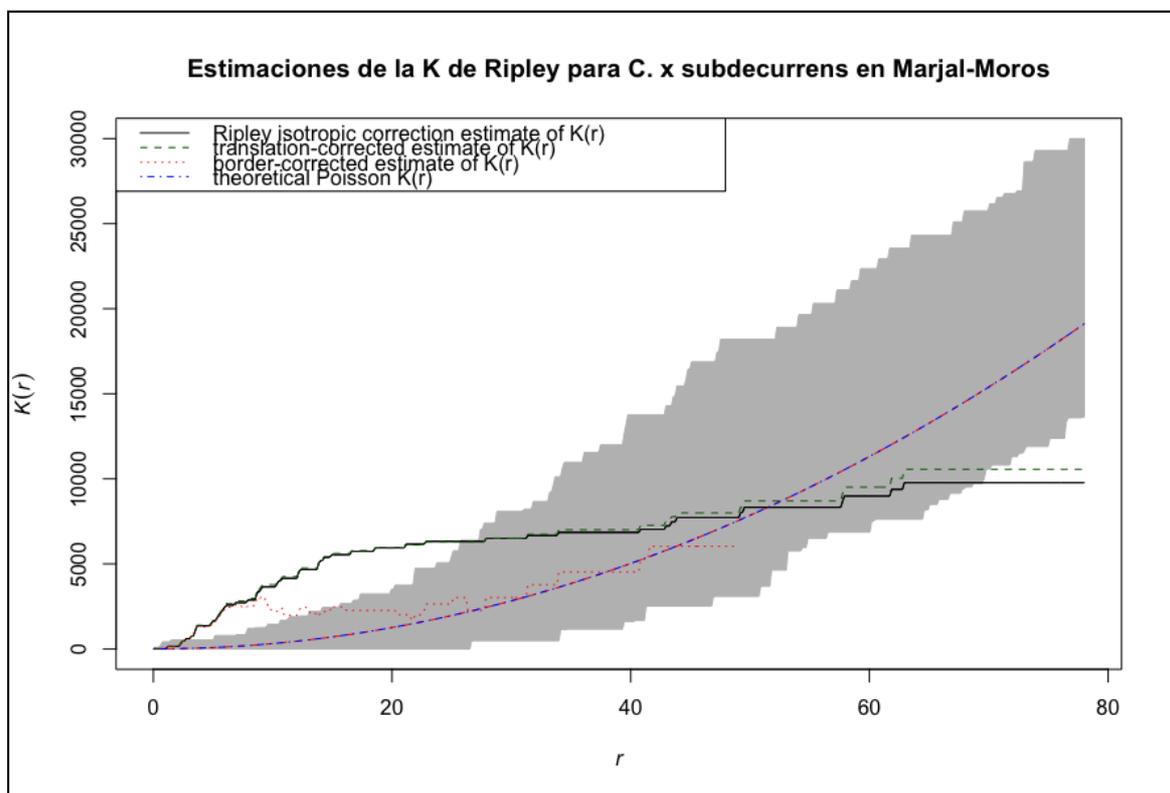
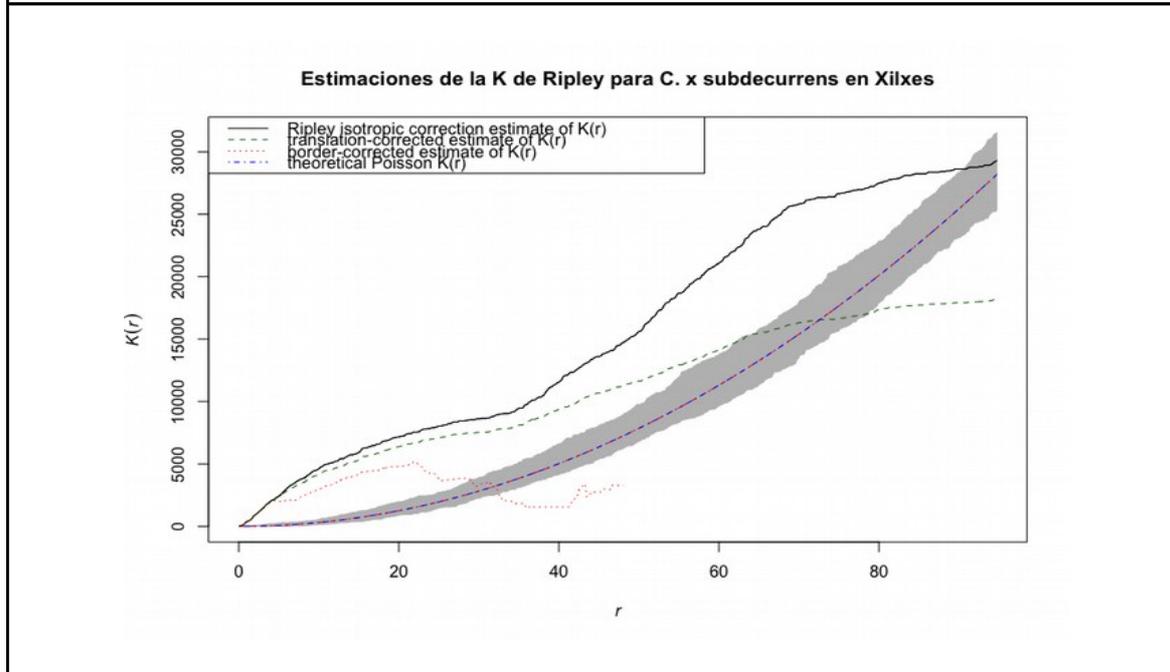


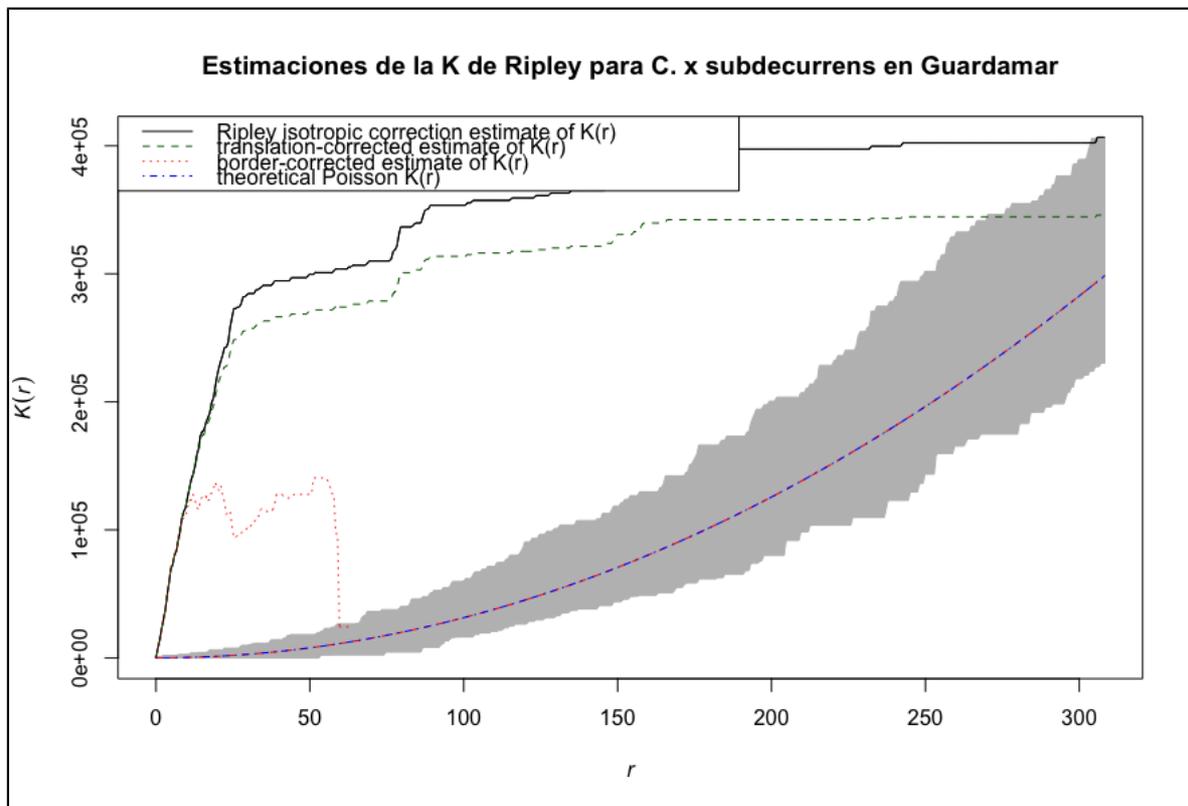
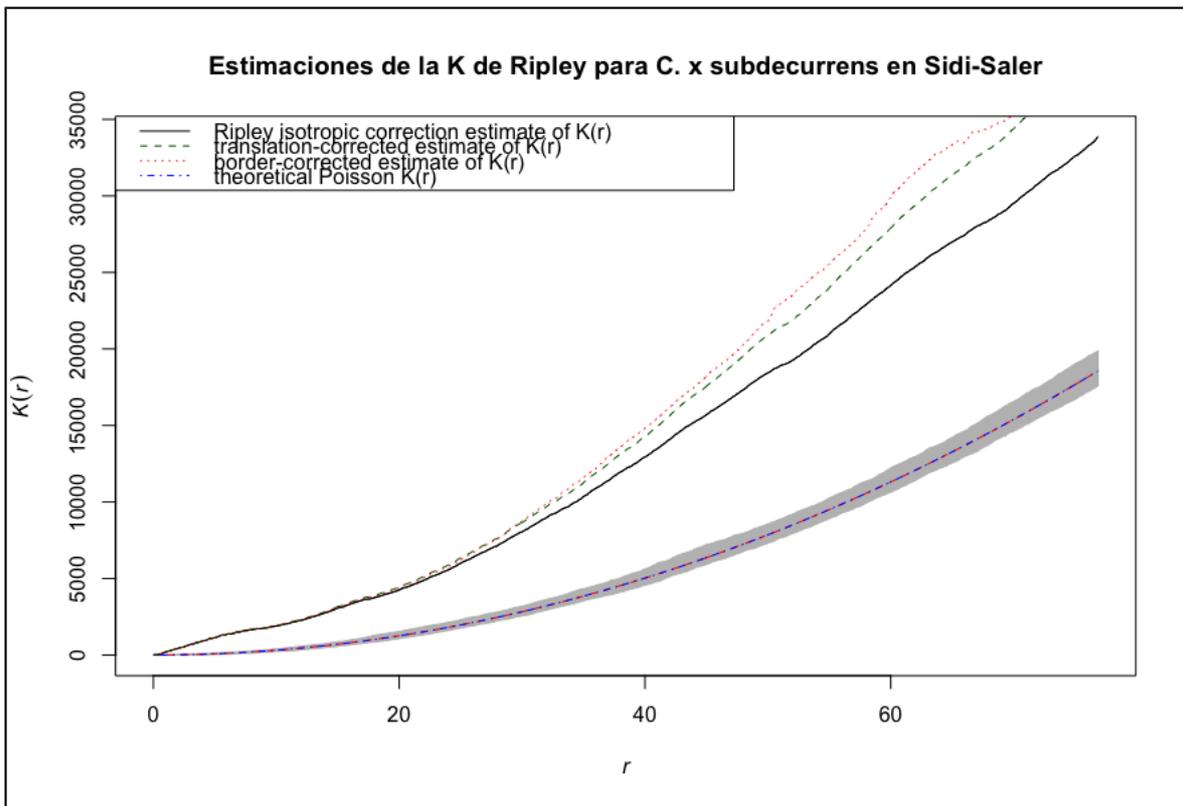


