

Bibliografía

- Anton, A.M. & F.O. Zuloaga [Coord. Gen.] (2018, en constante actualización). *Flora Argentina* (<http://www.floraargentina.edu.ar>).
- Beltrán, H. & S. Leiva (2018). *Werneria microphylla* (Asteraceae, Senecioneae), a new species from the Andean marshes of Peru. *Phytotaxa* 372(4): 296–300.
- Bernal, R., S.R. Gradstein & M. Celis [Eds.] (2016). *Catálogo de plantas y líquenes de Colombia*. Instituto de Ciencias Naturales, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá.
- Calvo, J. & H. Beltrán (2019). Contributions to the Andean Senecioneae (Compositae)—I. Two new species of *Werneria*. *Phytotaxa* 408(2): 136–142.
- Calvo, J. & R.I. Meneses (2019). Contributions to the Andean Senecioneae (Compositae)—II. *Werneria lanatifolia*, a new species from central Andes. *Phytotaxa* 422(2): 201–205.
- Calvo, J., A. Moreira-Muñoz & V.A. Funk (2020a). Taxonomic Revision of the Neotropical Genus *Werneria* (Compositae, Senecioneae). *Smithsonian Contributions to Botany* 111: 1–123.
- Calvo, J., H. Trinidad & H. Beltrán (2020b). Two new species of *Werneria* from Peru and re-circumscription of *W. weberbaueriana* (Compositae, Senecioneae). *Willdenowia* 50(1): 5–12.
- Hokche, O., P.E. Berry & O. Huber [Eds.] (2008). *Nuevo catálogo de la flora vascular de Venezuela*. Fundación Instituto Botánico de Venezuela Dr. Tobias Lasser, Caracas, Venezuela.
- Jørgensen, P.M. & S. León-Yáñez [Eds.] (1999). *Catálogo de las Plantas Vasculares de Ecuador. Monographs in Systematic Botany from the Missouri Botanical Garden* 75: 1–1181.
- Jørgensen, P.M., M.H. Nee & S.G. Beck [Eds.] (2014). *Catálogo de las Plantas Vasculares de Bolivia. Monographs in Systematic Botany from the Missouri Botanical Garden* 127: 1–1744.
- Rodríguez, R., C. Marticorena, D. Alarcón, C. Baeza, L. Cavieres, V.L. Finot, N. Fuentes, A. Kiessling, M. Mihoc, A. Pauchard, E. Ruiz, P. Sánchez & A. Marticorena (2018). Catálogo de las plantas vasculares de Chile. *Gayana. Botánica* 75(1): 1–430.
- Ulloa Ulloa, C., P. Acevedo-Rodríguez, S. Beck, M.J. Belgrano, R. Bernal, P.E. Berry, L. Brako, M. Celis, G. Davidse, R.C. Forzza, S.R. Gradstein, O. Hokche, B. León, S. León-Yáñez, R.E. Magill, D.A. Neill, M. Nee, P.H. Raven, H. Stimmel, M.T. Strong, J.L. Villaseñor, J.L. Zarucchi, F.O. Zuloaga, P.M. Jørgensen (2017). An integrated assessment of the vascular plant species of the Americas. *Science* 358: 1614–1617.

JOEL CALVO

Plaça Catalunya 20, 17002 Girona. (calvocasas@gmail.com)

Rasgos genéticos poblacionales aclaran el estatus taxonómico del narciso de Villafuerte y respaldan su conservación

DOI: 10.15366/cv2020.24.001

Summary

Correct delimitation of taxonomic entities is essential in conservation biology and methods based on population genetics can be particularly helpful where other tools fail to provide reliable conclusions. In this paper we use population genetics and AFLP markers to elucidate the taxonomic status of the enigmatic Villafuerte daffodil (*Narcissus enemeritoides* (Sánchez-Gómez *et al.*), a taxon known from a single, small population in southeastern Spain whose position within the complex *Pseudonarcissus* section of the genus *Narcissus* has proven elusive so far. Compared to populations from other four southeastern Spanish taxa, the Villafuerte daffodil population was genetically indistinguishable from *Narcissus nevadensis* subsp. *longispathus* (Degen and Hervier ex Pugsley) Algarra, Blanca, Cueto and Fuentes. Genetic diversity and singularity of its single population were unexpectedly high. Despite losing its taxonomic distinctiveness after being subsumed by the relatively abundant *N. n.* subsp. *longispathus*, genetic singularity and diversity of Villafuerte daffodil still justify continuation of current conservation efforts.

