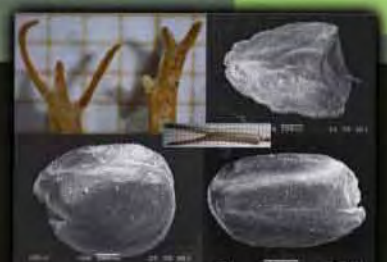
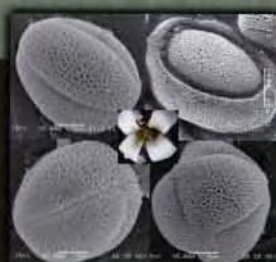


# CAPITULO IV

## Diversidad Morfológico-Reproductiva



### Micro-Marcadores





## CAPÍTULO IV



## Introducción y Objetivos

## 1. BIODIVERSIDAD, SISTEMÁTICA Y MORFOMETRÍAS

La SISTEMÁTICA o estudio científico de la BIODIVERSIDAD o diversidad de los seres vivos y relaciones entre ellos constituye el eje central de la biología, al reunir y resumir todos los aspectos de los organismos: *geográficos, morfológicos, fisiológicos, genéticos, ecológicos y filogenéticos*.

### 1.1. BIODIVERSIDAD. NUEVO ENFOQUE DE LA SISTEMÁTICA

Actualmente la Sistemática Vegetal dirige sus objetivos hacia la formulación de hipótesis acerca de las leyes generales y relaciones de los seres vivos que desde las dos tendencias tradicionalmente irreconciliables de *feneticismo* y *cladismo*, se enfocan actualmente bajo las directrices de la *Deep Morphology* (STUESSY, 2003) escuela que recoge y representa una nueva perspectiva integradora para analizar, caracterizar y re-interpretar todos los datos y aspectos de la biodiversidad (SNEATH, 1995; JENSEN, 2003; STUESSY, 2003; CRISCI, 2006).

Con esta nueva directriz, la BIODIVERSIDAD se considera integrada por diferentes *niveles estructurales de organización*, que abarcan desde los caracteres morfológicos observables a simple vista, hasta los observables solo con microscopía electrónica, incluyendo además los aspectos fisiológicos y funcionales de la *biología reproductiva*, así como los *genético-moleculares*. El estudio de estos niveles estructurales se enmarca obviamente en los distintos niveles de jerarquía taxonómica incluyendo los infra-específicos de población natural, que reflejan la historia micro-evolutiva de las especies que incluye la Biología de Poblaciones (SILVERTOWN & CHARLESWORTH, 2001, STUESSY, 2003; WEBER, 2003; SOLTIS *et al.*, 2005; PIRES & HERTWECK, 2008). Con esta perspectiva integradora, donde la biodiversidad se contempla según cuatro niveles estructurales: 1-*Macro-morfología*, 2-*Micro-morfología* (citología, anatomía, palinología), 3-*Morfología metabólica* (*proteínas*) y 4- *Genoma* (DNA y RNA). Aunque un análisis sistemático completo requiere datos de los cuatro niveles estructurales, cada uno de ellos se considera adecuado según el área Sistemática contemplada: I-Taxonomía, II-Evolución o especiación y III-Filogenia.

La *Sistemática Vegetal* actual, representa pues, un enfoque integrador que re-interpreta y caracteriza la biodiversidad tanto morfológica como genética. El estudio de la BIODIVERSIDAD se enfoca pues, bajo una perspectiva globalizadora, que aunque no se reconoce explícitamente como *Deep Morphology*, se manifiesta en las numerosas publicaciones de los últimos años (principalmente desde el 2000), donde se integran los estudios moleculares (tanto de diversidad poblacional como de filogenia molecular) con datos de *biología reproductiva* y/o aspectos *morfológicos* según distintos niveles de observación: micro-morfología, citogenética, palinología (CHASE, FAY & SAVOLAINEN, 2000; CRAWFORD, 2000; ENDRESS, BASS & GREGORY, 2000; PRANCE, 2000; SCOTLAND, 2000; STEVENS, 2000; STUESSY, HÖRANDL & MAYER, 2000 y 2001; DILCHER, 2001; LEVIN, 2001; RIESEBERG & BURKE, 2001; SCHAAL & LEVERICH, 2001; SOLTIS & SOLTIS 2001; STUESSY, 2001 y 2003; SYTSMA & PIRES, 2001; BACHMANN & O. GAILING, 2003; GIVNISH, 2003; ENDRESS, 2003; GLEISSBERG, 2003; HESSE, 2003; O'KANE & AL-SHEHBAZ, 2003; WEBER, 2003; CRAWFORD, MORT & ARCHIBALD, 2005; HENRY, 2005; HENDERSON, 2006; GARCÍA-VERDUGO, BERMEJO DOMÍNGUEZ, RUBIO DE CASAS, PÉREZ-CORONA, MANRIQUE, GRANADO-YELA, BALAGUER & VARGAS, 2007; KÁLMAN, MEDVEGY, PÉNZES & MIHALIK, 2007; NYBOM & BARTISH, 2007;

VARGAS, 2007; ALVAREZ, PERALTA, SALAS & SPOONER, 2008; ALZATE, MORT & RAMÍREZ, 2008; BORG, McDADE & SCHÖNENBERGER, 2008; BORSCH, LOHNE & WIERSEMA, 2008; HONG-WA, 2008; KULBABA & WORLEY, 2008; LESLIE, 2008; MIRJALILI, BENNETT & POORAZIZI, 2008; PIRES & HERTWECK, 2008; SOKOLOFF, REMIZOWA, MACFARLANE & RUDALL, 2008; STÄHLBERG & HEDRÉN, 2008; VAN ETTEN, PREVOST, DEEN, ORTIZ, DONOVAN & CHANG, 2008; WRIGHT, NESS, FOXE & BARRETT, 2008; ANDRES-SÁNCHEZ, RICO, HERRERO, SANTOS-VICENTE & MARTÍNEZ-ORTEGA, 2009; BAUM, AUDRAN, TORRES & MÉDAIL, 2009; MATTHEWS, 2009; SAAD & MAHY, 2009).

Esta perspectiva integradora, potencia y hace resurgir con fuerza el *feneticismo* y *taxonomía numérica* con las técnicas tradicionales del *análisis multivariante* mediante las cuales se sostienen como principios más importantes para la clasificación biológica, la *similitud* morfológica (fenotípica) basada en el análisis de un gran número de caracteres con el mismo peso o importancia.

En este estudio que contempla al género canario *Parolinia* se analiza la BIODIVERSIDAD POBLACIONAL de las 7 especies del género según tres de los *cuatro niveles estructurales*, llevándose a cabo fundamentalmente desde la Macro-morfología, Micro-morfología y diversidad aloenzimática, contemplando especialmente el análisis taxonómico del género y de los procesos evolutivos de divergencia poblacional o especiación. Estos análisis se verán complementados también con datos de ADN (nivel 4) relativos a la filogenia molecular de *Parolinia* y parientes allegados por confrontaciones de la información bibliográfica disponible (WARWICK *et al.*, 2007; JAÉN *et al.*, 2007).

Dado que la sistemática actual ha puesto un mayor énfasis en los datos moleculares que en los morfológicos, el momento actual parece preparado para re-evaluar la morfología de las plantas y su papel en la biología moderna de plantas (KAPLAN, 2001). Los tiempos actuales de la *sistemática* se pueden caracterizar por la llamada “era molecular”. Los datos moleculares proporcionan una nueva clase de caracteres que permiten no solo la reconstrucción filogenética de taxones estrechamente relacionados, sino también a un nivel más amplio, permite hacer comparaciones de todos los organismos. Los datos moleculares están generando una revolución sin precedentes dentro de la sistemática y aunque su valor en la sistemática es indudable, sin embargo, hay peligro de que se produzca un desequilibrio en los análisis sistemáticos pudiendo provocar consecuencias y errores graves en un tiempo de extinciones biológicas (CRISCI, 2006). La sistemática es una herramienta básica en la conservación de la biodiversidad y se debe considerar como una disciplina científica rigurosamente multidimensional, global e integradora (CRISCI, 2006).

## 1.2. MORFOMETRÍAS Y SISTEMÁTICA VEGETAL

Las *morfometrías* se dirigen a la cuantificación precisa de los caracteres morfológicos. El enfoque numérico para describir la diversidad y valorar las relaciones ganó popularidad entre los sistemáticos como *Taxonomía Numérica* a principios de los 60 (SOKAL & SNEATH, 1963) orientado hacia la cuantificación ganó popularidad en los años 80 para intentar determinar las relaciones. y buscar patrones de relación en los niveles más bajos de la jerarquía taxonómica, donde el patrón de mosaico hace difícil el reconocimiento de un patrón intuitivo, si no imposible, y en el que los conceptos de holofilia son inapropiados (JENSEN *et al.*, 2002; STUESSY, 2003).

Las *morfometrías* se pueden definir como el análisis cuantitativo y cualitativo de las



formas biológicas. Durante los últimos 30-40 años, se han usado ampliamente en sistemática desde la perspectiva *tradicional* y más recientemente como *morfometrías geométricas*. Con este último enfoque los datos de talla y forma de un objeto se analizan como variables transformadas matemáticamente (*landmarks*) que se mantienen hasta el final del análisis estadístico (espacio reducido a unos pocos factores).

Desde Darwin e incluso Linneo, las *morfometrías* aun con sus limitaciones, han constituido un impulso vital para la Sistemática primero mediante las morfometrías tradicionales y análisis multivariante, y más recientemente, con la nueva perspectiva de las morfometrías geométricas con nuevos marcadores geométricos (*landmarks* y *outlines*) amplían sus aplicaciones y contribuciones a la sistemática, según algunos autores, integrando las filogenias moleculares y análisis multivariantes de la taxonomía numérica (SNEATH, 1995; JENSEN, 2003).

### 1.2.1. Morfometrías tradicionales y morfometrías geométricas

En un estudio de *Morfometría clásica*, muchos de los componentes de la morfología, incluyendo la forma y tamaño, se capturan a partir de un conjunto de variables cuantitativas como longitudes, anchos, altos y ángulos, sobre los que se aplican análisis *estadísticos multivariantes* destinados a “resumir el cambio” que se produce desde un espacio multidimensional para transformarlo en otro espacio reducido a unos *pocos parámetros* que también explican toda la variación, pero sin que sea posible generar representaciones gráficas de los cambios morfológicos después de las transformaciones estadísticas, ya que no se conservan las *relaciones geométricas entre las primitivas variables*, de manera que se pierden algunos aspectos relativos a la *forma* del objeto (ROLAN, 2008).

Por eso la principal objeción radicaría en que la abstracción matemática necesaria para la interpretación de estos nuevos parámetros implica necesariamente una pérdida de la visualización del cambio. Además de otros problemas como el *alto grado de correlación* entre las biometrías de un objeto determinado (distancias lineales) y la talla del mismo que dificultan todavía más la interpretación de los *patrones de variación* morfológica.

A finales de los años 80 comienza un nuevo enfoque en cuanto a la manera de *cuantificar las estructuras morfológicas* y el *modo de analizar los datos biométricos*. En este nuevo enfoque prima el estudio de la *geometría* de las estructuras morfológicas, que se conserva a lo largo de *todo el análisis estadístico* (ADAMS, ROHLF & SLICE, 2004). ROHLF & MARCUS (1993) llamaron a este nuevo enfoque *Morfometría geométrica* (MG) técnica que evita reducir la morfología a una serie de medidas lineales o angulares, en las que se pierde la información de las relaciones geométricas del conjunto. Esta técnica permite *estudiar los cambios morfológicos* a partir del *desplazamiento* en el *plano* o en el *espacio*, de un conjunto de *puntos* basados en coordenadas cartesianas (coordenadas morfométricas o *landmarks*) que *definen* la posición bi-dimensional de los caracteres del objeto que se está estudiando. Tras emplazar los *puntos morfométricos* (I) sobre una serie de imágenes escaladas, se realiza una *corrección* (II) según las diferencias debidas a su orientación espacial (cambios de *rotación*, *traslación* y *reflexión*). Tras corregir estos efectos de orientación espacial será posible estudiar la morfología desde una perspectiva geométrica, efectuando la *superposición* de las formas de la población (III) con la que se obtiene la *configuración de referencia* y por último se *compara* las formas de cada individuo con la configuración de referencia (IV) para obtener las variables de la forma del objeto (componentes uniformes y deformaciones locales) necesarias para la interpretación *biológica* de los componentes de la *población*.

Algunos autores piensan que incluso la solución del problema de la persistente falta de conexiones entre las dos escuelas de sistemáticos (feneticismo y cladismo) estaría quizás en que las *morfometrías geométricas* podrían conectar con los árboles evolutivos, como una vía de obtener caracteres filogenéticamente informativos (JENSEN, 2003).

No obstante, los análisis y técnicas de la *morfometría geométrica* se revelan todavía como muy complejos, estando sujetos además a una serie de limitaciones y necesidades que se deben corregir para que esta nueva técnica se revele como un análisis contundente de la realidad de las formas biológicas. Al parecer, la *morfometría geométrica* no acaba de resolver los problemas con la *tercera dimensión* y presentan dificultades, en la generación de *variables discretas* (como la *morfometría tradicional*) para que no se pierda la información necesaria en los análisis y especialmente en las relaciones filogenéticas de las especies (SNEATH, 1995; JENSEN, 2003 y 2006; ADAMS, ROHLF & SLICE, 2004; HENDERSON, 2004, 2005 y 2006).

En la actualidad, su aplicación no está generalizada dada la dificultad de integración de las nuevas variables generadas (*landmarks* y *outlines*) en un mismo proceso analítico, donde además se pueda reproducir fielmente la tercera dimensión (JENSEN, 2003 y 2006; ADAMS, ROLF & SLICE, 2004; HENDERSON, 2004, 2005 y 2006a).

Incluso en un estudio reciente de las semillas de una tribu de la familia Orchidaceae (CHEMISQUY, PREVOSTI & MORRONE, 2009) donde se combina la *morfometría tradicional* con la *geométrica*, esta última con antecedentes efectivos en los estudios morfológicos (formas) de los organismos animales (zoología), se demuestra que las *coordenadas morfométricas (landmark)* son todavía difíciles de reconocer en las estructuras vegetales, y por tanto, la *sistemática vegetal* no participa aún de la revolución morfométrica.

- En la actualidad se siguen propiciando numerosos estudios que utilizan las *morfometrías* tradicionales y *taxonomía numérica* desde diversas perspectivas. En la mayoría de los casos la combinación de estos estudios con datos moleculares, continúan resolviendo cuestiones que no son posibles desde la perspectiva únicamente molecular, o desde las monografías tradicionales y revisiones taxonómicas sin datos *morfométricos*. Tanto en la *morfometría tradicional* como *geométrica*, los principales métodos siguen siendo la *estadística multivariante*, que actualmente se considera como parte integral indispensable de la sistemática vegetal descriptiva, y preámbulo de los análisis filogenéticos combinados con datos moleculares.

Las *morfometrías*, que comprenden el estudio cuantitativo de la variación morfológica y su covariación en relación a otras variables, se reinterpretan en la actualidad con la finalidad de permitir comprender mejor las causas de la variabilidad de los fenotipos poblacionales. El análisis morfológico juega un papel importante e insustituible en muchos campos de la biología, sobre todo en los que tratan de entender los *procesos evolutivos* y de adaptación. Multitud de procesos biológicos (desarrollo ontogénico, adaptación a distintas presiones ambientales, etc.) producen diferencias morfológicas entre individuos o poblaciones, que con las mismas estructuras, pueden indicar diferencias funcionales, o diferentes respuestas a determinadas presiones selectivas, así como diferencias en los procesos de crecimiento y desarrollo.



### 1.3. MORFOMETRÍAS. ANTECEDENTES EN BRASSICACEAE

En la selección de caracteres morfológicos se han tenido en cuenta las descripciones originales de las distintas especies del género *Parolinia*, antecedentes bibliográficos tanto a nivel de género como de familia, así como una serie de observaciones propias. Las diferencias entre las especies están principalmente vinculadas a caracteres del fruto (tipo de apéndice y tamaño), longitudes de hoja y flores (BRAMWELL, 1970; BRAMWELL & BRAMWELL, 2001; MONTELONGO, BRAMWELL & FERNÁNDEZ-PALACIOS, 2003; WEBB, 1840; SVENTENIUS, 1960; BRAMWELL *et al.*, 1972; KUNKEL, 1975; PÉREZ DE PAZ, 1981; FEBLES, 1989; SANTOS, 1996; FERNÁNDEZ-PALACIOS, PÉREZ DE PAZ & FEBLES, 2005a, b). La revisión detallada de las descripciones originales permite observar las diferencias en los caracteres vegetativos y reproductivos de las siete especies del género, como se muestra en la Tabla 6. (Capítulo de Introducción).

Teniendo en cuenta que *Parolinia* es un género endémico, para la correcta evaluación de sus niveles de diversidad morfológica se consideran y evalúan los caracteres implicados en la diferenciación de los géneros más directamente relacionados *Diceratella*, *Morettia*, *Matthiola* y *Notoceras* (JONSELL, 1978, 1979; STORK & WÜEST, 1980; KHALIK *et al.*, 2002; AL-SHEBBAZ, BEILSTEIN & KELLOGG, 2006; WARWICK *et al.*, 2007).

#### 1.3.1. Caracteres diagnósticos en otros taxones de Brassicaceae

Debido a la inusual estructura floral, las Brassicaceae se reconocen como una familia natural desde hace mucho tiempo (APPEL & AL-SHEHBAZ, 2003).

- El **cáliz** de las Crucíferas presenta caracteres morfológicos útiles para la sistemática y taxonomía de la familia como la pilosidad, la cuculiformidad en el extremo superior del sépalo, la sacciformidad en la base y la mayor o menor concrecencia entre las piezas. (CLEMENTE MUÑOZ & HERNÁNDEZ BERMEJO, 1980a).

Desde el punto de vista taxonómico, la **corola** pocas veces juega un papel discriminante y cuando se utilizan sus caracteres es, por lo general, cuando los demás caracteres no son útiles (CLEMENTE MUÑOZ & HERNÁNDEZ BERMEJO, 1978). Sin embargo, existe una amplia bibliografía donde se consideran que pueden tener carácter diagnóstico. En 161 taxones de la tribu *Brassiceae* (Cruciferae) pertenecientes a 41 géneros, los caracteres que conseguían una mayor variabilidad intergenérica dentro de una mínima variación intragenérica fueron: largo limbo/largo total pétalo, largo uña/ancho uña, largo total/ancho total (CLEMENTE MUÑOZ & HERNÁNDEZ BERMEJO, 1978). En *Morettia*, STORK & WÜEST (1980) encontraron valor diagnóstico en la talla de las **flores**, observando una ligera variación geográfica en el tamaño de las flores de *M. philaeana* y *M. canescens*.

En 155 taxones de la tribu Brassiceae (Cruciferae) pertenecientes a 41 géneros, los caracteres que conseguían una mayor variabilidad intergenérica dentro de una mínima variación intragenérica fueron: ancho de sépalo lateral/ancho de sépalo medio; longitud de sépalo medio/ancho de sépalo medio; sacciformidad/longitud de sépalo lateral (CLEMENTE MUÑOZ & HERNÁNDEZ BERMEJO, 1980a). LEADLAY & HEYWOOD (1990) también observaron que los **sépalos** son un buen carácter genérico en esta misma tribu Brassiceae porque son erectos y los medios están estrechamente adheridos a los laterales formando un cáliz cerrado hasta después de la antesis.

En *Lobularia*, el tamaño de los *sépalos* está correlacionado con la talla de los *pétalos* (BORGÉN, 1987). Se detecta que *L.canariensis* es una especie muy variable en cuanto al tamaño de los **pétalos**, existiendo un rango ascendente de tallas que desde la isla de El Hierro y La Gomera, se dirige a las islas centrales de Tenerife y Gran Canaria, hasta Fuerteventura y Lanzarote, mientras que La Palma tiene un patrón similar al de Lanzarote y Fuerteventura. Los *pétalos* del género *Coincya* tienen una uña larga y filiforme que es igual o más larga que el limbo y también es un buen carácter genérico. En cambio, la forma de los *pétalos* no muestra una variación significativa y el tamaño solo es útil a nivel infra-específico y está correlacionado con los picos o prolongaciones más pequeñas del fruto (LEADLAY & HEYWOOD, 1990).

Según LEADLAY & HEYWOOD (1990), la longitud de la **silicua** depende del número de semillas desarrolladas y toda vez que *Coincya* es alógama puede ser importante comparar la talla de las silicuas. Un estudio morfométrico de 11 caracteres de los frutos en 12 poblaciones del género *Coincya* muestra también que la variabilidad intrapoblacional es alta para la mayoría de las poblaciones analizadas. El análisis de cluster conduce a la definición de cinco morfotipos distintos, donde la mayoría de las poblaciones están compuestas por los menos de dos, se interpreta como el resultado de una introgresión muy activa (GÓMEZ-CAMPO, HERRANZ-SANZ & MONTERO-RIQUELME, 2001). GÓMEZ-CAMPO (2003) propone para *Eruca versicaria*, especie polimórfica que presenta una marcada variación reticulada a lo largo de su área de distribución, como caracteres discriminantes más útiles, la persistencia del cáliz y la longitud del pedúnculo del fruto. En *Lobularia* la longitud y ancho de la *silicua*, están correlacionados pero no completamente (BORGÉN, 1987), también se observa un rango amplio de tallas en *L.canariensis*.

El estudio de las **semillas** en 144 taxones de la tribu Brassiceae (BENGOECHEA & GÓMEZ-CAMPO, 1975) muestra que la forma de las semillas, definida por las dos relaciones entre ejes (ancho/largo, espesor/largo) es un carácter discriminatorio interesante que puede resultar útil taxonómicamente. Además observaron que la presencia de ala es un carácter poco frecuente que se manifiesta principalmente en especies desérticas.

En *Lobularia*, el número y forma de las **semillas** se han usado como caracteres diagnósticos importantes, aunque BORGÉN (1987) opina que el número de semillas debe ser utilizado con precaución debido a la gran variabilidad por individuo y taxon. La variabilidad detectada puede ser debida en parte a los abortos y por tanto el número máximo de semillas por silicua, puede ser taxonómicamente más importante que el número mínimo. También observó que el tamaño y forma de las semillas está correlacionado con la presencia de ala y con el ancho de la misma.

En *Coincya* las **semillas** varían en talla, forma, estructura de la superficie y color, siendo el tamaño de la semilla bastante útil taxonómicamente para este género (LEADLAY & HEYWOOD, 1990). En *Morettia* (*M.philaeana*, *M.parviflora*, *M.canescens*, *M.revoilii*) STORK & WÜEST (1980) además del valor de las valvas y la talla de las semillas, también tiene valor la talla de las hojas.

En cuanto a los caracteres vegetativos BORGÉN (1987) observó en *Lobularia* que la forma general de las **hojas** parece ser una expresión extendida de los ratios, aunque todos los taxones con hojas anchas y con hojas estrechas tenían ratios similares. El análisis de diversidad morfológica de 90 poblaciones de las 9 especies de *Diplotaxis* de Cabo Verde (RUSTAN, 1996) reveló un patrón complejo, para los **caracteres vegetativos**, producido probablemente por una diferenciación ecogeográfica paralela en diferentes islas. En este estudio los caracteres reproductivos mostraron menos variabilidad que los caracteres



vegetativos (talla de la hoja y densidad del indumento) y no parece que sean fácilmente modificables por los factores ambientales. Por tanto se consideró que las variaciones de los caracteres reproductivos reflejan diferenciación genotípica y algún grado de plasticidad fenotípica. Los *caracteres reproductivos* tienen valor diagnósticos (talla de la silicua, número de semillas por silicua y longitud del pétalo). En este grupo la adaptación ecológica y el aislamiento geográfico parecen haber jugado un papel más importante en la evolución y su resultado son características morfológicas diferentes.

### 1.3.2. Tendencias evolutivas de la flor y fruto

ENDRESS (1992) opina que las flores juegan un papel importante en la diversificación evolutiva del orden Capparales, donde está enmarcada la familia Brassicaceae. En muchas ocasiones han ocurrido ciertos cambios evolutivos paralelos en la estructura de la flor en diferentes géneros y tribus. Las flores de las Brassicaceae son actinomorfas (disimétricas) y generalmente consisten en cuatro sépalos y cuatro pétalos libres, seis estambres tetradinamos y un ovario bicarpelar con un falso septo. Aunque esta estructura floral aparentemente es simple, quizás en ninguna otra familia de las angiospermas ha habido tanta controversia en cuanto a la interpretación de la estructura floral de las Brassicaceae. Según observa Endress la mayoría de los cambios de la *arquitectura floral* ocurren en un pequeño porcentaje de géneros. Sin embargo, estos géneros se encuentran en diferentes tribus por tanto, deben haberse producido independiente y repetidamente en la evolución de esta familia.

Además, una parte importante de la *diversidad floral* no está relacionada directamente con la estructura pero la diversificación de los órganos florales en tamaño, forma, color y olor, se revelan como caracteres que pueden estar relacionados con la *biología de la polinización*, que a este nivel, también actúan como *tendencias evolutivas* paralelas (ENDRESS, 1992). Asimismo, Endress sugiere que estos cambios se producen por cambios genéticos adquiridos fácilmente que no son profundamente radicales y que se pueden esperar en los niveles de jerarquía taxonómica inferiores.

CONNER & STERLING (1995) realizaron correlaciones entre los caracteres florales de cinco especies polinizadas por insectos, entre ellas cuatro Brassicaceae (*Raphanus raphanistrum*, *Hesperis matronalis*, *Brassica napus* y *B.nigra*). Encontraron correlaciones entre los filamentos estaminales y el tubo de la corola, que es consistente con la hipótesis de que la selección de una posición correcta de las anteras para aumentar la polinización ha aumentado la correlación entre el filamento y el tubo de la corola. Por el contrario, ninguna de las especies mostró evidencias de selección para una colocación óptima del estigma.

Aunque se ha demostrado por numerosos estudios que los caracteres morfológicos en Brassicaceae son altamente homoplásicos siendo virtualmente imposible utilizarlos para establecer relaciones filogenéticas, no parece ocurrir lo mismo con los caracteres florales. A pesar de que la *arquitectura floral* es conservativa de la familia, puede haber una enorme diversidad entre grupos relacionados e incluso dentro de géneros que además puede ser muy útil para definir linajes y averiguar relaciones, ya que hay géneros reconocidos por sus flores que son monofiléticos. No obstante los *caracteres florales* considerados menos significativos, parecen ser potencialmente importantes y sin embargo, no se les ha prestado la suficiente atención para establecer grupos monofiléticos en la familia (AL-SHEBBAZ, BEILSTEIN & KELLOGG, 2006).

Aunque la morfología del *fruto* en la familia y el tipo de *embrión* se han usado a todos los niveles taxonómicos, en tribu y género, pueden estar sujetas a convergencias y por tanto poco reales taxonómicamente (AL-SHEBBAZ, BEILSTEIN & KELLOGG, 2006). Dentro de la tribu Brassiceae y subtribu Brassicinae parece ser que existe una tendencia evolutiva paralela en caracteres del **fruto** y semillas (longitud, de la valva, talla, forma y número de semillas), donde los frutos largos, dehiscentes y con muchas semillas pequeñas no esféricas, son primitivos y los frutos cortos, más o menos indehiscentes con muy pocas semillas largas y esféricas son más avanzados (LEADLAY & HEYWOOD, 2001).

### 1.3.3. Taxonomía Numérica

Se pueden encontrar antecedentes de estudios que incluyen taxonomía numérica, con morfometrías del cáliz, corola, hoja, fruto, semillas y nectarios (CLEMENTE MUÑOZ & HERNÁNDEZ BERMEJO, 1980b y 1985; BORGAN, 1987; RUSTAN, 1996; GÓMEZ-CAMPO *et al.* 2001; KHALIK *et al.*, 2002).

Destaca un estudio sistemático en 45 taxones de 23 géneros de las tribus Arabideae, Euclidieae, Hesperideae, Lunarieae, Matthioleae y Sisymbrieae de Egipto (KHALIK *et al.*, 2002a) con técnicas numéricas basadas en 62 caracteres morfológicos (vegetativos, flor, fruto, polen y semillas). El análisis de cluster distingue una rama con *Diceratella elliptica* y varias especies de *Matthiola* (tribu Matthioleae) y un subgrupo con una mezcla de géneros entre los que se encuentra *Morettia*. El análisis de coordenadas principales (PCO) muestra la segregación de *Diceratella elliptica* junto con las especies de *Matthiola*, los principales caracteres que explican esta separación son la longitud de pétalos y de sépalos, forma del tricoma, ala de la semilla, cuernos laterales, indumento del pedúnculo del fruto y la longitud del fruto. Se revela asimismo la separación de un grupo de especies de *Morettia* junto a géneros de distintas tribus (Arabideae, Hesperideae, Sisymbrieae) que se basa principalmente en el tipo, forma y dehiscencia de fruto, número de semillas por fruto y forma del polen. Los resultados que muestran congruencia entre el UPGMA y el análisis PCO, señalan que el grupo de Matthioleae es bastante homogéneo en relación a las otras tribus (con sépalos y pétalos largos, pelos estrellados, glandulares y dendroides, frutos con cuernos laterales y semillas son aladas).

### 1.3.4. Palinología en la familia Brassicaceae

Aunque se ha pensado tradicionalmente que las Brassicaceae con polen tricolpado son exclusivamente estonopalinos (polen uniforme) se ha demostrado la existencia de varios géneros con polen 4-11 poliaperturados y antecedentes de tetradas tetraédricas, tetragonales y decusadas con microsporogénesis simultánea (LAHHAM & AL-EISAWI, 1987; WATSON & DALLWITZ, 1992; KHALIK *et al.*, 2002). Rollins & Banerjee en KHALIK *et al.*, 2002) en un estudio palinológico de 132 géneros de Brassicaceae, aunque la mayoría del polen tipo es tricolpado documentan la presencia de polen tetracolpado en *Dithyrea californica* y 5, 6, 7, 9 o 10 colpos en especies de géneros como *Physaria*, *Lesquerella*, *Dimorphocarpa* y *Nerisyrenia*. Este grupo con polen "policolpado" se demostró posteriormente que formaba un clado denominado Policolpado: *Pisaria*, *Dithyrea*, *Dimorphocarpa*, *Lyrocarpa*, *Nerisyrenia*, *Synthlipsis* y *Lesquerella* (O'KANE & SHEBBAZ, 2003).



Sin embargo, se necesita un estudio palinológico de la familia más extenso para determinar la utilidad en los estudios taxonómicos y filogenéticos. De hecho, los datos palinológicos han demostrado ser útiles en la separación de géneros estrechamente relacionados (PLA DALMAU, 1957; ERDTMAN, 1971; JONSELL, 1978; PÉREZ DE PAZ, 1981, 1983; PARDO, 1983; DÍEZ, 1986; LAHHAM & AL-EISAWI, 1987; KHALIK *et al.* 2002; O'KANE & ALSHEHBAZ, 2003; AL-SHEHBAZ, BEILSTEIN & KELLOGG, 2006). LAHHAM & AL-EISAWI (1987) observaron que los granos de polen de 87 especies de Brassicáceas son generalmente tricolpados, sin embargo algunos de ellos son débilmente aperturados (*Myagrurn perfoliatum*, *Erysimum crassipes*, *Maresia pygmaea* y *Farsetia aegyptiaca*) o presentan señales insignificantes de una apertura (*Cardamine hirsuta* y *Ricotia lunaria*.) Los granos de polen de algunas especies de *Matthiola* y *Anastatica hierochuntica* son inaperturados y en *Cardaria draba*, *Chorispora purpurascens* y *Capsella bursa-pastoris*, aparecen en la misma preparación granos tri y tetracolpado.

Los antecedentes palinológicos de *Parolinia* (PÉREZ DE PAZ, 1981) presentan el tipo polínico 3-colpado isopolar longiaxo finamente reticulado de lúminas más finas en los colpos y polos, muy similar al de sus parientes continentales más cercanos *Diceratella* y *Morettia*, y muy diferente de *Matthiola* con retículos muchos más amplios, colpos más cortos y a veces inaperturados (ERDTMAN, 1971; KHALIK *et al.* 2002; PÉREZ DE PAZ, *et al.*, en prensa).

El hallazgo reciente de una *serie polínica polimórfica* a niveles intraflorales, junto con el tipo polínico normal *tricolpado* en las poblaciones y especies del género (PÉREZ DE PAZ & FERNÁNDEZ-PALACIOS, 2008; PÉREZ DE PAZ *et al.*, 2009, en prensa) plantea la necesidad de conocer la relación de los tipos polínicos con el proceso de microsporogénesis y tetradas asociadas, fijando como objetivo principal de este trabajo, reconocer las posibles homologías o transformación de los caracteres polínicos implicados así como el significado biológico y filogenético de estos polimorfismos en un contexto sistemático.

### 1.3.5. Cromosomas y nivel de ploidía en Brassicaceae

Tanto la poliploidía como la aneuploidía han jugado un papel importante en la evolución de la familia Brassicaceae. En la recopilación de 232 géneros (68.6% de los géneros de la familia) y 1558 especies (42.0% de las especies de la familia), cerca de un 37% de las especies revisadas es poliploide y un 10% de los géneros parece ser exclusivamente poliploide (definida la poliploidía a partir de  $n \geq 14$ ). La poliploidía intra-específica (presumiblemente auto-poliploidía) está documentada en muchas especies (*Erucastrum*, *Coinceya*, *Vella*, etc.) y podría haber jugado un papel importante en la evolución de especies complejas. La aneuploidía intra-específica (como por ejemplo en *Cardamine pratensis* y *Draba verna*) obviamente es más frecuente en series poliploides altas y no debería tener importancia taxonómica. La aloploidía también es un modo especiación por hibridación común en las Brassicaceae y se reconoce en *Brassica carinata*, *B. juncea*, *B. napus.*, *B. balerica*, *Diploaxis muralis*, y *Erucastrum gallicum*. (WARWICK & AL-SHEHBAZ, 2006 y WARWICK, FRANCIS & AL-SHEHBAZ, 2006).

Algunos autores creyeron, en el pasado, que la aneuploidía y la disminución en el tamaño de los cromosomas, más que la poliploidía, jugaron un papel importante en la evolución de la familia, pero estudios recientes han confirmado una poliploidía ancestral (paleopoliploidía) en la familia (por lo menos en la tribu Brassiceae), sugiriendo que los números más altos de cromosomas pueden representar el estado más primitivo y los números más bajos han resultado de probables fusiones de los cromosomas. La

diversificación numérica y estructural de los cromosomas se ha desarrollado independientemente en varias líneas (SOLTIS, SOLTIS & TATE, 2003; WARWICK & ALSHEHBAZ, 2006). MARHOLD & LIHOVÁ (2006) afirman que tanto la poliploidización como la hibridación son las fuerzas evolutivas más importantes en la familia. También prestan atención a fenómenos como la evolución reticulada que resulta de la especiación alopoliploide y homoploide.

El renacimiento de la citogenética de forma comparativa con estudios de genomas están reforzando la *biología evolutiva* como ilustra una revisión de Peter Raven donde integra citogenética y filogenia con áreas claves de investigación (PIRES & HERTWECK, 2008): 1ª Evolución de los cromosomas durante el origen de las angiospermas donde el análisis del número de cromosomas en angiospermas basales inspirado en comparaciones genómicas modernas ha revelado sucesos de paleopoliploidía, que parecen haber ocurrido en el pasado durante la diversificación de las angiospermas. 2ª Evolución cromosómica en varios géneros de Onagraceae según una filogenia actual de la familia donde se determinan cariotipos ancestrales en las Onagraceae utilizando técnicas exitosas en los análisis del genoma de Poaceae y Brassicaceae. La fusión de la sistemática y citogenética está abriendo nuevas áreas de investigación (filogenómica) que permite la reconstrucción del genoma ancestral e incorporación a los caracteres genómicos en los análisis filogenéticos y nuevas teorías sobre la evolución a escala genómica.

*Parolinia* se considera un género presumiblemente diploide con  $2n=22$  como sus parientes continentales. Actualmente se conoce el número de cromosomas de cuatro especies *P.schizogynoides*, *P.ornata*, *P.intermedia* y *P.filifolia*, pero en ningún caso se describen sus cariotipos (BORGEN, 1969; BRAMWELL *et al.*, 1972a; FEBLES, 1989).

## 2. OBJETIVOS

---

La finalidad de este capítulo es detectar los niveles de biodiversidad *morfológico-reproductiva* en las especies de *Parolinia*, que desde una perspectiva globalizadora, trata de caracterizar *imágenes macro y micro-morfológicas* incluyendo aspectos funcionales de *biología reproductiva* a través del análisis exhaustivo de caracteres vegetativos y reproductivos (flores, frutos, semillas), con análisis palinológico y citogenético tratando de alcanzar los siguientes objetivos:

- 1) Conocer la diversidad morfológica intra e interpoblacional con análisis y correlación de caracteres y relaciones entre las poblaciones y especies.
- 2) Revisar la adscripción taxonómica de las poblaciones naturales de *Parolinia*.
- 3) Evaluar la influencia de los niveles de biodiversidad observados en las poblaciones naturales relacionados a los procesos de diversificación y microevolución.
- 4) Caracterización de la biodiversidad identificando *marcadores morfológico-reproductivos* del género y su incidencia en la *eficacia reproductiva* poblacional.
- 5) Identificar los posibles *fallos reproductivos* y agentes de erosión como factores potencialmente peligrosos para la supervivencia de las poblaciones naturales, proporcionando así los fundamentos biológicos específicos soporte indispensable y adecuado de los planes de recuperación de las especies amenazadas.





## CAPÍTULO IV



## Material y Métodos

### 3. MATERIAL Y MÉTODOS

#### 3.1. MATERIAL RECOLECTADO

Para todos los tipos de análisis y grupos de caracteres, siempre que fue posible, se muestrearon los mismos individuos, tanto naturales como cultivados en el Jardín Botánico Canario “Viera y Clavijo” (JBCVC). El material recolectado de hojas, yemas, flores, frutos y semillas queda reflejado en la Tabla 4.1 de muestreo.

| TAXON                          | POB  | CARACTERES VEGETATIVOS |        |       | CARACTERES REPRODUCTIVOS |       |                                 |       |      |
|--------------------------------|------|------------------------|--------|-------|--------------------------|-------|---------------------------------|-------|------|
|                                |      | Talla                  | Hojas  |       | Flores                   |       | Infrutescencias-Frutos-semillas |       |      |
|                                |      | NºInd                  | NºInds | NºHoj | NºInds                   | NºFIs | NºInds/NºInfr                   | NºFrs | NºSs |
| <i>P. glabriuscula</i><br>PG   | PGB  | 45                     | —      | —     | 20                       | 100   | 35                              | 50    | 118  |
|                                | PGBJ | 11                     | 20     | 100   | 10                       | 45    | —                               | —     | —    |
| <i>P. filifolia</i><br>PF      | PFS  | 7                      | 20     | 100   | 10                       | 50    | 35                              | 50    | 120  |
|                                | PFSJ | 3                      | —      | —     | 3                        | 15    | —                               | —     | —    |
|                                | PFA  | 11                     | —      | —     | 20                       | 100   | 35                              | 62    | 109  |
|                                | PFAJ | 15                     | 19     | 95    | 4                        | 16    | —                               | —     | —    |
|                                | PFT  | 17                     | —      | —     | 23                       | 115   | 35                              | 50    | 115  |
|                                | PFTJ | 14                     | 20     | 100   | 9                        | 45    | —                               | —     | —    |
| POA                            | POA  | 29                     | —      | —     | 21                       | 103   | 35                              | 65    | 120  |
|                                | POAJ | 15                     | 20     | 100   | 7                        | 33    | —                               | —     | —    |
| POVE                           | POVE | 20                     | 19     | 95    | 9                        | 45    | 35                              | 65    | 114  |
| <i>P. ornata</i><br>PO         | POS  | 36                     | —      | —     | 40                       | 177   | 35                              | 50    | 120  |
|                                | POSJ | 9                      | 20     | 100   | 5                        | 20    | —                               | —     | —    |
|                                | POV  | 20                     | —      | —     | 22                       | 106   | 35                              | 50    | 120  |
|                                | POVJ | 9                      | 20     | 100   | 4                        | 20    | —                               | —     | —    |
|                                | POM  | 37                     | —      | —     | 22                       | 108   | 35                              | 50    | 112  |
|                                | POMJ | 8                      | 20     | 100   | 6                        | 30    | —                               | —     | —    |
| PFCH                           | PFCH | 9                      | 17     | 90    | 10                       | 50    | 35                              | 79    | 77   |
| <i>P. platypetala</i><br>PP    | PPG  | 17                     | —      | —     | 37                       | 185   | 35                              | 65    | 116  |
|                                | PPGJ | 31                     | 20     | 100   | 11                       | 40    | —                               | —     | —    |
| <i>P. intermedia</i><br>PI     | PIT  | —                      | —      | —     | —                        | —     | 35                              | 50    | 117  |
|                                | PITJ | 15                     | 20     | 100   | 10                       | 41    | —                               | —     | —    |
|                                | PIG  | 16                     | 20     | 100   | 13                       | 65    | 35                              | 50    | 119  |
|                                | PIA  | —                      | —      | —     | —                        | —     | 35                              | 50    | 119  |
| <i>P. schizogynoides</i><br>PS | PIAJ | 19                     | 20     | 100   | 11                       | 44    | —                               | —     | —    |
|                                | PSA  | —                      | —      | —     | —                        | —     | 35                              | 50    | 124  |
| <i>P. aridanae</i><br>PA       | PSAJ | 10                     | 20     | 100   | 10                       | 44    | —                               | —     | —    |
|                                | PAC  | —                      | —      | —     | —                        | —     | 35                              | 50    | 141  |
| PACJ                           | 16   | 20                     | 100    | 14    | 52                       | —     | —                               | —     |      |

**Tabla 4.1.- Muestreo de morfometrías en las poblaciones naturales y cultivadas (JBCVC). Caracteres vegetativos y reproductivos.** Número de individuos (NºInds), hojas (NºHoj), flores (NºFIs), infrutescencias (NºInfr), frutos (NºFrs) y semillas (NºSs) por población.

##### 3.1.1. Diseño y configuración de los muestreos

Antes de iniciar los muestreos en cada población natural, se llevan a cabo prospecciones para determinar el número aproximado de individuos y la distribución de los mismos, permitiendo realizar en cada caso un diseño de muestreo no destructivo adecuado y establecer el calendario de inspecciones periódicas.

Los muestreos o recolecciones de material para los análisis de variabilidad morfológica, corresponden a 16 poblaciones naturales de todos los taxones conocidos del género *Parolinia* de las cuales, 11 pertenecen a los taxones de Gran Canaria y cinco a los tres taxones de las otras islas (Tenerife, La Palma y La Gomera).

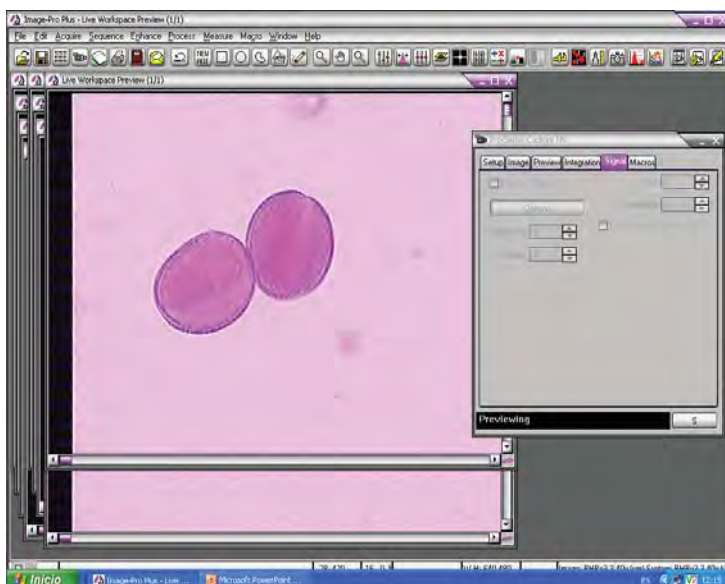
### 3.2. ALMACENAMIENTO DE MATERIAL, TRATAMIENTOS Y TÉCNICAS DE PRE-OBSERVACIÓN Y PRE-SELECCIÓN DE CARACTERES

Los caracteres o variables del conjunto de taxones de *Parolinia* incluyen aspectos tanto macro-morfológicos como micro-morfológicos con variables vegetativas pero fundamentalmente referidos a grupos de variables reproductivas.

Al tratarse de un género endémico se consideran y evalúan los caracteres implicados en la diferenciación de los géneros más directamente relacionados con *Parolinia* (tribu *Matthioleae* según modelo de Schulz) *Diceratella*, *Morettia*, *Matthiola* y *Notoceras*.

En esta primera preselección de caracteres se han tenido en cuenta además las descripciones originales de las distintas especies del género *Parolinia* (Tabla 6 del Capítulo de Introducción) y otros antecedentes bibliográficos tanto a nivel de género como de familia, así como una serie de observaciones propias (WEBB, 1840; SVENTENIUS, 1960; BRAMWELL, 1970; BRAMWELL *et al.*, 1972; KUNKEL, 1975; PÉREZ DE PAZ, 1981; FEBLES, 1989; SANTOS, 1996; MONTELONGO, BRAMWELL & FERNÁNDEZ-PALACIOS 2003; FERNÁNDEZ-PALACIOS, PÉREZ DE PAZ & FEBLES, 2005a, b). Los caracteres vegetativos y reproductivos pre-seleccionados para el estudio de las especies se detallan en los siguientes apartados.

Para la denominación de los diferentes grupos de caracteres, flor frutos y semillas, se ha tenido en cuenta la nomenclatura de la familia Brassicaceae y de la tribu *Matthioleae*.



Para la obtención de datos de los distintos grupos de caracteres o variables (macro y micro-morfológicos) han sido necesarias diferentes técnicas de pre-observación, para la posterior captura de imágenes (PEREZ DE PAZ *et al.*, 2007a).

La *captura de imágenes*, desde todos los niveles de observación de caracteres tanto vegetativos (talla, porte de los individuos y hojas) como reproductivos (flores, frutos y semillas) tiene lugar: i)

*in situ* en la población natural o vivero, ii) directamente mediante escaneado (EPSON 9600) de material sobre fichas de papel milimetrado, iii) indirectamente a partir de la observación en lupas o estéreomicroscopios provistos de cámaras digitales y, iv) a partir de la observación de las preparaciones específicas en microscopios ópticos (MO) o en microscopios electrónicos de barrido (MEB) provistos de dispositivos o cámaras de video acoplados a los mismos.



Con el sistema para análisis de imagen, Image-Pro-Plus IPP 5.0, además de la captura se llevan a cabo las biometrías de los distintos grupos de caracteres. Con este sistema se pueden analizar imágenes vivas en pantalla que pueden ser almacenadas o no, según convenga.

### 3.2.1. Caracteres vegetativos

#### 3.2.1.1. Talla máxima de los individuos.

Se parte del material *in situ* y se realiza según la toma directa de datos en cada población natural y/o cultivada, eligiendo los individuos adultos más antiguos o de mayor talla en la población (entre 9 y 56 individuos por población, Tabla 4.1), para evitar las distorsiones producidas por las tallas de individuos jóvenes en distinto estadio del ciclo vital.



**Figura 4.1.- Talla y porte de los individuos.** *P.ornata*, POS (a); *P.schizogynoides* (b); *P.intermedia*, PIT (c); *P.platyepetala* (d); *P.filiifolia*, PFS (e); *P.glabriuscula* (f) y *P.aridanae* (g).

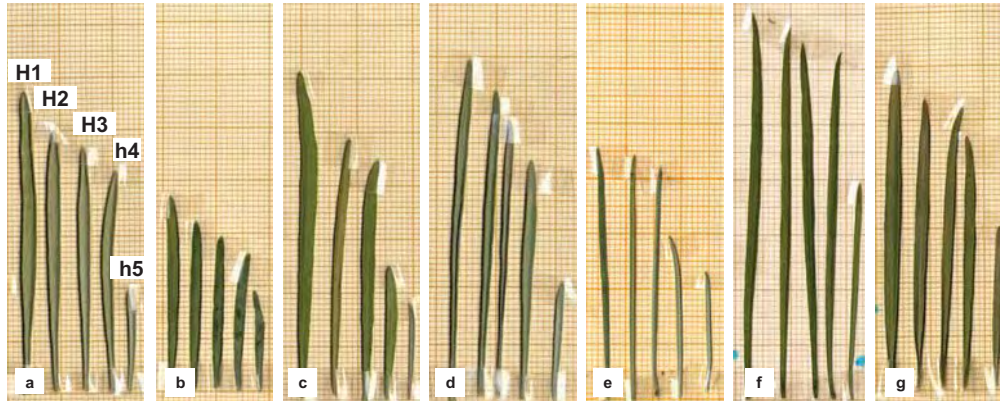
Se realizan tomas de la altura de los individuos y dos diámetros, obteniéndose imágenes testigo con cámara digital, en las que se aprecian además características de porte y detalles del tronco (Fig.4.1).

#### 3.2.1.2. Hojas.

Para este grupo de caracteres se recolectan cinco hojas en cada uno de los 20 individuos muestreados por población generalmente a partir del material cultivado en el JBCVC, a excepción de PFS, PFCH y POVE de Gran Canaria así como PIG de Tenerife por no estar representadas en el Jardín (Tabla 4.1).

Las cinco hojas recolectadas representan, una a las de mayor longitud, tres a las de longitud intermedia y la quinta a las de menor longitud, con el fin de identificar las distorsiones introducidas por hojas jóvenes en distinta fase de crecimiento.

Las *hojas* recolectadas se colocan sobre papel milimetrado y se escanean en fresco con un EPSON GT-9600 a una resolución de 300 ppp (Fig. 4.2).



**Figura 4.2.- Muestreo y almacenamiento de hojas.** Hojas representando la heterogeneidad de tallas en *P.ornata*, POS (a); *P.schizogynoides* (b); *P.intermedia* (PIT) (c); *P.platyepetala* (d); *P.filifolia*, PFS (e); *P.glabriuscula* (f) y *P.aridanae* (g).

### 3.2.2. Caracteres reproductivos. Inflorescencia y flor

Los muestreos o recolecciones en los individuos de las poblaciones naturales de todos los taxones del género, corresponden a grupos de caracteres reproductivos referidos a las flores (con los elementos de todos sus verticilos florales), infrutescencias, frutos o silicuas y semillas.

#### 3.2.2.1. Inflorescencia

El muestreo de las inflorescencias se destina al estudio de la estructura, desarrollo y oferta floral de la misma en el apartado de *Fenología floral* del Capítulo I, donde se muestrean una media de 60 inflorescencias en las poblaciones naturales y 16 en los individuos cultivados del JBCVC.

Debido al desarrollo discontinuo de la inflorescencia que representa distintos intervalos florales íntimamente ligados a los periodos de lluvias, en este apartado se han obviado los muestreos de inflorescencias destinadas a su evaluación biométrica, toda vez que presentan una pequeñísima porción apical en flor y el resto está formada por frutos y/o replos de periodos de floración anterior (ver figura del texto), eliminando así los ruidos derivados de la dependencia de variables ambientales o climáticas.

Se ha observado que la aparente unidad de infrutescencia o racimo en un año determinado puede representar distintos intervalos florales del mismo o distinto periodo de floración.



#### 3.2.2.2. La Flor

El material de las 16 poblaciones estudiadas procede tanto de las poblaciones naturales como de las cultivadas en el JBCVC.

Los muestreos de flores se llevan a cabo a lo largo de los distintos periodos de floración aunque principalmente concentrados en los dos picos de floración en los que se recolectan

flores en distintas fases de desarrollo (botones florales, jóvenes, maduras y marchitas o pasadas).

En cada población se realiza un muestreo en número variable de individuos que oscila entre 9 y 48 (total 351 individuos, Tabla 4.1).

Posteriormente las flores se guardan en botes de plástico y se almacenan en un ultracongelador a  $-80^{\circ}\text{C}$  hasta el momento de su preparación con el fin de conservar también los colores.

Para el estudio biométrico se seleccionan cinco flores maduras por individuo evitando verticilos inmaduros principalmente del androceo y gineceo (total 1649 flores, entre 41-225 por población, Tabla 4.1). El resto del material no seleccionado se fija en FAA (formaldehído, ácido acético glacial y etanol al 70%, en proporción 8:1:1) durante 72 horas y posteriormente se conserva y almacena en etanol 70% a  $T^{\circ}$  ambiente (DAFNI, 1992; PEREZ DE PAZ *et al.*, 2007a). En primer lugar las flores se observan en un estereomicroscopio Olympus SZ-CTV y Olympus SZ61 con luz fría y se fotografían con una cámara digital Olympus DP10 acoplada al mismo, en posición de perfil y frontal a unos aumentos de 0.67x, 1.5x y 2x (Fig.4.3). A continuación, cada flor madura se disecciona y se monta sobre papel milimetrado (Fig.4.4) comenzando por los verticilos más externos (cáliz, corola, androceo y gineceo).

En el *cáliz* se separan los *sépalos laterales* o externos en primer lugar y seguidamente los *sépalos medios* o *internos*.

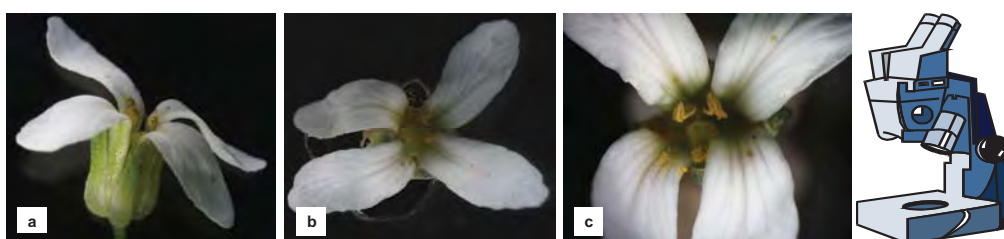


Figura 4.3.- Captación de imágenes de lupa. Flor de perfil (a), de frente (b), detalle del orificio floral(c).

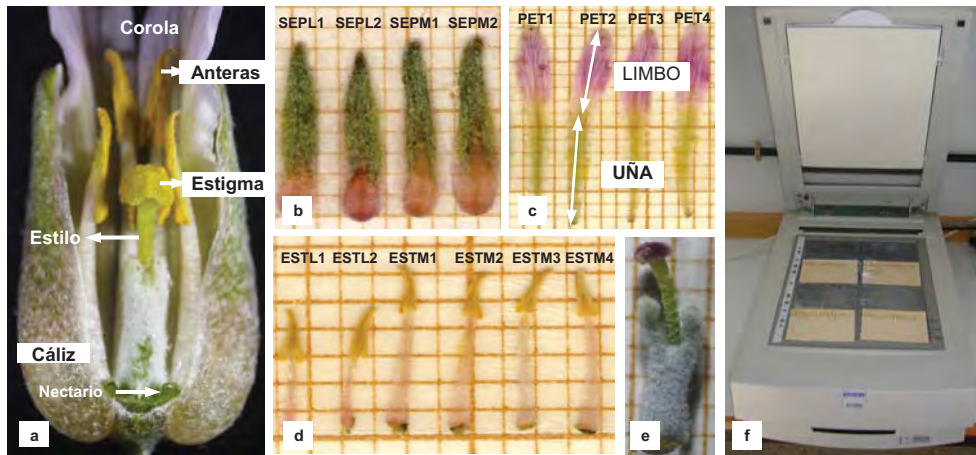
En la *corola*, la disección de los cuatro *pétalos* se realiza de forma indistinta ya que son indistinguibles debido a su simetría floral. Se diferencia el limbo (porción libre y coloreada) de la uña (porción no coloreada incluida en los sépalos).

En el *androceo*, se procede primero a la separación de los dos estambres laterales o externos y por último a los cuatro medios o internos, dejando el *gineceo* libre.

Los distintos verticilos florales se colocan sobre fichas de papel milimetrado con cinta adhesiva de doble cara, en el mismo orden que se diseccionan, procurando extenderlos tanto como sea posible para facilitar su evaluación biométrica (Fig.4.4).



A continuación las flores ya diseccionadas en papel milimetrado se escanean inmediatamente, todavía en fresco, con el objetivo de disponer de imágenes con un testigo del color para el análisis de posibles variables cualitativas. El escaneo tiene lugar a una resolución de 720 ppp (EPSON GT-9600).



**Figura 4.4.- Captación de imágenes de escáner. Flor diseccionada.** Verticilos de la flor (a). Ficha en papel milimetrado: SEPL=sépalos laterales y SEPM=sépalos medios (b); PET=pétalos diferenciados en uña y limbo (c); ESTL=estambres laterales y ESTM=estambres medios (d); gineceo (e). Escáner con fichas (f).

Todas las observaciones y medidas se realizan en las flores maduras diseccionadas, a excepción de los diámetros florales, orificio central y ángulo entre los sépalos laterales y medios, que se toman en flores fotografiadas en posición frontal y de perfil respectivamente (Fig.4.3).

### 3.2.3. Caracteres microscópicos del androceo y gineceo. Papilas estigmáticas y Polen

Para las observaciones y captación de imágenes teñidas para microscopía óptica (MO) se utilizan los microscopios Olympus BHA y BHB con cámara de video acoplada (JVC TK-C1381 o SONY SSC-DC58AP) y el Microscopio Zeiss Universal tanto con cámaras de video como con cámara digital (Olympus DP10) acopladas al mismo.



Para las observaciones y captación de imágenes en Microscopía Electrónica de Barrido (MEB) se utiliza un JEOL JSM-T220A acoplado a una cámara de fotos Mamiya 6x6 y conectado al ordenador a través de un cable TV. Más recientemente

se realizan observaciones en un JEOL JSM-6380LV que capta y almacena las imágenes directamente en el ordenador.

### 3.2.3.1. Papilas estigmáticas

La preparación y caracterización de las papilas para su estudio biométrico se realiza a partir de tres a 7 individuos (una flor por individuo) según poblaciones (Tabla 4.2).

En todo momento el material elegido se corresponde con gineceos de flores maduras en fase tardía de desarrollo (femenina) previamente fijadas en FAA y conservadas en etanol 70% a temperatura ambiente.

Las papilas se tiñen con una solución hidro-alcohólica-glicerizada de fucsina básica según protocolos de PLA DALMAU (1957), DAFNI (1992) y puesta a punto en PÉREZ DE PAZ *et al.* (2007a) para lo cual se parte de una solución stock (solución A) de 1 litro (800 ml de glicerina, 150 ml de H<sub>2</sub>O destilada, 50 ml de alcohol 90° y 0.5 grs de fucsina básica).

En 50 ml de la solución A se añaden 100 ó 200 ml de glicerina (solución B) diluyéndola dos o tres veces según el tipo de muestras.

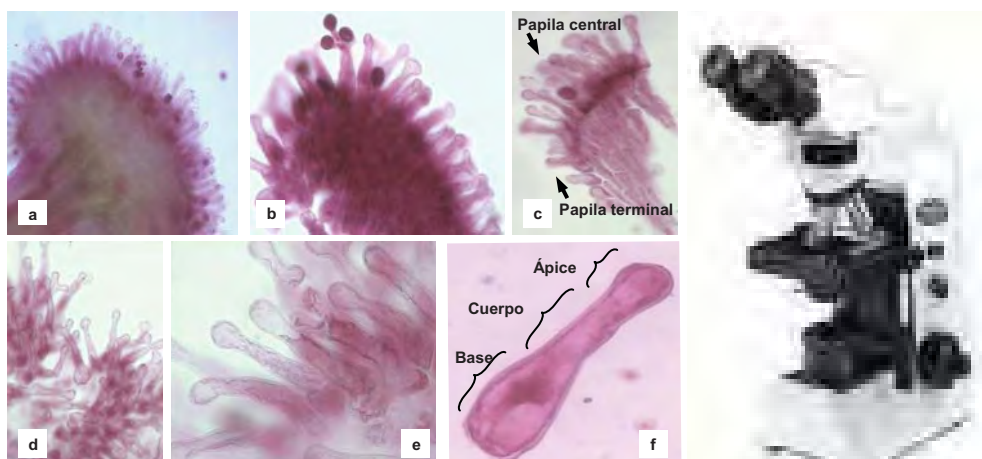
| TAXON                          | POB  | Papilas |       | Recursos androceo/gineceo | Palinología | Citogenética |                        |               |       |            |       |
|--------------------------------|------|---------|-------|---------------------------|-------------|--------------|------------------------|---------------|-------|------------|-------|
|                                |      | NºInds  | NºPap |                           |             | NºInds       | Pob.gral.<br>Nº ≈ inds | Nº Cromosomas |       | Cariotipos |       |
|                                |      |         |       |                           |             |              |                        | NºInds        | NºMet | NºInds     | NºCar |
| <i>P. glabriuscula</i><br>PG   | PGB  | 7       | 30    | 6                         | ~ 60        | 7            | 41                     | 3             | 9     |            |       |
| <i>P. filifolia</i><br>PF      | PFS  | 3       | 30    | 4                         | ~ 50        | 7            | 30                     | 3             | 7     |            |       |
|                                | PFA  | 4       | 27    | 4                         | ~ 65        | —            | —                      | —             | —     |            |       |
|                                | PFT  | 3       | 28    | 4                         | ~ 20        | —            | —                      | —             | —     |            |       |
| POA                            | POA  | 4       | 29    | 4                         | ~ 80        | 5            | 25                     | 3             | 9     |            |       |
| POVE                           | POVE | 3       | 28    | 3                         | ~ 50        | —            | —                      | —             | —     |            |       |
| <i>P. ornata</i> PO            | POS  | 4       | 28    | 6                         | ~ 75        | 5            | 15                     | 4             | 7     |            |       |
|                                | POV  | 3       | 27    | 4                         | ~ 70        | —            | —                      | —             | —     |            |       |
|                                | POM  | 3       | 29    | 4                         | ~ 70        | —            | —                      | —             | —     |            |       |
| PFCH                           | PFCH | 3       | 28    | 3                         | ~ 50        | —            | —                      | —             | —     |            |       |
| <i>P. platypetala</i><br>PP    | PPG  | 4       | 30    | 6                         | ~ 100       | 8            | 31                     | 3             | 6     |            |       |
| <i>P. intermedia</i><br>PI     | PIT  | 3       | 28    | 3                         | ~30         | —            | —                      | —             | —     |            |       |
|                                | PIG  | 3       | 29    | 3                         | ~ 50        | —            | —                      | —             | —     |            |       |
|                                | PIA  | 3       | 30    | 3                         | ~ 25        | 6            | 20                     | 5             | 8     |            |       |
| <i>P. schizogynoides</i><br>PS | PSA  | 3       | 28    | 3                         | ~ 24        | 4            | 26                     | 4             | 7     |            |       |
| <i>P. aridanae</i><br>PA       | PAC  | 5       | 28    | 3                         | ~ 32        | 5            | 42                     | 3             | 7     |            |       |

**Tabla 4.2.- Muestreo de morfometrías. Caracteres microscópicos.** POB=población; Papilas: NºInds=nº de individuos y NºPap=nº de papilas. Recursos androceo/gineceo: nº de individuos analizados. Palinología: población general número aproximado de individuos de la muestra. Citogenética: NºMet=Nº de metafases observadas y NºCar= nº de cariotipos analizados por taxon.

