

LA DIVERSIDAD FILOGENÉTICA DE LA FLORA ENDÉMICA CANARIA DISTRIBUIDA EN EL TERRITORIO DE LA RESERVA DE LA BIOSFERA DE GRAN CANARIA SEGÚN LAS SECUENCIAS DE LAS REGIONES DEL ADN PLASTIDIAL *rbcL* Y *matK*.

JULI CAUJAPÉ CASTELLS¹, RUTH JAÉN MOLINA^{1,2}, CARLOS GARCÍA VERDUGO¹, MAGUI
OLANGUA CORRAL², SALVADOR DE LA CRUZ² Y MIGUEL ÁNGEL GONZÁLEZ PÉREZ²

1: Jardín Botánico Canario "Viera Y Clavijo"-Unidad Asociada al CSIC, Cabildo De Gran Canaria. c/ Camino del Palmeral nº 15, Tafira Baja. 35017 Las Palmas de Gran Canaria, 2: Fundación Canaria Amurga-Maspalomas, Avda. Tirajana 39, II 6, 35100 San Bartolomé de Tirajana, Gran Canaria (julicaujape@grancanaria.com, ruthjaen@gmail.com, carlosgarciaverdugo@gmail.com, molanguas@gmail.com, delacruzlopez@gmail.com, miguelglezprez@gmail.com)

Recibido: agosto 2014

Palabras claves: Diversidad Filogenética, ADN plastidial, *rbcL*, *matK*, Gran Canaria, endemismos, conservación, gestión

Key words: Phylogenetic Diversity, plastid DNA, *rbcL*, *matK*, Gran Canaria, endemics, conservation, management

RESUMEN

La importancia de la conservación de la diversidad genética se subraya en acuerdos internacionales como el Convenio sobre Diversidad Biológica o la Estrategia Global de Conservación de Plantas. En este trabajo, aplicamos la información que suministran las secuencias "código de barras" del ADN cloroplástico (*matK* y *rbcL*) para (1) estimar la diversidad filogenética (PD) asociada a las angiospermas y gimnospermas endémicas canarias conocidas en cada Km² de la Reserva de la Biosfera de Gran Canaria (RBGC), y (2) facilitar la identificación molecular de estos elementos de la biodiversidad autóctona a nivel específico. La zona núcleo de la RNE de Guguy ostenta valores promedio de PD más elevados que las otras zonas, pero las cuadrículas con mayores valores de PD se concentran en territorios de la zona de amortiguación (norte de Tamadaba, Andén Verde y otros territorios); por otro lado, los valores de PD en la RNI de Inagua están entre los más bajos de los obtenidos en el territorio de la RBGC. Estos valores de PD nos permiten señalar qué zonas del territorio deberían merecer la máxima protección ante las incertidumbres que plantean los actuales cambios globales. A su vez, estos resultados muestran que las dos zonas núcleo actuales de la RBGC no contienen siempre los más destacables valores naturales referidos a la biodiversidad vegetal terrestre endémica de este territorio. Ciertamente, la PD no está correlacionada con los importantes valores naturales de otra índole que determinaron la consideración de Guguy e Inagua como zonas núcleo de la RBGC, pero nuestras estimaciones pueden ayudar a incorporar el valor natural asociado a la flora terrestre en una posible reconsideración de la zonificación actual. Las dos secuencias código de barras permiten identificar todas las especies analizadas excepto algunos casos dentro de los géneros *Argyranthemum*, *Micromeria*, *Parolinia* y *Sonchus*.

SUMMARY

The importance of the conservation of genetic diversity is highlighted in international agreements such as the Convention on Biological Diversity and the Global Strategy for Plant Conservation. In this investigation, we use the information contained in the two core cpDNA barcode sequences (*matK* y *rbcL*) to (1) estimate the Phylogenetic Diversity (PD) of the Canarian endemic angiosperms and gymnosperms known in each Km² of Gran Canaria Biosphere Reserve (RBGC), and (2) facilitate the molecular ID of these elements of native biodiversity at the species level. The central zone of Guguy shows average PD values higher than other zones, but the quadrats with the highest PD values occur out of the central zones (in the north of Tamadaba, in the Andén Verde and other territories of the buffer zone); notably, the PD values of Inagua's central zone are amongst the lowest in the RBGC. These PD values allow us to pinpoint the territories that should deserve maximum protection in the face of the uncertainties posed by the fast global changes. Furthermore, these results show that the two present central zones do not always contain the most remarkable natural values associated with the endemic terrestrial flora. Certainly, PD does not correlate with the important natural values that determined the consideration of Guguy and Inagua as central zones, but our estimates may help incorporate floristic richness on a possible restructuring of the current zonation. The barcode sequences allow the ID of all analyzed species except for some cases within genera *Argyranthemum*, *Micromeria*, *Parolinia* y *Sonchus*.

INTRODUCCIÓN

Los avances en Biología Molecular de las últimas décadas permiten disponer de nuevas variables que, junto a las utilizadas tradicionalmente por la taxonomía clásica, pueden facilitar la identificación taxonómica y la conservación de la biodiversidad en sentido amplio. Ciertamente los caracteres moleculares no están exentos de problemas, pero los utilizados en diagnóstico molecular no están influidos por el ambiente y se mantienen invariables a lo largo de la vida de un organismo desde su nacimiento hasta incluso después de su muerte. Por estas características, pueden permitir la identificación de un organismo vivo en cualquier estadio de su desarrollo, o solamente a través de una de sus partes, y representar por ello una gran ayuda para la taxonomía en algunos casos.