Palabras clave: diversidad genética; *Narcissus*; narciso de Villafuerte; *Pseudonarcissus*; singularidad genética

Introducción

Una correcta delimitación taxonómica de las especies es fundamental para el diseño de medidas de conservación correctas. En la Península Ibérica, ciertos grupos han venido planteando tradicionalmente retos taxonómicos cuya resolución está aún pendiente, dificultando así la gestión de sus poblaciones y el establecimiento de medidas legales de protección eficaces y realistas. Esto sucede, por ejemplo, con las especies del género *Narcissus* L. del sureste ibérico tradicionalmente incluidas en la sección *Pseudonarcissus* DC, comúnmente conocidos como “narcisos trompeteros”. Su taxonomía ha sido muy inestable y suscitado controversias, como muestran las discrepancias entre las dos Floras más importantes que abarcan este área (Blanca *et al.*, 2011; Aedo, 2013), la proliferación de descripciones de taxones con distribución geográfica muy local (Ríos *et al.*, 1999; Sánchez-Gómez *et al.*, 2000) o las frecuentes divergencias entre análisis moleculares y tratamientos taxonómicos basados exclusivamente en caracteres morfológicos (Jiménez *et al.*, 2009; Medrano *et al.*, 2014; Marques *et al.*, 2017). Así, por ejemplo, *Flora de Andalucía Oriental* (Navarro, 2011) propone que se deberían

distinguir con rango de especie tanto los narcisos de Sierra Nevada, Sierras de Baza y Almirajara (*N. nevadensis* Pugsley); como los restringidos a la Sierra de Cazorla (*N. longispathus* Pugsley); y los que aparecen en altitudes ligeramente inferiores del sector subbético o del sector rondeño (*N. bujei* Fern. Casas); mientras que otros taxones descritos previamente para la Sierra de Segura como *N. segurensis* S. Ríos Ruiz *et al.* o *N. yepesii* S. Ríos Ruiz *et al.* (Ríos *et al.*, 1999) pasarían a adscribirse a *N. nevadensis*. Por el contrario, *Flora ibérica* (Aedo, 2013) propone una visión mucho más sintética en la que todos los narcisos de flor grande de las sierras béticas y subbéticas, incluyendo los de la provincia de Murcia, deberían ser englobados en una única entidad taxonómica denominada *N. pseudonarcissus* subsp. *nevadensis* (Pugsley) A. Fern., debido al gran solapamiento de sus rasgos fenotípicos.

Uno de los métodos empleados para la clarificación de la taxonomía de los narcisos trompeteros del sureste de la Península Ibérica ha consistido en el muestreo de muchas poblaciones (36 en total) repartidas por toda el área geográfica implicada, el genotipado de muchos individuos por población (538 en total) usando marcadores genéticos muy variables



Figura 1. Narciso de Villafuente y su hábitat en la única población conocida. (Fotos: C.M. Herrera y M. Medrano).

(AFLP) y la aplicación de métodos analíticos basados en genética de poblaciones (Medrano *et al.*, 2014). Las poblaciones que resultaron genéticamente más diferenciadas fueron las de las Sierras Subbéticas (correspondientes a *N. bujei*), distinguiéndose en el resto tres subgrupos de poblaciones correspondientes a Sierra Nevada y Baza (tradicionalmente conocidos como *N. nevadensis*), Sierras de Cazorla, Segura y Alcaraz (*N. longispathus*, *N. segurensis*, *N. yepesii* y *N. alcaracensis* S. Ríos Ruiz *et al.*) y Sierra de Almirante (descritas después por Algarra *et al.*, 2018 como *N. nevadensis* subsp. *herreriae* Algarra, Blanca, Cueto & J. Fuentes), lo que se ajustaría mejor con la visión propuesta por Navarro (2011). Estos resultados se han visto corroborados posteriormente en sus líneas principales por análisis filogenéticos y morfológicos (Marques *et al.*, 2017; Algarra *et al.*, 2018).