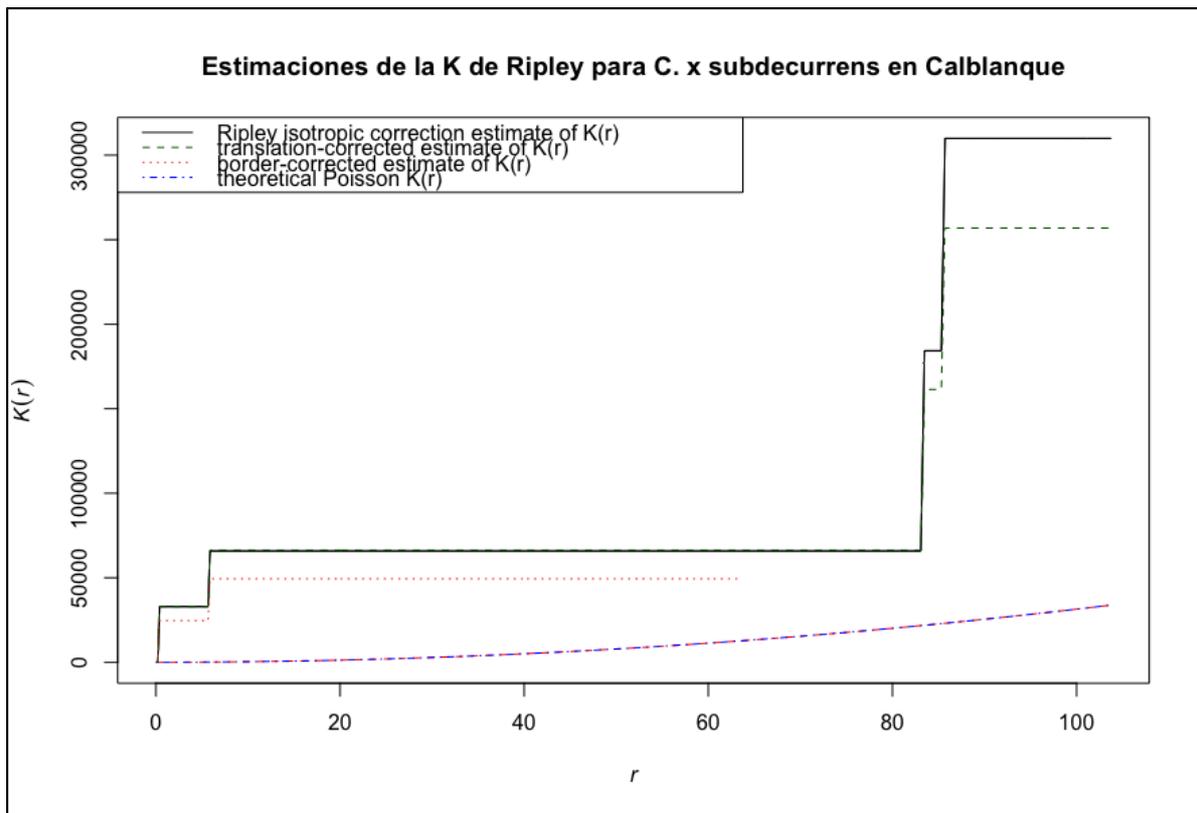




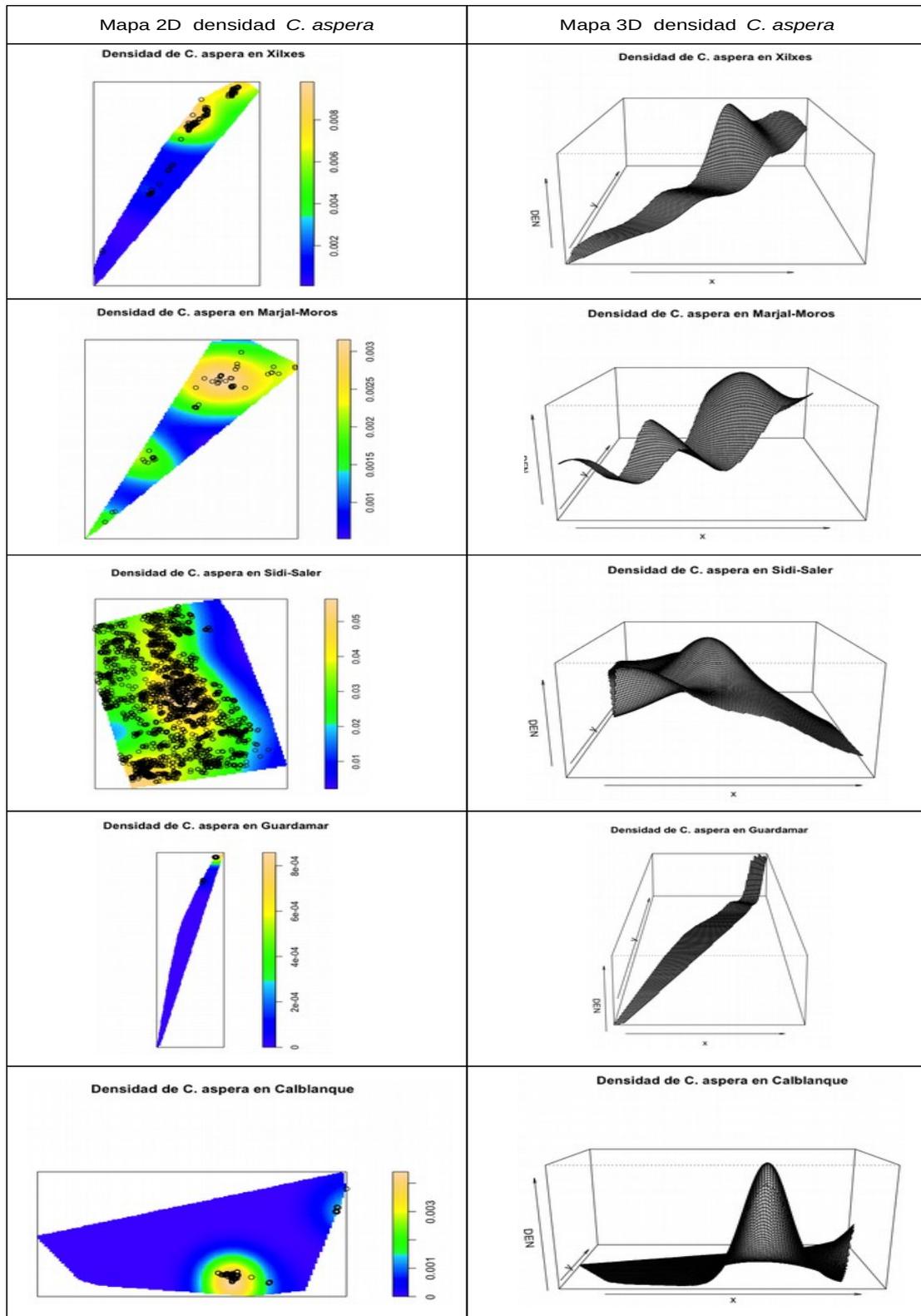
Estimaciones K de Ripley distribución de *C. x subdecurrens*