Una vez diseccionadas las flores bajo la lupa, se aíslan los gineceos y se les retiran los tricomas con un bisturí. A continuación se sumergen en una solución de NaOH 4M y se introducen en una estufa previamente calentada a 60°C, manteniéndose entre 5-8 minutos según especies.

Posteriormente se sacan los pistilos de la estufa, se lavan tres veces con agua destilada para retirar la sosa, se recogen con un pincel, se secan suavemente y se colocan sobre un papel de filtro.

Seguidamente se traspasan a un vidrio de reloj donde se tiñen con la solución B de fucsina básica durante 15-30 minutos, se retira el pedúnculo floral y se colocan en un portaobjetos. Después se añaden unas gotas de fucsina básica (50%) y se coloca suavemente el cubreobjetos.



**Figura 4.5.-** Captación de imágenes al MO del estigma y papilas estigmáticas. Estigma (a); papilas estigmáticas (b); papilas centrales y terminales (c); papilas independientes (d, e); papila diferenciada en ápice, cuerpo y base (f).

La observación y toma de datos de los caracteres se lleva a cabo con el MO donde se captan imágenes del gineceo completo a distintos aumentos (2.5x, 4x y 10x), del estigma con las papilas todavía formando parte del mismo (10x) y de las papilas independientes (20x y 40x) para lo cual se realiza un *squash* con el objeto de separarlas (Fig.4.5).

En la caracterización de las *papilas estigmáticas* se tienen en cuenta los dos tipos de papilas observados, unas centrales, largas y abundantes y otras terminales, cortas y ocasionales (Fig.4.5c). Para evitar distorsiones de los datos, en las evaluaciones biométricas se tienen en cuenta exclusivamente las papilas centrales de mayor longitud. Se considera la longitud total de las papilas en micras ( $\mu\text{m}$ ), así como variables cualitativas de forma teniendo en cuenta el ápice o cápita de las mismas (Fig.4.5f).

### 3.2.3.2. Recursos del androceo y gineceo

Para las biometrías de las anteras indehiscentes se utilizan 3-6 flores jóvenes (Tabla 4.2), las mismas en las que se evalúan los recursos del androceo o número de granos por flor en el Capítulo II (apartado 3.1.1.1).

El recuento del número de óvulos por flor se corresponde con el evaluado en los recursos de gineceo en el Capítulo II. Los gineceos estudiados, coinciden con los utilizados en los estudios biométricos de las papilas estigmáticas.

### 3.2.3.3. Polen y palinología

Las muestras de material polínico, generalmente de flores de varios individuos de las poblaciones (naturales y cultivadas) se almacenan en sobres de celulosa a temperatura ambiente evitando problemas de humedad (Tabla 4.2).

#### 3.2.3.3.1. Micromorfología del polen con tratamiento acetolítico o acetolisis.

En una primera prospección los granos de polen se observan al natural con diversos tipos de tinciones y colorantes en el MO. El material de polen procedente de anteras o flores se deposita en un portaobjeto al que se le añade una gota de solución hidro-alcohólico-



glicerina de fucsina básica. Con una aguja enmangada se esparcen los granos antes de depositar el cubreobjetos para formar la lámina delgada de porta y cubre.

Para la observación de las tetradas y microsporas se utilizan yemas florales fijadas 72 horas en FAA, almacenadas en alcohol 70%, teñidas con fucsina básica y observadas al MO (PÉREZ DE PAZ *et al.*, 2007a).

La técnica estrella de pre-observación obligada universalmente para la observación específica de los granos de polen es el *método acetolítico* de ERDTMAN (1969), ligeramente modificado por HIDEUX (1972), tanto para las observaciones al MO como para



el MEB (PÉREZ DE PAZ, 1993, 1995 y 1998) incorporando el sistema de análisis de imagen Image-Pro-Plus (IPP 5.0) para la captación de imágenes.

La acetolisis permite, no sólo la observación estandarizada y universal de los granos en cuanto a su grado de imbibición, sino que también los hace comparables con las observaciones de los estudios fósiles y paleontológicos haciendo

uso tanto de la Microscopía Óptica (MO) como de la Electrónica de Barrido (MEB) y de Transmisión (TEM).

La acetolisis tiene como finalidad destruir el contenido celular y la intina de los granos de polen conservando las características de la exina prácticamente inalteradas. Mediante esta técnica, los caracteres de la exina resultan más perceptibles, al destruirse tanto la intina como los restos celulósicos del muestreo.

Al comienzo de la técnica, el material polínifero (corolas, botones o anteras) se debe suspender en ácido acético glacial por un tiempo variable según los taxones (máximo 24 horas) para no producir alteraciones en la talla de los granos (PEREZ DE PAZ *et al.*, 2007a). A continuación se centrifuga durante unos 20 minutos a unas 5-12 mil revoluciones por minuto y se decanta.

A cada tubo con sedimento polínico se le añade la mezcla acetolítica (anhidro acético: ácido sulfúrico concentrado, 9:1) y se calientan al baño de María hasta que alcanza la temperatura de ebullición, agitando los tubos con una varilla de vidrio durante unos 7 minutos (variable según táxones). Se dejan enfriar, se centrifuga y decanta.

Posteriormente se añade ácido acético puro, dejándolos 24 horas, al cabo de las cuales se vuelve a centrifugar, decantar y se vuelve a añadir ácido acético puro durante 72 horas. De nuevo se centrifuga, se decanta y se lava con alcohol absoluto para disolver los cristales de ácido acético restantes.

A partir de aquí, después de centrifugar y decantar, el material polínico seguirá diferentes procedimientos según se destine al análisis en el MO, MEB o TEM.

- Para la obtención de las preparaciones palinológicas para análisis al MO, una vez centrifugado y decantado, el *sedimento polínico* se aclara dos veces con agua destilada y

después de volver a centrifugar y decantar, se añade una mezcla de agua y glicerina a partes iguales y se deja 20 minutos, agitando de vez en cuando con una varilla de vidrio.

Después de centrifugar y decantar, se mantienen los tubos boca abajo (1-24 horas) sobre un papel de filtro. Posteriormente, se procede al montaje de los granos en glicerogelatina, se coloca el cubreobjetos quedando archivada en el laboratorio de Palinología del JBCVC.

El tiempo transcurrido entre el montaje y el examen métrico de las preparaciones al MO, debe ser aproximadamente el mismo para todas las muestras. De esta manera se evitan errores de medida debidos al posible aumento de talla en los granos con el transcurso del tiempo. Estos cambios de talla se deben generalmente a presiones entre el cubre y el porta en un medio sólido como la glicerogelatina (REITSMA, 1969; PRAGLOWSKI, 1970; HIDEUX, 1977 y observaciones de Julia Pérez de Paz).



La captura de imagen así como las medidas de los granos se realizan en un MO Olympus BHB con un ocular micrométrico Reichert PK 12.5x con objetivo de inmersión 100x y/o mediante una cámara de video acoplada al mismo utilizando el sistema de análisis de imagen IPP 5.0.

La observación palinológica en los Microscopios Electrónicos de Barrido (MEB) se realiza sobre granos de polen sin acetolizar, acetolizados enteros y partidos (para observar la estructura de la exina).

Partiendo del material polínifero acetolizado obtenido anteriormente, se añaden 2 ó 3 gotas de alcohol absoluto al sedimento polínico y con una pipeta Pasteur se deposita la *suspensión polinifera* en el portamuestras de aluminio del MEB.

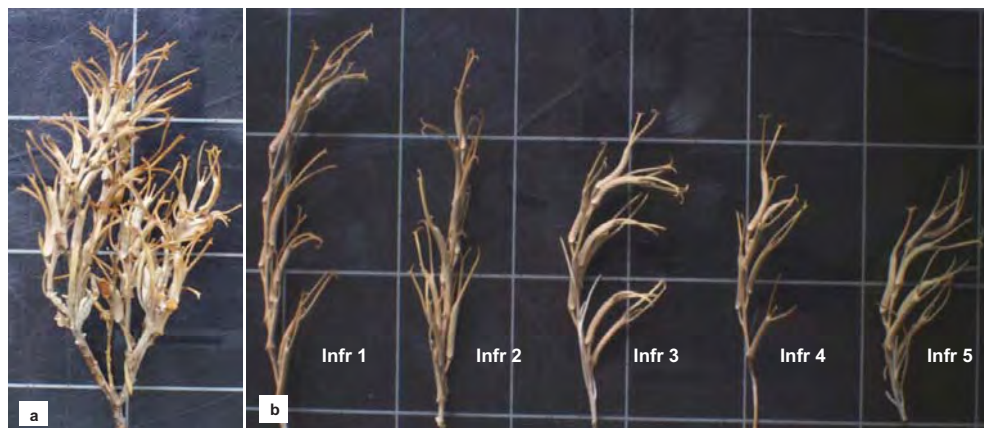
Una vez seco el material, se procede a su metalización con oro en un Sputtering Polaron E5000 durante unos 4 minutos en una atmósfera de gas Argón y una corriente de metalización de unos 15 mA procurando que la capa de oro no sea superior a 252 Amstrong.

Las observaciones se realizan en los Microscopios Electrónicos de Barrido JEOL JSM-6380LV y JEOL JSM-T220A.

En la terminología palinológica utilizada se ha tenido en cuenta el glosario de pólenes y esporas actuales y fósiles (PUNT *et al.*, 1994).

### 3.2.4. Caracteres reproductivos. Infrutescencia, frutos y semillas

En cada población natural, los muestreos se llevan a cabo a lo largo de los dos períodos de fructificación. Se recolectan 35 individuos (siempre que fue posible los mismos que para anteriores muestreos), incluyendo también infrutescencias al azar de individuos no marcados (Tabla 4.1).



**Figura 4.6.- Muestreo de infrutescencias.** Panícula formada por la agrupación de varios racimos (a); racimos representando la heterogeneidad de tallas (b).

#### 3.2.4.1. Preparación y caracterización de las infrutescencias o racimos

Se recolectan las unidades de infrutescencia representadas por los *racimos* (que a veces pueden conformar *panículas*) en sobres de celulosa y posteriormente se almacenan en el JBCVC a temperatura ambiente (Fig.4.6).



**Figura 4.7.- Muestreo de frutos.** Conjunto de frutos representando la heterogeneidad de tallas en el racimo y raquis o eje del mismo.

Dada la gran heterogeneidad observada en la talla de los *racimos* dentro de cada uno de los individuos se procura representar los distintos tamaños de racimo a partir del material de los 35 individuos muestreados (Tabla 4.1).

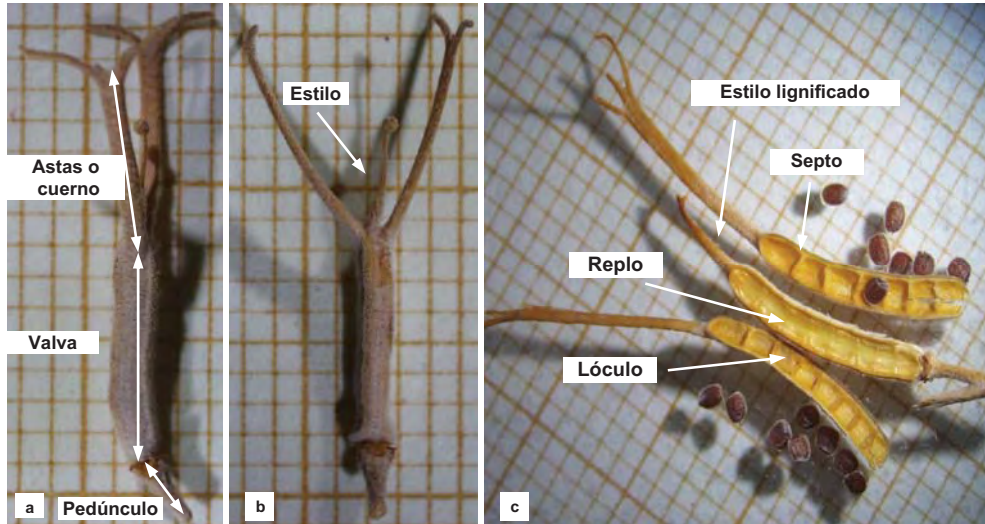
Las imágenes de los *racimos* (Fig.4.6b), perfectamente numerados y etiquetados, se obtienen con una cámara digital acoplada a un trípode.

#### 3.2.4.2. Preparación y caracterización de los frutos o silicuas

El muestreo de los frutos o silicuas, se realiza a partir del conjunto de frutos de las 35 infrutescencias seleccionadas (886 frutos en el total de poblaciones, con un rango de 50-79

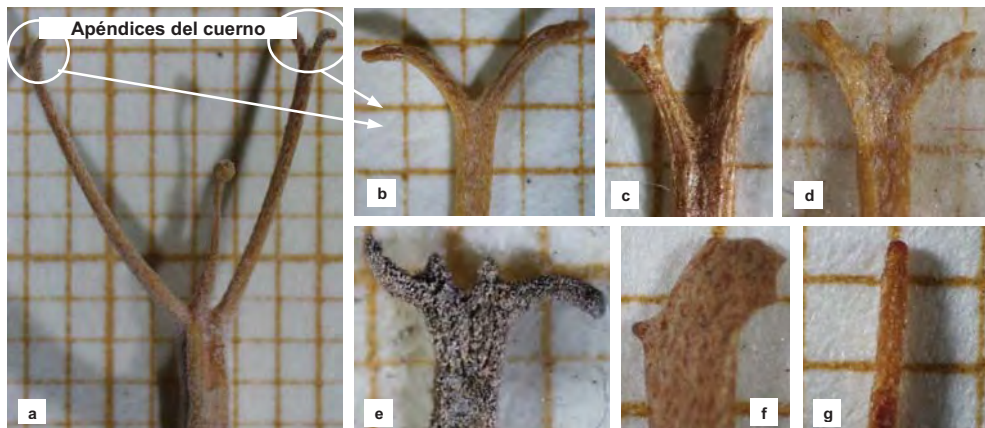


por población) representando también en todo momento la gran heterogeneidad de tamaños de valva observada, tanto las de mayor y menor longitud como valvas de longitud intermedia (Fig.4.7 y Tabla 4.1).



**Figura 4.8- Caracterización del fruto o silicua.** Pedúnculo, valva y astas o cuernos (a); estilo lignificado (b); fruto abierto con replo y dos valvas, en cada valva se distinguen los lóculos y septos (c).

El fruto se diferencia en pedicelo o *pedúnculo*, *valvas*, *estilo* lignificado y *astas* o *cuernos* como prolongaciones del ovario. A su vez en las *valvas* se considera el tabique central o *replo* que las divide longitudinalmente en dos mitades. Cada valva se divide transversalmente por los *septos* o tabiques paralelos que separan las cavidades o *lóculos* donde se alojan las semillas u óvulos fecundados (Fig.4.8).

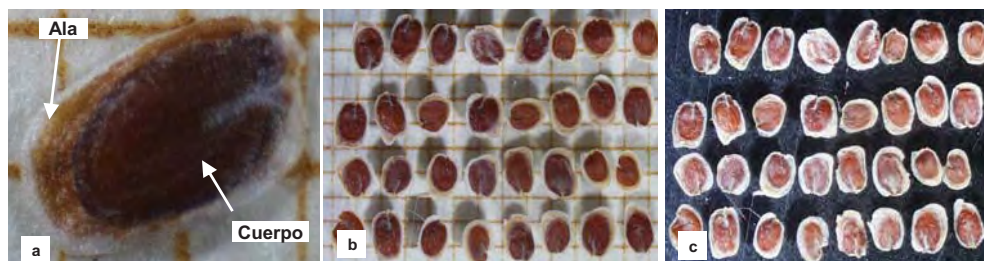


**Figura 4.9.- Apéndices de las astas o cuernos de las silicuas.** Detalle de los cuernos o astas donde se señalan los apéndices (a); apéndice con una bifurcación (b); con dos bifurcaciones (c); con dos bifurcaciones y tres protuberancias (d); con dos bifurcaciones y dos protuberancias (e); con forma de pezuña de cerdo (f); sin bifurcación (g).

Las *silicuas* se separan cuidadosamente del racimo para no partir los pedúnculos y se colocan sobre papel milimetrado como fondo, en la lupa y con el reductor (0.5x) y objetivo 0.67x y 0.8x, se obtienen las imágenes de cada fruto o silicua (Fig.4.8).

Para configurar la *matriz de datos inicial*, se consideran las longitudes de las *valvas* de dos formas: i) como un solo carácter sin clasificar y/o ii) clasificadas según su tamaño en tres caracteres, silicuas mayores (F1\_VA), intermedias (F2\_VA) y menores (F3\_VA).

Asimismo en cada *silicua* se diferencia también el *cuerno* o *asta* que puede dividirse en apéndices (>0.5 mm) y/o protuberancias (<0.5 mm), que a su vez pueden estar bifurcados o no (Fig.4.9). Se evalúan las características de los mismos a partir de imágenes de lupa tomadas a 3.5x (Fig.4.9).



**Figura 4.10-Captación de imágenes de semillas.** Semilla formada por cuerpo y ala (a); semillas fotografiadas sobre papel milimetrado (b) y sobre fondo negro con objeto de destacar el ala hialina (c).

#### 3.2.4.3. Preparación y caracterización de las semillas.

Se utilizan aproximadamente 120 *semillas* por población recolectadas al azar en las poblaciones naturales (Capítulo II apartado 3.3.1 y Tabla 4.1).

Las imágenes de las semillas se captan con una lupa (1x) y se fotografían dispuestas en placas petri con  $\approx 40$  semillas/placa sobre fondos de papel milimetrado y fondo negro con objeto de destacar el ala de las mismas. Para la caracterización de las semillas se consideran separadamente el cuerpo y el ala o tejido de color blanco que rodea y sobresale del cuerpo (Fig.4.10).

#### 3.2.5. Citogenética. Mitosis: número de cromosomas y cariotipos

Para el análisis mitótico se utilizan meristemos radiculares obtenidos a partir de semillas recolectadas en las poblaciones naturales.

La determinación del número de cromosomas y elaboración de cariotipos se lleva a cabo en una población representativa de cada taxon, a excepción de *P.ornata* donde se analizan individuos procedentes de dos poblaciones (POS y POV); asimismo se incluye la población de Agaete (POA), actualmente no adscrita a ningún taxon.

Para la estimación del número de cromosomas se examinan un total de 47 individuos (4-8 por taxon) y 230 metafases (15-42 por taxon) y se elaboran entre 6 y 9 cariotipos por taxon correspondientes a 3-5 individuos (Tabla 4.2).

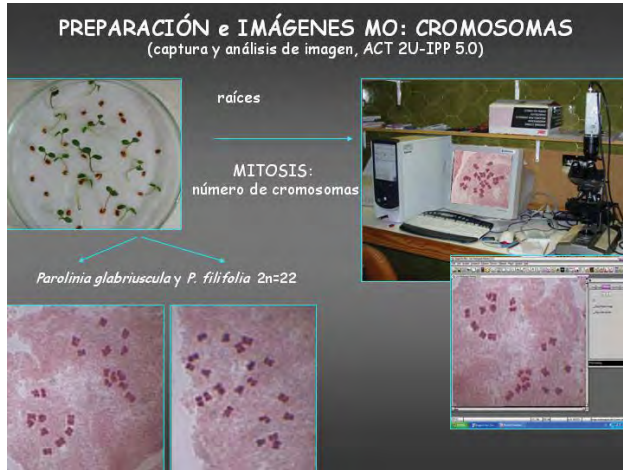
Para la puesta a punto de esta técnica se sigue la metodología descrita en FEBLES (1990). Las semillas maduras se ponen a germinar en placas *petri* a T<sup>a</sup> ambiente o en las condiciones particulares de temperatura y fotoperíodo que se requieren para su germinación como se detalla en el Capítulo II.

Cuando las raíces alcanzan una longitud óptima, entre 0.5 y 1 cm, son pretratadas con 8-hidroxiquinoleína (0.002M) durante 4 horas a T<sup>a</sup> ambiente. Las raíces así pretratadas se fijan en etanol absoluto:ácido acético (3:1) durante 24 horas en el refrigerador a 4°C y se almacenan en etanol al 70% en el congelador a -20°C hasta su posterior análisis.

En el momento de su estudio las raíces se hidrolizan en CIH 1N a 60°C durante 6 minutos y se tiñen con orceína acética al 1% durante aproximadamente ½ hora. Entre los

distintos pasos siempre se realiza un lavado de las raíces en agua destilada durante unos minutos.

Para la elaboración de las preparaciones, los meristemos apicales se separan en una



gota de orceína acética (1%) sobre un portaobjetos, se coloca el cubreobjetos y se puntea con una lanceta hasta que las células y cromosomas estén bien separados.

A continuación se procede al aplastamiento para la eliminación del colorante y squash. Por último, el cubreobjetos se sella con esmalte de uñas para evitar la entrada de aire.

Las preparaciones así obtenidas deber ser estudiadas durante las 24 horas siguientes para evitar el

deterioro del material por entrada del aire. Las observaciones se realizan con un Microscopio Zeiss Universal con objetivo 100x de aceite de inmersión.

La captación de imágenes de las distintas placas metafásicas se lleva a cabo con una cámara digital (Nikon DS-U1) acoplada al MO (ocular 16x) que capta la imagen directamente en el ordenador con el programa ACT 2U.

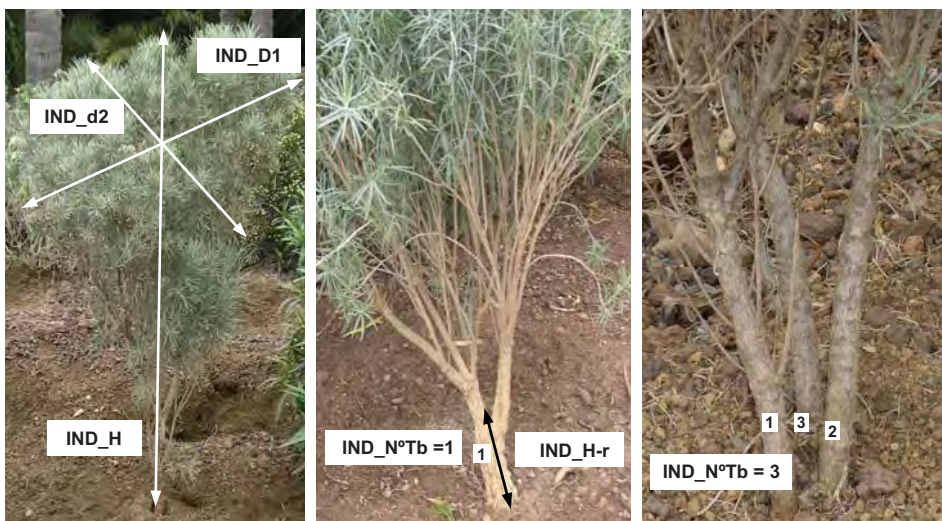
### 3.3. DEFINICIÓN Y CODIFICACIÓN DE LOS CARACTERES

#### 3.3.1. Caracteres vegetativos.

##### 3.3.1.1. Talla máxima de los individuos.

Se definen cinco caracteres cuantitativos según altura, diámetros y ramificación:

1) IND\_H. *Altura del individuo*, obtenida desde la base al ápice.



2) IND\_D1. *Diámetro máximo de la copa*.

3) IND\_d2. *Diámetro menor de la copa*.

4) IND\_H\_ra1. *Altura de la primera ramificación*.



5) IND\_NºTb. *Número de tallos en la base.*

### 3.3.1.2. Hojas

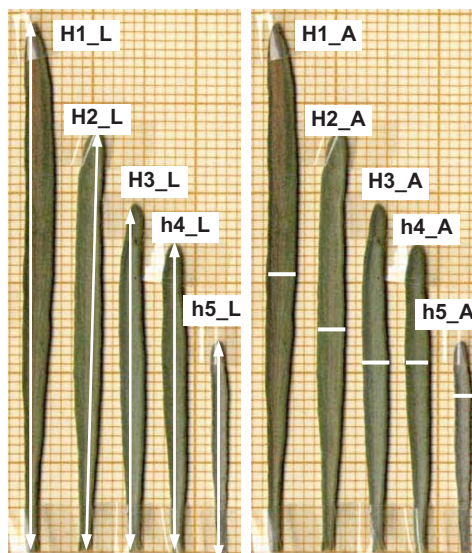
Se definen cuatro caracteres según la longitud y ancho para cada una de los cinco tipos de hojas recolectadas por individuo y sus correspondientes *ratios* longitud/ancho, resultando un total de 19 caracteres cuantitativos:

6) H\_L (1-5). *Longitudes de las hojas*, obtenida desde la base hasta el ápice, por tipos de hojas y sin clasificar.

7) H\_A (1-5). *Anchos de las hojas*, obtenida en el punto más ancho de la misma, por tipos de hojas y sin clasificar.

8) *Ratios H* (1-5). *Ratios L/A de las hojas*, cociente entre la longitud y ancho de cada de tipo de hoja y sin clasificar.

9) *Ratio H1\_h5\_L/A*. *Ratio global de las hojas*, media aritmética de los *ratios* de los cinco tipos de hojas.

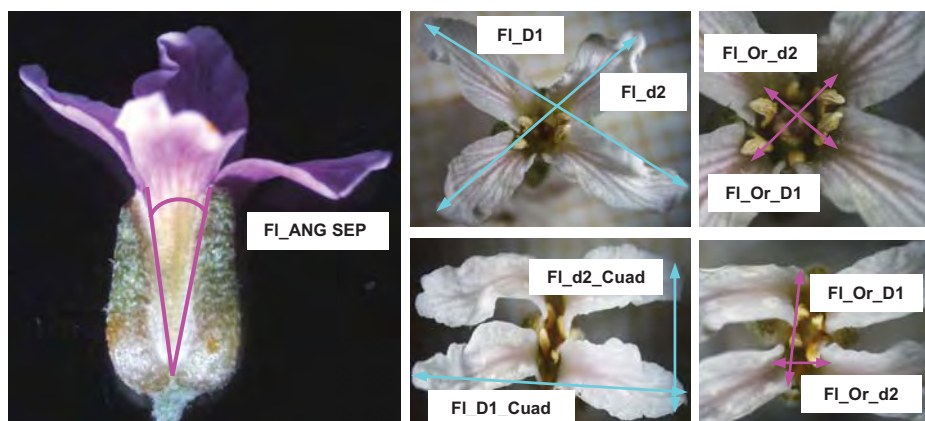


### 3.3.2. Caracteres reproductivos de la flor.

#### 3.3.2.1. Caracteres que definen los diámetros de la corola, apertura y orificio floral.

Se definen 9 caracteres cuantitativos:

10) FI\_ANG SEP. *Ángulo del sépalo*, es una medida que refleja el grado de apertura de la flor. Se obtiene trazando el ángulo formado entre la separación de un sépalo medio y uno lateral, excluyendo el halo hialino.



11) FI\_D1. *Diámetro mayor de la corola*, obtenido por el trazo mayor entre los ápices de los pétalos opuestos.

12) FI\_d2. *Diámetro menor de la corola*, obtenido por el trazo menor entre los ápices de los pétalos opuestos.

13) FI\_D1\_Cuad. *Lado mayor de la corola*, obtenido por el trazo mayor del rectángulo o cuadrado que forman los pétalos.

14) FI\_d2\_Cuad. *Lado menor de la corola*, obtenido por el trazo menor del rectángulo o cuadrado que forman los pétalos.

15) FI\_Or\_D1. *Diámetro mayor del orificio floral*, determinado o configurado por la apertura que deja el periantio (pétalos y sépalos). La medida corresponde al trazo entre pétalos opuestos en el caso de flor en cruz, o entre los sépalos en el caso de la flor con los pétalos en aspa.

16) FI\_Or\_d2. *Diámetro menor del orificio floral* o trazo menor entre pétalos opuestos en todos los casos.

17) FI\_ratio\_Or. *Ratio del orificio central* o cociente entre el diámetro menor (d2) y mayor (D1) del orificio central.

18) FI\_cod\_Or. *Ratio del orificio central (d2/D1) codificado* según la forma del mismo. Se codifica con 1 los *ratios* de orificios fundamentalmente *redondeados* ( $1/1.5 > 0.67$ ), con 0.5 los *ratios* de orificios *alargados* ( $1/1.5-1/2 = 0.67-0.50$ ), con 0.33 los *ratios* de orificios *muy alargados* (D1 casi el triple que d2:  $1/2-1/3=0.50-0.33$ ) y con 0.25 los orificios *extremadamente alargados y estrechos* ( $1/3-1/4 \leq 0.33$ ).

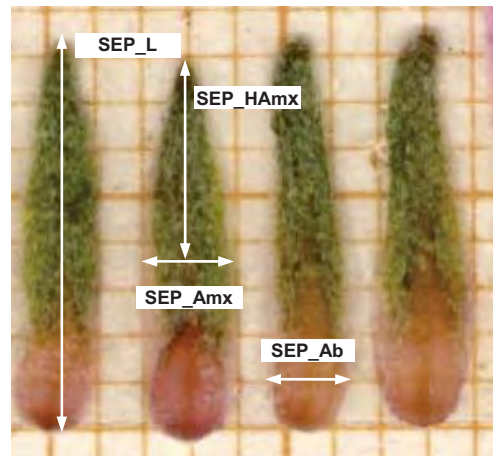
### 3.3.2.2. Caracteres del cáliz según longitud y ancho de los sépalos

Los 4 sépalos se consideran caracteres separados diferenciando los 2 sépalos laterales de los 2 sépalos medios. En total se definen 16 caracteres cuantitativos:

19) SEPL\_L (1-2). *Longitud de los sépalos laterales*, obtenida desde el punto de inserción en el tálamo floral hasta el ápice del sépalo.

20) SEPL\_Ab (1-2). *Ancho en la base de los sépalos laterales*, obtenida a 1mm de la base del mismo.

21) SEPL\_Amx (1-2). *Ancho máximo de los sépalos laterales*, obtenida en la parte más ancha del sépalo, teniendo en cuenta el halo hialino. Generalmente se sitúa en la zona comprendida entre el punto de inserción al tálamo floral y la mitad del mismo.



22) SEPL\_HAmx (1-2). *Altura del ancho máximo del sépalo lateral*, evaluada desde dicho punto hasta el ápice del mismo, es una medida que refleja la forma del sépalo.

23) SEPM\_L (1-2). *Longitud de los sépalos medios*, obtenida de la misma manera que en los sépalos laterales.

24) SEPM\_Ab (1-2). *Ancho en la base de los sépalos medios*, obtenida a un mm de la base del mismo.

25) SEPM\_Amx (1-2). *Ancho máximo de los sépalos medios*, obtenida de manera similar que en los sépalos laterales.

26) SEPM\_HAmx (1-2). *Altura del ancho máximo del sépalo medio*, es una medida que refleja la forma del sépalo, obtenida de la misma manera que en los sépalos laterales.

### 3.3.2.3. Caracteres de la corola según los pétalos

Los 4 pétalos se consideran caracteres separados diferenciando en cada uno la *uña* del *limbo*. Se definen en total 26 caracteres cuantitativos (incluyendo *ratios*) y 11 cualitativos:

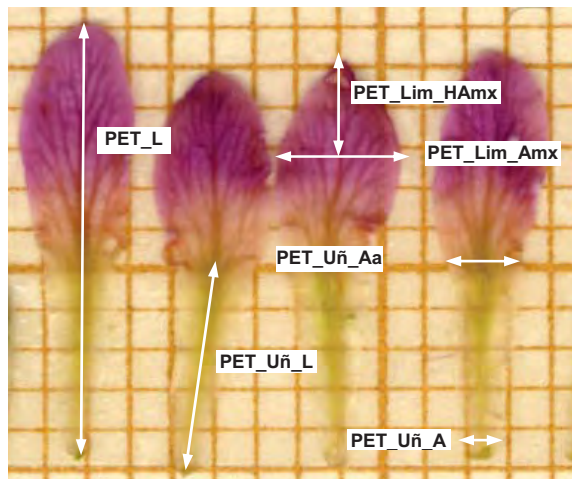
#### 3.3.2.3.1. Cuantitativos

27) PET\_L (1-4). *Longitud total de los pétalos*, obtenida desde el punto de inserción con el tálamo floral hasta el ápice.

28) PET\_Uñ\_L (1-4). *Longitud de la uña*, obtenida desde el punto de inserción con el tálamo floral hasta el limbo.

29) PET\_Uñ\_Ab (1-4). *Ancho de la base de la uña*, obtenido a 1 mm del punto de inserción al tálamo floral.

30) PET\_Uñ\_Aa (1-4). *Ancho en el ápice de la uña*, obtenido en la zona de transición de la uña con el limbo.



31) PET\_Lim\_Amx (1-4). *Ancho máximo del limbo*, obtenida en la parte más ancha del mismo.

32) PET\_Lim\_HAmx (1-4). *Altura del ancho máximo del limbo*, obtenida desde dicho punto hasta el ápice del mismo, es una medida que refleja la forma del pétalo.

33) *RATIO\_LIM*. *Ratio del limbo*, cociente entre la longitud y ancho máximo.

34) *ratio\_Pet\_Sep*. *Ratio pétalo/sépalo*, cociente entre las longitudes

totales de pétalos y sépalos que refleja la ejerción de los pétalos en relación al cáliz.

3.3.2.3.2. *Cualitativos* con alusiones a la posición, naturaleza y color de los pétalos (limbo):

35) *Posición* de los pétalos. Cuatro caracteres que definen la posición del limbo en relación al cáliz (levantado, horizontal bajo, horizontal alto y caído) codificados con ausencia (0) y presencia con dos estados cada uno (1 y 2).

35.1) PET\_Le (1-4). *Levantado*, refleja la inclinación de la superficie del limbo respecto al cáliz que representa el eje vertical: 1=ligeramente levantado cuando se inclinan  $\pm 45^\circ$  y 2=completamente levantado en línea con el eje ( $180^\circ$ ).

35.2) PET\_Hb (1-4). *Horizontal bajo*, refleja la horizontalidad del limbo respecto al eje de la flor inmediatamente después de rebasar el cáliz: 1=sub-horizontal ( $\pm 45^\circ$ ) y 2=completamente horizontal ( $\pm 90^\circ$ ).



35.3) PET\_Ha (1-4). *Horizontal alto*, refleja la horizontalidad del limbo después de superar al cáliz 0.5-2 mm: 1=sub-horizontal ( $\pm 45^\circ$ ) y 2=completamente horizontal ( $\pm 90^\circ$ ).

35.4) PET\_Ca (1-4). *Caído*, refleja la posición del limbo inclinado sobre el cáliz: 1=ligeramente caído  $\pm 45^\circ$  respecto al cáliz y 2=caído casi adosado al cáliz.



36) *Naturaleza de los pétalos*. Cuatro caracteres que definen el estado de la superficie del limbo (plano, ondulado, acanalado y revoluto) codificados con ausencia (0) y presencia con dos y tres estados.

36.1) PET\_PI (1-4). *Plano*, pétalos de limbo con superficie fundamentalmente plana (1).



36.2) PET\_Ond (1-4). *Ondulado*, pétalos con limbo de superficie ondulada con altos y bajos a modo de olas: 1=levemente ondulado y 2=muy ondulado.

36.3) PET\_Acan (1-4). *Acanalado*, pétalos con la superficie del limbo a modo de tubo o canal: 1=levemente acanalada, 2=medianamente y 3=marcadamente acanalada.

36.4) PET\_Rev (1-4). *Revoluto*, pétalos con limbo recurvado sobre el envés: 1=ligeramente, 2=medianamente y 3=marcadamente revoluto.



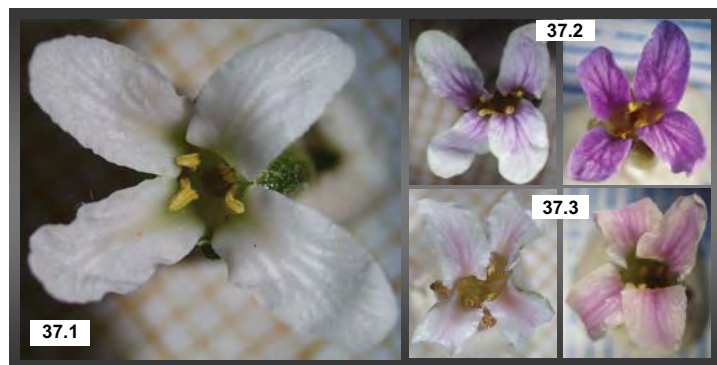
37) *Color de los pétalos*: tres caracteres que representan el color presente en cada pétalo (limbo y nervios) de las flores maduras (E5-E6): blanco, rosa y violeta codificado con ausencia (0) y presencia (1).

37.1) PET\_Col\_BI (1-4). *Blanco*, pétalo fundamentalmente blanco con permanencia en flor madura y/o presencia exclusiva (1).

37.2) PET\_Col\_Vi (1-4). *Violeta*, pétalo blanco-violeta y/o violeta (1).

37.3) PET\_Col\_Rs (1-4). *Rosa*, pétalo blanco-rosa y/o rosa (1).

Para este grupo de caracteres *cualitativos* de los *pétalos* se obtiene una matriz de datos original (Anexo 4.2) con cada uno de los cuatro pétalos como carácter independiente de una flor.



En segundo lugar, con las medias de los cuatro pétalos de cada flor se transforma a un solo carácter por flor y se

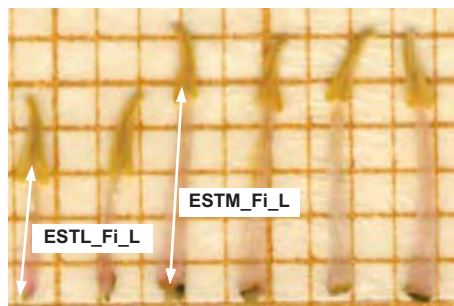
transporta la matriz de 1649 de nivel infra-individual resultando un total de 11 caracteres o variables cualitativas que consideran el conjunto de los pétalos de cada flor como unidad. Posteriormente, como el resto de los caracteres, se traspasan a la matriz de 351 filas representando el nivel de individuo de cada población natural.

#### 3.4.2.4. Caracteres del androceo. Estambres

El conjunto de los 6 estambres de la flor se consideran caracteres individuales diferenciando los dos estambres laterales (cortos) de los cuatro medios (largos).

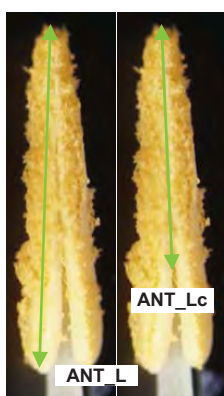
En total se definen 18 caracteres cuantitativos para el androceo considerando asimismo de forma individualizada las biometrías de los *filamentos* estaminales y las *anteras*:

38) ESTL\_Fi\_L (1-2). *Longitud del filamento estaminal lateral*, obtenida desde el punto de inserción al tálamo floral hasta el conectivo que une las dos tecas.



39) ANTL\_L (1-2). *Longitud total de la antera lateral*,

obtenida desde la base de la antera hasta el ápice, evaluada midiendo la longitud de una de las tecas.



40) ANTL\_Lc (1-2). *Longitud del conectivo de la antera lateral*, obtenida desde el punto de inserción de ambas tecas hasta el ápice del filamento estaminal.

41) ESTM\_Fi\_L (1-4). *Longitud del filamento estaminal medio*, obtenida de la misma manera que en los estambres laterales.

42) ANTM\_L (1-4). *Longitud total de la antera media*, obtenida como la longitud de una de las tecas, desde la base de la antera hasta el ápice.

43) ANTM\_Lc (1-4). *Longitud del conectivo de la antera media*, de la misma manera que en los estambres laterales.

#### 3.3.2.5. Caracteres del gineceo. Ovario, estilo y estigma

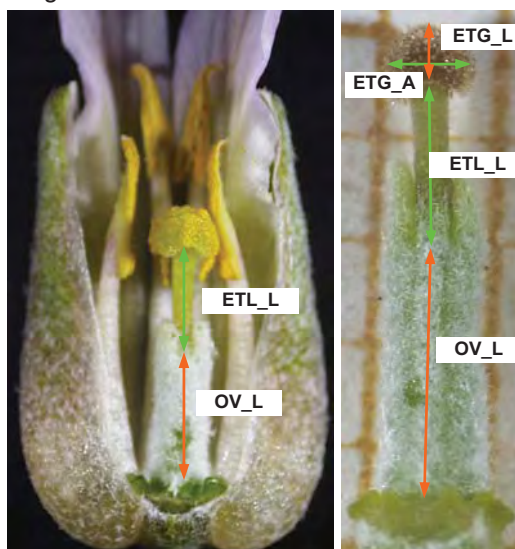
Se consideran separadamente las longitudes del *ovario*, *estilo* y *estigma* con cuatro caracteres cuantitativos:

44) OV\_L. *Longitud del ovario*, obtenida desde la zona de inserción con el tálamo floral hasta el punto de unión con el estilo acrescente (en la base de los cuernos).

45) ETL\_L. *Longitud del estilo*, obtenida desde la zona de unión con el ovario hasta la zona de unión con el estigma.

46) ETG\_L. *Altura del estigma*, obtenida desde el punto medio de la zona de inserción con el estilo hasta el ápice.

47) ETG\_A. *Ancho del estigma*, obtenido en su parte más ancha.



### 3.3.3. Caracteres reproductivos de las infrutescencias, frutos y semillas.

#### 3.3.3.1. Infrutescencias o racimos

Considerando las longitudes de los racimos se definen dos caracteres cuantitativos:

48) RAC\_L. *Longitud total del racimo*, medido desde pedúnculo de la primera silicua de la base hasta el ápice del cuerno del último fruto.

49) RAC\_PED\_L. *Longitud del pedúnculo del racimo*, desde el punto de inserción al tallo hasta el pedúnculo de la primera *silicua* inferior del racimo.

### 3.3.3.2. Frutos o silicuas

Se evalúan como caracteres de la *silicua*, las longitudes y anchos de las valvas, cuernos y apéndices, considerando asimismo el nº y ángulos de los mismos, definiéndose un total de 33 caracteres cuantitativos:

50) F\_PED\_L. *Longitud del pedúnculo*, obtenida desde el punto de inserción al racimo hasta la base de las valvas.

51) F\_EST\_L. *Longitud del estilo y estigma lignificados*, obtenida desde la base del estilo hasta el ápice del estigma.

52) F\_V\_L (1-3). *Longitud de la valva*, obtenida desde su base hasta la base del estilo, por tamaños de valvas y sin clasificar.

53) F\_V\_A (1-3). *Ancho de la valva*, obtenida en el punto más ancho de la misma, por tamaños de valvas y sin clasificar.

54) F\_ratio\_VA (1-3). *Ratio de la valva*, según el cociente entre la longitud y el ancho, por tamaños de valvas y sin clasificar.

55) F\_CU\_L. *Longitud de las astas o cuernos*, obtenida desde su base hasta el ápice de sus apéndices o protuberancias.

56) F\_CU\_A. *Ancho del cuerno*, obtenido en el punto más ancho del mismo.

57) F\_ratio\_CU. *Ratio del cuerno*, cociente entre la longitud y el ancho del cuerno.

58) F\_ACU\_MY\_L. *Longitud del apéndice más largo*, obtenida desde la base del apéndice hasta el ápice.

59) F\_ACU\_MY\_A. *Ancho del apéndice más largo*, obtenido en la base del mismo.

60) F\_ACU\_MN\_L. *Longitud del apéndice más corto*, obtenida desde la base hasta el ápice.

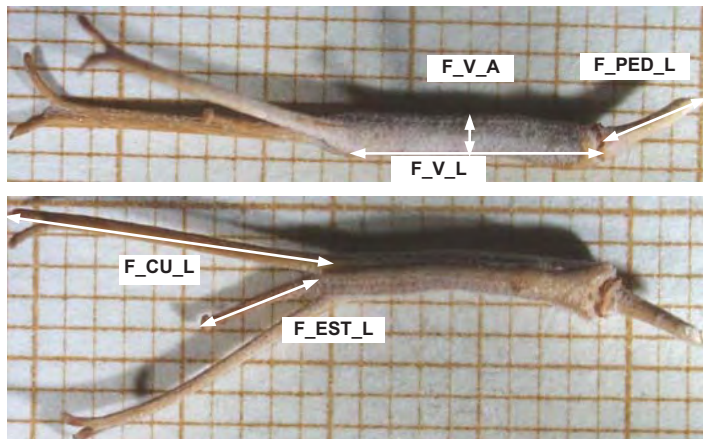
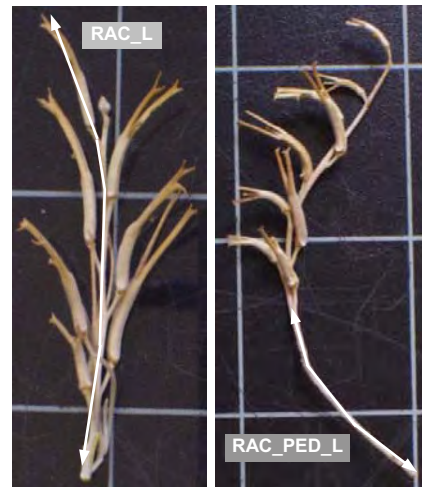
61) F\_ACU\_MN\_A. *Ancho del apéndice más corto*, obtenido en la base del mismo.

62) F\_ACU\_INT\_L. *Longitud del apéndice o protuberancia de posición intermedia* (cuando existan), medida obtenida desde la base hasta el ápice.

63) F\_ACU\_INT\_A. *Ancho del apéndice o protuberancia de posición intermedia* (cuando existan) obtenida en la base del mismo.

64) F\_ACU\_NAp. *Número de apéndices* (> 0.5 mm).

65) F\_ACU\_NPr. *Número de protuberancias* (< 0.5 mm).





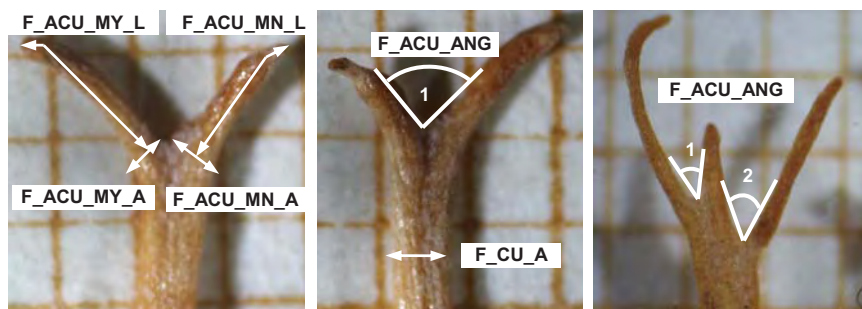
66) F\_ACU\_B2-B3. Número de bifurcaciones de los apéndices:  $\leq$  una bifurcación (0); dos bifurcaciones (1) y tres o más bifurcaciones (2).

67) F\_ACU\_MY\_NB. Número de terminaciones del apéndice mayor.

68) F\_ACU\_MN\_NB. Número de terminaciones del apéndice menor.

69) F\_ACU\_INT\_NB. Número de terminaciones del apéndice intermedio (cuando exista).

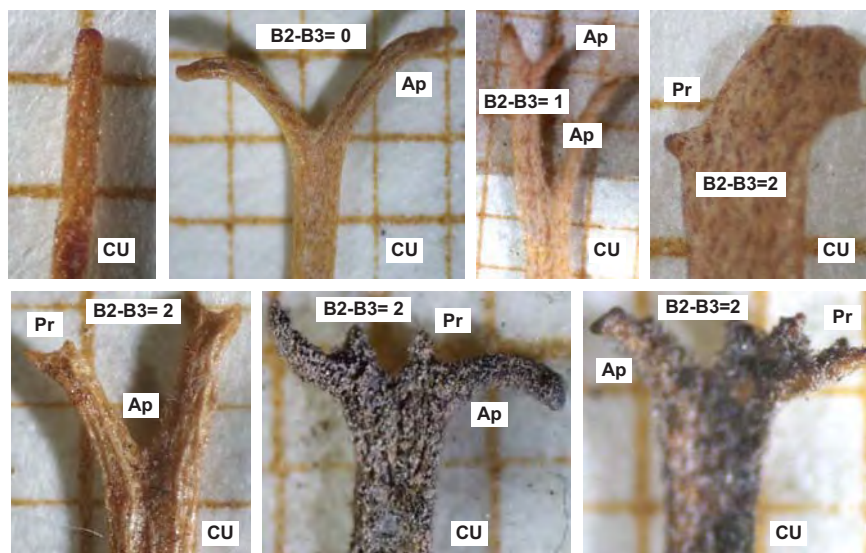
70) F\_ACU\_BT. Número total de divisiones terminales del conjunto de apéndices.



71) F\_ACU\_ANG1. Ángulo 1 de los apéndices, se refiere al ángulo (medido en grados) formado por dos apéndices únicos o por el mayor y uno intermedio.

72) F\_ACU\_ANG2. Ángulo 2 de los apéndices, 2º ángulo entre un apéndice intermedio (cuando existe) y el menor.

73) F\_ACU\_ANG3. Ángulo 3 de los apéndices, medido entre el tercero y cuarto apéndice intermedio (cuando existan) o dos intermedios.



### 3.3.3.3. Caracteres de las semillas

Se consideran los caracteres del cuerpo y ala separadamente con un total de cinco caracteres cuantitativos y cinco cualitativos:

#### 3.3.3.3.1. Cuantitativos

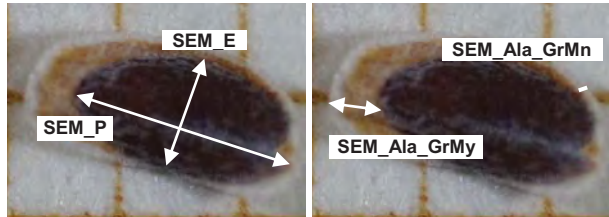
74) SEM\_P. Diámetro mayor del cuerpo de la semilla, obtenido desde un extremo al otro sin contar el ala.

75) SEM\_E. *Diámetro menor del cuerpo de la semilla*, medida perpendicular a la anterior.

76) Ratio SEM. *Ratio de la semilla*, cociente entre el eje mayor (P) y menor (E) del cuerpo de la semilla.

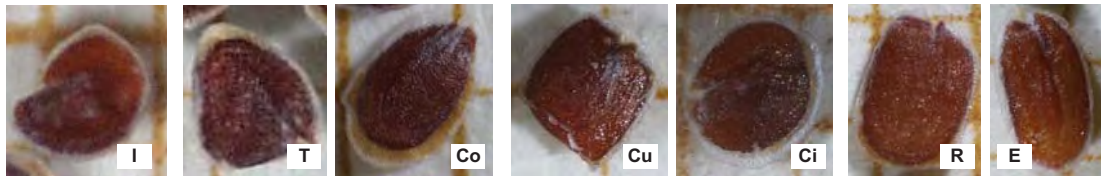
77) SEM\_Ala\_GrMy. *Grosor mayor del ala*, referido al ancho mayor del contorno del ala de la semilla.

78) SEM\_Ala\_GrMn. *Grosor menor del ala*, referido al ancho menor (más fino) del contorno del ala de la semilla.



3.3.3.3.2. *Cualitativos*: cinco caracteres con alusiones a la forma del cuerpo y contorno del ala de la semilla codificados con ausencia (0) y presencia (1).

79) SEM\_forma. *Forma del cuerpo de la semilla*, cuatro caracteres referidos al cuerpo de las semillas (indefinida o rara, triangular o cónica, cuadrada, subcuadrada o circular-subcircular y rectangular, subrectangular o elíptica).

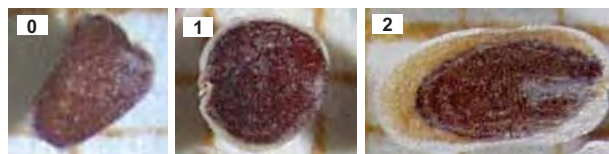


79.1) SEM\_F\_T\_Co. *Forma del cuerpo triangular (T) o cónica (Co)*.

79.2) SEM\_F\_Cu\_Ci. *Forma del cuerpo cuadrada o subcuadrada (Cu) y circular o subcircular (Ci)*.

79.3) SEM\_F\_R\_E. *Forma del cuerpo rectangular, subrectangular (R) o elíptica (E)*.

79.4) SEM\_F\_I. *Forma del cuerpo indefinida o rara (I)*.



80) SEM-Ala\_distr: *Contorno o distribución del ala de la semilla*, codificado con ausencia (0) y presencia con dos estados 1 (ala parcial) y 2 (ala completa).

Para estos cinco caracteres *cualitativos* de las *semillas* se obtiene una matriz de datos original cuyos datos se transportan a la matriz de 1649 filas de nivel infra-individual. Posteriormente, se traspasan a la matriz de 351 filas representando los porcentajes de cada población natural en el nivel de individuo y posteriormente se traspasan a la matriz poblacional de 16 UTOs donde se representan los porcentajes poblacionales.

### 3.3.4. Caracteres microscópicos. Papilas estigmáticas y recursos del androceo y gineceo

#### 3.3.4.1. Papilas estigmáticas

Caracteres microscópicos (MO) cuantitativos (1) y cualitativos (6). Se consideran fundamentalmente a nivel poblacional aunque se testa su valor discriminante:

### 3.3.4.1.1. Cuantitativos

81) Pap\_L. *Longitud total de la papila*, en micras, evaluada desde la base hasta el ápice.

### 3.3.4.1.2. Cualitativos

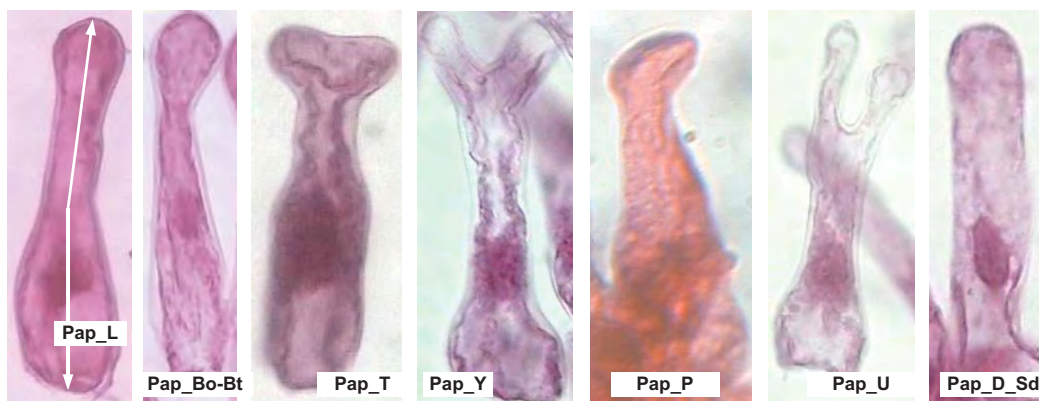
Se consideran 6 caracteres alusivos a la forma de las papilas codificados con ausencia (0) y presencia con tres estados según la abundancia (0.5=ocasional, 1=presencia y 2=abundancia).

82) PAP\_forma. *Forma de la papila*, seis caracteres según diferenciación y forma de la cápita de la papila (bolo-botella, a modo de T, a modo de Y, a modo de P, a modo de U y a modo de dedo-semi-dedo).

82.1) Pap\_Bo-Bt. *Papila a modo de Bolo-Botella*, con cápita diferenciada en alto y ancho.

82.2) Pap\_T. *Papila a modo de T*, con cápita alargada más ancha que larga.

82.3) Pap\_Y. *Papila a modo de Y*, con cápita bifurcada en dos ramas que forman un ángulo. Las ramas pueden ser regulares, irregulares y/o complejas.



82.4) Pap\_P. *Papila P*, con cápita a modo de una P.

82.5) Pap\_U. *Papila a modo de U*, con cápita bifurcada en dos ramas que no forman ángulo. Las ramas pueden ser regulares y simples o irregulares y complejas.

82.6) Pap\_D-Sd. *Papila a modo de Dedo-Semi-dedo*, sin capitas diferenciadas

### 3.3.4.2. Anteras indehiscentes.

Se definen cuatro caracteres cuantitativos:

83) AntL\_ind\_L. *Longitud de antera lateral indehiscente*, obtenida desde la base de la antera hasta el ápice, evaluada midiendo la longitud de una de las tecas.

84) AntL\_ind\_A. *Ancho de antera lateral indehiscente*, obtenida en el punto más ancho.

85) AntM\_ind\_L. *Longitud de antera media indehiscente*, obtenida desde la base de la antera hasta el ápice, evaluada midiendo la longitud de una de las tecas.

86) AntM\_ind\_A. *Ancho de antera media indehiscente*; obtenida en el punto más ancho.

### 3.3.4.3. Número de granos por antera indehiscente o flor y número de óvulos por flor

Se definen tres caracteres cuantitativos para el número de granos de polen y uno para el número de óvulos por flor y el ratio P/O:

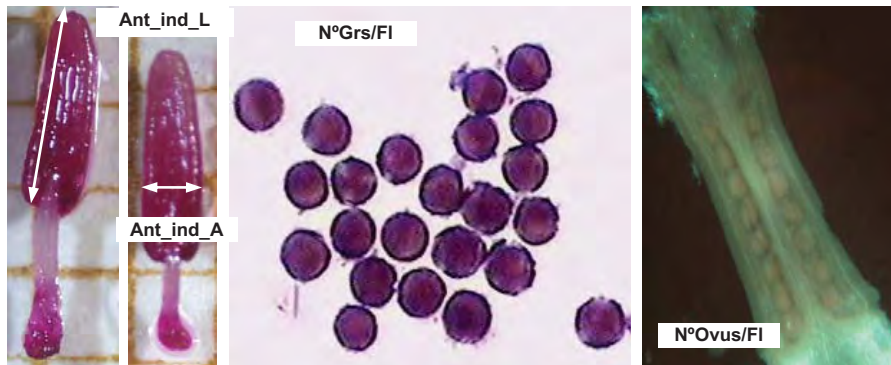
87) N° Grs\_AntL. *Número de granos de polen de la antera lateral*.

88) N° Grs\_AntM. *Número de granos de polen de la antera media*.



89) N° Grs/ Fl. *Número total de granos de polen por flor.*

90) N° Ovus/Fl. *Número de óvulos por flor.*



91) *Ratio P/O. Ratio Polen/Óvulo*, cociente entre el número de granos de polen y número de óvulos.

### 3.3.5. Palinología. Caracteres Polínicos

En primer lugar se obtienen de forma automática dos caracteres cuantitativos para definir los ejes mayor (P) y menor (E) en micras de los granos de polen teñidos al natural (MO):

92) Polen\_P. *Diámetro mayor del grano de polen*, longitud en micras.

93) Polen\_E. *Diámetro menor del grano de polen*, longitud en micras.

En segundo lugar, se obtienen de forma manual 6 caracteres cuantitativos de los granos con tratamiento acetolítico al MO y al MEB:

94) Eje\_P. *Longitud del Eje P o distancia entre los polos.*

95) Eje\_E. *Diámetro del grano de polen en el ecuador del grano.*

96) *Ratio P/E*

97) M. *Ancho de la mesocolpia en vista meridiana.*

98) t. *Lado del triángulo polar.*

- *cualitativos:*

99) *otras formas polínicas no 3-colpadas*

### 3.3.6. Citogenética. Mitosis: número de cromosomas y cariotipos

A partir de las medidas obtenidas de forma manual para el brazo largo (BL) y brazo corto (BC) de cada cromosoma ( $\mu\text{m}$ ), se calculan el índice  $r$  (BL/BC) y la longitud relativa de los mismos.

100) Índ\_r ( $r1-11$ ). *Índice r*, media de los *ratios brazo largo/brazo corto (BL/BC) de cada par cromosómico.*

101) %LT (%LT1-11). *Longitud relativa de cada par cromosómico*, porcentaje de la longitud total del genoma.

102)  $A_1$  y  $A_2$ , *Índices de asimetría intra e intercrosómica.*

### 3.4. OBTENCIÓN DE DATOS, BIOMETRÍAS Y MORFOMETRÍAS

La captación de imagen se puede realizar con escáner, cámaras digitales o con cámaras de video conectadas a la lupa, MO y/o MEB. La utilización de cámaras de video, cable de TV (MEB-I) y MEB-II permite la captación de imágenes vivas en la pantalla del ordenador que se pueden analizar directamente o almacenar para su posterior análisis, según convenga. Las biometrías o análisis de las imágenes se realizan en las imágenes captadas por los distintos procedimientos según *grupos de caracteres* (hojas, flores, frutos, semillas, polen, semillas, cromosomas, etc).

#### 3.4.1. Macro y Micro-morfología y análisis de imagen

Con el sistema análisis de imagen, programa Image-Pro-Plus IPP 5.0, además de la captura de imágenes se llevan a cabo las biometrías de los distintos grupos de caracteres. El programa proporciona la capacidad de adquirir, mejorar y analizar las imágenes; además permite el recuento manual y/o automático de objetos y mide características de los mismos tales como: área, ángulo, perímetro, diámetro, etc.

Asimismo el programa permite calibrar la escala espacial en cualquier unidad de medida, de manera que todas las imágenes son calibradas adecuadamente a la unidad métrica correspondiente. Para el escáner las calibraciones se realizan tomando como referencia una imagen de papel milimetrado a la misma resolución que las imágenes sometidas al análisis. Para la lupa o estereomicroscopio y todas las modalidades de MO las calibraciones se realizan tomando como referencia una imagen milimetrada en cada objetivo.

Para la obtención de biometrías realizadas directamente en el MO, la calibración en micrómetros ( $\mu\text{m}$ ) se determina con la referencia de un portaobjetos milimetrado y/o ocular micrométrico (Reichert 12.5x) previamente calibrados en cada objetivo.

Una vez obtenidas las biometrías de forma manual o semi-automática, el programa envía los datos a una matriz Excel evitando así errores de transcripción. Asimismo las imágenes captadas se someten al reconocimiento y análisis de los caracteres cualitativos que se definen y *codifican* según los estados u *homologías* reconocidos en cada uno de ellos.