A pesar de la exhaustividad geográfica de su estudio, Medrano *et al.* (2014) no incluyeron información sobre uno de los táxones de posición más enigmática, el narciso de Villafuente (*Narcissus nevadensis* subsp. *enemeritoides* Sánchez-Gómez *et al.*; *Narcissus enemeritoides* (Sánchez-Gómez *et al.*) Sánchez-Gómez *et al.*). En la Sierra de Villafuente (Moratalla, Murcia) se localiza la única población actualmente conocida de este taxón, que se describió inicialmente como una entidad silvestre fenotípicamente diferenciada y muy emparentada con los de Sierra Nevada (Sánchez-Gómez *et al.*, 1998). Crece en los márgenes de cursos de agua, aunque a diferencia del *N. nevadensis* presenta escapo frecuentemente unifloro. Este rasgo se consideró determinante en su descripción original para otorgarle la categoría de subespecie, si bien posteriormente los mismos autores lo elevaron a rango de especie (Sánchez-Gómez *et al.*, 2000). La población consta actualmente de un número muy reducido de ejemplares y sufre diversas amenazas tanto naturales como antrópicas (BORM, 2014). Este taxón está recogido en la máxima categoría de amenaza en la normativa nacional y autonómica (BOE, 2011; BORM, 2003), y su estado de conservación se ha evaluado como "en peligro crítico" en la Lista Roja de la Flora Vasculosa Española (Moreno, 2008). En este artículo evaluamos la diversidad y singularidad genéticas de la única población conocida de esta especie y dilucidamos sus relaciones de similitud con los táxones afines del sureste peninsular con el fin último de que los resultados obtenidos sean de utilidad para su conservación y para la ejecución del plan de recuperación de la población que actualmente se está llevando a cabo en la Región de Murcia (BORM, 2014).

Material y Métodos

En marzo de 2015 recogimos muestras de hojas de 14 individuos seleccionados al azar a lo largo de toda la población

y separados por distancias superiores a 0.5 m en la única localidad conocida del narciso de Villafuente, situada a lo largo de los márgenes del Arroyo Blanco (municipio de Moratalla, Murcia) (Figura 1). Se trata de una población con menos de 250 individuos (243 en el censo de 2020) que se distribuyen en un tramo de cauce de aproximadamente 750 m. Como material para la comparación de sus características genéticas se usaron 47 individuos muestreados con anterioridad en 17 poblaciones de narcisos distribuidas por las sierras béticas del sureste de la Península (Figura 2), todos ellos incluidos en el estudio de Medrano *et al.* (2014) y asignables a los táxones *N. bujei*, *N. nevadensis* subsp. *nevadensis*, *N. nevadensis* subsp. *longispathus* y *N. nevadensis* subsp. *herreriae* según el tratamiento taxonómico de Algarra *et al.* (2018) que es el que seguiremos a partir de aquí. Los 61 individuos incluidos en este estudio se caracterizaron genéticamente mediante marcadores moleculares AFLP, aplicando los métodos descritos en detalle por Medrano *et al.* (2014). Las combinaciones de cebadores empleadas, reproducibilidad, número de fragmentos y nivel de polimorfismo para el conjunto de individuos analizados se muestran en la Tabla 1.

La diversidad genética del narciso de Villafuente se comparó con la de las tres entidades taxonómicas más cercanas reconocidas por Algarra *et al.* (2018): *N. n.* subsp. *nevadensis* (15 individuos, 5 localidades), *N. n.* subsp. *longispathus* (15 individuos, 5 localidades) y *N. n.* subsp. *herreriae* (9 individuos, 3 localidades). Para la comparación se emplearon la proporción de fragmentos polimórficos, el número medio de marcadores por individuo y la singularidad de cada entidad taxonómica, estimada mediante el número de fragmentos exclusivos y la exclusividad media por individuo (DW, "frequency-downweighted marker value"; Schönswetter & Tribsch, 2005). El cálculo de estos parámetros se ha realizado tratando las muestras de las diferentes localidades como una única población para obtener una estimación global de las

