

Sobre la presencia de *Cotoneaster tomentosus* (Aiton) Lindl. en la provincia de Ciudad Real (España)

Juan Francisco Jiménez Martínez¹, José Luis Cánovas Rubio², Carlos Aedo Pérez³, Rubén Ramírez Rodríguez⁴, Helena Blanca Ordóñez¹ & Pedro Sánchez Gómez²

¹ Departamento de Botánica, Universidad de Granada, Avda. Fuente Nueva s/n, 18071 Granada.

² Departamento de Biología Vegetal (Botánica), Universidad de Murcia, Campus de Espinardo, 30100 Murcia.

³ Real Jardín Botánico de Madrid, CSIC, Plaza de Murillo 2, 28014 Madrid.

⁴ Departamento de Farmacia y Nutrición, Facultad de Ciencias Biomédicas y de la Salud, Universidad Europea de Madrid, Calle Tajo s/n., Villaviciosa de Odón, 28670 Madrid.

*Autor para correspondencia: jfjimenez@ugr.es

Recibido: 28 octubre 2025. **Aceptado:** 14 enero 2016. **Publicado:** 3 febrero 2026

Editado por: María Talavera Solis

Resumen

En este trabajo se da a conocer una nueva cita de *Cotoneaster tomentosus* en la provincia de Ciudad Real (Castilla-La Mancha), que supone la cita más meridional de esta especie en la Península Ibérica. Dada la dificultad a la hora de determinar la adscripción taxonómica de algunas especies del género, para identificar correctamente esta especie se ha realizado un estudio morfológico y otro con marcadores moleculares. Ambos estudios confirman la identidad de este nuevo individuo localizado como *C. tomentosus*. Además se aportan datos sobre su ecología y medidas para su conservación, ya que se trata de una especie incluida en el Catálogo Regional de Especies Amenazadas de Castilla-La Mancha.

Palabras clave: corología, Rosaceae, espaciador nuclear ITS, flora amenazada.

Abstract

On the presence of *Cotoneaster tomentosus* (Aiton) Lindl. in the province of Ciudad Real (Spain)

*In this paper, we report a new record of *Cotoneaster tomentosus* in the province of Ciudad Real (Castile-La Mancha), which is the southernmost record of this species in the Iberian Peninsula. Given the difficulty in determining the taxonomic assignment of some species in the genus, a morphological study and a molecular sequencing study have been conducted to accurately identify this species. Both studies confirm the identity of this new individual as *C. tomentosus*. In addition, data on its ecology and measures for its conservation are provided, as it is a species included in the Regional Catalogue of Threatened Species of Castile-La Mancha.*

Keywords: chorología, Rosaceae, ITS nuclear spacer, threatened flora.



Introducción

A través de diferentes convenios y asistencias técnicas, los integrantes del grupo de investigación E005/07 de la Universidad de Murcia han realizado numerosas prospecciones botánicas en la provincia de Albacete y en territorios aledaños de Ciudad Real. Estas campañas de campo han resultado en la localización de nuevas poblaciones de numerosos taxones en los últimos años (p.e. Sánchez-Gómez et al., 2016, 2018, 2019; López-García et al., 2023). En una de las últimas salidas a las Lagunas de Ruidera, se localizó un único individuo perteneciente al género *Cotoneaster* Medik., cuyos caracteres morfológicos diferían de los propios de *Cotoneaster granatensis* Boiss., especie característica del Sur, Este y Sureste peninsular. Tras una revisión de sus caracteres morfológicos se observó que éstos se asemejaban más a *Cotoneaster tomentosus* (Aiton) Lindl., especie distribuida por el Centro y Sur de Europa, y por el norte y centro peninsular: Pirineos, Prepirineos y Sistema Ibérico, llegando a algunos puntos de la Serranía de Cuenca y norte de la Comunidad Valenciana.

Cotoneaster es un género de la familia Rosaceae, que está ampliamente distribuido por el Hemisferio Norte (Europa, América, norte de África y grandes zonas templadas de Asia), siendo el Himalaya y las montañas más próximas de las provincias chinas de Sichuan y Yunnan el principal centro de diversificación (Fryer & Hylmö, 2009). El número de especies reconocidas varía entre 50 y 370 según la clasificación taxonómica que se consulte (Flinck & Hylmö, 1966; Yü et al., 1974; Phipps et al., 1990; Lu et al., 2003; Fryer & Hylmö, 2009; Dickoré & Kasperek, 2010), existiendo aún un gran número de taxones no resueltos (wfoplantlist, 2025). Los sistemas reproductivos en el género favorecen la apomixis, dando lugar a taxones muy similares morfológica y genéticamente. Además, los últimos estudios apoyados en marcadores moleculares apoyan las hipótesis previas que sugieren que la hibridación, al igual que en la familia Rosaceae, ha tenido un papel muy importante en la evolución de *Cotoneaster* (p.e. Li et al., 2017; Meng et al., 2021).

Objetivos

Los objetivos de este trabajo han ido dirigidos a confirmar la presencia de *Cotoneaster tomentosus* en la nueva localidad, que corresponde a la más meridional conocida hasta el momento. Para ello, de acuerdo a los antecedentes mencionados respecto a la evolución y diversificación del género *Cotoneaster*, hemos comparado tanto a nivel morfológico como molecular esta especie con otras especies ibéricas del género *Cotoneaster*.

