

¿Son los marcadores moleculares determinantes en la gestión de una especie amenazada? El ejemplo de *Myrica rivas-martinezii* en las Islas Canarias.

Introducción

Ya finalizando la primera década del Siglo XXI, los principios y las bases de la conservación de la diversidad genética, o sencillamente de la conservación genética en el contexto de la Biología de la Conservación de vegetales amenazados, se han descrito y considerado ampliamente (Sosa *et al.*, 2002; Desalle & Amato, 2004; Gregory *et al.*, 2006; Segelbacher *et al.*, 2010). De forma general, la genética de poblaciones está proporcionando a la ciencia de la conservación una precisión de análisis sin precedentes, que se fundamenta en el mantenimiento del potencial adaptativo de las plantas, especialmente en el escenario actual de cambio climático, con el propósito último de evitar la pérdida de diversidad alélica y disminuir los efectos de la depresión endogámica y exogámica. También proporciona una base teórica que contribuye a entender los mecanismos que dan lugar a los cambios evolutivos y afectan el patrón genético observado en las poblaciones naturales y restituidas, contribuyendo a proporcionar guías de manejo para aplicarse en los taxones amenazados. Pero además, la genética participa en un concepto integrado de conservación de la biodiversidad, necesario para definir los métodos, concretar los objetivos e identificar las prioridades requeridas en cada programa de conservación y recuperación.

Las herramientas del conservador genético se han basado en la detección de la variabilidad a nivel de ADN en el laboratorio, junto con métodos analíticos y estadísticos cada vez más precisos que permiten inferir y concluir en términos concretos los resultados moleculares. Ha utilizado métodos empíricos que se han fundamentado en el conocimiento de las causas que han dado lugar a que una especie se encuentre amenazada; métodos experimentales que se han dirigido a refinar y dar soporte a las hipótesis establecidas y métodos teóricos que se han empleado para situar los resultados empíricos y experimentales en una red general que permita predecir futuros cambios en situaciones específicas (Gregory *et al.*, 2006).

No obstante, la importancia de los factores genéticos en la conservación de una especie,

especialmente a gran escala, permanece hoy día como una cuestión abierta, existiendo un importante debate respecto a su importancia relativa y su auténtica contribución a la biología de la conservación y a la elaboración y ejecución de planes de recuperación de especies vegetales amenazadas (Sosa *et al.*, 2002; Desalle & Amato, 2004).

Sabemos que en España, como en otros países de nuestro entorno, el nivel taxonómico de la especie constituye la unidad mínima para protección legal (IUCN, 2006). En este escenario es, obviamente, imprescindible resolver las incertidumbres taxonómicas que puedan rodear a la especie (o taxón) amenazado, y es en este punto donde el uso de los marcadores moleculares ha adquirido una relevancia singular. Sabemos que los marcadores moleculares son extremadamente útiles en estimar ciertos parámetros evolutivos (flujo genético y deriva genética) que afectan la diferenciación genética de poblaciones (y especies) y contribuir a clarificar la relación existente entre taxones (especies) próximos, y en definitiva a establecer si un taxón "merece" recibir los recursos, esfuerzos, arrosos y cuidados que se presuponen si está amenazada.

Myrica rivas-martinezii A. Santos (la Faya herreña) es un endemismo canario exclusivo de las islas de La Gomera, La Palma y El Hierro. Descrito por primera vez en 1980 por Arnoldo Santos en la isla de El Hierro, posteriormente se han producido nuevas citas aumentando el rango de distribución de la especie a otras islas (Bañares *et al.*, 1984; Beltrán *et al.*, 1999; VV.AA., 2000; Bañares *et al.*, 2007). En la actualidad se han contabilizado 10 ejemplares naturales (5 masculinos y 5 femeninos) en la isla de La Gomera (González *et al.*, 2000), con un elevado grado



Figura 1. Distribución de *Myrica rivas-martinezii* A. Santos en las Islas Canarias.

de dispersión geográfica (Figura 1). En La Palma se conocen sólo dos localidades: uno masculino en La Mata (Garafía) y otro femenino en Zamagallo (Puntallana) (Romero, 1990), mientras que en El Hierro se encuentra confinada en dos localidades: La Caldereta (un único ejemplar) y El Fayal (40 ejemplares aprox.) (Beltrán *et al.*, 1999) (Figura 1).