Además, en el caso de variables genéticas asociadas a secuencias de ADN, sabemos que analizando las mismas regiones del genoma en todos los organismos considerados, podemos establecer las comparaciones nucleótido a nucleótido después de haber alineado las secuencias (en virtud de lo que se denomina "homología posicional"), con lo cual garantizamos la robustez de las comparaciones.

En el año 2009, el "Plant Working Group" del Consorcio para el "Código de Barras de La Vida" eligió oficialmente la combinación de dos regiones del ADN plastidial (*rbcL* y *matK*) como "código de barras" molecular universal para plantas terrestres. Nuestro grupo ha testado con considerable éxito la aplicabilidad de estas regiones en la identificación de una representación amplia de angiospermas de la flora canaria (JAÉN-MOLINA *et al.* 2010 y 2014). Hasta el momento, los resultados de estas investigaciones han permitido avanzar en la elaboración de censos más precisos de la biodiversidad vegetal canaria a través de la detección de posibles especies crípticas (esto es, que no pueden ser diferenciadas claramente mediante criterios morfológicos) y de casos en los que puede ser necesaria una revisión taxonómica (JAÉN-MOLINA *et al.*, 2014). Estos resultados previos justifican también la utilización de las regiones *rbcL* y *matK* para el análisis molecular de la flora canaria endémica que habita en la parte terrestre de la Reserva de la Biosfera de Gran Canaria (RBGC en adelante), y para otros usos de interés, como la estimación de la diversidad filogenética de este territorio.

El término “diversidad genética” comprende la variación de las formas genéticas dentro de una especie o población, y sus aplicaciones van desde la conservación de especies o linajes a la detección de hibridación o de fenómenos de especiación reciente (ejemplos citados). La “diversidad filogenética”, por su parte, se refiere a la diferenciación genética entre las especies que habitan en un territorio determinado, y se cuantifica mediante un parámetro matemático definido formalmente por FAITH (1992) como “la longitud total mínima de todas las ramas requeridas para abarcar un conjunto dado de taxones en un árbol filogenético”. Puesto que la longitud de las ramas es proporcional al número de cambios evolutivos entre ellas, la diversidad filogenética es una medida del grado de separación entre las especies distribuidas en cada una de las unidades de territorio consideradas, y por tanto puede ser aplicada al manejo de la biodiversidad.

La parte terrestre de la RBGC ocupa el 46% de la superficie emergida actual de esta isla (Figura 1). Este territorio está habitado por unas 19.000 personas, y en él se conocen unos 208 taxones de angiospermas y gimnospermas endémicos de Canarias (aproximadamente 108 de ellos exclusivos de Gran Canaria). La gestión de la RBGC implica múltiples dimensiones de actuación de gran importancia, comprendiendo las sociales y económicas y aquellas relacionadas con la biodiversidad y el espacio físico. En el ámbito de la conservación y gestión de la abundante, compleja y frágil biodiversidad natural de este territorio, es razonable pensar que la mayoría de decisiones deben estar fundamentadas en la información científico-técnica disponible.

Aunque hay varias definiciones posibles del término “biodiversidad”, con él normalmente nos referimos tanto a la diversidad taxonómica como a la variabilidad o diversidad genética de los organismos vivos y de los ecosistemas que habitan. Por lo tanto, parece acertado decir que la biodiversidad se compone de todas las especies que habitan en un territorio en un momento determinado, pero también incluye otros aspectos como:

- (a) las relaciones entre estas especies, que muchas veces son fundamentales para su supervivencia.
- (b) las funciones que cada organismo realiza en el ecosistema donde vive, o
- (c) la diversidad genética de las especies.

En concreto, la diversidad genética de las especies es fundamental para sostener la biodiversidad, tal como se plasma en el Convenio sobre la Diversidad Biológica, entre otros acuerdos internacionales suscritos por el estado español. Tanto es así que, en paralelo a su importancia para la conservación de las especies y los ecosistemas, la conservación de la variación genética es ya una prioridad global. Por ejemplo, para mejorar cultivos mediante la introducción de genes de interés de sus parientes salvajes, producir medicamentos, obtener materias primas, o para otros fines de interés para el bienestar de la humanidad. En consecuencia, la conservación de la diversidad genética de las especies vegetales es también una de las máximas prioridades destacadas por la Estrategia Global de Conservación de Plantas 2011-2020 (ECGP en adelante; <https://www.cbd.int/gspc>), en parte como respuesta a la incertidumbre que plantean los rápidos cambios globales actuales.

En líneas generales, se considera que las especies que mantienen mayores niveles de diversidad genética tienen también más posibilidades de superar cambios ambientales drásticos. Además, existe hoy en día una batería muy completa de

herramientas matemáticas e informáticas para el análisis de datos de secuencias o fragmentos de ADN que, junto con otras ventajas, convierten a los datos genéticos en indicadores fiables para la conservación de la biodiversidad.

Por lo tanto, podría decirse que nuestra capacidad para conservar y gestionar la biodiversidad dependerá en gran medida (sin menoscabo de otros aspectos igualmente necesarios) del grado de representatividad y fiabilidad de las estimaciones que se realicen sobre la diversidad genética y filogenética de las especies y el territorio que conforman el universo de gestión.

La conservación de las especies en sus zonas naturales de distribución (conservación “in situ”) es una de las máximas prioridades de la ECGP, puesto que cualquier especie nativa vive mejor en los hábitats que colonizó de forma natural. No obstante, para ayudar a establecer estrategias de conservación de la biodiversidad en el territorio, es necesario disponer de indicadores cuantitativos fiables que señalen (entre otros aspectos) qué zonas deberían ser prioritarias para la conservación.