#### 3.4.2. Palinología. Caracteres Polínicos

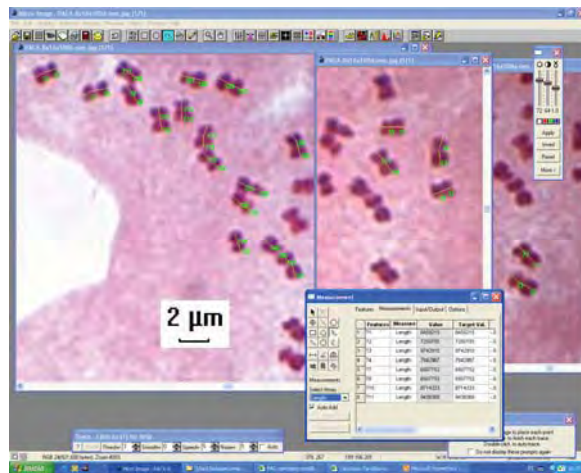
Para el análisis de los *datos palinológicos* se consideran caracteres o variables relativos a la simetría, talla y forma de los granos, aperturas (número y posición), junto con datos de ornamentación y estructura de sus cubiertas exínicas (ectexina: téctum, infratectum y capa basal y endexina) en granos no acetolizados, tanto en zonas interaperturales como aperturales del polen a partir de imágenes al MO y MEB, confrontando las muestras al natural y acetolizadas.

Para los caracteres polínicos los datos de cada población natural se diferencian según los niveles de observación (MO y MEB). Se incluyen también caracteres o variables cualitativos considerados necesarios e informativos y se ordenan en dos *matrices originales* en las que las columnas siempre corresponden a los caracteres (cuantitativos y cualitativos) y las filas pueden representar los niveles de flor, individuo o población natural.

### 3.4.3. Citogenética. Número de cromosomas y elaboración de cariotipos

Las preparaciones microscópicas correspondientes a los distintos individuos analizados en cada taxon se observan al MO donde se contabiliza el número de cromosomas de cada metafase y se toman fotografías digitales para su posterior análisis.

Para la elaboración de los cariotipos se utilizan las metafases donde se distingue más claramente la morfología de los cromosomas. Las medidas se obtienen con el programa de análisis de imagen Microlmage 4.0; en ocasiones es necesario utilizar distintas fotografías de



la misma metafase dado que no todos los cromosomas se observan igualmente bien enfocados en una sola imagen (Figura adjunta).

En cada cromosoma se mide la longitud de sus brazos cromosómicos. Las medidas obtenidas en μm para el brazo largo (BL) y brazo corto (BS) de cada cromosoma son exportadas a Excel donde se calcula la longitud total ( $LT=BL+BC$ ), el índice  $r$  ( $BL/BC$ ) de cada uno, así como la longitud total del genoma diploide de cada metafase o longitud total del cariotipo ( $LTc=\sum_1^{22}LT$ ).

Para evitar las diferencias que origina el distinto grado de condensación que pueden presentar los cromosomas en las distintas metafases, en cada cariotipo se obtienen los valores relativos de la longitud del brazo largo (%BL), longitud del brazo corto (%BC) y longitud total (%LTc) de los 22 cromosomas o contribución de cada cromosoma a la longitud total del cariotipo. Las medidas relativas permiten la comparación entre cariotipos de la misma o de distintas poblaciones.

Los cariotipos se elaboran manualmente, ordenando y emparejando los cromosomas homólogos teniendo en cuenta las medidas relativas de longitud total del cromosoma (%LTc) y la relación entre sus brazos ( $r$ ). Los cromosomas se ordenan en todas las poblaciones siguiendo el mismo criterio, en relación al tamaño siempre de mayor a menor, teniendo en cuenta que en cromosomas con tamaños muy similares el orden de los mismos se ha asignado en función del índice  $r$ , de tal manera que: i) en los pares cromosómicos de mayor tamaño (cr1-cr4), los pares 2 y 4 presentan los  $r$  más altos; ii) en los pares de tamaño intermedio (cr5-cr8) son los pares 7 y 8 los más submetacéntricos y iii) en los pares más pequeños (cr9-cr11), el par 10 muestra el  $r$  más alto.

#### 3.4.3.1. Análisis de datos

Se obtienen los estadísticos descriptivos de las longitudes absolutas (μm) y relativas (%) de los BL, BC, LT, así como del índice  $r$  de los once pares cromosómicos. Las diferencias entre los %LTc e índice  $r$  obtenidos para los cromosomas homólogos de cada par cromosómico (cr-a y cr-b) son testados previamente utilizando las comparaciones múltiples por pares mediante el procedimiento de Dunn que proporciona el análisis no paramétrico Kruskal-Wallis del programa XLSTAT (2008).

Los idiogramas y medidas cromosómicas de cada taxon se representan en medidas relativas. Se detallan asimismo los valores de longitud absoluta (μm) del genoma de cada población y rango de longitud (pares cromosómicos 1 y 11).



Para la descripción de los cariotipos se adopta la nomenclatura de LEVAN *et al.* (1964). Se define el grado de asimetría del cariotipo de cada taxon según las categorías establecidas por STEBBINS (1971) y ROMERO ZARCO (1986).

Para el análisis comparativo de los cariotipos de los diferentes taxones se parte de la longitud relativa de cada brazo cromosómico (% de la longitud total del genoma). Se elabora un *fenograma de similitud cromosómica* partiendo de una matriz 8x24 donde las filas son los taxones y las columnas son las variables de %LTc y *r* para los once pares cromosómicos y los índices  $A_1$  y  $A_2$  de asimetría intra e intercromosómica (ROMERO ZARCO, 1986).

### 3.5. ORDENACIÓN Y TRATAMIENTO DE LOS DATOS OBTENIDOS. CONFORMACIÓN Y CONFIGURACIÓN DE MATRICES

Se eligen los caracteres a analizar según una serie de biometrías (caracteres o variables cuantitativas) o datos cualitativos según variables vegetativas relacionadas con el hábito de los individuos (talla y porte y hoja) y distintos grupos de caracteres macro y micro-morfológicos reproductivos (flores, frutos y semillas), así como caracteres de Biología Reproductiva alusivos a los sistemas de cruzamiento según los recursos del androceo y gineceo como el *ratio* Polen/Óvulo, que posteriormente se ordenan en una serie de matrices de datos según los niveles de observación (sub-individual, individual y poblacional).

Para el análisis de los datos biométricos se consideran los individuos de las poblaciones naturales y sus correspondientes individuos cultivados (JBCVC) de forma conjunta teniendo en cuenta los niveles infra-individuales y/o individuales según caracteres o variables.

#### 3.5.1. Valoración de los datos y configuración de matrices. Primeros análisis

En este trabajo la mayoría de las variables son cuantitativas continuas (merísticas) aunque puede haber cuantitativas discretas, cualitativas ordinales y a veces también variables nominales binarias de presencia o ausencia.

Los caracteres cuantitativos, en su mayoría son variables continuas de intervalo pero pueden ser también ordinales y discretas. Los cualitativos, unas veces han sido considerados como variables ordinales y otras como discretas o nominales binarias con valores de 1 ó 0 según presencia o ausencia. La *codificación* binaria de presencia o ausencia (1-0) es de las menos discutidas universalmente y además tiene la ventaja de que se puede combinar en muchos análisis con caracteres cuantitativos o cualitativos multiestados ordinales. (SNEATH & SOKAL, 1973; HIDEUX & MAHÉ, 1977; PÉREZ DE PAZ, 1993 y 1998).

Los tamaños muestrales (reflejados en las tablas de muestreos generales) son variables según las poblaciones y suelen superar las 100 tomas aunque en algunos grupos de caracteres son inferiores, pero casi nunca suelen bajar de 35.

Los datos biométricos obtenidos para cada grupo de caracteres en cada población natural de los taxones sujetos de estudio, están ordenados en una serie de *matrices originales* donde se añaden o implementan posteriormente los datos obtenidos de forma cualitativa. En todas estas matrices las columnas corresponden a los caracteres o variables (cuantitativas y cualitativas) y las filas representan los niveles infra-individuales de cada grupo de caracteres y población natural.

De cada una de las variables de la flor, infrutescencia, fruto, semilla, hoja e individuo, por poblaciones y taxon se realiza el cálculo de los *parámetros* descriptivos, la media aritmética ( $m$ ) como valor central, y como medidas de dispersión, la varianza, desviación típica y error estándar ( $E_{ST}$ ), además del rango o valor máximo y mínimo de los caracteres, determinándose el *intervalo de confianza* de la media aritmética con un 95% de certeza o coeficiente de seguridad (Anexo 4.1).

Antes de proceder a los análisis multivariantes, los datos numéricos se someten a las pruebas de distribuciones de frecuencias o test de ajuste para confirmar su naturaleza y pertenencia a distribuciones teóricas de frecuencias, no sólo para justificar la validez de los análisis posteriores, sino también para valorar la representatividad de los muestreos en cada población natural. En cada *grupo* de *caracteres*, los datos obtenidos en cada población natural a niveles infra individuales (flor, fruto, semillas) ordenados en una serie de *matrices originales* han sido testados a las distribuciones teóricas de frecuencias (normal) según los tests de ajuste de Kolmogorov & Smirnov (K-S). Asimismo estos valores infra-individuales, se han sometido a un análisis de varianza ANOVA mediante la prueba paramétrica F-Snedecor o no paramétrica Kruskal-Wallis (Anexo 4.1-Descriptivos-K-S-ANOVA).

En los caracteres considerados mas importantes, los descriptivos se representan gráficamente en ejes cartesianos mediante *diagramas de cajas*, también conocido como test gráfico de Simpson & Roe (VAN DER PLUYM & HIDEUX, 1977; DYTHAM, 2003), empleando el programa STATISTICA. En los diagramas se representa el rango de la muestra, media aritmética e intervalo de confianza basado en el error estándar, cuando el intervalo de confianza es muy pequeño como en las variables discretas cuantitativas y cualitativas, y variables continuas cualitativas se utiliza la desviación estándar.

Las UTOs se disponen en el eje X (abcisas) y los valores métricos de cada carácter se sitúan en el eje Y (ordenadas) de manera que cada línea vertical representa el rango observado, y contiene un rectángulo que representa los límites del intervalo de confianza (valor positivo y negativo) cuyo punto medio o trazo horizontal corresponde a la media aritmética. A menor superposición de los rectángulos, las diferencias entre las medias serán más significativas y viceversa.

En todas las pruebas se ha tenido en cuenta los fundamentos estadísticos adecuados según el tipo de caracteres como se resume en el Capítulo de Introducción (SOKAL & ROHLF 1969; LAMOTTE, 1974; GALINDO VILLARDON, 1984; SIEGEL, 1988; CAMACHO ROSALES, 1995 y 2002; FERNÁNDEZ-PALACIOS & DE LOS SANTOS, 1996).

#### 3.5.1.1. *Matrices de datos y análisis de caracteres*

Se configuran diferentes matrices según los niveles infra-individual, individuo y poblacional.

##### 3.5.1.1.1. *Nivel infra-individual. Matriz de datos (1649 UTOs)*

Todos los caracteres analizados se reúnen en una primera *matriz de datos conjunta* (1649 filas x 153 columnas) donde las filas siguen representando el nivel infra-individual de cada población natural y las columnas los distintos grupos de caracteres (vegetativos, reproductivos de flor, fruto y semillas) dando un total de 153 caracteres.

Para la configuración de esta primera matriz se toma como base el número de FLORES e individuos observados en cada población y la matriz resultante da un total de 1649 filas (UTOs). El resto de los grupos de caracteres (vegetativos, frutos y semillas) se adapta en cada población a este número de filas del nivel sub-individual de flores, de manera que en los casos donde hay mayor número de datos (filas) se eligen las clases más frecuentes del

histograma resultante sin desvirtuar la media aritmética. Por el contrario, cuando no se dispone de datos para el total de filas, a los valores perdidos se le asignan las clases más frecuentes junto con la media aritmética.

Para verificar los ecotipos no fijados genéticamente se testan las biometrías de las flores de los individuos de las poblaciones naturales con las de los individuos cultivados (JBCVC) con un análisis de varianza (ANOVA). Si estos análisis señalan que las diferencias son significativas en cada población, quiere decir que dichos caracteres dependen de las variables ambientales y no existen *ecotipos* fijados genéticamente. Consecuentemente los análisis posteriores multivariantes de cada población, se verifican con los individuos silvestres y los cultivados conjuntamente, toda vez que la variabilidad dependerá de las distintas manifestaciones ambientales.

Por otro lado hay que tener en cuenta que todos los caracteres cualitativos de los pétalos de una flor (cuatro) están considerados como un solo carácter (una columna) que representa la media de los 4 pétalos, para evitar los posibles ruidos debidos al estado fenológico de los pétalos (cambio de color, posición, etc) en el desarrollo de la flor.

El conjunto de datos que representa esta primera *matriz inicial* con 153 caracteres, se somete a un primer análisis de varianza multivariante (MANOVA) representado por el Análisis Discriminante (AD) para verificar una primera aproximación del valor discriminatorio de los distintos caracteres, descartando aquellos caracteres duplicados que son combinación lineal de otros (como por ejemplo los anchos si se eligen los *ratios* largo/ancho) y con menor valor diagnóstico (factor loading < 0.15). Posteriormente, se quitan del análisis caracteres con alta correlación, aunque con precaución porque la alta correlación puede significar la acción de un control morfológico poligénico.

#### 3.5.1.1.2. Nivel individuo. Matriz de datos (351 UTOs)

Los datos de las poblaciones se traspasan a otra matriz donde las filas (UTOs) representan el nivel de *individuo* (351) obtenido a partir de la *media aritmética* de los valores infra-individuales de los caracteres o variables (cuantitativas y cualitativas) de la matriz anterior de 1649 UTOs, excepto en las variables cualitativas de semillas donde se representan los porcentajes de cada forma y distribución ala calculados a partir de la matriz original.

Para verificar el valor discriminatorio de los distintos caracteres en ambos niveles de observación, el conjunto de datos se somete a un Análisis Discriminante (AD) para verificar asimismo el valor discriminatorio de los distintos caracteres, descartándose los de menor valor diagnóstico según los resultados (factor loading < 0.15). Seguidamente, una vez depurados los caracteres, se confrontan los resultados de los niveles infra-individual y de individuo de los AD en relación a los de mayor valor diagnóstico.

Posteriormente a esta matriz de 351 UTOs se le implementan los caracteres *micro-morfológicos* de la flor (18) para testar su valor diagnóstico o discriminatorio, después de verificar que su máxima variabilidad radica a niveles intra-florales o individuales y no dependen del individuo o número de individuos testado.

#### 3.5.1.1.3. Nivel poblacional. Matriz de datos (16 UTOs)

Finalmente los datos del nivel sub-individual de la primera matriz (1649 OTUs) y del nivel individual de la segunda *matriz* (351 OTUs) se traspasan a otra tercera matriz donde los valores de las filas representan el nivel de *población* (16) obtenido mediante la *media aritmética* de los valores individuales, excepto en las variables cualitativas de semillas donde



se representa el porcentaje poblacional de cada forma y distribución del ala obtenido a partir de la matriz original.

Dichas matrices poblacionales con 16 UTOs constituyen el punto de partida de los análisis multivariados (fenogramas, MST, MDS y ACP).

Asimismo partiendo de las matrices poblacionales se llevan a cabo las confrontaciones de los distintos grupos de caracteres (morfométricos, genéticos y geográficos) en el género según diversos Test de Mantel o análisis de correlación entre *matrices de distancia* (genética, taxonómica y geográfica) para determinar la correlación entre ellas en el conjunto de poblaciones de *Parolinia*.

### 3.5.2. Relaciones entre grupos de caracteres o variables. Análisis de correlación

Se llevan a cabo distintos análisis de correlación según los distintos niveles de estructuración de la biodiversidad macro y micro-morfológico-reproductiva y genética.

#### 3.5.2.1. Correlaciones de la biodiversidad morfológica

El total de las 171 variables morfológicas consideradas (153 macro-morfológicas y 18 micro-morfológicas) se someten a un análisis de correlación (Spearman o Pearson) con el fin de identificar las variables con mayores niveles de asociación y detectar posibles asociaciones genéticas co-adaptadas.

#### 3.5.2.2. Correlaciones de la biodiversidad morfológica con las variables implicadas en los sistemas de cruzamiento y eficacia reproductiva

Como ya se ha visto anteriormente (Capítulo II) las variables implicadas en los *sistemas de cruzamiento* incluyen tres caracteres de evaluación *indirecta* según atributos y recursos florales ( $N^{\circ}Grs/FI$ ,  $N^{\circ}Ovus/FI$ ,  $ratio P/O$ ) y 7 de los experimentos de polinización (evaluación *directa*) que incluyen el índice ISI de *incompatibilidad* y *tasa de autogamia S* ( $\% Cics/Infr$ ,  $ISI Frs$ ,  $ISI Ss$ ,  $ISI Frs \times Ss$ ,  $S Karron Frs$ ,  $S Karron Ss$ ,  $S Karron Frs \times Ss$ ).

Asimismo se incluyen las 7 variables implicadas ( $ratio Fr/FI$ ,  $ratio S/O$ , *PERS*, *Peso humedo*, *Peso seco*,  $\% humedad$ ,  $\% germinación$ ,  $\% supervivencia$ , *ORS1*) en la evaluación de la *eficacia reproductiva* de las poblaciones naturales (Capítulo II) o porcentaje de flores que se transforman en *frutos* maduros con *semillas* viables que constituyen la nueva progenie y que conforman el *Éxito Reproductivo Pre-emergente* (PERS), el *Éxito Reproductivo Post-emergente* (PoERS) o porcentajes de germinación de semillas y/o supervivencia de plántulas y el *Éxito Reproductivo Global* (ORS).

#### 3.5.2.1.3. Correlaciones con los indicadores básicos de variabilidad genética

Asimismo se considera la correlación con 9 indicadores básicos de variabilidad genética obtenidos a partir de la técnica de electroforesis de *isoenzimas*, que como se ha visto anteriormente (Capítulo III) estiman la cantidad o niveles de diversidad dentro de las poblaciones y especies. Incluyen el porcentaje de *loci* polimórficos ( $P$ ), el número total de alelos ( $A_T$ ), el  $n^{\circ}$  medio de alelos por *locus* ( $A_l$ ), el  $n^{\circ}$  de alelos exclusivos ( $A_{ex}$ ), la heterocigosidad observada ( $H_o$ ), la heterocigosidad esperada ( $H_e$ ), los genotipos multilocus (GML), la tasa de alogamia ( $t$ ) y el índice de fijación ( $F$ ).

### 3.6. ANÁLISIS MULTIVARIANTE. SISTEMÁTICA Y TAXONOMÍA NUMÉRICA

La *Sistemática* o estudio científico de la BIODIVERSIDAD y de las relaciones entre los seres vivos permite que las clasificaciones dejen de ser meramente descriptivas y dirigen sus objetivos hacia la formulación de hipótesis acerca de las leyes y relaciones del grupo de organismos considerado. Sus fundamentos biológicos según el enfoque y tratamiento de los datos han estado divididos en dos tendencias o filosofías tradicionalmente irreconciliables (CRISCI, 1977; CRISCI & LOPEZ ARMENGOL, 1983): *feneticismo* y *cladismo*. El *feneticismo* (que asume las técnicas del análisis *multivariante* como *taxonomía numérica*) agrupa las distintas entidades taxonómicas según relaciones de similitud evaluada a través de una serie de caracteres o variables constituidos por distintos tipos de datos (generalmente morfométricos, aunque en la actualidad también genético-moleculares). El *cladismo* que tiene como finalidad construir árboles genealógicos o filogenéticos, que implican inferir tendencias evolutivas (polaridad) a los estados de los caracteres considerados, aunque actualmente hay técnicas que lo permiten de forma preliminar sin inferir polaridad.

A diferencia de los análisis univariantes donde se analiza cada variable independientemente, los análisis multivariantes atienden simultáneamente a dos o más variables, razón por la que se les califica como mucho más adecuados para analizar la realidad física y biológica del medio natural y de los seres vivos, en cuya configuración intervienen simultáneamente muchas variables (SNEATH & SOKAL, 1973; CRISCI & LOPEZ ARMENGOL, 1983; EVERITT & DUNN, 2001).

#### 3.6.1. Estadística multivariante, taxonomía numérica

En la *taxonomía numérica* (feneticismo), que asume los fundamentos del análisis *multivariante*, una vez que los datos se ordenan en una *matriz*  $n \times t$  se interpretan posteriormente mediante las diversas técnicas del análisis multivariante, cuya máxima resolución se obtiene en los niveles de jerarquía micro-taxonómica (interespecíficos e infraespecíficos o poblacionales).

Se ha demostrado que las técnicas de agrupación reflejan con mayor fidelidad las relaciones de máxima similitud entre taxones o poblaciones (UTOs). Por el contrario los análisis de ordenación se consideran menos fieles para los grupos muy relacionados, apenas distorsionando las relaciones de poca similitud (CRISCI & LOPEZ ARMENGOL, 1983).

En este trabajo para establecer las relaciones de similitud se llevan a cabo los análisis de datos mediante la aplicación de varios tipos de técnicas para minimizar así los efectos metodológicos, teniendo en cuenta el grado de *congruencia taxonómica* entre los resultados de las distintas técnicas dentro de un mismo o varios niveles de observación. Se emplean como técnicas de *agrupación* los fenogramas y Árboles de Expansión Mínima (MST), y como técnicas de *ordenación* el Análisis de Proximidad (MDS), Análisis Discriminante (AD) y Análisis de Componentes Principales (ACP).

Como evaluación preliminar de las relaciones filogenéticas en los taxones y poblaciones de *Parolinia* se hace una primera valoración mediante la aplicación de los métodos Neighbor-Joining o del vecino más próximo (NJ).

Para la aplicación de todas estas técnicas se han utilizado los programas SPSS, XLSTAT y NTSYS.

### 3.6.2. Relaciones de similitud y técnicas de agrupación: Fenogramas y MST

En los análisis de clasificación en grupos de jerarquía taxonómica (fenogramas), las agrupaciones de UTOs se basan en estimaciones matemáticas según su similitud morfológica determinada por coeficientes de distancia taxonómica o de similitud (SNEATH & SOKAL, 1973) que requieren la previa *estandarización* de los caracteres cuando han sido evaluados por sistemas métricos diferentes.

Los resultados de aplicar los coeficientes de distancia o similitud a la *matriz de datos*, se expresan en otra *matriz simétrica* txt llamada *matriz de distancia* o de *similitud*.

La representación gráfica de dichos *coeficientes* son los FENOGRAMAS que agrupan las distintas entidades formando *grupos* y *subgrupos*, en virtud de distintos criterios de *enlace* entre UTOs (SNEATH & SOKAL, 1973).

i) Uno de los criterios más sencillos, es el del colindante más próximo o *enlace simple*, en él que los dos primeros casos son los de coeficientes más cercanos y la distancia con el tercer caso, sería la mínima con alguno de los que ya forma el grupo, de modo que: la distancia entre dos grupos está determinada por la de sus elementos más cercanos. ii) Otro criterio contrapuesto al primero de los más usados, es el del colindante más lejano o *enlace completo*, en el que la distancia entre los dos primeros integrantes de un grupo ha de seguir siendo la mínima, pero con el tercero o entre dos grupos, la distancia la determinan sus puntos más alejados. iii) Como criterio intermedio y más habitual está el de *enlace medio* no ponderado (UPGMA), en el que se admite una nueva unidad a un grupo con la condición que no baje la media entre la distancia más próxima y la más lejana.

Cuando la representación de las agrupaciones da un orden lineal referido a las UTOs, constituye un análisis tipo Q y cuando está referido a los caracteres, constituye un análisis tipo R (SNEATH & SOKAL, 1973; HIDEUX, 1977).

Las *distorsiones* producidas se estiman por el cálculo del *coeficiente de correlación cofenética*  $r$  (Sokal & Rohlf en CRISCI & LOPEZ ARMENGOL, 1983). Consiste en comparar la *matriz de distancia*, con la *matriz cofenética* calculada a partir del fenograma construido por el NTSYS-pc (ROHLF, 1992). Se consideran tanto más válidos los que superan el 0.7 y no se consideran aceptables los valores menores a 0.5. En este estudio se elige el coeficiente de distancia en base al menor índice de distorsión (distancia Euclidiana) y se procede a la formación de los *fenogramas*, utilizando los métodos de ligamiento medio (UPGMA) y completo.

Asimismo para la representación gráfica de los *coeficientes* de distancia se utiliza el análisis de MST (*Minimum Spanning Tree*) que al mismo tiempo representa una medida de bondad del NTSYS (ROHLF, 1973 y 1975) valorando las distorsiones de las agrupaciones de las UTOs en las gráficas de las técnicas de ordenación (MDS y ACP).

### 3.6.3. Relaciones de similitud y técnicas de ordenación

Los métodos conocidos como *técnicas de ordenación*, permiten reducir las diferencias entre los datos originales de un espacio de  $n$  dimensiones ( $n$  caracteres x  $t$  UTOs) con la mínima pérdida de información.

#### 3.6.3.1. Análisis de Proximidad (MDS)

Constituyen una serie de técnicas que reducen las diferencias entre los datos originales de una matriz de similitud o *distancia* y los transformados de salida o matriz de *proximidad*, ordenándolos en un espacio limitado de dos o más dimensiones (ejes), creando nuevas



coordinadas o puntos. Es un método que analiza la matriz de *proximidad* de un grupo de UTOs a partir de una *matriz de similitud* o distancia. La diferencia entre los datos originales y los de salida, se usa como criterio de bondad para optimizar la ordenación de los grupos (*Stress* o *disparidad* de la representación resultante) cuyo mínimo valor se corresponde con la mejor representación según se aproxime a cero (0):  $\leq 0.05$  (casi perfecto), 0.06-0.10 (excelente), 0.11-0.15 (muy bueno), 0.16-0.20 (bueno), 0.21-0.40 (débil o regular) y  $> 0.40$  (pobre).

Se conocen dos formas o modelos de MDS (CHANDLER & CRISP, 1998): i) *Métrico* (MMDS) que transforma la distancia en disparidad según una función paramétrica absoluta, de *ratio* o intervalo MDS y ii) *No métrico* u *ordinal* (NMMDS) considerado el menos restrictivo y superior incluso a otras técnicas de ordenación como el ACP, que representa espacialmente las observaciones según el orden relativo, que a su vez puede ser *Ordinal I* (cuando las distancias espaciales se corresponden con los coeficientes de distancia) y *Ordinal II* (como el anterior pero considerando idénticas espacialmente las distancias del mismo rango). El modelo *Híbrido* (HMDS) intermedio entre los dos anteriores, se usa generalmente para datos ecológicos.

### 3.6.3.2. Análisis discriminante (AD)

El análisis discriminante (AD) es otra técnica de ordenación que puede considerarse como un tipo de *Análisis Factorial* que permite examinar las diferencias entre dos o más grupos de UTOs empleando un conjunto de *variables discriminantes*.

Matemáticamente el AD es igual al análisis de varianza multivariante de un factor (MANOVA). La diferencia radica en que el AD pone mayor énfasis y atención en como se definen los grupos de *variables discriminantes* y los FACTORES, *dimensiones* o *ejes* donde se diferencian los taxones, mientras que en MANOVA la variable de grupo es la variable independiente (cualitativa) y las *variables discriminantes* se consideran como variables dependientes (CAMACHO ROSALES, 1995).

Los objetivos principales de este análisis están en: 1º) Determinar la combinación de *variables discriminantes* que maximiza la *diferencia* entre los *grupos previamente establecidos* y 2º) Predecir la pertenencia a un grupo según las *variables discriminantes*.

El objetivo principal de este análisis es encontrar las *dimensiones* o *ejes* que separan al máximo los grupos, que a su vez dependerá de la buena *selección* de los *grupos* y de las *variables*. Se llama *funciones discriminantes* (FACTORES) a las combinaciones lineales de las variables que definen las diferencias entre los grupos según las dimensiones (factores o ejes).

Cuando existe un gran número de variables, el AD se emplea desde un punto de vista básicamente exploratorio para elegir las variables con mayor valor diagnóstico o discriminante.

Este análisis tiene la ventaja de no ser particularmente sensible a la violación del supuesto de normalidad y permite el empleo de algunas variables cualitativas nominales. Cuando mayor es el tamaño de los grupos, menor ha de ser la preocupación por la robustez del procedimiento.

Los principales pasos del AD se resumen en: 1º) Selección de variables; 2º) Significación de los FACTORES o funciones discriminantes (existencia de diferencias significativas entre los grupos cuya significación se halla por el *estadístico de Bartlett* y la significación para cada variable se obtiene por la *F de Snedecor* con el valor de la *lambda* de cada variable; 3º) Interpretación de los FACTORES o *funciones discriminantes* (número de factores o funciones significativas y 4º) Interpretación de los grupos en el espacio discriminante.

### 3.6.3.3. Análisis de Componentes Principales (ACP)

Entre las modalidades más empleadas en las técnicas *de ordenación* se encuentra el *análisis factorial*, que para variables discretas se denomina *análisis factorial* de correspondencias y para variables continuas, *Análisis de Componentes Principales* (HILL & SMITH, 1976; HIDEUX, 1977; CRISCI & LOPEZ ARMENGOL, 1983; LAGARDE, 1983). Estos métodos siguen el camino de las técnicas R que parten de una *matriz de similitud* entre caracteres, pero la representación gráfica final se refiere a relaciones entre UTOs, como las técnicas Q. A partir de la *matriz de datos*, se puede generar pues, gráficas de UTOs o de caracteres en planos constituidos por dos o tres de los cinco primeros Ejes Factoriales o vectores ya que se considera que la información de los tres primeros ejes es suficiente.

El *Análisis de Componentes Principales* (ACP) es una de las modalidades más conocidas del análisis factorial. Es un método de ordenación que representa relaciones entre grupos de caracteres o variables, supuestamente relacionadas por un número pequeño de *factores* relativamente independientes, pero no directamente observables. El objetivo es obtener estos *factores* subterráneos que explican *correlaciones* entre los caracteres utilizados, y al mismo tiempo informan de la contribución de los mismos a cada factor. Se han de destacar tres etapas:

1ª) Cálculo de la *matriz de correlación* para los caracteres a partir de la *matriz de datos*.

2ª) *Extracción de los Factores* necesarios para explicar el modelo de correlación utilizando el *Análisis de Componentes Principales* (ACP), en el que se llama *componente principal* al factor cuya combinación lineal de caracteres representa la mayor variabilidad de la muestra; el *segundo componente principal*, no correlacionado con el primero se interpreta independientemente y se refiere al factor que informa de la siguiente varianza; el tercero igual, y así sucesivamente.

La denominación de *eigenvalor* o *raíz latente*, se refiere a la varianza que explica cada factor o componente principal y que representa el sumatorio de las varianzas de cada uno de los caracteres de ese factor y es diferente en cada uno de los factores. Para decidir el número de factores que representan los datos, se evalúan los *eigenvalue* de valor  $>1$  por representar una varianza superior a la de los caracteres.

3ª) La tercera fase se refiere a la distribución espacial y *rotación* (XLSTAT) y/o *proyección* (NTSYS) que tiene como finalidad la transformación de los *Factores* en *Ejes* para hacerlos interpretables. Su objetivo es transformar las matrices de correlación en otras más fáciles de interpretar admitiendo varios modelos de rotación.

La *proyección* de las UTOs en el espacio usa los valores o pesos de los caracteres en cada factor (*Factor loading*) para calcular las *posiciones* de las UTOs según los tres primeros componentes (matriz de proyección del NTSYS o *Factor Score* y matriz de coordenadas en el XLSTAT 8.0) que se pueden representar *gráficamente* tanto en un espacio bidimensional como tridimensional.

En la *rotación ortogonal*, cuando los ejes factoriales se mantienen en ángulos rectos, se considera que los factores no están correlacionados, se interpretan independientemente y se simplifican los coeficientes (pesos) observando un incremento de *pesos* grandes y pequeños, de manera que algunos caracteres resultan más relacionados con los factores.

Esta rotación emplea varios algoritmos, pero se destaca solo el más común o método *varimax* que minimiza el número de caracteres con pesos altos para facilitar la interpretabilidad de los factores.

La disposición espacial de las UTOs muestra el valor discriminatorio de cada factor, eje o componente.

Como medida de *distorsión*, se calcula el *Coefficiente de Correlación Cofenético "r"* por el programa NTSYS, calculando la distancia Euclidiana de la matriz de Proyección (entre UTOs) que se compara con la correspondiente *Matriz de Distancia* entre pares de UTOs.

### 3.6.4. Relaciones filogenéticas preliminares de los taxones y poblaciones. Método Neighbor-Joining

Este método del *vecino más próximo* (NJ) fue propuesto y desarrollado por SAITOU & NEI (1987) para estimar árboles filogenéticos a partir de una matriz de distancias uniendo las UTOs más cercanas (vecinos) que unidas secuencialmente minimiza la longitud total del árbol. El algoritmo se parece a la parsimonia o *distance Wagner* (FARRIS, 1972).

Procedimiento: **1º.** Se calcula una nueva matriz de distancias (HTUs) donde cada HTU representa la UTO original (método *unweighted* de GASCUEL, 1997), escogiendo como primeros vecinos (*nodo interno*) al par de HTUs con el menor valor (más negativos). El nuevo nodo se forma estimando la *longitud de las ramas* que lo unen al *nodo interno* y HTUs restantes. El *algoritmo NJ* estima la longitud de cada *rama* pudiendo considerar valores *negativos* que pueden dar lugar a longitudes cero y árboles con ramas desiguales (en los cuales las distancias no tienen por qué ser *ultramétricas*). **4º.** Se estiman secuencialmente las distancias del nodo interno al resto de HTUs. **5º.** Se inicia de nuevo el proceso pero se reduce en 1 el número total de HTUs considerado hasta que se termine. El programa NTSYS produce *gráficas sin rotación* aunque proporciona métodos alternativos para rotar los árboles:

- MIDPOINT. Es el método más apropiado cuando el grupo de organismos asume una divergencia con igual *ratio* evolutivo a partir de un ancestro común.

- OUTGROUP. Por este método en el que se designa una UTH como *outgroup del resto*, el programa sitúa la raíz (*root*) u origen en el punto medio que une la rama del *outgroup* al resto de las UTOs.

Entre las ventajas: **1ª.** Método rápido. **2ª.** Puede manipular un gran número de OTU's. **3ª.** No requiere un tasa evolución constante entre los OTU's, la matriz de sustitución no tiene que tener distancias ultramétricas. Entre las DESVENTAJAS: **4º.** La información de las uniones secuenciales es reducida, produciendo solo un árbol posible fuertemente dependiente del modelo de evolución usado y las distancias entre dos OTUs deben tener en cuenta a las demás (cumplir la 4ª condición).

### 3.6.5. Comparación de matrices o niveles estructurales de las poblaciones naturales

Para un grupo de muestras determinado, representado en este caso por las poblaciones naturales de las especies de *Parolinia*, la comparación de dos matrices que representan dos grupos de caracteres especialmente implicados en un grupo taxonómico, puede constituir un test capaz de generar algunas hipótesis acerca de la relación entre los grupos de caracteres implicados en cada matriz. Estos métodos también pueden evaluar las distorsiones (robustez o bondad) producidas por las diversas técnicas multivariantes empleadas (STUESSY, 2003; CRISCI, 2006 a, b).

#### 3.6.5.1. Pruebas de robustez de los análisis multivariantes

3.6.5.1.1. *Fenogramas*. Las distorsiones producidas por estas técnicas de agrupación se estiman por el cálculo del coeficiente de *correlación cofenética r* (Sokal & Rohlf en



CRISCI & LOPEZ ARMENGOL, 1983) que consiste en comparar la matriz de distancia taxonómica con la matriz cofenética calculada a partir del fenograma construido.

3.6.5.1.2. *ACP*. Como medida de distorsión, se calcula la distancia euclidiana entre UTOs a partir de la matriz de proyección o *factor score* (coordenadas de las observaciones o UTOs) que se compara posteriormente con la matriz de distancia inicial entre UTOs, por el cálculo del coeficiente  $r$  de correlación cofenético (ROHLF, 1988).

No se consideran aceptables los valores de  $r$  por debajo de 0.5 y se consideran tanto más válidos los que superan el 0.7.

### 3.6.5.2. *Test de Mantel. Comparación de grupos de caracteres*

Para valorar el grado de relación entre las dos matrices o dos grupos de caracteres, no son posibles los test clásicos de análisis de correlación (paramétricos y no paramétricos) toda vez que los valores al menos de una de las matrices (distancia genética o taxonómica) no son absolutamente independientes, violando las condiciones de aplicación de los mismos.

Se usan entonces los test de permutación de datos que reordenan o redistribuyen los datos de una de las matrices según un determinado número de permutaciones calculando luego un estadístico según el coeficiente de correlación de Pearson (variables normales) o de Spearman (variables ordinales) entre las dos matrices. Los valores de  $p$  consideran todas las permutaciones de las filas y columnas (de una de las dos matrices) bajo la hipótesis nula  $H_0$  (que presupone la no correlación ó  $r=0$ ) en la que cada permutación tiene la misma probabilidad. Cuando  $n>10$  el cálculo del estadístico se hace imposible para todas las permutaciones y entonces se toma para un  $n^\circ$  de permutaciones al azar, tanto más preciso cuanto mayor sea. El cálculo del estadístico  $Z$  de Mantel considera como  $H_0$  que no hay correlación ( $r=0$ ). Si  $p<0.05$  ( $\alpha$ ) se rechaza  $H_0$  y hay correlación entre las dos matrices o grupos de caracteres.

El uso del llamado test de Mantel parcial, que contempla la correlación simultánea con una tercera matriz o grupo de caracteres, no se considera correcto porque los valores de  $p$  no indican la posibilidad de cometer un error tipo I de rechazar la  $H_0$  verdadera (RAUFASTE & ROUSSET, 2001).

### 3.6.6. **Taxonomía numérica, congruencia taxonómica y niveles estructurales**

El concepto de *congruencia taxonómica* se refiere al grado de correspondencia entre los resultados de las distintas técnicas empleadas o distintas clasificaciones relativas al mismo grupo de organismos. Surge ante la necesidad de investigar las causas de las diferencias entre ellas después del análisis de los distintos grupos de caracteres (niveles estructurales) que debieran resolver las "mismas agrupaciones taxonómicas" (CRISCI & LOPEZ ARMENGOL, 1983; STUESSY, 2003; CRISCI, 2006 a, b).

Para la técnicas fenéticas, se han determinado dos tipos de causas de incongruencia, biológicas y metodológicas. Esto quiere decir que las incongruencias que se producen en los resultados finales, se deben por un lado, a posibles fenómenos biológicos como la plasticidad fenotípica, mutaciones somáticas, diferentes presiones de selección, evolución en mosaico, velocidades de evolución diferentes en caracteres distintos y otros. Por otro lado, también se contempla que las alteraciones se pueden introducir en alguno de los pasos de las técnicas empleadas.

Con respecto a la taxonomía clásica, las técnicas numéricas se consideran más objetivas, aunque en términos absolutos tal objetividad no exista dada la ineludible intervención de la

subjetividad en pasos claves como, elección de UTOs y caracteres, codificación de los mismos, etc. Aún así, como ventajas de dichas técnicas se debe señalar la exigencia de una observación minuciosa, definición clara de los caracteres, interpretación de los resultados como generadores de hipótesis, planteando nuevos problemas o replanteando los viejos con otro enfoque, y como de las más importantes, la clasificación obtenida como prueba fácilmente repetible por la precisión en los pasos taxonómicos.

### **3.6.7. Tiempos de divergencia. Relaciones teóricas entre la distancia genética, distancia taxonómica y el tiempo evolutivo de ambas.**

De la misma manera que para los datos aloenzimáticos (Capítulo III), se puede estimar el *tiempo de divergencia* ( $t$ ) o *tiempo evolutivo* a partir de la *distancia taxonómica* ( $D_T$ ) entre poblaciones obtenida de los caracteres morfológicos, partiendo de la tasa de mutación espontánea ( $\alpha$ ) de los caracteres métricos o cuantitativos, estimada en 1/1000 ( $\alpha=10^{-3}$ ) por generación (BARRET & KOHN, 1991). Tomando como punto de partida la ecuación de NEI (1987):  $t= D_T/2\alpha =D_T \times 1000/2= 500 \times D_T$ .



## CAPÍTULO IV



## Resultados

## 4. RESULTADOS

---

En los análisis de los distintos NIVELES DE BIODIVERSIDAD MORFOLÓGICA de las especies de *Parolinia*, se integran los estudios de biodiversidad macro y micro-morfológica y Biología Reproductiva con el fin de identificar *micro-marcadores morfológico-reproductivos* que “discriminen” a las especies y ayuden a evaluar los niveles de biodiversidad de las especies más restringidas frente a las más ampliamente distribuidas.

### 4.1. ANÁLISIS DE CARACTERES MORFOLÓGICOS Y CORRELACIONES

Antes de proceder a los análisis multivariantes, los datos numéricos de cada *grupo* de *caracteres* se someten a las pruebas de distribuciones de frecuencias o test de ajuste para confirmar su naturaleza o pertenencia a distribuciones teóricas de frecuencias y verificar cuando hay diferencias significativas entre las medias de los distintos grupos (ANOVA). Estas pruebas no sólo justifican la validez de los análisis posteriores, sino que también valoran la representatividad de los muestreos en cada población y pueden verificar la presencia de *ecotipos* no fijados genéticamente. En teoría los *análisis de correlación* además de permitir la identificación de las variables especialmente correlacionadas con mayores niveles de asociación, como posibles asociaciones genéticas co-adaptadas, señalarían al mismo tiempo, los caracteres que se podrían eliminar del análisis multivariante (PERNY, TRIBSCH, STUESSY & MARHOLD, 2005).

Se consideran 171 caracteres morfológicos vegetativos y reproductivos que se encuentran más implicados en la evaluación de los niveles de biodiversidad y discriminación de los taxones y poblaciones del género *Parolinia*. Los caracteres macro y micro morfológicos incluyen generalmente variables cuantitativas (continuas y discretas) y en algunos casos variables cualitativas ordinales (continuas) y también discretas.

Las 24 variables VEGETATIVAS incluyen aspectos relacionados con el *porte de los individuos* (altura, diámetros y ramificaciones) y con las *hojas* (longitud y ratios). Las 129 variables REPRODUCTIVAS incluyen 51 caracteres para la FLOR (apertura, diámetros, orificio, sépalos, pétalos (con 11 variables cualitativas), 22 para el androceo (filamentos y anteras dehiscentes) y gineceo (estigma, estilo y ovario). Para la infrutescencia y fruto o SILICUA, de los 35 caracteres analizados, 33 pertenecen a la *silicua* (valvas, cuernos o astas y divisiones de los mismos). En las SEMILLAS con 10 caracteres en total se consideran cuatro variables cualitativas. Los 18 MICRO-CARACTERES incluyen 6 variables métricas para el androceo (talla polínica y anteras indehiscentes), tres para los *recursos del androceo* (número de granos por antera lateral, antera media y flor) y una para los *recursos del gineceo* (número de óvulos). En el gineceo los caracteres de las *papilas estigmáticas* incluyen una variable cuantitativa y 6 cualitativas binarias de ausencia-presencia (discretas).

#### 4.1.1. Pruebas de ajuste y análisis de varianza

En cada *grupo* de *caracteres*, los datos obtenidos en cada población natural a niveles infra individuales (flor, fruto, semillas) ordenados en una serie de *matrices originales* han sido testados a las distribuciones teóricas de frecuencias (normal) según el test K-S. Asimismo estos valores infra-individuales, se han sometido a un análisis de varianza ANOVA (Anexo 4.1).



#### 4.1.1.1. Test de Kolmogorov & Smirnov (K-S)

Los resultados de este test se expresan en las Tablas del Anexo 4.1. En ellas se puede observar que los valores del test que señalan ajuste a una curva normal, corresponden a poblaciones cuyo rango supera tres clases de valores, o no superando las tres clases, sus respectivas frecuencias extremas han superado asimismo valores superiores a tres. En los casos excepcionales en los que una variable no se ajusta a una distribución normal en alguna población, se considera que es debido a distorsiones o ruidos introducidos en la toma de muestras ya que los mismos datos se ajustan para la mayoría de las poblaciones. Posteriormente, en los análisis multivariantes, se tratan como si siguieran una distribución normal.

#### 4.1.1.2. Análisis de varianza paramétrico (ANOVA) y no paramétrico (K-W)

La diferencia significativa entre las medias de los distintos grupos o niveles, infra e individual se lleva a cabo con un *análisis de varianza* de un solo factor (ANOVA). Cuando el valor obtenido  $>\alpha$  (grados de libertad y nivel de significación) se rechaza la  $H_0$  que postula que las *varianzas de los grupos no son significativamente y estadísticamente* diferentes (Anexo 4.1).

Se han testado las biometrías de la flor de los individuos de las poblaciones naturales en relación a los valores biométricos de los individuos cultivados (JBCVC) con un análisis de varianza (ANOVA). Como estos análisis señalan que las diferencias son significativas en cada población, quiere decir que dichos caracteres dependen de las variables ambientales y por tanto no existen *ecotipos* fijados genéticamente. Consecuentemente los análisis posteriores multivariantes de cada población, se verificarán con los individuos silvestres y los cultivados conjuntamente, toda vez que la variabilidad dependerá de las distintas manifestaciones ambientales.

### 4.1.2. Correlaciones de la biodiversidad macro y micro-morfológica

En este análisis de correlación se consideran los 171 caracteres morfológicos (vegetativos y reproductivos) que se encuentran más implicados en la evaluación de los niveles de biodiversidad de los taxones y poblaciones del género *Parolinia*. En la flor se han incluido los caracteres implicados en los recursos del androceo y gineceo (evaluación indirecta de los *sistemas de cruzamiento*) como la talla de las *anteras indehiscentes* (medias y laterales), *número de granos de polen*, *número de óvulos*, *ratio P/O* y *talla polínica* y otros atributos florales ya contemplados parcialmente en el capítulo II (*sépalos*, *pétalos*, *anteras* y *ovario*) junto con caracteres *micro-morfológicos* de las *papilas estigmáticas*.

Los resultados del análisis de correlación (Spearman) entre las variables de biodiversidad morfológica, se muestran por grupos de caracteres (Anexo 4.1). Solamente se han considerado importantes los coeficientes ( $r$ ) que superan el 0.7 con alguna excepción en el nivel de significación  $\alpha=0.05$  y se representan gráficamente en el texto.

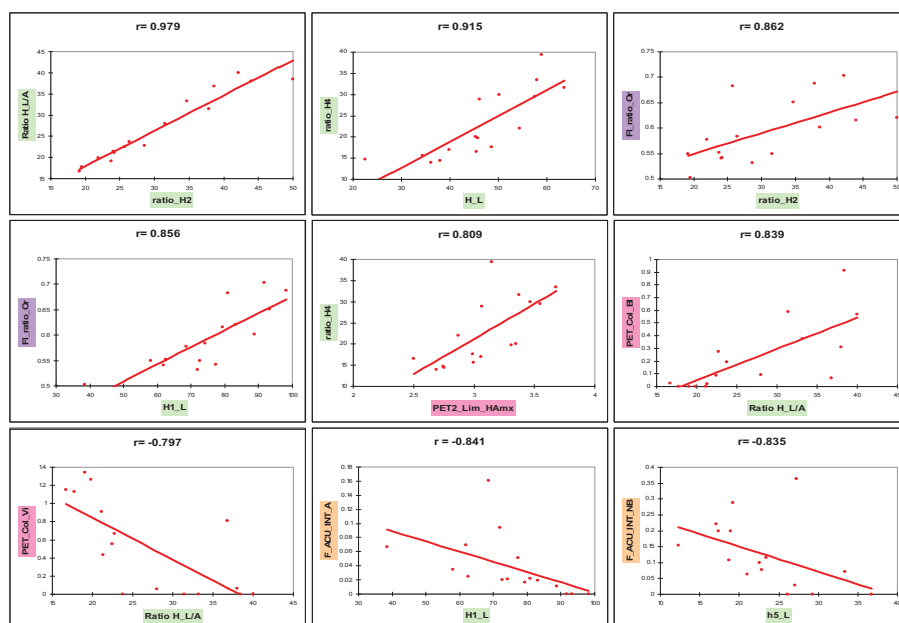
#### 4.1.2.1. Correlaciones de los caracteres vegetativos (porte de los individuos y hojas)

De los 7 caracteres vegetativos considerados, merece destacar la fuerte correlación entre los *ratio longitud/ancho (L/A) de las hojas* ( $r=0.979$ ).

Los dos *diámetros de los individuos*, que no se correlacionan con la altura (quizás porque también dependen de la edad de los mismos) lo están fuertemente con el número de *tallos basales* ( $r=0.797$ ). También merece destacar la correlación positiva de la *altura máxima de los individuos* con la altura de la *primera ramificación* ( $r=0.718$ ).

Los dos *diámetros de los individuos*, que no se correlacionan con la altura (quizás porque también dependen de la edad de los individuos) lo están fuertemente con el número de *tallos basales* ( $r=0.797$ ). También merece destacar la correlación positiva de la *altura máxima de los individuos* con la *altura de la primera ramificación* ( $r=0.718$ ).

La *longitud de las hojas* está altamente correlacionada con los *ratio L/A* ( $r=0.900-0.706$ ) pero no con los anchos que solo se correlacionan fuertemente entre sí ( $r=0.953-0.788$ ).



#### - Caracteres vegetativos y flor

El *diámetro de los individuos* se encuentra significativamente correlacionado con los *diámetros de la flor* ( $r=0.726, 0.712$ ), *del orificio floral* ( $r=0.7$ ) y *pétalos (ancho del limbo)* ( $r=0.680$ ). Merece destacar las correlaciones entre el *ratio* y *longitud* de las *hojas* con el *orificio floral* ( $r=0.862, r=0.856$ ), con la *forma o altura del ancho máximo del limbo* ( $r=0.809$ ), *pétalos blancos* ( $r=0.839$ ) y *negativa con los violetas* ( $r=-0.797$ ).

#### - Caracteres vegetativos, fruto o silicua y semillas

El *diámetro de los individuos* se encuentra significativamente correlacionado (negativamente) con la *longitud de los apéndices de los cuernos* ( $r=-0.715, -0.762$ ).

La *longitud y ratios de las hojas* con el *largo y ancho de los apéndices de las astas* ( $r=-0.841, r=-0.823$  y  $-0.814$ ), *número de divisiones terminales* ( $r=-0.815, r=-0.804$  y  $-0.835, r=-0.815$ ) y *ángulo de los cuernos o astas* ( $r=-0.788$ ).

#### - Caracteres vegetativos, micro-caracteres de la flor, fruto y semillas

Los *caracteres vegetativos* no presentan ninguna correlación destacable con los *micro-caracteres* de la flor ni con los *caracteres del fruto y semillas*.

#### 4.1.2.2. Correlaciones de los caracteres de la flor

Además de las correlaciones de los *caracteres vegetativos* y la flor, destacan como asociaciones más fuertes, las de los *SÉPALOS: longitud y forma o altura del ancho máximo* ( $r=0.994-0.968$ ) y *PÉTALOS* ( $r=0.971-0.938$ ) con la *longitud de la uña* (que concuerda justamente con el *largo del sépalo* (Fig.4.4) más que con la *longitud total* ( $r=0.926-0.906$ ).

- La *apertura floral* o *ángulo de los sépalos* se encuentra fuertemente correlacionada con el *ratio Pétalo/Sépalo* ( $r=0.944$ ) o *porción visible de los pétalos (limbo)* y *negativamente*

con los *sépalos* ( $r=-0.874$  y  $-0.818$ ), *pétalos* ( $r=-0.841$ ), *pétalos acanalados* ( $r=-0.800$ ), *anteras dehiscentes* ( $r=-0.953$  y  $-0.918$ ) y con el *ancho del estigma* ( $r=-0.821$ ).

- El **diámetro de la flor** está correlacionado con el *orificio* ( $r= 0.841- 0.835$ ) y con el *ancho del limbo* de los *pétalos* ( $r=0.888-0.853$ ).

- Las biometrías de los **sépalos** (longitud, ancho y forma) están fuertemente correlacionadas con la de los *pétalos* principalmente con la *uña*, *pétalos revolutos* ( $r=0.929-0.902$ ), longitud de *anteras dehiscentes* ( $r=0.947-0.700$ ) y con las biometrías del *estigma* sobretodo con el ancho ( $r=0.906-0.812$ ). Negativamente con el limbo o *ratio Pétalo/Sépalo* ( $r=-0.874$  y  $-0.803$ ).

- En las biometrías de los **pétalos**, la mayor correlación se alcanza entre las *uñas* y *sépalos*. La *longitud de los pétalos* está más altamente correlacionada con los *pétalos revolutos* ( $r=0.827-0.782$ ), *filamentos estaminales* ( $r=0.929-0.859$ ), *ovario* ( $r=0.815$ ) y con el *estigma* más con el alto ( $r=0.826$ ) que con el ancho ( $r=0.779$ ) al revés de los *sépalos*.

Entre las variables cualitativas de los *pétalos* destacan las correlaciones de naturaleza (*ondulada*, *acanalada* y *revoluta*) donde los *pétalos ondulados* se desmarcan de los *acanalados* y *revolutos*. Mientras los *ondulados* se correlacionan negativamente con las *anteras dehiscentes* ( $r=-0.809$ ), los *acanalados* y *revolutos* se correlacionan positivamente ( $r=0.818$  y  $0.821$ ). Los *revolutos* a su vez se correlacionan fuertemente con el ancho del *estigma* ( $r= 0.859$ ) más que con el largo ( $r=0.822$ ) como los *sépalos*.

- El *ratio Pétalo/Sépalo* (parte visible del pétalo o limbo) se observa más altamente correlacionado con los *sépalos* y *uña* ( $r=-0.850$  y  $-0.806$ ) que con los *pétalos* ( $r=-0.650$ ). Se correlaciona positivamente con los *pétalos ondulados* ( $r=0.797$ ) y negativamente con los *acanalados* y *revolutos* ( $r=-0.779$  y  $-0.776$ ).

- Las **anteras dehiscentes** están más fuertemente correlacionadas (negativamente) con el *ratio Pétalo/Sépalo* ( $r=-0.959$  y  $-0.903$ ) y *apertura floral* que con los *sépalos* y *uña* (positivamente), *pétalos ondulados*, *revolutos* y *acanalados* (ya mencionadas) y con el *estigma* ( $r=0.853-0.774$ ).

- El **estigma** se correlaciona fuertemente con la *apertura floral*, biometrías de los *sépalos* (principalmente el ancho) y longitud de los *pétalos* (principalmente el alto). El ancho más con los *pétalos revolutos* y *anteras dehiscentes*, todos ya mencionados. Negativamente con el *ratio Pétalo/ Sépalo* ( $r=-0.788$ ) y *anteras dehiscentes*.

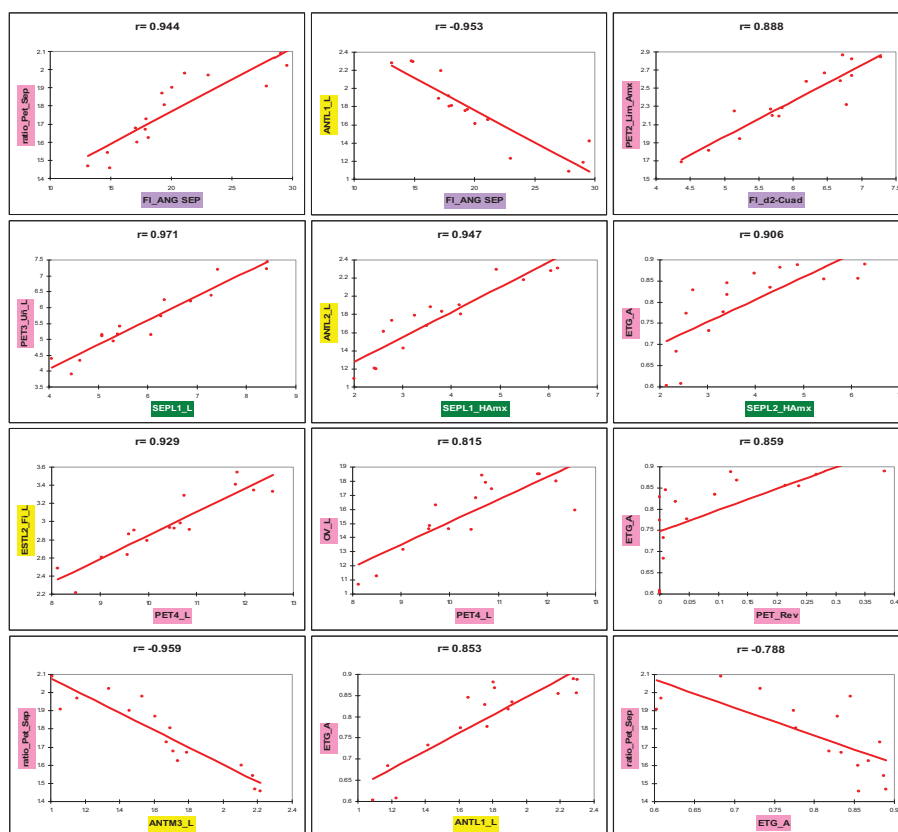
Estas correlaciones ponen de manifiesto que las poblaciones de *flores más abiertas* tienen los *sépalos*, *pétalos* y *anteras* más cortos, los *estigmas* más estrechos y los *pétalos* más amplios y *ondulados*; estas poblaciones de flores más abiertas suelen tener *limbos* más largos y sobresalientes, *cálices*, *uñas* y *anteras* más cortas, presentando generalmente los orificios florales mayores. Las poblaciones de *flores más cerradas* con los *cálices* y *uñas* más largos suelen tener los *pétalos* más largos y *acanalados* o poco sobresalientes y/o *revolutos*, *anteras* más largas y *estigmas* más anchos. Suelen albergar también filamentos estaminales y ovario más largos.

- *Caracteres de la flor y recursos del androceo y gineceo*

Entre estos dos grupos de caracteres hay que destacar las más altas correlaciones entre la *apertura floral* con el *número de granos por flor* ( $r=-0.947$ ) y la de la altura del ancho máximo de los *sépalos* (forma) con el *número de granos por antera* ( $r=0.941$ ). Las poblaciones con flores más abiertas tienen *anteras indehiscentes* más cortas y menos pólenes. Las de *anteras* más largas tienen más pólenes, *cálices* mayores, más óvulos y papilas más largas.

La **apertura de la flor** está fuertemente correlacionada negativamente con el  $n^\circ$  de granos por flor y antera ( $r=-0.947$  y  $-0.888$ ),  $n^\circ$  de óvulos ( $r=-0.842$ ) y con el largo de las anteras indehiscentes ( $r=-0.815$  y  $0.812$ ).

La longitud de los **sépalos** se correlaciona fuertemente con el  $n^\circ$  de granos por antera y por flor ( $r=0.929$  y  $0.900$ ) así como con el  $n^\circ$  de óvulos ( $r=0.838$ ), longitud de anteras indehiscentes ( $r=0.876$ ) y de las papilas estigmáticas ( $r=0.812$ ). La forma de los sépalos (altura del ancho máximo) se correlaciona fuertemente con el  $n^\circ$  de granos por antera y flor ( $r=0.941$  y  $0.909$ ),  $n^\circ$  de óvulos ( $r=0.837$ ), longitud de anteras indehiscentes ( $r=0.874$ ) y de las papilas ( $r=0.826$ ). El ancho máximo de los sépalos, también está correlacionado positivamente con el  $n^\circ$  de granos por antera y flor ( $r=0.868$  y  $0.850$ ) y  $n^\circ$  de óvulos ( $r=0.831$ ).



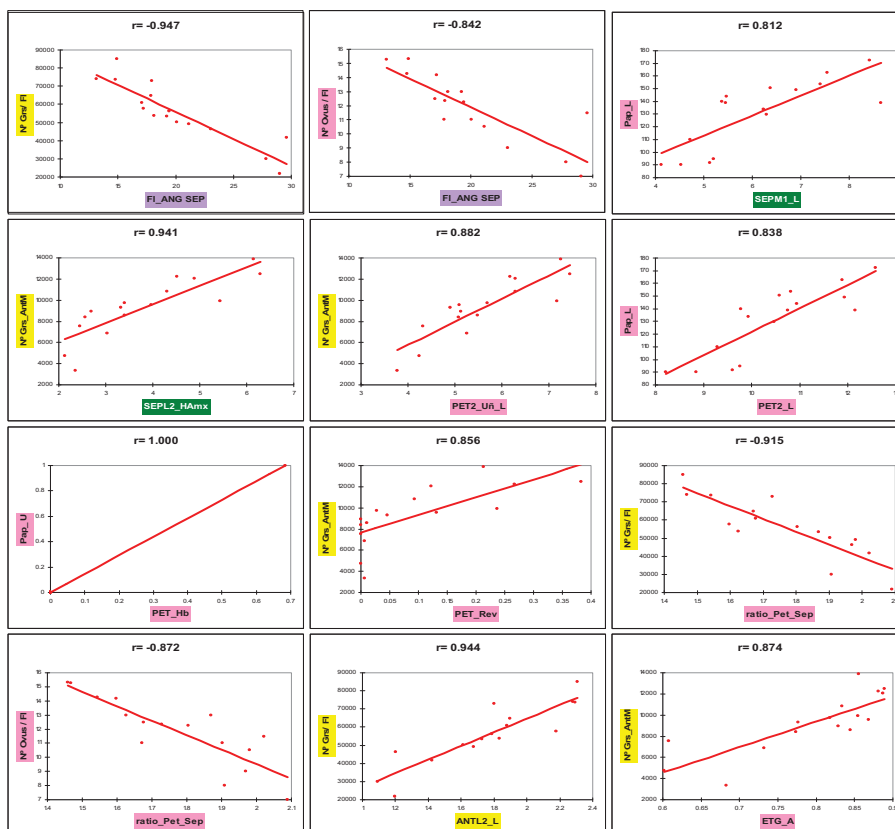
En las biometrías de los **pétalos**, la uña, está más fuertemente correlacionada con el  $n^\circ$  de granos de polen por antera y flor ( $r=0.882$  y  $0.859$ ) que la longitud total y también más fuertemente correlacionada con las anteras indehiscentes ( $r=0.879$ ) y número de óvulos por flor ( $r=0.789$ ). La longitud total de los pétalos está más fuertemente correlacionada con las papilas estigmáticas ( $r=0.838$ ). Caracteres cualitativos como los pétalos horizontal bajos están fuertemente correlacionados con la forma U de papilas estigmáticas ( $r=1.000$ ). Los pétalos acanalados alcanzan la más alta correlación con las anteras indehiscentes ( $r=0.794$ ) y los revolutos con el número de pólenes por antera y flor ( $r=0.856$  y  $r=0.804$ ) y número de óvulos ( $r=0.706$ ).