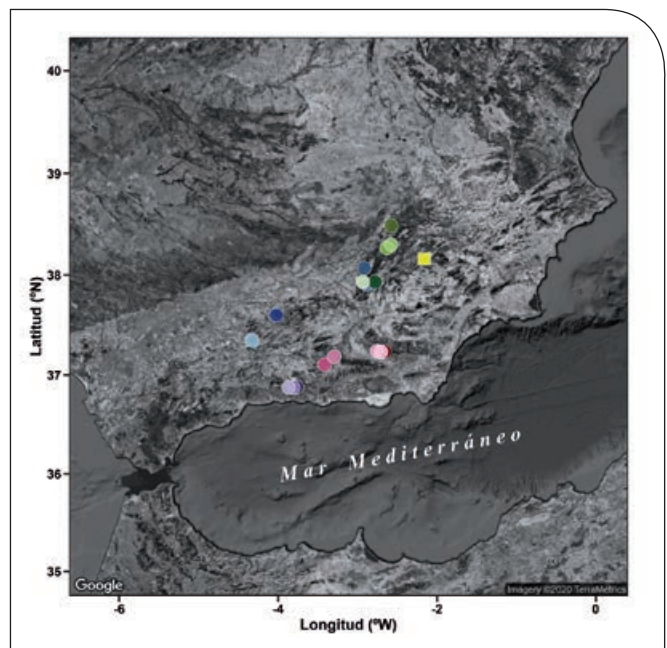


Figura 2. Localización de las 17 poblaciones de narcisos trompeteros de las sierras béticas orientales (círculos) con las que se comparan las muestras del narciso de Villafuente (cuadrado amarillo). Los círculos en diferentes tonos de color azul se corresponden con las poblaciones muestreadas de *N. bujei*, los de color rosado con las de *N. n.* subsp. *nevadensis*, los de color verde con las de *N. n.* subsp. *longispathus* y los de color violeta con las poblaciones de *N. n.* subsp. *herreriae*. La nomenclatura sigue la propuesta de Algarra *et al.* (2018).

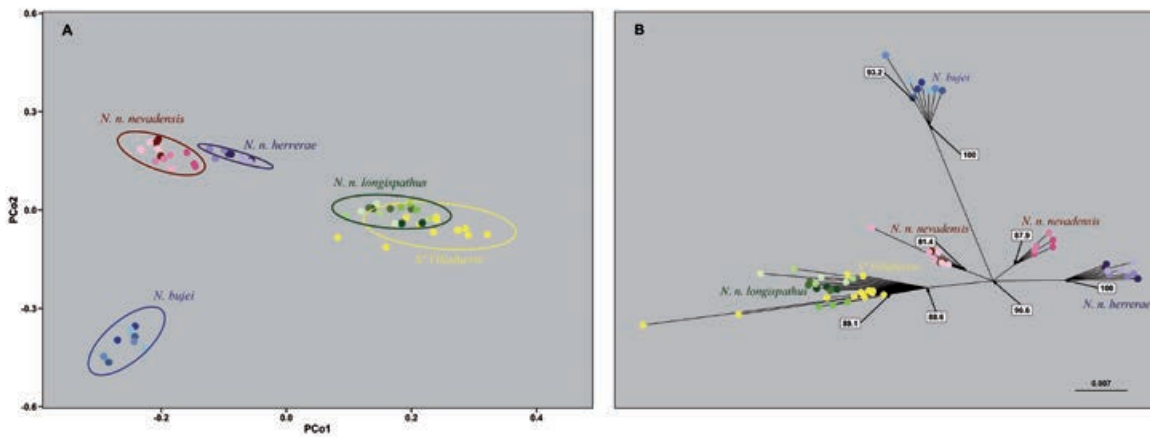


Figura 3. A. Distribución de los 61 individuos estudiados en el plano definido por los dos primeros ejes obtenidos del análisis de coordenadas principales de la matriz de distancias genéticas. B. Árbol consenso desraizado obtenido por el método neighbor-joining que representa las relaciones de similitud entre los 61 individuos incluidos en este estudio. Solo se representan las ramas con un soporte por bootstrap mayor al 80 % (se indica en los recuadros blancos). La nomenclatura sigue la propuesta de Algarra *et al.* (2018).

