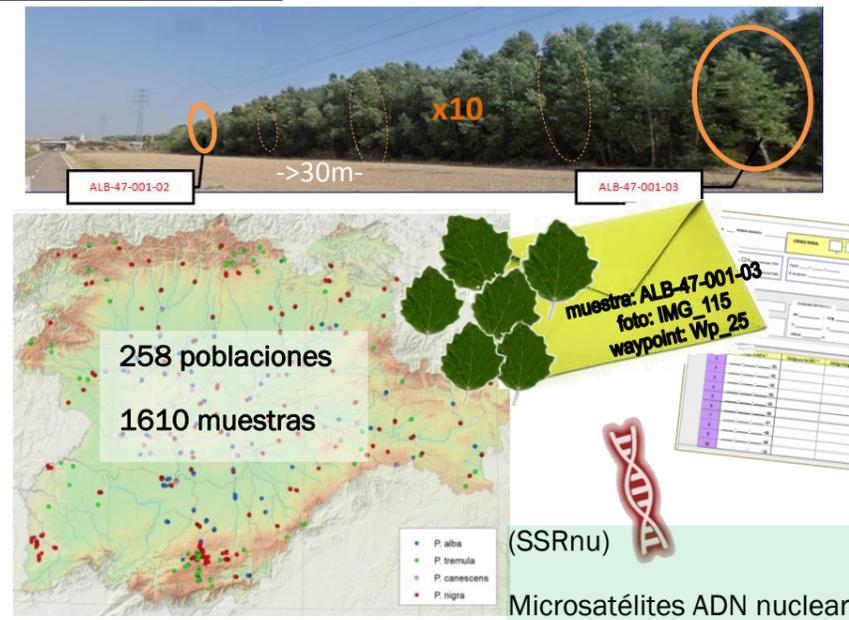


**INTRODUCCIÓN**

- En Castilla y León están presentes *Populus alba*, *P. nigra* y *P. tremula*, así como el híbrido *P. x canescens*.
- Problemas de conservación: alteración ecosistemas riparios, sustitución por cultivos,...etc
- Difícil identificación morfológica, agravada por fácil hibridación y el amplio uso humano.
- Información genética: permitiría orientar la utilización del MFR (sexual/asexual) para conservación o uso en zonas degradadas.

**METODOLOGÍA**



**RESULTADOS**

Genotipado (SSRnu)

CODIGO	pmgc2852	Ormp30a	Ormp30b	wpm55	wpm54	wpm16	wpm18	CLON
ALB-34-018-09	101 103 105	184 184	211 215	298 310	220 229	172 172	218 224	A01
ALB-37-001-01	93 93	184 184	211 227	300 312	217 232	172 172	224 224	A09
ALB-37-001-02	101 103 105	184 184	211 215	298 310	220 229	172 172	218 224	A09
ALB-37-001-03	93 93	184 184	211 227	300 312	217 232	172 172	224 224	A09
ALB-37-001-04	93 93	184 184	211 227	300 312	217 232	172 172	224 224	A09
ALB-37-001-05	101 103 105	184 184	211 215	298 310	220 229	172 172	218 224	A01
ALB-37-001-07	101 103 105	184 184	211 215	298 310	220 229	172 172	218 224	A01

Parámetros genéticos

	He	A	AP
<i>P. alba</i> *	<b>0.325</b>	1.3	0.071
<i>P. tremula</i>	<b>0.444</b>	1.9	0.113
<i>P. x canescens</i>	<b>0.503</b>	1.5	0.123
<i>P. nigra</i> *	<b>0.493</b>	2.0	0.092

Asignación de especie

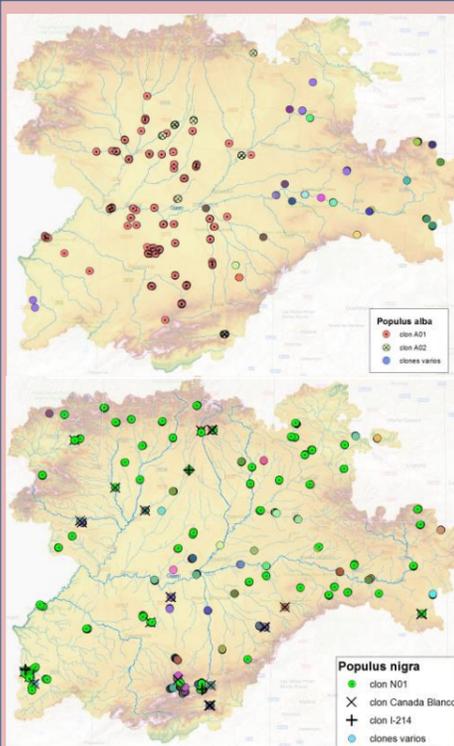
		asignación genética			
		ALB	CAN	NIG	TRE
asignación inicial	ALB	87,6%	9,7%	-	2,6%
	CAN	80,4%	19,6%	-	-
	NIG	-	-	100%	-
	TRE	0,9%	10,6%	-	88,6%
		387	91	813	319
		<b>1610</b>			