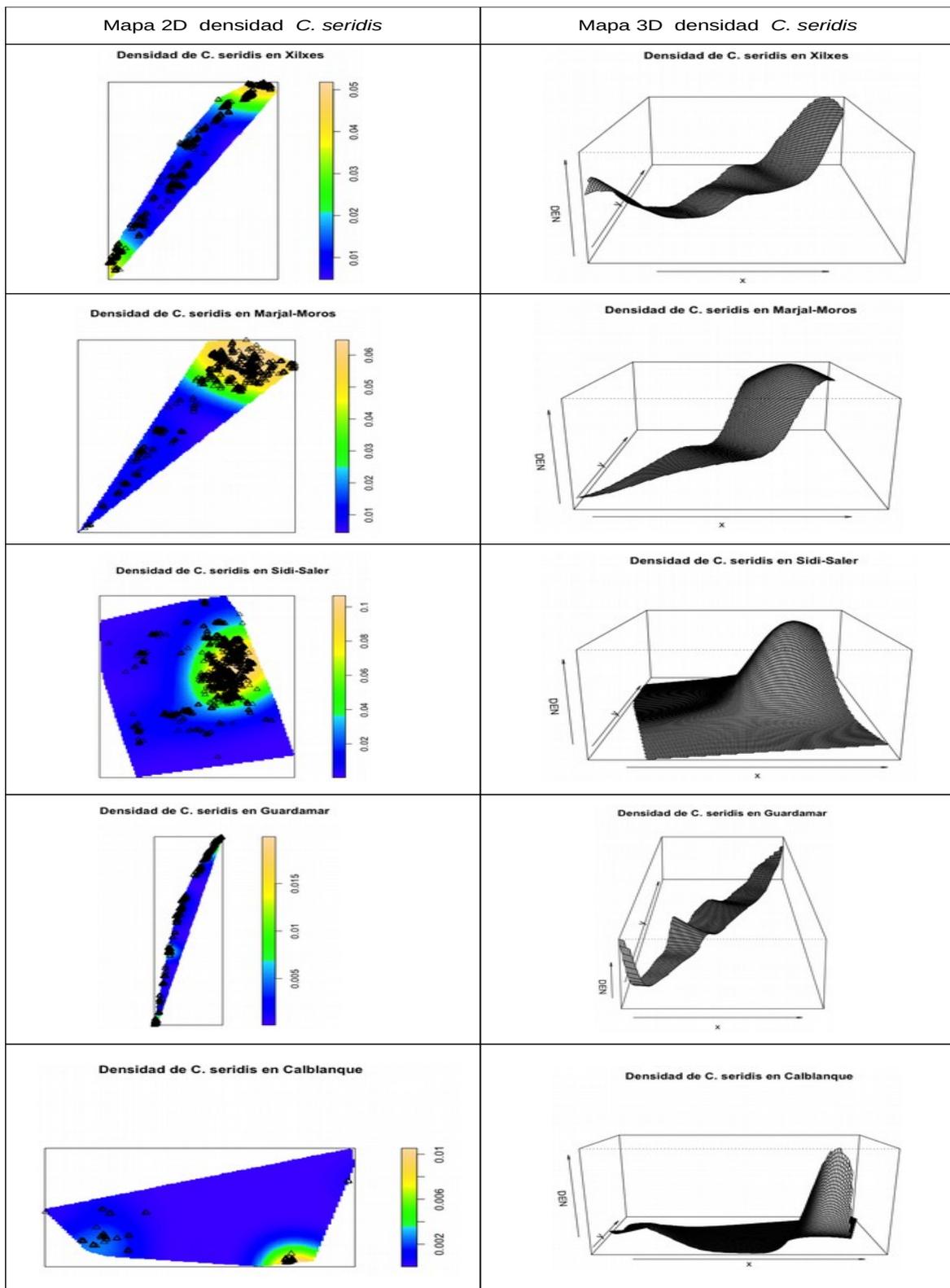


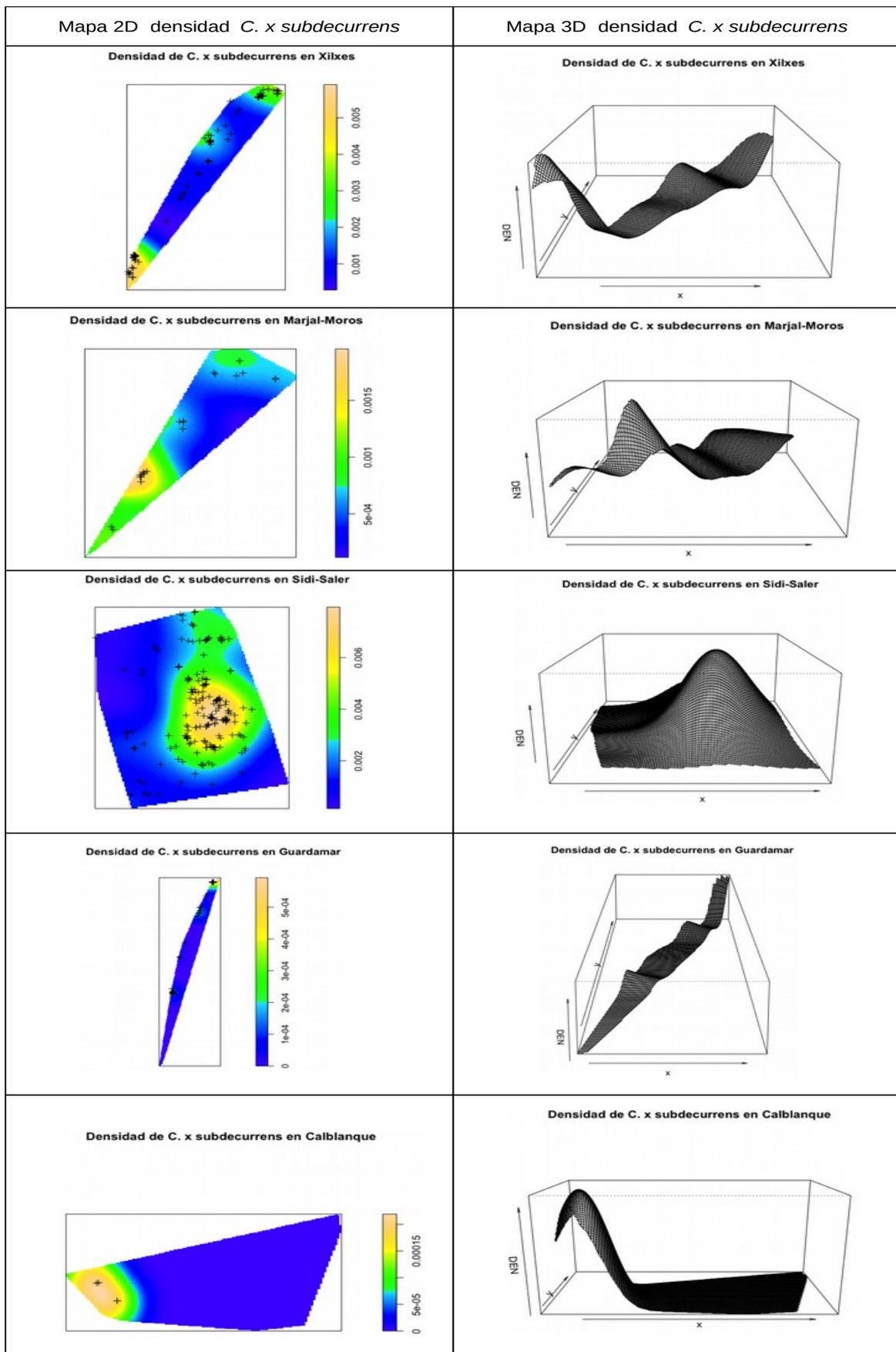




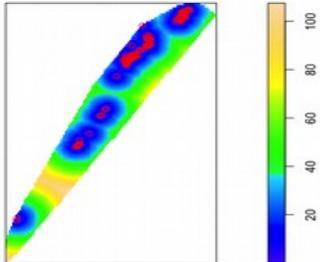
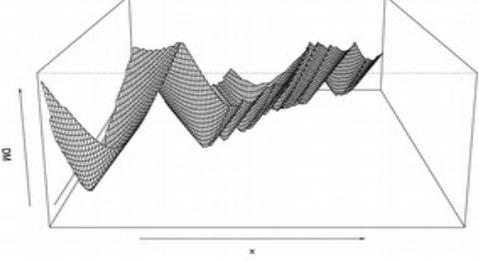
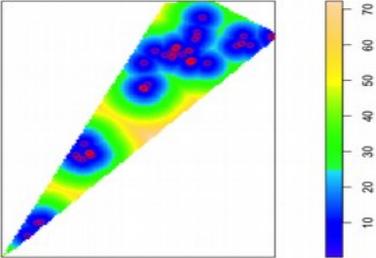
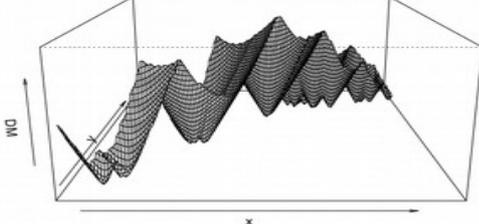
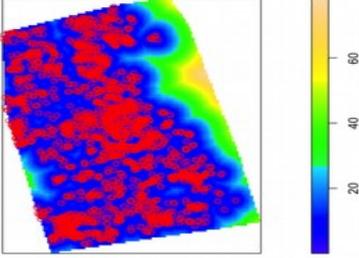
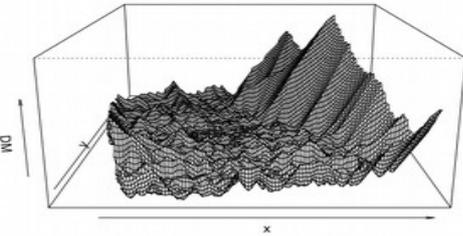
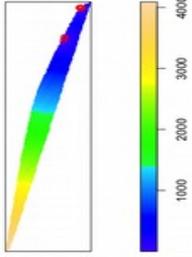
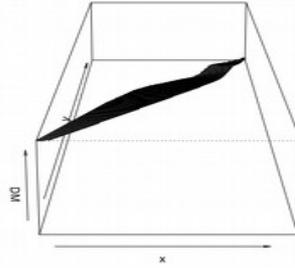
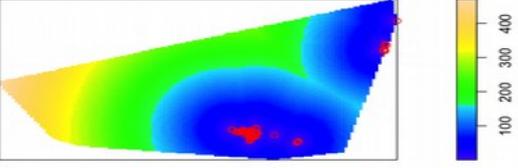
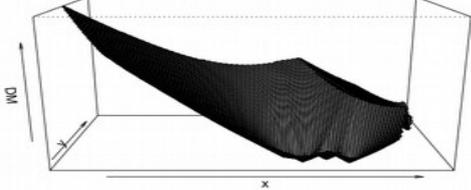
ANEXO VIII. Mapa de densidades 2D y 3D a *C. aspera*, *C. seridis* y *C. x subdecurrens*



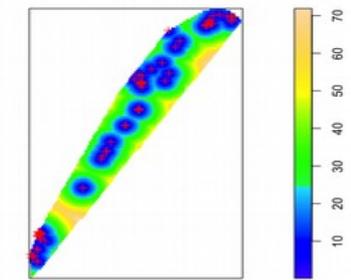
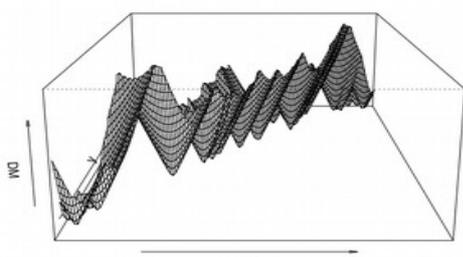
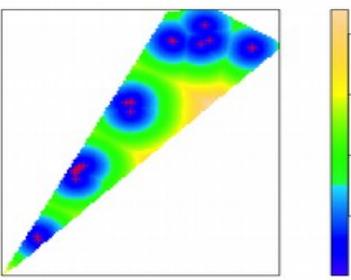
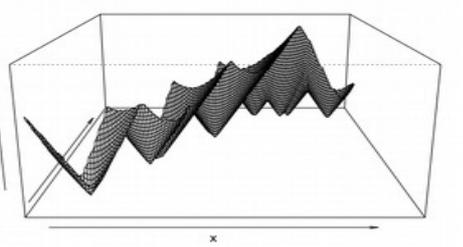
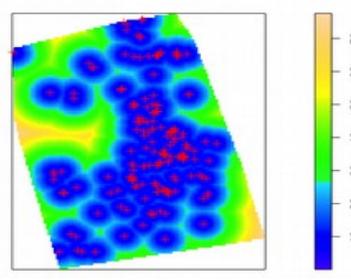
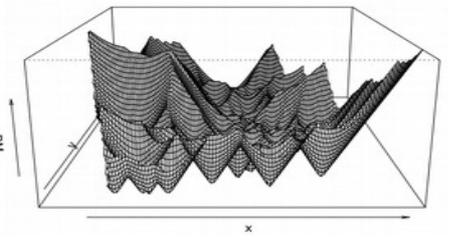
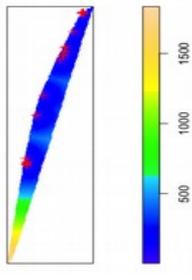
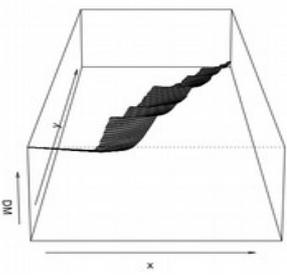
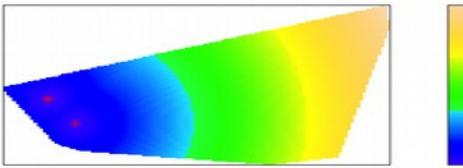
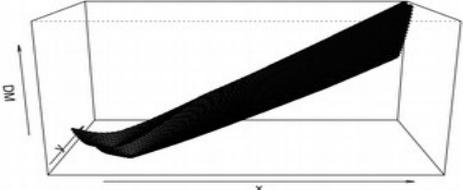




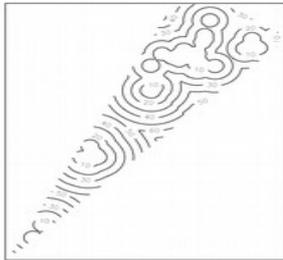
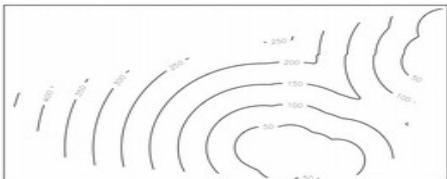
ANEXO IX. Mapa de distancias 2D y 3D a *C. aspera*, *C. seridis* y *C. x subdecurrens*

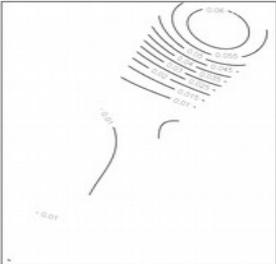
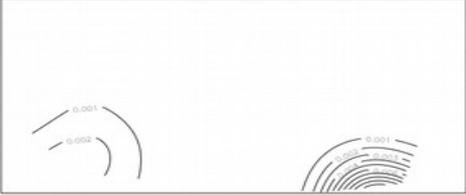
Mapa 2D distancias a <i>C. aspera</i>	Mapa 3D distancias a <i>C. aspera</i>
<p>Mapa de distancias a <i>C. aspera</i> en Xilxes</p> 	<p>Mapa de distancias a <i>C. aspera</i> en Xilxes</p> 
<p>Mapa de distancias a <i>C. aspera</i> en Marjal-Moros</p> 	<p>Mapa de distancias a <i>C. aspera</i> en Marjal-Moros</p> 
<p>Mapa de distancias a <i>C. aspera</i> en Sidi-Saler</p> 	<p>Mapa de distancias a <i>C. aspera</i> en Sidi-Saler</p> 
<p>Mapa de distancias a <i>C. aspera</i> en Guardamar</p> 	<p>Mapa de distancias a <i>C. aspera</i> en Guardamar</p> 
<p>Mapa de distancias a <i>C. aspera</i> en Calblanque</p> 	<p>Mapa de distancias a <i>C. aspera</i> en Calblanque</p> 