El ratio **pétalo/sépalos (limbo)** alcanza la más alta correlación (negativa) con el  $n^\circ$  de granos por antera y flor ( $r=-0.912$  y  $-0.915$ ),  $n^\circ$  de óvulos ( $r=-0.872$ ) y longitud de las anteras indehiscentes ( $r=-0.791$ ).



Las **anteras dehiscentes** están fuertemente correlacionadas con el número de granos por antera y flor ( $r=0.944-0.941$ ), **anteras indehiscentes** ( $r=0.891-0.841$ ),  $n^\circ$  de óvulos ( $r=0.890-0.866$ ) y con la longitud de las **papilas estigmáticas** ( $r=0.756$ ).

El **estigma** (generalmente el ancho) alcanza las más fuertes correlaciones con los **óvulos por flor** ( $r=0.838$ ) y **pólenes por antera y flor** ( $r=0.874-0.829$ ).



- Caracteres de la flor, fruto y semillas

En las relaciones de la flor con las **silicuas** hay que destacar la fuerte correlación (negativa) entre el **ratio del orificio floral** con la presencia de **apéndice intermedio en los cuernos** y **ángulo-2** ( $r=-0.811$  y  $-0.829$ ), la **apertura floral** con la **talla de los cuerno** ( $r=-0.618$  y  $r=-0.671$ ), el **ancho de los sépalos** con el **de los cuernos** ( $r=0.868-0.782$ ) y del **apéndice mayor** ( $r=0.797$ ). La forma de los **pétalos** (limbo) **negativamente** con las **divisiones de los cuernos** ( $r=-0.780$ ) y **pedúnculo del fruto** ( $r=0.771$ ).

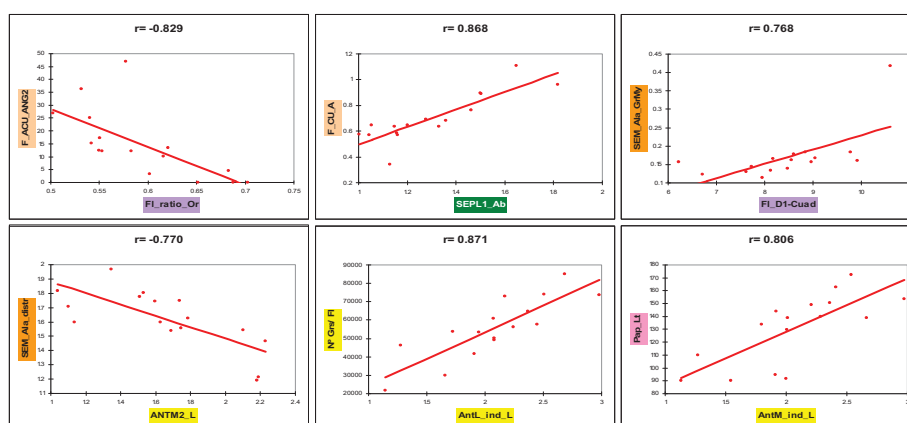
En las relaciones de la **flor** con las **semillas** merece destacar el **diámetro mayor de la flor** que está fuertemente correlacionado con el **ancho mayor del ala de las semillas** ( $r=0.768$ ).

Asimismo la **apertura floral** con el **contorno del ala** ( $0.718$ ) y **negativamente** con las **semillas cuadradas** ( $r=-0.618$ ). Los **sépalos** están correlacionados **positivamente** con las **semillas cuadradas** ( $r=0.700$ ) y **negativamente** con el **ratio de las semillas** y **contorno del ala** ( $r=-0.644$  y  $-0.690$ ). El **ancho de los pétalos** se correlaciona **positivamente** con el **grosor mayor del ala** ( $r=0.744$ ), con la **talla de las semillas** ( $r=0.632$ ) y los **pétalos ondulados** **negativamente** con las **semillas cuadradas** ( $r=-0.650$ ).

El **ratio Pétalo/Sépalo** (limbo) se correlaciona **positivamente** con el **contorno del ala** ( $r=0.759$ ), con la **talla de las semillas** ( $r=0.529$ ) y **negativamente** con las **semillas cuadradas** ( $r=-0.591$ ). La **longitud de las anteras dehiscentes** se correlaciona **negativamente** con el **contorno del ala de las semillas** ( $r=-0.770$ ) y **positivamente** con las **semillas cuadradas** ( $0.653$ ).

#### 4.1.2.3. Correlaciones de los recursos del Androceo y Gineceo

Además de la máxima correlación entre la *apertura de la flor* y *nº de granos por flor* ( $r=-0.947$ ) ya mencionados en el apartado de la *flor*, merece destacar la ausencia de correlaciones destacables con los caracteres vegetativos, fruto y semillas. Las más altas correlaciones corresponden al *número de granos por flor*, con el de las *anteras medias* ( $r=0.988$ ) más que con el de las *laterales*, como también las correlaciones entre las longitudes de las *anteras indehiscentes medias* y *laterales* ( $r=0.985$ ).



Las longitudes de las **anteras indehiscentes** están fuertemente correlacionadas con las *dehiscentes* ( $r=0.891$ ), número de *granos por antera* y *flor* ( $r=0.871-0.824$ ), longitud de las *papilas estigmáticas* ( $r=0.806$ ) y número de *óvulos por flor* ( $r=0.723$ ).

El **número de granos** por antera y flor está fuertemente correlacionado con el *nº de óvulos* ( $r=0.823-0.756$ ), *ratio Polen/Óvulo* ( $r=0.797$ ) y con la longitud de las *papilas estigmáticas* ( $r=0.732$ ).

#### -Correlaciones con el fruto y semillas

El número de **pólenes** por antera y por flor se correlaciona con la talla de los *apéndices de los cuernos* ( $r=0.735$ ) y negativamente con el *contorno del ala de las semillas* ( $r=-0.711$ ). El número de **óvulos** con el ancho del *cuerno* ( $r=0.647$ ) y negativamente con el *contorno del ala* ( $r=-0.674$ ). La longitud de las *papilas estigmáticas* se correlaciona con el *pedúnculo del fruto* ( $r=0.750$ ) y las *papilas T* con la longitud y ratio de las *valvas* ( $r=0.608$ ). Las *papilas dedo* se correlacionan con la longitud del *pedúnculo* y negativamente con *la longitud de la valva* ( $r=-0.692$  y  $-0.622$ ).

#### 4.1.2.4. Correlaciones del fruto y semillas

De los 33 caracteres de la *silicua*, el *ratio L/A* está más correlacionado con la *longitud de la valva* que con el ancho, y en los *cuernos*, el *ratio L/A* se correlaciona más con el ancho. Las longitudes de los *apéndices* de los cuernos están fuertemente correlacionadas entre sí. En la *valva*, las longitudes están correlacionadas con sus *ratios L/A* ( $r=0.988-0.771$ ) pero no con los anchos, que solo se correlacionan fuertemente entre sí ( $r=1.000$ ). Hay que destacar que los *ratio de las valvas*, se correlacionan también con los *ratio* de los *cuernos* ( $r=0.747$ ).

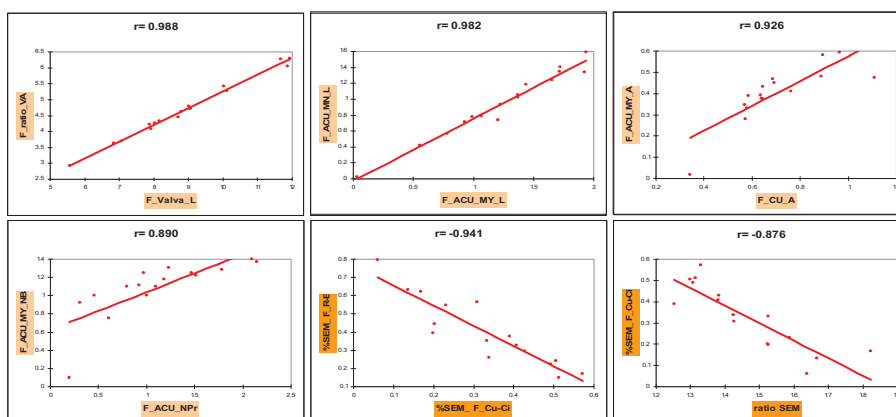
La **producción de semillas** por *silicua* depende más del *número de óvulos por flor* (*valva*) que de las longitudes de las valvas, superando siempre las mayores (V1 y V2) a las más pequeñas (V3). Asimismo siempre se correlacionan más significativamente la producción máxima por valva ( $r=0.652$  y  $0.682$ ) que la media. Las correlaciones con el *número de óvulos* disponibles superan siempre los de las valvas ( $r=0.883$ ,  $0.830$  y  $0.802$ ).

En los **cuernos o astas**, el ancho está fuertemente correlacionado con el ratio (-0.732), con las longitudes y anchos de los apéndices ( $r=0.926$ ,  $0.885$ ,  $0.932$ ) y número de divisiones ( $r=0.722$ ). Las longitudes de los apéndices mayor y menor de los cuernos se correlacionan fuertemente entre sí ( $r=0.982$ ).

Las biometrías de los apéndices están más correlacionadas con el  $n^{\circ}$  de divisiones ( $r=0.956$ ) que con los ángulos ( $r=0.896$ ) que a su vez están fuertemente correlacionadas con el número de protuberancias de los cuernos ( $r=0.890$ ,  $r=0.805$ ).

Los caracteres de las silicuas presentan poca correlación con las semillas. Destacan el ancho del cuerno que se correlaciona negativamente con las semillas rectangulares (-0.665) y el número de divisiones de los cuernos con la talla de las semillas (-0.667).

- Los caracteres de las **semillas** presentan como relaciones más destacables el % de semillas cuadradas que se correlaciona negativamente con el % de semillas rectangulares o elípticas ( $r=-0.941$ ).



El diámetro mayor de las semillas está fuertemente correlacionado con las semillas rectangulares ( $r=0.768$ ) como también el ratio longitud/ancho ( $r=0.800$ ) que se correlaciona negativamente con las semillas cuadradas ( $r=-0.876$ ). El grosor y contorno del ala está fuertemente correlacionado con el diámetro y semillas rectangulares ( $r=0.815$ ,  $0.647$  y  $0.678$ ) y negativamente con las semillas cuadradas ( $r=-0.773$ ).



A continuación se exponen, en primer lugar, los resultados de la TAXONOMÍA NUMÉRICA de los macro-caracteres y en segundo lugar de los macro y micro-caracteres que además incluyen los recursos del androceo y gineceo. En ambos análisis se comienza por los análisis discriminantes (AD) con matrices de los niveles sub-individual y de individuo (1649 y 351 UTOs) y se continúa con el resto de análisis de Taxonomía Numérica: Fenogramas, Análisis de Proximidad (MDS-NM) y Análisis de Componentes Principales (ACP) con matrices poblacionales de 16 UTOs.

En todas las técnicas de análisis factorial, AD y ACP, los grupos de variables más importantes asociadas a cada uno de los cuatro primeros factores (con carga factorial  $>0.40$  en F1 y  $>0.3$  en el resto) se muestran en las Tablas de contribución de las variables, donde se señala en rojo las variables asociadas al primer factor (F1), en azul las del segundo factor (F2), en verde las asociadas al tercer factor (F3) y en color turquesa el F4 que se le permite pesos  $\geq 0.2$ .

## 4.2. TAXONOMÍA NUMÉRICA Y MACRO-CARACTERES

En los AD los *valores propios* más altos corresponden a la matriz de 351 UTOs, sin embargo la varianza acumulada discriminadora de los cuatro primeros factores, es similar (ligeramente superior en 1649 UTOs) en ambos niveles de observación. Asimismo en los otros análisis poblacionales de *taxonomía numérica* con 16 UTOs, las técnicas de *agrupación* (*fenogramas* UPGMA) se resuelven mejor en las matrices derivadas del nivel individuo (351 UTOs). Sin embargo en las técnicas de *ordenación* (MDS-NM y ACP) la resolución de los análisis es similar en las matrices de ambos niveles de observación (1649 y 351 UTOs).

### 4.2.1. Macro-caracteres. Análisis discriminante (AD-137 y 136)

El conjunto de datos que representa los 137 *macro-caracteres* se somete a un análisis discriminante para verificar el valor diagnóstico de los distintos grupos (vegetativos y reproductivos de flor, fruto y semillas) diferenciando los niveles sub-individuales (matriz de 1649 UTOs) y de individuo (matriz de 351 UTOs). El modelo de AD de estos 137 caracteres se resuelve con 9 Factores en ambos niveles o matrices (Tablas 4.3 y Figs.4.12).

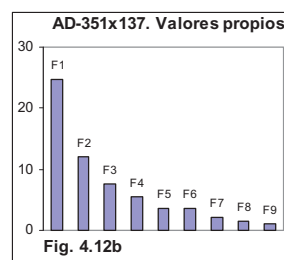
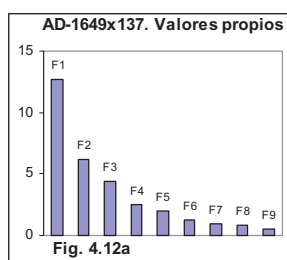
Tabla 4.3a. AD-1649x137. Valores propios y porcentaje de varianza

|                 | F1     | F2     | F3     | F4     | F5     | F6     | F7     | F8     | F9      |
|-----------------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|---------|
| Valores propios | 12.705 | 6.232  | 4.376  | 2.469  | 2.001  | 1.269  | 0.893  | 0.817  | 0.473   |
| % varianza      | 40.678 | 19.953 | 14.011 | 7.905  | 6.405  | 4.062  | 2.860  | 2.615  | 1.513   |
| % Acumulado     | 40.678 | 60.631 | 74.641 | 82.546 | 88.951 | 93.013 | 95.872 | 98.487 | 100.000 |

Tabla 4.3b. AD-351x137. Valores propios y porcentaje de varianza

|                 | F1     | F2     | F3     | F4     | F5     | F6     | F7     | F8     | F9      |
|-----------------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|---------|
| Valores propios | 24.699 | 12.135 | 7.532  | 5.560  | 3.658  | 3.511  | 2.063  | 1.535  | 1.144   |
| % varianza      | 39.942 | 19.624 | 12.180 | 8.991  | 5.916  | 5.677  | 3.337  | 2.483  | 1.850   |
| % Acumulado     | 39.942 | 59.566 | 71.746 | 80.737 | 86.654 | 92.331 | 95.667 | 98.150 | 100.000 |

Los *valores propios* (discriminantes) más altos corresponden a la matriz de 351 UTOs, sin embargo la varianza acumulada discriminadora de los cuatro primeros factores es similar en ambos niveles de observación (82.55% en la matriz de 1649 UTOs y 80.74% en la matriz de 351 UTOs). En las Tablas 4.3c de variables, Tabla 4.16 resumen de *Factores y Caracteres asociados* y Anexo 4.2 se representan las siguientes asociaciones respecto a los *factores* o *ejes*:



Anexo 4.2 se representan las siguientes asociaciones respecto a los *factores* o *ejes*:

**F1** (40.68 y 39.94%): *FLOR*: Apertura o ángulo de sépalos y diámetros, Sépalos, Pétalos (longitud uña, posición Hb y naturaleza On-Ac), *Ratio Pet/Sep*, Androceo (anteras dehiscentes), *SILICUA* (ancho y divisiones de apéndices), *SEMILLAS* (diámetro mayor, grosor mayor del ala y forma Re).

**F2** (19.95 y 19.62%): altura máxima del *INDIVIDUO*, *PÉTALOS* (longitud total, forma y posición Hb-Ha), *GINECEO* (ovario), *SILICUA* (talla del pedúnculo y valvas, nº divisiones y ángulo 1 de los apéndices).

**F3** (14.01 y 12.18%): *HOJAS* y *RACIMO*.

**F4** (7.90 y 8.99%): *INDIVIDUO*: diámetros, *PÉTALOS* (ancho y color BI-Vi del limbo) y *SILICUA* (nº de protuberancias y bifurcaciones de apéndices).



| AD- MACRO-CARACTERES 351x137 |        |        |        |        |               |        |        |        |        |
|------------------------------|--------|--------|--------|--------|---------------|--------|--------|--------|--------|
| Variable                     | F1     | F2     | F3     | F4     | Variable      | F1     | F2     | F3     | F4     |
| IND_H                        | 0.068  | 0.379  | -0.160 | -0.078 | PET_Ha        | 0.099  | -0.467 | -0.140 | 0.170  |
| IND_D1                       | -0.273 | 0.170  | -0.059 | 0.441  | PET_PI        | 0.106  | -0.219 | 0.137  | 0.192  |
| IND_d2                       | -0.378 | 0.186  | -0.013 | 0.417  | PET_Ond       | -0.767 | 0.266  | 0.052  | -0.063 |
| IND_H_ra1                    | 0.258  | 0.274  | -0.171 | 0.172  | PET_Acan      | 0.465  | -0.021 | -0.035 | -0.054 |
| IND_N°Tb                     | -0.274 | -0.064 | 0.074  | 0.038  | PET_Rev       | 0.321  | 0.154  | -0.040 | 0.005  |
| H1_L                         | -0.332 | 0.453  | -0.476 | 0.036  | PET_Col_BI    | -0.313 | 0.195  | -0.205 | -0.393 |
| H2_L                         | -0.290 | 0.437  | -0.599 | 0.028  | PET_Col_Vi    | 0.247  | -0.165 | 0.392  | 0.391  |
| H3_L                         | -0.321 | 0.397  | -0.619 | 0.177  | PET_Col_Rs    | 0.172  | 0.165  | -0.226 | -0.039 |
| h4_L                         | -0.370 | 0.273  | -0.609 | 0.238  | ESTL1_Fi_L    | 0.360  | 0.283  | -0.072 | -0.011 |
| h5_L                         | -0.447 | 0.151  | -0.450 | 0.175  | ESTL2_Fi_L    | 0.366  | 0.321  | -0.078 | -0.022 |
| ratio_H1                     | -0.144 | 0.265  | -0.444 | 0.044  | ANTL1_L       | 0.788  | 0.326  | -0.141 | -0.033 |
| ratio_H2                     | -0.174 | 0.299  | -0.416 | -0.033 | ANTL2_L       | 0.778  | 0.326  | -0.144 | -0.046 |
| ratio_H3                     | -0.165 | 0.325  | -0.504 | 0.180  | ANTL1_Lc      | 0.751  | 0.320  | -0.142 | 0.041  |
| ratio_h4                     | -0.244 | 0.305  | -0.553 | 0.165  | ANTL2_Lc      | 0.746  | 0.314  | -0.150 | 0.044  |
| ratio_h5                     | -0.371 | 0.126  | -0.545 | 0.120  | ESTM1_Fi_L    | 0.225  | 0.305  | -0.051 | -0.067 |
| Ratio H1_h5_L/A              | -0.255 | 0.342  | -0.590 | 0.084  | ESTM2_Fi_L    | 0.237  | 0.297  | -0.056 | -0.072 |
| FL ANG SEP                   | -0.688 | 0.004  | 0.142  | 0.084  | ESTM3_Fi_L    | 0.262  | 0.295  | -0.059 | -0.071 |
| FL_D1                        | -0.388 | 0.101  | 0.066  | 0.050  | ESTM4_Fi_L    | 0.256  | 0.307  | -0.061 | -0.090 |
| FL_d2                        | -0.353 | 0.102  | 0.039  | 0.057  | ANTM1_L       | 0.787  | 0.362  | -0.117 | -0.008 |
| FL_D1-Cuad                   | -0.419 | 0.153  | -0.018 | 0.158  | ANTM2_L       | 0.788  | 0.348  | -0.118 | -0.015 |
| FL_d2-Cuad                   | -0.246 | 0.038  | -0.038 | 0.243  | ANTM3_L       | 0.791  | 0.356  | -0.134 | -0.012 |
| FL_Or_D1                     | -0.371 | 0.267  | -0.082 | 0.181  | ANTM4_L       | 0.791  | 0.355  | -0.114 | -0.016 |
| FL_Or_d2                     | -0.324 | 0.296  | -0.167 | 0.171  | ANTM1_Lc      | 0.802  | 0.354  | -0.144 | 0.047  |
| FL_ratio_Or                  | -0.310 | 0.088  | -0.202 | 0.010  | ANTM2_Lc      | 0.801  | 0.334  | -0.132 | 0.050  |
| SEPL1_L                      | 0.719  | 0.399  | -0.067 | -0.102 | ANTM3_Lc      | 0.799  | 0.347  | -0.115 | 0.044  |
| SEPL2_L                      | 0.720  | 0.395  | -0.068 | -0.105 | ANTM4_Lc      | 0.813  | 0.331  | -0.121 | 0.052  |
| SEPM1_L                      | 0.722  | 0.404  | -0.056 | -0.089 | OV_L          | 0.126  | 0.388  | -0.168 | -0.010 |
| SEPM2_L                      | 0.719  | 0.404  | -0.057 | -0.096 | ETL_L         | 0.174  | 0.092  | -0.017 | 0.000  |
| SEPL1_Ab                     | 0.604  | 0.226  | 0.169  | -0.049 | ETG_L         | 0.247  | 0.257  | -0.067 | -0.141 |
| SEPL2_Ab                     | 0.627  | 0.242  | 0.183  | -0.065 | ETG_A         | 0.323  | 0.146  | -0.153 | -0.122 |
| SEPL1_AmX                    | 0.599  | 0.247  | 0.113  | -0.072 | RAC_L         | -0.225 | -0.038 | 0.411  | 0.029  |
| SEPL2_AmX                    | 0.596  | 0.233  | 0.083  | -0.083 | RAC_PED_L     | -0.092 | 0.125  | 0.097  | -0.034 |
| SEPL1_HAmX                   | 0.663  | 0.371  | -0.112 | -0.010 | F_PED_L       | -0.156 | 0.414  | -0.038 | -0.124 |
| SEPL2_HAmX                   | 0.666  | 0.368  | -0.111 | -0.036 | F_ratio_VA    | -0.108 | 0.310  | -0.031 | 0.206  |
| SEPM1_Ab                     | 0.615  | 0.341  | 0.118  | -0.071 | F1_V_L        | -0.115 | 0.557  | -0.030 | 0.190  |
| SEPM2_Ab                     | 0.601  | 0.341  | 0.095  | -0.098 | F1_ratio_VA   | -0.122 | 0.519  | -0.097 | 0.220  |
| SEPM1_AmX                    | 0.596  | 0.289  | 0.033  | 0.004  | F2_V_L        | -0.225 | 0.618  | -0.057 | 0.230  |
| SEPM2_AmX                    | 0.588  | 0.304  | 0.051  | -0.085 | F2_ratio_VA   | -0.266 | 0.534  | -0.140 | 0.273  |
| SEPM1_HAmX                   | 0.625  | 0.387  | -0.074 | -0.046 | F3_V_L        | -0.170 | 0.249  | -0.220 | 0.213  |
| SEPM2_HAmX                   | 0.641  | 0.377  | -0.107 | 0.006  | F3_ratio_VA   | -0.191 | 0.281  | -0.190 | 0.174  |
| PET1_L                       | 0.351  | 0.421  | -0.105 | -0.066 | F_EST_L       | 0.340  | 0.013  | 0.083  | 0.050  |
| PET2_L                       | 0.355  | 0.417  | -0.103 | -0.066 | F_CU_L        | 0.213  | 0.002  | -0.084 | 0.136  |
| PET3_L                       | 0.360  | 0.419  | -0.114 | -0.064 | F_CU_A        | 0.313  | -0.009 | 0.046  | -0.040 |
| PET4_L                       | 0.373  | 0.426  | -0.097 | -0.079 | F_ratio_CU    | -0.259 | 0.150  | -0.072 | 0.062  |
| PET1_Uñ_L                    | 0.561  | 0.375  | -0.152 | 0.041  | F_ACU_MY_L    | 0.329  | -0.131 | -0.028 | -0.070 |
| PET2_Uñ_L                    | 0.556  | 0.383  | -0.153 | 0.036  | F_ACU_MY_A    | 0.553  | -0.242 | 0.032  | -0.012 |
| PET3_Uñ_L                    | 0.565  | 0.359  | -0.152 | 0.052  | F_ACU_MN_L    | 0.289  | -0.144 | 0.010  | -0.117 |
| PET4_Uñ_L                    | 0.556  | 0.366  | -0.162 | 0.047  | F_ACU_MN_A    | 0.512  | -0.278 | 0.086  | -0.083 |
| PET1_Uñ_Ab                   | 0.126  | 0.290  | -0.295 | -0.091 | F_ACU_INT_L   | 0.182  | -0.074 | 0.219  | -0.011 |
| PET2_Uñ_Ab                   | 0.129  | 0.305  | -0.247 | -0.131 | F_ACU_INT_A   | 0.137  | -0.073 | 0.126  | -0.046 |
| PET3_Uñ_Ab                   | 0.120  | 0.246  | -0.281 | -0.119 | F_ACU_NAp     | 0.355  | -0.297 | -0.032 | 0.014  |
| PET4_Uñ_Ab                   | 0.143  | 0.263  | -0.273 | -0.119 | F_ACU_NPr     | 0.220  | -0.052 | 0.015  | 0.328  |
| PET1_Uñ_Aa                   | 0.064  | 0.251  | -0.028 | 0.130  | F_ACU_B2-B3   | 0.254  | 0.034  | 0.052  | 0.305  |
| PET2_Uñ_Aa                   | 0.068  | 0.231  | -0.051 | 0.165  | F_ACU_MY_NB   | 0.356  | -0.261 | -0.055 | 0.207  |
| PET3_Uñ_Aa                   | 0.059  | 0.251  | -0.036 | 0.171  | F_ACU_MN_NB   | 0.402  | -0.417 | 0.079  | 0.030  |
| PET4_Uñ_Aa                   | 0.053  | 0.234  | -0.043 | 0.122  | F_ACU_INT_NB  | 0.156  | -0.115 | 0.216  | -0.052 |
| PET1_Lim_AmX                 | -0.271 | 0.001  | 0.136  | 0.408  | F_ACU_BT      | 0.471  | -0.367 | 0.063  | 0.122  |
| PET2_Lim_AmX                 | -0.259 | 0.008  | 0.094  | 0.307  | F_ACU_ANG1    | 0.421  | -0.438 | -0.054 | -0.073 |
| PET3_Lim_AmX                 | -0.269 | 0.013  | 0.108  | 0.317  | F_ACU_ANG2    | 0.195  | -0.079 | 0.201  | -0.076 |
| PET4_Lim_AmX                 | -0.263 | 0.005  | 0.098  | 0.292  | F_ACU_ANG3    | 0.110  | 0.031  | 0.047  | -0.053 |
| RATIO_LIM                    | 0.121  | 0.166  | -0.105 | -0.352 | SEM_P         | -0.409 | 0.117  | -0.061 | 0.178  |
| PET1_Lim_HAmX                | -0.012 | 0.333  | -0.180 | 0.029  | SEM_E         | -0.090 | 0.201  | -0.281 | 0.255  |
| PET2_Lim_HAmX                | -0.023 | 0.321  | -0.242 | 0.061  | SEM_Ala_GrMy  | -0.500 | 0.400  | 0.192  | -0.014 |
| PET3_Lim_HAmX                | -0.026 | 0.328  | -0.226 | 0.068  | SEM_Ala_GrMn  | -0.343 | 0.178  | 0.183  | -0.039 |
| PET4_Lim_HAmX                | -0.036 | 0.334  | -0.238 | 0.056  | %SEM_F_T-Co   | 0.091  | -0.021 | 0.007  | 0.027  |
| ratio_Pet_Sep                | -0.809 | -0.196 | 0.078  | 0.056  | %SEM_F_Cu-Ci  | 0.262  | 0.013  | -0.058 | 0.028  |
| PET_Le                       | 0.197  | -0.108 | -0.087 | 0.083  | %SEM_F_R-E    | -0.360 | 0.029  | 0.032  | -0.024 |
| PET_Ca                       | -0.049 | 0.278  | 0.151  | -0.122 | SEM_Ala_distr | -0.298 | -0.016 | -0.015 | 0.039  |
| PET_Hb                       | -0.581 | 0.605  | 0.300  | -0.138 |               |        |        |        |        |

Tabla 4.3c. Análisis Discriminante de macro-caracteres 351x137. Contribución de las variables a los factores. F1: FLOR (apertura, diámetros; Sépalos; Pétalos uña y naturaleza On-Ac, *ratio* Pét/Sep; Anteras dehiscentes), SILICUA (ancho de apéndices y nº de divisiones), SEMILLAS (diámetro, grosor del ala y forma rectangular). F2: INDIVIDUO (altura), PÉTALOS (lg, forma y posición Hb-Ha), SILICUA (pedúnculo, valvas, nº divisiones y áng-1 apéndices). F3: HOJAS y RACIMO. F4: INDIVIDUO (diámetros), PÉTALOS (ancho y color BI-Vi) y SILICUA (nº de protuberancias y bifurcaciones apéndices).

La *representación gráfica* de los cuatro primeros factores (Figs.4.12 y Tabla 4.14 resumen de AD), discrimina de forma más patente los resultados de la matriz a nivel de individuo (351) que a nivel sub-individual (1649).

- En las *gráficas de 1649 UTOs*, los factores *F1&F2* que representan el 60.63% de la varianza acumulada, solo discriminan en posición aislada a PG frente al resto de los taxones, que quedan sin discriminar como en las gráficas *F1&F3* y *F1&F4* (Figs.4.12).

- En las *gráficas de 351 UTOs*, los factores *F1&F2* discriminan fuertemente a PG del resto de las poblaciones o taxones, algunos de los cuales también se diferencian del resto como PO y la asociación PA-PS de las otras islas. Sin discriminar se encuentra en primer lugar PI (Tenerife), luego PP y el complejo PF acompañado por las tres poblaciones sin adscripción (POA, POVE y PFCH). En la gráfica *F1&F3* el eje *F1* discrimina a PG, PI y PO del resto de las poblaciones o taxones, muestra a PA diferenciada de PS y en los taxones de Gran Canaria a POVE diferenciada pero cercana a PP, a su vez relacionada con la asociación PF-PFCH-POA. En la gráfica *F1&F4*, el eje *F4* discrimina a PP y PO que quedan independientes del resto de los taxones y diferencia a PFCH del complejo PF (Figs.4.12).

Las *matrices de confusión* de los análisis discriminantes del nivel sub-individual de 1649 UTOs (Anexo 4.2) indican que las poblaciones no adscritas a ningún taxon (POA, POVE y PFCH), manteniendo una cierta independencia, sobretodo PFCH, podrían estar asignadas al complejo de poblaciones de *P.filifolia* (PFS, PFA y PFT). Estos mismos resultados se refuerzan en las confrontaciones con las matrices de confusión de varios análisis (AD) asignando previamente estas poblaciones de Gran Canaria indistintamente a los complejos de PF, PO y/o PP.

#### 4.2.1.1. Macro-caracteres sin PG ni PA. Análisis discriminante (AD-136)

Al quitar PG y PA como grupos ya diferenciados, el modelo de AD en ambos niveles o matrices (1452 y 307 UTOs) se reduce a 136 caracteres (ya que no admite la variable de pétalo horizontal bajo exclusiva de PG) y se resuelve mejor que el anterior con solo 7 Factores (Tablas 4.3 y Figs.4.12).

| Tabla 4.3d. AD-1452x136 sin PG & PA. Valores propios y porcentaje de varianza |        |        |        |        |        |        |         |
|---|--------|--------|--------|--------|--------|--------|---------|
|   | F1     | F2     | F3     | F4     | F5     | F6     | F7      |
| Valores propios   | 9.941  | 5.766  | 2.785  | 2.035  | 1.262  | 1.048  | 0.602   |
| % varianza  | 42.416 | 24.601 | 11.882 | 8.681  | 5.385  | 4.469  | 2.567   |
| % Acumulado   | 42.416 | 67.016 | 78.898 | 87.579 | 92.964 | 97.433 | 100.000 |

| Tabla 4.3e. AD-307x136 sin PG & PA. Valores propios y porcentaje de varianza |        |        |        |        |        |        |         |
|--|--------|--------|--------|--------|--------|--------|---------|
|  | F1     | F2     | F3     | F4     | F5     | F6     | F7      |
| Valores propios  | 19.472 | 9.891  | 6.867  | 4.784  | 3.040  | 2.553  | 1.581   |
| % varianza   | 40.409 | 20.526 | 14.250 | 9.927  | 6.309  | 5.298  | 3.281   |
| % Acumulado  | 40.409 | 60.935 | 75.185 | 85.113 | 91.421 | 96.719 | 100.000 |

Los *valores propios* (discriminantes) suben a más del doble en la matriz 307, sin embargo la varianza acumulada discriminatoria de los cuatro primeros factores, es similar en ambos niveles de observación (87.58% en la matriz 1452 y 85.11% en la matriz 307).

Las variables asociadas a cada uno de los cuatro primeros factores en el AD de 136 caracteres sin PG&PA (Tabla 4.3f, Tabla 4.16 resumen de *Factores y Caracteres asociados* y Anexo 4.2) representan las siguientes asociaciones respecto a los *factores* o *ejes*:

**F1** (42.42 y 40.41%): *INDIVIDUO*: altura máxima, *FLOR*: apertura, *Sépalos*, *Pétalos* (longitud y naturaleza On-Ac), *Ratio Pet/Sep*, *Androceo* (Anteras dehiscentes), *SEMILLAS* (diámetro mayor en la matriz 1452).

| AD- MACRO-CARACTERES sin PG&PA 307x136 |        |        |        |        |               |        |        |        |        |
|--|--------|--------|--------|--------|---------------|--------|--------|--------|--------|
| Variable                               | F1     | F2     | F3     | F4     | Variable      | F1     | F2     | F3     | F4     |
| IND_H                                  | 0.478  | 0.357  | -0.243 | -0.064 | PET_Ha        | -0.316 | -0.063 | 0.136  | -0.064 |
| IND_D1                                 | -0.078 | 0.242  | 0.472  | 0.165  | PET_PI        | -0.091 | -0.194 | 0.246  | 0.042  |
| IND_d2                                 | -0.189 | 0.215  | 0.524  | 0.205  | PET_Ond       | -0.554 | 0.155  | -0.013 | -0.126 |
| IND_H_ra1                              | 0.310  | 0.288  | 0.117  | -0.233 | PET_Acan      | 0.374  | -0.021 | -0.112 | 0.085  |
| IND_N°Tb                               | -0.276 | -0.080 | 0.122  | 0.244  | PET_Rev       | 0.305  | 0.095  | 0.000  | 0.042  |
| H1_L                                   | -0.068 | 0.702  | -0.052 | -0.040 | PET_Col_BI    | -0.208 | 0.241  | -0.430 | -0.066 |
| H2_L                                   | -0.048 | 0.775  | -0.092 | 0.097  | PET_Col_Vi    | 0.155  | -0.366 | 0.478  | 0.119  |
| H3_L                                   | -0.099 | 0.794  | 0.053  | 0.087  | PET_Col_Rs    | 0.197  | 0.256  | -0.108 | -0.020 |
| h4_L                                   | -0.182 | 0.750  | 0.097  | 0.115  | ESTL1_Fi_L    | 0.347  | 0.181  | 0.031  | 0.106  |
| h5_L                                   | -0.287 | 0.572  | 0.071  | 0.200  | ESTL2_Fi_L    | 0.370  | 0.200  | 0.017  | 0.078  |
| ratio_H1                               | -0.109 | 0.537  | -0.043 | -0.414 | ANTL1_L       | 0.777  | 0.242  | -0.057 | 0.038  |
| ratio_H2                               | -0.095 | 0.517  | -0.100 | -0.248 | ANTL2_L       | 0.765  | 0.244  | -0.069 | 0.059  |
| ratio_H3                               | -0.076 | 0.628  | 0.084  | -0.231 | ANTL1_Lc      | 0.743  | 0.254  | 0.026  | 0.064  |
| ratio_h4                               | -0.162 | 0.669  | 0.072  | -0.171 | ANTL2_Lc      | 0.744  | 0.260  | 0.017  | 0.062  |
| ratio_h5                               | -0.321 | 0.589  | 0.003  | -0.086 | ESTM1_Fi_L    | 0.276  | 0.168  | -0.017 | 0.153  |
| Ratio H1_h5_LJA                        | -0.238 | 0.717  | 0.031  | -0.253 | ESTM2_Fi_L    | 0.288  | 0.168  | -0.031 | 0.136  |
| FI_ANG SEP                             | -0.564 | -0.082 | 0.189  | 0.089  | ESTM3_Fi_L    | 0.299  | 0.169  | -0.031 | 0.125  |
| FI_D1                                  | -0.229 | 0.022  | 0.095  | 0.026  | ESTM4_Fi_L    | 0.300  | 0.172  | -0.049 | 0.128  |
| FI_d2                                  | -0.186 | 0.048  | 0.077  | -0.045 | ANTM1_L       | 0.804  | 0.238  | -0.029 | 0.053  |
| FI_D1-Cuad                             | -0.263 | 0.145  | 0.206  | 0.046  | ANTM2_L       | 0.797  | 0.232  | -0.031 | 0.071  |
| FI_d2-Cuad                             | -0.174 | 0.117  | 0.240  | -0.026 | ANTM3_L       | 0.806  | 0.252  | -0.044 | 0.034  |
| FI_Or_D1                               | -0.174 | 0.278  | 0.226  | -0.059 | ANTM4_L       | 0.802  | 0.230  | -0.034 | 0.036  |
| FI_Or_d2                               | -0.105 | 0.359  | 0.170  | -0.012 | ANTM1_Lc      | 0.809  | 0.269  | 0.022  | 0.052  |
| FI_ratio_Or                            | -0.186 | 0.251  | -0.051 | -0.088 | ANTM2_Lc      | 0.801  | 0.251  | 0.036  | 0.077  |
| SEPL1_L                                | 0.754  | 0.192  | -0.099 | 0.144  | ANTM3_Lc      | 0.814  | 0.237  | 0.019  | 0.028  |
| SEPL2_L                                | 0.754  | 0.190  | -0.103 | 0.144  | ANTM4_Lc      | 0.813  | 0.239  | 0.033  | 0.035  |
| SEPM1_L                                | 0.762  | 0.186  | -0.083 | 0.138  | OV_L          | 0.197  | 0.326  | 0.014  | 0.062  |
| SEPM2_L                                | 0.761  | 0.185  | -0.093 | 0.136  | ETL_L         | 0.214  | 0.049  | -0.029 | -0.052 |
| SEPL1_Ab                               | 0.612  | -0.088 | 0.001  | 0.201  | ETG_L         | 0.271  | 0.139  | -0.133 | -0.017 |
| SEPL2_Ab                               | 0.648  | -0.099 | -0.020 | 0.160  | ETG_A         | 0.219  | 0.169  | -0.127 | 0.033  |
| SEPL1_Amx                              | 0.598  | -0.043 | -0.054 | -0.061 | RAC_L         | -0.058 | -0.412 | 0.098  | 0.014  |
| SEPL2_Amx                              | 0.579  | -0.021 | -0.069 | -0.017 | RAC_PED_L     | 0.044  | -0.038 | 0.004  | 0.104  |
| SEPL1_HAmx                             | 0.678  | 0.241  | -0.009 | 0.175  | F_PED_L       | 0.050  | 0.227  | -0.062 | -0.008 |
| SEPL2_HAmx                             | 0.683  | 0.234  | -0.043 | 0.155  | F_ratio_VA    | 0.051  | 0.212  | 0.236  | -0.193 |
| SEPM1_Ab                               | 0.669  | 0.006  | -0.035 | 0.139  | F1_V_L        | 0.164  | 0.330  | 0.250  | -0.311 |
| SEPM2_Ab                               | 0.659  | 0.024  | -0.067 | 0.145  | F1_ratio_VA   | 0.116  | 0.378  | 0.261  | -0.294 |
| SEPM1_Amx                              | 0.599  | 0.067  | 0.010  | -0.029 | F2_V_L        | 0.136  | 0.421  | 0.297  | -0.362 |
| SEPM2_Amx                              | 0.596  | 0.043  | -0.065 | -0.016 | F2_ratio_VA   | 0.016  | 0.458  | 0.310  | -0.365 |
| SEPM1_HAmx                             | 0.661  | 0.205  | -0.033 | 0.186  | F3_V_L        | -0.067 | 0.370  | 0.174  | -0.325 |
| SEPM2_HAmx                             | 0.669  | 0.238  | 0.002  | 0.171  | F3_ratio_VA   | -0.055 | 0.354  | 0.144  | -0.323 |
| PET1_L                                 | 0.454  | 0.255  | -0.060 | 0.105  | F_EST_L       | 0.347  | -0.091 | -0.008 | -0.275 |
| PET2_L                                 | 0.453  | 0.250  | -0.059 | 0.102  | F_CU_L        | 0.123  | 0.089  | 0.093  | -0.169 |
| PET3_L                                 | 0.458  | 0.263  | -0.060 | 0.102  | F_CU_A        | 0.235  | -0.062 | -0.036 | -0.119 |
| PET4_L                                 | 0.468  | 0.248  | -0.066 | 0.105  | F_ratio_CU    | -0.141 | 0.164  | 0.049  | -0.245 |
| PET1_Uñ_L                              | 0.589  | 0.284  | 0.017  | 0.047  | F_ACU_MY_L    | 0.165  | -0.064 | -0.118 | -0.087 |
| PET2_Uñ_L                              | 0.585  | 0.287  | 0.014  | 0.050  | F_ACU_MY_A    | 0.305  | -0.186 | -0.039 | 0.084  |
| PET3_Uñ_L                              | 0.587  | 0.280  | 0.025  | 0.045  | F_ACU_MN_L    | 0.137  | -0.108 | -0.154 | -0.068 |
| PET4_Uñ_L                              | 0.574  | 0.291  | 0.021  | 0.031  | F_ACU_MN_A    | 0.260  | -0.265 | -0.112 | 0.060  |
| PET1_Uñ_Ab                             | 0.120  | 0.391  | -0.102 | 0.045  | F_ACU_INT_L   | 0.145  | -0.240 | 0.020  | 0.052  |
| PET2_Uñ_Ab                             | 0.147  | 0.350  | -0.139 | -0.008 | F_ACU_INT_A   | 0.088  | -0.162 | -0.030 | 0.008  |
| PET3_Uñ_Ab                             | 0.097  | 0.354  | -0.130 | 0.059  | F_ACU_NAp     | 0.121  | -0.133 | -0.075 | -0.165 |
| PET4_Uñ_Ab                             | 0.133  | 0.347  | -0.133 | 0.016  | F_ACU_NPr     | 0.162  | 0.024  | 0.328  | 0.077  |
| PET1_Uñ_Aa                             | 0.154  | 0.177  | 0.184  | 0.089  | F_ACU_B2-B3   | 0.229  | 0.019  | 0.306  | 0.040  |
| PET2_Uñ_Aa                             | 0.139  | 0.197  | 0.211  | 0.094  | F_ACU_MY_NB   | 0.124  | -0.048 | 0.169  | -0.043 |
| PET3_Uñ_Aa                             | 0.153  | 0.191  | 0.226  | 0.121  | F_ACU_MN_NB   | 0.136  | -0.320 | -0.033 | -0.001 |
| PET4_Uñ_Aa                             | 0.129  | 0.178  | 0.173  | 0.093  | F_ACU_INT_NB  | 0.091  | -0.257 | -0.011 | 0.050  |
| PET_Lim1_Amx                           | -0.122 | -0.030 | 0.424  | -0.095 | F_ACU_BT      | 0.210  | -0.258 | 0.089  | 0.015  |
| PET_Lim2_Amx                           | -0.141 | 0.002  | 0.319  | -0.095 | F_ACU_ANG1    | 0.020  | -0.229 | -0.162 | -0.172 |
| PET_Lim3_Amx                           | -0.124 | -0.008 | 0.324  | -0.096 | F_ACU_ANG2    | 0.137  | -0.235 | -0.041 | 0.044  |
| PET_Lim4_Amx                           | -0.140 | -0.006 | 0.301  | -0.088 | F_ACU_ANG3    | 0.116  | -0.041 | -0.043 | 0.075  |
| RATIO_LIM                              | 0.203  | 0.091  | -0.385 | 0.109  | SEM_P         | -0.225 | 0.179  | 0.166  | -0.124 |
| PET1_Lim_HAmx                          | 0.123  | 0.319  | 0.033  | 0.044  | SEM_E         | -0.051 | 0.401  | 0.235  | -0.003 |
| PET2_Lim_HAmx                          | 0.088  | 0.374  | 0.043  | -0.018 | SEM_Ala_GrMy  | -0.151 | 0.036  | 0.118  | -0.109 |
| PET3_Lim_HAmx                          | 0.092  | 0.373  | 0.059  | 0.022  | SEM_Ala_GrMn  | -0.152 | -0.093 | 0.044  | -0.113 |
| PET4_Lim_HAmx                          | 0.075  | 0.385  | 0.050  | 0.003  | %SEM_F_T-Co   | 0.059  | -0.021 | 0.017  | -0.091 |
| ratio_Pet_Sep                          | -0.815 | -0.114 | 0.149  | 0.085  | %SEM_F_Cu-Ci  | 0.156  | 0.053  | 0.040  | 0.117  |
| PET_Le                                 | 0.151  | 0.034  | -0.012 | -0.039 | %SEM_F_R-E    | -0.223 | -0.002 | -0.033 | -0.069 |
| PET_Ca                                 | 0.132  | -0.023 | -0.020 | 0.213  | SEM_Ala_distr | -0.229 | 0.026  | 0.035  | -0.081 |

Tabla 4.3f. Análisis Discriminante de macro-caracteres sin PG&PA 307x136. Contribución de las variables a los factores. F1: INDIVIDUO (altura), FLOR (apertura; Sépalos; Pétalos lg y naturaleza On-Ac, ratio Pet/Sep, Anteras dehiscentes). F2: HOJAS, FLOR (orificio, pétalos ancho y forma, ovario), RACIMO, SILICUA (valvas y nº de divisiones apéndices), SEMILLAS (diámetro menor). F3: INDIVIDUO (diámetros), PÉTALOS (ancho limbo y color BI-Vi) y SILICUA (nº de protuberancias y bifurcaciones). F4: SILICUA (estilo del fruto y ratio cuerno).

ANÁLISIS DISCRIMINANTE MACRO-CARACTERES: 137 y 136

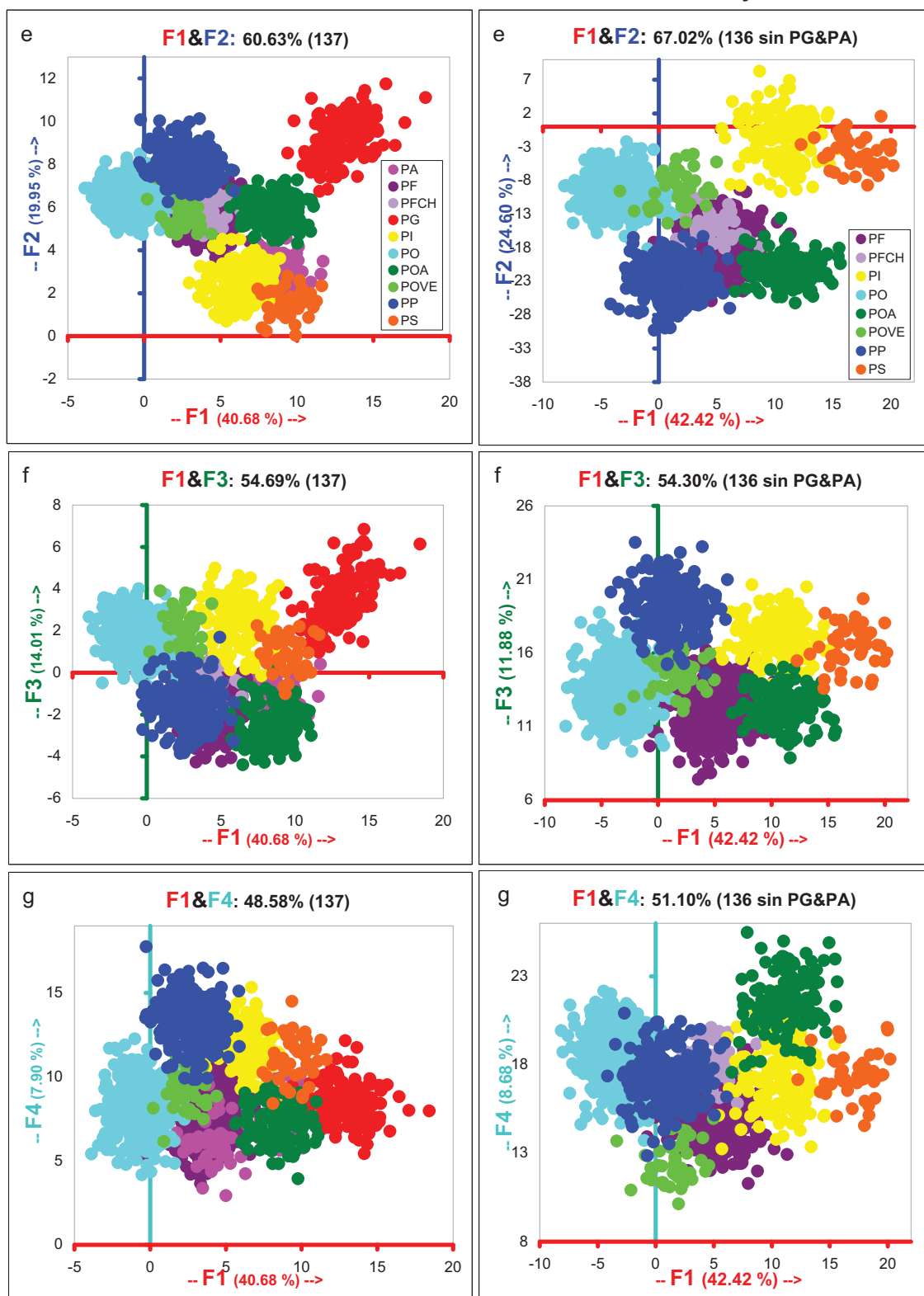


Figura 4.12.- Análisis Discriminante de macro-caracteres 137 y 136 (1649-1452 UTOs). Gráficas de Factores y variables. En el análisis 137 los factores  $F1&F2$  solo discriminan en posición aislada a PG frente al resto de los taxones, que quedan sin discriminar también en las gráficas  $F1&F3$  y  $F1&F4$ . En el análisis 136 sin PG&PA, los ejes  $F1&F2$  solo diferencian en posición más aislada a las otras islas (Tenerife y La Gomera) del resto de los taxones de Gran Canaria que quedan sin discriminar en todas las gráficas.



ANÁLISIS DISCRIMINANTE MACRO-CARACTERES: 137 y 136

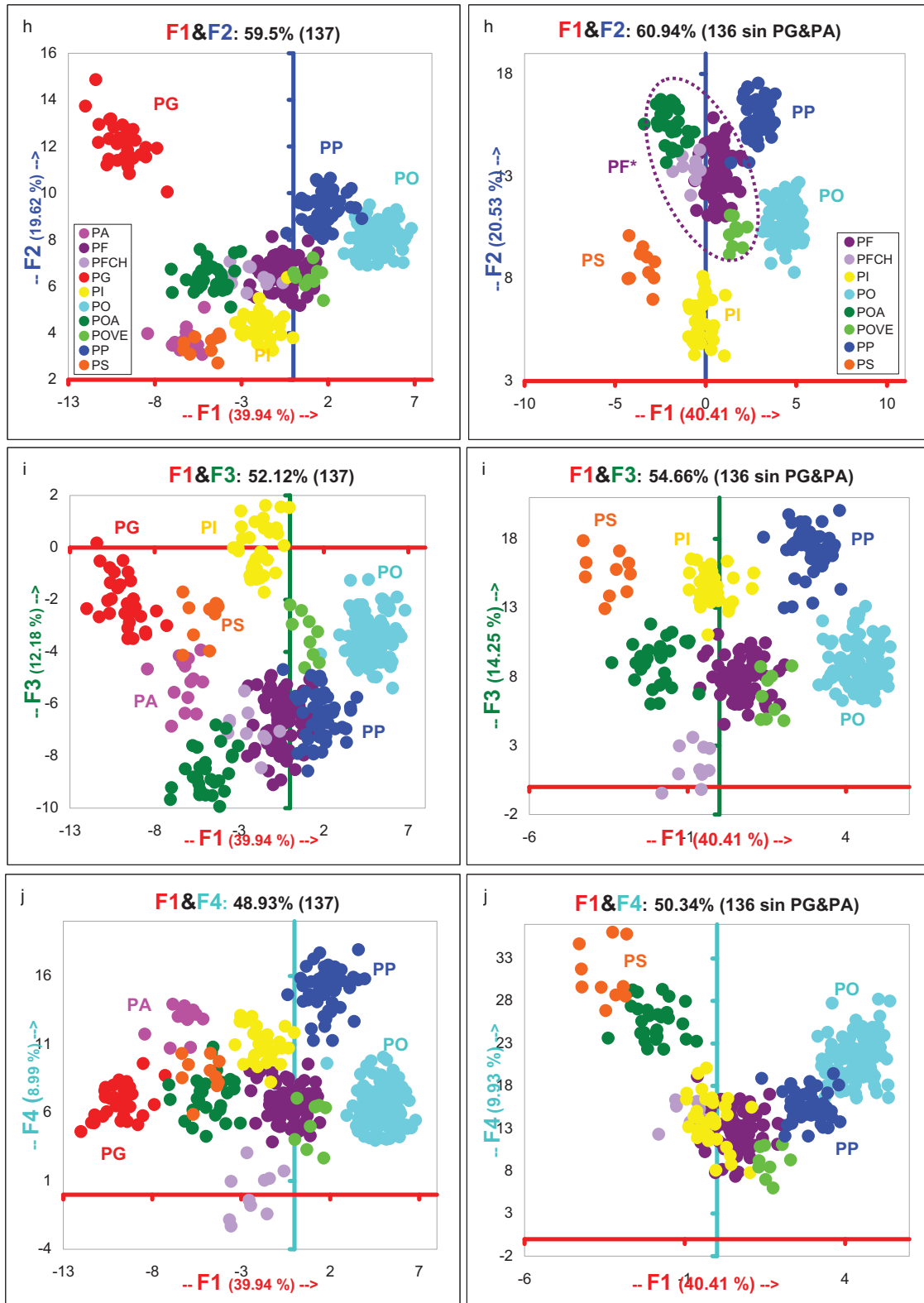
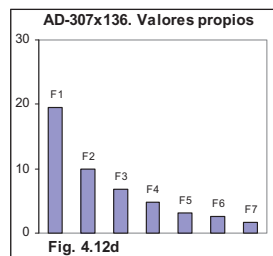
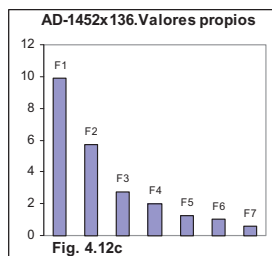


Figura 4.12.- Análisis Discriminante de macro-caracteres 137 y 136 (351-307 UTOs). Gráficas de factores y variables. En el análisis 137 los ejes  $F1&F2$  discriminan a PG y diferencian a PO y a la asociación PA-PS; el eje  $F3$  discrimina a PG, PI y PO, diferencia a PA de PS y a POVE del complejo PF; el eje  $F4$  diferencia a PFCH del complejo PF. En el análisis de 136 caracteres sin PG&PA, los ejes  $F1&F2$  discriminan fuertemente a PS y PI de los taxones de Gran Canaria, también discrimina a PO y diferencia a PP, POVE, POA del complejo PF; el eje  $F3$  discrimina a PP, PO, PS y PFCH que se separa del complejo PF.

**F2** (24.60 y 20.53%): *HOJAS*, *FLOR*: orificio (diámetros y *ratio*), *Pétalos* (forma), *Gineceo* (ovario), *RACIMO*, *SILICUA* (talla de valvas y nº divisiones de los apéndices), *SEMILLAS* (diámetro menor).

**F3** (11.88 % y 14.25%): *INDIVIDUO*: diámetros, *PÉTALOS* (ancho y color BI-Vi del limbo) y *SILICUA* (nº de protuberancias y bifurcaciones del cuerno en la matriz de 307 UTOs).



**F4** (8.68 y 9.93%): *HOJAS* (*ratios*), *GINECEO* (ovario en la matriz de 1452 UTOs) y *SILICUA* (estilo y *ratio* del cuerno).

Al quitar PG y PA como grupos más diferenciados, el modelo de *AD-136* mejora notablemente la discriminación de los taxones y poblaciones y se diferencia del anterior en que pierden importancia los caracteres de la *Semilla* (forma, talla y ala), cambiando de *factor* algunas de las variables que se adelantan desde el inmediato inferior:

En el **F1** con el grueso de los caracteres de la *Flor*, aparece la altura de los *individuos* y la longitud total de los pétalos (antes en el **F2**). El nuevo **F2** está formado por el grupo de variables del anterior **F3**, acompañadas en la matriz de 307 UTOs por la forma del limbo y los caracteres de la silicua. El nuevo **F3** (diámetro de los individuos, ancho y color, del limbo, divisiones de los cuernos) es el anterior **F4**, quedando este último reducido al estilo del fruto y *ratio* de los cuernos o astas.

La *representación gráfica* según los *factores* o *ejes*, discriminan a los taxones de forma más patente en la matriz del nivel individual (307 UTOs).

- En las *gráficas* de 1452 UTOs, los ejes **F1&F2** (67.02%) solo diferencian en posición más aislada a las otras islas (Tenerife y La Gomera) del resto de los taxones de Gran Canaria que quedan sin discriminar en todas las gráficas (Figs.4.12).

- En las *gráficas* **F1&F2** de la matriz de 307 (60.94%), los ejes **F1** y **F2** discriminan a PO y a los dos taxones de las otras islas (PS y PI) del grupo de Gran Canaria donde también se diferencia PP, POVE, POA del complejo PF, excepto PFCH que queda relacionada con PF. También en la gráfica de los factores **F1&F3** (54.66%) además de los grupos anteriores, el factor **F3** discrimina a PP, PO y PS del resto de los taxones y también a PFCH del complejo PF que se relaciona con POVE y POA (Figs.4.12 y Tabla 4.14 resumen de AD).

#### 4.2.2. Nivel poblacional (16 y 14 UTOs). Análisis multivariante (137 y 136)

Los valores poblacionales (16 y 14 UTOs) dan resultados prácticamente idénticos con ligero descenso en la resolución del *fenograma-136* que quedan reforzados de forma complementaria por los resultados de los análisis de ordenación MDS-NM y ACP (Tabla 4.15 resumen de Taxonomía Numérica).

En todos ellos se refleja la posición aislada de *P.glabriuscula* (PG) respecto al resto de los taxones, en los que se pone de manifiesto la independencia de las islas occidentales donde siempre hay una mayor afinidad entre Teno, La Gomera y La Palma (PIT-PS, PA) que se separan de las otras dos poblaciones de Tenerife (PIG-PIA). En Gran Canaria, se diferencia *P.ornata* (PO) acompañada lejanamente por la asociación PP-PFCH y el complejo PF integrado por *P.filifolia* y las otras dos poblaciones sin adscripción (PFS, PFA-POA y PFT-POVE).

- Fenogramas de distancia Euclídea (137)

El fenograma UPGMA ( $r=0.750$ ) de 16 UTOs (Figs.4.12) diferencia a PG en posición aislada como *outgroup* del resto de los taxones, que a su vez se dividen en dos grupo: (i) uno formado por los taxones de las islas occidentales (PIG-PIA y PIT-PS, PA) y el otro (ii), para la isla de Gran Canaria que se divide en dos subgrupos, uno integrado por el complejo de PO acompañado por la unión PFCH-PP (POS-POV, POM y PFCH-PP), y el otro por el complejo de PF integrado también por las otras dos poblaciones sin adscripción (PFS, PFA-POA y PFT-POVE).

- MDS-NM (137)

En los análisis de Proximidad (MDS-NM) se confrontan los métodos Ordinal I y II, optándose por el Ordinal I con índice de distorsión considerado “casi perfecto” (Stress:0.045). Se justifican y ponen de manifiesto las agrupaciones ya descritas para los UPGMA.

En su gráfica se observa a PG en posición aislada del resto de los taxones, la unión PP-PFCH de forma aislada, con PFCH más cerca al complejo PF y PP más cerca al complejo de PO. Las dos poblaciones sin adscripción (POA y POVE) se encuentran cercanas al complejo PF. En las islas occidentales, PIT (Tenerife) se encuentra más cerca de PS (La Gomera) y PA (La Palma) que a sus poblaciones co-específicas PIG y PIA (Fig.4.12).

- ACP (137)

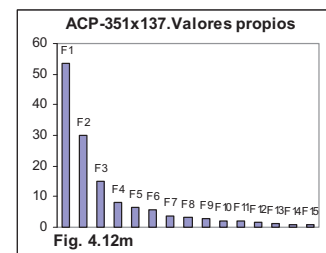
El análisis de ACP de los 137 macro-caracteres se resuelve con 15 Factores. Los valores propios, así como la varianza acumulada de los cuatro primeros factores (77.75%) tienden a ser más altos en el nivel de individuo en la matriz 351 (Tabla 4.3, Figs.4.12 y Anexo 4.2).

Tabla 4.3g. ACP-351x137. Valores propios y porcentaje de varianza

|                 | F1     | F2     | F3     | F4     | F5     | F6     | F7     | F8     | F9     | F10    | F11    | F12    | F13    | F14    | F15     |
|-----------------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|---------|
| Valores propios | 53.502 | 29.917 | 15.084 | 8.008  | 6.551  | 5.719  | 3.579  | 3.409  | 2.684  | 2.122  | 1.890  | 1.569  | 1.275  | 0.873  | 0.818   |
| % varianza      | 39.052 | 21.837 | 11.010 | 5.846  | 4.782  | 4.174  | 2.612  | 2.488  | 1.959  | 1.549  | 1.380  | 1.145  | 0.931  | 0.637  | 0.597   |
| % Acumulado     | 39.052 | 60.890 | 71.900 | 77.745 | 82.527 | 86.701 | 89.314 | 91.802 | 93.761 | 95.310 | 96.690 | 97.835 | 98.765 | 99.403 | 100.000 |

En las Tablas 4.3g, Tabla 4.16 resumen de Factores y Caracteres asociados y Anexo 4.2 se representan las siguientes asociaciones respecto a los factores o ejes:

**F1 (39.05%): INDIVIDUO:** diámetro menor y tallos basales, **FLOR:** apertura y diámetros, **Sépalos, Pétalos** (longitud, ancho de uña y naturaleza Ac-Re), **ratio Pet/Sep, Androceo** (estambres), **Gineceo** (ovario, estilo y estigma), **SILICUA** (talla del estilo, cuernos, longitud de apéndices y ángulo-3), **SEMILLAS** (contorno del ala y forma Cu-R).