Material y Métodos

Localización y hábitat

El individuo recientemente localizado se encuentra en las proximidades de la Laguna La Colgada, que pertenece a las Lagunas de Ruidera, por lo que en esta zona se ha realizado una caracterización del hábitat, de acuerdo a la clasificación fitosociológica de Rivas-Martínez et al. (2001). Se ha elaborado un listado de especies acompañantes y se han realizado una serie de transectos por las zonas limítrofes para identificar zonas potenciales en las que localizar nuevos individuos. La localización de la población, así como de las poblaciones de las otras especies ibéricas de las que se ha obtenido el material para el análisis filogenético se pueden observar en la Tabla 1 y en el mapa de distribución adjunto (Figura 1), elaborado usando ArcGis 10.1, y posteriormente editado con Inkscape 0.92.

Análisis morfológico

Se ha estudiado material conservado de *Cotoneaster integerrimus* Medik. y *C. tomentosus* procedente de los herbarios MA, MUB y GDA-GDAC (Anexo). Los caracteres morfológicos que se han tenido en cuenta para la adscripción del nuevo individuo localizado a uno u otro taxón han sido: tamaño de las hojas, la presencia y densidad de indumento en el haz de las hojas, sépalos y fruto, y número de flores/frutos.

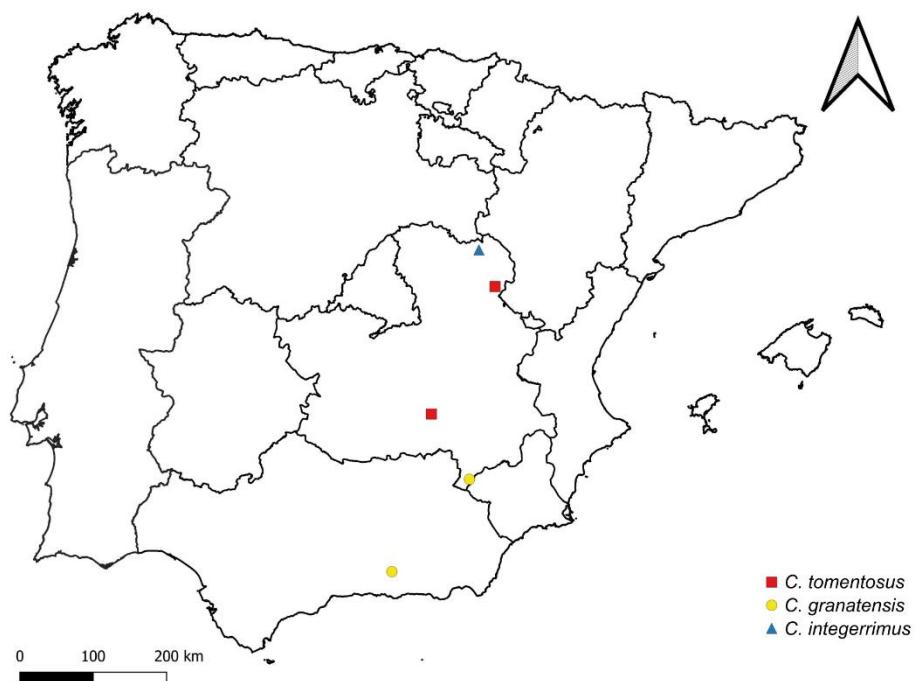


Figura 1. Mapa de localización de las especies ibéricas de *Cotoneaster* usadas en el estudio filogenético.
Figure 1. Location map of the Iberian *Cotoneaster* species used in the phylogenetic study.

Análisis filogenético

Se ha utilizado material fresco de cinco muestras pertenecientes a las especies presentes de forma natural en la Península Ibérica: una muestra de *C. integerrimus*, dos muestras de *C. granatensis*, y dos muestras de *C. tomentosus*, incluyendo la muestra del individuo recientemente localizado (Tabla 1). Adicionalmente, se han utilizado cuatro secuencias obtenidas de la base de datos GENBANK incluyendo secuencias pertenecientes a dos especies cultivadas en la Península Ibérica (*C. franchetii* Bois y *C. lacteus* W. W. Sm.), de acuerdo con Blanca (1998), y dos grupos externos, *Heteromeles* M.Roem. y *Pyracantha* M.Roem (Tabla 1).

La extracción de ADN de hojas previamente conservadas en gel de sílice ha sido realizada utilizando el método CTAB de Doyle & Doyle (1987) ligeramente modificado (Schenk *et al.*, 2023). La región elegida para la secuenciación y posterior análisis filogenético ha sido el espaciador nuclear ribosomal ITS (internal transcribed spacer). Para ello se han utilizado la pareja de cebadores ITS5/ITS4 (White *et al.*, 1990). La amplificación de esta región ha sido realizada mediante una PCR en un termociclador Biometra T3000, utilizando el siguiente programa: un paso inicial a 94°C durante 5 minutos, 35 ciclos de 94°C durante 30 segundos, 54°C durante 45 segundos, 72°C durante 1 minuto, y un paso final de 72°C durante 8 minutos para terminar los productos de amplificación. Posteriormente 1,5 µl de los productos de amplificación fueron visualizados en un gel de agarosa al 1,5% para comprobar su concentración. Los que mostraron suficiente concentración fueron purificados con el Kit NZY Gelpure de NZYtech, y enviados a MACROGEN (Corea) para su secuenciación. Ambas cadenas de ADN fueron secuenciadas y comprobadas con Chrome Lite 2.01 (Technelysium Pty Ltd.) para obtener las secuencias consenso.