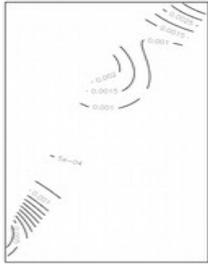
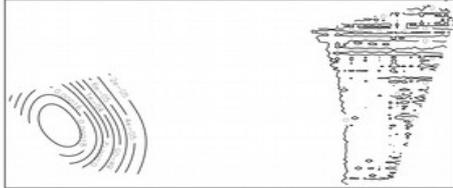
Mapa 2D distancias a <i>C. seridis</i>	Mapa 3D distancias a <i>C. seridis</i>
<p>Mapa de distancias a <i>C. seridis</i> en Xilxes</p>	<p>Mapa de distancias a <i>C. seridis</i> en Xilxes</p>
<p>Mapa de distancias a <i>C. seridis</i> en Marjal-Moros</p>	<p>Mapa de distancias a <i>C. seridis</i> en Marjal-Moros</p>
<p>Mapa de distancias a <i>C. seridis</i> en Sidi-Saler</p>	<p>Mapa de distancias a <i>C. seridis</i> en Sidi-Saler</p>
<p>Mapa de distancias a <i>C. seridis</i> en Guardamar</p>	<p>Mapa de distancias a <i>C. seridis</i> en Guardamar</p>
<p>Mapa de distancias a <i>C. seridis</i> en Calblanque</p>	<p>Mapa de distancias a <i>C. seridis</i> en Calblanque</p>

Mapa 2D distancias a C. x subdecurrens	Mapa 3D distancias a C. x subdecurrens
<p>Mapa de distancias a C. x subdecurrens en Xilxes</p> 	<p>Mapa de distancias a C. x subdecurrens en Xilxes</p> 
<p>Mapa de distancias a C. x subdecurrens en Marjal-Moros</p> 	<p>Mapa de distancias a C. x subdecurrens en Marjal-Moros</p> 
<p>Mapa de distancias a C. x subdecurrens en Sidi-Saler</p> 	<p>Mapa de distancias a C. x subdecurrens en Sidi-Saler</p> 
<p>Mapa de distancias a C. x subdecurrens en Guardamar</p> 	<p>Mapa de distancias a C. x subdecurrens en Guardamar</p> 
<p>Mapa de distancias a C. x subdecurrens en Calblanque</p> 	<p>Mapa de distancias a C. x subdecurrens en Calblanque</p> 

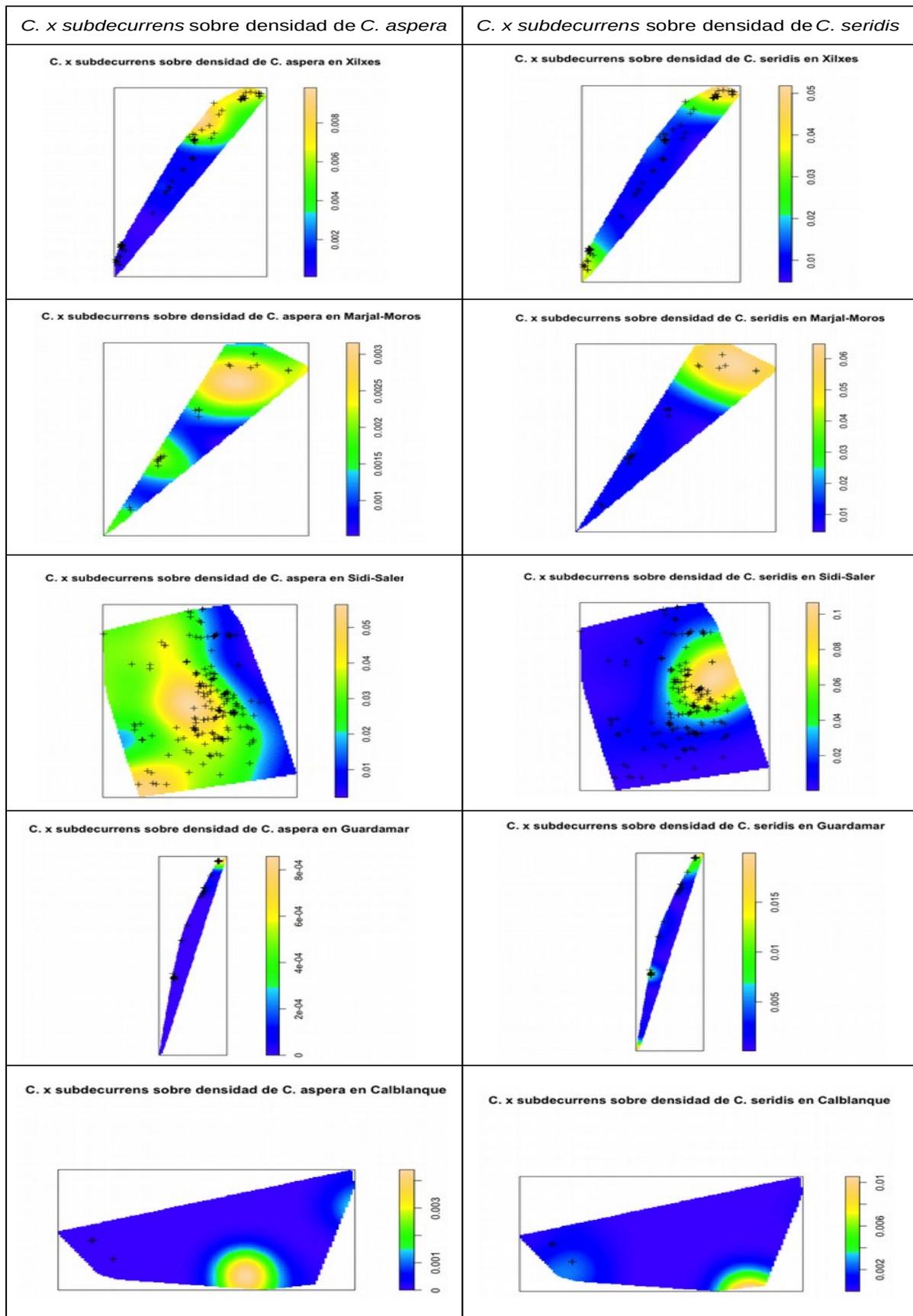
ANEXO X. Mapa de distancias y densidades representado con curvas de nivel

Densidad <i>C. aspera</i>	Distancia a <i>C. aspera</i>
<p>Densidad de <i>C. aspera</i> en Xilxes</p> 	<p>Mapa de distancias a <i>C. aspera</i> en Xilxes</p> 
<p>Densidad de <i>C. aspera</i> en Marjal-Moros</p> 	<p>Mapa de distancias a <i>C. aspera</i> en Marjal-Moros</p> 
<p>Densidad de <i>C. aspera</i> en Sidi-Saler</p> 	<p>Mapa de distancias a <i>C. aspera</i> en Sidi-Saler</p> 
<p>Densidad de <i>C. aspera</i> en Guardamar</p> 	<p>Mapa de distancias a <i>C. aspera</i> en Guardamar</p> 
<p>Densidad de <i>C. aspera</i> en Calblanque</p> 	<p>Mapa de distancias a <i>C. aspera</i> en Calblanque</p> 

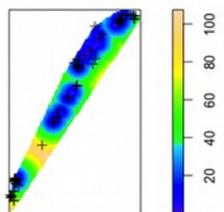
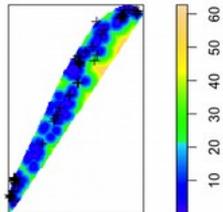
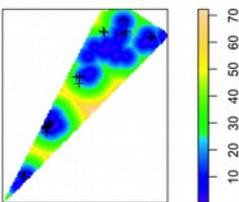
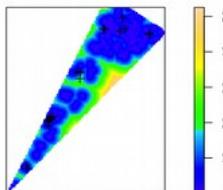
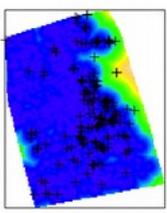
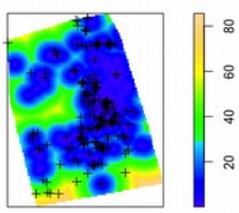
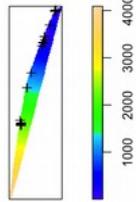
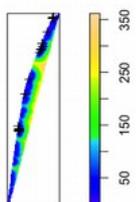
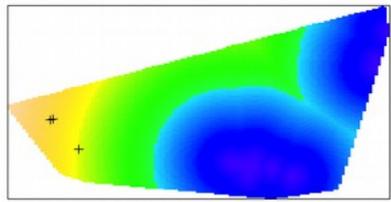
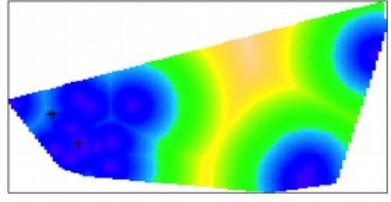
Densidad <i>C. seridis</i>	Distancia a <i>C. seridis</i>
<p>Densidad de <i>C. seridis</i> en Xilxes</p> 	<p>Mapa de distancias a <i>C. seridis</i> en Xilxes</p> 
<p>Densidad de <i>C. seridis</i> en Marjal-Moros</p> 	<p>Mapa de distancias a <i>C. seridis</i> en Marjal-Moros</p> 
<p>Densidad de <i>C. seridis</i> en Sidi-Saler</p> 	<p>Mapa de distancias a <i>C. seridis</i> en Sidi-Saler</p> 
<p>Densidad de <i>C. seridis</i> en Guardamar</p> 	<p>Mapa de distancias a <i>C. seridis</i> en Guardamar</p> 
<p>Densidad de <i>C. seridis</i> en Calblanque</p> 	<p>Mapa de distancias a <i>C. seridis</i> en Calblanque</p> 

Densidad <i>C. x subdecurrens</i>	Distancia a <i>C. x subdecurrens</i>
<p>Densidad de <i>C. x subdecurrens</i> en Xilxes</p> 	<p>Mapa de distancias a <i>C. x subdecurrens</i> en Xilxes</p> 
<p>Densidad de <i>C. x subdecurrens</i> en Marjal-Moros</p> 	<p>Mapa de distancias a <i>C. x subdecurrens</i> en Marjal-Moros</p> 
<p>Densidad de <i>C. x subdecurrens</i> en Sidi-Saler</p> 	<p>Mapa de distancias a <i>C. x subdecurrens</i> en Sidi-Saler</p> 
<p>Densidad de <i>C. x subdecurrens</i> en Guardamar</p> 	<p>Mapa de distancias a <i>C. x subdecurrens</i> en Guardamar</p> 
<p>Densidad de <i>C. x subdecurrens</i> en Calblanque</p> 	<p>Mapa de distancias a <i>C. x subdecurrens</i> en Calblanque</p> 