Es un árbol dioico, de 8 a 10 m de alto que puede alcanzar en ocasiones hasta 20 m. Presenta una corteza acorchada en los troncos de los ejemplares viejos, más homogénea y menos fisurada que los de *Myrica faya* Ait. su congénere simpátrico que presenta una amplia distribución en Canarias y en otras islas de la Macaronesia. Hojas con glándulas y marcado dimorfismo. Las jóvenes, tiernas, ovals redondeadas de 60 mm de largo y 35 mm de ancho con escasos dientes en el margen. Las adultas de tamaño más reducido, 20 mm de largo y 10 mm de ancho, cuneadas, con borde distal redondeado ligeramente crenado. El principal rasgo de diferenciación de esta especie con la cercana *M. faya* es el menor tamaño de sus hojas y la forma espatulada de éstas (Bañares *et al.*, 2007).

Repetidos esfuerzos de reproducción vegetativa y sexual, así como la aplicación de técnicas de polinización artificial han desvelado gran dificultad en la propagación de la especie, por lo que se encuentra actualmente catalogada en peligro crítico (CR B2ab(iii,v)) según la UICN (Beltrán *et al.*, 1999; VV.AA., 2000; Bañares *et al.*, 2007); e incluida con la máxima categoría de amenaza en el Catálogo Nacional de Especies Amenazadas, Catálogo de Especies Amenazadas de Canarias; Orden Gobierno Canarias -20/2/91- (Anexo I); Convenio de Berna (1994) (Anexo I) y Directiva Hábitat (Anexo II, especie prioritaria).

Dado su grado de amenaza, a principios del año 2000, y en el marco del proyecto LIFE financiado por la Unión Europea "Conservación de 5 especies prioritarias del Monteverde de Canarias" (González *et al.*, 2000), se llevó a cabo un análisis genético de la mayor parte de los ejemplares de *Myrica rivas-martinezii*, a través del uso de técnicas moleculares mediante RAPD (*Random Amplified Polymorphism DNA*) (Batista *et al.*, 2004). Se analizó entonces un total de 47 individuos de *M. rivas-martinezii* procedentes de las tres islas, incluyendo los dos ejemplares de La Palma, 5 de La Gomera y 40 de El Hierro, con el propósito de determinar a escala poblacional, la composición genética y la estructuración genética de los ejemplares de *M. rivas-martinezii* en cada isla (Batista *et al.*, 2004).

Los resultados empleando dichas técnicas mostraron que, en su conjunto, los individuos de El Hierro disponían de unos niveles de diversidad genética superiores a los revelados en otras islas, de forma que el índice de diversidad genética fue 1,1 y 1,2 veces mayor en esta isla que el detectado en La Palma y La Gomera, respectivamente, lo cual y obviamente se correspondía con el superior número de ejemplares analizados en El Hierro. Llamó mucho la atención que todos los índices empleados indicaran que la especie albergara unos niveles de variabilidad genética muchos más elevados que los esperados para una especie que *a priori*, y dado su grado de amenaza y escaso número de ejemplares, debía haber sufrido una pérdida de efectivos muy

relevante, y por tanto los efectos de un intenso un cuello de botella reciente (Batista *et al.*, 2004). La distribución anterior y los efectivos poblacionales históricos de *M. rivas-martinezii* se desconocen, pero es difícil pensar, tal y como señala Beltrán *et al.* (1999), que los elementos de amenaza antrópicos que recaen

