

## Conservación genética en islas: riqueza singular, reto plural



**Figura 1.** La fragmentación y transformación del paisaje dificulta la conectividad genética entre poblaciones, como muestra este acebuche canario (*Olea cerasiformis* Rivas Mart. & del Arco) en Fuerteventura, donde la fuerte presión por herbívoros introducidos compromete la persistencia de las escasas poblaciones remanentes. (Foto: C. García-Verdugo).

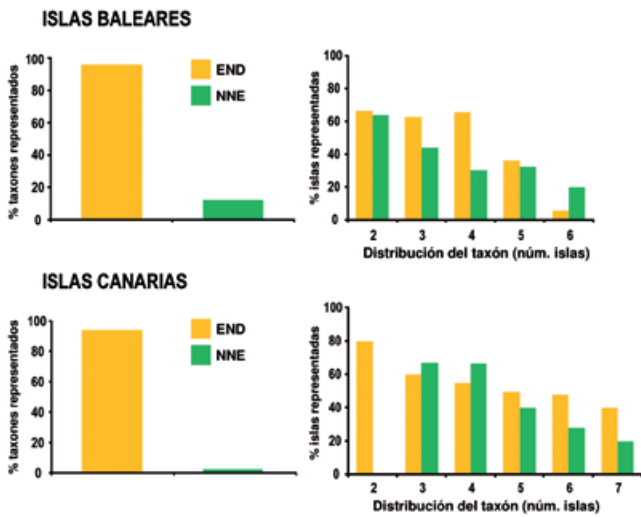
En plena crisis de biodiversidad, los sistemas insulares plantean una problemática especial desde el punto de vista de la conservación. Por un lado, los procesos derivados del aislamiento geográfico y las particulares condiciones ecológicas de estos sistemas han propiciado la presencia de una elevada biodiversidad endémica (i.e. exclusiva de una isla o conjunto de islas). A su vez, en estos medios se conjuga la fragilidad impuesta por su limitada disponibilidad de recursos con el impacto, sostenido desde hace siglos, de una población humana en aumento. Esta suerte de combinación adversa, unida a otros factores de cambio global (e.g. alteración del clima, sobrepastoreo, introducción de especies exóticas; Caujapé-Castells *et al.*, 2010) hacen de nuestra biodiversidad insular un engranaje constituido por piezas en muchos casos aún poco conocidas, pero cuyo funcionamiento global ya se encuentra seriamente amenazado.

Las consecuencias de la presión que sufren los sistemas insulares habitados, siendo los archipiélagos de Canarias y Baleares nuestro principal exponente nacional, son tan patentes que cualquier persona con nociones elementales de biología puede identificar fácilmente. Así, dentro de cada isla, la transformación antrópica del paisaje genera una fragmentación que, por un lado, dificulta o imposibilita la conectividad entre las poblaciones remanentes de cada especie, y por otro, reduce la disponibilidad de espacio habitable para la (re)colonización y establecimiento de nuevas poblaciones (Fig. 1). El resultado es que la deriva (pérdida de variantes genéticas por azar),

se acentúa en estas poblaciones pequeñas y fragmentadas, provocando una merma progresiva de la diversidad genética, piedra angular de la supervivencia de cualquier especie en el tiempo. Conscientes del valor de ese nivel de biodiversidad “no visible”, las estrategias de conservación a nivel internacional y nacional contemplan la preservación de la diversidad genética de manera explícita (i.e. Estrategia Española de Conservación Vegetal 2014-2020 y Objetivo 2 de la Global Strategy for Plant Conservation; <https://www.cbd.int/>).

De ese objetivo prioritario se desprende que un requisito fundamental para la biología de la conservación es conocer la distribución de la diversidad genética de las especies, así como los factores que la determinan. En este sentido, el desarrollo y la aplicación de herramientas genéticas nos ayudan a esclarecer los patrones de biodiversidad insular. De hecho, cada vez un mayor número de estudios apunta que esa idea inicial de que las plantas insulares contienen poca diversidad genética se ajusta principalmente a casos de endemismos de distribución muy restringida. Por el contrario, las especies con distribuciones insulares más amplias (i.e. aquellas que ocupan varias islas y/o territorios muy extensos en una isla) suelen albergar la misma, o incluso mayor, diversidad genética que sus poblaciones o congéneres continentales (e.g. García-Verdugo *et al.*, 2015a). Una transformación antrópica profunda, por tanto, no sólo pone en jaque al exclusivo elenco de especies que conforman los territorios insulares, sino a la rica diversidad genética que subyace en el conjunto de su flora. Estos son sin duda hechos alarmantes para la biología de la conservación en islas, o dicho de otro modo y ajustando el popular proverbio: “una gran diversidad conlleva una gran responsabilidad”, particularmente si esa alta diversidad incluye varios niveles de organización biológica, como es el caso de los sistemas insulares.