características genéticas de cada entidad taxonómica. La similitud genética entre individuos y localidades se evaluó mediante un análisis de coordenadas principales (PCoA) de la matriz de distancias de Jaccard obtenida a partir de la matriz global de presencias/ausencias de los 339 marcadores AFLP para todos los individuos analizados, incluyendo también los de *N. bujei* (8 individuos, 4 localidades), realizado mediante el uso del paquete estadístico “ade4” (Dray & Dufour, 2007) en el entorno R (R Development Core Team, 2017). También se construyó usando estos mismos datos un árbol de relaciones aplicando el método de “neighbor-joining” a la matriz de distancias genéticas de Nei-Li (1979), obtenidos mediante el uso del programa PHYLIP (Felsenstein, 2005) y los paquetes estadísticos “ape” (Paradis *et al.*, 2004), “phytools” (Revell, 2012) y “ggtree” (Guangchuang *et al.*, 2017) en el entorno R (R Development Core Team, 2017), para la computación por remuestreo (“bootstrap”) y la obtención y visualización del árbol consenso.

Resultados

La Tabla 2 resume los valores de diversidad y singularidad genéticas para el narciso de Villafuerte y los tres taxones afines. El porcentaje de polimorfismo de los narcisos de Villafuerte es mayor que para *N. n. subsp. nevadensis* y *N. n. subsp. herrerae*, y ligeramente inferior al de *N. n. subsp. longispathus*. El número medio de fragmentos AFLP por individuo es superior en los de Villafuerte que en los otros taxones. La población del narciso de Villafuerte se caracteriza por su gran singularidad genética. Tanto el número de fragmentos exclusivos como el parámetro DW, que mide la exclusividad media ponderada por individuo, son superiores a los de cualquiera de los otros tres taxones afines (Tabla 2).

El análisis PCoA indica que los cuatro taxones con los que estamos comparando el narciso de Villafuerte están claramente diferenciados entre sí, coincidiendo con los resultados de Medrano *et al.* (2014). Siguiendo el tratamiento taxonómico de Algarra *et al.* (2018), los narcisos de Villafuerte vienen a coincidir estrechamente con las muestras de *N. n. subsp. longispathus*, estando muy alejados de *N. n. subsp. nevadensis* y *N. n. subsp. herrerae* (Figura 3A). Las elipses de *N. n. subsp. longispathus* y los ejemplares de Villafuerte se solapan ampliamente, pero algunos de estos últimos ocupan una región del plano que les es exclusiva, lo que resaltaría su singularidad genética. Los resultados del árbol “neighbor-joining” (Figura 3B) coinciden en general con los del PCoA. Por un lado, se separan muy claramente los individuos de *N. bujei*. También se separan los individuos de *N. n. subsp. herrerae*, que forman un grupo muy homogéneo. Los individuos de las poblaciones de *N. n. subsp. nevadensis* se subdividen en

dos grupos bien diferenciados correspondientes a las poblaciones de Sierra de Baza y Sierra Nevada. Finalmente, todos los individuos de *N. n. subsp. longispathus* junto con los del narciso de Villafuerte forman un único grupo con soporte bootstrap muy elevado.

Conclusiones

Tomados en conjunto, los resultados de esta investigación permiten concluir que los narcisos de Villafuerte carecen de la diferenciación genética necesaria para ser considerados un taxón diferente de los actualmente reconocidos en la propuesta taxonómica sintética reciente de Algarra *et al.* (2018) para los narcisos trompeteros del sureste ibérico. En el marco de dicha propuesta, los narcisos de Villafuerte deben sin duda adscribirse a *N. n. subsp. longispathus*, un taxón con nutridas poblaciones ampliamente distribuidas por el macizo montañoso Cazorla-Segura-Las Villas-Alcaraz. Un resultado inesperado del presente estudio ha sido comprobar que a pesar del pequeño tamaño, marcado aislamiento geográfico y localización marginal respecto al área de distribución de *N. n. subsp. longispathus*, la única población existente del narciso de Villafuerte posee una diversidad y singularidad genéticas superiores al resto de los taxones afines considerados. Estos resultados tienen implicaciones directas para su conservación. La abolición del estatus taxonómico propio de *Narcissus enemeritoides* y su asimilación a un taxón relativamente abundante y bien distribuido podría tal vez ser visto como justificación para suspender o suavizar las actuales medidas de protección de su población. Sin embargo, cualquier decisión en esta línea sería a todas luces profundamente errónea. La diversidad y singularidad genéticas de esta población marginal la convierten en una entidad única que a pesar de su pequeño tamaño parece albergar una elevada proporción del acervo genético de *N. n. subsp. longispathus*, justificando de este modo todos los esfuerzos que actualmente se llevan a cabo para su preservación.