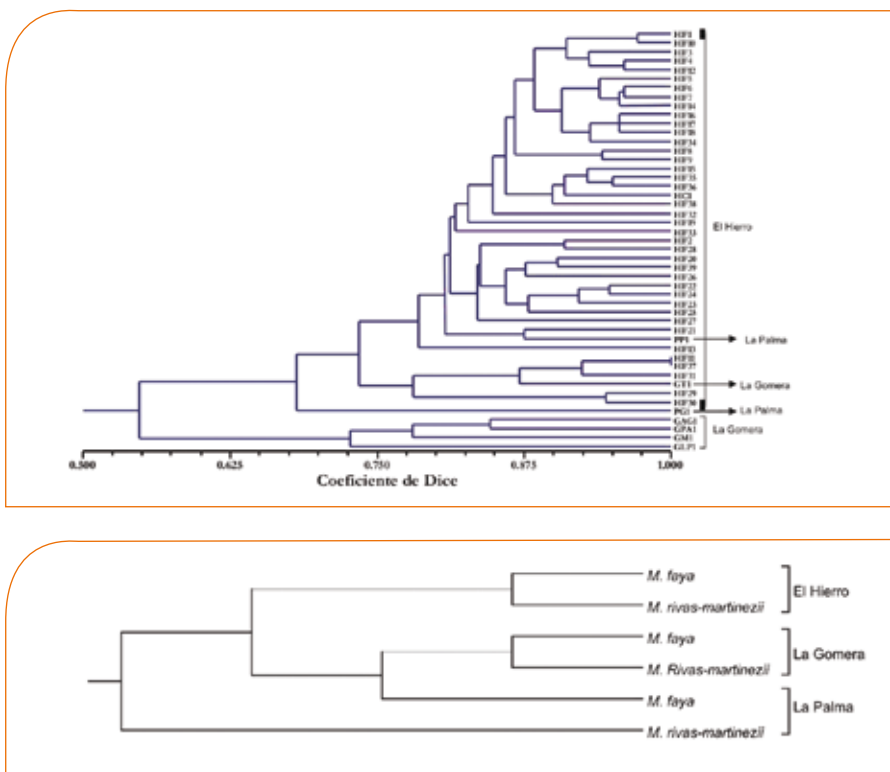


Figura 2. Arriba) Dendrograma UPGMA de los individuos de *Myrica rivas-martinezii* analizados basado en el Coeficiente de Dice a partir de la matriz de presencia/ausencia obtenida mediante RAPDs. Abajo) Dendrograma UPGMA de las poblaciones agrupadas por isla de origen y taxones obtenido a partir de las frecuencias alélicas y distancias genéticas resultantes del análisis con microsatélites.

sobre la especie puedan explicar en su totalidad el grado de regresión en que se encuentra. ¿Es posible que estuviésemos ante un proceso de regresión natural? ¿O quizás estábamos ante una especie extremadamente rara que ha mantenido elevados niveles de variabilidad genética porque siempre ha sido rara y no ha pasado por capítulos de cuellos de botella reciente? Mucho menos factible es que se tratase de un taxón en retroceso de cuyo cruce con un taxón ancestral extinguido haya surgido *M. faya*. La amplísima distribución de la faya común, no solo en Canarias sino en el resto de las islas de la Macaronesia, invalida *per se* dicho argumento.

Por otro lado, González *et al.* (2000), estudiaron los perímetros basales de los ejemplares de *Myrica rivas-martinezii* como parámetro indicativo de la edad del árbol. Los resultados mostraron una pirámide en la que se encontraban bien representadas numéricamente todas las clases de edad, lo que podría ser indicativo de que la población se regenera sexualmente. Sin embargo, en todas las prospecciones realizadas en las distintas localizaciones de la especie tanto en El Hierro, como en La Palma y La Gomera, nunca se ha detectado la presencia de plántulas. En La Gomera, todas las localizaciones conocidas se componen de ejemplares adultos (maduros sexualmente), no habiéndose encontrado nunca ejemplares juveniles. Es decir, a pesar de que en los últimos años se ha protegido y conservado a la especie de manera inconmensurable, y se han establecido numerosos trabajos de reproducción, viabilidad y germinación no se había detectado descendencia natural alguna en los últimos decenios.