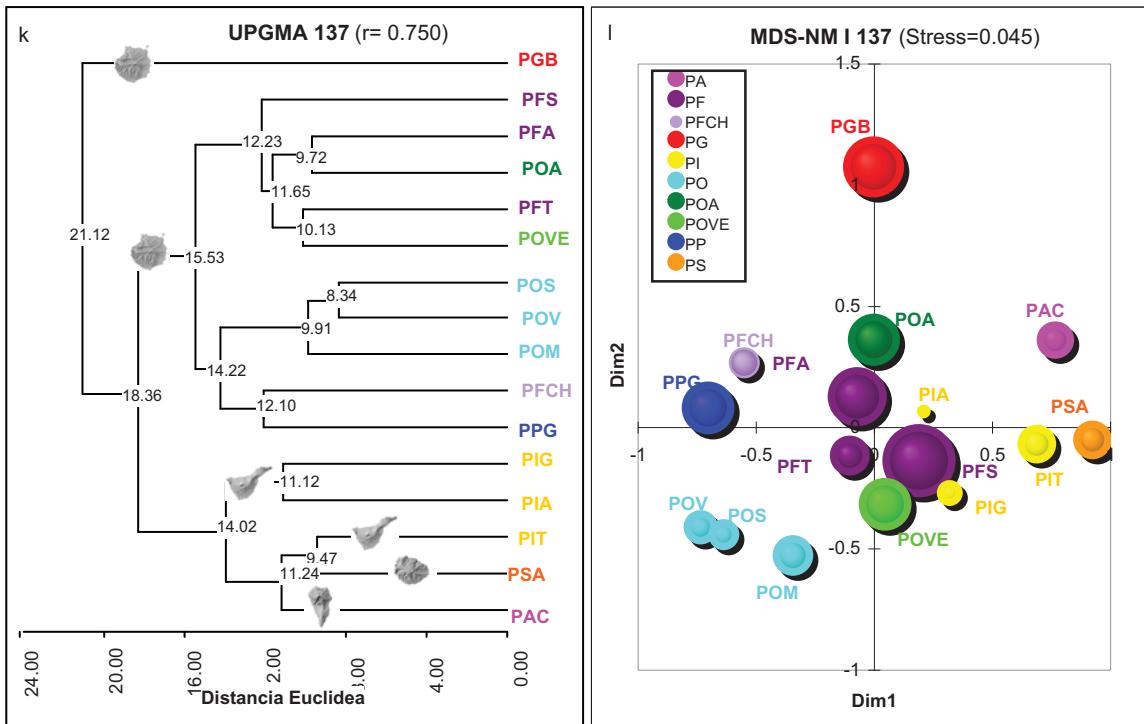
**F2 (21.84%): INDIVIDUO:** altura máxima, **HOJAS, FLOR:** orificio, **Pétalos** (forma, posición Hb-Ha, naturaleza PI-On y color BI-Vi), **SILICUA** (talla del pedúnculo y valvas, **ratio** del cuerno, ancho de apéndices, nº divisiones y ángulos1&2 de los apéndices), **SEMILLAS** (talla y grosor mayor del ala).

**F3 (11.01%): INDIVIDUO:** diámetro mayor y ramificaciones, **FLOR:** diámetros, **Pétalos** (ancho, posición Le-Ca y color Rs), **SILICUA** (nº de bifurcaciones de apéndices) y **SEMILLAS** (% forma triangular).

**F4 (5.85%): RACIMO, SILICUA** (talla de valvas, apéndice intermedio y áng-2) y **SEMILLAS** (grosor menor del ala).

- En la gráfica bidimensional F1&F2 (351 UTOs) que representa el 60.89% de la varianza se refuerzan las mismas asociaciones de poblaciones y taxones de los análisis anteriores (fenogramas y análisis de proximidad). Se refleja la afinidad del complejo PF y poblaciones asociadas POVE y POA.

TAXONOMÍA NUMÉRICA MACRO-CARACTERES: 137



TAXONOMÍA NUMÉRICA MACRO-CARACTERES: 136 sin PG&PA

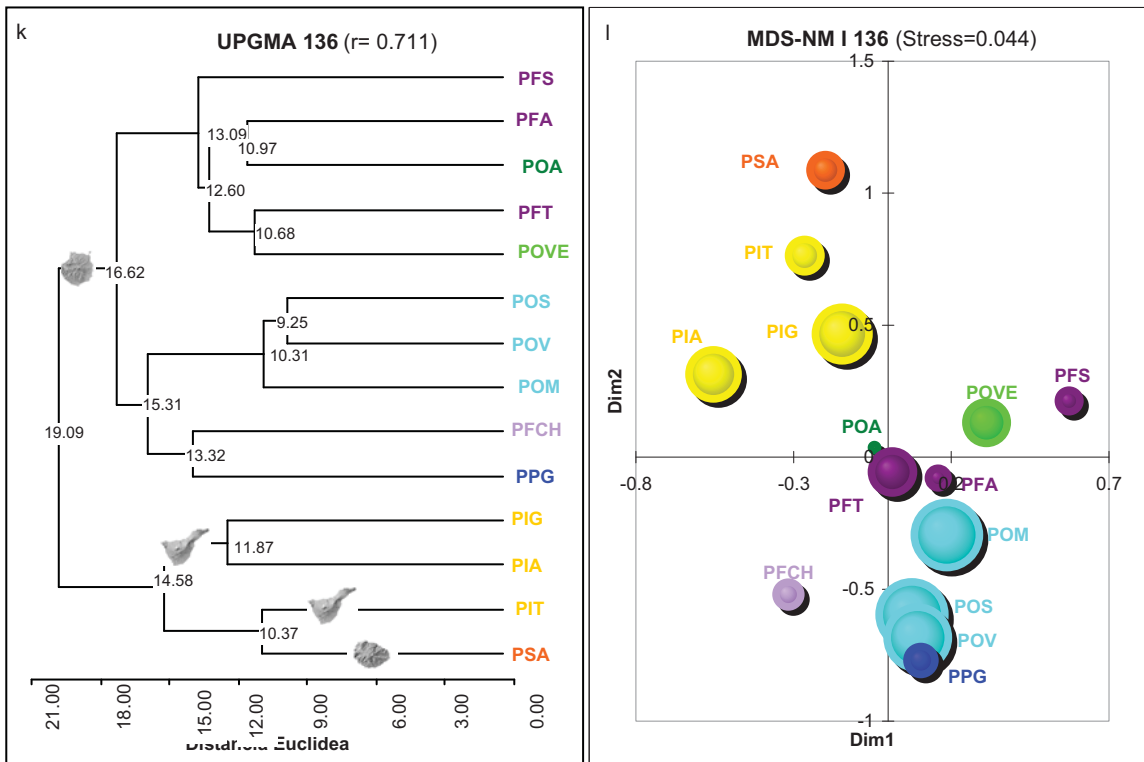


Figura 4.12.- Taxonomía Numérica de macro-caracteres (137 y 136). Análisis poblacional (16 y 14 UTOs). Fenogramas y MDS-NM. Se observa la posición aislada de *P.glabriucula* (PG) como *outgroup* del resto de los taxones. Un cluster integra los taxones de las islas occidentales *P.intermedia*, *P.schizogynoides* y *P.aridanae* (PIG-PIA y PIT-PS, PA) y el otro el resto de taxones de Gran Canaria donde se observa, por un lado, la cohesión de las poblaciones de *P.ornata* (PO) asociadas a PP-PFCH y por otro el complejo de *P.filifolia* integrado por POA y POVE. El MDS-NM pone de manifiesto las mismas agrupaciones descritas.



Asimismo se observa PG alejada del resto de los taxones y en las islas occidentales PIT (Tenerife) más cercana a PS (La Gomera) y PA (La Palma) que a las dos poblaciones co-específicas de *P.intermedia*. La asociación estrecha entre PP-PFCH, que se sitúa de forma aislada entre PO y PF, se observa más cercana al complejo PF a diferencia del fenograma y del análisis de proximidad. En la *gráfica F1&F3* el eje F3 dispersa el conjunto poblacional PF y acerca la asociación PFCH y PP a *P.ornata* en el que también se distancia POM (Figs.4.12).

- En las *gráficas tridimensionales F1&F2&F3* (71.90%) se resumen las gráficas bidimensionales donde se pone de manifiesto que el eje F3 aleja a POVE de PFT y a PFS de PFA y en *P.ornata* aleja a POM del resto de poblaciones co-específicas. En la *gráfica F1&F2&F4* (66.74%) el eje F4 acerca las poblaciones co-específicas PFS y PFA, y aleja a PIT de PS, y se hace más patente la separación entre las tres poblaciones de *P.intermedia* (Anexo-Figs.4.12).

4.2.2.1. Nivel poblacional sin PG&PA (14 UTOs). Análisis multivariante (136)

Los valores poblacionales (14 UTOs) reflejan fundamentalmente las mismas asociaciones y afinidades de los análisis anteriores con todos los taxones (Figs.4.12 y Tabla 4.15 resumen de Taxonomía Numérica).

- Fenogramas de distancias euclídeas sin PG&PA (136)

El fenograma UPGMA (r=0.711) de 14 UTOs reproduce exactamente el UPGMA-137 con las mismas asociaciones taxonómicas aunque se observa un aumento de los nodos que se refleja en una menor resolución (r). Se destaca que la asociación PFCH-PP permanece agrupada con PO (Figs.4.12).

- MDS-NM sin PG&PA (136)

De los análisis de Proximidad (MDS-NM) realizados en la matriz 307, se muestra el modelo Ordinal I que se resuelve con índice de distorsión considerado casi perfecto (Stress:0.044). Se justifican los UPGMA y su gráfica (Fig.4.12) refuerza las agrupaciones ya descritas destacando que la asociación PP-PFCH ligeramente más distante parece más cercana al complejo PO.

- ACP sin PG&PA (136)

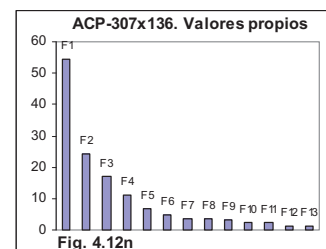
EL análisis de ACP sin PG ni PA en el conjunto de 136 macro-caracteres se resuelve con 13 Factores. Los valores propios así como la varianza acumulada de los cuatro primeros factores (78.64%) son similares a los de la matriz-137 (Tabla 4.3i, Figs.4.12 y Anexo 4.2).

Tabla 4.3i. ACP-307x136 sin PG&PA. Valores propios y porcentaje de varianza

|                 | F1     | F2     | F3     | F4     | F5     | F6     | F7     | F8     | F9     | F10    | F11    | F12    | F13     |
|-----------------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|---------|
| Valores propios | 54.526 | 24.272 | 17.127 | 11.020 | 6.916  | 4.585  | 3.616  | 3.487  | 3.088  | 2.507  | 2.282  | 1.342  | 1.233   |
| % varianza      | 40.093 | 17.847 | 12.593 | 8.103  | 5.085  | 3.371  | 2.659  | 2.564  | 2.270  | 1.844  | 1.678  | 0.987  | 0.907   |
| % Acumulado     | 40.093 | 57.940 | 70.533 | 78.636 | 83.721 | 87.092 | 89.751 | 92.315 | 94.585 | 96.429 | 98.107 | 99.093 | 100.000 |

Las variables asociadas a los cuatro primeros factores se muestran en la Tabla 4.3j y Tabla 4.16 de Factores y caracteres asociados y representa las siguientes asociaciones respecto a los factores o ejes:

**F1** (40.09%) *INDIVIDUO*: altura máxima y tallos basales, *FLOR*: apertura y diámetros, *Sépalos*, *Pétalos* (lg, ancho, forma, posición Ha y naturaleza Pl-Ac-Re), *ratio Pet/Sep*, *Androceo* (estambres), *Gineceo* (ovario, estilo y estigma), *SILICUA* (talla del pedúnculo, cuernos o astas, lg del apéndice mayor y áng-3) y *SEMILLAS* (contorno del ala).



Resultados

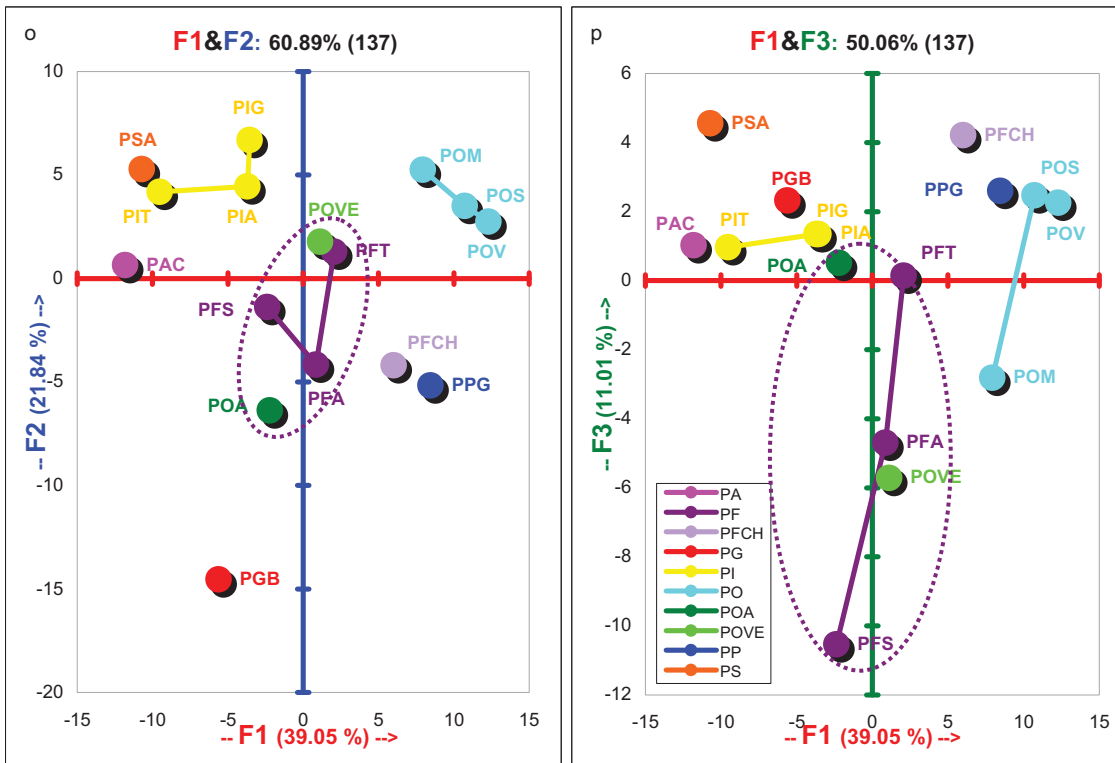
| ACP- MACRO-CARACTERES 351x137 |        |        |        |        |               |        |        |        |        |
|-------------------------------|--------|--------|--------|--------|---------------|--------|--------|--------|--------|
| Variable                      | F1     | F2     | F3     | F4     | Variable      | F1     | F2     | F3     | F4     |
| IND_H                         | 0.343  | -0.457 | -0.338 | -0.208 | PET_Ha        | -0.263 | 0.581  | 0.123  | 0.085  |
| IND_D1                        | -0.438 | -0.298 | 0.528  | -0.060 | PET_Pi        | -0.278 | 0.657  | 0.046  | 0.143  |
| IND_d2                        | -0.532 | -0.295 | 0.516  | -0.086 | PET_Ond       | -0.529 | -0.722 | 0.114  | 0.112  |
| IND_H_ra1                     | 0.454  | -0.188 | -0.686 | -0.046 | PET_Acan      | 0.655  | 0.387  | -0.237 | -0.079 |
| IND_N°Tb                      | -0.570 | 0.002  | 0.433  | 0.029  | PET_Rev       | 0.863  | 0.014  | 0.207  | -0.147 |
| H1_L                          | 0.157  | -0.873 | -0.091 | -0.077 | PET_Col_Bi    | 0.130  | -0.707 | 0.000  | 0.005  |
| H2_L                          | 0.171  | -0.785 | 0.000  | -0.067 | PET_Col_Vi    | -0.201 | 0.641  | 0.447  | 0.251  |
| H3_L                          | 0.103  | -0.752 | 0.067  | -0.019 | PET_Col_Rs    | 0.478  | -0.147 | -0.557 | -0.376 |
| h4_L                          | 0.003  | -0.680 | 0.056  | 0.015  | ESTL1_Fi_L    | 0.897  | -0.127 | 0.308  | 0.103  |
| h5_L                          | -0.158 | -0.646 | 0.085  | 0.048  | ESTL2_Fi_L    | 0.899  | -0.171 | 0.248  | 0.149  |
| ratio_H1                      | 0.219  | -0.626 | -0.527 | -0.017 | ANTL1_L       | 0.962  | 0.072  | -0.153 | 0.088  |
| ratio_H2                      | 0.254  | -0.739 | -0.303 | 0.003  | ANTL2_L       | 0.963  | 0.064  | -0.162 | 0.070  |
| ratio_H3                      | 0.248  | -0.797 | -0.289 | 0.016  | ANTL1_Lc      | 0.938  | 0.077  | -0.137 | 0.104  |
| ratio_h4                      | 0.168  | -0.805 | -0.191 | -0.005 | ANTL2_Lc      | 0.942  | 0.073  | -0.140 | 0.071  |
| ratio_h5                      | -0.070 | -0.758 | -0.227 | 0.002  | ESTM1_Fi_L    | 0.786  | -0.209 | 0.491  | 0.015  |
| Ratio H1_h5_L/A               | 0.186  | -0.749 | -0.316 | -0.126 | ESTM2_Fi_L    | 0.801  | -0.204 | 0.474  | 0.027  |
| FI_ANG SEP                    | -0.875 | -0.278 | 0.248  | -0.146 | ESTM3_Fi_L    | 0.835  | -0.193 | 0.436  | 0.053  |
| FI_D1                         | -0.591 | -0.392 | -0.136 | -0.113 | ESTM4_Fi_L    | 0.844  | -0.215 | 0.409  | 0.032  |
| FI_d2                         | -0.548 | -0.439 | -0.213 | -0.126 | ANTM1_L       | 0.960  | 0.060  | -0.165 | 0.076  |
| FI_D1-Cuad                    | -0.372 | -0.527 | 0.594  | 0.322  | ANTM2_L       | 0.957  | 0.080  | -0.160 | 0.043  |
| FI_d2-Cuad                    | -0.315 | -0.321 | 0.644  | 0.441  | ANTM3_L       | 0.964  | 0.053  | -0.168 | 0.071  |
| FI_Or_D1                      | -0.180 | -0.668 | 0.578  | 0.198  | ANTM4_L       | 0.962  | 0.073  | -0.163 | 0.068  |
| FI_Or_d2                      | -0.062 | -0.778 | 0.396  | 0.234  | ANTM1_Lc      | 0.942  | 0.072  | -0.175 | 0.033  |
| FI_ratio_Or                   | -0.285 | -0.793 | -0.144 | -0.005 | ANTM2_Lc      | 0.938  | 0.108  | -0.158 | 0.021  |
| SEPL1_L                       | 0.981  | -0.015 | 0.078  | -0.077 | ANTM3_Lc      | 0.951  | 0.085  | -0.170 | 0.072  |
| SEPL2_L                       | 0.980  | -0.014 | 0.071  | -0.080 | ANTM4_Lc      | 0.944  | 0.110  | -0.175 | 0.056  |
| SEPM1_L                       | 0.980  | -0.006 | 0.074  | -0.071 | OV_L          | 0.721  | -0.471 | 0.042  | 0.312  |
| SEPM2_L                       | 0.980  | -0.014 | 0.067  | -0.071 | ETL_L         | 0.478  | 0.096  | 0.114  | -0.099 |
| SEPL1_Ab                      | 0.858  | 0.234  | 0.285  | 0.132  | ETG_L         | 0.824  | -0.210 | -0.165 | 0.236  |
| SEPL2_Ab                      | 0.871  | 0.226  | 0.232  | 0.150  | ETG_A         | 0.868  | -0.063 | -0.124 | 0.165  |
| SEPL1_Amx                     | 0.885  | 0.147  | 0.155  | 0.263  | RAC_L         | -0.395 | 0.139  | 0.048  | 0.795  |
| SEPL2_Amx                     | 0.890  | 0.138  | 0.174  | 0.230  | RAC_PED_L     | -0.250 | -0.223 | 0.303  | -0.070 |
| SEPL1_HAmx                    | 0.963  | -0.010 | 0.081  | -0.148 | F_PED_L       | 0.346  | -0.744 | -0.018 | 0.181  |
| SEPL2_HAmx                    | 0.963  | -0.012 | 0.085  | -0.161 | F_ratio_VA    | 0.181  | -0.603 | -0.220 | 0.647  |
| SEPM1_Ab                      | 0.908  | 0.088  | 0.135  | 0.128  | F1_V_L        | 0.294  | -0.574 | -0.373 | 0.571  |
| SEPM2_Ab                      | 0.916  | 0.056  | 0.150  | 0.089  | F1_ratio_VA   | 0.276  | -0.627 | -0.378 | 0.516  |
| SEPM1_Amx                     | 0.911  | 0.068  | 0.091  | 0.240  | F2_V_L        | 0.197  | -0.605 | -0.518 | 0.397  |
| SEPM2_Amx                     | 0.903  | 0.040  | 0.064  | 0.228  | F2_ratio_VA   | 0.132  | -0.669 | -0.470 | 0.358  |
| SEPM1_HAmx                    | 0.945  | -0.011 | 0.135  | -0.192 | F3_V_L        | 0.099  | -0.674 | -0.378 | 0.310  |
| SEPM2_HAmx                    | 0.931  | 0.000  | 0.131  | -0.184 | F3_ratio_VA   | 0.098  | -0.686 | -0.428 | 0.306  |
| PET1_L                        | 0.889  | -0.341 | 0.198  | 0.053  | F_EST_L       | 0.475  | 0.337  | -0.385 | 0.275  |
| PET2_L                        | 0.892  | -0.334 | 0.191  | 0.066  | F_CU_L        | 0.573  | 0.132  | -0.427 | 0.369  |
| PET3_L                        | 0.896  | -0.336 | 0.197  | 0.051  | F_CU_A        | 0.745  | 0.480  | 0.239  | -0.013 |
| PET4_L                        | 0.903  | -0.320 | 0.183  | 0.083  | F_ratio_CU    | -0.233 | -0.662 | -0.525 | 0.238  |
| PET1_Uñ_L                     | 0.951  | -0.106 | 0.161  | 0.011  | F_ACU_MY_L    | 0.545  | 0.447  | -0.348 | 0.252  |
| PET2_Uñ_L                     | 0.955  | -0.119 | 0.147  | 0.021  | F_ACU_MY_A    | 0.535  | 0.754  | 0.062  | -0.019 |
| PET3_Uñ_L                     | 0.961  | -0.092 | 0.139  | 0.009  | F_ACU_MN_L    | 0.505  | 0.479  | -0.293 | 0.291  |
| PET4_Uñ_L                     | 0.962  | -0.110 | 0.136  | 0.015  | F_ACU_MN_A    | 0.454  | 0.765  | 0.038  | 0.032  |
| PET1_Uñ_Ab                    | 0.758  | -0.504 | 0.007  | -0.100 | F_ACU_INT_L   | 0.172  | 0.590  | 0.254  | 0.647  |
| PET2_Uñ_Ab                    | 0.745  | -0.450 | 0.078  | 0.040  | F_ACU_INT_A   | 0.166  | 0.512  | 0.035  | 0.648  |
| PET3_Uñ_Ab                    | 0.741  | -0.434 | 0.093  | -0.054 | F_ACU_NAp     | 0.310  | 0.622  | -0.269 | 0.269  |
| PET4_Uñ_Ab                    | 0.768  | -0.436 | 0.082  | -0.086 | F_ACU_NPr     | -0.005 | 0.512  | 0.459  | -0.199 |
| PET1_Uñ_Aa                    | 0.381  | -0.243 | 0.756  | -0.258 | F_ACU_B2-B3   | 0.304  | 0.433  | 0.531  | 0.087  |
| PET2_Uñ_Aa                    | 0.380  | -0.250 | 0.741  | -0.220 | F_ACU_MY_NB   | 0.154  | 0.780  | 0.159  | -0.135 |
| PET3_Uñ_Aa                    | 0.329  | -0.230 | 0.777  | -0.284 | F_ACU_MN_NB   | 0.076  | 0.898  | -0.045 | 0.158  |
| PET4_Uñ_Aa                    | 0.372  | -0.246 | 0.776  | -0.226 | F_ACU_INT_NB  | -0.031 | 0.693  | 0.150  | 0.409  |
| PET1_Lim_Amx                  | -0.409 | -0.060 | 0.658  | 0.426  | F_ACU_BT      | 0.137  | 0.907  | 0.068  | 0.041  |
| PET2_Lim_Amx                  | -0.283 | -0.148 | 0.730  | 0.430  | F_ACU_ANG1    | 0.231  | 0.740  | -0.162 | 0.023  |
| PET3_Lim_Amx                  | -0.298 | -0.145 | 0.722  | 0.423  | F_ACU_ANG2    | 0.220  | 0.677  | 0.106  | 0.549  |
| PET4_Lim_Amx                  | -0.270 | -0.147 | 0.748  | 0.423  | F_ACU_ANG3    | 0.581  | 0.218  | 0.229  | -0.087 |
| RATIO_LIM                     | 0.340  | -0.293 | -0.697 | -0.145 | SEM_P         | -0.496 | -0.634 | 0.057  | 0.136  |
| PET1_Lim_HAmx                 | 0.422  | -0.667 | -0.050 | -0.414 | SEM_E         | 0.121  | -0.615 | 0.380  | -0.320 |
| PET2_Lim_HAmx                 | 0.494  | -0.745 | 0.092  | -0.280 | SEM_Ala_GrMy  | -0.305 | -0.718 | 0.192  | 0.286  |
| PET3_Lim_HAmx                 | 0.446  | -0.732 | 0.189  | -0.317 | SEM_Ala_GrMn  | -0.413 | -0.482 | 0.095  | 0.483  |
| PET4_Lim_HAmx                 | 0.491  | -0.733 | 0.136  | -0.296 | %SEM_F_T-Co   | -0.008 | 0.277  | -0.691 | 0.001  |
| ratio_Pet_Sep                 | -0.910 | -0.185 | 0.185  | 0.033  | %SEM_F_Cu-Ci  | 0.594  | 0.400  | 0.244  | -0.430 |
| PET_Le                        | 0.084  | 0.250  | -0.576 | -0.052 | %SEM_F_R-E    | -0.515 | -0.499 | 0.016  | 0.434  |
| PET_Ca                        | 0.256  | -0.316 | 0.440  | -0.213 | SEM_Ala_distr | -0.722 | -0.461 | 0.128  | 0.292  |
| PET_Hb                        | -0.198 | -0.686 | 0.154  | 0.134  |               |        |        |        |        |

Tabla 4.3h. ACP de macro-caracteres 351x137. Contribución de las variables a los factores. F1: INDIVIDUO (tallos basales), FLOR (apertura y diámetros; Sépalos; Pétalos lg y naturaleza Ac-Re; ratio Pet/Sep; Androceo; Gineceo), SILICUA (estilo, cuernos, apéndices lg y áng-3), SEMILLAS (contorno ala, forma Cu-R). F2: INDIVIDUO (altura), HOJAS, FLOR (orificio, Pétalos forma, posición Hb-Ha, naturaleza Pi-On y color Bi-Vi), SILICUA (pedúnculo, valvas, ratio del cuerno, apéndices ancho, nº de divisiones y áng-1&2), SEMILLAS (talla y grosor ala). F3: INDIVIDUO (diámetros y ramificación), FLOR (diámetros, Pétalos ancho, posición Le-Ca y color Rs), SILICUA (nº bifurcaciones apéndices) y SEMILLAS (forma T). F4: RACIMO, SILICUA (valvas y apéndice intermedio) y SEMILLAS (diámetro menor del ala).

| ACP- MACRO-CARACTERES sin PG & PA 307x136 |        |        |        |        |               |        |        |        |        |
|---|--------|--------|--------|--------|---------------|--------|--------|--------|--------|
| Variable                                  | F1     | F2     | F3     | F4     | Variable      | F1     | F2     | F3     | F4     |
| IND_H                                     | 0.764  | 0.359  | -0.405 | -0.200 | PET_Ha        | -0.671 | -0.101 | 0.382  | 0.227  |
| IND_D1                                    | -0.216 | 0.015  | 0.641  | -0.074 | PET_PI        | -0.623 | -0.449 | -0.026 | 0.069  |
| IND_d2                                    | -0.393 | -0.013 | 0.605  | -0.137 | PET_Ond       | -0.465 | 0.564  | 0.295  | 0.170  |
| IND_H_ra1                                 | 0.437  | 0.358  | -0.606 | -0.080 | PET_Acan      | 0.662  | -0.238 | -0.400 | -0.108 |
| IND_N°Tb                                  | -0.552 | -0.160 | 0.434  | -0.032 | PET_Rev       | 0.857  | -0.144 | 0.170  | -0.098 |
| H1_L                                      | 0.441  | 0.787  | 0.180  | -0.039 | PET_Col_BI    | 0.243  | 0.598  | 0.239  | 0.080  |
| H2_L                                      | 0.440  | 0.705  | 0.272  | -0.006 | PET_Col_Vi    | -0.344 | -0.682 | 0.241  | 0.229  |
| H3_L                                      | 0.380  | 0.677  | 0.342  | 0.049  | PET_Col_Rs    | 0.512  | 0.243  | -0.532 | -0.412 |
| h4_L                                      | 0.317  | 0.660  | 0.318  | 0.090  | ESTL1_Fi_L    | 0.886  | -0.096 | 0.369  | 0.135  |
| h5_L                                      | 0.176  | 0.655  | 0.345  | 0.126  | ESTL2_Fi_L    | 0.902  | -0.046 | 0.308  | 0.181  |
| ratio_H1                                  | 0.250  | 0.822  | -0.202 | 0.046  | ANTL1_L       | 0.945  | -0.073 | -0.216 | 0.075  |
| ratio_H2                                  | 0.341  | 0.818  | 0.024  | 0.088  | ANTL2_L       | 0.948  | -0.064 | -0.224 | 0.051  |
| ratio_H3                                  | 0.384  | 0.871  | 0.061  | 0.100  | ANTL1_Lc      | 0.915  | -0.083 | -0.201 | 0.086  |
| ratio_h4                                  | 0.316  | 0.860  | 0.168  | 0.084  | ANTL2_Lc      | 0.923  | -0.076 | -0.203 | 0.055  |
| ratio_h5                                  | 0.135  | 0.903  | 0.145  | 0.102  | ESTM1_Fi_L    | 0.796  | -0.184 | 0.483  | 0.019  |
| Ratio H1_h5_L/A                           | 0.218  | 0.890  | 0.067  | -0.064 | ESTM2_Fi_L    | 0.814  | -0.177 | 0.456  | 0.040  |
| FI_ANG_SEP                                | -0.890 | 0.036  | 0.306  | -0.241 | ESTM3_Fi_L    | 0.839  | -0.156 | 0.441  | 0.070  |
| FI_D1                                     | -0.555 | 0.282  | -0.122 | -0.225 | ESTM4_Fi_L    | 0.857  | -0.145 | 0.417  | 0.037  |
| FI_d2                                     | -0.459 | 0.388  | -0.175 | -0.190 | ANTM1_L       | 0.940  | -0.083 | -0.245 | 0.048  |
| FI_D1-Cuad                                | -0.237 | 0.152  | 0.769  | 0.359  | ANTM2_L       | 0.935  | -0.102 | -0.244 | 0.009  |
| FI_d2-Cuad                                | -0.154 | 0.086  | 0.765  | 0.526  | ANTM3_L       | 0.947  | -0.065 | -0.239 | 0.051  |
| FI_Or_D1                                  | 0.030  | 0.255  | 0.817  | 0.257  | ANTM4_L       | 0.942  | -0.095 | -0.244 | 0.040  |
| FI_Or_d2                                  | 0.263  | 0.461  | 0.644  | 0.307  | ANTM1_Lc      | 0.921  | -0.068 | -0.242 | 0.005  |
| FI_ratio_Or                               | 0.041  | 0.894  | 0.138  | 0.102  | ANTM2_Lc      | 0.913  | -0.112 | -0.239 | -0.017 |
| SEPL1_L                                   | 0.973  | -0.151 | 0.014  | -0.097 | ANTM3_Lc      | 0.929  | -0.091 | -0.252 | 0.050  |
| SEPL2_L                                   | 0.973  | -0.147 | 0.007  | -0.098 | ANTM4_Lc      | 0.920  | -0.101 | -0.255 | 0.027  |
| SEPM1_L                                   | 0.971  | -0.163 | 0.002  | -0.092 | OV_L          | 0.763  | 0.311  | 0.163  | 0.348  |
| SEPM2_L                                   | 0.973  | -0.154 | -0.006 | -0.089 | ETL_L         | 0.532  | -0.275 | -0.038 | -0.135 |
| SEPL1_Ab                                  | 0.796  | -0.466 | 0.114  | 0.129  | ETG_L         | 0.813  | 0.106  | -0.188 | 0.219  |
| SEPL2_Ab                                  | 0.812  | -0.451 | 0.049  | 0.151  | ETG_A         | 0.837  | 0.116  | -0.075 | 0.187  |
| SEPL1_Amx                                 | 0.826  | -0.341 | 0.023  | 0.301  | RAC_L         | -0.346 | -0.323 | -0.175 | 0.732  |
| SEPL2_Amx                                 | 0.836  | -0.321 | 0.056  | 0.271  | RAC_PED_L     | -0.138 | -0.268 | 0.142  | -0.260 |
| SEPL1_HAmx                                | 0.955  | -0.132 | 0.030  | -0.184 | F_PED_L       | 0.551  | 0.546  | 0.105  | 0.164  |
| SEPL2_HAmx                                | 0.958  | -0.133 | 0.029  | -0.185 | F_ratio_VA    | 0.244  | 0.495  | -0.125 | 0.683  |
| SEPM1_Ab                                  | 0.869  | -0.308 | -0.011 | 0.116  | F1_V_L        | 0.341  | 0.516  | -0.316 | 0.601  |
| SEPM2_Ab                                  | 0.884  | -0.280 | 0.019  | 0.083  | F1_ratio_VA   | 0.325  | 0.610  | -0.264 | 0.535  |
| SEPM1_Amx                                 | 0.871  | -0.210 | 0.002  | 0.273  | F2_V_L        | 0.276  | 0.571  | -0.506 | 0.374  |
| SEPM2_Amx                                 | 0.862  | -0.189 | -0.017 | 0.258  | F2_ratio_VA   | 0.204  | 0.679  | -0.364 | 0.340  |
| SEPM1_HAmx                                | 0.935  | -0.194 | 0.055  | -0.231 | F3_V_L        | 0.179  | 0.759  | -0.108 | 0.348  |
| SEPM2_HAmx                                | 0.924  | -0.182 | 0.053  | -0.219 | F3_ratio_VA   | 0.187  | 0.746  | -0.194 | 0.327  |
| PET1_L                                    | 0.947  | 0.053  | 0.201  | 0.050  | F_EST_L       | 0.460  | -0.241 | -0.583 | 0.276  |
| PET2_L                                    | 0.945  | 0.055  | 0.196  | 0.064  | F_CU_L        | 0.501  | 0.271  | -0.355 | 0.515  |
| PET3_L                                    | 0.949  | 0.060  | 0.207  | 0.051  | F_CU_A        | 0.723  | -0.515 | 0.134  | 0.027  |
| PET4_L                                    | 0.951  | 0.045  | 0.189  | 0.077  | F_ratio_CU    | -0.136 | 0.713  | -0.456 | 0.224  |
| PET1_Uñ_L                                 | 0.961  | -0.079 | 0.125  | 0.021  | F_ACU_MY_L    | 0.486  | -0.052 | -0.431 | 0.433  |
| PET2_Uñ_L                                 | 0.965  | -0.066 | 0.116  | 0.027  | F_ACU_MY_A    | 0.505  | -0.705 | -0.026 | 0.108  |
| PET3_Uñ_L                                 | 0.971  | -0.074 | 0.106  | 0.023  | F_ACU_MN_L    | 0.418  | -0.139 | -0.386 | 0.469  |
| PET4_Uñ_L                                 | 0.971  | -0.055 | 0.112  | 0.029  | F_ACU_MN_A    | 0.346  | -0.677 | -0.066 | 0.196  |
| PET1_Uñ_Ab                                | 0.782  | 0.441  | 0.217  | -0.074 | F_ACU_INT_L   | 0.051  | -0.684 | -0.038 | 0.603  |
| PET2_Uñ_Ab                                | 0.768  | 0.322  | 0.236  | 0.097  | F_ACU_INT_A   | 0.018  | -0.467 | -0.145 | 0.648  |
| PET3_Uñ_Ab                                | 0.754  | 0.333  | 0.266  | -0.011 | F_ACU_NAp     | 0.269  | -0.164 | -0.397 | 0.648  |
| PET4_Uñ_Ab                                | 0.789  | 0.327  | 0.250  | -0.034 | F_ACU_NPr     | 0.016  | -0.540 | 0.403  | -0.188 |
| PET1_Uñ_Aa                                | 0.429  | -0.187 | 0.743  | -0.217 | F_ACU_B2-B3   | 0.328  | -0.565 | 0.392  | 0.142  |
| PET2_Uñ_Aa                                | 0.427  | -0.129 | 0.752  | -0.162 | F_ACU_MY_NB   | 0.035  | -0.672 | 0.263  | -0.037 |
| PET3_Uñ_Aa                                | 0.390  | -0.191 | 0.759  | -0.237 | F_ACU_MN_NB   | -0.134 | -0.786 | -0.255 | 0.420  |
| PET4_Uñ_Aa                                | 0.421  | -0.178 | 0.772  | -0.172 | F_ACU_INT_NB  | -0.247 | -0.669 | -0.085 | 0.351  |
| PET1_Lim_Amx                              | -0.244 | -0.237 | 0.648  | 0.526  | F_ACU_BT      | -0.053 | -0.893 | -0.056 | 0.214  |
| PET2_Lim_Amx                              | -0.117 | -0.138 | 0.764  | 0.560  | F_ACU_ANG1    | -0.127 | -0.365 | -0.196 | 0.287  |
| PET3_Lim_Amx                              | -0.108 | -0.167 | 0.750  | 0.566  | F_ACU_ANG2    | 0.021  | -0.718 | -0.184 | 0.506  |
| PET4_Lim_Amx                              | -0.102 | -0.153 | 0.776  | 0.553  | F_ACU_ANG3    | 0.569  | -0.431 | 0.003  | -0.148 |
| RATIO_LIM                                 | 0.394  | 0.401  | -0.646 | -0.192 | SEM_P         | -0.253 | 0.582  | 0.192  | 0.241  |
| PET1_Lim_HAmx                             | 0.587  | 0.421  | 0.054  | -0.561 | SEM_E         | 0.240  | 0.495  | 0.668  | -0.224 |
| PET2_Lim_HAmx                             | 0.667  | 0.512  | 0.287  | -0.293 | SEM_Ala_GrMy  | -0.381 | 0.337  | 0.356  | 0.634  |
| PET3_Lim_HAmx                             | 0.609  | 0.472  | 0.393  | -0.340 | SEM_Ala_GrMn  | -0.578 | 0.034  | 0.023  | 0.659  |
| PET4_Lim_HAmx                             | 0.645  | 0.479  | 0.329  | -0.350 | %SEM_F_T-Co   | -0.116 | 0.146  | -0.687 | 0.021  |
| ratio_Pet_Sep                             | -0.915 | 0.138  | 0.283  | 0.012  | %SEM_F_Cu-Ci  | 0.468  | -0.384 | 0.293  | -0.538 |
| PET_Le                                    | 0.245  | 0.178  | -0.705 | -0.014 | %SEM_F_R-E    | -0.353 | 0.334  | 0.012  | 0.577  |
| PET_Ca                                    | 0.334  | -0.328 | 0.363  | -0.364 | SEM_Ala_distr | -0.647 | 0.395  | 0.288  | 0.340  |

Tabla 4.3j. ACP de macro-caracteres sin PG&PA 307x136. Contribución de las variables a los factores. F1: INDIVIDUO (altura y tallos basales), FLOR (apertura y diámetros; Sépalos; Pétalos lg, forma, posición Ha y naturaleza Pl-Ac-Re; ratio Pet/Sep; Androceo; Gineceo), SILICUA (pedúnculo, cuernos, apéndices lg y áng-3), SEMILLAS (contorno del ala). F2: HOJAS, FLOR (ratio orificio, Pétalos forma, naturaleza On y color Bl-Vi), SILICUA (valvas, apéndices ancho, nº divisiones y ángulos 1&2), SEMILLAS (diámetro mayor). F3: INDIVIDUO (diámetros y ramificación), FLOR (diámetros y orificio; Pétalos ancho, posición Le y color Rs), SILICUA (estilo) y SEMILLAS (diámetro menor y forma T). F4: PÉTALOS (posición Ca), RACIMO, SILICUA (valvas, apéndices menor e intermedio y nº de apéndices), SEMILLAS (grosor del ala y forma Cu-R).

TAXONOMÍA NUMÉRICA. MACRO-CARACTERES: ACP- 137



TAXONOMÍA NUMÉRICA. MACRO-CARACTERES: ACP- 136 sin PG&PA

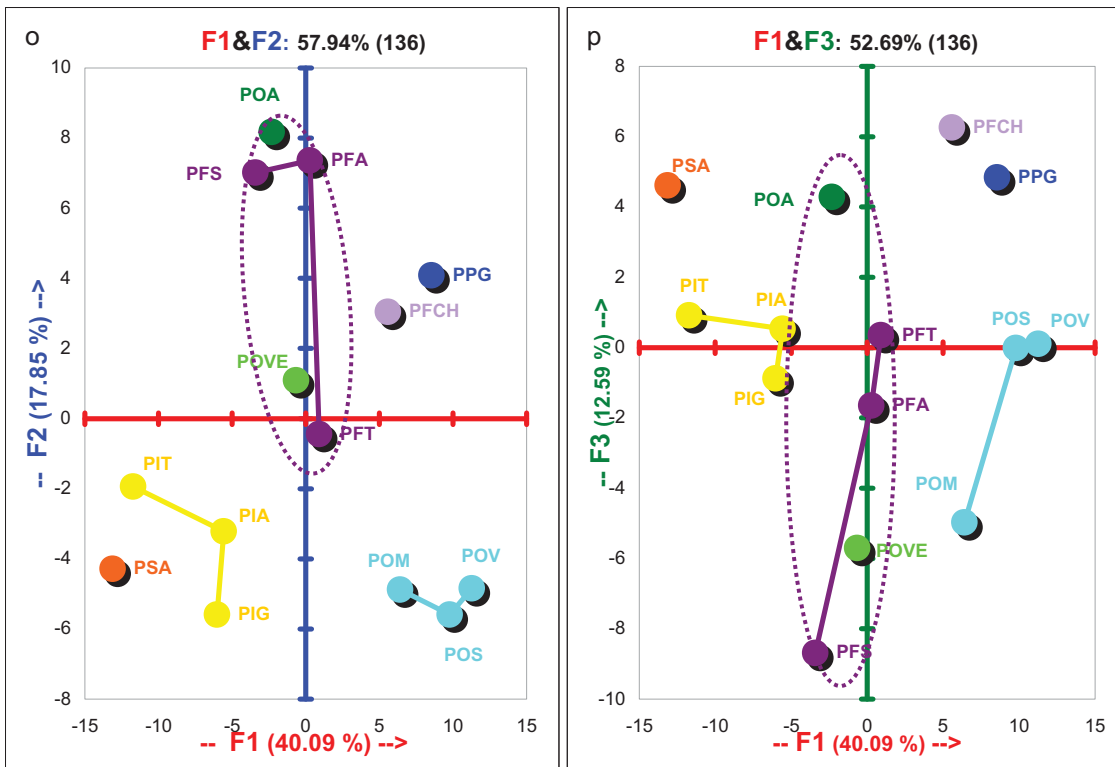


Figura 4.12.-Taxonomía Numérica de macro-caracteres 137 y 136 (351-307 UTOs). ACP. Gráficas bidimensionales. En el análisis de 137 la gráfica F1&F2 refleja la afinidad del complejo PF (incluyendo POVE y POA), PG se observa alejada del resto de taxones y PIT más cercana a PS y PA que a sus poblaciones co-específicas. PP-PFCH se sitúan más cercanas al complejo PF que a PO a diferencia del fenograma y MDS. La gráfica F1&F3 dispersa el conjunto poblacional de PF y acerca la asociación PFCH-PP a PO donde se distancia POM. En el análisis de 136 sin PG&PA el eje F2 y F3 dispersan el complejo PF.



**F2** (17.85%): *HOJAS*, *FLOR*: *ratio* orificio, *Pétalos* (forma, naturaleza On y color Bl-Vi), *SILICUA* (talla valvas y ancho apéndices, nº divisiones y ángulos 1&2) y *SEMILLAS* (diámetros).

**F3** (12.59%): *INDIVIDUOS* diámetros y ramificaciones, *FLOR*: diámetros y orificio, *Pétalos* (ancho, posición Le y color Rs), *SILICUA* (lg del estilo) y *SEMILLAS* (diámetro menor y forma triangular)

**F4** (8.10%): *PÉTALOS* (posición Ca), *RACIMO*, *SILICUA* (talla de valvas, apéndices menor e intermedio y nº de apéndices) y *SEMILLAS* (grosor del ala y forma Cu-R).

- En las *representaciones bi-dimensionales*, la *gráfica F1&F2* (57.94%) refuerza las mismas asociaciones de taxones del análisis de 137 caracteres. Se refleja la afinidad de PF y poblaciones asociadas POVE y POA, sin embargo se diferencia en que el *eje F2* dispersa a las poblaciones del complejo PF (distanciando a PFT-POVE de PFS-PFA-POA). La asociación PP-PFCH se encuentra más relacionada al complejo PF que a PO. En la *gráfica F1&F3*, el *eje F3* acentúa la dispersión del complejo PF y acerca la asociación PFCH-PP a *P.ornata* (PO) en el que también se distancia POM (Figs.4.12).

- En la *representación tridimensional*, la *gráfica F1&F2&F3* (307 UTOs) el *eje F3* aleja por una lado a PFS de sus poblaciones co-específicas (PFA y PFT) y por otro, distancia POA y POVE del complejo PF y por último POM del resto de *P.ornata*. En la *gráfica F1&F2&F4*, el *eje F4* aleja en los taxones de las otras islas a PS (La Gomera) de PI (Tenerife) y acentúa el alejamiento de PIA con sus poblaciones co-específicas. (Anexo 4.2).

#### 4.2.3. Depuración de macro-caracteres. Análisis Discriminante (126 y 125)

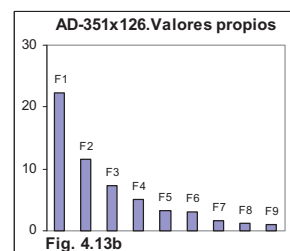
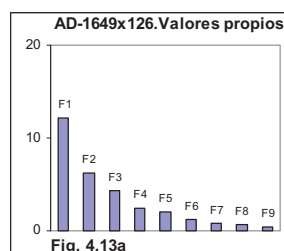
El total de los 137 macro-caracteres se depura en primer lugar de 11 caracteres [*Fl\_Or-D1* (1), *Pet\_Uñ\_Aa* (4), *Estl\_Fi\_L* (2), *Estm\_Fi\_L* (4)] con escaso valor discriminante (*carga factorial* <0.150) en los niveles tanto infra-individuales (*matriz 1649*) como de individuo (*matriz 351*) pasando a configurar una matriz de 126. El modelo de AD con 126 caracteres, se resuelve en ambos niveles o matrices con 9 Factores (Tablas 4.4, Anexo 4.2 y Figs.4.13).

| Tabla 4.4a. AD-1649x126. Valores propios y porcentaje de varianza |        |        |        |        |        |        |        |        |         |
|---|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|---------|
|   | F1     | F2     | F3     | F4     | F5     | F6     | F7     | F8     | F9      |
| Valores propios   | 12.141 | 6.165  | 4.279  | 2.399  | 1.962  | 1.184  | 0.863  | 0.718  | 0.451   |
| % varianza  | 40.251 | 20.438 | 14.187 | 7.955  | 6.504  | 3.927  | 2.862  | 2.380  | 1.497   |
| % Acumulado   | 40.251 | 60.689 | 74.876 | 82.831 | 89.335 | 93.262 | 96.123 | 98.503 | 100.000 |

| Tabla 4.4b. AD-351x126. Valores propios y porcentaje de varianza |        |        |        |        |        |        |        |        |         |
|--|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|---------|
|  | F1     | F2     | F3     | F4     | F5     | F6     | F7     | F8     | F9      |
| Valores propios  | 22.278 | 11.585 | 7.199  | 5.133  | 3.157  | 3.061  | 1.714  | 1.256  | 0.962   |
| % varianza   | 39.539 | 20.560 | 12.777 | 9.109  | 5.603  | 5.432  | 3.042  | 2.229  | 1.708   |
| % Acumulado  | 39.539 | 60.099 | 72.875 | 81.985 | 87.588 | 93.020 | 96.063 | 98.292 | 100.000 |

Los *valores propios* (discriminantes) son casi el doble en la matriz de 351 UTOs, sin embargo la *varianza acumulada* discriminadora de los cuatro primeros factores, es similar en ambos niveles de observación (82.83 % y 81.98%).

En los AD de 126 caracteres las variables más importantes asociadas a cada uno de los cuatro primeros factores son muy similares a las del AD-137 y se muestran en las Tablas de contribución de las



variables (Anexo 4.2) y Tabla 4.16 resumen de *Factores y Caracteres asociados* representando las mismas asociaciones de caracteres respecto a los *factores o ejes*. La *representación gráfica* en el AD de 126 *macro-caracteres* de los cuatro primeros *factores* como en los análisis anteriores, discrimina de forma más patente en la matriz de individuo (351). En los distintos ejes, mantiene prácticamente las mismas asociaciones de poblaciones y taxones de el AD anterior de 137 caracteres (Tabla 4.14 resumen de Análisis Discriminante y Anexo 4.2).

#### 4.2.3.1. Depuración de macro-caracteres sin PG ni PA. Análisis discriminante (125)

Al quitar PG y PA como grupos ya diferenciados, el AD-126 en ambos niveles o matrices (1452 y 307 UTOs) se reduce a 125 caracteres (ya que no admite la variable de pétalo horizontal bajo exclusiva de PG) y se resuelve mejor que el anterior con solo 7 Factores.

Los *valores propios* son casi el doble en las matrices de 307 UTOs, sin embargo la varianza acumulativa discriminadora de los cuatro primeros factores, es similar en ambos niveles de observación: 87.56% en la matriz de 1452 UTOs y 86.31% en la matriz de 125x307 UTOs (Tablas 4.4c, d).

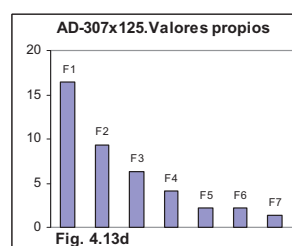
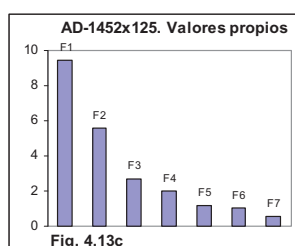
|                 | F1     | F2     | F3     | F4     | F5     | F6     | F7      |
|-----------------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|---------|
| Valores propios | 9.465  | 5.569  | 2.696  | 1.975  | 1.205  | 1.030  | 0.565   |
| % varianza      | 42.059 | 24.743 | 11.979 | 8.775  | 5.355  | 4.577  | 2.512   |
| % Acumulado     | 42.059 | 66.802 | 78.781 | 87.556 | 92.911 | 97.488 | 100.000 |

|                 | F1     | F2     | F3     | F4     | F5     | F6     | F7      |
|-----------------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|---------|
| Valores propios | 16.444 | 9.283  | 6.349  | 4.069  | 2.219  | 2.129  | 1.385   |
| % varianza      | 39.267 | 22.166 | 15.161 | 9.716  | 5.300  | 5.084  | 3.307   |
| % Acumulado     | 39.267 | 61.433 | 76.594 | 86.310 | 91.609 | 96.693 | 100.000 |

En el AD de 125 *caracteres sin PG & PA*, las variables asociadas más importantes a cada uno de los cuatro primeros factores (>0.40) se muestran en las Tablas de contribución de las variables (Anexo 4.2) y en la Tabla 4.16 resumen de *Factores y Caracteres asociados* y representan las mismas asociaciones respecto a los *factores o ejes* que el AD-136.

Al quitar PG y PA como grupos más diferenciados, el modelo AD-125 se diferencia del 126 en que los valores propios bajan ligeramente y mejora notablemente la varianza acumulada de los cuatro primeros factores. Al mismo tiempo algunas variables cambian de factor, generalmente adelantándose desde el inmediato inferior:

En el **F1** con el grueso de los caracteres de la Flor, aparece la altura de los individuos y la longitud de los pétalos, antes en el F2. El nuevo **F2** está formado por el grupo de variables del anterior F3, acompañadas por las biometrías de las valvas de la silicua. El nuevo **F3** es el anterior F4, quedando este último reducido al estilo del fruto y *ratio* de los cuernos o astas solo en la matriz de 1452. Pierden importancia los caracteres de la Semilla (forma y ala).



La representación gráfica del AD-125 sin PG & PA (Anexo 4.2) según los factores o ejes, como en AD-136 discriminan de forma más patente a los taxones en los resultados de la matriz de 307 UTOs.

#### 4.2.4. Nivel poblacional (16 y 14 UTOs). Análisis multivariante (126 y 125)

Los resultados de los análisis de los 137 macro-caracteres depurados a 126 son similares a los anteriores análisis aunque cambia la asociación de PP-PFCH que pasa a un nodo junto con PF (Tabla 4.15 resumen de Taxonomía Numérica y Anexo 4.2).

En todos los análisis (UPGMA, MDS-NM y ACP) se sigue reflejando la posición aislada de PG respecto al resto de los taxones, en los que también se pone de manifiesto la independencia de las islas occidentales con una mayor afinidad entre Teno (PIT), La Gomera (PSA) y después La Palma (PIT-PS, PA) que se separan de las otras dos poblaciones de Tenerife (PIG-PIA). En Gran Canaria, se sigue diferenciando *P.ornata* (PO) y el complejo *P.filifolia* (PF) integrado también por dos de las tres poblaciones sin adscripción (PFS-PFA y PFT-POVE) donde cambian las agrupaciones internas. La asociación PP-PFCH, a diferencia de los anteriores análisis 137 y 136 acompaña aquí al complejo PF (Tabla 4.15 resumen de Taxonomía Numérica y Anexo 4.2).

En el análisis de 125 caracteres depurados sin PG ni PA, los resultados también son prácticamente idénticos a los del anterior análisis de 126 caracteres (Tabla 4.16 resumen de Factores y Caracteres asociados, Tabla 4.15 resumen de Taxonomía numérica y Anexo 4.2).

#### 4.2.5. Depuración de macro-caracteres. Análisis Discriminante (120 y 119)

La matriz de 351x126 depurada de 6 macro-caracteres (*Pet\_Le*, *Etl\_L*, *Rac\_Ped\_L*, *F\_Acu\_Int\_A*, *F\_Acu\_Ang3*, *%Sem\_T\_Co*) con escaso valor discriminante (*carga factorial* <0.150) en los niveles infra-individual (1649 UTOs) y de individuo (351 UTOs) pasa a una matriz de 120 caracteres. Como en los análisis anteriores, el modelo de AD- 120 se resuelve en ambos niveles o matrices con 9 Factores (Tablas 4.5a, b y Figs.4.14). Los valores propios suben casi al doble en la matriz de 351 UTOs como en los anteriores análisis, sin embargo la varianza acumulada discriminadora de los cuatro primeros factores, es similar en ambos niveles de observación (82.96% y 82.15%).