Agradecimientos

Agradecemos a Pilar Bazaga y Esmeralda López-Perea su ayuda con el trabajo de laboratorio y a Lola Cánovas su apoyo en los trabajos de seguimiento. El presente proyecto titulado “Variabilidad genética de la población silvestre del narciso de Villafuerte. Implicaciones para su conservación”, ha sido autorizado, promovido y cofinanciado por la Dirección General de Medio Natural de la Comunidad Autónoma de la Región de Murcia y por el Fondo Europeo de Desarrollo Regional (FEDER).

Tabla 2. Diversidad genética del narciso de Villafuerte en comparación con los tres taxones más afines.

Entidad taxonómica	N	Proporción fragmentos polimórficos (%)	Promedio fragmentos por individuo	Número fragmentos exclusivos (%)	Exclusividad media por individuo (DW) ¹
Narciso de Villafuerte	14	88.7	57.4	47 (29.5)	10.07
<i>N. n.</i> subsp. <i>nevadensis</i>	15	85.3	53.0	43 (31.6)	7.73
<i>N. n.</i> subsp. <i>longispathus</i>	15	91.3	50.7	37 (24.8)	9.07
<i>N. n.</i> subsp. <i>herrerae</i>	9	75.0	46.1	11 (12.5)	7.33

Combinación	Número de fragmentos AFLP	Tasa de error	% Fragmentos polimórficos (criterio 2%)
<i>PstI</i> -AA/MseI-CGC	58	0.0304	67.24
<i>PstI</i> -AT/MseI-CGT	99	0.0261	81.82
<i>PstI</i> -AC/MseI-CAC	87	0.0176	80.46
<i>PstI</i> -AG/MseI-CTT	95	0.0241	72.63
<i>Total</i>	339	0.0245	75.53

Tabla 1. Número de fragmentos, tasa de error media y porcentaje de fragmentos polimórficos de las cuatro combinaciones de enzimas y cebadores usados en este estudio para el conjunto de 61 individuos analizados.

¹ La exclusividad media por individuo se ha estimado con el parámetro "frequency-downweighted marker value" (DW) propuesto por Schönswetter & Tribsch (2005), que pondera por la frecuencia de cada marcador en la población.