Desde 1985 se han recogido semillas de las diferentes poblaciones para favorecer la reproducción *ex situ* de *M. rivas-martinezii*

(Beltrán *et al.*, 1999). Las experiencias realizadas con semillas recolectadas procedentes de distintos ejemplares de *M. rivas-martinezii* de El Hierro, La Gomera y La Palma han mostrado que en la inmensa mayoría de las ocasiones la descendencia presentaba los caracteres de *M. faya*, obteniéndose en tan solo una ocasión ejemplares con caracteres de *M. rivas-martinezii* (Beltrán *et al.*, 1999; Bañares *et al.*, 2007).

Por ello recientemente nuestro grupo de investigación (González-Pérez *et al.*, 2009a) empleó marcadores moleculares muy polimórficos (microsatélites) que permitiesen comparar las características genéticas de ambas especies. La hipótesis de partida es que las diferencias genéticas entre las dos especies deben ser superiores a la diferenciación genética intraespecífica. Las ventajas y propiedades de los microsatélites en este tipo de estudios se ha puesto de manifiesto en numerosas ocasiones (Segarra-Moragues *et al.*, 2005; Van Geert *et al.*, 2008; González-Pérez *et al.*, 2009b, Sosa *et al.*, 2010) alzándose como un marcador molecular muy preciso a nivel infraespecífico. Se recogieron entonces, y una vez más, muestras de *M. rivas-martinezii* de todas sus localidades, hasta 42 individuos (González-Pérez *et al.*, 2009a), junto con ejemplares de *M. faya*, asegurándonos de recogerlas en los mismos sitios y lugares en que se encontraba *M. rivas-martinezii*. En total se estudiaron 183 individuos de *M. faya* procedente de 8 localidades.

Los 6 *loci* microsatélites analizados eran polimórficos para ambas especies, y los diferentes indicadores básicos de la variabilidad genética calculados (riqueza alélica, polimorfismo y diversidad génica) mostraron de nuevo un elevado grado de diversidad genética en las poblaciones de *M. rivas-martinezii* (al igual que en las de *M. faya*), y una considerable uniformidad en estos niveles de variación genética entre todas las poblaciones estudiadas, independientemente de su categoría taxonómica. El valor medio de la diversidad génica (H_e) de todas las poblaciones de *M. rivas-martinezii* fue de 0,560, mientras que para *M. faya* fue de 0,668, y en ningún caso fue significativamente diferente (González-Pérez *et al.*, 2009a). Incluso, ciertas poblaciones de *M. rivas-martinezii* superaban el grado de variabilidad genética de *M. faya*. Por otro lado, la mayoría de las poblaciones se encontraban en equilibrio de Hardy-Weinberg, tanto si las muestras de *M. rivas-martinezii* se incluían en el análisis, como cuando si se eliminaban del cálculo, lo cual, entre otros aspectos, es interpretable en términos de uniformidad en las frecuencias genotípicas de ambos taxones, un resultado que se vio corroborado con el análisis de la varianza molecular (AMOVA) y que reveló que la mayor parte de la diversidad genética de ambas especies se encontraba contenida dentro de las poblaciones, en torno a 92,5% para *M. faya* y 85,9% para *M. rivas-martinezii*, frente a un reducido 3,76% entre ambas especies (González-Pérez *et al.*, 2009a).

El coeficiente de diferenciación genética (F_{ST}), un parámetro que nos mide la proporción de la diversidad genética que reside entre las poblaciones, se erige como un índice adecuado para determinar el aislamiento genético entre dos taxones, ya que sus valores determinan el papel del flujo genético como fuerza cohesiva, y constituye por tanto una medida del flujo génico (Slatkin, 1985, 1987). Cuanto mayor es el valor de F_{ST} entre dos poblaciones, mayores diferencias genéticas presentan. Los valores de F_{ST} obtenidos entre las diferentes poblaciones estudiadas de ambas fayas reflejaron que el aislamiento geográfico, consecuencia de su distribución insular, constituía el factor principal que explicaba el patrón genético de *Myrica* en Canarias, y que dicho aislamiento geográfico es mucho más relevante en la historia evolutiva de ambas especies de *Myrica*, que la posible divergencia genética fruto de ser dos entidades taxonómicas diferentes (Figura 2). Estos resultados, a su vez, coincidían totalmente con los obtenidos anteriormente por Batista *et al.* (2004) empleando marcadores RAPD en *M.*

rivas-martinezii, y en el cual se encontró que la mayoría de los individuos estudiados de las mismas poblaciones naturales, se agrupaban por su isla de origen (Figura 2).