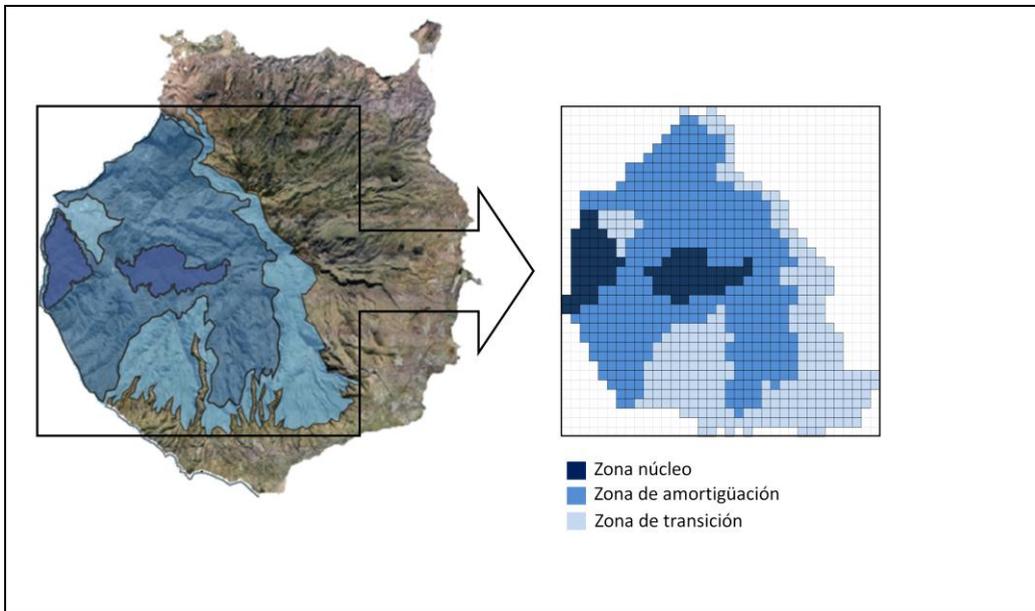


Figura 1. Área terrestre de la Reserva de la Biosfera de Gran Canaria (izquierda) y compartimentación de este territorio en 754 cuadrículas de 1Km² (derecha). Las zonas actuales de la RBGC se simbolizan con diferentes tonalidades de azul.

En esta investigación, aplicamos la información que suministran las secuencias “código de barras” generadas para las angiospermas y gimnospermas endémicas canarias distribuidas en la RBGC como herramienta para diseñar estrategias de identificación molecular, conservación y gestión de la biodiversidad vegetal terrestre en este territorio de Gran Canaria.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se recolectaron muestras de hoja representativas de todas las angiospermas y gimnospermas endémicas de Canarias que se conocen en el territorio de la RBGC a lo largo de numerosas expediciones de muestreo, siguiendo las instrucciones recogidas en CAUJAPÉ-CASTELLS (2006) y CAUJAPÉ-CASTELLS *et al.* (2010). Los detalles de los protocolos experimentales utilizados para la extracción de ADN (mediante el método CTAB 2X), cuantificación, purificación del ADN, depósito de alícuotas en el banco de ADN de la Flora Canaria; la amplificación de las regiones “código de barras” y la obtención de las secuencias de estas regiones, pueden consultarse en el Manual del Banco de ADN de la Flora Canaria (CAUJAPÉ-CASTELLS *et al.*, 2010).

Las secuencias de las regiones *rbcL* y *matK* (CBOL PWG 2009) generadas fueron sometidas a un riguroso proceso de validación para luego pasar a formar parte de una matriz de datos, que como ya mencionamos, utilizamos tanto para el diagnóstico molecular como para las estimaciones de diversidad filogenética. A dicha matriz constituida por 208 secuencias combinadas para los taxones endémicos canarios presentes en la RBGC, se le unieron las secuencias de dos grupos externos extraídas de Genbank: *Amborella trichopoda* (Amborellaceae) y *Ginkgo biloba* (Ginkgoaceae). Se obtuvo así una matriz final de 210 secuencias concatenadas (*rbcL* + *matK*) que se utilizó para la búsqueda heurística de los árboles de máxima parsimonia con el software PAUP 4.0 (SWOFFORD, 2002). De los árboles resultantes, se eligió uno al azar (que incluía estimaciones de longitudes de ramas) como “árbol de referencia” para el cálculo de los valores de diversidad filogenética.

Para generar nuestras estimaciones de diversidad filogenética de la RBGC fue, así mismo, necesario disponer de datos oficiales revisados que nos permitieran saber con alto grado de certeza qué especies vegetales endémicas canarias viven en este territorio, así como su distribución en cada una de las 754 cuadrículas de 1 Km² en las que se divide este espacio (Figura 1, derecha). Estos datos (DE LA CRUZ, 2012) se obtuvieron de los registros más actualizados de ocurrencia de especies de la base de datos Atlantis 3.0 (<http://www.biodiversidadcanarias.es/atlantis/common/index.jsf>) del Banco de Datos de Biodiversidad de Canarias, de los que sólo se utilizaron los de aquellas especies para las que se comprobó que la precisión de los datos de distribución era la máxima posible.

Las estimaciones de diversidad filogenética (PD) se obtuvieron con el programa PDA (Phylogenetic Diversity Analyzer; MINH *et al.*, 2006, <http://www.cibiv.at/software/pda>), partiendo de dos archivos: (1) el listado de los nombres de los taxones endémicos presentes en cada cuadrícula de 1Km² de la RBGC, y (2) el árbol de relaciones elegido tras el análisis de máxima parsimonia para los taxones considerados (árbol de referencia, anteriormente indicado).