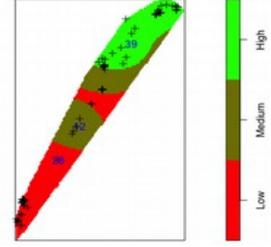
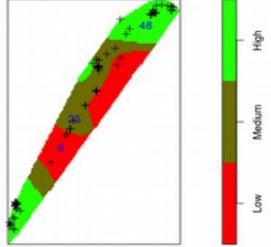
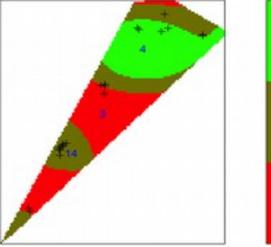
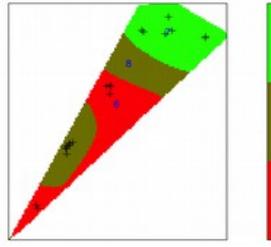
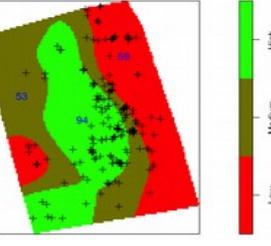
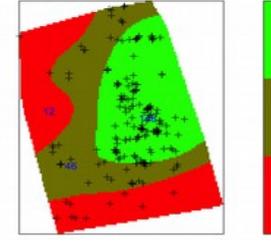
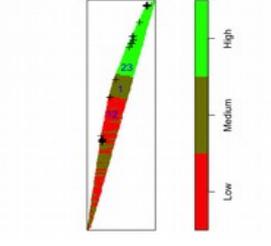
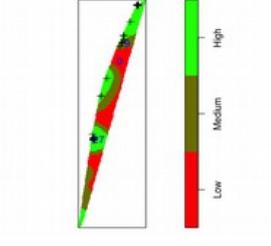
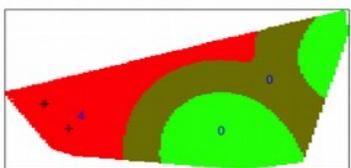
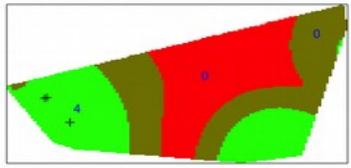
ANEXO XI. *C. x subdecurrens* sobre densidad de sus parentales



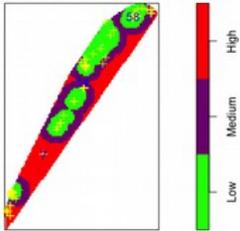
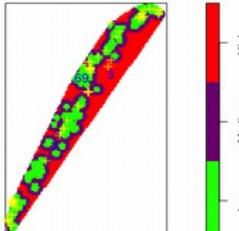
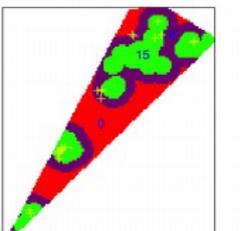
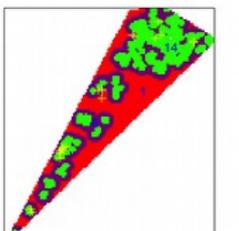
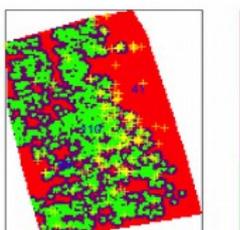
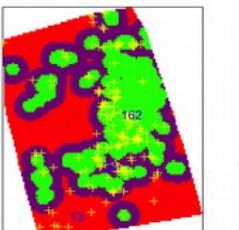
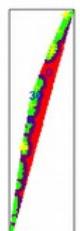
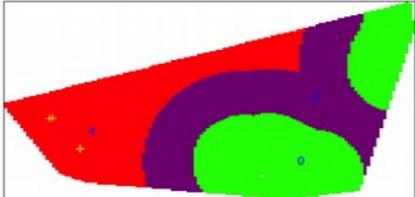
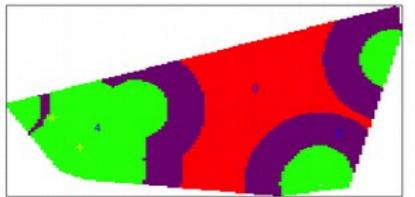
ANEXO XII. *C. x subdecurrens* sobre distancias de sus parentales

<i>C. x subdecurrens</i> sobre mapa de distancias a <i>C. aspera</i>	<i>C. x subdecurrens</i> sobre mapa de distancias a <i>C. seridis</i>
<p><i>C. x subdecurrens</i> sobre mapa de distancias a <i>C. aspera</i> en Xilxes</p> 	<p><i>C. x subdecurrens</i> sobre mapa de distancias a <i>C. seridis</i> en Xilxes</p> 
<p><i>C. x subdecurrens</i> sobre mapa de distancias a <i>C. aspera</i> en Marjal-Moros</p> 	<p><i>C. x subdecurrens</i> sobre mapa de distancias a <i>C. seridis</i> en Marjal-Moros</p> 
<p><i>C. x subdecurrens</i> sobre mapa de distancias a <i>C. aspera</i> en Sidi-Saler</p> 	<p><i>C. x subdecurrens</i> sobre mapa de distancias a <i>C. seridis</i> en Sidi-Saler</p> 
<p><i>C. x subdecurrens</i> sobre mapa de distancias a <i>C. aspera</i> en Guardamar</p> 	<p><i>C. x subdecurrens</i> sobre mapa de distancias a <i>C. seridis</i> en Guardamar</p> 
<p><i>C. x subdecurrens</i> sobre mapa de distancias a <i>C. aspera</i> en Calblanque</p> 	<p><i>C. x subdecurrens</i> sobre mapa de distancias a <i>C. seridis</i> en Calblanque</p> 

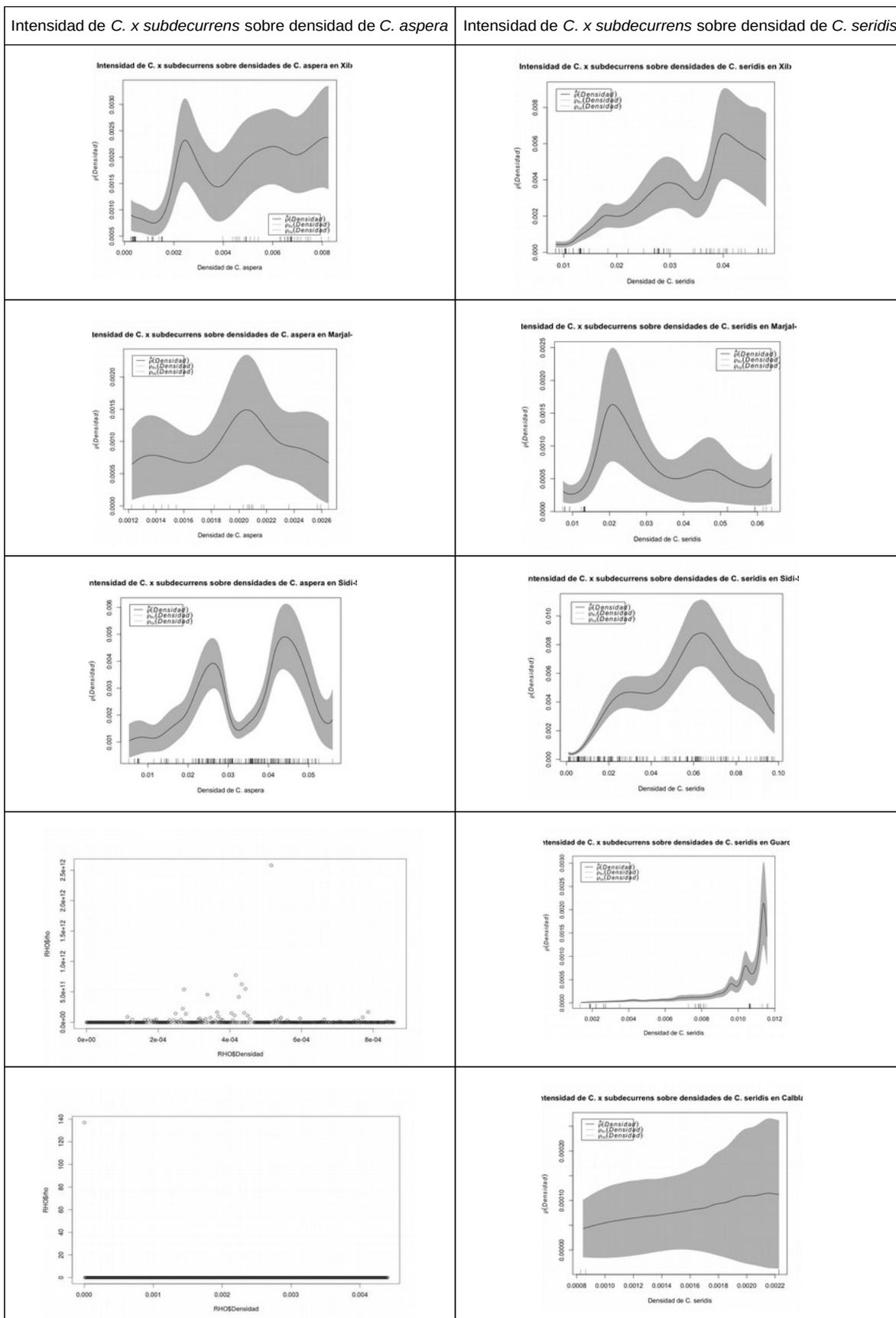
ANEXO XIII. *C. x subdecurrens* sobre densidades de sus parentales. Test kolmogórov-Smirnov

<i>C. x subdecurrens</i> sobre densidad de <i>C. aspera</i>	<i>C. x subdecurrens</i> sobre densidad de <i>C. seridis</i>
<p><i>C. x subdecurrens</i> sobre densidad de <i>C. aspera</i> en Xilxes Chi2.test p= 0.000911881965554516 Kolmog.-Smirnov test p= 0.0148286118114825</p> 	<p><i>C. x subdecurrens</i> sobre densidad de <i>C. seridis</i> en Xilxes Chi2.test p= 5.0693489114387e-08 Kolmog.-Smirnov test p= 4.81747974845348e-12</p> 
<p><i>C. x subdecurrens</i> sobre densidad de <i>C. aspera</i> en Marjal-Moros Chi2.test p= 0.00506341417175749 Kolmog.-Smirnov test p= 0.135891421705543</p> 	<p><i>C. x subdecurrens</i> sobre densidad de <i>C. seridis</i> en Marjal-Moros Chi2.test p= 0.866877899750182 Kolmog.-Smirnov test p= 0.46757173651299</p> 
<p><i>C. x subdecurrens</i> sobre densidad de <i>C. aspera</i> en Sidi-Saler Kolmog.-Smirnov test p= 0.000530478520876954</p> 	<p><i>C. x subdecurrens</i> sobre densidad de <i>C. seridis</i> en Sidi-Saler Chi2.test p= 2.0777107052963e-32 Kolmog.-Smirnov test p= 0</p> 
<p><i>C. x subdecurrens</i> sobre densidad de <i>C. aspera</i> en Guardamar Chi2.test p= 4.17699518025377e-05 Kolmog.-Smirnov test p= 5.62105917367171e-13</p> 	<p><i>C. x subdecurrens</i> sobre densidad de <i>C. seridis</i> en Guardamar Chi2.test p= 1.44498024610924e-07 Kolmog.-Smirnov test p= 5.55111512312578e-16</p> 
<p><i>C. x subdecurrens</i> sobre densidad de <i>C. aspera</i> en Calblanque Chi2.test p= 0.0183156388887342 Kolmog.-Smirnov test p= 2.91271664363268e-05</p> 	<p><i>C. x subdecurrens</i> sobre densidad de <i>C. seridis</i> en Calblanque Chi2.test p= 0.0183156388887342 Kolmog.-Smirnov test p= 0.00394949890590124</p> 

