

Análisis de la dimensión fractal del género *Quercus* en el sur de Italia

Eusebio Cano¹, Carmelo Maria Musarella², Juan Navas³, Ana Cano-Ortiz⁴,
José Carlos Piñar Fuentes¹, Carlos Vila-Viçosa⁵, Carlos Pinto Gomes⁵
& Giovanni Spampinato²

¹ Departamento Biología Animal, Vegetal y Ecología. Universidad de Jaén, España, ecano@ujaen.es

² Dipartimento di AGRARIA- Università Mediterranea di Reggio Calabria, Italia

³ Departamento Matemáticas. Universidad de Jaén, España

⁴ Departamento Sostenibilidad INTERRA. Salamanca, España

⁵ Departamento de Paisagem, Ambiente e Ordenamento / Instituto de Ciências Agrárias e Ambientais Mediterrânicas (ICAAM). Universidade de Évora, Portugal

Resumen: En estudios anteriores propusimos un nuevo método para el estudio del género *Quercus* (Musarella *et al.*, 2013), basado en la dimensión fractal (DF). En este trabajo analizamos la DF del género *Quercus* en el sur de Italia, para ello utilizamos hojas de árboles pertenecientes a *Q. robur* subsp. *brutia*, *Q. cerris*, *Q. congesta*, *Q. crenata*, *Q. ilex*, *Q. suber*, *Q. virginiana*. De cada árbol se toman hojas de cada uno de los puntos cardinales para comprobar si existe influencia de la orientación sobre la DF. En total se han analizado 1 099 hojas y con una media de 157 muestras por especie. El análisis de la DF es una herramienta muy poderosa para poder caracterizar la complejidad de la estructura morfológica de las hojas. Este análisis extrae información sobre los caracteres fenotípicos de las hojas utilizadas, tales como el número y morfología de los nervios, ángulos nervios secundarios con principal, contorno de hojas, aspecto reticulado de la hoja etc.

En nuestro análisis, no se han detectado diferencias significativas entre la DF en cada una de las orientaciones y la DF global para cada una de las especies. En este trabajo corroboramos estudios anteriores realizados por los autores, en los que se proponía una $DF < 1,6$ para *Quercus* esclerófilos y $DF > 1,6$ para caducifolios y marcescentes.

En el caso hipotético de que la diferencia entre las DF entre dos especies sea cero o su cociente sea uno, el grado de parentesco entre las dos especies es del 100 %; $DFA - DFB = 0$; $DFA / DFB = 1$, la especie A y B son iguales; por ello cuanto menor es la diferencia o bien cuanto más se acerque el cociente a 1, mayor es la semejanza entre las especies. Si este cociente tiene un valor alejado de 1 como ocurre entre $v_{fvi}/v_{fsu} > 2$, las especies *Q. virginiana* y *Q. suber* están muy distantes entre sí. Además, la realización del Test de Rango Múltiple, que es un procedimiento de comparación para determinar cuáles medias son significativamente diferentes unas de otras, confirma los resultados obtenidos de la forma anteriormente expuesta.

Conte *et al.* (2007) ponen de manifiesto el origen hibridógeno de *Q. crenata*, y según el análisis molecular existe una mayor similitud genética entre *Q. crenata* y *Q. cerris*, que entre *Q. crenata* y *Q. suber*. Los DF de *Q. crenata* 1,868; *Q. cerris* 1,677 y *Q. suber* 0,932; siendo $DF_{Qce} - DF_{Qsu}$ 0,745 y $DF_{Qce} / DF_{Qsu} = 1,8$, lo que significa que existe gran diferencia fenotípica (genética) entre los parentales, se presenta una mayor semejanza entre *Q. crenata* y *Q. cerris* que entre *Q. crenata* y *Q. suber*, ya que la diferencia $DF_{Qcr} - DF_{Qce} = 0,191$ y $DF_{Qcr} / DF_{Qce} = 1,1$, por lo que tienen un fuerte grado de semejanza, mientras que $DF_{Qcr} - DF_{Qsu} = 0,936$ y $DF_{Qcr} / DF_{Qsu} > 2$, lo que pone de manifiesto las fuertes diferencias fenotípicas entre el híbrido y el parental.

Abstract: Analysis of the fractal dimension of the *Quercus* genus in southern Italy

In previous articles we proposed a new method for the study of the *Quercus* genus (Musarella *et al.* 2013) based on the fractal dimension (FD). In this work we analyse the FD of the *Quercus* genus in southern Italy by using leaves from trees belonging to *Q. robur* subsp. *brutia*, *Q. cerris*, *Q. congesta*, *Q. crenata*, *Q. ilex*, *Q. suber* and *Q. virginiana*. Leaves were removed at each of the cardinal points on each tree to determine the possible influence of orientation on FD. A total of 1,099 leaves were analysed, with an average of 157 samples per species. FD analysis is a very powerful tool with which to characterise the complexity of leaf structural morphology. This analysis extracts information on the phenotypical characters of the leaves such as the number and morphology of the veins, angles of secondary veins with regard to the main vein, leaf margins, reticulated appearance, and so on.

Our analysis did not detect any significant differences between the FD in each orientation or in the overall FD for each species. This work corroborates previous studies by the authors in which $FD < 1.6$ was proposed for sclerophyllous *Quercus* and $FD > 1.6$ for deciduous and marcescent *Quercus*. In the hypothetical case of the difference in the FD of two species being zero or one, the degree of kinship between the two species is 100 %. $FDA - FDB = 0$; $FDA / FDB = 1$: species A and B are the same, and therefore the smaller the difference or the nearer the

figure to 1, the greater the similarity between the species. If this figure is far from 1, as occurs in the case of $v_{fvi}/v_{fsu} > 2$, this indicates that the species *Q. virginiana* and *Q. suber* are very distant from each other. The multiple ranking test –a comparison procedure to determine which means are significantly different from each other– confirms the results obtained using the method described above.

Conte *et al.* (2007) highlight the hybridogenic origin of *Q. crenata*, and molecular analysis points to a greater genetic similarity between *Q. crenata* and *Q. cerris* than between *Q. crenata* and *Q. suber*. The FD of *Q. crenata* is 1.868; *Q. cerris*, 1.677; and *Q. suber*, 0.932; where $FD_{Qce} - FD_{Qsu} = 0.745$ and $FD_{Qce}/FD_{Qsu} = 1.8$, indicating a greater phenotypical (genetic) difference between the parentals. There is more similarity between *Q. crenata* and *Q. cerris* than between *Q. crenata* and *Q. suber*; as the difference $FD_{Qcr} - FD_{Qce} = 0.191$ and $FD_{Qcr}/FD_{Qce} = 1.1$, revealing a high degree of similarity, whereas $FD_{Qcr} - FD_{Qsu} = 0.936$ and $FD_{Qcr}/FD_{Qsu} > 2$, showing significant phenotypical differences between the hybrid and the parental.