A continuación se realizaron comparaciones estadísticas (*tests* de la U de Mann-Whitney, MANN & WHITNEY, 1947) entre los valores estandarizados de diversidad taxonómica (estimada por el número de taxones presente en cada cuadrícula; TD, de ahora en adelante) y los de diversidad filogenética (PD), obtenidos para la flora endémica terrestre presente en cada Km² de la RBGC. Con estos análisis se pretendía estimar si la forma en la que se distribuyen los valores de ambos indicadores (TD y PD) era similar, y comprobar si alguno de los dos índices resolvía con mayor detalle la riqueza de la biodiversidad florística por cada cuadrícula en la que se dividió este territorio.

RESULTADOS

Se obtuvieron elevados niveles de discriminación molecular (esto es, la mayoría de taxones con-genéricos de la RBGC se pueden identificar en base a las diferencias detectadas entre sus respectivas secuencias de ADN). Este resultado confirma la utilidad de estas regiones para la identificación molecular de la flora canaria (JAÉN-MOLINA *et al.*, 2010 y 2014). Por lo tanto, la matriz de secuencias concatenadas obtenida constituye una herramienta molecular precisa y fiable para ayudar a caracterizar, distinguir o descubrir especies de nuestra flora más distintiva, y asignar muestras de individuos no identificables morfológicamente a sus especies correctas. Los únicos casos donde no se han detectado caracteres moleculares con valor diagnóstico en la RBGC han sido las comparaciones llevadas a cabo entre algunas subespecies de los géneros de la familia Asteraceae *Argyranthemum* (las magarzas) y *Sonchus* (cerrajones y balillos), y entre especies del género *Micromeria* (los tomillos canarios).

En la Figura 2 se muestra la estructura básica del árbol de referencia elegido al azar entre los 82.500 árboles obtenidos a partir del análisis de máxima parsimonia de la matriz de 210 secuencias concatenadas (*rbcl* y *matK*). Es importante resaltar que este árbol de referencia, que no puede ser reproducido en detalle por sus grandes dimensiones no es una reconstrucción filogenética de todas las especies endémicas de la RBGC, ya que no incluye a muchos de sus congéneres próximos distribuidos en otras zonas de Gran Canaria, en otras islas Canarias, o en otras zonas geográficas más distantes. No obstante, la topología de relaciones entre los géneros y especies que contiene refleja fielmente el conocimiento taxonómico actual, y también la clasificación vigente de las familias de las angiospermas (BREMER *et al.*, 2009, APG III). Ambos resultados refuerzan el valor biológico de los datos obtenidos, garantizando por lo tanto la fiabilidad de las estimaciones de diversidad filogenética de este territorio.

La representación gráfica de la TD en cada cuadrícula se muestra en la Figura 3, y permite percibir diferencias notables entre diferentes zonas de la RBGC. No obstante, ésta es una estimación de baja resolución, ya que solamente tiene en cuenta el número de especies que se encuentran en cada unidad del territorio, sin considerar las diferencias genéticas entre ellas (que son mucho más relevantes a la hora de definir prioridades y actuaciones de gestión). Como consecuencia, cuadrículas que contienen el mismo número de especies aparecen con el mismo color en esta representación, a pesar de que muy probablemente las diferencias genéticas entre las especies que cada una contiene serán muy acusadas en muchos casos.

DISCUSIÓN

La falta de resolución obtenida en las comparaciones moleculares entre taxones sub-específicos entra dentro de lo previsible, ya que no se espera que las secuencias “código de barras” sean útiles a este nivel: los individuos de diferentes subespecies son demasiado próximos desde el punto de vista evolutivo, y todavía no se han fijado variaciones en su constitución genética que permitan diferenciarlos sin ambigüedades usando estas regiones del ADN (probablemente sí se podría usando otros marcadores de mayor polimorfismo, como por ejemplo los microsatélites nucleares). En cuanto a las dificultades observadas para detectar diferencias entre ciertas especies de os gé-