Todos estos datos señalan que ambas especies de *Myrica* comparten el mismo acervo genético, unos datos corroborados en estudios anteriores por Sosa y Batista (1998) empleando isoenzimas y por Werner *et al.* (2007) a través del uso de ISSR, secuenciación del intrón *trnL* y el espaciador intergénico *trnL-trnF*. En todos los casos las diferencias entre ambos taxones fueron muy reducidas o inexistentes. La conclusión más plausible es que *M. rivas-martinezii* y *M. faya* pertenezcan a un mismo rango taxonómico, y sean morfotipos de una misma especie, consecuencia incluso de mutaciones puntuales recesivas, lo que explicaría los elevados niveles de diversidad genética detectados en las poblaciones de *M. rivas-martinezii*, la escasa o nula diferenciación genética entre las poblaciones de ambos taxones, la existencia de agrupación de las poblaciones de ambos taxones según la isla de origen y la aparición de progenie con caracteres de *Myrica faya* en la germinación de semillas de *M. rivas-martinezii*, entre otros resultados.

Es cierto que las diferencias morfológicas entre *M. rivas-martinezii* y *M. faya* son obvias, especialmente en la forma de sus hojas y no son consecuencia de una función ambiental, abiótica o ecológica ya que ambos taxones crecen en diferentes islas y exactamente en los mismos hábitats, uno al lado del otro. Es cierto también que en muchos grupos de vegetales endémicos localizados en islas (como en Canarias) se han descrito claras divergencias morfológicas e incluso ecológicas con escasa repercusión en la variación isoenzimática, sin embargo esta circunstancia no se ha descrito, que nosotros sepamos, para marcadores microsatélites, que son mucho más variables, neutrales y adecuados para el marco taxonómico en el que nos movemos.

Un axioma que se establece en los estudios con marcadores moleculares, es que la detección de variación y diferenciación entre los marcadores moleculares utilizados, sean de la índole que sean, demuestran la existencia de esas diferencias, pero la invariabilidad e igualdad entre los marcadores moleculares utilizados no demuestra, en ningún caso, la existencia y extensión de dicha igualdad a la comparación establecida, ya que puede ser consecuencia del uso de un marcador molecular inapropiado. Pero aunque no descartamos que en un futuro nuevos marcadores demuestren mayores diferencias genéticas entre *M. rivas-martinezii* y *M. faya*, no parece que sea el caso, ya que los microsatélites obtenidos y estudiados mostraron un elevado grado de variabilidad en las poblaciones de ambas especies.

Varias preguntas y debates se pueden abrir con los resultados obtenidos, especialmente en el marco de la gestión de la Biología de la Conservación. Considerando estos resultados, ¿Cuál debería ser el proceder respecto a las poblaciones de *M. rivas-martinezii*? ¿Es aconsejable descatalogar una especie amenazada bajo el criterio exclusivo de los marcadores moleculares? El Gobierno de Canarias ya lo ha hecho: *Myrica rivas-martinezii* ha sido excluida en la propuesta del nuevo catálogo de especies amenazadas de Canarias que está en fase de aprobación en el Parlamento de Canarias.