Entre las situaciones que amenazan la diversidad genética vegetal de nuestros archipiélagos, quizá las más llamativas son aquellas que suceden de modo “silencioso”, afectando al acervo genético insular de una forma difícilmente detectable o aparentemente poco preocupante para los no expertos. En la primera categoría entraría la hibridación de especies introducidas que son filogenéticamente próximas a nuestros endemismos, situación que conduce a la pérdida progresiva de la identidad genética del endemismo. Entre los ejemplos estudiados destaca el de la palmera canaria (*Phoenix canariensis* H. Wilpret) y su pariente introducido, la palmera datilera (*Phoenix dactylifera* L.; González-Pérez *et al.*, 2004). Un caso posiblemente más complejo para la toma de decisiones de conservación lo representa la hibridación entre endemismos insulares y especies nativas (Conesa, 2010). En este caso es difícil discernir si el contacto



**Figura 2.** Porcentaje de representación de taxones endémicos (END) y nativos no endémicos (NNE) en los principales bancos de germoplasma de los archipiélagos nacionales de mayor tamaño (Jardín Botánico de Sóller; Islas Baleares, y Jardín Botánico Canario: Islas Canarias). Los porcentajes de las gráficas de la izquierda se han calculado en referencia al número aproximado de taxones de cada tipo (endémicos: Islas Baleares = 130, Islas Canarias = 600; nativos: Islas Baleares = 1700, Islas Canarias = 1300), mientras que las gráficas de la derecha desglosan el porcentaje de islas (incluyendo Dragonera en Baleares) muestreadas de la distribución conocida de cada taxón recogido en cada banco.

entre ambas especies se debe a un efecto antrópico (que de forma directa o indirecta favorece el rango de distribución de la especie nativa) o es un proceso natural, pero el resultado es la modificación del acervo genético del endemismo. Unido a los problemas que plantea la hibridación, podemos además estar cometiendo el error de asumir como un mal menor la pérdida de poblaciones de especies insulares “comunes”. Estudios recientes están mostrando que algunas especies de amplia distribución insular, incluso algunas catalogadas como nativas “probables”, parecen estar constituidas por grupos de poblaciones que bien podrían asignarse a distintas unidades taxonómicas debido a su marcada diferenciación molecular. La situación de estas especies, a veces erróneamente asociadas a las “crípticas” (ya que en realidad las especies de amplia distribución están simplemente poco estudiadas), tiene un interés particular para la conservación porque el escrutinio taxonómico de estos grupos puede conducir a la descripción de nuevos taxones necesitados de protección. Los géneros *Periploca*, *Cistus*, *Lotus* o *Bituminaria*, por citar algunos en proceso de estudio, parecen incluir ejemplos de este tipo.

Podría ser hasta cierto punto tranquilizador pensar que, frente a la grave situación de amenaza, contamos con herramientas para detectar y paliar eficazmente la huella que dejamos en la diversidad genética de las especies. No obstante, sería deseable evaluar críticamente los pasos dados para mejorar los futuros. Por ejemplo, los planes de reforzamiento/reintroducción de poblaciones de especies vegetales sin duda han aumentado en número y han mejorado sus criterios en las últimas décadas, pero sigue habiendo acciones que se ejecutan obviando la información científica disponible. La conservación genética debería pretender, al menos como planteamiento inicial, el mantenimiento de los patrones espaciales que son resultado de miles o millones de años de procesos ecológicos y evolutivos (dispersión, colonización y adaptación local; e.g. García-Verdugo *et al.*, 2015b). Si bien es cierto que las exiguas poblaciones de las especies críticamente amenazadas conceden muy poco margen para la implementación de medidas de conservación, hay actuaciones de reforzamiento que se ven comprometidas por circunstancias perfectamente remediables, como la ausencia o baja disponibilidad de fuentes de

semillas de origen conocido. En un escenario geográfico como los archipiélagos, donde la diversidad se estructura de una forma compleja, las soluciones deben estar guiadas por procesos que no sólo contemplan un nivel (taxonómico) “visible”, sino la biodiversidad desde una perspectiva integrada.