Tabla 4.5a. AD-1649x120. Valores propios y porcentaje de varianza

|                 | F1     | F2     | F3     | F4     | F5     | F6     | F7     | F8     | F9      |
|-----------------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|---------|
| Valores propios | 12.051 | 6.061  | 4.132  | 2.334  | 1.906  | 1.151  | 0.854  | 0.707  | 0.430   |
| % varianza      | 40.677 | 20.457 | 13.948 | 7.878  | 6.434  | 3.886  | 2.883  | 2.386  | 1.453   |
| % Acumulado     | 40.677 | 61.133 | 75.081 | 82.959 | 89.393 | 93.279 | 96.161 | 98.547 | 100.000 |

Tabla 4.5b. AD-351x120. Valores propios y porcentaje de varianza

|                 | F1     | F2     | F3     | F4     | F5     | F6     | F7     | F8     | F9      |
|-----------------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|---------|
| Valores propios | 21.488 | 10.862 | 6.850  | 4.737  | 3.034  | 2.762  | 1.679  | 1.197  | 0.873   |
| % varianza      | 40.179 | 20.309 | 12.807 | 8.857  | 5.673  | 5.165  | 3.140  | 2.237  | 1.633   |
| % Acumulado     | 40.179 | 60.488 | 73.295 | 82.152 | 87.825 | 92.990 | 96.129 | 98.367 | 100.000 |

En el AD de 120 caracteres las variables más importantes asociadas a cada uno de los cuatro primeros factores son muy similares a los AD-137 y AD-126 (Tabla 4.5c y Anexo 2.2) y presentan las siguientes asociaciones respecto a los cuatro primeros factores o ejes:

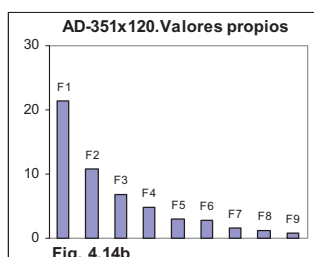
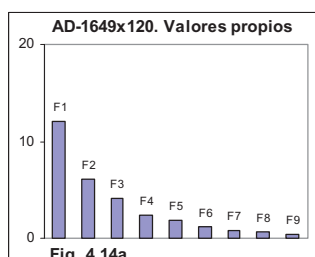
| AD- MACRO-CARACTERES DEPURADOS 351x120 |        |        |        |        |               |        |        |        |        |
|--|--------|--------|--------|--------|---------------|--------|--------|--------|--------|
| Variable                               | F1     | F2     | F3     | F4     | Variable      | F1     | F2     | F3     | F4     |
| IND_H                                  | 0.061  | 0.400  | -0.173 | 0.088  | ratio_Pet_Sep | -0.811 | -0.223 | 0.050  | -0.029 |
| IND_D1                                 | -0.288 | 0.154  | -0.081 | -0.419 | PET_Ca        | -0.057 | 0.271  | 0.183  | 0.118  |
| IND_d2                                 | -0.392 | 0.162  | -0.028 | -0.397 | PET_Hb        | -0.601 | 0.586  | 0.307  | 0.118  |
| IND_H_ra1                              | 0.260  | 0.281  | -0.168 | -0.192 | PET_Ha        | 0.110  | -0.469 | -0.155 | -0.158 |
| IND_N°Tb                               | -0.278 | -0.082 | 0.073  | -0.018 | PET_Pi        | 0.101  | -0.238 | 0.136  | -0.197 |
| H1_L                                   | -0.329 | 0.469  | -0.478 | -0.009 | PET_Ond       | -0.770 | 0.257  | 0.039  | 0.066  |
| H2_L                                   | -0.287 | 0.460  | -0.601 | 0.017  | PET_Acan      | 0.462  | -0.009 | -0.030 | 0.054  |
| H3_L                                   | -0.320 | 0.416  | -0.632 | -0.129 | PET_Rev       | 0.321  | 0.165  | -0.017 | -0.015 |
| h4_L                                   | -0.371 | 0.288  | -0.635 | -0.181 | PET_Col_Bi    | -0.296 | 0.216  | -0.183 | 0.398  |
| h5_L                                   | -0.453 | 0.158  | -0.478 | -0.115 | PET_Col_Vi    | 0.228  | -0.189 | 0.386  | -0.412 |
| ratio_H1                               | -0.124 | 0.286  | -0.438 | -0.055 | PET_Col_Rs    | 0.173  | 0.175  | -0.223 | 0.047  |
| ratio_H2                               | -0.158 | 0.322  | -0.403 | 0.031  | ANTL1_L       | 0.787  | 0.350  | -0.093 | 0.007  |
| ratio_H3                               | -0.154 | 0.344  | -0.507 | -0.174 | ANTL2_L       | 0.777  | 0.349  | -0.095 | 0.022  |
| ratio_h4                               | -0.231 | 0.325  | -0.556 | -0.149 | ANTL1_Lc      | 0.747  | 0.341  | -0.101 | -0.063 |
| ratio_h5                               | -0.361 | 0.141  | -0.565 | -0.085 | ANTL2_Lc      | 0.742  | 0.335  | -0.111 | -0.064 |
| Ratio H1_h5_L/A                        | -0.232 | 0.360  | -0.573 | -0.078 | ANTM1_L       | 0.783  | 0.384  | -0.072 | -0.018 |
| FL_ANG_SEP                             | -0.695 | -0.021 | 0.114  | -0.064 | ANTM2_L       | 0.785  | 0.369  | -0.071 | -0.009 |
| FL_D1                                  | -0.398 | 0.086  | 0.054  | -0.041 | ANTM3_L       | 0.788  | 0.380  | -0.089 | -0.014 |
| FL_d2                                  | -0.360 | 0.092  | 0.025  | -0.053 | ANTM4_L       | 0.788  | 0.377  | -0.067 | -0.011 |
| FL_D1_Cuad                             | -0.429 | 0.142  | -0.029 | -0.147 | ANTM1_Lc      | 0.797  | 0.375  | -0.102 | -0.071 |
| FL_d2_Cuad                             | -0.254 | 0.034  | -0.055 | -0.238 | ANTM2_Lc      | 0.797  | 0.353  | -0.089 | -0.073 |
| FL_Or_d2                               | -0.331 | 0.296  | -0.175 | -0.160 | ANTM3_Lc      | 0.794  | 0.369  | -0.074 | -0.071 |
| FL_ratio_Or                            | -0.305 | 0.094  | -0.220 | 0.006  | ANTM4_Lc      | 0.809  | 0.351  | -0.079 | -0.078 |
| SEPL1_L                                | 0.715  | 0.421  | -0.013 | 0.081  | OV_L          | 0.119  | 0.402  | -0.136 | 0.002  |
| SEPL2_L                                | 0.717  | 0.417  | -0.014 | 0.083  | ETG_L         | 0.247  | 0.268  | -0.035 | 0.126  |
| SEPM1_L                                | 0.718  | 0.424  | -0.002 | 0.067  | ETG_A         | 0.327  | 0.160  | -0.119 | 0.115  |
| SEPM2_L                                | 0.714  | 0.426  | -0.004 | 0.074  | RAC_L         | -0.248 | -0.055 | 0.388  | -0.042 |
| SEPL1_Ab                               | 0.591  | 0.236  | 0.212  | 0.025  | F_PED_L       | -0.157 | 0.417  | -0.009 | 0.111  |
| SEPL2_Ab                               | 0.615  | 0.253  | 0.225  | 0.037  | F_ratio_VA    | -0.117 | 0.308  | -0.032 | -0.227 |
| SEPL1_Amxa                             | 0.594  | 0.265  | 0.151  | 0.030  | F1_V_L        | -0.127 | 0.558  | -0.020 | -0.229 |
| SEPL2_Amxa                             | 0.591  | 0.252  | 0.122  | 0.046  | F1_ratio_VA   | -0.131 | 0.521  | -0.089 | -0.252 |
| SEPL1_HAmx                             | 0.658  | 0.389  | -0.065 | -0.003 | F2_V_L        | -0.240 | 0.614  | -0.057 | -0.264 |
| SEPL2_HAmx                             | 0.663  | 0.387  | -0.064 | 0.022  | F2_ratio_VA   | -0.276 | 0.531  | -0.144 | -0.300 |
| SEPM1_Ab                               | 0.601  | 0.356  | 0.164  | 0.043  | F3_V_L        | -0.168 | 0.254  | -0.230 | -0.226 |
| SEPM2_Ab                               | 0.589  | 0.358  | 0.142  | 0.072  | F3_ratio_VA   | -0.191 | 0.284  | -0.198 | -0.189 |
| SEPM1_Amxa                             | 0.588  | 0.308  | 0.069  | -0.040 | F_EST_L       | 0.340  | 0.021  | 0.072  | -0.082 |
| SEPM2_Amxa                             | 0.581  | 0.324  | 0.095  | 0.047  | F_CU_L        | 0.215  | 0.011  | -0.085 | -0.151 |
| SEPM1_HAmx                             | 0.620  | 0.403  | -0.025 | 0.033  | F_CU_A        | 0.312  | -0.003 | 0.062  | 0.037  |
| SEPM2_HAmx                             | 0.634  | 0.394  | -0.064 | -0.018 | F_ratio_CU    | -0.259 | 0.149  | -0.086 | -0.070 |
| PET1_L                                 | 0.344  | 0.439  | -0.067 | 0.054  | F_ACU_MY_L    | 0.336  | -0.116 | -0.021 | 0.058  |
| PET2_L                                 | 0.348  | 0.435  | -0.064 | 0.053  | F_ACU_MY_A    | 0.559  | -0.231 | 0.048  | 0.004  |
| PET3_L                                 | 0.354  | 0.437  | -0.075 | 0.053  | F_ACU_MN_L    | 0.295  | -0.131 | 0.018  | 0.106  |
| PET4_L                                 | 0.366  | 0.444  | -0.055 | 0.065  | F_ACU_MN_A    | 0.519  | -0.267 | 0.101  | 0.073  |
| PET1_Uñ_L                              | 0.557  | 0.397  | -0.117 | -0.059 | F_ACU_INT_L   | 0.173  | -0.077 | 0.221  | -0.002 |
| PET2_Uñ_L                              | 0.552  | 0.404  | -0.117 | -0.053 | F_ACU_NAp     | 0.364  | -0.281 | -0.042 | -0.025 |
| PET3_Uñ_L                              | 0.562  | 0.380  | -0.118 | -0.069 | F_ACU_NPr     | 0.215  | -0.058 | 0.011  | -0.326 |
| PET4_Uñ_L                              | 0.553  | 0.387  | -0.127 | -0.065 | F_ACU_B2-B3   | 0.247  | 0.030  | 0.053  | -0.314 |
| PET1_Uñ_Ab                             | 0.133  | 0.307  | -0.259 | 0.094  | F_ACU_MY_NB   | 0.363  | -0.256 | -0.061 | -0.209 |
| PET2_Uñ_Ab                             | 0.138  | 0.324  | -0.208 | 0.126  | F_ACU_MN_NB   | 0.407  | -0.412 | 0.068  | -0.031 |
| PET3_Uñ_Ab                             | 0.129  | 0.263  | -0.246 | 0.124  | F_ACU_INT_NB  | 0.152  | -0.121 | 0.222  | 0.041  |
| PET4_Uñ_Ab                             | 0.153  | 0.282  | -0.237 | 0.119  | F_ACU_BT      | 0.475  | -0.363 | 0.057  | -0.126 |
| PET1_Lim_Amx                           | -0.288 | -0.011 | 0.098  | -0.413 | F_ACU_ANG1    | 0.440  | -0.425 | -0.051 | 0.063  |
| PET2_Lim_Amx                           | -0.270 | 0.004  | 0.069  | -0.314 | F_ACU_ANG2    | 0.190  | -0.081 | 0.208  | 0.062  |
| PET3_Lim_Amx                           | -0.280 | 0.009  | 0.079  | -0.323 | SEM_P         | -0.415 | 0.112  | -0.091 | -0.171 |
| PET4_Lim_Amx                           | -0.272 | 0.001  | 0.073  | -0.298 | SEM_E         | -0.086 | 0.206  | -0.276 | -0.246 |
| RATIO_LIM                              | 0.121  | 0.183  | -0.092 | 0.364  | SEM_Ala_GrMy  | -0.514 | 0.386  | 0.190  | -0.003 |
| PET1_Lim_HAmx                          | -0.014 | 0.336  | -0.165 | -0.024 | SEM_Ala_GrMn  | -0.348 | 0.166  | 0.182  | 0.021  |
| PET2_Lim_HAmx                          | -0.021 | 0.330  | -0.227 | -0.058 | %SEM_F-Cu-Ci  | 0.265  | 0.016  | -0.037 | -0.026 |
| PET3_Lim_HAmx                          | -0.026 | 0.336  | -0.209 | -0.063 | %SEM_F-R-E    | -0.365 | 0.025  | 0.011  | 0.029  |
| PET4_Lim_HAmx                          | -0.036 | 0.340  | -0.222 | -0.052 | SEM_Ala_distr | -0.298 | -0.020 | -0.032 | -0.035 |

**Tabla 4.5c. Análisis Discriminante de macro-caracteres depurados 351x120. Contribución de las variables a los factores.** F1: FLOR (apertura y diámetros); Sépalos; Pétalos uña lg, posición Hb y natu raleza On-Ac; ratio Pét/Sep; Anteras dehiscentes); SILICUA (apéndices: ancho, nº de divisiones y áng-1), SEMILLAS (diámetro mayor, grosor del ala y forma R); F2: INDIVIDUO (altura), PÉTAL OS (lg, forma y posición Ha), GINECEO (ovario), SILICUA (pedúnculo y valvas); F3: HOJAS y RACIMO; F4: INDIVIDUO (diámetros), PÉTALOS (ancho y color Bi-Vi) y SILICUA (nº de protuberancias y bifurcaciones de los apéndices).



**F1** (40.18%): *FLOR*: apertura y diámetros, *Sépalos*, *Pétalos* (longitud uña, posición Hb y naturaleza On-Ac), *Ratio Pet/Sep*, *Androceo* (anteras dehiscentes), *SILICUA* (ancho, divisiones y ángulo 1 de los apéndices), *SEMILLAS* (diámetro mayor, grosor mayor del ala y forma Re).

**F2** (20.31%): *INDIVIDUO* (altura máxima), *PÉTALOS* (longitud total, forma y posición Hb-Ha), *GINECEO* (ovario), *SILICUA* (talla del pedúnculo y valvas, nº de divisiones y ángulo 1 apéndices).



**F3** (12.81%): *HOJAS* y *RACIMO*.

**F4** (8.86%): diámetros del *INDIVIDUO*, *PÉTALOS* (ancho y color BI-Vi del limbo) y *SILICUA* (nº

de protuberancias y bifurcaciones de apéndices).

En el *AD-120*, la depuración de 6 caracteres mantiene las mismas asociaciones de poblaciones y taxones del *AD-126* anterior y prácticamente las mismas que los anteriores *AD-137* y *AD-136*:

- En la gráfica *F1&F2* que representa el 60.49% de la varianza acumulada, como en anteriores análisis (*AD-137* y *126*) también se discrimina fuertemente a *PG* del resto de las poblaciones o taxones y se diferencia *POA*, *PO* y la asociación *PA-PS* de las otras islas del resto que queda sin diferenciar, donde se encuentra en primer lugar *PI* (Tenerife) luego el complejo *PF* y *PP*. En la gráfica *F1&F3* (52.99% de la varianza acumulada), se vuelve a discriminar *PG*, se diferencia a *PA* del resto de los taxones de la islas occidentales, también *PS* de *PI*; en Gran Canaria se diferencia *POVE* y *POA* del complejo *PF* formado por la asociación *PF-PFCH-PP*. En la gráfica *F1&F4* que representa el 49.04% de la varianza acumulada, diferencia a *PP*, *PO* y *PFCH* del conjunto *PF* que aquí se mantienen independientes (Figs.4.14).

#### 4.2.5.1 Depuración de macro-caracteres sin *PG* ni *PA*. Análisis discriminante (119)

El *AD* de la matriz de *307x119* caracteres sin *PG* & *PA* se resuelve en ambos niveles o matrices con 9 Factores (Tablas 4.5d, e y Figs.4.14). Las variables más importantes asociadas a cada uno de los cuatro primeros factores se muestran en la Tabla 4.5f y Anexo 4.2 y representan las siguientes asociaciones respecto a los factores o ejes:

Tabla 4.5d. *AD-1452x119* sin *PG* & *PA*. Valores propios y porcentaje de varianza

|                 | F1     | F2     | F3     | F4     | F5     | F6     | F7      |
|-----------------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|---------|
| Valores propios | 9.335  | 5.466  | 2.635  | 1.910  | 1.196  | 1.016  | 0.545   |
| % varianza      | 42.236 | 24.731 | 11.920 | 8.642  | 5.409  | 4.597  | 2.464   |
| % Acumulado     | 42.236 | 66.967 | 78.887 | 87.529 | 92.938 | 97.536 | 100.000 |

Tabla 4.5e. *AD-307x119* sin *PG* & *PA*. Valores propios y porcentaje de varianza

|                 | F1     | F2     | F3     | F4     | F5     | F6     | F7      |
|-----------------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|---------|
| Valores propios | 15.659 | 8.813  | 5.720  | 3.656  | 2.158  | 1.946  | 1.257   |
| % varianza      | 39.936 | 22.476 | 14.589 | 9.325  | 5.504  | 4.964  | 3.206   |
| % Acumulado     | 39.936 | 62.412 | 77.002 | 86.326 | 91.830 | 96.794 | 100.000 |

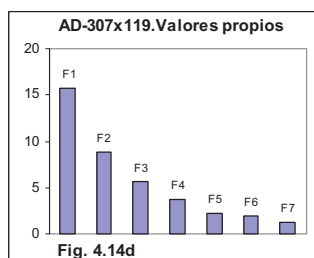
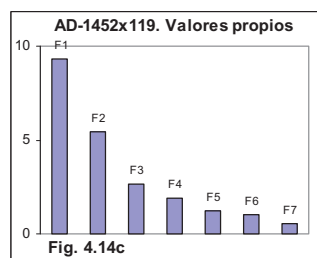
**F1** (39.94%): *INDIVIDUO*: altura máxima, *FLOR*: apertura, *Sépalos*, *Pétalos* (longitud y naturaleza On-Ac), *Ratio Pet/Sep*, *Androceo* (Anteras dehiscentes).

| AD- MACRO-CARACTERES DEPURADOS sin PG&PA 307x119 |        |        |        |        |               |        |        |        |        |
|--|--------|--------|--------|--------|---------------|--------|--------|--------|--------|
| Variable   | F1     | F2     | F3     | F4     | Variable      | F1     | F2     | F3     | F4     |
| IND_H  | 0.527  | -0.323 | -0.182 | -0.070 | ratio_Pet_Sep | -0.841 | 0.032  | 0.082  | 0.074  |
| IND_D1   | -0.087 | -0.210 | 0.453  | 0.269  | PET_Ca        | 0.134  | 0.057  | -0.051 | 0.223  |
| IND_d2   | -0.202 | -0.186 | 0.487  | 0.314  | PET_Ha        | -0.333 | 0.031  | 0.121  | -0.061 |
| IND_H_ra1  | 0.334  | -0.250 | 0.181  | -0.192 | PET_Pi        | -0.134 | 0.200  | 0.215  | 0.057  |
| IND_N°Tb   | -0.297 | 0.071  | 0.058  | 0.251  | PET_Ond       | -0.524 | -0.218 | -0.011 | -0.120 |
| H1_L   | 0.003  | -0.717 | -0.003 | -0.001 | PET_Acan      | 0.369  | 0.048  | -0.099 | 0.069  |
| H2_L   | 0.027  | -0.790 | -0.052 | 0.139  | PET_Rev       | 0.320  | -0.050 | 0.015  | 0.069  |
| H3_L   | -0.032 | -0.808 | 0.093  | 0.154  | PET_Col_Bi    | -0.143 | -0.288 | -0.409 | -0.113 |
| h4_L   | -0.126 | -0.773 | 0.126  | 0.179  | PET_Col_Vi    | 0.090  | 0.422  | 0.444  | 0.190  |
| h5_L   | -0.253 | -0.608 | 0.069  | 0.240  | PET_Col_Rs    | 0.218  | -0.248 | -0.081 | -0.031 |
| ratio_H1   | -0.035 | -0.556 | 0.043  | -0.385 | ANTL1_L       | 0.802  | -0.161 | 0.003  | 0.075  |
| ratio_H2   | -0.020 | -0.535 | -0.032 | -0.217 | ANTL2_L       | 0.790  | -0.164 | -0.013 | 0.092  |
| ratio_H3   | -0.011 | -0.641 | 0.160  | -0.169 | ANTL1_Lc      | 0.761  | -0.173 | 0.082  | 0.114  |
| ratio_h4   | -0.093 | -0.689 | 0.137  | -0.108 | ANTL2_Lc      | 0.765  | -0.177 | 0.073  | 0.111  |
| ratio_h5   | -0.265 | -0.638 | 0.044  | -0.053 | ANTM1_L       | 0.825  | -0.152 | 0.030  | 0.093  |
| Ratio H1_h5_L/A                                  | -0.153 | -0.738 | 0.098  | -0.195 | ANTM2_L       | 0.818  | -0.143 | 0.022  | 0.110  |
| FI_ANG SEP                                       | -0.583 | 0.047  | 0.125  | 0.096  | ANTM3_L       | 0.831  | -0.167 | 0.019  | 0.074  |
| FI_D1  | -0.242 | -0.046 | 0.076  | 0.026  | ANTM4_L       | 0.825  | -0.144 | 0.026  | 0.074  |
| FI_d2  | -0.189 | -0.067 | 0.073  | -0.041 | ANTM1_Lc      | 0.831  | -0.178 | 0.083  | 0.104  |
| FI_D1-Cuad                                       | -0.266 | -0.167 | 0.198  | 0.087  | ANTM2_Lc      | 0.819  | -0.158 | 0.089  | 0.128  |
| FI_d2-Cuad                                       | -0.176 | -0.127 | 0.249  | 0.028  | ANTM3_Lc      | 0.833  | -0.147 | 0.082  | 0.077  |
| FI_Or_d2   | -0.079 | -0.363 | 0.193  | 0.047  | ANTM4_Lc      | 0.832  | -0.147 | 0.093  | 0.085  |
| FI_ratio_Or                                      | -0.156 | -0.280 | -0.030 | -0.085 | OV_L          | 0.223  | -0.313 | 0.051  | 0.103  |
| SEPL1_L  | 0.781  | -0.101 | -0.063 | 0.176  | ETG_L         | 0.291  | -0.120 | -0.104 | -0.024 |
| SEPL2_L  | 0.781  | -0.100 | -0.068 | 0.175  | ETG_A         | 0.242  | -0.154 | -0.106 | 0.030  |
| SEPM1_L  | 0.787  | -0.093 | -0.048 | 0.172  | RAC_L         | -0.116 | 0.390  | 0.079  | -0.006 |
| SEPM2_L  | 0.787  | -0.095 | -0.057 | 0.169  | F_PED_L       | 0.081  | -0.224 | -0.040 | 0.009  |
| SEPL1_Ab   | 0.603  | 0.166  | 0.006  | 0.228  | F_ratio_VA    | 0.059  | -0.206 | 0.288  | -0.134 |
| SEPL2_Ab   | 0.641  | 0.177  | -0.007 | 0.184  | F1_V_L        | 0.186  | -0.318 | 0.338  | -0.237 |
| SEPL1_Amx  | 0.605  | 0.102  | -0.002 | -0.040 | F1_ratio_VA   | 0.142  | -0.368 | 0.344  | -0.217 |
| SEPL2_Amx  | 0.588  | 0.079  | -0.023 | 0.003  | F2_V_L        | 0.157  | -0.415 | 0.392  | -0.288 |
| SEPL1_HAmx                                       | 0.701  | -0.153 | 0.018  | 0.221  | F2_ratio_VA   | 0.042  | -0.461 | 0.399  | -0.288 |
| SEPL2_HAmx                                       | 0.709  | -0.147 | -0.013 | 0.195  | F3_V_L        | -0.034 | -0.380 | 0.244  | -0.273 |
| SEPM1_Ab   | 0.671  | 0.070  | -0.009 | 0.167  | F3_ratio_VA   | -0.023 | -0.364 | 0.212  | -0.280 |
| SEPM2_Ab   | 0.666  | 0.050  | -0.041 | 0.170  | F_EST_L       | 0.345  | 0.117  | 0.048  | -0.278 |
| SEPM1_Amx  | 0.608  | -0.007 | 0.067  | 0.009  | F_CU_L        | 0.130  | -0.078 | 0.134  | -0.141 |
| SEPM2_Amx  | 0.608  | 0.014  | -0.012 | 0.009  | F_CU_A        | 0.232  | 0.094  | -0.043 | 0.117  |
| SEPM1_HAmx                                       | 0.683  | -0.118 | -0.012 | 0.225  | F_ratio_CU    | -0.128 | -0.193 | 0.091  | -0.238 |
| SEPM2_HAmx                                       | 0.689  | -0.152 | 0.029  | 0.216  | F_ACU_MY_L    | 0.172  | 0.071  | -0.094 | -0.101 |
| PET1_L   | 0.483  | -0.206 | -0.025 | 0.139  | F_ACU_MY_A    | 0.294  | 0.228  | -0.047 | 0.084  |
| PET2_L   | 0.481  | -0.202 | -0.024 | 0.137  | F_ACU_MN_L    | 0.141  | 0.111  | -0.138 | -0.094 |
| PET3_L   | 0.488  | -0.214 | -0.024 | 0.138  | F_ACU_MN_A    | 0.247  | 0.296  | -0.121 | 0.041  |
| PET4_L   | 0.497  | -0.198 | -0.031 | 0.139  | F_ACU_INT_L   | 0.117  | 0.253  | 0.012  | 0.045  |
| PET1_Uñ_L  | 0.618  | -0.216 | 0.070  | 0.101  | F_ACU_NAp     | 0.120  | 0.131  | -0.043 | -0.178 |
| PET2_Uñ_L  | 0.614  | -0.220 | 0.066  | 0.102  | F_ACU_NPr     | 0.149  | 0.032  | 0.317  | 0.148  |
| PET3_Uñ_L  | 0.615  | -0.211 | 0.076  | 0.099  | F_ACU_B2-B3   | 0.219  | 0.039  | 0.310  | 0.114  |
| PET4_Uñ_L  | 0.604  | -0.224 | 0.075  | 0.085  | F_ACU_MY_NB   | 0.118  | 0.082  | 0.175  | -0.006 |
| PET1_Uñ_Ab                                       | 0.167  | -0.377 | -0.077 | 0.067  | F_ACU_MN_NB   | 0.107  | 0.332  | -0.045 | -0.027 |
| PET2_Uñ_Ab                                       | 0.199  | -0.334 | -0.106 | 0.011  | F_ACU_INT_NB  | 0.065  | 0.269  | -0.031 | 0.032  |
| PET3_Uñ_Ab                                       | 0.143  | -0.343 | -0.111 | 0.072  | F_ACU_BT      | 0.184  | 0.294  | 0.079  | 0.023  |
| PET4_Uñ_Ab                                       | 0.182  | -0.331 | -0.106 | 0.033  | F_ACU_ANG1    | 0.018  | 0.219  | -0.150 | -0.215 |
| PET1_Lim_Amx                                     | -0.148 | 0.032  | 0.439  | -0.017 | F_ACU_ANG2    | 0.115  | 0.246  | -0.051 | 0.026  |
| PET2_Lim_Amx                                     | -0.148 | -0.001 | 0.336  | -0.022 | SEM_P         | -0.217 | -0.205 | 0.189  | -0.090 |
| PET3_Lim_Amx                                     | -0.133 | 0.009  | 0.343  | -0.023 | SEM_E         | -0.018 | -0.381 | 0.255  | 0.078  |
| PET4_Lim_Amx                                     | -0.147 | 0.007  | 0.316  | -0.018 | SEM_Ala_GrMy  | -0.150 | -0.053 | 0.134  | -0.085 |
| RATIO_LIM  | 0.224  | -0.103 | -0.377 | 0.045  | SEM_Ala_GrMn  | -0.158 | 0.075  | 0.049  | -0.114 |
| PET1_Lim_HAmx                                    | 0.149  | -0.300 | 0.050  | 0.072  | %SEM_F_Cu-Ci  | 0.159  | -0.020 | 0.029  | 0.137  |
| PET2_Lim_HAmx                                    | 0.126  | -0.357 | 0.074  | 0.025  | %SEM_F_R-E    | -0.225 | -0.040 | -0.027 | -0.086 |
| PET3_Lim_HAmx                                    | 0.127  | -0.353 | 0.084  | 0.068  | SEM_Ala_distr | -0.229 | -0.058 | 0.040  | -0.083 |
| PET4_Lim_HAmx                                    | 0.110  | -0.370 | 0.077  | 0.043  |               |        |        |        |        |

Tabla 4.5f. Análisis Discriminante de macro-caracteres depurados sin PG&PA 307x119. Contribución de las variables a los factores. F1: INDIVIDUO (altura), FLOR (apertura; Sépalos; Pétalos lg y naturaleza On-Ac; ratio Pet/Sep; Anteras dehiscentes); F2: HOJAS, FLOR (orificio, pétalos forma, ovario), RACIMO, SILICUA (valvas y nº de divisiones de los apéndices), SEMILLAS (diámetro meno r); F3: INDIVIDUO (diámetros), PÉTALOS (ancho y color Bi-Vi), SILICUA (nº de protuberancias y bifurcaciones de los apéndices); F4: SILICUA (estilo y ratio del cuerno).

**F2 (22.48%):** *HOJAS, FLOR:* orificio (diámetros y *ratio*), *Pétalos* (forma), *Gineceo* (ovario), *RACIMO, SILICUA* (talla de la valva y nº divisiones de los apéndices), *SEMILLAS* (diámetro menor).

**F3 (14.59%):** *INDIVIDUO:* diámetros, *PÉTALOS* (ancho y color BI-Vi de limbo), *SILICUA* (valvas, nº de protuberancias y bifurcaciones de los apéndices).



**F4 (9.32%):** *HOJAS* (*ratio* H1), *SILICUA* (valvas, estilo y *ratio* del cuerno).

Como el análisis anterior, al quitar PG & PA el modelo de AD-119 respecto al AD-120 también

baja ligeramente los valores propios y aumenta notablemente la varianza acumulada de los cuatro primeros factores. Las variables *color blanco* y *violeta* cambian de factor (adelantándose desde el F4 al F3) a la vez que ganan peso. Las diferencias más destacables entre estos dos análisis (AD-120 y 119) se producen en los ejes F2 y F3 donde las graficas correspondientes se expresan con la posición de algunos grupos invertida (Figs.4.14).

En el **F1** con el grueso de los caracteres de la Flor, aparece la altura de los individuos y la longitud de los pétalos, antes en el F2. El nuevo **F2** está formado por el grupo de variables del anterior F3, como por ejemplo las biometrías de las hojas y sus *ratios*, acompañadas por las biometrías de las valvas de la silicua. El nuevo **F3** es el anterior F4, quedando este último reducido al *ratio* de las hojas, estilo y *ratio* del cuerno. Por último, pierden importancia los caracteres de las semillas (cuerpo, ala y forma).

La *representación gráfica* de este AD de 119 caracteres sin PG & PA (Figs.4.14) según los factores o ejes, discriminan de forma similar a los taxones que los resultados de la matriz de 125x307 UTOs.

- En las gráficas de los ejes F1&F2 (62.41%) se discriminan fuertemente los dos taxones de las otras islas (PS y PI) del resto de las poblaciones de Gran Canaria donde se discrimina PO y se diferencia POA del complejo PF, quedando este último relacionado con PP, PFCH y POVE. También la gráfica F1&F3 (54.53%) discrimina a PS de PI que se relaciona con POA y PF, diferencia a PP, PO y PFCH del complejo PF que queda relacionado con POVE y POA, en la gráfica de F1&F4 que representa el 49.56% de la varianza vuelve a discriminar a PI de PS que se relaciona con POA y diferencia a POVE del complejo PF que permanece indiferenciado junto con PO y PP (Figs.4.14).

#### 4.2.6. Nivel poblacional (16 y 14 UTOs). Análisis multivariante (120 y 119)

- El *fenograma UPGMA-120* ( $r=0.783$ ) sigue diferenciando a PG como *outgroup* del resto de los taxones divididos en dos grupos (Figs.4.14): i) uno para las islas occidentales y el otro ii) para la isla de: Gran Canaria con dos subgrupos, uno para PO y el otro para el complejo PF integrado también por dos de las tres poblaciones sin adscripción, manteniendo exactamente las agrupaciones internas más estrechas que el *UPGMA-126* (PFS-PFA y PFT-POVE, POA) aunque se observa una disminución de las distancias Euclídeas de los nodos respecto al anterior análisis, que se refleja en una mayor resolución ( $r$ ). Al igual que el UPGMA-126, la asociación PFCH-PP está unida al complejo PF.

ANÁLISIS DISCRIMINANTE MACRO-CARACTERES: 120 y 119

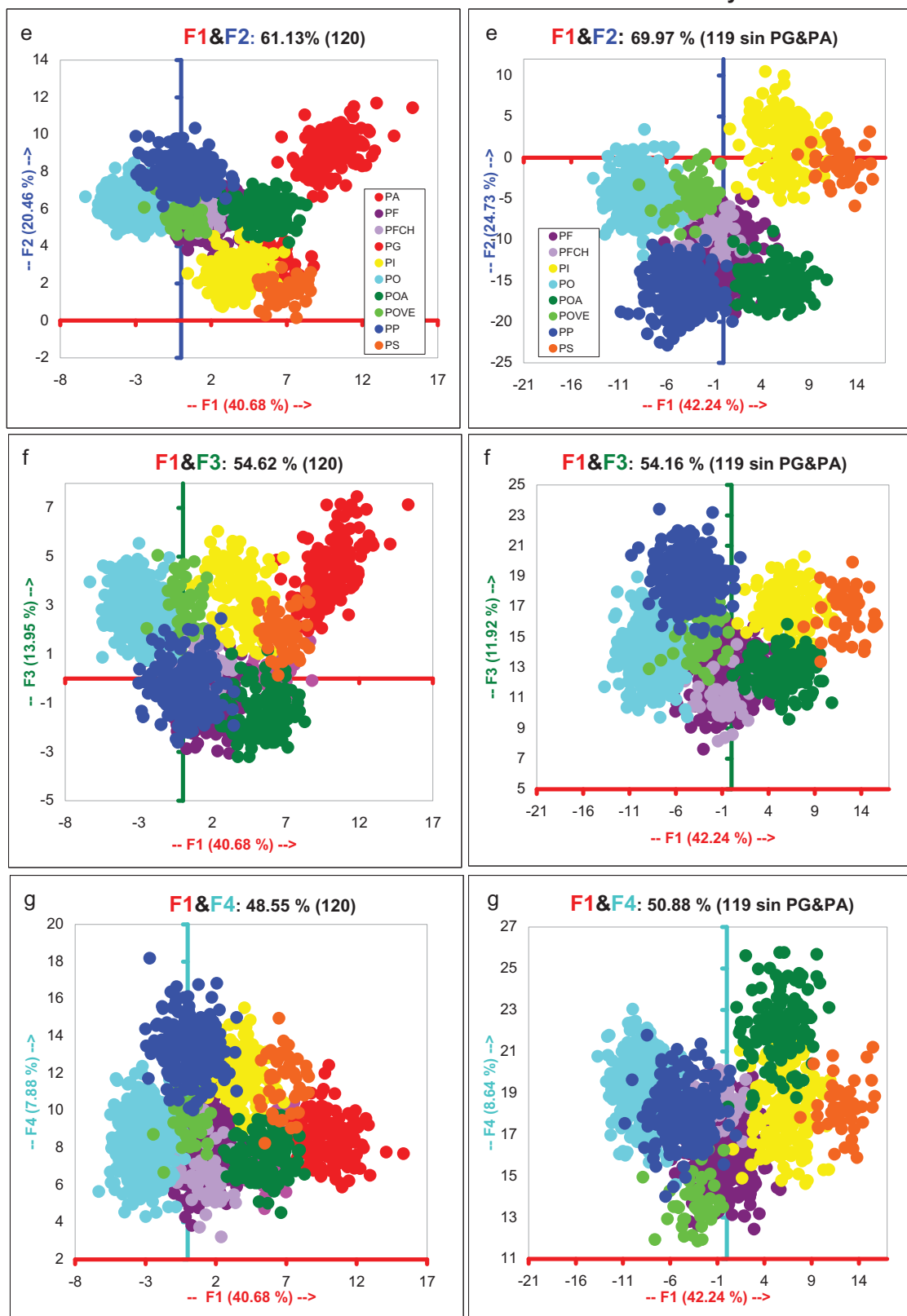
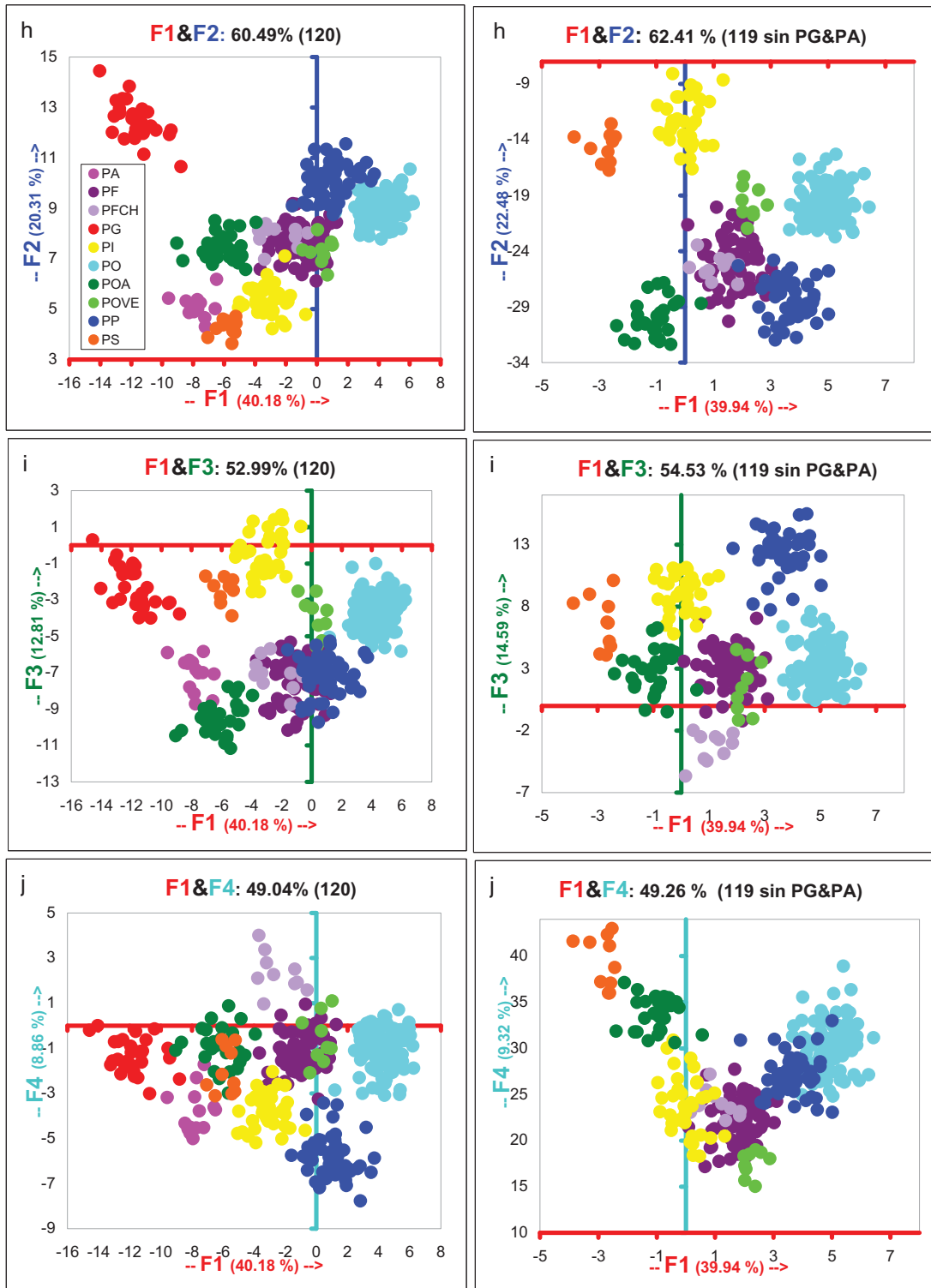


Figura 4.14.- Análisis Discriminante de macro-caracteres 120 y 119 (1649-1452 UTOs). Gráficas de Factores y variables. Los factores F1&F2 discriminan a PG (AD-120) y a los taxones de las islas PI de Tenerife y PS de La Gomera (AD-119) del resto de taxones de Gran Canaria que permanecen sin discriminar en todas las gráficas.

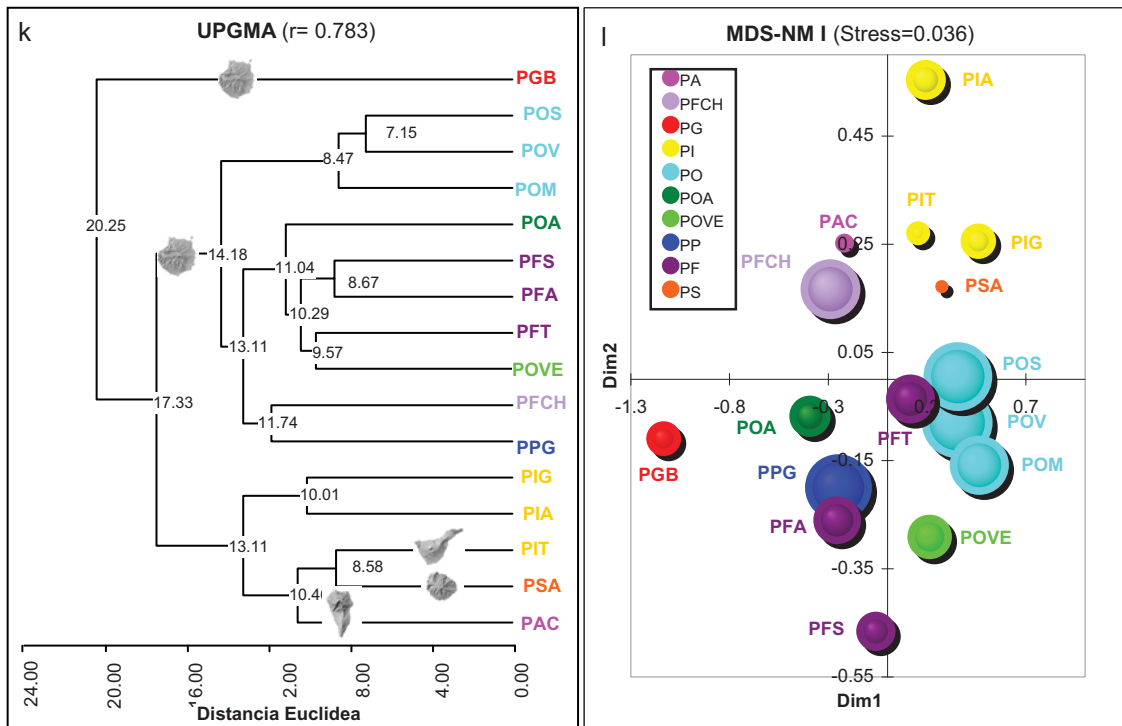


**ANÁLISIS DISCRIMINANTE MACRO-CARACTERES: 120 y 119**

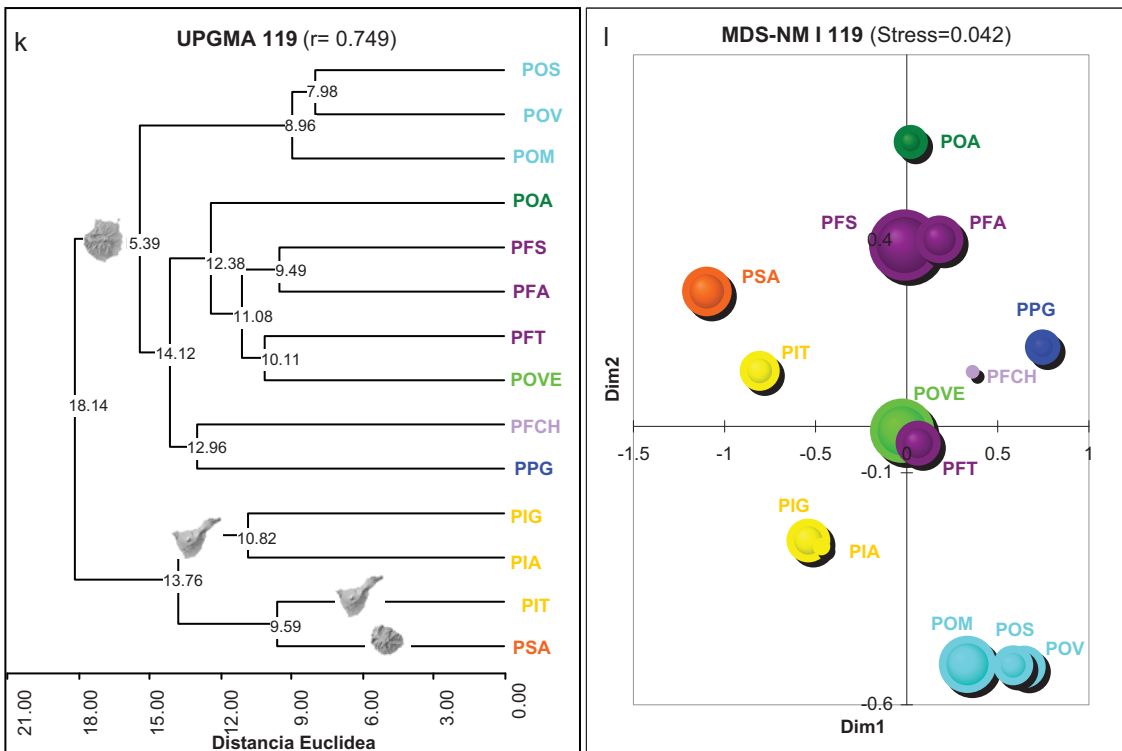


**Figura 4.14.- Análisis Discriminante de macro-caracteres 120 y 119 (351-307 UTOs). Gráficas de Factores y variables.** En el análisis 120, los ejes  $F1&F2$  discriminan fuertemente PG y diferencian a POA, PO y la asociación PA-PS; los ejes  $F1&F3$  discrimina PS de PI y diferencian PA-POA y POVE del complejo PF; el eje  $F4$  diferencia a PFCH del conjunto PF. En el análisis 119 sin PG&PA, los ejes  $F1&F2$  discriminan fuertemente a PS y PI de Gran Canaria donde se discrimina PO y se diferencia POA del complejo PF; el eje  $F3$  relaciona a PS y PI con POA y PF, diferencia a PP, PO y PFCH del complejo PF; el eje  $F4$  discrimina a PI de PS y las relacionan con POA.

**TAXONOMÍA NUMÉRICA MACRO-CARACTERES: 120**



**TAXONOMÍA NUMÉRICA MACRO-CARACTERES: 119 sin PG&PA**



**Figura 4.14.- Taxonomía Numérica de macro-caracteres (120 y 119). Análisis poblacional (16 y 14 UTOs). Fenogramas y MDS-NM.** Se sigue observando la posición aislada de *P. glabriuscula* como *outgroup* del resto de taxones. Un cluster integra los taxones de las islas occidentales *P. intermedia*, *P. schizogynoides* y *P. aridanae* y otro el resto de taxones de Gran Canaria donde se observa la cohesión de las poblaciones de *P. ornata* (PO) y el complejo de *P. filifolia* integrado también por POA y POVE que en este análisis se muestra asociado a PP-PFCH. El MDS-NM pone de manifiesto las mismas agrupaciones descritas.

**-MDS-NM (120)**

De los análisis de Proximidad (MDS-NM) realizados se muestra el modelo Ordinal I que se resuelve con índice de distorsión considerado casi perfecto (Stress:0.036). En su gráfica se pone de manifiesto las agrupaciones ya descritas en los *fenogramas* anteriores, con PFCH más relacionada a PP y más cercana al complejo PF que a PO y el complejo PF acompañado por POVE y POA, en la isla de Gran Canaria. En las islas occidentales, PIT sigue más cercana a PS y PA que a las otras poblaciones de *P.intermedia* (Figs.4.14).

**- ACP (120)**

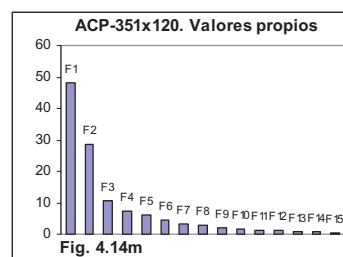
El ACP-120 de macro-caracteres depurados de 6 caracteres con 351 UTOs, se resuelve también con 15 Factores (Tabla 4.5g y Figs.4.14).

Tabla 4.5g. ACP-351x120. Valores propios y porcentaje de varianza

|                        | F1            | F2            | F3            | F4            | F5     | F6     | F7     | F8     | F9     | F10    | F11    | F12    | F13    | F14    | F15     |
|------------------------|---------------|---------------|---------------|---------------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|---------|
| <b>Valores propios</b> | <b>48.096</b> | <b>28.404</b> | <b>10.493</b> | <b>7.611</b>  | 6.118  | 4.510  | 3.187  | 2.876  | 2.046  | 1.767  | 1.320  | 1.285  | 0.930  | 0.777  | 0.580   |
| <b>% varianza</b>      | <b>40.080</b> | <b>23.670</b> | <b>8.744</b>  | <b>6.342</b>  | 5.099  | 3.758  | 2.656  | 2.397  | 1.705  | 1.473  | 1.100  | 1.071  | 0.775  | 0.647  | 0.483   |
| <b>% Acumulado</b>     | <b>40.080</b> | <b>63.750</b> | <b>72.494</b> | <b>78.836</b> | 83.935 | 87.693 | 90.349 | 92.745 | 94.451 | 95.923 | 97.024 | 98.094 | 98.869 | 99.517 | 100.000 |

Los *valores propios* de esta matriz 120x351 UTOs así como la *varianza acumulada* de los cuatro primeros factores (78.84%) es similar al ACP-126. Las variables más importantes asociadas a cada uno de los cuatro primeros factores se muestran en la Tabla 4.5h y representan las siguientes asociaciones respecto a los *factores* o *ejes*:

**F1 (40.23%): INDIVIDUOS:** diámetros y tallos basales, **FLOR:** apertura y diámetros, *Sépalos*, *Pétalos* (longitud, ancho, naturaleza On-Ac-Re), *ratio Pet/Sep*, *Androceo* (anteras dehiscentes), *Gineceo* (ovario y estigma), **SILICUA** (talla del estilo, cuernos y longitud de apéndices), **SEMILLAS** (contorno ala y forma Cu-R).



**F2 (23.94%): INDIVIDUO:** altura máxima, **HOJAS,** **FLOR:** orificio, *Pétalos* (forma, posición Hb-Ha, naturaleza PI-On y color BI-Vi), **SILICUA** (talla del pedúnculo, valvas, ratio del cuerno, ancho, divisiones y ang-1&2 de los apéndices), **SEMILLAS** (talla y grosor mayor del ala).

**F3 (8.73%): INDIVIDUO:** diámetros y ramificaciones, **FLOR:** diámetros, *Pétalos* (ancho, posición Ca y color Rs) y **SILICUAS** (nº de bifurcaciones de los apéndices).

**F4 (6.06%): RACIMO, SILICUA** (talla de la valva y apéndice intermedio, áng-2) y **SEMILLAS** (grosor menor del ala).

- La *representación bi-dimensional F1&F2* (4.15) representa el 64.17% de la *varianza acumulada* y reproduce exactamente el ACP-126, reforzando por tanto las mismas asociaciones de poblaciones de los análisis anteriores. Se refleja la afinidad del complejo PF y poblaciones asociadas y la unión más cercana de PP-PFCH que se expresa de forma aislada donde PFCH se encuentra más relacionada al complejo PF y PP más alejada del complejo de PO como en el análisis anterior. En la *gráfica F1&F3* (48.96%) que reproduce casi exactamente el ACP-126x351, el eje F3 dispersa el conjunto poblacional de PF y acerca la asociación PFCH y PP al complejo PO en el que también se distancia POM (Figs.4.14).

- En la *gráfica tridimensional F1&F2&F3* como en los análisis anteriores (ACP-137, 126) el eje F3 aleja PFS de sus poblaciones co-específicas (PFA y PFT), distancia POA y POVE del complejo PF y por último POM del resto de *P.omata*. La asociación PFCH-PPG se encuentra marcadamente más cercana al complejo PF. En la *gráfica F1&F2&F4* el eje F4 aleja por un lado a PFCH de PPG y a PIT de los taxones de las otras islas (PS y PA) de las poblaciones PIA y PIG (Anexo 4.2).

| ACP- MACRO-CARACTERES 351x120 |        |        |        |        |               |        |        |        |        |
|-------------------------------|--------|--------|--------|--------|---------------|--------|--------|--------|--------|
| Variable                      | F1     | F2     | F3     | F4     | Variable      | F1     | F2     | F3     | F4     |
| IND_H                         | 0.356  | -0.502 | -0.238 | -0.166 | ratio_Pet_Sep | -0.930 | -0.137 | 0.098  | 0.027  |
| IND_D1                        | -0.476 | -0.241 | 0.617  | -0.212 | PET_Ca        | 0.204  | -0.265 | 0.353  | -0.176 |
| IND_d2                        | -0.572 | -0.232 | 0.551  | -0.211 | PET_Hb        | -0.235 | -0.662 | 0.168  | 0.180  |
| IND_H_ra1                     | 0.501  | -0.268 | -0.609 | 0.030  | PET_Ha        | -0.253 | 0.600  | 0.061  | 0.016  |
| IND_N°Tb                      | -0.596 | 0.057  | 0.432  | -0.113 | PET_Pi        | -0.259 | 0.668  | -0.046 | 0.166  |
| H1_L                          | 0.139  | -0.888 | 0.068  | -0.163 | PET-Ond       | -0.564 | -0.688 | 0.105  | 0.131  |
| H2_L                          | 0.151  | -0.795 | 0.185  | -0.203 | PET_Acan      | 0.692  | 0.330  | -0.125 | -0.104 |
| H3_L                          | 0.080  | -0.756 | 0.265  | -0.180 | PET_Rev       | 0.844  | 0.016  | 0.234  | -0.143 |
| h4_L                          | -0.016 | -0.683 | 0.258  | -0.158 | PET_Col_Bi    | 0.097  | -0.701 | 0.010  | -0.005 |
| h5_L                          | -0.178 | -0.641 | 0.265  | -0.115 | PET_Col_Vi    | -0.207 | 0.681  | 0.433  | 0.214  |
| ratio_H1                      | 0.234  | -0.676 | -0.477 | 0.047  | PET_Col_Rs    | 0.517  | -0.212 | -0.516 | -0.309 |
| ratio_H2                      | 0.249  | -0.768 | -0.226 | 0.018  | ANTL1_L       | 0.974  | 0.028  | -0.054 | 0.075  |
| ratio_H3                      | 0.243  | -0.832 | -0.146 | -0.025 | ANTL2_L       | 0.975  | 0.020  | -0.067 | 0.061  |
| ratio_h4                      | 0.155  | -0.828 | -0.061 | -0.068 | ANTL1_Lc      | 0.950  | 0.034  | -0.022 | 0.078  |
| ratio_h5                      | -0.076 | -0.782 | -0.085 | -0.088 | ANTL2_Lc      | 0.955  | 0.029  | -0.021 | 0.043  |
| Ratio H1_h5_L/A               | 0.179  | -0.776 | -0.276 | -0.112 | ANTM1_L       | 0.974  | 0.015  | -0.057 | 0.070  |
| FI_ANG SEP                    | -0.901 | -0.226 | 0.162  | -0.146 | ANTM2_L       | 0.970  | 0.035  | -0.066 | 0.038  |
| FI_D1                         | -0.590 | -0.385 | -0.179 | -0.016 | ANTM3_L       | 0.978  | 0.007  | -0.058 | 0.063  |
| FI_d2                         | -0.542 | -0.441 | -0.232 | -0.026 | ANTM4_L       | 0.975  | 0.028  | -0.064 | 0.064  |
| FI_D1-Cuad                    | -0.433 | -0.459 | 0.667  | 0.198  | ANTM1_Lc      | 0.959  | 0.025  | -0.055 | 0.015  |
| FI_d2-Cuad                    | -0.370 | -0.250 | 0.740  | 0.299  | ANTM2_Lc      | 0.954  | 0.063  | -0.054 | 0.006  |
| FI_Or_d2                      | -0.114 | -0.737 | 0.544  | 0.090  | ANTM3_Lc      | 0.967  | 0.038  | -0.054 | 0.062  |
| FI_ratio_Or                   | -0.298 | -0.803 | -0.023 | -0.088 | ANTM4_Lc      | 0.962  | 0.064  | -0.066 | 0.045  |
| SEPL1_L                       | 0.971  | -0.033 | 0.146  | -0.090 | OV_L          | 0.696  | -0.483 | 0.170  | 0.275  |
| SEPL2_L                       | 0.972  | -0.033 | 0.140  | -0.093 | ETG_L         | 0.819  | -0.246 | -0.109 | 0.269  |
| SEPM1_L                       | 0.972  | -0.025 | 0.142  | -0.081 | ETG_A         | 0.865  | -0.093 | -0.078 | 0.160  |
| SEPM2_L                       | 0.972  | -0.033 | 0.138  | -0.080 | RAC_L         | -0.389 | 0.140  | 0.147  | 0.766  |
| SEPL1_Ab                      | 0.840  | 0.239  | 0.320  | 0.139  | F_PED_L       | 0.318  | -0.747 | 0.052  | 0.184  |
| SEPL2_Ab                      | 0.856  | 0.225  | 0.269  | 0.170  | F_ratio_VA    | 0.180  | -0.636 | -0.024 | 0.630  |
| SEPL1_Amxa                    | 0.871  | 0.140  | 0.198  | 0.285  | F1_V_L        | 0.303  | -0.623 | -0.201 | 0.592  |
| SEPL2_Amxa                    | 0.873  | 0.133  | 0.211  | 0.246  | F1_ratio_VA   | 0.285  | -0.676 | -0.204 | 0.537  |
| SEPL1_HAmx                    | 0.956  | -0.027 | 0.158  | -0.171 | F2_V_L        | 0.216  | -0.664 | -0.380 | 0.471  |
| SEPL2_HAmx                    | 0.956  | -0.028 | 0.154  | -0.177 | F2_ratio_VA   | 0.147  | -0.722 | -0.330 | 0.427  |
| SEPM1_Ab                      | 0.897  | 0.078  | 0.193  | 0.156  | F3_V_L        | 0.107  | -0.717 | -0.227 | 0.323  |
| SEPM2_Ab                      | 0.903  | 0.048  | 0.201  | 0.118  | F3_ratio_VA   | 0.109  | -0.732 | -0.291 | 0.338  |
| SEPM1_Amxa                    | 0.902  | 0.053  | 0.165  | 0.261  | F_EST_L       | 0.516  | 0.276  | -0.306 | 0.339  |
| SEPM2_Amxa                    | 0.893  | 0.025  | 0.113  | 0.268  | F_CU_L        | 0.607  | 0.073  | -0.335 | 0.420  |
| SEPM1_HAmx                    | 0.933  | -0.021 | 0.193  | -0.210 | F_CU_A        | 0.742  | 0.479  | 0.260  | -0.054 |
| SEPM2_HAmx                    | 0.922  | -0.012 | 0.210  | -0.216 | F_ratio_CU    | -0.215 | -0.705 | -0.458 | 0.331  |
| PET1_L                        | 0.861  | -0.344 | 0.315  | 0.015  | F_ACU_MY_L    | 0.586  | 0.394  | -0.290 | 0.262  |
| PET2_L                        | 0.864  | -0.338 | 0.309  | 0.028  | F_ACU_MY_A    | 0.551  | 0.743  | 0.025  | -0.038 |
| PET3_L                        | 0.868  | -0.340 | 0.310  | 0.013  | F_ACU_MN_L    | 0.541  | 0.433  | -0.256 | 0.303  |
| PET4_L                        | 0.876  | -0.325 | 0.294  | 0.050  | F_ACU_MN_A    | 0.472  | 0.753  | -0.008 | 0.028  |
| PET1_Uñ_L                     | 0.935  | -0.117 | 0.273  | -0.035 | F_ACU_INT_L   | 0.173  | 0.596  | 0.323  | 0.592  |
| PET2_Uñ_L                     | 0.939  | -0.131 | 0.262  | -0.024 | F_ACU_Nap     | 0.353  | 0.576  | -0.202 | 0.251  |
| PET3_Uñ_L                     | 0.947  | -0.105 | 0.252  | -0.036 | F_ACU_NPr     | -0.017 | 0.559  | 0.414  | -0.271 |
| PET4_Uñ_L                     | 0.946  | -0.123 | 0.242  | -0.023 | F_ACU_B2-B3   | 0.280  | 0.477  | 0.540  | 0.013  |
| PET1_Uñ_Ab                    | 0.731  | -0.511 | 0.045  | -0.112 | F_ACU_MY_NB   | 0.170  | 0.790  | 0.108  | -0.185 |
| PET2_Uñ_Ab                    | 0.713  | -0.450 | 0.108  | 0.029  | F_ACU_MN_NB   | 0.112  | 0.879  | -0.045 | 0.111  |
| PET3_Uñ_Ab                    | 0.708  | -0.432 | 0.114  | -0.076 | F_ACU_INT_NB  | -0.017 | 0.699  | 0.132  | 0.397  |
| PET4_Uñ_Ab                    | 0.737  | -0.436 | 0.108  | -0.105 | F_ACU_BT      | 0.165  | 0.902  | 0.042  | -0.006 |
| PET1_Lim_Amx                  | -0.453 | 0.008  | 0.746  | 0.310  | F_ACU_ANG1    | 0.265  | 0.716  | -0.220 | 0.019  |
| PET2_Lim_Amx                  | -0.341 | -0.070 | 0.790  | 0.320  | F_ACU_ANG2    | 0.235  | 0.671  | 0.129  | 0.527  |
| PET3_Lim_Amx                  | -0.354 | -0.069 | 0.793  | 0.311  | SEM_P         | -0.518 | -0.618 | 0.134  | 0.136  |
| PET4_Lim_Amx                  | -0.329 | -0.067 | 0.807  | 0.307  | SEM_E         | 0.076  | -0.570 | 0.433  | -0.408 |
| RATIO_LIM                     | 0.387  | -0.378 | -0.592 | -0.092 | SEM_Ala_GrMy  | -0.346 | -0.688 | 0.230  | 0.315  |
| PET1_Lim_HAmx                 | 0.407  | -0.677 | 0.013  | -0.417 | SEM_Ala_GrMn  | -0.444 | -0.459 | 0.082  | 0.523  |
| PET2_Lim_HAmx                 | 0.461  | -0.736 | 0.149  | -0.298 | %SEM_F_Cu-Ci  | 0.589  | 0.417  | 0.178  | -0.472 |
| PET3_Lim_HAmx                 | 0.408  | -0.712 | 0.243  | -0.347 | %SEM_F_R-E    | -0.535 | -0.487 | 0.073  | 0.438  |
| PET4_Lim_HAmx                 | 0.454  | -0.720 | 0.181  | -0.307 | SEM_Ala_distr | -0.746 | -0.430 | 0.151  | 0.261  |

Tabla 4.5h. ACP de macro-caracteres 351x120. Contribución de las variables a los factores. F1: INDIVIDUO (diámetro y tallos basales), FLOR (apertura; Sépalos; Pétalos lg y naturaleza Ac-Re; *ratio* Pet /Sep, Anteras dehiscentes, Gineceo), SILICUA (estilo, cuernos, apéndices lg), SEMILLAS (contorno ala, forma Cu-R); F2: INDIVIDUO (altura), H OJAS, FLOR (orificio; Pétalos forma, posición Hb-Ha, naturaleza PI-On y color BI-Vi), SILICUA (pedúnculo; valvas; apéndices ancho, n° de divisiones y áng-1&2), SEMILLAS (talla y grosor ala); F3: INDIVIDUO (diámetro y ramificación), FLOR (diámetros; Pétalos ancho y color Rs), SILICUA (n° bifurcaciones apéndices); F4: RACIMO, SILICUA (valvas) y SEMILLAS (grosor menor del ala).



4.2.6.1. Nivel poblacional sin PG ni PA (14 UTOs). Análisis multivariante (119)

En el análisis de 119 caracteres depurados sin PG ni PA, los valores a nivel individuo (14 UTOs y 307 filas) dan resultados similares al análisis de 125 caracteres aunque con mejor resolución tanto en el UPGMA, como en el MDS y el ACP.

- Fenogramas de distancias euclídeas sin PG ni PA (119)

En el fenograma UPGMA (r=0.749) de la matriz de 119x307 UTOs, los nodos son similares al fenograma UPGMA-125 como era de esperar, pero se observa un disminución de las distancias Euclídeas respecto al anterior análisis, que se refleja en una mejor resolución (r). La agrupación PP-PFCH también se encuentra asociada al complejo PF y el complejo PO permanece como *outgroup* de Gran Canaria (Figs.4.14).

- MDS-NM (119) sin PG ni PA

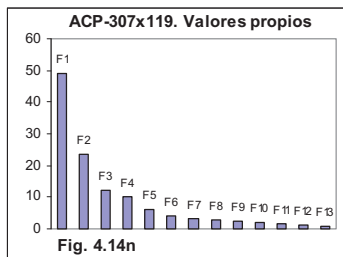
De los análisis de Proximidad (MDS-NM) realizados se muestra el Ordinal I que se resuelve mejorando los resultados anteriores, con índice de distorsión considerado casi perfecto (Stress:0.042). En la Figs.4.14 se pone de manifiesto las agrupaciones del UPGMA-119 con PFCH relacionada a PP y más cercana al complejo PF que a PO.

- ACP (119)

El análisis del conjunto de 119 macro-caracteres depurados sin PG ni PA se resuelve con 13 Factores (Tabla 4.5i y Figs.4.14). Las variables asociadas a cada uno de los cuatro primeros factores se muestran en la Tabla 4.5j y representan las siguientes asociaciones respecto a los factores o ejes:

| Tabla 4.5i. ACP-307x119 sin PG & PA. Valores propios y porcentaje de varianza |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |         |
|---|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|---------|
|   | F1     | F2     | F3     | F4     | F5     | F6     | F7     | F8     | F9     | F10    | F11    | F12    | F13     |
| Valores propios   | 49.166 | 23.396 | 12.165 | 10.214 | 5.970  | 3.859  | 3.302  | 2.779  | 2.374  | 1.866  | 1.764  | 1.199  | 0.946   |
| % varianza  | 41.316 | 19.661 | 10.223 | 8.583  | 5.017  | 3.243  | 2.775  | 2.335  | 1.995  | 1.568  | 1.482  | 1.008  | 0.795   |
| % Acumulado   | 41.316 | 60.977 | 71.200 | 79.782 | 84.800 | 88.042 | 90.817 | 93.153 | 95.148 | 96.716 | 98.198 | 99.205 | 100.000 |

**F1 (41.32%): INDIVIDUO:** altura máxima y tallos basales, **FLOR:** apertura y diámetros, **Sépalos, Pétalos** (lg, ancho, forma, posición Ha y naturaleza PI-Ac-Re), **ratio Pet/Sep,** **Androceo** (anteras dehiscentes), **Gineceo** (ovario y estigma), **SILICUA** (talla del pedúnculo, estilo, cuernos o astas y lg del apéndice mayor) y **SEMILLAS** (contorno del ala).



**F2 (19.66%): HOJAS, FLOR:** orificio, **Pétalos** (forma, naturaleza On y color Bl-Vi), **SILICUA** (talla de valvas, ancho, divisiones y ang-1&2 de apéndices) y **SEMILLAS** (diámetros).

**F3 (10.22%): INDIVIDUO:** diámetros y ramificaciones, **FLOR:** diámetros y orificio, **Pétalos** (ancho y color Rs) y **SEMILLAS** (diámetro menor).