Las perspectivas actuales en conservación genética son diversas, amplias y no exentas de controversias. Por un lado, y en cuanto a los avances se refiere, es indudable que una de las grandes oportunidades que presenta la conservación genética subyace en el desarrollo de nuevas herramientas de análisis más sofisticadas, tanto desde el campo de la bioestadística y las matemáticas como desde el área molecular. El desarrollo de algoritmos bayesianos y programas informáticos asociados como STRUCTURE (Pritchard *et al.*, 2000), la teoría coalescente o genealogía de genes (Hein *et al.* 2005), los algoritmos de simulación eficiente o la metodología de muestreo de procesos

complejos están generando una revolución sin precedentes y un giro considerable en la biología de la conservación y en la conservación genética, ya que están permitiendo entre otros cálculos, el tratamiento de datos genéticos con parámetros medioambientales, territoriales o ecológicos, permitiendo generar métodos y procedimientos mucho más integrados y completos que sin duda ahondarán en la mejora de las estrategias y programas de conservación (Segelbacher *et al.*, 2010); al mismo tiempo, el especial avance de la genómica (Kohn *et al.*, 2006), los marcadores de secuencias expresadas (EST), los superordenadores de soporte vectorial (entre otros), o el desarrollo de los códigos de barra moleculares (Stoeckle, 2003), van sin lugar a dudas a aumentar la precisión de las investigaciones y a reducir el tiempo de estudio, permitiendo por tanto el establecimiento de análisis inmediatos ahorrando en recursos y respondiendo con celeridad. Posiblemente, una de las principales fortalezas que los estudios genéticos ofrecen en la disciplina de la conservación es su capacidad para disponer de un escenario más preciso y de crear un panorama sin precedentes más afinado de los patrones y procesos que están aconteciendo en las especies amenazadas, unos procesos que a su vez son cuantificables en términos precisos (Desalle & Amato, 2004).

Es cierto que aún la conservación genética adolece de debilidades. Los escasos progresos realizados respecto a la influencia e importancia de la variación adaptativa, constituye posiblemente el mayor de los retos de esta ciencia. ¿Están los estudios moleculares detectando adecuadamente el patrón de variación adaptativo? El caso de *Myrica rivas-martinezii*, podría ser un ejemplo. La carencia de conocimientos respecto a las consecuencias de la depresión exogámica, por ejemplo, constituye uno de los principales *hándicap* y una de las cuestiones más urgentes que la genética debe resolver, sobre todo por el incremento cada vez mayor en el número de hibridaciones que se están sucediendo debido al cambio climático y la alteración y fragmentación de los hábitats o el aumento en las traslocaciones.

Obviamente, sería importante finalizar esgrimiendo de nuevo que ninguna de las disciplinas integradas en la biología de la conservación tiene el alcance necesario y el argumento preciso para abordar el problema de la conservación de una manera global, y la conservación genética, en sí misma, necesita situarse en el mismo contexto de dificultades que entraña la toma de decisiones que significa la conservación biológica.

PEDRO A. SOSA, MIGUEL ÁNGEL GONZÁLEZ PÉREZ
Y EDNA AMADA GONZÁLEZ GONZÁLEZ

Departamento de Biología, Universidad de Las Palmas de Gran Canaria, Campus Universitario de Tafira,
Las Palmas de Gran Canaria. Islas Canarias.