Estas secuencias consenso fueron alineadas con la herramienta MUSCLE implementada en Geneious 7. Bioedit (Hall, 1999) fue utilizado para realizar ajustes de alineamiento menores. Las relaciones

filogenéticas entre las especies utilizadas de *Cotoneaster* fueron evaluadas utilizando inferencia Bayesiana (IB) utilizando MrBayes 3.2 (Ronquist et al., 2012) y Máxima Verosimilitud (MV) con RAxMLGUI v1.5b1 (Silvestro & Michalak, 2012). En el caso de IB, los valores de probabilidad posterior (PP) iguales o superiores a 0,95 se utilizaron como indicadores de soporte de nodos, mientras que en el caso del análisis de MV, los valores de bootstrap mayores a 70% fueron considerados como significativos. Los gaps fueron codificados utilizando el método simple de Simmons & Ochotorena (2000). jModeltest 2.1 (Darriba et al., 2012) se utilizó para seleccionar el mejor modelo de sustitución. Se iniciaron dos ejecuciones simultáneas a partir de árboles aleatorios. Los análisis se ejecutaron hasta que la desviación estándar media de las frecuencias de división fue inferior a 0,01. La convergencia de las ejecuciones se comprobó en Tracer v1.7 (Rambaut et al., 2018). Se ejecutaron 2.000.000 de generaciones mediante muestreo cada 100 generaciones con la siguiente configuración: Nst = 6, rates = invgamma. Burnin (el número de generaciones iniciales descartadas para análisis posteriores) se fijó en el 25% de los árboles muestreados. Se construyó un árbol de consenso con una regla de la mayoría del 50% utilizando el comando «sumt» de MrBayes.

Los árboles filogenéticos de MV se realizaron con 10.000 réplicas mediante el análisis bootstrap rápido en RAxMLGUI v1.5b1. Los árboles filogenéticos con mejor puntuación se eligieron como los árboles finales y los valores de bootstrap se añadieron a los nodos. También se utilizó GTR + I +G como mejor modelo de evolución. Los árboles se editaron con Figtree 1.4.4 (Rambaut 2012).

Tabla 1. Taxones utilizados para el análisis filogenético y procedencia de cada una de las secuencias del espaciador nuclear ribosomal ITS.

Table 1. Taxa used for phylogenetic analysis and source of each of the nuclear ribosomal ITS spacer sequences.

Taxón	Procedencia de las secuencias
<i>C. franchetii</i>	Genbank accession no. JQ392397
<i>C. granatensis_Ner</i>	El Zarzalar, Nerpio, 30SWH6123, Albacete. Genbank accesión no. PX775254
<i>C. granatensis_SN</i>	Barranco de Las Víboras, 30SVG60, Sierra Nevada. Genbank accession no. PX775253
<i>C. integerrimus_SI</i>	Sierra de Selas 30TWL7436, Guadalajara. Genbank accession no. PX775257
<i>C. lacteus</i>	Genbank accession no. U16188
<i>C. tomentosus_Ruidera</i>	Laguna La Colgada. Alhambra, 30SWJ0912, Ciudad Real. Genbank accession no. PX775255
<i>C. tomentosus_SI</i>	Checa, La Campana 30TWK9686, Guadalajara. Genbank accession no. PX775256
<i>Heteromeles arbutifolia</i>	Genbank accession no. JQ392440
<i>Pyracantha fortuneana</i>	Genbank accession no. JQ392485

Resultados

Localización y hábitat

El individuo de *Cotoneaster tomentosus* recientemente localizado, se asienta en el Parque Natural de las Lagunas de Ruidera (Ciudad Real), en el entorno de la Laguna La Colgada (Figura 1). El individuo localizado ha aparecido formando parte del sotobosque de un carrascal mesomediterráneo bajo ombrótipo seco, junto a especies como *Quercus rotundifolia* Lam., *Rhamnus lycioides* L., *Rubia peregrina* L., *Teucrium pseudochamaepitys* L., *Rosmarinus officinalis* L., *Genista scorpius* (L.) DC., *Juniperus oxycedrus* L. y *Asparagus acutifolius* L.

Ciudad Real: Alhambra, Laguna La Colgada, 30SWJ0912, 790 m.s.n.m., sotobosque de encinar en ladera, 08-VII-2024, P. Sánchez-Gómez, J.L. Cánovas, J.F. Jiménez & C. Aedo (MUB-SURESTE 116377).

Análisis morfológico

Los caracteres morfológicos utilizados en las claves de *Flora iberica* (Blanca, 1998) resultaron ser muy útiles para identificar el individuo localizado como *Cotoneaster tomentosus*. La presencia de indumento en el haz de las hojas y en los frutos lo diferencia perfectamente de las otras especies ibéricas. También resultó discriminante respecto a *C. granatensis* la abundante pilosidad en los pedicelos florales y en los sépalos (Figura 2). Las medidas de hojas y sépalos también se encontraban dentro del rango de *C. tomentosus*, aunque estos caracteres no se utilizaron como discriminantes por entrar también parcialmente en el rango de tamaño de las otras especies ibéricas.

