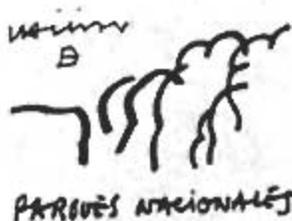


I Seminario Biología de la Conservación de Plantas Amenazadas

Organiza: Organismo Autónomo de Parques Nacionales.
Parque Nacional del Teide.

Coordinación: *Ángel Bañares Baudet*

Colabora: *Departamento de Biología Vegetal (Botánica)*
Universidad de La Laguna



EL USO DE MARCADORES MOLECULARES EN LA CONSERVACIÓN GENÉTICA DE ESPECIES AMENAZADAS. CASOS DE ESTUDIO.

Pedro Sosa Henríquez. Departamento de Biología. Universidad de Las Palmas de Gran Canaria

El análisis de la diversidad genética ha sido abordado desde tiempos inmemoriales a través de las variantes morfológicas aparecidas en la naturaleza. Muchas de estas variables disponen de un componente hereditario importante, pero otras constituyen diferentes respuestas de un mismo genotipo a las variaciones ambientales. Por ello, intentar relacionar el grado de control genético de los caracteres morfológicos es una labor compleja en la que se requieren experimentos de trasplante y/o cruzamientos tediosos, al mismo tiempo que presenta la inconveniencia de no poder cuantificar y comparar el nivel de diferenciación entre poblaciones o especies.

Hoy la variabilidad genética puede analizarse y lo que es aún más importante, evaluarse en términos precisos empleando técnicas bioquímicas y moleculares que han hecho posible pasar a analizar directamente el genotipo de los individuos. Dos son los marcadores moleculares más utilizados en la caracterización genética de las poblaciones. Los primeros analizan la variación isoenzimática de los organismos y constituyen el análisis indirecto de genes estructurales individuales (enzimas) encontradas en un organismo. Las técnicas moleculares incluyen el estudio de las variantes nucleotídicas a nivel del ADN, siendo el análisis de RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*) la técnica más empleada.

Tres son los índices más utilizados en la cuantificación de la biodiversidad genética mediante marcadores moleculares, y cada uno de ellos considera y analiza un aspecto concreto de la misma. El polimorfismo o proporción de genes polimórficos (P), calcula el número de genes que son variables en una población con respecto a todos los genes analizados. La riqueza alélica o número medio de alelos por locus (NMAL) mide el número total de alelos diferentes en una población. Finalmente, la heterocigosidad esperada (o simplemente heterocigosidad, también denominada coeficiente de diversidad génica o equitabilidad de las frecuencias alélicas) mide la uniformidad entre las frecuencias de alelos de una población.

Se ha constatado empíricamente que las especies vegetales endémicas y/o localizadas en poblaciones aisladas (como islas oceánicas) presentan globalmente una considerable reducción de sus niveles de diversidad genética. Probablemente el escaso número de individuos colonizadores, y el reducido tamaño de sus poblaciones constituyen las principales causas de la reducción genética. Sin embargo, los resultados obtenidos recientemente señalan que globalmente las especies endémicas canarias parecen disponer de niveles de variabilidad genética considerablemente elevados, y próximos a los encontrados en especies continentales.

Igualmente, la estrategia de reproducción seguida por una especie, se erige como un fuerte indicador de su variabilidad genética. Así, las especies autóгамas presentan globalmente escasos niveles de diversidad genética

frente a las especies alógamas en las que los niveles de diversidad son considerablemente más elevados. Probablemente el aumento de la endogamia en las especies con autofecundación se constituye como la razón principal de la reducción de la variabilidad. Estos resultados parecen verificarse en el caso de la palmera canaria (*Phoenix canariensis*) una especie dioica y alógama obligada presente en todas las islas del archipiélago, o en la violeta de las cumbres palmeras (*Viola palmensis*) en las que el grado de diversidad genética medido por isoenzimas es considerablemente elevado en ambas.

Por otro lado, las especies raramente existen como una única población en las que todos sus individuos se cruzan (o pueden cruzarse) al azar (Panmixia). En vez de esto, suelen estar distribuidas en áreas diversas y discretas más o menos separadas geográficamente y entre las cuales pueden existir diferencias genéticas. El conocimiento de la estructuración genética de las poblaciones naturales de vegetales amenazados es fundamental en las estrategias de manejo de estas poblaciones. La estructuración genética de las poblaciones (distribución espacial o temporal no al azar de los genes en las poblaciones) puede aparecer por adaptación microespacial, o por una escasa dispersión de las semillas. Estructuración familiar se ha detectado en las dos poblaciones naturales analizadas de *Dorycnium spectabile*, una especie del monteverde de Canarias en peligro de extinción.

La distribución de la variabilidad genética entre las diferentes poblaciones (diferenciación interpoblacional) se cuantifica a través del coeficiente de diferenciación genética (F_{ST}). En ausencia de una selección natural fuerte, la migración o flujo genético constituye el primer determinante de la diferenciación genética entre las poblaciones. Este movimiento de genes entre las poblaciones tiende a homogeneizar los acervos genéticos de las mismas, eliminando las diferencias locales. Consecuentemente, el flujo genético es una fuerza constrictiva que retrasa, e incluso detiene, la diferenciación, y por extensión la especiación, entre aquellas poblaciones donde sucede. Por el contrario, un flujo genético escaso o inexistente posibilita la existencia de diferenciación local, produciendo poblaciones genéticamente diferenciadas. La diferenciación genética es escasa entre las poblaciones naturales de *Viola palmensis* una especie endémica de La Palma, pero considerablemente importante en las poblaciones naturales de *Cistus osbaeckiaefolius* de Tenerife, y *Dorycnium spectabile* de Gran Canaria. En el caso de la violeta la mayor parte de la diversidad genética de la especie se mantiene en pocas poblaciones, sin embargo, en los otros ejemplos, sería necesario la preservación de un mayor número de poblaciones para conservar la globalidad de la diversidad genética. Igualmente, y como consecuencia del elevado índice de diferenciación existente, se debe evitar la mezcla de individuos procedentes de diferentes poblaciones.