Fst/distancias genéticas

Cuenca	Aberche	Tormes	Almar	Duero	Adaja	Arlanzón	Ucero	Oca	Esla	Pisuerga	Agueda	Eresma	Cega
Aberche	0,636	0,500	0,427	0,625	0,587	0,724	0,750	0,554	0,000	0,729	0,705	0,618	0,618
Tormes	0,591	-0,044	-0,018	0,000	0,291	0,393	0,409	0,000	0,532	0,521	0,319	0,137	0,137
Almar	0,578	-0,044	-0,001	-0,009	0,246	0,296	0,293	0,007	0,415	0,407	0,267	0,113	0,113
Duero	0,572	-0,036	-0,006	-0,012	0,208	0,257	0,255	0,006	0,385	0,382	0,267	0,089	0,089
Adaja	0,600	-0,073	-0,035	-0,027	-	0,295	0,391	0,404	0,000	0,526	0,514	0,324	0,145
Arlanzón	0,668	0,205	0,198	0,190	0,215	0,088	0,059	0,302	0,508	0,580	0,428	0,059	0,059
Ucero	0,791	0,273	0,260	0,244	0,283	0,034	-0,036	0,374	0,637	0,648	0,487	0,117	0,117
Oca	0,780	0,263	0,250	0,234	0,272	0,012	-0,062	-	0,383	0,709	0,684	0,461	0,103
Esla	0,625	-0,048	-0,010	-0,002	-0,039	0,240	0,308	0,297	-	0,507	0,487	0,338	0,171
Pisuerga	-0,095	0,504	0,491	0,486	0,513	0,581	0,704	0,693	0,538	-	0,686	0,565	0,436
Agueda	0,704	0,523	0,484	0,499	0,533	0,788	0,801	0,818	0,558	0,617	-	0,479	0,498
Eresma	1,073	0,258	0,249	0,284	0,267	0,445	0,527	0,481	0,292	0,986	0,483	-	0,384
Cega	0,640	0,054	0,066	0,056	0,063	0,013	0,038	0,027	0,098	0,553	0,632	0,452	-

**OBJETIVO:**  
 Divulgar la diversidad genética obtenida, mediante marcadores moleculares, en las poblaciones de *Populus* prospectadas en Castilla y León, que facilitará un suministro de MFR de variabilidad genética conocida y unas recomendaciones de uso.

**CONCLUSIONES:**  
 La información genética recopilada en el presente trabajo aumenta el conocimiento para la conservación de las poblaciones de *Populus* de Castilla y León, orientando la recolección de MFR para su utilización en revegetaciones, tanto *in situ* (estaquillado directo) como a través de planta producida en vivero. Además, permite acometer la conservación *ex situ* de los genotipos identificados y el establecimiento de un campo de plantas madre que suministre material con suficiente diversidad.  
 Actualmente la Junta de Castilla y León está trabajando en completar diferentes *pool* genéticos, con suficiente variabilidad, para su utilización en zonas donde no exista material en cantidad y/o diversidad suficiente, aplicando el protocolo que se elaboró a tal efecto en base al art. 5.4 (conservación de recursos genéticos) del RD289/2003.

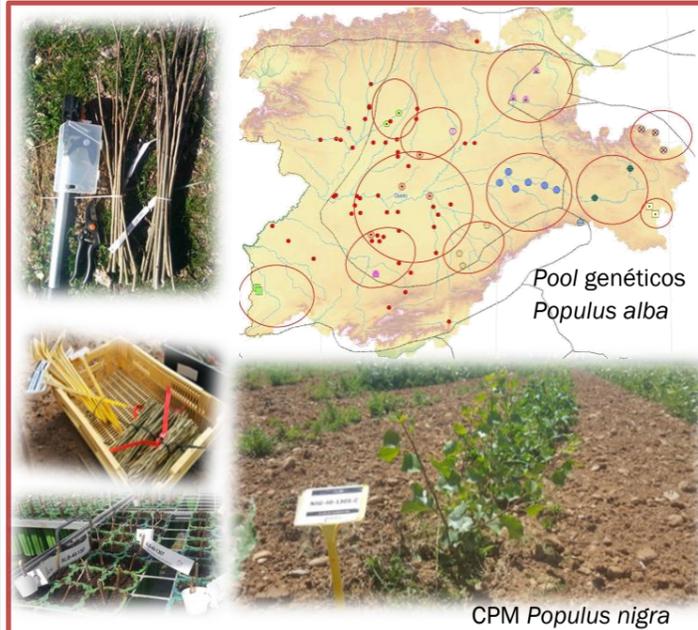


**P. alba**  
 387 muestras/84 pob/45 genotipos  
 Pocos genotipos por población  
 (>90% poblaciones: ≤ 3 clones)  
 Clon oeste A01 (n=235; 61%)

**P. nigra**  
 813 m/90 pob/463 gen. (50% únicos)  
 Múltiples genotipos por población  
 (<8% poblaciones: ≤2 clones)  
 Clon N01 (n=214; 26%) [SA-LE]  
 I-214, CB y Lombardo: (n=87; 11%)

**P. tremula**  
 319 m/57 pob/85 gen.  
 66% pob: 1 clon  
 Clones (casi) exclusivos por rodal

**P. canescens**  
 91 m/27 pob/28 gen.  
 1 genotipo por pob.  
 Difícil identificación morfológica



**AGRADECIMIENTOS:** VFC, Miguel Reinales, Jose M<sup>a</sup> Gonzalez, Ángel Iglesias, Javier González, Marino Saiz, Mar Lejárraga, Oscar Cisneros, Javier Ligos, Pablo Galende, José Antonio Peral, Armando Herrero, Virginia Escudero, Luis Carlos Jovellar y Rosario Sierra

**Junta de Castilla y León**  
 Consejería de Fomento y Medio Ambiente  
 Dirección General del Medio Natural

**iuFOR**  
 Instituto Universitario de Investigación  
 GESTIÓN FORESTAL SOSTENIBLE

**Uva**

trapasfr@jcyL.es