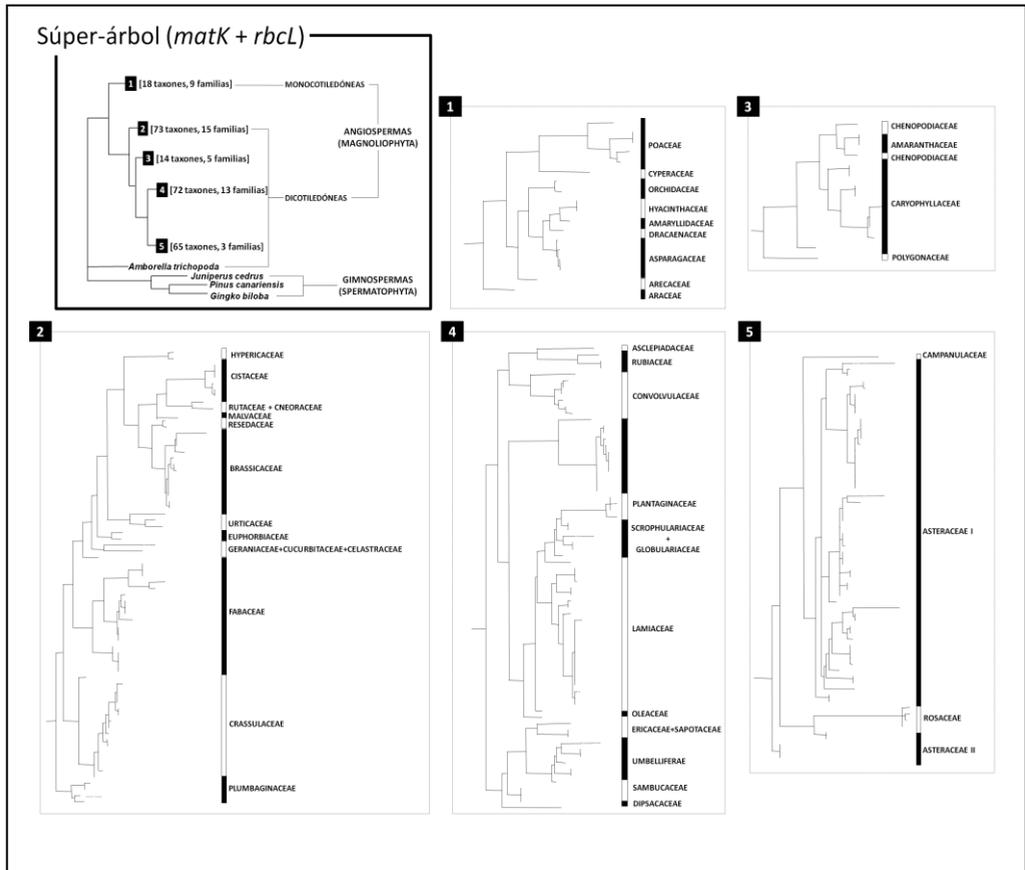


Figura 2. Súper-árbol de relaciones entre los 208 taxones vegetales endémicos de Canarias (especies, sub-especies y variedades) conocidos en la parte terrestre de la RBGC, según las regiones del ADN plastidial *matK* y *rbcl*. En la parte superior izquierda (recuadrada en línea gruesa) se ofrece la estructura básica de esta topología, mostrando los cinco grandes grupos obtenidos (numerados del 1 al 5). Por el gran tamaño de este súper-árbol, se omiten los nombres de cada uno de los taxones en las representaciones detalladas de los cinco grupos, y sólo se representa la estructura de relaciones entre las familias a las que estos taxones pertenecen.

neros *Micromeria*, *Sonchus*, *Argyranthemum* y *Parolinia*, probablemente se deban bien a que su divergencia evolutiva es muy reciente (con lo cual estarían en el mismo caso comentado anteriormente), o bien a que se han originado por hibridación u otros procesos biológicos que no son detectables mediante el ADN plastidial.

Nuestras estimaciones de la diversidad filogenética de la RBGC resuelven con mayor detalle la riqueza de la biodiversidad vegetal terrestre endémica canaria que habita cada Km² de este territorio (ver la Figura 3). Por este motivo, la diversidad filogenética debería ser uno de los parámetros utilizados de forma preferente como indicador asociado a la riqueza de la biodiversidad del territorio.

Por lo tanto, una primera implicación de esta investigación es que los datos moleculares permiten extraer información muy relevante sobre aspectos de la biodiversidad en el territorio que no serían accesibles mediante otros métodos ni a otros niveles de análisis (CAUJAPÉ-CASTELLS 2013, CAUJAPÉ-CASTELLS *et al.*, 2013a; JAÉN-MOLINA *et al.*, 2013).

La preservación de la máxima diversidad evolutiva que caracteriza un territorio está reconocida como una de las prioridades en la conservación de la naturaleza (ver por ejemplo FOREST *et al.*, 2007), de forma especial en todos los “puntos calientes” de biodiversidad del planeta, entre los que se encuentra Canarias. Por tanto, protegiendo las áreas de mayor diversidad filogenética estaríamos también maximizando la conservación de los territorios que contienen la mayor parte de diversidad biológica actual.

En consecuencia, nuestras estimaciones para la flora canaria terrestre endémica de la RBGC nos permiten identificar las áreas susceptibles de merecer la máxima protección frente a la incertidumbre de los cambios globales (Figura 3).

Considerando la zonificación actual de la RBGC (representada a la izquierda de la Figura 3) y los *tests* estadísticos realizados con los datos obtenidos, la zona núcleo de la Reserva Natural Especial (RNE) de Güigüi ostenta valores promedio de diversidad filogenética más elevados que las otras zonas, aunque su diversidad taxonómica es estadísticamente indiferenciable de la de la zona de amortiguación, que es muchísimo más extensa (en color naranja en la Figura 3).

Por otro lado, existen considerables diferencias de magnitud entre la diversidad filogenética y taxonómica de la Reserva Natural Integral (RNI) de Inagua respecto de las dos zonas más diversas (Güigüi y la zona de amortiguación). Los valores promedio de la diversidad taxonómica en la RNI de Inagua son los más bajos de los obtenidos en el territorio de la RBGC, como se percibe gráficamente en la Figura 3 y han corroborado los *tests* estadísticos aplicados en este estudio.

Estos resultados muestran claramente que las dos zonas núcleo actuales de la RBGC no contienen los más destacables valores naturales referidos a la diversidad filogenética de la flora terrestre endémica. No obstante, es imprescindible matizar que estas zonas núcleo sí albergan otros extraordinarios “valores naturales” que no se correlacionan con la diversidad filogenética ni con la diversidad taxonómica más elevada del territorio insular, y que sustentaron la consideración de estos territorios como zonas núcleo de la RBGC. Por ejemplo, la zona núcleo de la RNI de Inagua tiene varias cabeceras de barrancos con un papel fundamental en la recarga hídrica subterránea o la conservación del suelo de la isla, y es el hábitat preferente del pinzón azul.