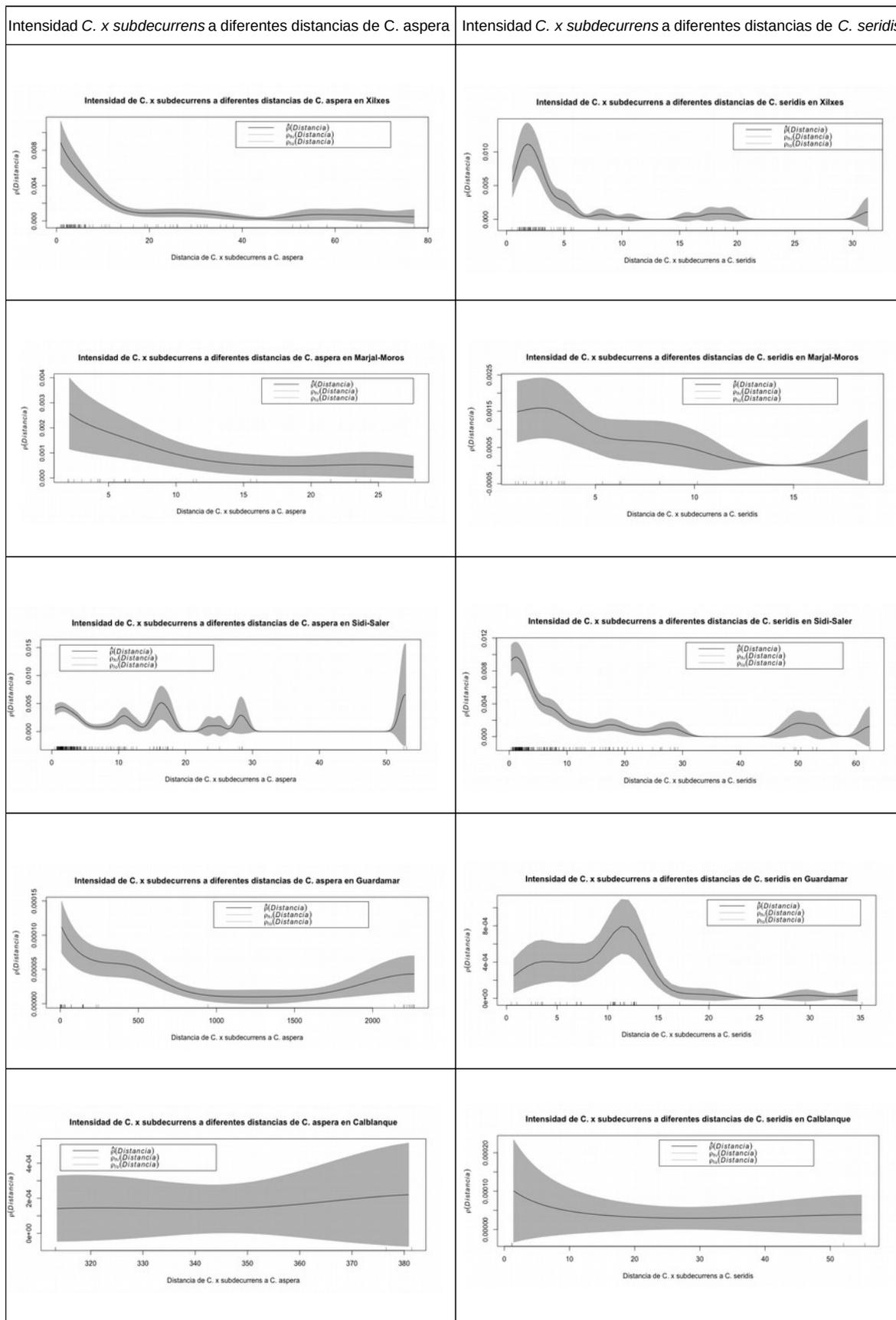
ANEXO XIV. *C. x subdecurrens* sobre distancias de sus parentales. Test kolmogórov-Smirnov

Distancia de <i>C. x subdecurrens</i> a <i>C. aspera</i>	Distancia de <i>C. x subdecurrens</i> a <i>C. seridis</i>
<p>Distancia de <i>C. x subdecurrens</i> a <i>C. aspera</i> en Xilxes Chi2.test p= 2.4800773599693e-13 Kolmog.-Smirnov test p= 0</p> 	<p>Distancia de <i>C. x subdecurrens</i> a <i>C. seridis</i> en Xilxes Chi2.test p= 2.61027906966769e-23 Kolmog.-Smirnov test p= 0</p> 
<p>Distancia de <i>C. x subdecurrens</i> a <i>C. aspera</i> en Marjal-Moros Chi2.test p= 0.000290805138320806 Kolmog.-Smirnov test p= 4.8136687661316e-05</p> 	<p>Distancia de <i>C. x subdecurrens</i> a <i>C. seridis</i> en Marjal-Moros Chi2.test p= 0.00214877548090972 Kolmog.-Smirnov test p= 0.000272575908465633</p> 
<p>Distancia de <i>C. x subdecurrens</i> a <i>C. aspera</i> en Sidi-Saler Chi2.test p= 3.85541799010199e-09 Kolmog.-Smirnov test p= 7.88258347483861e-15</p> 	<p>Distancia de <i>C. x subdecurrens</i> a <i>C. seridis</i> en Sidi-Saler Chi2.test p= 1.46716385565518e-42 Kolmog.-Smirnov test p= 0</p> 
<p>Distancia de <i>C. x subdecurrens</i> a <i>C. aspera</i> en Guardamar Chi2.test p= 0.000699807064990948 Kolmog.-Smirnov test p= 5.55111512312578e-16</p> 	<p>Distancia de <i>C. x subdecurrens</i> a <i>C. seridis</i> en Guardamar Chi2.test p= 2.31952283024357e-16 Kolmog.-Smirnov test p= 5.55111512312578e-16</p> 
<p>Distancia de <i>C. x subdecurrens</i> a <i>C. aspera</i> en Calblanque Chi2.test p= 0.0183156388887342 Kolmog.-Smirnov test p= 0.000204084295343132</p> 	<p>Distancia de <i>C. x subdecurrens</i> a <i>C. seridis</i> en Calblanque Chi2.test p= 0.0183156388887342 Kolmog.-Smirnov test p= 0.0148353741853715</p> 

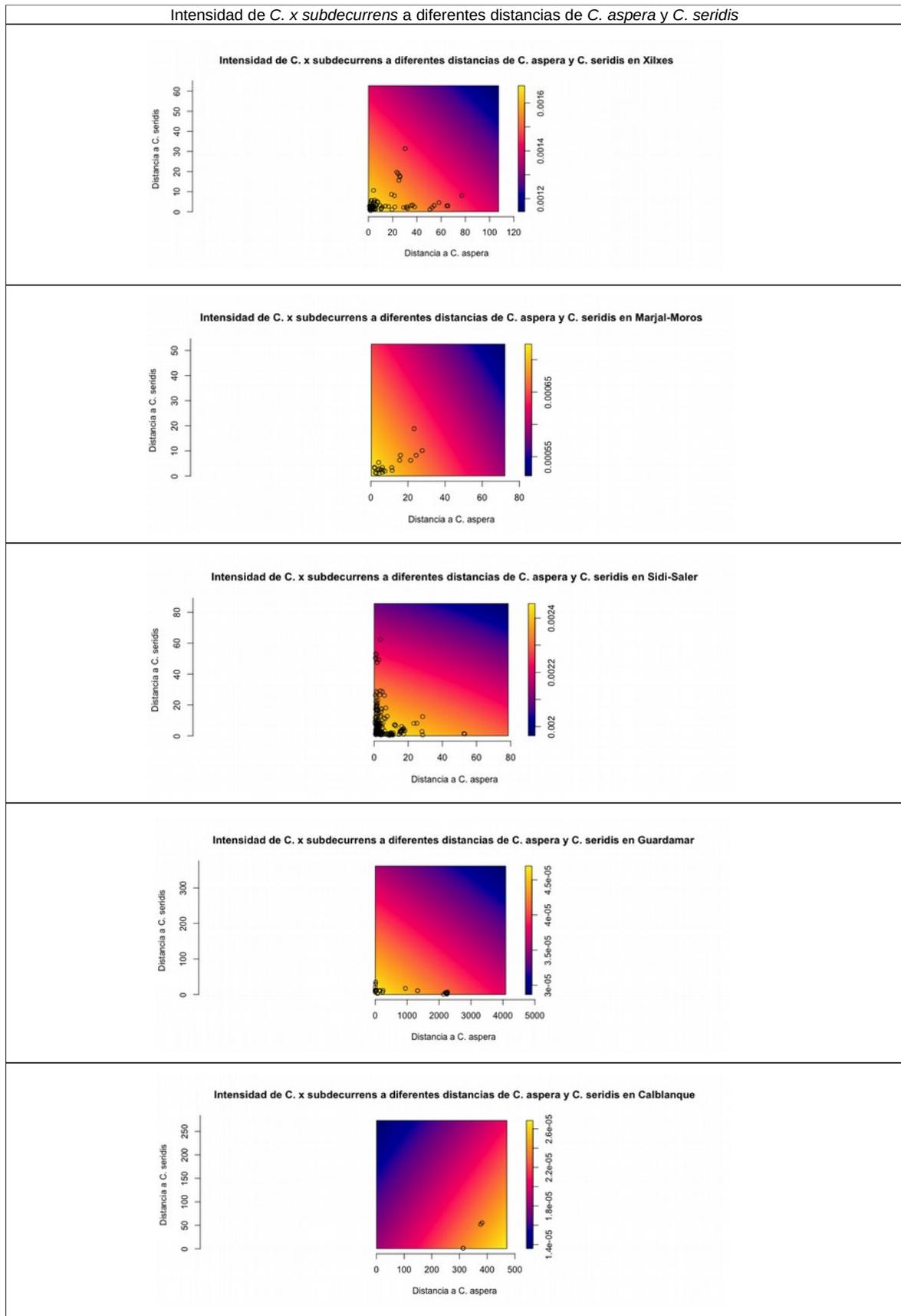
ANEXO XV. Gráficas análisis de las densidades entre híbrido y parentales



