

El análisis de la varianza molecular (AMOVA) mide cómo está distribuida la diversidad génica a diferentes niveles, en este caso particular entre localidades de una provincia. El nivel jerárquico que se ha usado es entre localidades y dentro de ellas. Se ha hallado un porcentaje significativamente mayor de diversidad genética dentro (67 %) de las localidades que entre ellas (33 %).

Tabla 2. Diversidad haplotípica y desviación estándar (d. e.) en las localidades muestreadas en Albacete.

Localidad	He	d. e.
El Salobral	0,278	0,303
Fuente Álamo	0,580	0,644
Hellín	0,165	0,182
Ayna	0,560	0,622
Fuentealbilla	0,611	0,667
Munera-1	0,370	0,417
Yeste	0,320	0,400
Elche de la Sierra	0,000	0,000
Molinicos	0,000	0,000
Munera-2	0,000	0,000
Total	0,288	0,077

2.3. MAPA PENINSULAR DE DISTRIBUCIÓN DE HAPLOTIPOS MITOCONDRIALES

Los datos obtenidos en este estudio se han incluido en el mapa de distribución de linajes y sublinajes publicado por De la Rúa y cols. (2009) que incluye también los datos publicados por Cánovas y cols. (2008) y Miguel y cols. (2007) (Fig. 8). Se observa que la distribución de los linajes evolutivos en las muestras de Albacete es muy similar a la de otras provincias del sur peninsular coincidiendo con la cline con dirección NO-SE descrita. Dicha cline aparece como resultado del reemplazamiento del linaje europeo occidental por el africano, de forma gradual en la costa mediterránea y más abrupta en el noroeste. Igualmente se observa que el sublinaje A_I es el más abundante, seguido del A_{II} y estando el A_{III} ausente.