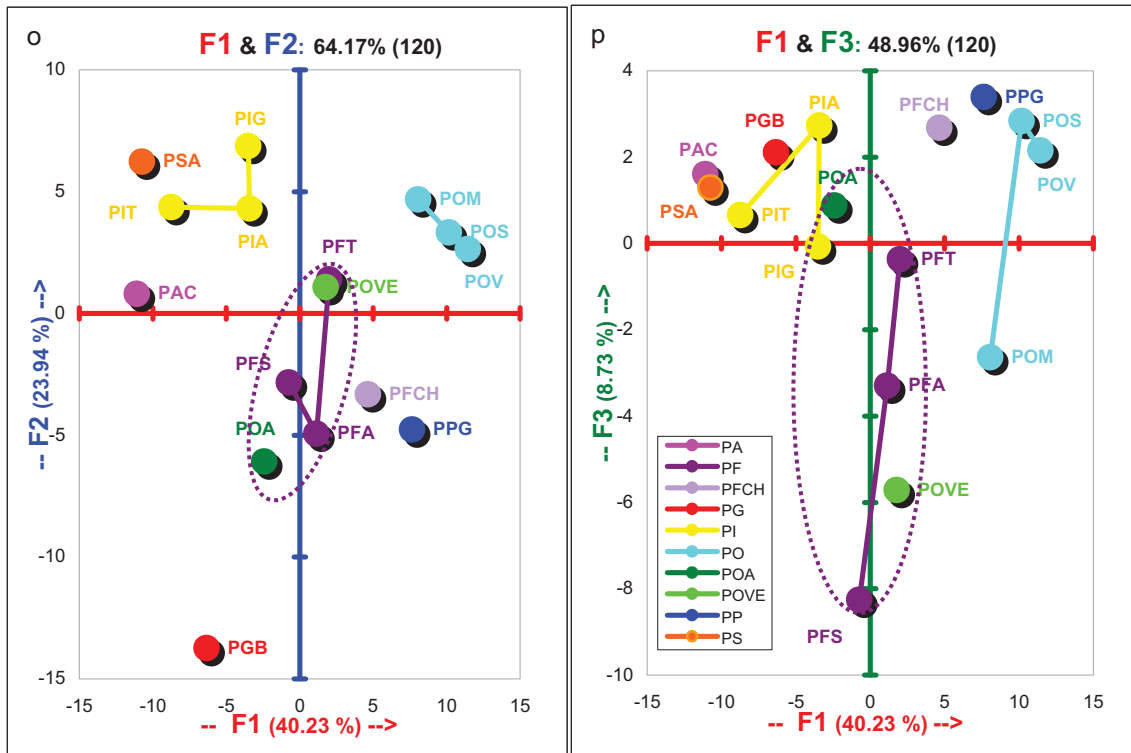
**F4 (8.58%): PÉTALOS** (posición Ca), **RACIMO, SILICUA** (talla de valvas, cuerno y apéndice menor y nº de apéndices) y **SEMILLAS** (grosor del ala y % forma Cu-R).

- La representación bi-dimensional F1&F2 representa el 60.98% de la varianza acumulada y reproduce casi exactamente el ACP-125 reforzando además las mismas asociaciones de poblaciones y taxones de los análisis anteriores. Se pone de manifiesto las agrupaciones en los que se refleja la afinidad del complejo PF y poblaciones asociadas y la unión más cercana de PP-PFCH que se expresa de forma aislada donde PFCH se encuentra más relacionada al complejo PF y PP más alejada del complejo de PO que en los análisis anteriores. En la gráfica F1&F3 que no es igual al ACP-126, el eje F3 dispersa el conjunto poblacional de PF y aleja la asociación PFCH y PP al complejo PO en el que también se distancia POM (Figs.4.14).

| ACP- MACRO-CARACTERES sin PG & PA 307x119 |        |        |        |        |               |        |        |        |        |
|---|--------|--------|--------|--------|---------------|--------|--------|--------|--------|
| Variable                                  | F1     | F2     | F3     | F4     | Variable      | F1     | F2     | F3     | F4     |
| IND_H                                     | 0.809  | 0.292  | -0.416 | -0.126 | ratio_Pet_Sep | -0.929 | 0.197  | 0.183  | -0.017 |
| IND_D1                                    | -0.254 | 0.078  | 0.720  | -0.211 | PET_Ca        | 0.283  | -0.316 | 0.294  | -0.409 |
| IND_d2                                    | -0.431 | 0.054  | 0.641  | -0.263 | PET_Ha        | -0.706 | -0.039 | 0.355  | 0.162  |
| IND_H_ra1                                 | 0.504  | 0.282  | -0.583 | -0.001 | PET_PI        | -0.635 | -0.428 | 0.001  | 0.061  |
| IND_N°Tb                                  | -0.583 | -0.097 | 0.475  | -0.155 | PET_Ond       | -0.467 | 0.601  | 0.156  | 0.162  |
| H1_L                                      | 0.466  | 0.784  | 0.184  | -0.087 | PET_Acan      | 0.688  | -0.289 | -0.241 | -0.081 |
| H2_L                                      | 0.455  | 0.713  | 0.310  | -0.083 | PET_Rev       | 0.830  | -0.167 | 0.194  | -0.108 |
| H3_L                                      | 0.390  | 0.694  | 0.401  | -0.046 | PET_Col_BI    | 0.240  | 0.612  | 0.131  | 0.070  |
| h4_L                                      | 0.328  | 0.677  | 0.386  | -0.010 | PET_Col_Vi    | -0.386 | -0.648 | 0.363  | 0.182  |
| h5_L                                      | 0.184  | 0.678  | 0.396  | 0.024  | PET_Col_Rs    | 0.566  | 0.171  | -0.546 | -0.344 |
| ratio_H1                                  | 0.300  | 0.788  | -0.294 | 0.108  | ANTL1_L       | 0.958  | -0.128 | -0.085 | 0.075  |
| ratio_H2                                  | 0.372  | 0.801  | -0.050 | 0.112  | ANTL2_L       | 0.961  | -0.119 | -0.100 | 0.054  |
| ratio_H3                                  | 0.418  | 0.858  | 0.043  | 0.093  | ANTL1_Lc      | 0.927  | -0.134 | -0.052 | 0.079  |
| ratio_h4                                  | 0.341  | 0.862  | 0.141  | 0.060  | ANTL2_Lc      | 0.936  | -0.128 | -0.059 | 0.049  |
| ratio_h5                                  | 0.165  | 0.910  | 0.118  | 0.069  | ANTM1_L       | 0.956  | -0.141 | -0.109 | 0.055  |
| Ratio H1_h5_L/A                           | 0.249  | 0.883  | -0.040 | -0.049 | ANTM2_L       | 0.948  | -0.158 | -0.118 | 0.015  |
| FI_ANG SEP                                | -0.910 | 0.097  | 0.174  | -0.270 | ANTM3_L       | 0.963  | -0.123 | -0.107 | 0.058  |
| FI_D1                                     | -0.527 | 0.283  | -0.224 | -0.172 | ANTM4_L       | 0.956  | -0.152 | -0.113 | 0.047  |
| FI_d2                                     | -0.420 | 0.378  | -0.278 | -0.123 | ANTM1_Lc      | 0.940  | -0.125 | -0.096 | 0.005  |
| FI_D1_Cuad                                | -0.290 | 0.232  | 0.813  | 0.228  | ANTM2_Lc      | 0.928  | -0.168 | -0.100 | -0.017 |
| FI_d2_Cuad                                | -0.210 | 0.159  | 0.829  | 0.408  | ANTM3_Lc      | 0.946  | -0.150 | -0.107 | 0.057  |
| FI_Or_d2                                  | 0.234  | 0.507  | 0.706  | 0.176  | ANTM4_Lc      | 0.937  | -0.158 | -0.111 | 0.032  |
| FI_ratio_Or                               | 0.071  | 0.904  | 0.094  | 0.066  | OV_L          | 0.759  | 0.291  | 0.248  | 0.305  |
| SEPL1_L                                   | 0.961  | -0.185 | 0.101  | -0.112 | ETG_L         | 0.821  | 0.063  | -0.142 | 0.241  |
| SEPL2_L                                   | 0.962  | -0.182 | 0.093  | -0.112 | ETG_A         | 0.837  | 0.078  | -0.029 | 0.178  |
| SEPM1_L                                   | 0.960  | -0.199 | 0.090  | -0.105 | RAC_L         | -0.341 | -0.320 | -0.012 | 0.721  |
| SEPM2_L                                   | 0.963  | -0.191 | 0.083  | -0.100 | F_PED_L       | 0.565  | 0.527  | 0.123  | 0.129  |
| SEPL1_Ab                                  | 0.760  | -0.486 | 0.217  | 0.115  | F_ratio_VA    | 0.283  | 0.468  | 0.024  | 0.676  |
| SEPL2_Ab                                  | 0.781  | -0.478 | 0.150  | 0.150  | F1_V_L        | 0.395  | 0.468  | -0.194 | 0.626  |
| SEPL1_Amx                                 | 0.800  | -0.371 | 0.120  | 0.306  | F1_ratio_VA   | 0.379  | 0.568  | -0.160 | 0.563  |
| SEPL2_Amx                                 | 0.807  | -0.348 | 0.141  | 0.273  | F2_V_L        | 0.346  | 0.508  | -0.435 | 0.445  |
| SEPL1_HAmx                                | 0.945  | -0.166 | 0.122  | -0.205 | F2_ratio_VA   | 0.269  | 0.634  | -0.314 | 0.406  |
| SEPL2_HAmx                                | 0.947  | -0.167 | 0.108  | -0.200 | F3_V_L        | 0.227  | 0.738  | -0.086 | 0.376  |
| SEPM1_Ab                                  | 0.851  | -0.346 | 0.087  | 0.123  | F3_ratio_VA   | 0.239  | 0.717  | -0.181 | 0.366  |
| SEPM2_Ab                                  | 0.864  | -0.315 | 0.102  | 0.090  | F_EST_L       | 0.494  | -0.307 | -0.467 | 0.362  |
| SEPM1_Amx                                 | 0.855  | -0.245 | 0.109  | 0.283  | F_CU_L        | 0.537  | 0.213  | -0.287 | 0.588  |
| SEPM2_Amx                                 | 0.846  | -0.225 | 0.065  | 0.279  | F_CU_A        | 0.685  | -0.527 | 0.239  | -0.007 |
| SEPM1_HAmx                                | 0.920  | -0.226 | 0.134  | -0.256 | F_ratio_CU    | -0.067 | 0.672  | -0.494 | 0.317  |
| SEPM2_HAmx                                | 0.912  | -0.213 | 0.149  | -0.247 | F_ACU_MY_L    | 0.516  | -0.112 | -0.338 | 0.489  |
| PET1_L                                    | 0.930  | 0.036  | 0.291  | 0.015  | F_ACU_MY_A    | 0.467  | -0.728 | 0.045  | 0.096  |
| PET2_L                                    | 0.929  | 0.036  | 0.287  | 0.030  | F_ACU_MN_L    | 0.438  | -0.192 | -0.311 | 0.519  |
| PET3_L                                    | 0.931  | 0.043  | 0.292  | 0.017  | F_ACU_MN_A    | 0.314  | -0.698 | -0.010 | 0.200  |
| PET4_L                                    | 0.934  | 0.027  | 0.280  | 0.044  | F_ACU_INT_L   | 0.024  | -0.680 | 0.162  | 0.570  |
| PET1_Uñ_L                                 | 0.945  | -0.105 | 0.236  | -0.011 | F_ACU_NAp     | 0.294  | -0.213 | -0.261 | 0.699  |
| PET2_Uñ_L                                 | 0.951  | -0.092 | 0.230  | -0.005 | F_ACU_NPr     | -0.039 | -0.509 | 0.435  | -0.260 |
| PET3_Uñ_L                                 | 0.956  | -0.102 | 0.217  | -0.008 | F_ACU_B2-B3   | 0.268  | -0.547 | 0.485  | 0.071  |
| PET4_Uñ_L                                 | 0.956  | -0.082 | 0.214  | 0.002  | F_ACU_MY_NB   | -0.019 | -0.653 | 0.297  | -0.076 |
| PET1_Uñ_Ab                                | 0.774  | 0.426  | 0.168  | -0.099 | F_ACU_MN_NB   | -0.146 | -0.797 | -0.104 | 0.415  |
| PET2_Uñ_Ab                                | 0.750  | 0.309  | 0.194  | 0.070  | F_ACU_INT_NB  | -0.265 | -0.659 | 0.038  | 0.337  |
| PET3_Uñ_Ab                                | 0.733  | 0.327  | 0.215  | -0.045 | F_ACU_BT      | -0.086 | -0.893 | 0.071  | 0.190  |
| PET4_Uñ_Ab                                | 0.771  | 0.316  | 0.201  | -0.064 | F_ACU_ANG1    | -0.133 | -0.375 | -0.203 | 0.321  |
| PET1_Lim_Amx                              | -0.302 | -0.170 | 0.759  | 0.426  | F_ACU_ANG2    | 0.005  | -0.726 | -0.014 | 0.493  |
| PET2_Lim_Amx                              | -0.186 | -0.069 | 0.820  | 0.461  | SEM_P         | -0.242 | 0.606  | 0.160  | 0.255  |
| PET3_Lim_Amx                              | -0.177 | -0.099 | 0.820  | 0.466  | SEM_E         | 0.211  | 0.534  | 0.613  | -0.307 |
| PET4_Lim_Amx                              | -0.173 | -0.083 | 0.834  | 0.450  | SEM_Ala_GrMy  | -0.391 | 0.373  | 0.381  | 0.600  |
| RATIO_LIM                                 | 0.469  | 0.330  | -0.616 | -0.115 | SEM_Ala_GrMn  | -0.583 | 0.057  | 0.017  | 0.655  |
| PET1_Lim_HAmx                             | 0.606  | 0.403  | 0.039  | -0.574 | %SEM_F_Cu-Ci  | 0.428  | -0.382 | 0.291  | -0.606 |
| PET2_Lim_HAmx                             | 0.663  | 0.506  | 0.234  | -0.318 | %SEM_F_R-E    | -0.346 | 0.353  | 0.003  | 0.591  |
| PET3_Lim_HAmx                             | 0.597  | 0.477  | 0.343  | -0.383 | SEM_Ala_distr | -0.652 | 0.451  | 0.248  | 0.317  |
| PET4_Lim_HAmx                             | 0.636  | 0.480  | 0.274  | -0.379 |               |        |        |        |        |

Tabla 4.5j. ACP de macro-caracteres sin PG&PA 307x119. Contribución de las variables a los factores. F1: INDIVIDUO (altura y tallos basales), FLOR (apertura y diámetros; Sépalos; Pétalos lg, forma, posición Ha, naturaleza Pl-Ac-Re y color Rs; ratio Pet/Sep; Anteras dehiscentes; Gineceo), SILICUA (pedúnculo, estilo, cuernos, lg apéndice mayor), SEMILLAS (contorno del ala); F2: HOJAS, FLOR (orificio; Pétalos naturaleza On y color BI-Vi), SILICUA (valvas, apéndices, nº divisiones y áng -1&2) y SEMILLAS (diámetros); F3: INDIVIDUO (diámetros y ramificaciones), FLOR (diámetros, orificio, pétalos ancho), SILICUA (estilo) y SEMILLAS (diámetro menor); F4: PÉTALOS (posición Ca), RACIMO, SILICUA (valvas, cuerno, apéndice menor y nº de apéndices), SEMILLAS (grosor del ala y forma Cu-R).

TAXONOMÍA NUMÉRICA. MACRO-CARACTERES: ACP- 120



TAXONOMÍA NUMÉRICA. MACRO-CARACTERES: ACP- 119 sin PG&PA

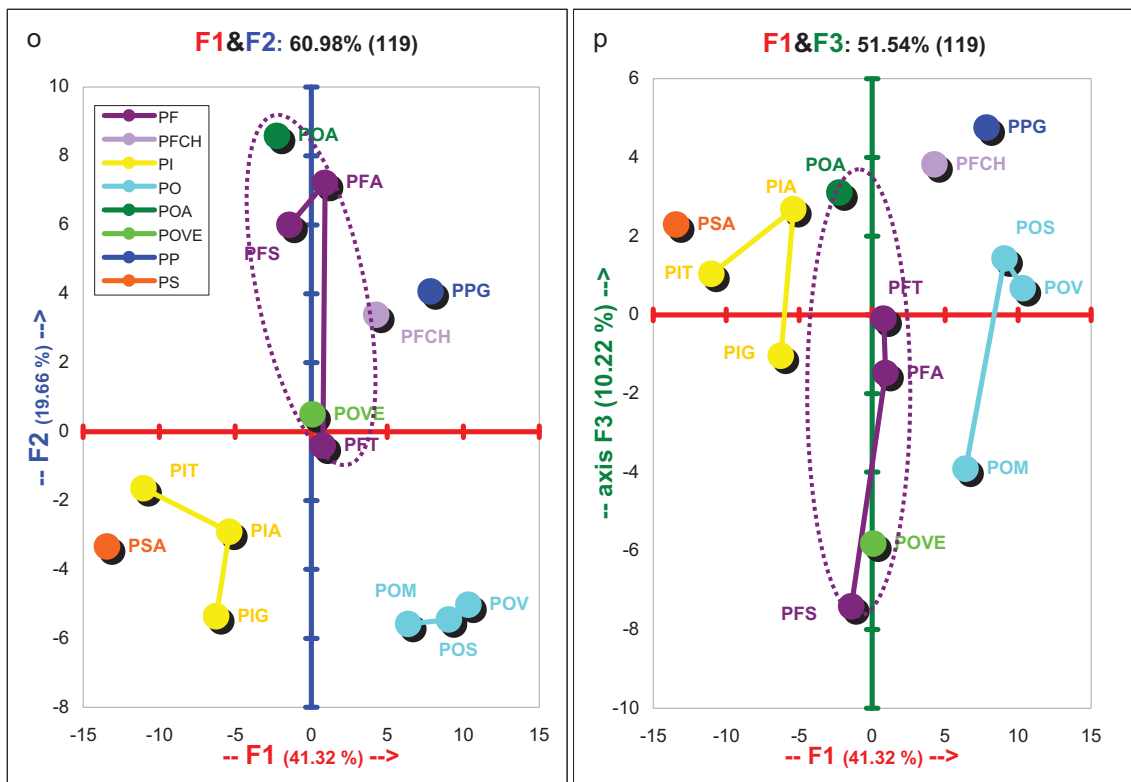


Figura 4.14.-Taxonomía Numérica de macro-caracteres 120 y 119 (351-307 UTOs). ACP. Gráficas bidimensionales. En el análisis de 120 el eje F3 aleja PFS de PFA y PFT, distancia POA y POVE del complejo PF y a POM del resto de *P.ornata*. La asociación PFCH-PPG se sitúa cercana al complejo PF como en el fenograma y el análisis de proximidad. El análisis de 119 sin PG&PA muestra las mismas asociaciones.

- En la *representación tridimensional*, la gráfica  $F1&F2&F3$ , como en ACP anteriores, el eje  $F3$  aleja el complejo PF por un lado, POM de sus poblaciones co-específicas y en las islas occidentales, PIG se aleja de PIT y PIA, y por último, PIT de PS. En la gráfica  $F1&F2&F4$  se sigue manteniendo la misma tendencia de alejamiento de ACP anteriores por parte del eje  $F4$ , destacando la lejanía de PIA de sus poblaciones co-específicas (Anexo 4.2).

### 4.3. TAXONOMÍA NUMÉRICA CON MACRO & MICROCARACTERES

Todos los análisis del conjunto total de *155 variables (macro y micro-caracteres)* corresponden a matrices de datos a nivel individuo (351 UTOs) integradas por los *137 macro-caracteres* ya analizados de forma exclusiva, con el añadido de *18 micro-caracteres reproductivos* mayoritariamente variables cuantitativas (recursos del androceo y del gineceo con biometrías de anteras indehiscentes, número de granos de polen por antera, tallas de los granos de polen, papilas estigmáticas, número de óvulos, etc.) y algunas cualitativas (6) relativas a las papilas estigmáticas.

El análisis discriminante (AD) de la matriz  $351 \times 155$  no admite tres de las 18 variables ( $N^{\circ}Grs\_AntL$ ,  $Pap\_P$  y  $Pap\_U$ ) micro-morfológicas consideradas por combinación lineal de otras, comenzando el primer AD con una matriz de datos de  $351 \times 152$  (AD-152), integrada por el total de los 137 macro-caracteres y 15 micro-caracteres.

#### 4.3.1. Nivel poblacional. Macro-Micro-caracteres. Análisis multivariante (155)

Los análisis multivariantes a nivel poblacional de 16 UTOs (*fenogramas de distancias euclídeas, MDS-NM y ACP*) del total de las 155 variables (137 macro y 18 micro-caracteres) obtienen resultados ligeramente superiores a los análisis anteriores de 137 caracteres (Figs.4.15, Tablas 4.6, Tabla 4.15 resumen de Taxonomía Numérica y Anexo 4.2).

Se sigue reflejando la posición aislada de PG respecto al resto de los taxones, en los que se sigue poniendo de manifiesto la independencia de las *islas occidentales* donde siempre hay una mayor afinidad entre Teno, La Gomera y La Palma (PIT-PS, PA) que se separan de las otras dos poblaciones de Tenerife (PIG-PIA). En Gran Canaria, se diferencia *P.ornata* (PO) a veces acompañada lejanamente por la asociación PP-PFCH y el complejo PF integrado por *P.filifolia* y las otras dos poblaciones sin adscripción (POA y POVE) que manifiestan distintos niveles de similitud según los análisis y caracteres. Como en los análisis anteriores de macro-caracteres merece destacar que en las poblaciones de PO las relaciones son más estrechas que en el conjunto de poblaciones del complejo PF donde se mantiene la unión PFA-POA del UPGMA-137 y 136.

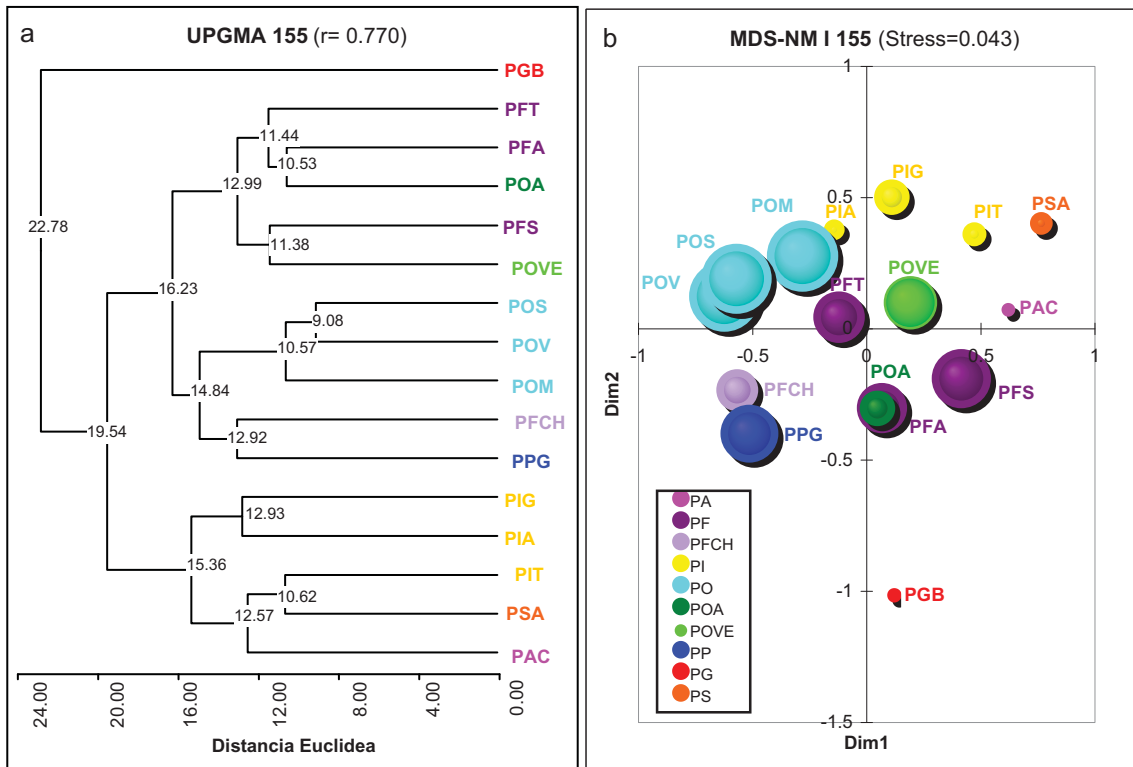
En las técnicas de ordenación (MDS-NM y ACP) el conjunto de todos los macro y micro-caracteres obtiene asimismo resultados similares a los anteriores con solo macro-caracteres, poniéndose de manifiesto la asociación PFCH-PP con PFCH más cercana a PF y PP equidistante o más cercana a PO.

- *Fenogramas de distancias euclídeas (155)*

Como los UPGMA 137 y 136, el *fenograma UPGMA* ( $r=0.770$ ) de 16 UTOs sigue diferenciando a PG en posición aislada como *outgroup* del resto de los taxones, que a su vez se dividen en dos grupos: i) uno para las islas occidentales de Tenerife (PI), La Gomera (PS) y La Palma (PA) donde la población de Teno (PIT) sigue estrechamente relacionada a la especie de La Gomera (PIT-PS, PA y PIG-PIA).



**TAXONOMÍA NUMÉRICA MACRO & MICRO-CARACTERES: 155 (137+18)**



**TAXONOMÍA NUMÉRICA MACRO & MICRO-CARACTERES: 144 (126+18)**

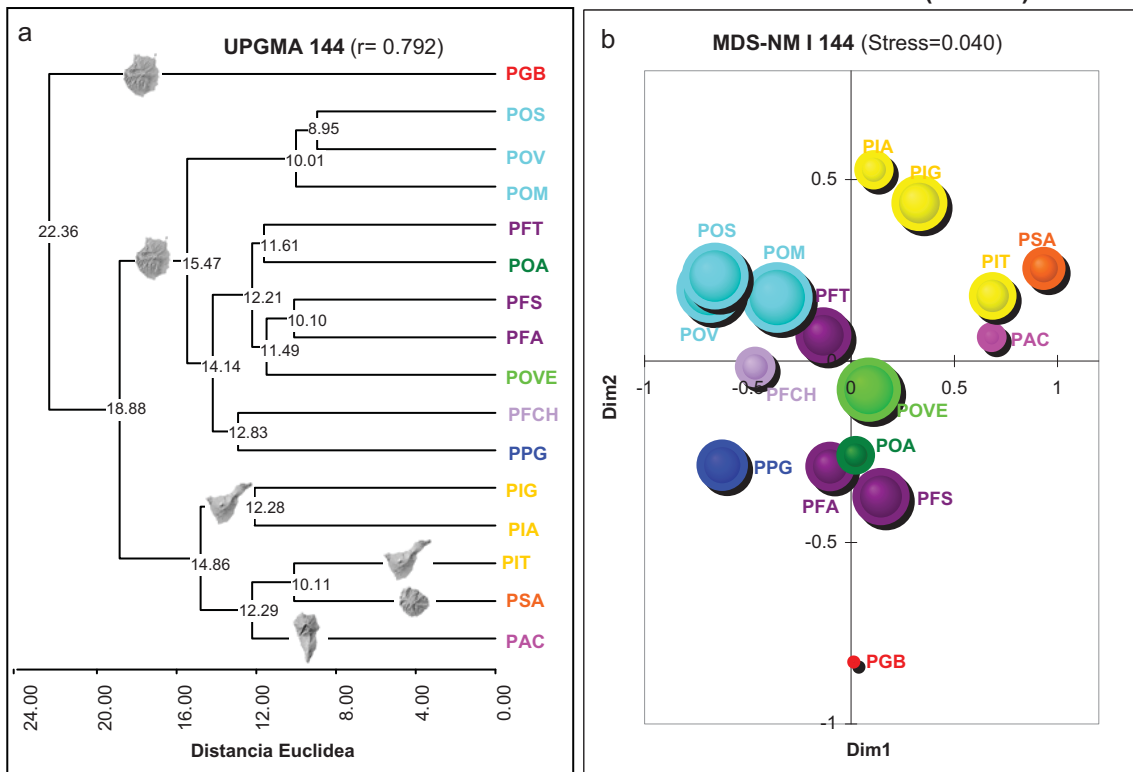


Figura 4.15.- Taxonomía Numérica de macro & micro-caracteres 155 (137+18) y 144 (126+18). Análisis poblacional (16 y 14 UTOs). Fenogramas y MDS-NM. En el análisis de 155 caracteres se sigue observando la cohesión de las poblaciones de *P.ornata* (PO) acompañadas por PP-PFCH. En el análisis de 144 caracteres se observa el complejo de *P.filifolia* integrado también por POA y POVE que se muestra asociado a PP-PFCH. El MDS-NM pone de manifiesto las mismas agrupaciones descritas.

ii) El otro grupo para Gran Canaria donde se sigue separando el subgrupo PO acompañado de la asociación PP-PFCH como en el *UPGMA-137* y *136* de macro-caracteres y el subgrupo PF integrado también por POA y POVE (PFA-POA, PFT y PFS-POVE), mientras que la unión PFA-POA se resuelve como en el *UPGMA-137* y *136*, la unión PFS-POVE aparece por primera vez (Fig.4.15).

#### - MDS-NM (155)

El análisis de Proximidad (MDS-NM) obtiene un buen resultado con índice de distorsión considerado casi perfecto (Stress:0.043) reforzando y justificando asimismo a los *fenogramas*.

Su gráfica (Figs.4.15) pone de manifiesto la posición aislada de PG del resto de los taxones y en Gran Canaria la cercanía entre PFCH y PP situadas en una posición equidistante con respecto a PO y al complejo PF, con PFCH más cercana al complejo PF y PP equidistante o más cercana a PO. En el complejo PF merece destacar la integración de las dos poblaciones sin adscripción taxonómica (POA y POVE) donde se refuerza la estrecha relación entre PFA - POA y POVE- PFT, incluso en esta ocasión más estrecha que PFA-PFS. En los taxones de las islas occidentales PIT (Teno) sigue más relacionada a PS (La Gomera) y PA (La Palma) que a las otras dos poblaciones de *P. intermedia* (PIG y PIA).

#### - ACP (155)

Como en los ACP anteriores, el análisis del conjunto que representa los 155 macro y micro-caracteres en el nivel de 351 UTOs se resuelve con 15 Factores. En la Tabla 4.6a se muestran los *valores propios* así como la varianza acumulada que en los cuatro primeros factores alcanza el 75.50%. En la Tabla 4.6b de variables y factores se representan los siguientes grupos de variables en cada *eje* o *factor*:

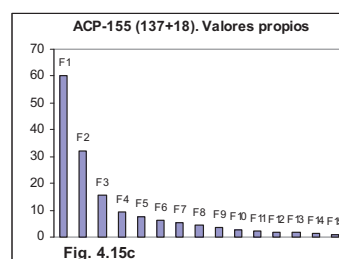
| Tabla 4.6a. ACP-351x155 (137+18). Valores propios y porcentaje de varianza |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |         |
|--|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|---------|
|  | F1     | F2     | F3     | F4     | F5     | F6     | F7     | F8     | F9     | F10    | F11    | F12    | F13    | F14    | F15     |
| Valores propios  | 60.044 | 32.078 | 15.470 | 9.434  | 7.624  | 6.303  | 5.205  | 4.533  | 3.542  | 2.470  | 2.312  | 1.927  | 1.783  | 1.217  | 1.059   |
| % varianza   | 38.738 | 20.696 | 9.981  | 6.086  | 4.919  | 4.067  | 3.358  | 2.924  | 2.285  | 1.594  | 1.491  | 1.243  | 1.150  | 0.785  | 0.683   |
| % Acumulado  | 38.738 | 59.433 | 69.414 | 75.501 | 80.420 | 84.486 | 87.844 | 90.769 | 93.054 | 94.648 | 96.139 | 97.382 | 98.532 | 99.317 | 100.000 |

**F1 (38.74%):** *INDIVIDUO*: diámetro menor y tallos basales, *FLOR*: apertura y diámetros, *Sépalos*, *Pétalos* (longitud, ancho, naturaleza On-Ac-Re), *ratio Pet/Sep*, *Androceo* (estambres), *Gineceo* (ovario, estilo y estigma), *SILICUA* (talla del estilo, cuernos, longitud de apéndices y áng-3), *SEMILLAS* (contorno del ala y forma Cu-R), *Anteras indehiscentes*, *RECURSOS DEL ANDROCEO* (nº de granos); *RECURSOS DEL GINECEO* (nº de óvulos), *Ratio P/O* y *PAPILAS ESTIGMÁTICAS* (longitud y forma Bo).

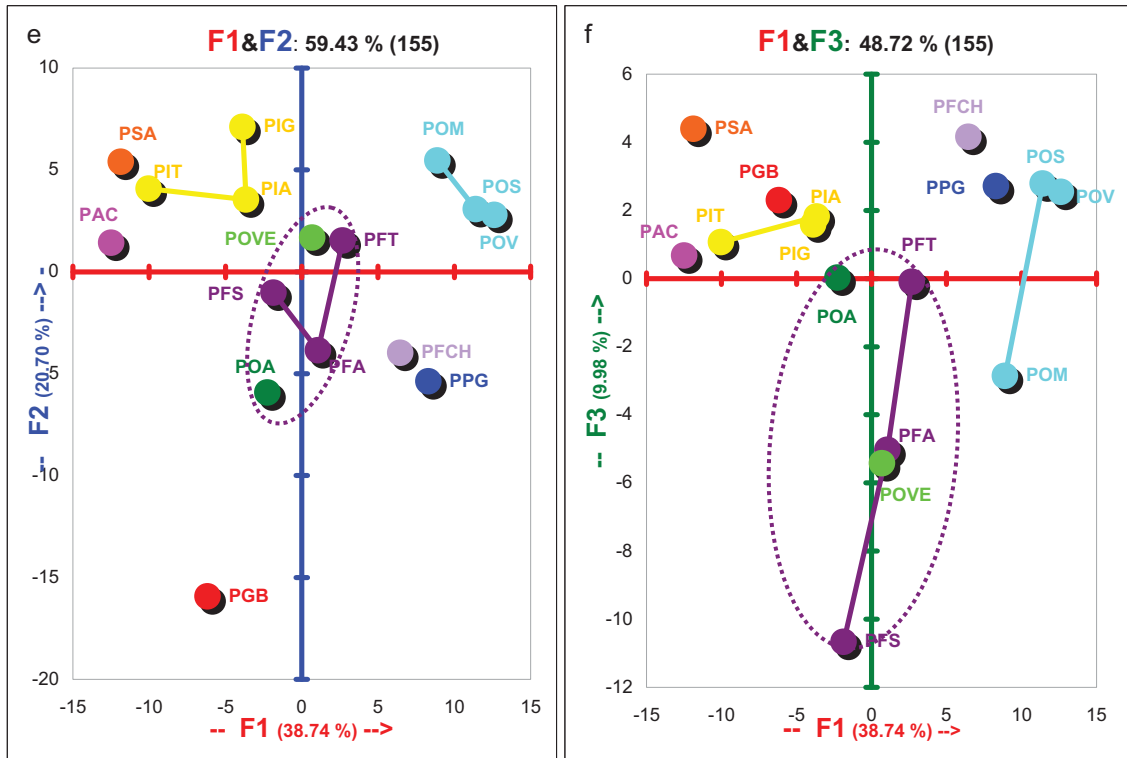
**F2 (20.70%):** *INDIVIDUO*: altura máxima, *HOJAS*, *FLOR*: orificio, *Pétalos* (forma, posición Hb-Ha, naturaleza PI-On, color BI-Vi), *Gineceo* (ovario), *SILICUA* (talla del pedúnculo, valvas, *ratio* del cuerno, ancho, nº de divisiones y áng-1&2 de apéndices), *SEMILLAS* (talla y grosor del ala), *POLEN* (diámetros) y *PAPILAS* (formas T-Y-D-P-U).

**F3 (9.98%):** *INDIVIDUO*: diámetros y ramificación, *FLOR*: diámetros y orificio, *Pétalos* (ancho, posición Le-Ca y color Rs), *SILICUA* (nº de bifurcaciones de los apéndices), *SEMILLAS* (forma triangular).

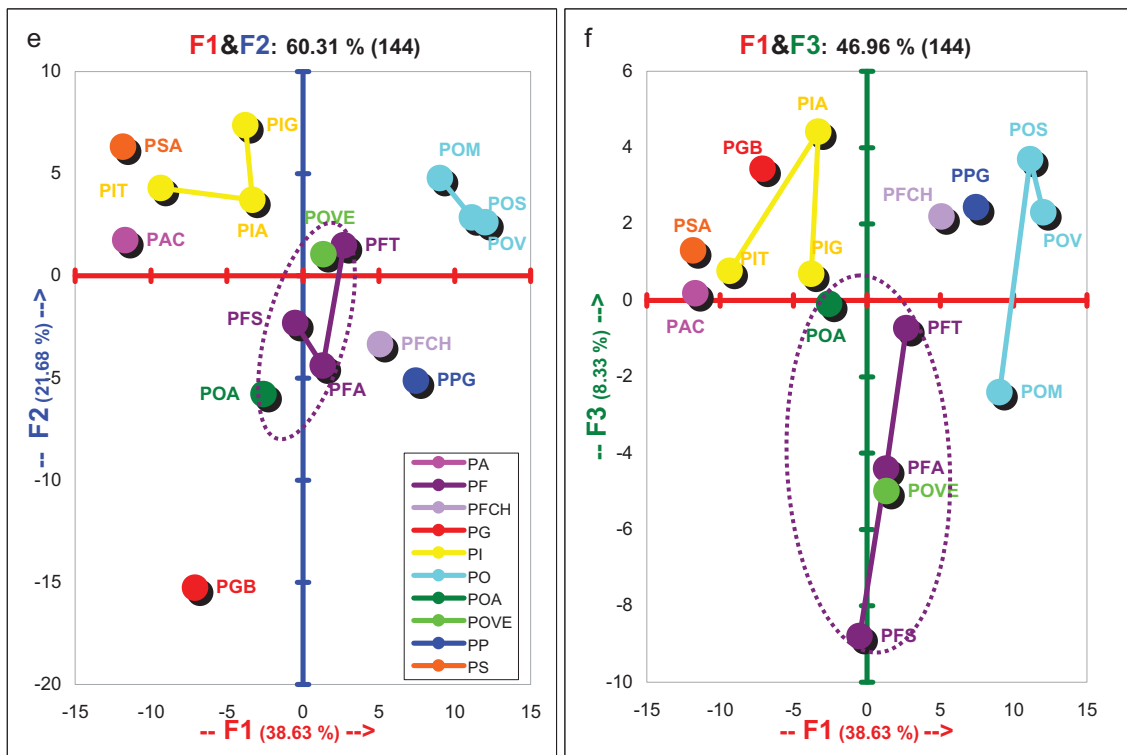
**F4 (6.09%):** *RACIMO*, *SILICUA* (talla de valvas, apéndices intermedios y áng-2), *SEMILLAS* (diámetro menor y grosor menor del ala), *PAPILAS* (formas T-Y-P).



**TAXONOMÍA NUMÉRICA MACRO & MICRO-CARACTERES: ACP- 155 (137+18)**



**TAXONOMÍA NUMÉRICA MACRO & MICRO-CARACTERES: ACP- 144 (126+18)**



**Figura 4.15.-Taxonomía Numérica de macro & micro-caracteres 155 (137+18) y 144 (126+18). ACP (351 UTOs). Gráficas bidimensionales.** En el análisis de 155 caracteres el eje F3 aleja el complejo PF y a POM de POS-POV, también aleja a PSA de PIT que se mantiene cercana a PAC y se acerca a PIG-PIA. El eje F4 aleja las poblaciones de PI y en menor grado a PO. En el análisis de 144 caracteres se muestran asociaciones similares aunque el eje F3 mantiene unidas a PIT, PS y PA.

ACP- MACRO & MICRO-CARACTERES 351x155 (137+18)

| Variable        | F1     | F2     | F3     | F4     | Variable      | F1     | F2     | F3     | F4     |
|-----------------|--------|--------|--------|--------|---------------|--------|--------|--------|--------|
| IND_H           | 0.346  | -0.431 | -0.350 | -0.223 | ESTL1_Fi_L    | 0.890  | -0.140 | 0.326  | 0.054  |
| IND_D1          | -0.453 | -0.310 | 0.504  | -0.087 | ESTL2_Fi_L    | 0.896  | -0.186 | 0.267  | 0.103  |
| IND_d2          | -0.547 | -0.313 | 0.492  | -0.080 | ANTL1_L       | 0.967  | 0.062  | -0.127 | 0.106  |
| IND_H_ra1       | 0.456  | -0.182 | -0.676 | 0.002  | ANTL2_L       | 0.968  | 0.055  | -0.136 | 0.091  |
| IND_N°Tb        | -0.572 | -0.032 | 0.421  | 0.084  | ANTL1_Lc      | 0.943  | 0.067  | -0.112 | 0.121  |
| H1_L            | 0.155  | -0.862 | -0.119 | -0.156 | ANTL2_Lc      | 0.946  | 0.065  | -0.116 | 0.087  |
| H2_L            | 0.174  | -0.770 | -0.032 | -0.171 | ESTM1_Fi_L    | 0.774  | -0.224 | 0.500  | -0.023 |
| H3_L            | 0.105  | -0.738 | 0.033  | -0.136 | ESTM2_Fi_L    | 0.792  | -0.218 | 0.483  | -0.015 |
| h4_L            | 0.006  | -0.662 | 0.020  | -0.109 | ESTM3_Fi_L    | 0.827  | -0.207 | 0.448  | 0.009  |
| h5_L            | -0.156 | -0.627 | 0.049  | -0.078 | ESTM4_Fi_L    | 0.836  | -0.230 | 0.420  | 0.000  |
| ratio_H1        | 0.220  | -0.603 | -0.537 | -0.103 | ANTM1_L       | 0.963  | 0.049  | -0.138 | 0.106  |
| ratio_H2        | 0.260  | -0.714 | -0.321 | -0.122 | ANTM2_L       | 0.960  | 0.069  | -0.134 | 0.078  |
| ratio_H3        | 0.251  | -0.769 | -0.315 | -0.125 | ANTM3_L       | 0.968  | 0.043  | -0.141 | 0.095  |
| ratio_h4        | 0.172  | -0.773 | -0.225 | -0.161 | ANTM4_L       | 0.965  | 0.061  | -0.135 | 0.100  |
| ratio_h5        | -0.062 | -0.718 | -0.270 | -0.170 | ANTM1_Lc      | 0.947  | 0.062  | -0.149 | 0.067  |
| Ratio H1_h5_L/A | 0.186  | -0.719 | -0.343 | -0.241 | ANTM2_Lc      | 0.941  | 0.098  | -0.132 | 0.060  |
| FI_ANG SEP      | -0.885 | -0.282 | 0.220  | -0.113 | ANTM3_Lc      | 0.954  | 0.074  | -0.142 | 0.102  |
| FI_D1           | -0.606 | -0.396 | -0.146 | -0.045 | ANTM4_Lc      | 0.947  | 0.098  | -0.146 | 0.092  |
| FI_d2           | -0.559 | -0.437 | -0.224 | -0.079 | OV_L          | 0.723  | -0.481 | 0.051  | 0.239  |
| FI_D1-Cuad      | -0.388 | -0.553 | 0.579  | 0.245  | ETL_L         | 0.465  | 0.076  | 0.131  | -0.033 |
| FI_d2-Cuad      | -0.327 | -0.336 | 0.636  | 0.287  | ETG_L         | 0.820  | -0.225 | -0.140 | 0.237  |
| FI_Or_D1        | -0.195 | -0.693 | 0.562  | 0.120  | ETG_A         | 0.870  | -0.069 | -0.104 | 0.137  |
| FI_Or_d2        | -0.068 | -0.793 | 0.374  | 0.137  | RAC_L         | -0.389 | 0.091  | 0.079  | 0.838  |
| FI_ratio_Or     | -0.279 | -0.765 | -0.188 | -0.128 | RAC_PED_L     | -0.247 | -0.258 | 0.299  | 0.061  |
| SEPL1_L         | 0.976  | -0.026 | 0.100  | -0.055 | F_PED_L       | 0.352  | -0.773 | -0.018 | 0.212  |
| SEPL2_L         | 0.976  | -0.024 | 0.093  | -0.058 | F_ratio_VA    | 0.181  | -0.638 | -0.201 | 0.621  |
| SEPM1_L         | 0.975  | -0.018 | 0.097  | -0.046 | F1_V_L        | 0.297  | -0.604 | -0.352 | 0.567  |
| SEPM2_L         | 0.976  | -0.025 | 0.089  | -0.047 | F1_ratio_VA   | 0.277  | -0.652 | -0.359 | 0.498  |
| SEPL1_Ab        | 0.847  | 0.212  | 0.323  | 0.146  | F2_V_L        | 0.196  | -0.623 | -0.503 | 0.423  |
| SEPL2_Ab        | 0.861  | 0.205  | 0.271  | 0.165  | F2_ratio_VA   | 0.126  | -0.682 | -0.458 | 0.358  |
| SEPL1_Amx       | 0.882  | 0.130  | 0.190  | 0.245  | F3_V_L        | 0.091  | -0.678 | -0.373 | 0.231  |
| SEPL2_Amx       | 0.887  | 0.125  | 0.205  | 0.199  | F3_ratio_VA   | 0.091  | -0.692 | -0.421 | 0.254  |
| SEPL1_HAmx      | 0.957  | -0.020 | 0.101  | -0.117 | F_EST_L       | 0.480  | 0.329  | -0.347 | 0.323  |
| SEPL2_HAmx      | 0.957  | -0.020 | 0.105  | -0.135 | F_CU_L        | 0.575  | 0.146  | -0.398 | 0.261  |
| SEPM1_Ab        | 0.901  | 0.068  | 0.171  | 0.147  | F_CU_A        | 0.743  | 0.473  | 0.267  | -0.025 |
| SEPM2_Ab        | 0.910  | 0.041  | 0.183  | 0.098  | F_ratio_CU    | -0.228 | -0.659 | -0.535 | 0.234  |
| SEPM1_Amx       | 0.908  | 0.055  | 0.124  | 0.210  | F_ACU_MY_L    | 0.568  | 0.454  | -0.318 | 0.200  |
| SEPM2_Amx       | 0.902  | 0.028  | 0.097  | 0.204  | F_ACU_MY_A    | 0.537  | 0.764  | 0.086  | -0.057 |
| SEPM1_HAmx      | 0.938  | -0.023 | 0.154  | -0.146 | F_ACU_MN_L    | 0.527  | 0.482  | -0.262 | 0.243  |
| SEPM2_HAmx      | 0.924  | -0.011 | 0.149  | -0.143 | F_ACU_MN_A    | 0.459  | 0.773  | 0.064  | -0.005 |
| PET1_L          | 0.886  | -0.353 | 0.212  | 0.025  | F_ACU_INT_L   | 0.177  | 0.546  | 0.300  | 0.685  |
| PET2_L          | 0.889  | -0.346 | 0.205  | 0.037  | F_ACU_INT_A   | 0.178  | 0.472  | 0.071  | 0.672  |
| PET3_L          | 0.892  | -0.347 | 0.210  | 0.018  | F_ACU_NAp     | 0.328  | 0.643  | -0.246 | 0.169  |
| PET4_L          | 0.900  | -0.334 | 0.199  | 0.058  | F_ACU_NPr     | -0.025 | 0.509  | 0.466  | -0.211 |
| PET1_Uñ_L       | 0.949  | -0.113 | 0.177  | -0.011 | F_ACU_B2-B3   | 0.284  | 0.419  | 0.552  | 0.048  |
| PET2_Uñ_L       | 0.953  | -0.127 | 0.164  | 0.002  | F_ACU_MY_NB   | 0.152  | 0.800  | 0.169  | -0.207 |
| PET3_Uñ_L       | 0.958  | -0.098 | 0.157  | -0.014 | F_ACU_MN_NB   | 0.083  | 0.902  | -0.019 | 0.129  |
| PET4_Uñ_L       | 0.959  | -0.115 | 0.153  | -0.014 | F_ACU_INT_NB  | -0.033 | 0.641  | 0.199  | 0.511  |
| PET1_Uñ_Ab      | 0.752  | -0.494 | 0.003  | -0.175 | F_ACU_BT      | 0.140  | 0.912  | 0.091  | 0.014  |
| PET2_Uñ_Ab      | 0.739  | -0.447 | 0.080  | -0.045 | F_ACU_ANG1    | 0.240  | 0.757  | -0.143 | -0.038 |
| PET3_Uñ_Ab      | 0.733  | -0.423 | 0.090  | -0.141 | F_ACU_ANG2    | 0.230  | 0.628  | 0.156  | 0.631  |
| PET4_Uñ_Ab      | 0.764  | -0.426 | 0.079  | -0.166 | F_ACU_ANG3    | 0.575  | 0.194  | 0.255  | 0.003  |
| PET1_Uñ_Aa      | 0.352  | -0.246 | 0.751  | -0.320 | SEM_P         | -0.504 | -0.617 | 0.031  | 0.046  |
| PET2_Uñ_Aa      | 0.351  | -0.248 | 0.736  | -0.310 | SEM_E         | 0.106  | -0.597 | 0.351  | -0.446 |
| PET3_Uñ_Aa      | 0.300  | -0.230 | 0.768  | -0.351 | SEM_Ala_GrMy  | -0.312 | -0.755 | 0.188  | 0.345  |
| PET4_Uñ_Aa      | 0.345  | -0.248 | 0.768  | -0.300 | SEM_Ala_GrMn  | -0.414 | -0.524 | 0.097  | 0.533  |
| PET1_Lim_Amx    | -0.424 | -0.083 | 0.661  | 0.332  | %SEM_F_T-Co   | 0.003  | 0.282  | -0.670 | 0.063  |
| PET2_Lim_Amx    | -0.296 | -0.165 | 0.731  | 0.282  | %SEM_F_Cu-Ci  | 0.588  | 0.396  | 0.252  | -0.387 |
| PET3_Lim_Amx    | -0.311 | -0.160 | 0.722  | 0.281  | %SEM_F_R-E    | -0.513 | -0.497 | 0.002  | 0.366  |
| PET4_Lim_Amx    | -0.283 | -0.163 | 0.747  | 0.276  | SEM_Ala_distr | -0.723 | -0.462 | 0.105  | 0.214  |
| RATIO_LIM       | 0.366  | -0.275 | -0.704 | -0.083 | Polen_P       | 0.199  | 0.417  | -0.246 | -0.378 |
| PET1_Lim_HAmx   | 0.413  | -0.669 | -0.066 | -0.350 | Polen_E       | 0.191  | 0.413  | -0.274 | -0.363 |
| PET2_Lim_HAmx   | 0.490  | -0.732 | 0.070  | -0.336 | AntL_ind_L    | 0.867  | -0.032 | -0.142 | 0.075  |
| PET3_Lim_HAmx   | 0.437  | -0.727 | 0.168  | -0.360 | AntL_ind_A    | 0.464  | -0.050 | -0.025 | 0.020  |
| PET4_Lim_HAmx   | 0.479  | -0.727 | 0.118  | -0.326 | AntM_ind_L    | 0.893  | -0.040 | -0.163 | 0.067  |
| ratio_Pet_Sep   | -0.912 | -0.184 | 0.159  | 0.018  | AntM_ind_A    | 0.399  | 0.159  | 0.089  | 0.137  |
| PET_Le          | 0.104  | 0.288  | -0.579 | -0.078 | N° Grs_AntL   | 0.875  | 0.103  | -0.073 | 0.111  |
| PET_Ca          | 0.239  | -0.348 | 0.445  | -0.107 | N° Grs_AntM   | 0.932  | 0.054  | -0.094 | 0.138  |
| PET_Hb          | -0.205 | -0.727 | 0.151  | 0.253  | N° Grs/ FI    | 0.921  | 0.071  | -0.088 | 0.130  |
| PET_Ha          | -0.267 | 0.593  | 0.125  | -0.015 | N° Ovus/FI    | 0.914  | -0.071 | -0.203 | 0.293  |
| PET_PI          | -0.292 | 0.630  | 0.074  | 0.219  | Ratio P/O     | 0.559  | 0.218  | 0.078  | -0.122 |
| PET_Ond         | -0.528 | -0.725 | 0.088  | 0.080  | Pap_L         | 0.797  | -0.407 | -0.120 | -0.188 |
| PET_Acan        | 0.666  | 0.395  | -0.220 | -0.039 | Pap_Bo-Bt     | 0.399  | -0.285 | -0.109 | -0.028 |
| PET_Rev         | 0.849  | 0.012  | 0.229  | -0.170 | Pap_T         | -0.181 | -0.459 | -0.037 | 0.625  |
| PET_Col_BI      | 0.140  | -0.691 | -0.026 | -0.105 | Pap_Y         | 0.100  | -0.597 | 0.177  | 0.395  |
| PET_Col_Vi      | -0.216 | 0.606  | 0.478  | 0.296  | Pap_P         | -0.244 | -0.594 | 0.194  | 0.589  |
| PET_Col_Rs      | 0.484  | -0.123 | -0.563 | -0.305 | Pap_U         | -0.205 | -0.727 | 0.151  | 0.253  |
|                 |        |        |        |        | Pap_D-Sd      | -0.287 | 0.446  | -0.072 | -0.250 |

Tabla 4.6b. ACP de macro y micro-caracteres 351x155 (137+18). Contribución de las variables a los factores. F1: INDIVIDUO (tallos), FLOR (apertura y diámetros; Sépalos, Pétalos lg y natur Ac-Re; ratio Pet/Sep, Androceo, Gineceo), SILICUA (estilo, cuernos, apéndices y ang-3), SEMILLAS (contorno ala, forma Cu-R), ANTERAS indehiscentes, RECURSOS del ANDROCEO y GINECEO (n° de granos, n° de óvulos), Ratio P/O y PAPILAS (lg y forma Bo). F2: INDIVIDUO (altura), HOJAS, FLOR (orificio, forma, posición Hb-Ha, naturaleza PI-On y color BI-Vi), SILICUA (pedúnculo, valvas, ratio Cu, apéndices, divisiones y áng-1&2), SEMILLAS (talla y grosor mayor ala), POLEN (diámetros) y PAPILAS (formas Y-D-P-U). F3: INDIVIDUO (diámetros y ramificación), FLOR (diámetros, ancho, posición Le-Ca, color Rs), SILICUA (n° bifurcaciones), SEMILLAS (forma T). F4: RACIMO, SILICUA (apéndice intermedio), SEMILLAS (ala grosor menor) y PAPILAS (formas T).



- En las *representaciones bidimensionales* (Figs.4.15), la *gráfica F1&F2* (59.43%) pone de manifiesto las agrupaciones ya descritas para el *fenograma* UPGMA en los que además de la posición distante de PG, para Gran Canaria se refleja la afinidad del complejo PF y poblaciones asociadas POVE y POA y la cercanía de PP y PFCH ambas más relacionadas al complejo PF y PP más cercana a PO aunque se mantiene aislada. En las islas occidentales se sigue reflejando el distanciamiento de PIA y PIG de su congénere PIT más relacionado a La Gomera (PS) y La Palma (PA). En la *gráfica F1&F3* (48.72%) el eje F3 dispersa el conjunto poblacional de PF en el que se distancia PFS y se acerca el complejo de poblaciones y taxones de las islas occidentales, donde se distancia PS de PIT y PA. Asimismo la asociación PFCH y PP se acerca a PO en el que también se distancia POM.

- En las *representaciones tridimensionales*, la *gráfica F1&F2&F3* (69.41%) el *eje F3* aleja a las poblaciones del complejo PF, también aleja a POM de las otras dos poblaciones de PO y a PSA de PIT que se mantiene cercana a PA y se acerca a las otras dos poblaciones de *P.intermedia*. El *eje F4* aleja de nuevo a las poblaciones de PI (PIT-PIG-PIA) y en menor grado a las poblaciones de *P.ornata* (Anexo 4.2).

#### 4.3.2. Nivel poblacional. Macro-Micro-caracteres. Análisis multivariante (144)

Los análisis multivariantes a nivel poblacional de las 144 variables (126 macro-caracteres depurados y 18 micro-caracteres) se muestran en las Figs.4.15 y Tablas 4.6, Tabla 4.15 resumen de Taxonomía Numérica y Anexo 4.2.

- *Fenogramas de distancias Euclídeas (144)*

El *fenograma UPGMA-144* ( $r=0.792$ ) se diferencia de los anteriores en que la unión PP-PFCH se separa de PO y se une al complejo PF, que muestra diferentes relaciones internas (PFS-PFA, POVE y POA-PFT) con respecto a los análisis anteriores.

- *MDS-NM (144)*

El análisis de *Proximidad-144* (MDS-NM) se resuelve con un índice de distorsión considerado casi perfecto (Stress:0.040), reforzando y justificando asimismo a los *fenogramas*. Su *gráfica* (Figs.4.15) también pone de manifiesto la posición aislada de PG del resto de los taxones y en Gran Canaria se observa la proximidad de las dos poblaciones sin adscripción taxonómica, POA y POVE al complejo PF y asimismo la aparente cercanía entre PFCH y PP al complejo PF. Por último se refuerza la estrecha relación entre los tres taxones de las islas occidentales con PS (La Gomera) más relacionada a PI (PIT) y a PA (La Palma).