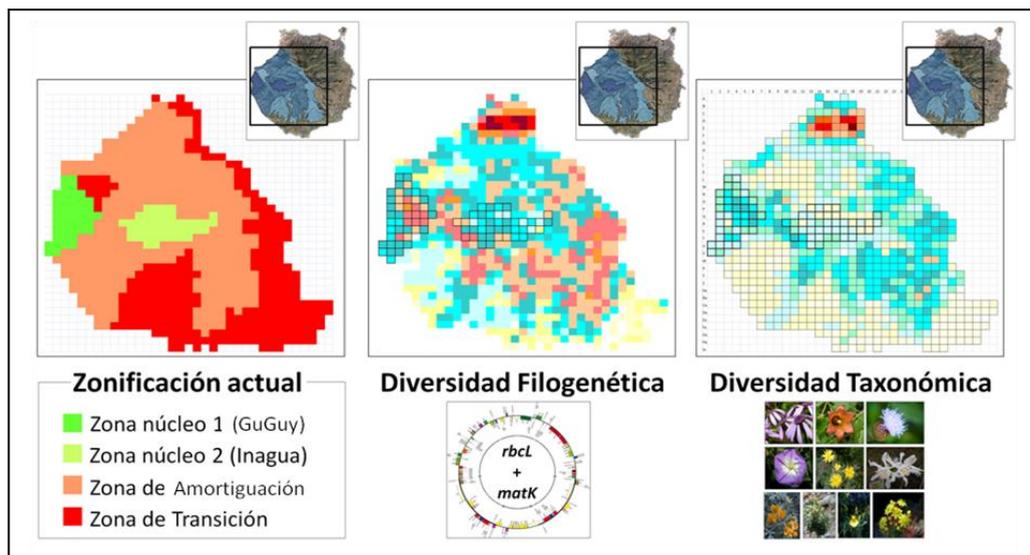


Figura 3. Comparación entre la zonificación actual de la RBGC y las estimaciones de diversidad filogenética y diversidad taxonómica de la flora canaria endémica conocida en cada cuadrícula de 1 Km² (con máxima fiabilidad geográfica). En las representaciones de la diversidad filogenética y taxonómica, las cuadrículas de color rojo oscuro son las más diversas y las de color amarillo claro las menos diversas. En la representación de la zonificación, las dos zonas núcleo se han diferenciado con diferentes tonos de verde.

En cualquier caso, se verifica que existió una considerable heterogeneidad en relación a las variables asociadas al concepto de “valor natural” cuando se estableció la zonificación actual de la RBGC. Así mismo, si consideramos que la diversidad florística de un territorio es otro importante “valor natural”, entonces nuestras estimaciones de diversidad filogenética y taxonómica ponen de manifiesto que ésta no fue lo suficientemente valorada a la hora de definir esta zonificación.

Teniendo en cuenta (a) la distribución geográfica de los valores de PD obtenidos en la RBGC y el superior valor indicador de este parámetro, (b) la definición general de “zona núcleo” como concentradora de los más importantes “valores naturales”, y (c) el hecho de que una reserva de la biosfera puede contener dos o más zonas núcleo, la parte norte de la RBGC actual podría reunir las condiciones para constituir una tercera zona núcleo (que correspondería orientativamente a gran parte del Parque Natural de Tamadaba y a Andén Verde). La implementación de esta propuesta permitiría representar en las zonas núcleo de la RBGC tanto los más destacables valores naturales filogenético-florísticos revelados por esta investigación, como los de otra índole que ya fueron considerados en el pasado.

En consonancia con el hecho de que existen cuadrículas con valores considerablemente elevados de diversidad filogenética y taxonómica a lo largo de la vertiente Este de la actual RBGC (zona de Transición), cabría también considerar una posible ampliación de la zona de Amortiguación que incluyera a las cuadrículas de la actual zona de Transición con mayores valores de PD (al Noreste y Sureste de la actual RBGC).

A nivel mundial, existen estimaciones de diversidad filogenética para la flora de Gales (de VERE *et al.*, 2012) o de la región del Cabo en Sudáfrica (FOREST *et al.*,

2007). No obstante, Gales contiene una biodiversidad endémica muchísimo más reducida que Gran Canaria. Esto es así, entre otros motivos, porque las glaciaciones del Pleistoceno y Holoceno no afectaron gravemente a Canarias, pero sí asolaron gran parte de los territorios del Norte de Europa. Como consecuencia, mientras la diversificación biológica pudo seguir en Canarias sin grandes interferencias climáticas, la mayoría del territorio europeo continental estuvo cubierta por una capa de hielo hasta hace apenas unos pocos miles de años, por lo cual países como Gales poseen una flora endémica muchísimo menos diversa.

Por otra parte, aunque Sudáfrica sí es un destacado “punto caliente” de biodiversidad planetario, las estimaciones de diversidad filogenética que realizaron FOREST *et al.* (2007) con su flora endémica son de mucha menor resolución que las obtenidas por nuestro grupo de investigación en la RBGC. En este sentido, Forest y colaboradores solamente consideraron las diferencias entre géneros (y no entre cada una de las especies endémicas del territorio, como en nuestro caso) y utilizaron cuadrículas de grandes dimensiones en lugar de 1 Km², como sí ha llevado a cabo nuestro grupo en la RBGC (CAUJAPÉ-CASTELLS *et al.*, 2013a; JAÉN-MOLINA *et al.*, 2013).

Sin duda, la elevada resolución de los datos genéticos obtenidos para la RBGC en la investigación que aquí se ha descrito, junto con su gran diversidad vegetal endémica, convierten a esta zona de Gran Canaria en uno de los puntos calientes de biodiversidad mejor conocidos del planeta. Se abre así una nueva vía para la gestión y conservación de la biodiversidad en el territorio.