Bibliografía

- Aedo, C. (2013). *Narcissus* L. in: Rico, E.; Crespo, M. B.; Quintanar, A.; Herrero, A.; Aedo, C. (eds.) *Flora Ibérica*. Vol. XX. Liliaceae-Agavaceae: 340-397. Real Jardín Botánico, CSIC. Madrid.
- Algarra, J. A., G. Blanca, M. Cueto & J. Fuentes (2018). New data on daffodils of the *Narcissus nevadensis* complex (Amaryllidaceae) in SE Spain: *N. nevadensis* subsp. *herrerae* subsp. nov., and *N. nevadensis* subsp. *longispathus* comb. nov. *Phytotaxa* 371: 133-139.
- Blanca, G., B. Cabezedo, M. Cueto, C. Fernández-López & C. Morales-Torres (Editores) (2011). *Flora Vascular de Andalucía Oriental*. 2ª edición. Consejería de Medio Ambiente, Junta de Andalucía, Sevilla.
- BOE 46, 23/02/2011. Real Decreto 139/2011, de 4 de febrero, para el desarrollo del Listado de Especies Silvestres en Régimen de Protección Especial y del Catálogo Español de Especies Amenazadas. Ministerio de Medio Ambiente, y Medio Rural y Marino.
- BORM 131, 10/06/2003. Decreto n.º 50/2003, de 30 de mayo, por el que se crea el Catálogo Regional de Flora Silvestre Protegida de la Región de Murcia y se dictan normas para el aprovechamiento de diversas especies forestales.
- BORM 297, 29/12/2014. Decreto n.º 244/2014, de 19 de diciembre, por el que se aprueban los planes de recuperación de las especies Jara de Cartagena, Brezo Blanco, Sabina de Dunas, Narciso de Villafuerte y *Scrophularia arguta*.
- Dray, S. & A. Dufour (2004) The {ade4} Package: Implementing the Duality Diagram for Ecologists. *Journal of Statistical Software* 22: 120.
- Felsenstein, J. (2005) PHYLIP (Phylogeny Inference Package) version 3.6. Distributed by the author. Department of Genome Sciences, University of Washington, Seattle.
- Guangchuang Y, D. Smith, H. Zhu, Y. Guan, T. T.-Y. Lam (2017). ggtree: an R package for visualization and annotation of phylogenetic trees with their covariates and other associated data. *Methods in Ecology and Evolution* 8:28-36.
- Jiménez, J. F., P. Sánchez-Gómez, J. Guerra, A. Molins & J. A. Rosselló (2009). Regional speciation or taxonomic inflation? The status of several narrowly distributed and endangered species of *Narcissus* using ISSR and nuclear ribosomal ITS markers. *Folia Geobotanica* 44: 145-158.
- Marques, I., J. Fuertes Aguilar, M. A. Martins-Louçao, F. Moharrek & G. Nieto Feliner (2017). A three-genome five-gene comprehensive phylogeny of the bulbous genus *Narcissus* (Amaryllidaceae) challenges current classifications and reveals multiple hybridization events. *Taxon* 66: 832-854.
- Medrano, M., E. López-Perea & C. M. Herrera (2014). Population genetics methods applied to a species delimitation problem: endemic trumpet daffodils (*Narcissus* section *Pseudonarcissi*) from the southern Iberian Peninsula. *International Journal of Plant Sciences* 175: 501-517.
- Moreno, J.C., coord. (2008). *Lista Roja 2008 de la flora vascular española*. Dirección General de Medio Natural y Política Forestal. Ministerio de Medio Ambiente, y Medio Rural y Marino, y Sociedad Española de Biología de la Conservación de Plantas, Madrid, 86 pp.
- Nei, M. & W. H. Li (1979). Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases. *Proceedings of the National Academy of Sciences USA* 76: 5269-5273.
- Paradis, E., J. Claude & K. Strimmer (2004) APE: analyses of phylogenetics and evolution in R language. *Bioinformatics* 20: 289-290.
- R Development Core Team (2017). R: A Language and Environment for Statistical Computing. <https://www.R-project.org/>
- Revell, L. J. (2012) phytools: An R package for phylogenetic comparative biology (and other things). *Methods in Ecology and Evolution* 3: 217-223.
- Ríos, S., D. Rivera, F. Alcaraz & C. Obón (1999). Three new species of *Narcissus* L. subgenus *Ajax* Spach (Amaryllidaceae), restricted to the meadows and forests of south-eastern Spain. *Botanical Journal of the Linnean Society* 131: 153-165.
- Sánchez-Gómez, P., J. Guerra, J. Güemes, J. García, A. Hernández, A. F. Carrillo & M. A. Carrión (1998). *Flora murciana de interés nacional y europeo. Protección y legislación*. Universidad de Murcia. Fundación Séneca. Dirección General de Medio Natural. Región de Murcia.
- Sánchez-Gómez, P., A. F. Carrillo, A. Hernández, M. A. Carrión & J. Güemes (2000). Una nueva combinación de *Narcissus* (Amaryllidaceae). *Anales del Jardín Botánico de Madrid* 57: 430-431.
- Schönswetter, P. & A. Tribsch (2005). Vicariance and dispersal in the alpine perennial *Bupleurum stellatum* L. (Apiaceae). *Taxon* 54: 725-732.

MÓNICA MEDRANO¹, JESÚS ROBLES² Y CARLOS M. HERRERA¹

1. Estación Biológica de Doñana (CSIC), Avda. Américo Vespucio 26, 41092 Sevilla, España

2. Dirección General de Medio Natural, Consejería de Agua, Agricultura, Ganadería, Pesca y Medio Ambiente, Comunidad Autónoma Región de Murcia, Plaza Juan XXIII, Edificio C, 30071 Murcia, España