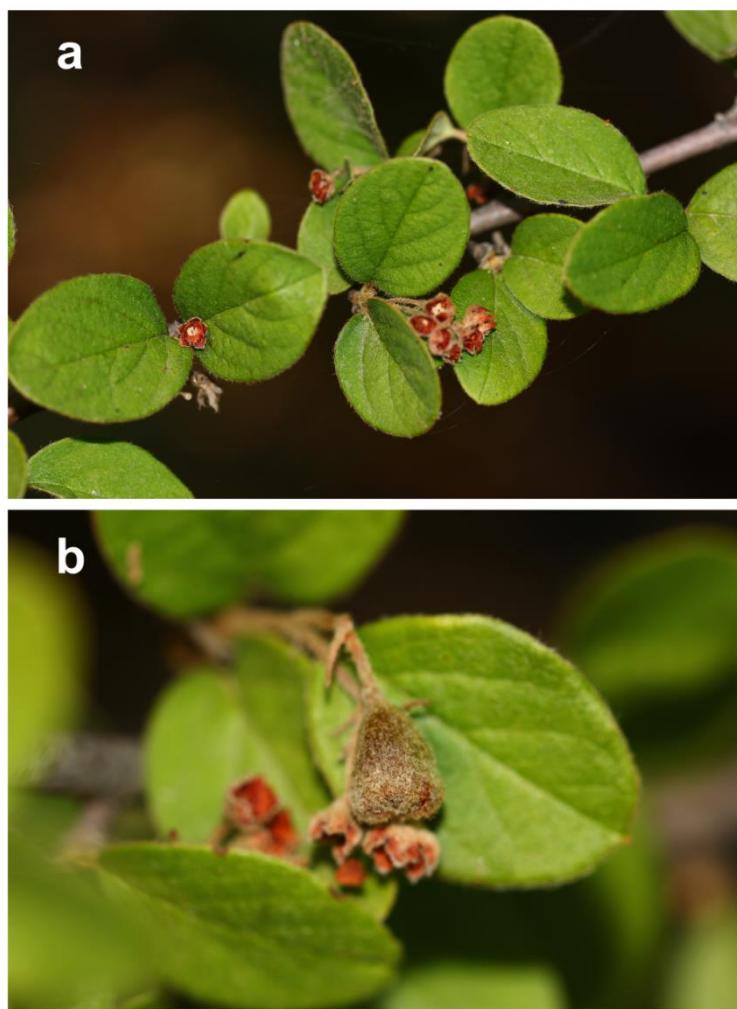


Figura 2. Individuo de *Cotoneaster tomentosus* recientemente localizado. (a) Hojas. (b) Frutos.
Autoría: grupo de investigación E005/07, Universidad de Murcia.

Figure 2. Recently located individual of *Cotoneaster tomentosus*. (a) Leaves. (b) Fruits.
Investigation group E005/07, Murcia University.

Análisis filogenético

El alineamiento obtenido a partir de siete secuencias de *Cotoneaster spp.* junto a dos grupos externos presentó un total de 618 pb (incluyendo 20 pb pertenecientes a los gaps codificados). Para la inferencia Bayesiana, jModeltest 2.1 indicó, que a partir del criterio AIC (Akaike Information Criterion), el modelo GTR + I + G (modelo general reversible en el tiempo de sustitución del ADN) fue el que mejor se ajustó a

nuestro conjunto de datos. Los árboles obtenidos a partir de inferencia Bayesiana y Máxima Verosimilitud resultaron idénticos, por lo que los valores de PP y BS se incluyeron en el árbol resultante de IB (Figura 3). *C. franchetii* es la especie más basal con el máximo soporte estadístico. Como grupo hermano tenemos los dos individuos de *C. tomentosus* (el ejemplar de Ruidera y un individuo de una población del Sistema Ibérico), que se encuentran como una rama de un subclado que presenta también el máximo apoyo estadístico, en el que está *C. lacteus* como grupo hermano de *C. integrerrimus*, y como especie más próxima a éste los individuos de *C. granatensis*. En resumen, como puede observarse, el individuo de *C. tomentosus* del entorno de Ruidera se agrupa perfectamente con el del Sistema Ibérico.