Todas estas consideraciones basadas en el alto valor indicador de la diversidad filogenética no tienen que interpretarse en ningún caso como una crítica negativa a la actual zonificación de la RBGC. Debe tenerse en cuenta que cuando se elaboró la propuesta que sustentó la declaración de la Reserva de la Biosfera de Gran Canaria (el 29 de junio de 2005, por la Mesa del Consejo Internacional del MaB) no se podía disponer de información molecular tan precisa. Los nuevos datos moleculares aquí discutidos simplemente aportan otra capa de información a las ya existentes, y gracias a ellos podemos visualizar aspectos de la realidad que no era posible evidenciar hasta ahora. Tal vez, en el futuro, estos datos se vean complementados por otros que refinen las estimaciones actuales, o provean otras dimensiones que las amplíen.

Además, debemos admitir que el conocimiento de la biodiversidad en el territorio de la RBGC no es todavía perfecto. En unos casos, la abrupta orografía del Oeste de Gran Canaria impide la exploración botánica de zonas muy escarpadas, donde podrían refugiarse elementos aún desconocidos de nuestra biodiversidad. En otros casos, el descubrimiento taxonómico podría surgir por el estudio de zonas geográficas o especies que, aunque muy accesibles, no han merecido hasta ahora la atención detallada de los taxónomos. Estas realistas consideraciones implican que algunas de las cuadrículas analizadas podrían contener más taxones endémicos que los que aparecen en el Banco de Datos de Biodiversidad de Canarias, y sugieren la necesidad de incrementar la exploración y el seguimiento corológico del territorio de Gran Canaria.

Considerando nuestros resultados en conjunto, no parece exagerado afirmar que el conocimiento de la diversidad filogenética del territorio y de la diversidad genética de cada una de las especies que lo habitan pueden tener aplicaciones muy directas en la conservación y gestión eficaz de la biodiversidad.

Con estos y otros datos necesarios, encontrar la mejor estrategia de manejo del espacio de la RBGC debe sin duda fomentar la transversalidad entre los diferentes actores políticos, sociales, económicos o científicos que intervienen en su gestión. Sin embargo, las decisiones sobre la biodiversidad de un espacio tan complejo como la RBGC deben emanar del conocimiento científico-técnico multi-disciplinario más actualizado, como el que aportan los especialistas en cada uno de los numerosos campos que afectan a la conservación y el manejo de las especies, ya sea en el territorio o fuera de él. La biodiversidad sólo puede conservarse eficazmente comprendiéndola a través de una diversidad de aproximaciones e integrando su gestión en un marco sostenible.

Estos resultados forman una sólida base de conocimientos para apuntar algunas prioridades de futuro que, junto con otras actuaciones científico-técnicas coordinadas igualmente necesarias, pueden ser de gran interés para ayudar a gestionar la biodiversidad vegetal y el territorio de Gran Canaria.

Si se dan las circunstancias adecuadas, los datos generados con este proyecto, y los que estén disponibles en el sistema de información *Demiurge* (<http://www.demiurge-project.org/>; CAUJAPÉ-CASTELLS *et al.*, 2013b) proporcionarán la base genética para responder a muchas de estas importantes cuestiones. Otros datos (moleculares, reproductivos, ecológicos, etc.) y herramientas necesarias deberán sin duda generarse en los años venideros, e integrarse con los ya existentes, permitiendo actualizar las respuestas a las cuestiones planteadas. Sin embargo, será también indispensable desarrollar un contexto estadístico e informático de especiales características basado en supercomputación, porque las capacidades de cálculo requeridas están muy lejos de las de los ordenadores convencionales.

La implementación de estos métodos debe hacer posible evaluar de forma inmediata y fiable estas cuestiones para el territorio de Gran Canaria, pero también facilitar su aplicación a cualquier otro enclave que comparta con Canarias problemáticas parecidas de insularidad y conservación del patrimonio natural.

AGRADECIMIENTOS

Agradecemos al Cabildo de Gran Canaria y al Ministerio de Agricultura, Ganadería y Medio Ambiente de España la co-financiación del proyecto que permitió remodelar las anteriores instalaciones moleculares del Jardín Botánico Canario “Viera y Clavijo” (Cabildo de Gran Canaria), y obtener los datos que se presentan en este artículo; a la Consejera de Medio Ambiente y Emergencias del Cabildo de Gran Canaria (M^a del Mar Arévalo Araya) y su equipo en las dependencias de la Consejería en Las Palmas, el apoyo a nuestras investigaciones aplicadas al manejo y conservación de la biodiversidad vegetal de Gran Canaria; a todo el equipo humano del Jardín Botánico Canario “Viera y Clavijo”-Unidad Asociada CSIC del Cabildo de Gran Canaria, sus constantes e indispensables aportaciones multidisciplinarias; a la ‘Fundación Canaria Amurga-Maspalomas’, su eficiencia para contribuir a desarrollar partes de éste y otros proyectos; al departamento de ingeniería del software del Instituto Tecnológico de Canarias (en especial Izzat Sabbagh, Rafael Nebot y Juan Francisco Rodríguez), su colaboración en aplicaciones bioinformáticas; y a todos los miembros la red mundial de Reservas de la Biosfera insulares y costeras, su significativa interacción. Agradecemos

también el apoyo de la Cátedra UNESCO para la Conservación de la biodiversidad en Macaronesia y el Oeste de África.