Otro frente en las medidas de conservación lo brindan los bancos de germoplasma. Estos recursos, fruto del esfuerzo de muchos profesionales durante décadas, resultan herramientas imprescindibles para alcanzar los compromisos adquiridos en materia de conservación *ex situ* recogidos en el artículo 9 del Convenio sobre Diversidad Biológica (<https://www.cbd.int/convention>). Sin embargo, estas colecciones necesitan desprenderse del mediático, pero equívoco, símil de “Arcas de Noé”; según describen las escrituras, Noé se afanó en salvaguardar exclusivamente una pareja de cada especie, estrategia que en términos genéticos habría conducido a una más que probable extinción a medio plazo de la inmensa mayoría de estas especies por los efectos de la endogamia. Los bancos de germoplasma, idealmente, deberían contener una “copia de seguridad” de la diversidad genética de una especie, y este objetivo es ciertamente difícil de conseguir con rigor. Como muestran los registros de los principales bancos de germoplasma vegetal del archipiélago canario (Jardín Botánico Canario “Viera y Clavijo” – Unidad Asociada al CSIC) y las Islas Baleares (Banco de Germoplasma de Sóller), se ha priorizado la conservación de los taxones endémicos de cada sistema insular, con la práctica totalidad de los mismos recogidos en sus colecciones (Fig. 2). Sin embargo, la representación geográfica de estos endemismos se ve claramente mermada conforme aumenta el número de islas que ocupa el taxón. Por su parte, los taxones nativos no endémicos cuentan con una representación aún muy baja, a pesar de la dotación genética particular que pueden albergar estos taxones en las islas, como se ha mencionado anteriormente. Las colecciones vivas de los jardines botánicos suponen un refuerzo a la conservación genética, pero también limitado por factores como el espacio y número de genotipos cultivados.

Ante esta realidad, la información que brindan las técnicas de análisis genético se perfila como un componente primordial para optimizar las estrategias de reforzamiento poblacional y conservación de diversidad genética *ex situ*. Cabe, no obstante, señalar la cautela que requiere el uso de las herramientas genéticas para la toma de decisiones:

*-Interpretación de los índices de diversidad genética.* La diversidad genética se estima fundamentalmente al nivel poblacional por medio de índices ampliamente aceptados por la comunidad científica. No obstante, niveles relativamente altos de diversidad genética poblacional no indican necesariamente un buen estado de conservación. En un estudio reciente (García-Verdugo *et al.*, 2019), se desarrollaron marcadores genéticos para *Daphne rodriguezii* Teixidor, una especie endémica de Menorca que siguiendo los criterios de la UICN ha pasado de estar catalogada como vulnerable (VU) a amenazada (EN) en los últimos años. Los resultados arrojan niveles de heterocigosidad esperada y número de alelos muy altos a nivel poblacional. Aunque estos resultados son positivos desde el punto de vista de su viabilidad genética, sería un grave error pensar que el estado de conservación de la especie es satisfactorio, dado que la mayoría de sus escasísimas poblaciones apenas alcanzan los 50 individuos. Si no se toman medidas urgentes, la deriva génica anteriormente mencionada conducirá a una caída irrecuperable de la heterocigosidad actual en unas pocas generaciones.

-Falta de relación entre abundancia de individuos y diversidad genética. Esta situación, opuesta a la anterior, la ilustran con claridad los dragos macaronésicos, particularmente por medio del emblemático taxón *Dracaena draco* (L.) L. subsp. *draco*. Hoy en día, encontramos ejemplares de este drago repartidos por todas las Islas Canarias, e incluso aparece como subespontáneo o cultivado en la Península Ibérica y otras muchas partes del mundo. Sin embargo, se ha detectado recientemente que la diversidad genética de los dragos macaronésicos es llamativamente baja, de tal manera que la amplia distribución actual es básicamente el resultado de la propagación de unos pocos haplotipos diferentes (Durán *et al.*, 2020). El caso del drago invita a pensar que incluso especies que la sociedad cree abundantes puedan encarar un futuro incierto por su limitada diversidad genética.

En conclusión, nuestras islas deben ser un paradigma de la biología de la conservación porque son escenarios donde niveles elevados de biodiversidad (incluida la genética) coexisten con un impacto acusado de nuestra actividad. Disponemos de herramientas diagnósticas y de medidas destinadas a paliar ese impacto, pero estas herramientas necesitan optimizarse con urgencia. Debemos priorizar la investigación rigurosa, apostar por un conocimiento científicamente contrastado y fomentar canales que permitan su aplicabilidad en los planes de conservación. En este punto es imprescindible mejorar el flujo de información entre investigadores y gestores. La generación de mapas de diversidad genética territorial debería ser un objetivo para los gobiernos regionales y autonómicos, con

el fin de identificar áreas de especial confluencia de biodiversidad no necesariamente incluidas en territorios ya protegidos. En paralelo, habría que dotar a los bancos de germoplasma con medios (personal adecuado, instalaciones) que permitan pasar de su rol como depósitos de vida latente a herramientas activas. El desarrollo de investigación básica en protocolos de conservación y germinación, o estudios de representatividad genética y biología reproductiva, son requisitos fundamentales para hacer de estas colecciones soluciones plenamente funcionales ante la crisis de biodiversidad.