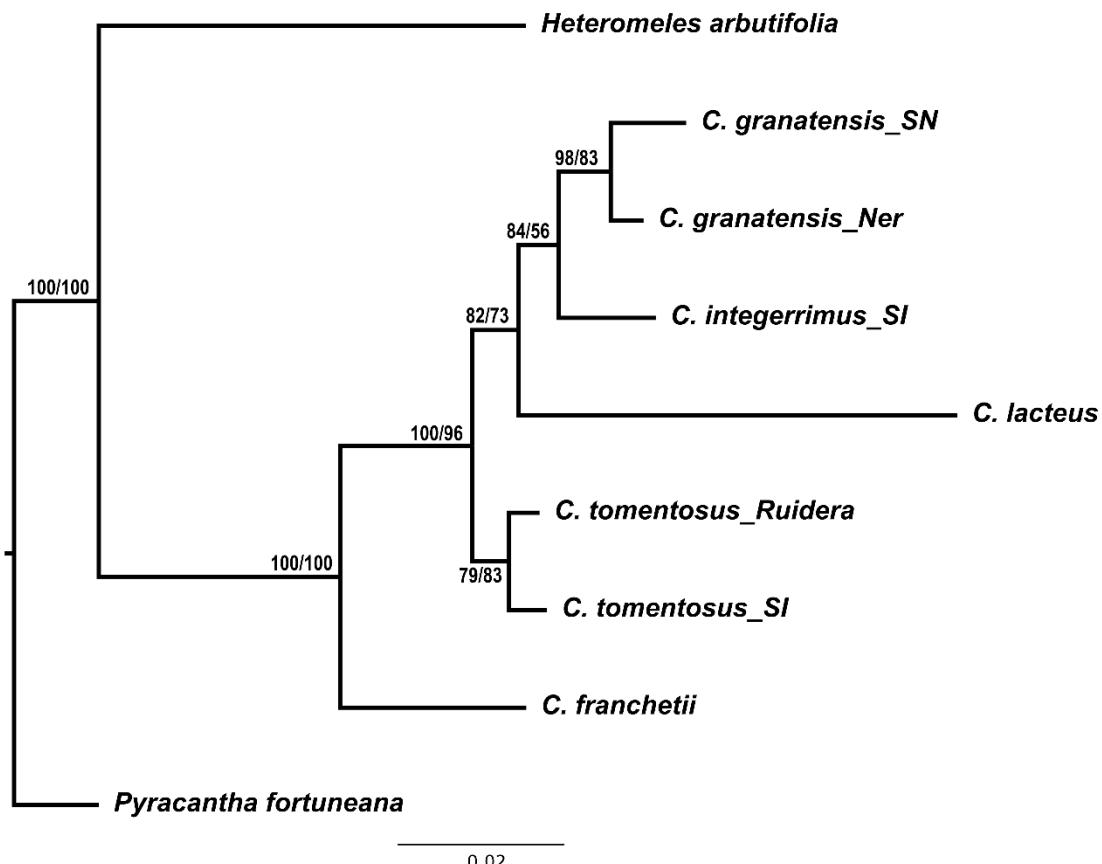


Figura 3. Árbol filogenético obtenido mediante inferencia Bayesiana (IB) a partir de las secuencias del espaciador nuclear ribosomal ITS. Los números en los nodos indican los valores de probabilidades posteriores (en porcentaje) obtenidos con IB, y los valores de Bootstrap obtenidos con máxima verosimilitud, respectivamente. La escala indica el número de sustituciones nucleotídicas por sitio.

Figure 3. Phylogenetic tree obtained by Bayesian inference (IB) from the sequences of the nuclear ribosomal ITS spacer. The numbers in the nodes indicate the posterior probability values (in percentage) obtained with IB, and the Bootstrap values obtained with maximum likelihood, respectively. Scale bar represents the number of nucleotide substitutions per site."

Discusión

En este trabajo hemos confirmado, tanto a nivel morfológico como molecular, que el nuevo individuo localizado pertenece a la especie *Cotoneaster tomentosus*. Esta investigación, aunque aparentemente sencilla, no está exenta de ciertas consideraciones que se exponen a continuación. Como se ha comentado anteriormente, la apomixis y la hibridación parecen ser muy importante en la historia evolutiva

del género *Cotoneaster*. De hecho, la mayor parte de especies del género son poliploides, y como sugieren Li *et al.* (2014), la causa más probable de esta poliploidización es debida a fenómenos de introgresión. Esto da lugar a filogenias en las que aparecen incongruencias entre marcadores nucleares y plastidiales, y en las que aparecen clados homoplásicos en los que se agrupan numerosas especies de diferentes subsecciones, que hacen muy difícil resolver las relaciones de parentesco dentro del género *Cotoneaster*.

Estos antecedentes hacen que seamos muy cautos a la hora de establecer la adscripción del individuo localizado a uno u otro taxón. Sin embargo, como ya se ha indicado, los resultados obtenidos han permitido identificar claramente esta población como *Cotoneaster tomentosus*. Por una parte, los caracteres morfológicos establecidos como diferenciales (presencia de indumento en hojas, en inflorescencias, y en frutos), coinciden con los pliegos consultados de otras poblaciones ibéricas en las que se localiza esta especie. Además, el espaciador nuclear ribosomal utilizado también permite separar con una significación estadística elevada *C. tomentosus* del resto de taxones incluidos en el análisis, estando en un clado propio los dos individuos de *C. tomentosus* estudiados.

Ecología y estado de la población

Como se ha comentado, el individuo localizado forma parte del sotobosque de un carrascal mesomediterráneo perteneciente a la asociación *Junipero thuriferae-Quercetum rotundifoliae* Rivas-Martínez, 1987. Se localiza en un ambiente más termófilo que las poblaciones más próximas de la Serranía de Cuenca, que aparecen en los pisos supra y oromediterráneo en comunidades vegetales glerícolas de la asociación *Picrido rielli-Stipetum calamagrostis* O. Bolòs 1960 y arbustadas caducifolias espinosas submediterráneas pertenecientes a la clase *Rhamno-Prunetea* Rivas-Goday & Borja ex Tüxen 1962, siempre en sustrato calizo (García-Cardo *et al.*, 2021). Este individuo no alcanza los 2 metros de altura, y aunque se encuentra aislado, produce frutos aparentemente fértiles, lo que podría indicar un posible sistema reproductivo de tipo apomíctico. No obstante, no hemos podido comprobar si las semillas son viables. La localidad en la que se ha encontrado sería la más meridional de la especie en la Península Ibérica, por lo que aumentaría el área de distribución de la especie.