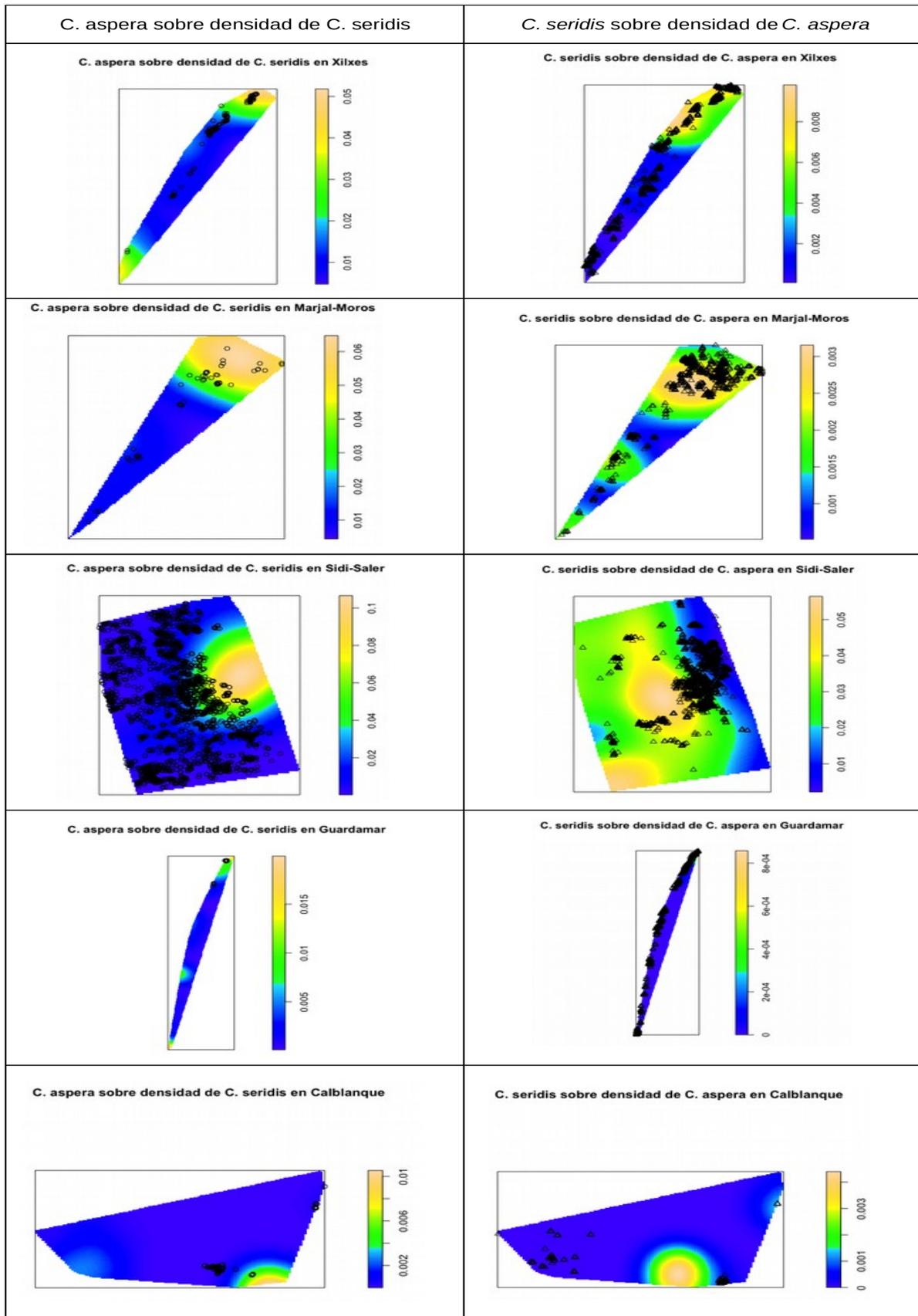
ANEXO XVI. Gráficas análisis de las distancias entre híbrido y parentales



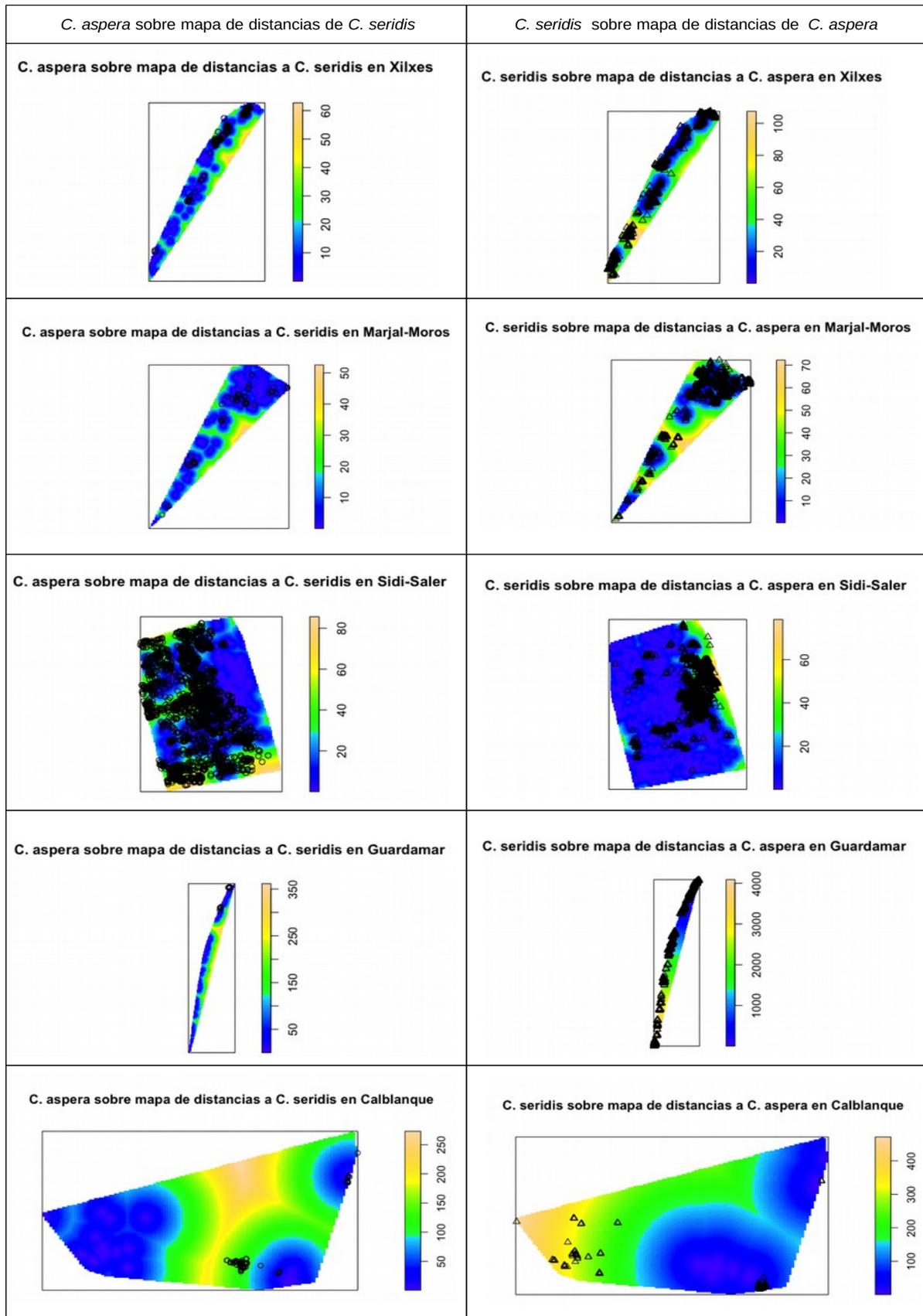
ANEXO XVII. Intensidad del híbrido a diferentes distancias de los parentales



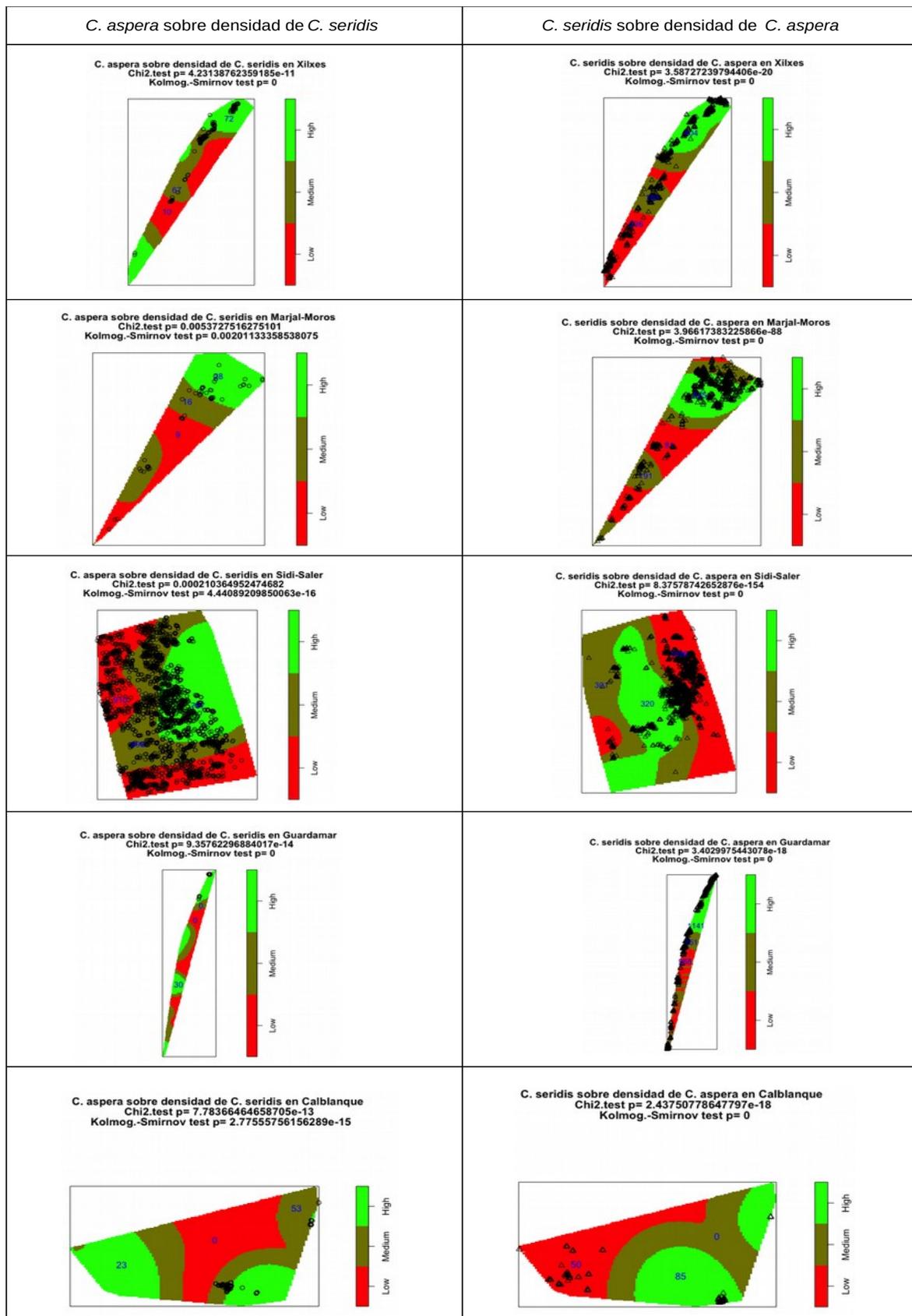
ANEXO XVIII. Distribución de un parental sobre densidades del otro parental