Bibliografía

- Bañares, A., R.M. Lecuona-Neumann, I. La Serna-Ramos & E. Beltrán (1984). Sobre la presencia de *Myrica rivas-martinezii* A. Santos en la isla de La Gomera (Islas Canarias). Estudio corológico, ecológico y palinológico. *Vieraea* 14: 41-55.
- Bañares A, G. Blanca, J. Güemes, J.C. Moreno & S. Ortiz (2007). *Atlas y Libro Rojo de la Flora Vasculare Amenazada de España. Taxones prioritarios*. Dirección General para la Biodiversidad. Ministerio de Medio Ambiente.
- Beltrán, E., W. Wildpret, M.C. León, A. García & J. Reyes (1999). *Libro Rojo de la Flora Canaria contenida en la Directiva-Hábitats Europea*. La Laguna: Dirección General de Conservación de la Naturaleza, Ministerio de Medio Ambiente.
- Desalle, R & G.I. Amato (2004). The expansion of conservation genetics. *Nature* 5:702-712.
- González, M *et al.* (2000). *Conservación de 5 especies prioritarias del Monteverde de Canarias*. Proyecto Life. Consejería de Política Territorial y Medio Ambiente. Gobierno de Canarias. Inédito.
- González-Pérez, M.A., P.A. Sosa, E. Rivero, E.A. González-González & A. Naranjo (2009a). Molecular markers reveal no genetic differentiation between *M. rivas-martinezii* and *M. faya* (Myricaceae). *Ann. Bot.* 103: 79–86.
- González-Pérez, M.A., M.D. Lledó, C. Lexer, M. Fay, M. Marrero, A. Bañares-Baudet, E. Carqué & P.A. Sosa (2009b). Genetic diversity and differentiation in natural and reintroduced populations of *Bencomia exstipulata* and comparisons with *B. caudata* (Rosaceae) in the Canary Islands: an analysis using microsatellites. *Bot. J. Linnean Soc.* 160: 429-441.
- Gregory, A. *et al.* (2006). *The conservation of genetic diversity: Science and policy needs in a changing world* JNCC report, No. 383.
- Hein, J., M.H.Schierup & C. Wiuf (2005). *Gene Genealogies, Variation and Evolution. A primer in coalescent theory*. Oxford Univ. Press.
- IUCN (2006). *IUCN Red List of Threatened Species*. World Conservation Union.
- Kohn, M.H., W.J.Murphy, E.A. Ostrander & R.K. Wayne (2006). Genomics and conservation genetics. *Trends in Ecology and Evolution* 21: 629-637.
- Romero, P. (1990). Aportaciones a la flora vascular de La Palma (Islas Canarias). Notas corológico-ecológicas. *Vieraea* 18: 3-15.
- Segarra-Moragues, J.G., M. Palop-Esteban, F. González-Candelas & P. Catalán (2005). On the verge of extinction: genetics of the critically endangered Iberian plant species, *Borderea chouardii* (Dioscoreaceae) and implications for conservation management. *Molecular Ecology* 14: 969-982.
- Segelbacher, G., S.A. Cushman, B.K. Epperson, M.J. Fortin, O. François, O.J. Hardy, R. Holderegger, P. Taberlet, L.P. Waits & S. Manel (2010). Applications of landscape genetics in conservation biology: Concepts and challenges. *Conserv. Genet.* 11: 375-385.
- Slatkin, M. (1985). Gene flow in natural populations. *Ann. Rev. Ecol. Syst.* 16: 393-430.
- Slatkin, M. (1987). Gene flow and the geographic structure of natural populations. *Science* 236: 787-792.
- Sosa, P.A. & F.J. Batista (1998). *Estudio de la variabilidad genética de los géneros Echium, Ilex y Myrica por electroforesis isoenzimática*. Organismo Autónomo de Parques Nacionales. Ministerio de Medio Ambiente. Inédito.
- Sosa, P.A., M.A. González-Pérez, F. Batista & N. Bouza (2002). Conservación genética de especies vegetales amenazadas. In Bañares, A. (ed.): *Biología de la conservación de plantas amenazadas*. Organismo Autónomo de Parques Nacionales, Madrid, pp. 133-160.
- Sosa, P.A., M.A. González-Pérez, C. Moreno & J.B. Clarke (2010). Conservation Genetics of the endangered endemic *Sambucus palmensis* Link (Sambucaceae) from the Canary Islands. *Conserv. Genet.* (Aceptado).
- Stoeckle, M. (2003). Taxonomy, DNA, and the Bar Code of Life. *Bioscience* 53:796-797.
- Van Geert, A., F. van Rossum & L. Triest (2008). Genetic diversity in adult and seedling population of *Primula vulgaris* in a fragmented agricultural landscape. *Conserv. Genet.* 9: 845-853.
- VV.AA. (2000). Lista Roja de Flora Vasculare Española (valoración según categorías IUCN). *Conservación vegetal* 6 (extra): 11-38.
- Werner, O., R.M. Ros & A. Fernández (2007). Caracterización genética de poblaciones de varias especies amenazadas en el Parque Nacional de Garajonay. Puerto de la Cruz, SPAIN: III Congreso de Biología de la Conservación de Plantas.