Como se ha indicado, este individuo está localizado en un hábitat algo diferente al que se suele encontrar en la Península Ibérica, y su origen parece ser relativamente reciente. Dado el lugar donde se encuentra, es poco probable que haya sido introducido de forma antrópica, siendo más probable que su presencia sea producto de un evento de dispersión a larga distancia. En muchas especies del género, unos de los principales agentes dispersantes son los pájaros frugívoros (Díaz-Vélez *et al.*, 2018; Juncosa-Polzella *et al.*, 2023; Moloi *et al.*, 2024), y concretamente se indica que *Cotoneaster tomentosus* en la República Checa se dispersa principalmente por endozoocoria (Chytrý *et al.*, 2024), por lo que no debe descartarse la posibilidad de que un ave frugívora, tal vez migratoria, haya tenido que ver en la aparición de este individuo.

En cualquier caso, este individuo debe pasar a engrosar el listado de especies presentes en la provincia de Ciudad Real, y concretamente en el espacio protegido de las Lagunas de Ruidera. Se trata de una especie incluida en el C.R.E.A. de Castilla-La Mancha (DOCM, 2001) en la categoría “Vulnerable”, por lo que al menos, debería hacerse un seguimiento periódico del individuo conocido, prospectar hábitats potenciales en la zona, evaluar sus amenazas potenciales y recolectar germoplasma para evaluar la producción y viabilidad de las semillas, así como su conservación en un banco de germoplasma de referencia.

Conflictos de intereses

Los/as autores/as declaran no tener conflictos de interés relevante con el contenido de este manuscrito.

Declaración de contribución de autorías CRediT

Conceptualización, visualización, supervisión y recursos: PSG y JFJM. Análisis formal. JFJM, JLKR, HBO. Trabajo de Campo: PSG, CAP, JFJM y JLKR. Borrador y revisión: PSG, CAP, JFJM y RRR

Declaración de uso de inteligencia artificial (IA)

Los/as autores/as declaran no haber utilizado IA para la generación de los contenidos de este manuscrito.

Agradecimientos

Job Moya Pereira nos facilitó la localización del individuo aquí citado. Ignacio Mosqueda Muguruza, director-conservador del Parque Natural de las Lagunas de Ruidera nos permitió el acceso y muestreo en el entorno del espacio protegido. Nuestro más sincero agradecimiento a ambos.

Bibliografía

- Blanca, G. (1998). *Cotoneaster* Medik. In F. Muñoz-Garmendia & C. Navarro (Eds.) *Flora Iberica, Plantas vasculares de la Península Ibérica e Islas Baleares*, Vol 6 (pp. 394-401). Madrid: Real Jardín Botánico, CSIC.
- Chytrý, M., Řezníčková, M., Novotný P., Holubová, D., Preislerová, Z., Attorre, F., Biurrun, I., Blažek, P., Bonari, G., Borovýk, D., Čeplová, N., Danihelka, J., Davydov, D., Dřevojan, P., Fahs, N., Guarino, R., Güler, B., Hennekens, S.M., Hrvnák R., ... Axmanová, I. (2024). FloraVeg.EU – an online database of European vegetation, habitats and flora. *Applied Vegetation Science*, 27, e12798. <https://doi.org/10.1111/avsc.12798>
- Darriba, D., Taboada, G.L., Doallo, R. & Posada, D. (2012). jModelTest 2: more models, new heuristics and parallel computing. *Nature Methods*, 9, 772. <https://doi.org/10.1038/nmeth.2109>.
- Díaz Vélez, M.C., Sérsic, A.N., Traveset, A. & Paiaro, V. (2018). The role of frugivorous birds in fruit removal and seed germination of the invasive alien *Cotoneaster franchetii* in central Argentina. *Austral Ecology*, 43, 558-566. <https://doi.org/10.1111/aec.12592>.
- Dickoré, W.B. & Kasperek, G. (2010). Species of *Cotoneaster* (Rosaceae, Maloideae) indigenous to, naturalising or commonly cultivated in Central Europe. *Willdenowia*, 40, 13-45. <https://doi.org/10.3372/wi.40.40102>.
- DOCM (2001). Decreto 200/2001, de 6 de noviembre de 2001, por el que se amplía el Catálogo Regional de Especies Amenazadas. DOCM núm. 119, de 13 de noviembre de 2001.
- Doyle, J.J. & Doyle, J.L. (1987). A Rapid DNA Isolation Procedure for Small Quantities of Fresh Leaf Tissue. *Phytochemical Bulletin*, 19, 11-15.
- Flinck, K.E. & Hylmö, B. (1966). A list of series and species in the genus *Cotoneaster*. *Botaniska Notiser*, 119, 445-463.
- Fryer, J. & Hylmö, B. (2009). *Cotoneasters: a comprehensive guide to shrubs for flowers, fruit, and foliage*. Portland and London: Timber Press.
- García-Cardo, O., Bartolomé, C. & Martínez-Labarga, J.A. (2021). *Atlas de la flora singular y amenazada de la provincia de Cuenca*. Toledo: Junta de Comunidades de Castilla-La Mancha.
- Hall, T.A. (1999). BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT. *Nucleic Acids Symposium Series*, 41, 95-98.