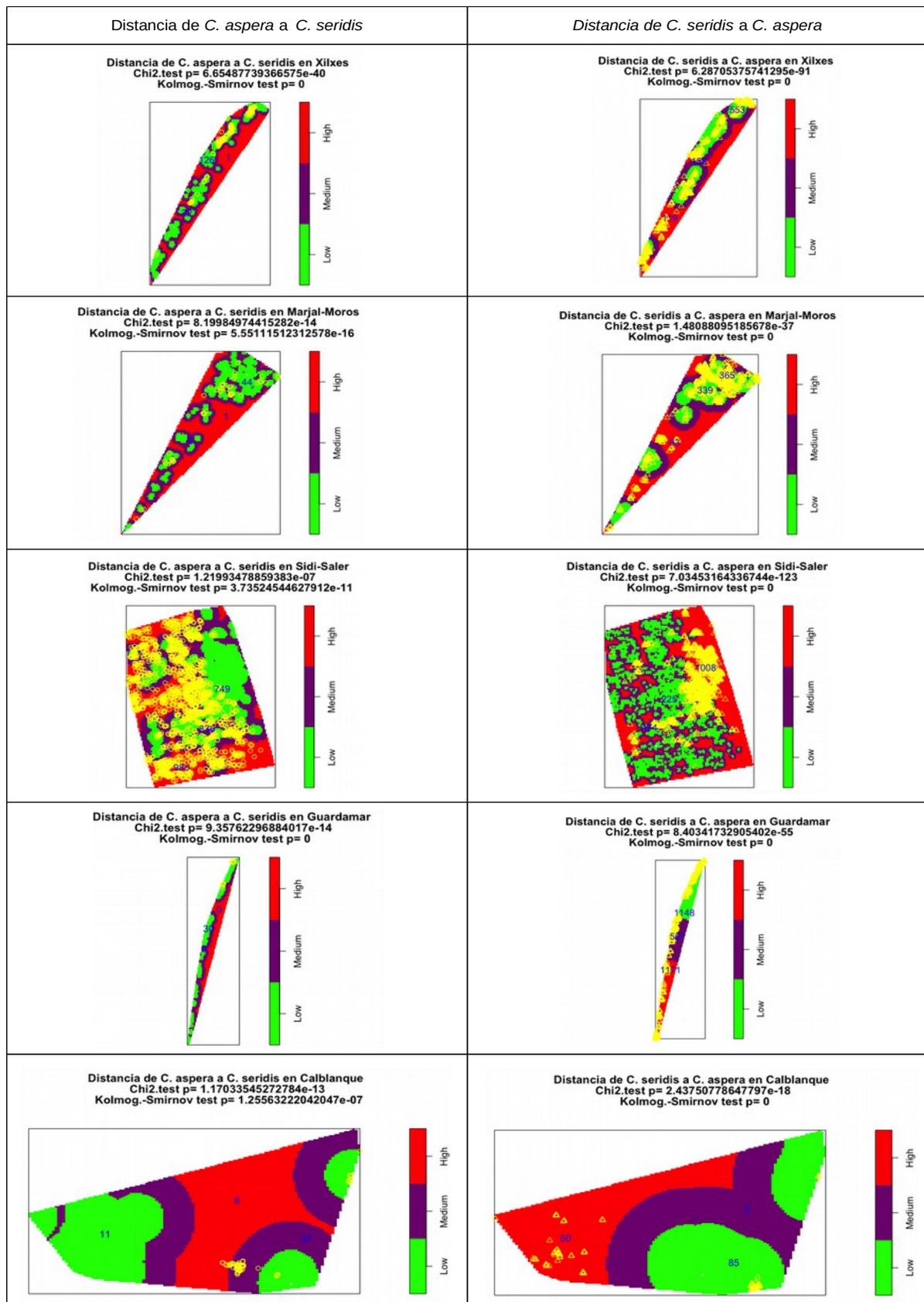
ANEXO XIX. Distribución de un parental sobre distancias del otro parental



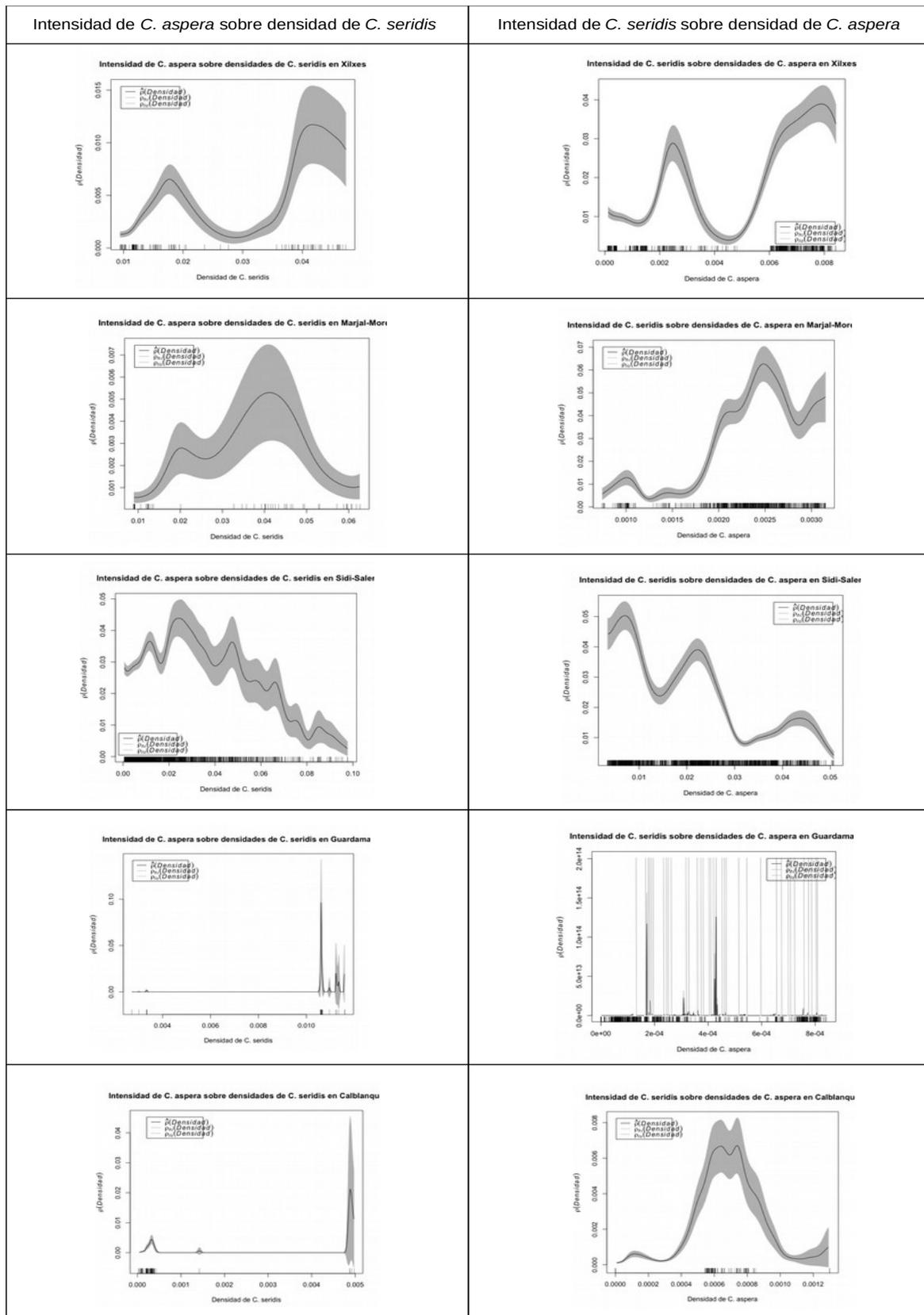
ANEXO XX. Análisis de la distribución por densidad alta-media-baja entre parentales



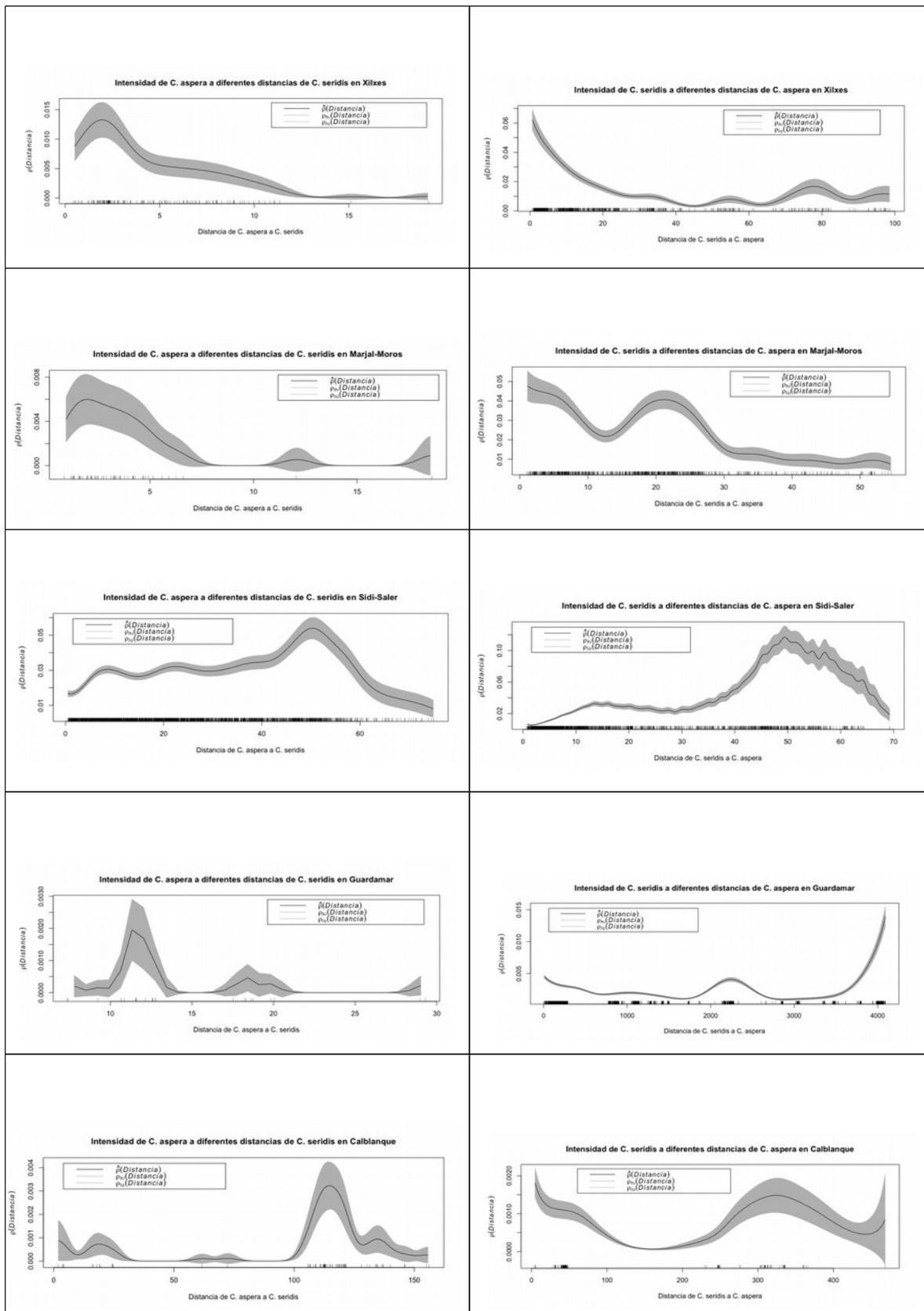
ANEXO XXI. Análisis de la distribución por distancia alta-media-baja entre parentales



ANEXO XXII. Gráfica análisis de las densidades entre parentales



ANEXO XXIII. Gráficas análisis de la distancia entre parentales



ANEXO XXIV. Predicción de la densidad del híbrido a partir de la distancia a *C. aspera* y *C. seridis*.