REFERENCIAS

- BREMER, B., BREMER, K., CHASE, MW. FAY, MF. *et al.*, 2009.- An update of the Angiosperm Phylogeny Group classification for the orders and families of flowering plants: APG III. *Botanical Journal of the Linnean Society*, 161: 105–121.
- CAUJAPÉ-CASTELLS, J. 2006.- *Brújula para botánicos desorientados en la genética de poblaciones*. Exegen ed., Las Palmas de Gran Canaria, Spain. (<http://www.bioclimac.com/mbdna/index.php/editions-a-pricing/brujula-de-genetica-de-poblaciones>).
- CAUJAPÉ-CASTELLS, J. 2013.- The phylogenetic diversity of the terrestrial endemic flora in the Biosphere Reserve of Gran Canaria: first results, future prospects. Pp. 81-93 In: *Best practices of island and coastal biosphere reserves*. Proceedings of the 2nd meeting of the world network of island and coastal biosphere reserves. Jeju-do (South Korea) 9-12 September 2012.
- CAUJAPÉ-CASTELLS, J., JAÉN MOLINA, R. & CABRERA-GARCÍA, N. 2010.- Manual del Banco de ADN de La Flora Canaria (Jardín Botánico Canario "Viera y Clavijo"- Unidad Asociada CSIC). Cabildo de Gran Canaria. (<http://www.bioclimac.com/mbdna>).
- CAUJAPÉ-CASTELLS, J., JAÉN-MOLINA, R., GARCÍA-VERDUGO DE LUCAS, C., OLANGUA-CORRAL, M., GONZÁLEZ-PÉREZ, MÁ. & de LA CRUZ, S. 2013.- Using Phylogenetic Diversity as a baseline indicator to propose conservation priorities for the flora in the Biosphere Reserve of Gran Canaria. *Proceedings of the 3rd Meeting of the World Network of Island and Coastal Biosphere Reserves*. Hiiumaa and Saaremaa Islands (Estonia), 4-6 Junio 2013. Jeju Special Self-Governing Province. ISBN 978-89-962538-6-0-93400.
- CAUJAPÉ-CASTELLS, J., CASTELLANO, JJ., RAMOS, R., HENRÍQUEZ, V., SABBAGH, I., QUINTANA-TRUJILLO, FM. & RODRÍGUEZ, JF. 2013b.- Transformer-4 version 2.0.1, a free multi-platform software to quickly reformat genotype matrices of any marker type, and archive them in the *Demiurge* information system. *Molecular Ecology Resources*, 13: 484-493.
- CBOL PWG 2009.- A DNA barcode for land plants. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA*, 106: 12794–12797.
- de LA CRUZ, S. 2012.- Listados de la distribución espacial de la flora endémica terrestre de la reserva de la biosfera de Gran Canaria, en cuadrículas de 1x1 km y 0.5x0.5 km. Informe técnico. Fundación Amurga, 20 pp.
- de VERE, N., RICH, TCG., FORD, CR., TRINDER, SA., LONG, C. *et al.*, 2012.- DNA Barcoding the native flowering plants and conifers of Wales. *Plos One*, 7 (6): e37945.
- FAITH, DP. 1992: Conservation evaluation and phylogenetic diversity. *Biological Conservation*, 61: 1–10.
- FOREST, F., GRENYER, R., ROUGET, M., DAVIES, TJ. & COWLING, RM. 2007.- Preserving the evolutionary potential of floras in biodiversity hotspots. *Nature*, 445: 757–760.
- JAÉN-MOLINA, R., MARRERO-RODRÍGUEZ, A.; REYES-BETANCORT, A.; NARANJO-SUÁREZ, A.; SANTOS-GUERRA, A.; WERNER, O.; PATIÑO, J.; GONZÁLEZ-MANCEBO, JM.; DRAPER, I.; ROS, RM. & CAUJAPÉ-CASTELLS, J. 2010: La flora endémica del Parque Nacional de Garajonay bajo la perspectiva molecular: las secuencias de ADN como herramienta en la identificación taxonómica. In: L. Ramírez Sanz & B. Asensio Nistal, eds. *Naturaleza y Parques Nacionales. Serie Investigación en la red*, 249-273. Ministerio de Medio Ambiente y Medio Rural y Marino, Madrid, Spain.
- JAÉN-MOLINA, R.; MARRERO-RODRÍGUEZ, A., REYES-BETANCORT, A., SANTOS-GUERRA, A., NARANJO-SUÁREZ, A. & CAUJAPÉ-CASTELLS, J. 2014.- Molecular taxonomic identification in the absence of a "barcoding gap": a test with the endemic flora of the Canarian oceanic hotspot. *Molecular Ecology Resources* (in press).
- JAÉN-MOLINA, R., GARCÍA-VERDUGO, C., DE LA CRUZ, S., OLANGUA-CORRAL, M. & CAUJAPÉ-CASTELLS, J. 2013.- La Diversidad Filogenética: un instrumento de conservación y gestión de la flora de la Reserva de la Biosfera de Gran Canaria. *Programa del 6º Congreso de Biología de La Conservación de Plantas*, Murcia.
- MANN, H.B. & WHITNEY, D.R. 1947.- On a Test of Whether one of Two Random Variables is Stochastically Larger than the Other. *Ann. Math. Statist.* 18, (1): 50-60.
- MINH, BQ., KLAERE, S. & VON HAESELER, A. 2006.- Phylogenetic diversity within seconds. *Systematic Biology* 55: 769–773.
- SWOFFORD, DL. 2002.- PAUP*: *Phylogenetic analysis using parsimony (*and other methods)*, version 4.0b10. Sunderland, MA, USA.