- Juncosa-Polzella, A.S., Tecco, P.A. & Vergara-Tabares, D.L. (2023). Seed dispersal of a fleshy-fruited invasive shrub is affected by changes in the frugivorous bird assemblage along an elevational gradient. *Austral Ecology* 48, 1797-1814. <https://doi.org/10.1111/aec.13423>.
- Li, F.F., Fan, Q., Li, Q.Y., Chen, S.F., Guo, W., Cui, D.F. & Liao, W.B. (2014). Molecular phylogeny of *Cotoneaster* (Rosaceae) inferred from nuclear ITS and multiple chloroplast sequences. *Plant Systematics and Evolution*, 300, 1533-1546. <https://doi.org/10.1007/s00606-014-0980-5>.
- Li, M.W., Chen, S.F., Zhou, R.C., Fan, Q., Li, F.F. & Liao, W.B. (2017). Molecular Evidence for Natural Hybridization between *Cotoneaster dielsianus* and *C. glaucophyllus*. *Frontiers in Plant Science*, 8. <https://doi.org/10.3389/fpls.2017.00704>.
- Lu, L.D., Gu, C.Z., Li, C.L., Jiang, S.Y., Alexander, C., Bartholomew, B., Brach, A.R., Boufford, D.E., Ikeda, H., Ohba, H., Robertson, K.R. & Spongberg, S.A. (2003) Rosaceae. In Wu, Z.Y. and Raven, P.H. (Eds.), *Flora of China. Vol. 9* (pp. 46-434). Beijing, Science Press, China and St. Louis, Missouri Botanical Garden Press.
- López-García, D., Sánchez-Gómez, P. & Cánovas, J.L. (2023). Novedades florísticas para las provincias de Almería y Granada (España). *Anales de Biología*, 45, 73-75. <https://doi.org/10.6018/analesbio.45.09>.
- Meng, K.K., Chen, S.F., Xu, K.W., Zhou, R.C., Li, M.W., Dhamala, M.K., Liao, W.B. & Fan, Q. (2021). Phylogenomic analyses based on genome-skimming data reveal cyto-nuclear discordance in the evolutionary history of *Cotoneaster* (Rosaceae). *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 158, 107083. <https://doi.org/10.1016/j.ympev.2021.107083>
- Moloi, K.T., Steenhuisen, S.L., Adams, L.D., Downs, C.T. & Martin, G.D. (2024). Only doing half the job: Frugivorous birds facilitate the spread but not the germination rate of invasive *Cotoneaster pannosus*. *South African Journal of Botany*, 173, 60-67. <https://doi.org/10.1016/j.sajb.2024.08.009>.
- Phipps, J.B., Robertson, K.R., Smith, P.G. & Rohrer, J.R. (1990). A checklist of the subfamily Maloideae (Rosaceae). *Canadian Journal of Botany*, 68, 2209–2269. <https://doi.org/10.1139/b90-288>.
- Rambaut, A. (2012). Figtree v 1.4.4. <http://tree.bio.ed.ac.uk/software/figtree/>. Accessed on 16 June 2023.
- Rambaut, A., Drummond, A.J., Xie, D., Baele, G. & Suchard, M.A. (2018). Posterior Summarization in Bayesian Phylogenetics Using Tracer 1.7. *Systematic Biology*, 67(5):901-904. <https://doi.org/10.1093/sysbio/syy032>.
- Rivas-Martínez, S., Fernández-González, F., Loidi, J., Lousá, M. & Penas, A. (2001). Syntaxonomical checklist of vascular plant communities of Spain and Portugal to association level. *Itinera Geobotanica*, 14, 5-341.
- Ronquist, F., Teslenko, M., van der Mark, P., Ayres, D.L., Darling, A., Höhna, S., Larget, B., Liu, L., Suchard, M.A. & Huelsenbeck, J.P. (2012). MrBayes 3.2: Efficient bayesian phylogenetic inference and model choice across a large model space. *Systematic Biology*, 61(3), 539-542. <https://doi.org/10.1093/sysbio/sys029>.
- Sánchez-Gómez, P., Cánovas, J.L., Jiménez, J.F., Catalán, A. & López-Donate, J.A. (2019). Novedades florísticas para las provincias de Albacete, Almería y Granada. *Anales de Biología*, 41, 73-76. <https://doi.org/10.6018/analesbio.41.10>.
- Sánchez-Gómez, P., Jiménez, J.F., Cánovas, J.L., Catalán, A.E., López-Donate, J.A., del Río, J. & Vera, J.B. (2016). Novedades florísticas para las provincias de Albacete y Granada. *Anales de Biología*, 38, 109-114.
- Sánchez-Gómez, P., López-García, D., Cánovas, J.L., Jiménez, J.F., Vera, J.B. & Martínez-López, P. (2018). Novedades florísticas para las provincias de Murcia, Albacete y Almería (España). *Anales de Biología*, 40, 73-85. <https://doi.org/10.6018/analesbio.40.09>.
- Schenk, J.J., Becklund, L.E., Carey, J. & Fabre, P.P. (2023). What is the "modified" CTAB protocol? Characterizing modifications to the CTAB DNA extraction protocol. *Applications in Plant Sciences*, 11(3), e11517. <https://doi.org/10.1002/aps3.11517>.
- Silvestro, D. & Michalak, I. (2012). raxmlGUI: a graphical front-end for RAxML. *Organisms Diversity and Evolution*, 12, 335-337. <https://doi.org/10.1007/s13127-011-0056-0>.
- Simmons, M.P. & Ochoterena, H. (2000). Gaps as characters in sequence-based phylogenetic analyses. *Systematic Biology*, 49(2), 369-81. [https://doi.org/10.1016/s0076-6879\(96\)66030-3](https://doi.org/10.1016/s0076-6879(96)66030-3).
- White, T.J., Bruns, T.D., Lee, S.B. & Taylor, J.W. (1990). Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics. In M. A. Innis, D. H. Gelfand, J.J. Sninsky & T.J. White (Eds.), *PCR protocols: A guide to methods and applications* (pp. 315-321). New York: Academic Press.
- wfoplantlist (2025). World Flora Online. www.wfoplantlist.org. Consulta realizada en Junio de 2025.
- Yü, T.T., Lu, L.D. & Ku, T.C., (1974). Rosaceae. In T.T. Yü (Ed.), *Flora Reipublicae Popularis Sinicae. Vol. 36* (pp. 107-178). Beijing: Science Press.