### Agradecimientos

Quiero agradecer a Magdalena Vicens, Miguel Ángel González y Nereida Cabrera su ayuda al facilitarme la información contenida en las bases de datos de los bancos de germoplasma de los que son responsables. Gracias también a dos revisores anónimos y a Ruth Jaén y Mario Mairal por leer el texto y aportar sugerencias de mejora. Algunas de las ideas recogidas en este artículo han sido ya defendidas en distintos foros por otros investigadores (Juli Caujapé, Pedro Sosa, José María Fernández-Palacios, entre otros), a los que agradezco las muchas conversaciones y su defensa por la investigación de calidad. Agradezco además a la Conselleria d'Innovació, Recerca i Turisme (Govern de les Illes Balears) y al Fondo Social Europeo la financiación recibida a través del contrato postdoctoral Vicenç Mut.

## Bibliografía

- Caujapé-Castells, J., A. Tye, D.J. Crawford, A. Santos-Guerra, A. Sakai, K. Beaver, W. Lobin, F.B.V. Florens, M. Moura, R. Jardim, I. Gomes & C. Kueffer (2010) Conservation of oceanic island floras: present and future global challenges. *Perspectives in Plant Ecology, Evolution and Systematics* 12: 107–129.
- Conesa, M.A. (2010). *Hybridization patterns in Balearic endemic plants assessed by molecular and morphological markers*. Tesis doctoral. Facultat de Ciències. Universitat de les Illes Balears.
- Durán, I., A. Marrero, F. Msanda, C. Harrouni, M. Gruenstaeudl, J. Patiño, J. Caujapé-Castells & C. García-Verdugo (2020). Iconic, threatened, but largely unknown: Biogeography of the Macaronesian dragon trees (*Dracaena* spp.) as inferred from plastid DNA markers. *Taxon* 69: 217–233.
- García-Verdugo, C., J.C. Illera & A. Traveset (2019). Characterization of microsatellite markers for the endangered *Daphne rodriguezii* (Thymelaeaceae) and related species. *Applications in Plant Sciences* 7 (7): e11274
- García-Verdugo, C., M. Sajeve, T. La Mantia, C. Harrouni, F. Msanda & J. Caujapé-Castells (2015a) Do island plant populations really have lower genetic variation than mainland populations? Effects of selection and distribution range on genetic diversity estimates. *Molecular Ecology* 24: 726–741.
- García-Verdugo, C., P. Monroy & J. Caujapé-Castells (2015b). *Caracterización molecular de poblaciones de acebuche (*Olea cerasiformis* Rivas-Mart. & del Arco) en Gran Canaria y evaluación de su uso en el reforzamiento de la población de la Montaña del Cedro*. Consejería de Medioambiente. Informe técnico. 10 pp. [https://www.lifeguguy.com/sites/default/files/documentacion/2019/AG13\\_002\\_Accion%20A.1\\_INFORME\\_Olea\\_LifeGuguy\\_1.pdf](https://www.lifeguguy.com/sites/default/files/documentacion/2019/AG13_002_Accion%20A.1_INFORME_Olea_LifeGuguy_1.pdf)
- González-Pérez, M. A., J. Caujapé-Castells & P.A. Sosa (2004). Molecular evidence of hybridisation between the endemic *Phoenix canariensis* and the widespread *P. dactylifera* with Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD) markers. *Plant Systematics and Evolution* 247: 165–175.

CARLOS GARCÍA-VERDUGO<sup>1,2</sup>

1. Universitat de les Illes Balears, Depto. Biología, ctra. Valldemossa Km 7.5, 07122 Palma (Islas Baleares)
2. Institut Mediterrani d'Estudis Avançats (CSIC-UIB), c/Miquel Marqués 21, 07190 Esporles (Islas Baleares)

# Estructura y diversidad genéticas de *Dioscorea pyrenaica* (Dioscoreaceae): hormigas, polinización y dispersión

*Dioscorea pyrenaica* Bubani & Bordère ex Gren. (= *Borderea pyrenaica* Miégeville) es un endemismo de alta montaña (1500–2500 m), con un área de distribución restringida (160 km<sup>2</sup>), que habita gleras calcáreas del Prepirineo y del Pirineo central (Segarra-Moragues *et al.*, 2003) (Fig. 1). Es una planta geófito, con tallos herbáceos decumbentes y con un conspi-

cuo xilopodio subterráneo globoso o de forma irregular que acumula cicatrices de las anteriores yemas anuales en toda su superficie (Segarra-Moragues & Catalán, 2005). Esta última característica es la que permite estimar la edad de los individuos, que en algunos casos supera los 300 años (García & Antor, 1995a, 1995b). Las hojas se disponen de forma alterna,