Anexo

Cotoneaster integrifolius

Asturias: Entre Pinos y Tuiza, Peña Ubiña, 30TNN66, roquedos calizos, 22/VII/1981, *Molero Mesa, Pérez Raya, Casares & M. Parras*, GDA 13803. Huesca: Sierra de las Cutas, cara norte de la Sierra de las Cutas, hacia la fuente del Abé, 30TYN4524, crestón calizo ventoso, 1800 m, *P. Monserrat & L. Villar*, GDA 24323. La Rioja: Macizo de Toloño, San Vicente de la Sonsierra, 30TWN2119, pasto-matorral sobre cresta alomada por encima del hayedo, 15/V/1999, *J.A. Alejandre & M.J. Escalante*, GDA 42162. Lérida: Pirineo Catalán, Parque Natural del Cadí-Moixeró, La Vansa-Fornols, umbría de Adraén, 31TCG7781, bosque caducifolio, sustrato calizo, 1520 m, 29/VI/2004, *C. Morales, C. Quesada, L. Baena, M.T. Vizoso & J. Peñas*, GDA 57788

Cotoneaster tomentosus

Cuenca: Umbría del Arroyo del Chispo, *García Cardo*, MA-01-00722005; Beamud, Fuente de la Canaleja, *García Cardo*, MA-01-00722006; El Cambrón-Piedra del Balcón, *García Cardo*, MA-01-00722007; Laguna del Marquesado, La Maritosa, *García Cardo*, MA-01-00722013; Laguna del Marquesado, La Laguna, *García Cardo*, MA-01-00722014; Hoz de San Miguel, *García Cardo*, MA-01-00722015; Zafrilla, Majada de la Cabra, *García Cardo*, MA-01-00744059; Beteta, Juntas de los ríos Tajo y Hoz Seca, 30TWK9387, en roquedos calizos junto a *Acer monspesulanum* L., *Amelanchier ovalis* Medicus, *Rosa pimpinellifolia* L., *Prunus mahaleb* L., etc., 1280 m s.n.m., 12/VIII/1993, *J.M. Herranz*, MUB 42654; Tragacete, Alto de la Halconesa, 30TWK9470, ejemplar aislado entre matas de *Buxus sempervirens* L., sobre sustrato calcáreo, 1700 m s.n.m., 9/VIII/1993, *J.M. Herranz*, MUB 42653. Guadalajara: Valdegrudas, río Matayeguas, *García Muñoz*, MA-01-00792017; Terzaga, río de la Hoz Seca entre El Modorro y la Huelga de Valiente, *Ferrero Medina, García Cardo & Ibáñez Morales*, MA-01-00902951; Checa, Altos de la Campana, 30TWK9686, al pie de roquedos calizos, 1520 m s.n.m., 30/VII/1992, *J.M. Herranz*, MUB 40584; Checa, Rambla Amarilla 30TWK9581, en laderas pedregosas calcáreas con fuerte pendiente, bajo cubierta de *Pinus sylvestris* L., 1480 m s.n.m., 25/VI/1993, *J.M. Herranz*, MUB 42652. Huesca: Villanúa, La Trapa, al SW del Collarada, 30TYN0431, pie de un roquedo muy seco y abrigado, calizo, 30/VIII/1978, *P. Monserrat & L. Villar*, GDA 24322. Zaragoza: Tarazona, subida al Moncayo, alrededores del collado de Castilla, 30TWM9627, bordes del camino, en el límite altitudinal del pinar, vegetación de orla del bosque, 1688 m s.n.m., *P. García & J.E. Linares*, GDA 46993.