- *ACP (144)*

Como en los *ACP* anteriores el análisis del conjunto que representa los 144 macro y micro-caracteres en el nivel de 351 UTOs se resuelve con 15 Factores (Tabla 4.6c y Fig.4.15). Los *valores propios*, similares al análisis de 155, alcanzan una varianza acumulada discriminadora de los cuatro primeros factores ligeramente inferior (74.79%).

|                        | F1            | F2            | F3            | F4            | F5     | F6     | F7     | F8     | F9     | F10    | F11    | F12    | F13    | F14    | F15     |
|------------------------|---------------|---------------|---------------|---------------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|---------|
| <b>Valores propios</b> | <b>55.625</b> | <b>31.223</b> | <b>12.002</b> | <b>8.847</b>  | 7.588  | 5.903  | 5.063  | 4.228  | 3.246  | 2.450  | 2.150  | 1.828  | 1.673  | 1.137  | 1.038   |
| <b>% varianza</b>      | <b>38.629</b> | <b>21.683</b> | <b>8.335</b>  | <b>6.144</b>  | 5.269  | 4.100  | 3.516  | 2.936  | 2.254  | 1.701  | 1.493  | 1.269  | 1.162  | 0.790  | 0.721   |
| <b>% Acumulado</b>     | <b>38.629</b> | <b>60.311</b> | <b>68.646</b> | <b>74.789</b> | 80.059 | 84.158 | 87.674 | 90.610 | 92.864 | 94.566 | 96.058 | 97.328 | 98.490 | 99.279 | 100.000 |

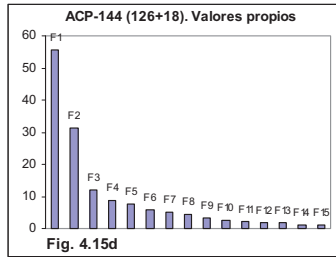
En el *ACP-144*, las variables asociadas más importantes a cada uno de los cuatro primeros factores se muestran en la Tabla 6d y representa los siguientes grupos de variables en cada eje o factor:

ACP- MACRO & MICRO-CARACTERES 351x144 (126+18)

| Variable        | F1     | F2     | F3     | F4     | Variable      | F1     | F2     | F3     | F4     |
|-----------------|--------|--------|--------|--------|---------------|--------|--------|--------|--------|
| IND_H           | 0.354  | -0.474 | -0.306 | -0.162 | ANTL1_L       | 0.976  | 0.013  | -0.028 | 0.099  |
| IND_D1          | -0.486 | -0.254 | 0.532  | -0.283 | ANTL2_L       | 0.977  | 0.006  | -0.041 | 0.087  |
| IND_d2          | -0.583 | -0.252 | 0.496  | -0.252 | ANTL1_Lc      | 0.953  | 0.019  | -0.001 | 0.099  |
| IND_H_rat       | 0.491  | -0.256 | -0.605 | 0.163  | ANTL2_Lc      | 0.957  | 0.016  | -0.009 | 0.064  |
| IND_N°Tb        | -0.592 | 0.022  | 0.457  | -0.097 | ANTM1_L       | 0.974  | -0.002 | -0.029 | 0.098  |
| H1_L            | 0.131  | -0.876 | -0.035 | -0.197 | ANTM2_L       | 0.970  | 0.019  | -0.038 | 0.073  |
| H2_L            | 0.149  | -0.780 | 0.059  | -0.258 | ANTM3_L       | 0.979  | -0.009 | -0.034 | 0.087  |
| H3_L            | 0.079  | -0.740 | 0.131  | -0.251 | ANTM4_L       | 0.976  | 0.011  | -0.033 | 0.096  |
| h4_L            | -0.015 | -0.662 | 0.123  | -0.234 | ANTM1_Lc      | 0.960  | 0.010  | -0.040 | 0.052  |
| h5_L            | -0.178 | -0.619 | 0.142  | -0.205 | ANTM2_Lc      | 0.955  | 0.048  | -0.033 | 0.046  |
| ratio_H1        | 0.223  | -0.648 | -0.535 | 0.066  | ANTM3_Lc      | 0.968  | 0.023  | -0.031 | 0.092  |
| ratio_H2        | 0.244  | -0.744 | -0.311 | -0.025 | ANTM4_Lc      | 0.961  | 0.047  | -0.040 | 0.085  |
| ratio_H3        | 0.236  | -0.800 | -0.268 | -0.070 | OV_L          | 0.692  | -0.501 | 0.175  | 0.194  |
| ratio_h4        | 0.151  | -0.793 | -0.196 | -0.132 | ETL_L         | 0.465  | 0.070  | 0.167  | -0.101 |
| ratio_h5        | -0.076 | -0.735 | -0.235 | -0.154 | ETG_L         | 0.811  | -0.264 | -0.042 | 0.268  |
| Ratio H1_h5_L/A | 0.168  | -0.746 | -0.377 | -0.125 | ETG_A         | 0.864  | -0.106 | -0.039 | 0.147  |
| FI_ANG SEP      | -0.909 | -0.228 | 0.150  | -0.148 | RAC_L         | -0.381 | 0.104  | 0.299  | 0.754  |
| FI_D1           | -0.612 | -0.386 | -0.157 | 0.030  | RAC_PED_L     | -0.265 | -0.230 | 0.390  | -0.076 |
| FI_d2           | -0.561 | -0.436 | -0.236 | 0.016  | F_PED_L       | 0.315  | -0.784 | 0.104  | 0.191  |
| FI_D1_Cuad      | -0.444 | -0.487 | 0.653  | 0.059  | F_ratio_VA    | 0.170  | -0.662 | 0.033  | 0.622  |
| FI_d2-Cuad      | -0.376 | -0.268 | 0.696  | 0.094  | F1_V_L        | 0.294  | -0.645 | -0.132 | 0.619  |
| FI_Or_d2        | -0.121 | -0.756 | 0.486  | -0.037 | F1_ratio_VA   | 0.273  | -0.693 | -0.153 | 0.557  |
| FI_ratio_Or     | -0.297 | -0.768 | -0.147 | -0.134 | F2_V_L        | 0.202  | -0.673 | -0.320 | 0.532  |
| SEPL1_L         | 0.967  | -0.055 | 0.151  | -0.097 | F2_ratio_VA   | 0.128  | -0.726 | -0.294 | 0.464  |
| SEPL2_L         | 0.968  | -0.054 | 0.144  | -0.099 | F3_V_L        | 0.089  | -0.710 | -0.252 | 0.316  |
| SEPM1_L         | 0.967  | -0.047 | 0.150  | -0.086 | F3_ratio_VA   | 0.090  | -0.729 | -0.294 | 0.352  |
| SEPM2_L         | 0.968  | -0.055 | 0.144  | -0.086 | F_EST_L       | 0.522  | 0.277  | -0.237 | 0.396  |
| SEPL1_Ab        | 0.833  | 0.206  | 0.369  | 0.079  | F_CU_L        | 0.602  | 0.093  | -0.342 | 0.390  |
| SEPL2_Ab        | 0.850  | 0.194  | 0.321  | 0.115  | F_CU_A        | 0.746  | 0.465  | 0.264  | -0.094 |
| SEPL1_Amx       | 0.869  | 0.113  | 0.250  | 0.219  | F_ratio_CU    | -0.223 | -0.693 | -0.436 | 0.373  |
| SEPL2_Amx       | 0.872  | 0.111  | 0.251  | 0.171  | F_ACU_MY_L    | 0.606  | 0.405  | -0.265 | 0.265  |
| SEPL1_HAmx      | 0.950  | -0.049 | 0.151  | -0.171 | F_ACU_MY_A    | 0.560  | 0.751  | 0.015  | -0.054 |
| SEPL2_HAmx      | 0.950  | -0.048 | 0.146  | -0.184 | F_ACU_MN_L    | 0.562  | 0.440  | -0.214 | 0.300  |
| SEPM1_Ab        | 0.891  | 0.047  | 0.241  | 0.111  | F_ACU_MN_A    | 0.483  | 0.760  | -0.004 | 0.014  |
| SEPM2_Ab        | 0.897  | 0.021  | 0.238  | 0.064  | F_ACU_INT_L   | 0.188  | 0.556  | 0.460  | 0.559  |
| SEPM1_Amx       | 0.898  | 0.031  | 0.198  | 0.191  | F_ACU_INT_A   | 0.199  | 0.464  | 0.245  | 0.587  |
| SEPM2_Amx       | 0.890  | 0.003  | 0.158  | 0.205  | F_ACU_NAp     | 0.373  | 0.606  | -0.225 | 0.221  |
| SEPM1_HAmx      | 0.927  | -0.047 | 0.191  | -0.209 | F_ACU_NPr     | -0.028 | 0.550  | 0.362  | -0.317 |
| SEPM2_HAmx      | 0.917  | -0.036 | 0.199  | -0.217 | F_ACU_B2-B3   | 0.269  | 0.456  | 0.517  | -0.081 |
| PET1_L          | 0.857  | -0.369 | 0.304  | -0.060 | F_ACU_MY_NB   | 0.176  | 0.810  | 0.042  | -0.225 |
| PET2_L          | 0.860  | -0.363 | 0.299  | -0.047 | F_ACU_MN_NB   | 0.127  | 0.892  | -0.032 | 0.117  |
| PET3_L          | 0.863  | -0.363 | 0.295  | -0.063 | F_ACU_INT_NB  | -0.011 | 0.652  | 0.291  | 0.446  |
| PET4_L          | 0.871  | -0.351 | 0.293  | -0.020 | F_ACU_BT      | 0.177  | 0.911  | 0.037  | -0.009 |
| PET1_Uñ_L       | 0.933  | -0.135 | 0.252  | -0.093 | F_ACU_ANG1    | 0.277  | 0.737  | -0.230 | 0.034  |
| PET2_Uñ_L       | 0.937  | -0.151 | 0.245  | -0.078 | F_ACU_ANG2    | 0.251  | 0.626  | 0.296  | 0.554  |
| PET3_Uñ_L       | 0.945  | -0.122 | 0.230  | -0.090 | F_ACU_ANG3    | 0.577  | 0.184  | 0.334  | -0.105 |
| PET4_Uñ_L       | 0.944  | -0.139 | 0.221  | -0.082 | SEM_P         | -0.528 | -0.594 | 0.062  | 0.038  |
| PET1_Uñ_Ab      | 0.720  | -0.514 | 0.001  | -0.171 | SEM_E         | 0.059  | -0.565 | 0.270  | -0.529 |
| PET2_Uñ_Ab      | 0.703  | -0.459 | 0.085  | -0.050 | SEM_Ala_GrMy  | -0.356 | -0.726 | 0.300  | 0.299  |
| PET3_Uñ_Ab      | 0.697  | -0.434 | 0.075  | -0.153 | SEM_Ala_GrMn  | -0.448 | -0.496 | 0.197  | 0.531  |
| PET4_Uñ_Ab      | 0.729  | -0.439 | 0.063  | -0.177 | %SEM_F_T-Co   | 0.066  | 0.219  | -0.630 | 0.250  |
| PET1_Lim_Amx    | -0.459 | -0.014 | 0.724  | 0.138  | %SEM_F_Cu-Ci  | 0.585  | 0.397  | 0.150  | -0.445 |
| PET2_Lim_Amx    | -0.346 | -0.090 | 0.752  | 0.101  | %SEM_F_R-E    | -0.534 | -0.477 | 0.094  | 0.350  |
| PET3_Lim_Amx    | -0.358 | -0.086 | 0.751  | 0.095  | SEM_Ala_distr | -0.746 | -0.424 | 0.141  | 0.181  |
| PET4_Lim_Amx    | -0.333 | -0.087 | 0.768  | 0.088  | Polen_P       | 0.223  | 0.391  | -0.362 | -0.322 |
| RATIO_LIM       | 0.402  | -0.355 | -0.592 | 0.030  | Polen_E       | 0.218  | 0.384  | -0.380 | -0.308 |
| PET1_Lim_HAmx   | 0.392  | -0.689 | -0.033 | -0.372 | AntL_ind_L    | 0.873  | -0.079 | -0.032 | 0.049  |
| PET2_Lim_HAmx   | 0.450  | -0.738 | 0.059  | -0.362 | AntL_ind_A    | 0.464  | -0.070 | 0.054  | -0.070 |
| PET3_Lim_HAmx   | 0.393  | -0.723 | 0.156  | -0.413 | AntM_ind_L    | 0.899  | -0.089 | -0.060 | 0.056  |
| PET4_Lim_HAmx   | 0.437  | -0.729 | 0.112  | -0.362 | AntM_ind_A    | 0.394  | 0.155  | 0.111  | 0.083  |
| ratio_Pet_Sep   | -0.932 | -0.133 | 0.098  | 0.001  | N° Grs_AntL   | 0.884  | 0.060  | 0.020  | 0.094  |
| PET_Le          | 0.164  | 0.227  | -0.519 | 0.008  | N° Grs_AntM   | 0.938  | 0.008  | 0.004  | 0.132  |
| PET_Ca          | 0.187  | -0.315 | 0.408  | -0.175 | N° Grs/ FI    | 0.929  | 0.026  | 0.010  | 0.120  |
| PET_Hb          | -0.246 | -0.706 | 0.257  | 0.209  | N° Ovus/FI    | 0.924  | -0.125 | -0.051 | 0.310  |
| PET_Ha          | -0.251 | 0.616  | 0.030  | -0.031 | Ratio P/O     | 0.558  | 0.204  | 0.048  | -0.144 |
| PET_PI          | -0.269 | 0.645  | 0.049  | 0.229  | Pap_L         | 0.787  | -0.446 | -0.058 | -0.194 |
| PET_Ond         | -0.568 | -0.692 | 0.098  | 0.078  | Pap_Bo-Bt     | 0.392  | -0.308 | -0.048 | -0.037 |
| PET_Acan        | 0.706  | 0.341  | -0.132 | -0.055 | Pap_T         | -0.195 | -0.457 | 0.159  | 0.578  |
| PET_Rev         | 0.832  | 0.002  | 0.206  | -0.203 | Pap_Y         | 0.071  | -0.588 | 0.364  | 0.279  |
| PET_Col_BI      | 0.102  | -0.689 | -0.043 | -0.078 | Pap_P         | -0.278 | -0.570 | 0.387  | 0.493  |
| PET_Col_Vi      | -0.213 | 0.648  | 0.491  | 0.189  | Pap_U         | -0.246 | -0.706 | 0.257  | 0.209  |
| PET_Col_Rs      | 0.515  | -0.191 | -0.542 | -0.199 | Pap_D-Sd      | -0.260 | 0.448  | -0.181 | -0.195 |

Tabla 4.6d. ACP de macro y micro-caracteres 351x144 (126+18). Contribución de las variables a los factores. F1: INDIVIDUO (diámetros y tallos), FLOR (apertura y diámetros; Sépalos; Pétalos lg, ancho, naturaleza Ac-Re; ratio Pet/Sep; Anteras dehiscentes, Gineceo), SILICUA (estilo, cuernos, lg apéndices y áng-3), SEMILLAS (contorno ala y forma Cu-R), Anteras indehiscentes, RECURSOS ANDROCEO Y GINECEO (n° de granos, n° de óvulos), Ratio P/O; PAPILAS (lg y forma Bo). F2: INDIVIDUO (altura), HOJAS, FLOR (orificio, Pétalos forma, posición Hb-Ha, naturaleza PI-On y color BI-Vi), SILICUA (pedúnculo, valvas; ratio Cu; apéndices ancho, divisiones y áng-1&2), SEMILLAS (talla y grosor ala), PAPILAS (formas Y-D-P-U). F3: INDIVIDUO (diámetros y ramas), FLOR (diámetros, Pétalos ancho, posición Le-Ca y color Rs), SILICUA (n° bifurcaciones de apéndices), SEMILLAS (formaT). F4: RACIMO, SILICUA (apéndices intermedios), SEMILLA (grosor menor del ala), PAPILAS (forma T).

**F1 (38.63%):** *INDIVIDUO*: diámetros y tallos basales, *FLOR*: apertura y diámetros, *Sépalos*, *Pétalos* (lg, ancho uña, naturaleza On-Ac-Re y color Rs), *ratio Pet/Sep*, *Androceo* (anteras dehiscentes), *Gineceo* (ovario, estilo y estigma), *SILICUA* (talla del estilo, cuernos, lg de apéndices y áng-3), *SEMILLAS* (contorno del ala y forma Cu-R), *Anteras indehiscentes*, *RECURSOS DEL ANDROCEO* (nº de granos), *Recursos del GINECEO* (nº de óvulos), *Ratio P/O* y *PAPILAS estigmáticas* (lg y forma Bo).



**F2 (21.68%):** *INDIVIDUO*: altura máxima, *HOJAS*, *Flor*: orificio, *Pétalos* (forma, posición Hb-Ha, naturaleza Pl-On y color BI-Vi del limbo), *Gineceo* (ovario), *SILICUA* ((talla del pedúnculo, valvas, *ratio* del cuerno, ancho, nº de divisiones y áng-1&2 de apéndices), *SEMILLAS* (talla y grosor del ala), *POLEN* (diámetros) y *PAPILAS* (formas T-Y-D-P-U).

**F3 (8.33%):** *INDIVIDUO*: diámetros y ramificaciones, *FLOR*: diámetros y orificio, *Pétalos* (ancho, posición Le-Ca y color Rs), *SILICUA* (nº bifurcaciones de apéndices), *SEMILLAS* (forma triangular).

**F4 (6.14%):** *RACIMO*, *SILICUA* (talla de valvas, apéndices intermedios y áng-2), *SEMILLA* (diámetro menor y grosor menor del ala), *PAPILAS* (forma T-Y-P).

- En las *representaciones bidimensionales*, la *gráfica F1&F2* (Figs.4.15) representa el 60.31% de la varianza acumulada y refuerzan las mismas asociaciones de poblaciones y taxones de los análisis anteriores (UPGMA y MDS-NM). Se observa un acercamiento de PP-PFCH al complejo PF y una mayor afinidad dentro del complejo PF. En la *gráfica F1&F3* (46.96% de la varianza total), el eje *F3* dispersa el conjunto poblacional de PF y acerca la asociación PFCH y PP al complejo PO en el que también se distancia POM como en el análisis anterior (ACP-155).

- En las *representaciones tridimensionales*, la *gráfica F1&F2&F3* (68.65%), el eje *F3* continúa alejando a las poblaciones del complejo PF y a POM del resto de PO (*P.ornata*). El eje *F4* continúa alejando a las poblaciones de *P.intermedia* y a PIT de PS y PA. (Anexo 4.2).

### 4.3.3. Macro y micro-caracteres. Análisis Discriminante (152 y 151)

El modelo de *AD* con 152 caracteres (137 macro y 15 micro) se resuelve y explica con 9 Factores (Tabla 4.7a y Fig.4.16a). Los valores propios en esta matriz superan en casi cinco veces los *AD* anteriores de macro-caracteres y el porcentaje de la varianza acumulada discriminatoria de los cuatro primeros factores sube alcanzando el 83.36%.

|                 | F1     | F2     | F3     | F4     | F5     | F6     | F7     | F8     | F9      |
|-----------------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|---------|
| Valores propios | 56.603 | 31.467 | 21.476 | 13.183 | 10.169 | 5.840  | 4.856  | 2.078  | 1.557   |
| % de varianza   | 38.445 | 21.373 | 14.587 | 8.954  | 6.907  | 3.967  | 3.298  | 1.412  | 1.058   |
| % Acumulado     | 38.445 | 59.818 | 74.405 | 83.359 | 90.266 | 94.233 | 97.531 | 98.942 | 100.000 |

En el *AD-152* los grupos de variables más importantes asociadas a cada uno de los cuatro primeros factores se muestran en la Tabla 4.7b y Tabla 4.16 Resumen de Factores y Caracteres asociados que señalan las siguientes asociaciones o grupos de variables:

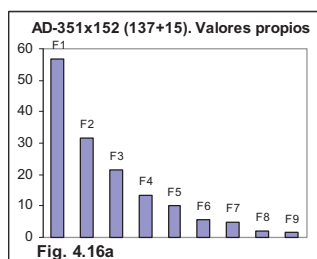
**F1 (38.45%):** *FLOR*: apertura, *Sépalos*, *Pétalos* (longitud, posición Hb y naturaleza On-Ac), *Ratio Pet/Sep*, *Androceo* (anteras dehiscentes), *Gineceo* (ancho del estigma), *SILICUA* (ancho de apéndice mayor), *Anteras indehiscentes*, *RECURSOS DEL ANDROCEO* (nº de granos), *RECURSOS DEL GINECEO* (nº de óvulos) y *PAPILAS ESTIGMÁTICAS* (lg y formas Bo-T).

| AD- MACRO & MICRO-CARACTERES 152 (137+15) |        |        |        |        |               |        |        |        |        |
|---|--------|--------|--------|--------|---------------|--------|--------|--------|--------|
| Variable                                  | F1     | F2     | F3     | F4     | Variable      | F1     | F2     | F3     | F4     |
| IND_H                                     | 0.115  | 0.304  | -0.183 | -0.177 | PET_Col_Rs    | 0.268  | 0.132  | -0.124 | 0.039  |
| IND_D1                                    | -0.194 | 0.275  | -0.260 | 0.149  | ESTL1_Fi_L    | 0.373  | 0.120  | 0.006  | -0.309 |
| IND_d2                                    | -0.279 | 0.316  | -0.188 | 0.174  | ESTL2_Fi_L    | 0.387  | 0.153  | 0.009  | -0.325 |
| IND_H_ra1                                 | 0.347  | 0.263  | -0.040 | 0.072  | ANTL1_L       | 0.815  | 0.070  | 0.031  | -0.234 |
| IND_N°Tb                                  | -0.250 | -0.004 | -0.007 | 0.094  | ANTL2_L       | 0.808  | 0.068  | 0.026  | -0.237 |
| H1_L                                      | -0.113 | 0.556  | -0.381 | -0.108 | ANTL1_Lc      | 0.787  | 0.085  | -0.011 | -0.183 |
| H2_L                                      | -0.059 | 0.519  | -0.536 | -0.156 | ANTL2_Lc      | 0.778  | 0.082  | -0.026 | -0.177 |
| H3_L                                      | -0.080 | 0.524  | -0.602 | -0.055 | ESTM1_Fi_L    | 0.253  | 0.163  | 0.017  | -0.299 |
| h4_L                                      | -0.148 | 0.430  | -0.660 | 0.034  | ESTM2_Fi_L    | 0.259  | 0.155  | 0.014  | -0.302 |
| h5_L                                      | -0.284 | 0.289  | -0.585 | 0.012  | ESTM3_Fi_L    | 0.284  | 0.147  | 0.014  | -0.310 |
| ratio_H1                                  | -0.001 | 0.395  | -0.187 | -0.092 | ESTM4_Fi_L    | 0.286  | 0.159  | 0.024  | -0.302 |
| ratio_H2                                  | -0.051 | 0.383  | -0.216 | -0.231 | ANTM1_L       | 0.816  | 0.097  | 0.024  | -0.229 |
| ratio_H3                                  | 0.020  | 0.460  | -0.350 | -0.039 | ANTM2_L       | 0.818  | 0.086  | 0.035  | -0.216 |
| ratio_h4                                  | -0.044 | 0.461  | -0.404 | -0.045 | ANTM3_L       | 0.817  | 0.094  | 0.012  | -0.240 |
| ratio_h5                                  | -0.191 | 0.313  | -0.481 | 0.032  | ANTM4_L       | 0.818  | 0.093  | 0.043  | -0.228 |
| Ratio H1_h5_L/A                           | -0.031 | 0.508  | -0.303 | -0.095 | ANTM1_Lc      | 0.837  | 0.102  | -0.007 | -0.190 |
| FL_ANG_SEP                                | -0.645 | 0.192  | 0.000  | 0.166  | ANTM2_Lc      | 0.836  | 0.084  | 0.005  | -0.170 |
| FL_D1                                     | -0.326 | 0.187  | -0.019 | 0.074  | ANTM3_Lc      | 0.821  | 0.093  | 0.011  | -0.203 |
| FL_d2                                     | -0.303 | 0.192  | -0.027 | 0.053  | ANTM4_Lc      | 0.838  | 0.079  | 0.016  | -0.181 |
| FL_D1-Cuad                                | -0.340 | 0.259  | -0.129 | 0.019  | OV_L          | 0.221  | 0.291  | -0.107 | -0.279 |
| FL_d2-Cuad                                | -0.233 | 0.122  | -0.178 | -0.008 | ETL_L         | 0.184  | 0.045  | 0.024  | 0.014  |
| FL_Or_D1                                  | -0.284 | 0.373  | -0.118 | -0.060 | ETG_L         | 0.294  | 0.137  | 0.063  | -0.190 |
| FL_Or_d2                                  | -0.210 | 0.387  | -0.217 | -0.048 | ETG_A         | 0.359  | 0.025  | -0.011 | -0.192 |
| FL_ratio_Or                               | -0.228 | 0.207  | -0.182 | 0.026  | RAC_L         | -0.306 | -0.043 | 0.172  | 0.045  |
| SEPL1_L                                   | 0.726  | 0.110  | 0.068  | -0.344 | RAC_PED_L     | -0.067 | 0.109  | 0.057  | -0.003 |
| SEPL2_L                                   | 0.726  | 0.106  | 0.066  | -0.344 | F_PED_L       | -0.047 | 0.397  | 0.079  | -0.203 |
| SEPM1_L                                   | 0.728  | 0.114  | 0.074  | -0.338 | F_ratio_VA    | -0.021 | 0.359  | -0.024 | 0.001  |
| SEPM2_L                                   | 0.724  | 0.114  | 0.069  | -0.343 | F1_V_L        | 0.023  | 0.587  | 0.036  | -0.091 |
| SEPL1_Ab                                  | 0.516  | -0.064 | 0.134  | -0.344 | F1_ratio_VA   | 0.025  | 0.567  | -0.026 | -0.066 |
| SEPL2_Ab                                  | 0.534  | -0.055 | 0.160  | -0.354 | F2_V_L        | -0.034 | 0.693  | 0.005  | 0.019  |
| SEPL1_Amxa                                | 0.528  | 0.008  | 0.185  | -0.320 | F2_ratio_VA   | -0.071 | 0.651  | -0.070 | 0.054  |
| SEPL2_Amxa                                | 0.528  | -0.009 | 0.149  | -0.333 | F3_V_L        | -0.058 | 0.366  | -0.145 | 0.031  |
| SEPL1_HAmx                                | 0.690  | 0.117  | -0.013 | -0.272 | F3_ratio_VA   | -0.073 | 0.390  | -0.110 | 0.025  |
| SEPL2_HAmx                                | 0.683  | 0.109  | -0.007 | -0.301 | F_EST_L       | 0.288  | -0.035 | 0.137  | 0.083  |
| SEPM1_Ab                                  | 0.558  | 0.042  | 0.120  | -0.392 | F_CU_L        | 0.198  | -0.014 | -0.057 | -0.013 |
| SEPM2_Ab                                  | 0.547  | 0.045  | 0.110  | -0.412 | F_CU_A        | 0.250  | -0.138 | 0.032  | -0.136 |
| SEPM1_Amxa                                | 0.555  | 0.055  | 0.079  | -0.314 | F_ratio_CU    | -0.171 | 0.264  | -0.025 | 0.092  |
| SEPM2_Amxa                                | 0.544  | 0.052  | 0.128  | -0.378 | F_ACU_MY_L    | 0.246  | -0.214 | 0.022  | -0.107 |
| SEPM1_HAmx                                | 0.649  | 0.131  | 0.026  | -0.287 | F_ACU_MY_A    | 0.417  | -0.396 | 0.041  | -0.096 |
| SEPM2_HAmx                                | 0.673  | 0.133  | -0.022 | -0.242 | F_ACU_MN_L    | 0.197  | -0.231 | 0.053  | -0.123 |
| PET1_L                                    | 0.398  | 0.237  | -0.037 | -0.334 | F_ACU_MN_A    | 0.353  | -0.434 | 0.092  | -0.125 |
| PET2_L                                    | 0.400  | 0.232  | -0.035 | -0.337 | F_ACU_INT_L   | 0.097  | -0.161 | 0.138  | -0.023 |
| PET3_L                                    | 0.408  | 0.234  | -0.040 | -0.335 | F_ACU_INT_A   | 0.083  | -0.124 | 0.111  | 0.003  |
| PET4_L                                    | 0.420  | 0.233  | -0.016 | -0.342 | F_ACU_NAp     | 0.235  | -0.342 | -0.022 | -0.005 |
| PET1_Uñ_L                                 | 0.597  | 0.179  | -0.059 | -0.257 | F_ACU_NPr     | 0.170  | -0.080 | -0.100 | 0.067  |
| PET2_Uñ_L                                 | 0.597  | 0.186  | -0.057 | -0.255 | F_ACU_B2-B3   | 0.201  | -0.021 | -0.050 | -0.003 |
| PET3_Uñ_L                                 | 0.598  | 0.165  | -0.063 | -0.246 | F_ACU_MY_NB   | 0.262  | -0.288 | -0.081 | 0.074  |
| PET4_Uñ_L                                 | 0.593  | 0.175  | -0.063 | -0.253 | F_ACU_MN_NB   | 0.244  | -0.493 | 0.016  | 0.069  |
| PET1_Uñ_Ab                                | 0.223  | 0.221  | -0.139 | -0.268 | F_ACU_INT_NB  | 0.067  | -0.194 | 0.168  | -0.020 |
| PET2_Uñ_Ab                                | 0.199  | 0.223  | -0.080 | -0.334 | F_ACU_BT      | 0.316  | -0.454 | 0.003  | 0.058  |
| PET3_Uñ_Ab                                | 0.206  | 0.179  | -0.123 | -0.260 | F_ACU_ANG1    | 0.291  | -0.483 | 0.052  | 0.031  |
| PET4_Uñ_Ab                                | 0.220  | 0.194  | -0.100 | -0.274 | F_ACU_ANG2    | 0.111  | -0.174 | 0.163  | -0.050 |
| PET1_Uñ_Aa                                | 0.080  | 0.199  | -0.028 | -0.193 | F_ACU_ANG3    | 0.093  | -0.031 | 0.037  | -0.050 |
| PET2_Uñ_Aa                                | 0.082  | 0.181  | -0.073 | -0.193 | SEM_P         | -0.337 | 0.267  | -0.149 | 0.102  |
| PET3_Uñ_Aa                                | 0.083  | 0.205  | -0.058 | -0.164 | SEM_E         | 0.002  | 0.268  | -0.263 | -0.064 |
| PET4_Uñ_Aa                                | 0.073  | 0.192  | -0.033 | -0.177 | SEM_Ala_GrMy  | -0.408 | 0.481  | 0.159  | -0.038 |
| PET1_Lim_Amx                              | -0.309 | 0.109  | -0.124 | 0.098  | SEM_Ala_GrMn  | -0.307 | 0.247  | 0.184  | 0.002  |
| PET2_Lim_Amx                              | -0.322 | 0.088  | -0.121 | -0.069 | SEM_F_T-Co    | 0.084  | -0.015 | 0.053  | 0.062  |
| PET3_Lim_Amx                              | -0.330 | 0.098  | -0.122 | -0.045 | SEM_F_Cu-Ci   | 0.252  | -0.069 | -0.022 | -0.067 |
| PET4_Lim_Amx                              | -0.326 | 0.085  | -0.112 | -0.071 | SEM_F_R-E     | -0.330 | 0.122  | -0.035 | 0.034  |
| RATIO_LIM                                 | 0.175  | 0.058  | -0.010 | -0.147 | SEM_Ala_distr | -0.264 | 0.092  | -0.044 | 0.078  |
| PET1_Lim_HAmx                             | 0.122  | 0.330  | -0.089 | -0.026 | Polen_P       | 0.207  | -0.342 | 0.002  | 0.084  |
| PET2_Lim_HAmx                             | 0.090  | 0.328  | -0.155 | -0.118 | Polen_E       | 0.203  | -0.345 | -0.024 | 0.088  |
| PET3_Lim_HAmx                             | 0.084  | 0.323  | -0.160 | -0.139 | AntL_ind_L    | 0.685  | 0.119  | -0.048 | -0.287 |
| PET4_Lim_HAmx                             | 0.092  | 0.339  | -0.148 | -0.100 | AntL_ind_A    | 0.134  | -0.039 | -0.125 | -0.100 |
| ratio_Pet_Sep                             | -0.759 | 0.051  | -0.052 | 0.202  | AntM_ind_L    | 0.687  | 0.137  | -0.006 | -0.310 |
| PET_Le                                    | 0.171  | -0.123 | -0.134 | 0.094  | AntM_ind_A    | 0.102  | -0.077 | -0.079 | -0.037 |
| PET_Ca                                    | -0.034 | 0.182  | 0.148  | -0.216 | N° Grs_AntM   | 0.608  | -0.068 | 0.104  | -0.357 |
| PET_Hb                                    | -0.449 | 0.652  | 0.285  | -0.075 | N° Grs/ FI    | 0.618  | -0.083 | 0.133  | -0.362 |
| PET_Ha                                    | 0.041  | -0.389 | -0.155 | 0.189  | N° Ovus/FI    | 0.535  | 0.149  | 0.096  | -0.211 |
| PET_PI                                    | 0.062  | -0.216 | 0.063  | 0.186  | Ratio P/O     | 0.125  | -0.160 | 0.039  | -0.169 |
| PET_Ond                                   | -0.678 | 0.441  | 0.015  | -0.081 | Pap_L         | 0.481  | 0.348  | -0.065 | -0.280 |
| PET_Acan                                  | 0.436  | -0.162 | -0.022 | -0.004 | Pap_Bo-Bt     | 0.456  | 0.347  | 0.207  | -0.224 |
| PET_Rev                                   | 0.298  | 0.028  | -0.004 | -0.196 | Pap_T         | -0.413 | 0.442  | 0.335  | 0.120  |
| PET_Col_BI                                | -0.245 | 0.228  | -0.015 | -0.332 | Pap_Y         | -0.076 | 0.784  | 0.235  | 0.096  |
| PET_Col_Vi                                | 0.107  | -0.231 | 0.147  | 0.136  | Pap_D-Sd      | -0.036 | -0.486 | -0.348 | 0.392  |

Tabla 4.7b. Análisis Discriminante de macro & micro-caracteres 152 (137+15). Contribución de las variables a los factores. F1: FLOR (apertura; Sépalos; Pétalos lg y naturaleza On-Ac; Ratio Pet/Sep; Anteras dehiscentes; ancho estigma), SILICUA (ancho apéndice mayor), Anteras indehiscentes, RECURSOS del ANDROCEO y GINECEO (n° de granos, n° de óvulos) y PAPILAS (lg y forma Bo). F2: INDIVIDUO (altura y diámetros), HOJAS (lg H1 y ratios H1-h4), FLOR (orificio, Pétalos forma y posición Hb-Ha), SILICUA (pedúnculo; valvas; apéndices ancho, divisiones y áng-1), SEMILLAS (grosor mayor ala), POLEN (diámetros), PAPILAS (formas T-Y-D). F3: HOJAS (lg H2-h5, ratio H5). F4: FLOR (Pétalos ancho uña, color BI; ovario).



**F2 (21.37%): INDIVIDUO:** altura máxima y diámetros, **HOJAS** (lg H1 y ratios H1-h4), **FLOR:** orificio, **Pétalos** (forma y posición Hb-Ha), **SILICUA** (talla del pedúnculo, valvas, ancho, divisiones y áng-1 apéndices), **SEMILLAS** (grosor mayor del ala), **POLEN** (diámetros) y **PAPILAS ESTIGMÁTICAS** (formas Bo-T-Y-D).



**F3 (14.59%): HOJAS** (lg H2-h5, ratio H5) y **PAPILAS T-D.**

**F4 (8.95%): PÉTALOS** (ancho uña, color BI del limbo), **GINECEO** (ovario) y **PAPILAS D.**

- En la gráfica **F1&F2** (59.82% de la varianza acumulada) se observa a PG fuertemente discriminada del resto de los taxones, algunos de los cuales, como PP y PO, también se discriminan del resto que queda sin discriminar. En el complejo PF se puede diferenciar POA y POVE y se discrimina PFCH

que se relaciona con los taxones de las otras islas *P.intermedia* y *P.aridanae* (Fig.4.16)

Sin embargo en la gráfica **F1&F3** (53.03%) el eje **F3** además de mantener la discriminación de PP y PO discrimina a PA, POA, PFCH y POVE que se separan de PF. En la gráfica **F1&F4** (47.70%) el eje **F4** vuelve a discriminar fuertemente a PFCH del resto de los taxones (Figs.4.16).

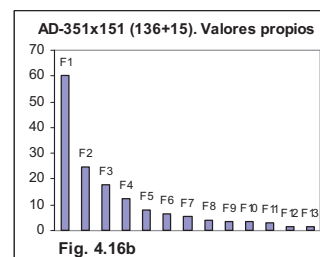
#### 4.3.3.1. Macro y micro-caracteres sin PG ni PA. Análisis Discriminante (151)

Al quitar PG y PA como grupos ya diferenciados, en las matrices de 307 UTOs los caracteres se reducen a 151 (ya que no se admite la variable de pétalo horizontal bajo exclusiva de PG) y también se resuelve mejor que el anterior con solo 7 Factores (Tabla 4.7c y Figs.4.16). Los valores propios son más bajos que en el AD-152, pero sin embargo la varianza acumulada de los cuatro primeros factores explica el 86.12% de la varianza discriminatoria.

|                 | F1     | F2     | F3     | F4     | F5     | F6     | F7      |
|-----------------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|---------|
| Valores propios | 45.515 | 25.944 | 16.218 | 9.349  | 7.882  | 5.233  | 2.523   |
| % de varianza   | 40.399 | 23.027 | 14.395 | 8.298  | 6.996  | 4.644  | 2.240   |
| % Acumulado     | 40.399 | 63.426 | 77.821 | 86.120 | 93.116 | 97.760 | 100.000 |

En el **AD-151** sin PG & PA (Tabla 4.7d) se señalan las siguientes asociaciones o grupos de variables en cada factor o eje:

**F1 (40.40%): INDIVIDUO:** altura máxima y ramificaciones, **FLOR:** apertura, **Sépalos** (longitud, forma), **Pétalos** (longitud), **Ratio Pet/Sep**, **Androceo** (anteras dehiscentes), **Anteras indehiscentes** y **RECURSOS DEL ANDROCEO** (nº granos), **RECURSOS DEL GINECEO** (nº de óvulos) y **PAPILAS ESTIGMÁTICAS** (lg y forma Bo-Y).



**F2 (23.03%): INDIVIDUO:** diámetros, **HOJAS**, **FLOR:** orificio, **Pétalos** (naturaleza On-Ac), **SILICUA** (talla de valvas, ancho y nº divisiones de apéndices) y **SEMILLAS** (diámetros).

**F3 (14.39%): SÉPALOS** (ancho), **PÉTALOS** (color BI del limbo), **RECURSOS DEL ANDROCEO** (nº de granos) y **PAPILAS T-D.**

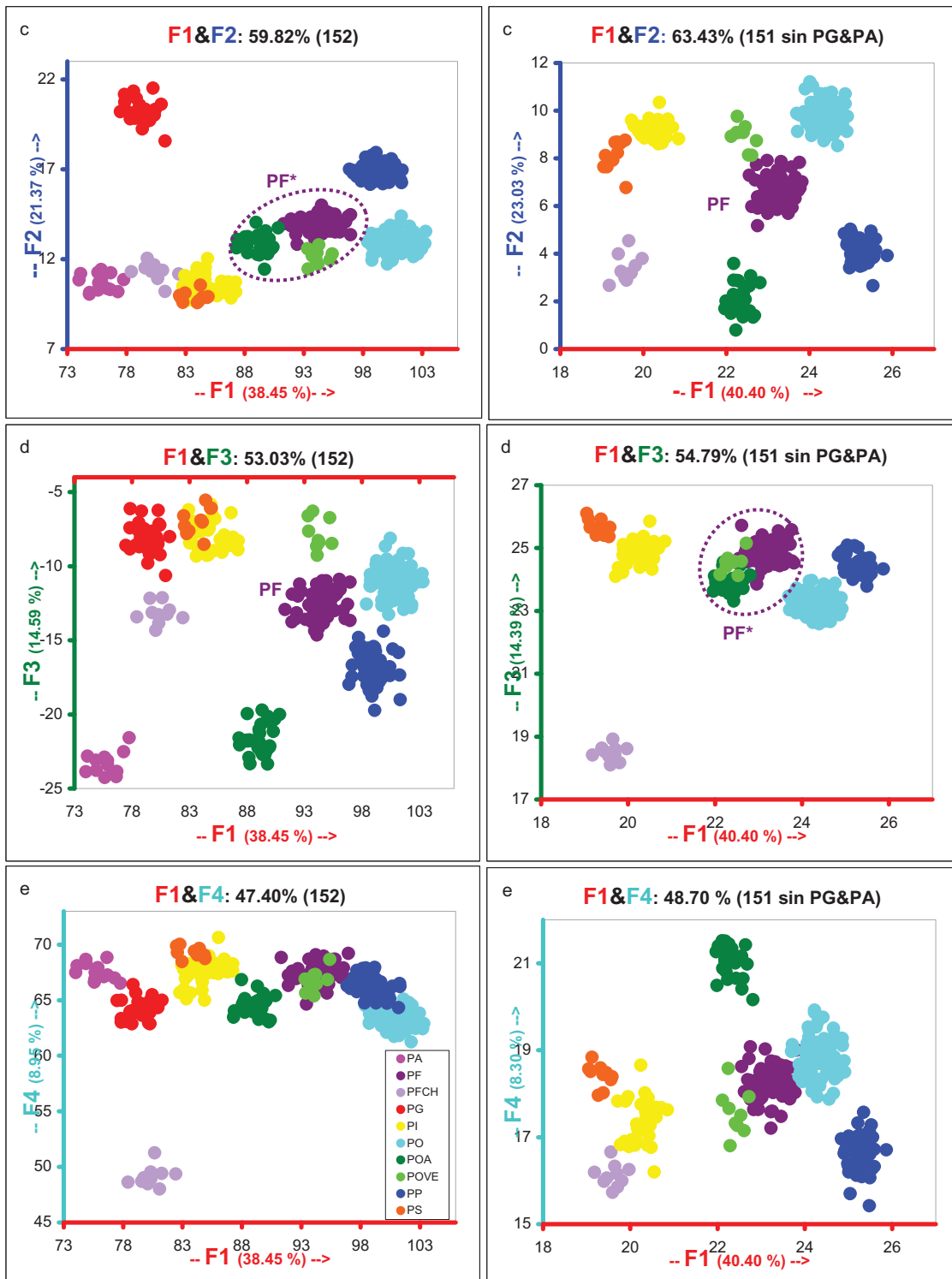
**F4 (8.30%): PÉTALOS** (ancho del limbo), **SILICUA** (valvas), **POLEN** (diámetros) y **PAPILAS Y.**

**AD - MACRO & MICRO-CARACTERES sin PG&PA 307x151 (136+15)**

| Variable        | F1     | F2     | F3     | F4     | Variable      | F1     | F2     | F3     | F4     |
|-----------------|--------|--------|--------|--------|---------------|--------|--------|--------|--------|
| IND_H           | 0.530  | -0.001 | -0.259 | 0.026  | ESTL1_Fi_L    | 0.309  | -0.020 | -0.316 | -0.102 |
| IND_D1          | 0.116  | -0.303 | 0.169  | -0.091 | ESTL2_Fi_L    | 0.336  | -0.027 | -0.330 | -0.102 |
| IND_d2          | 0.024  | -0.334 | 0.232  | -0.090 | ANTL1_L       | 0.719  | 0.210  | -0.295 | -0.053 |
| IND_H_ra1       | 0.422  | -0.052 | 0.085  | -0.219 | ANTL2_L       | 0.710  | 0.205  | -0.298 | -0.030 |
| IND_N°Tb        | -0.229 | -0.079 | 0.127  | 0.149  | ANTL1_Lc      | 0.715  | 0.172  | -0.234 | -0.046 |
| H1_L            | 0.311  | -0.588 | -0.053 | 0.083  | ANTL2_Lc      | 0.720  | 0.175  | -0.232 | -0.048 |
| H2_L            | 0.365  | -0.636 | -0.115 | 0.223  | ESTM1_Fi_L    | 0.250  | -0.025 | -0.297 | -0.035 |
| H3_L            | 0.361  | -0.695 | -0.009 | 0.183  | ESTM2_Fi_L    | 0.258  | -0.015 | -0.303 | -0.044 |
| h4_L            | 0.291  | -0.707 | 0.067  | 0.227  | ESTM3_Fi_L    | 0.265  | -0.018 | -0.313 | -0.043 |
| h5_L            | 0.101  | -0.641 | 0.033  | 0.300  | ESTM4_Fi_L    | 0.272  | -0.012 | -0.303 | -0.022 |
| ratio_H1        | 0.158  | -0.483 | -0.017 | -0.283 | ANTM1_L       | 0.742  | 0.221  | -0.289 | -0.051 |
| ratio_H2        | 0.134  | -0.478 | -0.165 | -0.175 | ANTM2_L       | 0.737  | 0.233  | -0.276 | -0.047 |
| ratio_H3        | 0.270  | -0.558 | 0.030  | -0.142 | ANTM3_L       | 0.746  | 0.212  | -0.303 | -0.064 |
| ratio_h4        | 0.224  | -0.632 | 0.030  | -0.077 | ANTM4_L       | 0.735  | 0.230  | -0.287 | -0.071 |
| ratio_h5        | 0.074  | -0.640 | 0.089  | 0.109  | ANTM1_Lc      | 0.774  | 0.201  | -0.247 | -0.071 |
| Ratio H1_h5_L/A | 0.167  | -0.693 | 0.016  | -0.177 | ANTM2_Lc      | 0.764  | 0.217  | -0.226 | -0.062 |
| FI_ANG SEP      | -0.455 | -0.228 | 0.267  | 0.021  | ANTM3_Lc      | 0.754  | 0.221  | -0.263 | -0.098 |
| FI_D1           | -0.150 | -0.164 | 0.115  | 0.060  | ANTM4_Lc      | 0.761  | 0.225  | -0.240 | -0.099 |
| FI_d2           | -0.113 | -0.158 | 0.085  | -0.015 | OV_L          | 0.287  | -0.232 | -0.250 | 0.028  |
| FI_D1-Cuad      | -0.121 | -0.324 | 0.071  | 0.008  | ETL_L         | 0.202  | 0.100  | -0.005 | -0.041 |
| FI_d2-Cuad      | -0.085 | -0.277 | 0.012  | -0.118 | ETG_L         | 0.257  | 0.031  | -0.184 | 0.016  |
| FI_Or_D1        | -0.011 | -0.381 | -0.005 | -0.192 | ETG_A         | 0.231  | -0.023 | -0.193 | 0.050  |
| FI_Or_d2        | 0.103  | -0.398 | -0.005 | -0.058 | RAC_L         | -0.255 | 0.220  | 0.032  | 0.030  |
| FI_ratio_Or     | -0.010 | -0.281 | 0.054  | 0.036  | RAC_PED_L     | 0.027  | 0.058  | 0.001  | 0.087  |
| SEPL1_L         | 0.645  | 0.239  | -0.398 | -0.045 | F_PED_L       | 0.122  | -0.171 | -0.158 | -0.022 |
| SEPL2_L         | 0.644  | 0.241  | -0.399 | -0.042 | F_ratio_VA    | 0.160  | -0.213 | 0.056  | -0.217 |
| SEPM1_L         | 0.649  | 0.245  | -0.392 | -0.059 | F1_V_L        | 0.295  | -0.275 | -0.010 | -0.320 |
| SEPM2_L         | 0.648  | 0.245  | -0.397 | -0.052 | F1_ratio_VA   | 0.288  | -0.332 | 0.016  | -0.304 |
| SEPL1_Ab        | 0.371  | 0.323  | -0.411 | -0.070 | F2_V_L        | 0.357  | -0.346 | 0.127  | -0.291 |
| SEPL2_Ab        | 0.391  | 0.353  | -0.423 | -0.094 | F2_ratio_VA   | 0.283  | -0.433 | 0.165  | -0.294 |
| SEPL1_Amxa      | 0.381  | 0.291  | -0.365 | -0.200 | F3_V_L        | 0.144  | -0.376 | 0.093  | -0.266 |
| SEPL2_Amxa      | 0.376  | 0.266  | -0.381 | -0.157 | F3_ratio_VA   | 0.144  | -0.350 | 0.090  | -0.246 |
| SEPL1_HAmx      | 0.631  | 0.153  | -0.317 | -0.027 | F_EST_L       | 0.241  | 0.281  | 0.049  | -0.215 |
| SEPL2_HAmx      | 0.620  | 0.162  | -0.348 | -0.042 | F_CU_L        | 0.135  | -0.044 | -0.018 | -0.182 |
| SEPM1_Ab        | 0.459  | 0.275  | -0.448 | -0.082 | F_CU_A        | 0.125  | 0.161  | -0.171 | 0.000  |
| SEPM2_Ab        | 0.455  | 0.260  | -0.470 | -0.069 | F_ratio_CU    | -0.003 | -0.209 | 0.155  | -0.088 |
| SEPM1_Amxa      | 0.448  | 0.183  | -0.356 | -0.173 | F_ACU_MY_L    | 0.061  | 0.135  | -0.143 | -0.072 |
| SEPM2_Amxa      | 0.414  | 0.203  | -0.424 | -0.151 | F_ACU_MY_A    | 0.110  | 0.303  | -0.183 | -0.070 |
| SEPM1_HAmx      | 0.595  | 0.179  | -0.326 | -0.021 | F_ACU_MN_L    | 0.010  | 0.159  | -0.158 | -0.044 |
| SEPM2_HAmx      | 0.632  | 0.154  | -0.282 | -0.014 | F_ACU_MN_A    | 0.019  | 0.345  | -0.214 | -0.055 |
| PET1_L          | 0.442  | -0.004 | -0.339 | -0.007 | F_ACU_INT_L   | -0.015 | 0.243  | -0.053 | -0.001 |
| PET2_L          | 0.437  | -0.002 | -0.341 | -0.010 | F_ACU_INT_A   | -0.015 | 0.178  | -0.016 | 0.008  |
| PET3_L          | 0.448  | -0.008 | -0.341 | -0.011 | F_ACU_NAp     | 0.006  | 0.165  | -0.061 | -0.115 |
| PET4_L          | 0.447  | 0.009  | -0.348 | -0.008 | F_ACU_NPr     | 0.152  | 0.018  | 0.032  | -0.211 |
| PET1_Uñ_L       | 0.583  | 0.051  | -0.281 | -0.089 | F_ACU_B2-B3   | 0.187  | 0.044  | -0.034 | -0.249 |
| PET2_Uñ_L       | 0.583  | 0.048  | -0.277 | -0.079 | F_ACU_MY_NB   | 0.076  | 0.088  | 0.030  | -0.200 |
| PET3_Uñ_L       | 0.580  | 0.055  | -0.273 | -0.097 | F_ACU_MN_NB   | -0.061 | 0.334  | -0.010 | -0.027 |
| PET4_Uñ_L       | 0.574  | 0.037  | -0.276 | -0.104 | F_ACU_INT_NB  | -0.074 | 0.243  | -0.047 | -0.014 |
| PET1_Uñ_Ab      | 0.250  | -0.263 | -0.240 | 0.019  | F_ACU_BT      | 0.028  | 0.307  | -0.020 | -0.136 |
| PET2_Uñ_Ab      | 0.224  | -0.223 | -0.312 | -0.059 | F_ACU_ANG1    | -0.125 | 0.233  | -0.013 | -0.098 |
| PET3_Uñ_Ab      | 0.212  | -0.236 | -0.237 | 0.038  | F_ACU_ANG2    | -0.028 | 0.250  | -0.077 | 0.004  |
| PET4_Uñ_Ab      | 0.231  | -0.209 | -0.250 | -0.017 | F_ACU_ANG3    | 0.065  | 0.099  | -0.064 | 0.049  |
| PET1_Uñ_Aa      | 0.167  | -0.117 | -0.185 | -0.215 | SEM_P         | -0.060 | -0.298 | 0.149  | -0.071 |
| PET2_Uñ_Aa      | 0.166  | -0.155 | -0.187 | -0.212 | SEM_E         | 0.158  | -0.399 | -0.026 | -0.169 |
| PET3_Uñ_Aa      | 0.185  | -0.132 | -0.156 | -0.195 | SEM_Ala_GrMy  | -0.105 | -0.155 | 0.043  | -0.117 |
| PET4_Uñ_Aa      | 0.154  | -0.122 | -0.164 | -0.194 | SEM_Ala_GrMn  | -0.174 | -0.022 | 0.059  | -0.100 |
| PET1_Lim_Amx    | -0.102 | -0.167 | 0.103  | -0.267 | SEM_F_T-Co    | 0.047  | 0.066  | 0.060  | -0.081 |
| PET2_Lim_Amx    | -0.152 | -0.212 | -0.069 | -0.308 | SEM_F_Cu-Ci   | 0.142  | 0.038  | -0.082 | -0.014 |
| PET3_Lim_Amx    | -0.136 | -0.191 | -0.048 | -0.297 | SEM_F_R-E     | -0.173 | -0.131 | 0.059  | 0.065  |
| PET4_Lim_Amx    | -0.155 | -0.198 | -0.071 | -0.295 | SEM_Ala_distr | -0.154 | -0.152 | 0.105  | 0.002  |
| RATIO_LIM       | 0.202  | 0.105  | -0.161 | 0.336  | Polen_P       | -0.023 | 0.205  | 0.047  | 0.294  |
| PET1_Lim_HAmx   | 0.284  | -0.171 | 0.009  | 0.041  | Polen_E       | -0.018 | 0.192  | 0.049  | 0.302  |
| PET2_Lim_HAmx   | 0.252  | -0.265 | -0.082 | -0.057 | AntL_ind_L    | 0.658  | 0.179  | -0.340 | 0.085  |
| PET3_Lim_HAmx   | 0.250  | -0.273 | -0.106 | -0.050 | AntL_ind_A    | 0.143  | -0.028 | -0.136 | 0.087  |
| PET4_Lim_HAmx   | 0.255  | -0.280 | -0.059 | -0.025 | AntM_ind_L    | 0.653  | 0.192  | -0.357 | 0.064  |
| ratio_Pet_Sep   | -0.667 | -0.362 | 0.300  | 0.149  | AntM_ind_A    | 0.055  | -0.025 | -0.055 | -0.062 |
| PET_Le          | 0.164  | 0.069  | 0.047  | 0.037  | N° Grs_AntM   | 0.416  | 0.274  | -0.422 | 0.055  |
| PET_Ca          | 0.049  | 0.072  | -0.211 | 0.017  | N° Grs/ FI    | 0.418  | 0.326  | -0.430 | 0.061  |
| PET_Ha          | -0.255 | -0.135 | 0.198  | -0.025 | N° Ovus/FI    | 0.474  | 0.156  | -0.227 | -0.125 |
| PET_PI          | -0.135 | 0.071  | 0.183  | -0.051 | Ratio P/O     | -0.007 | 0.120  | -0.195 | 0.094  |
| PET_Ond         | -0.402 | -0.453 | -0.007 | -0.077 | Pap_L         | 0.563  | -0.088 | -0.270 | 0.017  |
| PET_Acan        | 0.307  | 0.247  | -0.062 | 0.147  | Pap_Bo-Bt     | 0.361  | -0.168 | -0.153 | 0.162  |
| PET_Rev         | 0.249  | 0.063  | -0.213 | -0.108 | Pap_T         | -0.197 | 0.046  | 0.256  | -0.088 |
| PET_Col_BI      | -0.131 | -0.265 | -0.301 | 0.095  | Pap_Y         | 0.434  | -0.076 | 0.247  | -0.353 |
| PET_Col_Vi      | -0.043 | 0.273  | 0.094  | -0.245 | Pap_D-Sd      | -0.032 | 0.176  | 0.374  | 0.046  |
| PET_Col_Rs      | 0.322  | -0.048 | 0.034  | 0.130  |               |        |        |        |        |

**Tabla 4.7d. Análisis Discriminante de macro & micro-caracteres sin PG&PA 307x151 (136+15). Contribución de las variables a los factores (Factor loadings). F1: INDIVIDUO (altura y ramificaciones), FLOR (apertura; Sépalos lg, forma; Pétalos (lg); *Ratio* Pet/Sep; Anteras dehiscentes, Anteras indehiscentes y RECURSOS del GINECEO (n° de óvulos) y PAPILAS (lg y forma Bo-Y). F2: INDIVIDUO (diámetros), HOJAS, FLOR (orificio, Pétalos naturaleza On-Ac), SILICUA (valvas, apéndices ancho y n° divisiones), SEMILLAS (diámetros). F3: SÉPALOS (ancho), PÉTALOS (color BI), RECURSOS del ANDROCEO (n° de granos) y PAPILAS T-D. F4: HOJAS, PÉTALOS (ancho), SILICUA (valvas), POLEN (diámetros).**

**ANÁLISIS DISCRIMINANTE MACRO & MICRO-CARACTERES: 152 (137+15) y 151 (136+15)**



**Figura 4.16.- Análisis Discriminante de macro & micro-caracteres 152 (137+15) y 151 (136+15). Gráficas de factores y variables (351-307 UTOs).** En el análisis 152 los ejes  $F1$  &  $F2$  discriminan fuertemente a PG y también a PP y PO, en el complejo PF se diferencian POA y POVE y se discrimina PFCH que se relaciona con los taxones de las otras islas; en la gráfica  $F1$  &  $F3$  además de PP y PO se discriminan PA, POA, PFCH y POVE; el eje  $F4$  sólo discrimina a PFCH. En el análisis 151 sin PG&PA los ejes  $F1$  &  $F2$  discriminan a todos los taxones y mantienen a PF relacionada con POVE; el eje  $F3$  discrimina a PFCH del resto de taxones y el eje  $F4$  discrimina fuertemente a PP y POA.

- En la gráfica *F1&F2* (63.43%) se discriminan en posición aislada POA, PFCH, PP y PO del resto de los taxones y poblaciones, de los cuales PI y PS también se discriminan, PF se mantiene relacionada con POVE. En la gráfica *F1&F3* (54.79) PFCH se discrimina en posición aislada del resto de los taxones, de los cuales PP, PO, PI y PS también están discriminados, las poblaciones sin adscripción POA y POVE se mantienen estrechamente relacionadas con PF. La gráfica *F1& F4* (48.70%) vuelve a discriminar fuertemente a PP y POA, también se sigue discriminando *P. schizogynoides* (Figs.4.16).

#### 4.3.4. Nivel poblacional. Macro-Micro-caracteres. Análisis multivariante (152 y 151)

Los valores poblacionales (16 UTOs) del nivel individuo dan resultados similares a los anteriores apartados con solo macro-caracteres, aunque con algunas diferencias que se observan de manera especial en los *fenogramas* y que como en los análisis anteriores también se explican y quedan reforzados por los resultados de los análisis de ordenación MDS-NM y ACP (Figs.4.16, Tabla 4.15 resumen de Taxonomía Numérica y Anexo 4.2)

En todos ellos se sigue reflejando la posición aislada de PG respecto al resto de los taxones, en los que se sigue poniendo de manifiesto la independencia de las islas occidentales donde siempre hay una mayor afinidad entre Teno, La Gomera y La Palma (PIT-PS, PA) que se separan de las otras dos poblaciones de Tenerife (PIG-PIA).

En Gran Canaria, se diferencia *P. ornata* (PO) a veces acompañada lejanamente por la asociación PP-PFCH y el complejo PF integrado por *P. filifolia* y las otras dos poblaciones sin adscripción (PFS, PFA-POA y PFT-POVE).

- *Fenogramas de distancias Euclideas* (152)

El *fenograma* UPGMA-152 ( $r=0.757$ ), es idéntico al UPGMA-155 aunque con peor resolución ( $r$ ), el complejo PF se resuelve con las mismas agrupaciones estrechas (PFA-POA, PFT y PFS-POVE) y como en *fenogramas* UPGMA-137 y 136 de macro-caracteres, la agrupación PFCH-PP acompaña a PO (Fig.4.16).

- *MDS-NM* (152)

El análisis de Proximidad (MDS-NM) realizado por el método Ordinal I se resuelve con un índice de distorsión considerado casi perfecto (Stress:0.043) reforzando y justificando a los *fenogramas* 155 y 152. Su gráfica *tridimensional* pone de manifiesto la posición aislada de PG del resto de los taxones y se refuerza la estrecha relación entre los tres taxones de las islas occidentales, con PS (La Gomera) más relacionada a PI (PIT) y a PA (La Palma). En Gran Canaria se observa la cercanía entre PFCH y PP, con PFCH más cercana al complejo PF y PP a PO. Asimismo se observa la estrecha afinidad de las dos poblaciones sin adscripción taxonómica, POA y POVE al complejo PF (Figs.4.16).

- *ACP* (152)

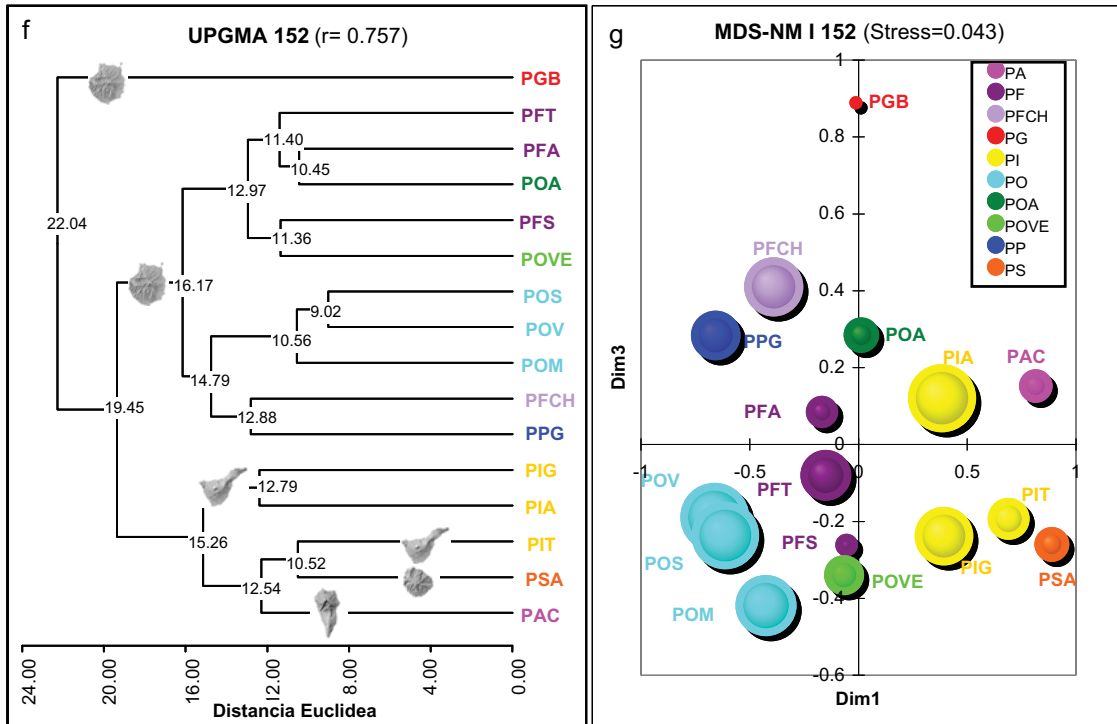
Los análisis de ACP en el conjunto de datos que representa los 152 macro y micro-caracteres se resuelven con 15 FACTORES (Tabla 4.7e y Figs.4.16).

| Tabla 4.7e. ACP-351x152 (137+15). Valores propios y porcentaje de varianza |               |               |               |               |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |         |
|--|---------------|---------------|---------------|---------------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|---------|
|  | F1            | F2            | F3            | F4            | F5     | F6     | F7     | F8     | F9     | F10    | F11    | F12    | F13    | F14    | F15     |
| <b>Valores propios</b>   | <b>59.185</b> | <b>31.215</b> | <b>15.408</b> | <b>9.063</b>  | 7.281  | 6.226  | 5.048  | 4.508  | 3.443  | 2.442  | 2.292  | 1.917  | 1.735  | 1.181  | 1.057   |
| <b>% varianza</b>  | <b>38.937</b> | <b>20.536</b> | <b>10.137</b> | <b>5.962</b>  | 4.790  | 4.096  | 3.321  | 2.966  | 2.265  | 1.607  | 1.508  | 1.261  | 1.142  | 0.777  | 0.695   |
| <b>% Acumulado</b>   | <b>38.937</b> | <b>59.474</b> | <b>69.610</b> | <b>75.573</b> | 80.363 | 84.459 | 87.780 | 90.746 | 93.010 | 94.617 | 96.125 | 97.386 | 98.527 | 99.305 | 100.000 |

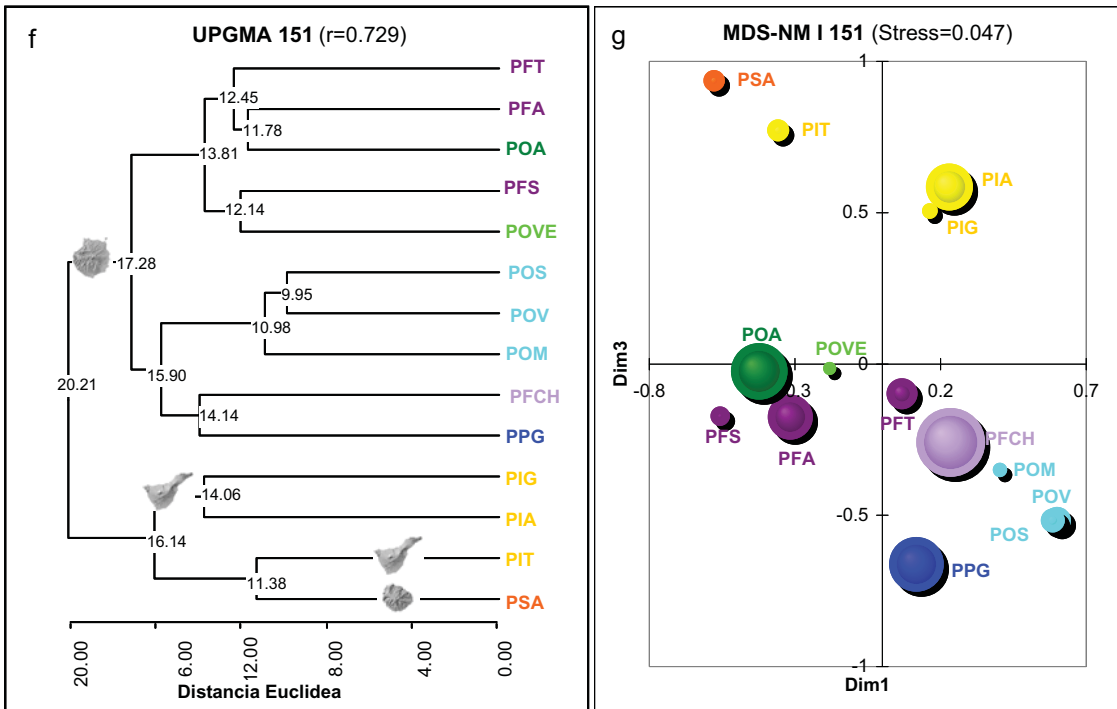
Los *valores propios* así como la varianza acumulada de los cuatro primeros factores en la matriz de 152 (75.57%), son similares a los de las matrices de 155 y 144 variables (75.50 y 74.79%).



**TAXONOMÍA NUMÉRICA MACRO & MICRO-CARACTERES: 152 (137+15)**



**TAXONOMÍA NUMÉRICA MACRO & MICRO-CARACTERES: 151 (136+15) sin PG&PA**



**Figura 4.16.-** Taxonomía Numérica de macro & micro-caracteres 152 (137+15) y 151 (136+15). Análisis poblacional (16 y 14 UTOs). Fenogramas y MDS-NM. Se observa la posición aislada de *P.glabriuscula* (PG) como *outgroup*. Como en el UPGMA-137 y 136 un cluster reúne las poblaciones de las islas occidentales y otro el resto de taxones de Gran Canaria donde el complejo PF se resuelve con las mismas agrupaciones (PFA-POA, PFT y PFS-POVE) y la asociación PFCH-PP acompaña a PO. El MDS-NM pone de manifiesto las mismas agrupaciones descritas.

ACP- MACRO & MICRO-CARACTERES 351x152 (137+15)

| Variable        | F1     | F2     | F3     | F4     | Variable      | F1     | F2     | F3     | F4     |
|-----------------|--------|--------|--------|--------|---------------|--------|--------|--------|--------|
| IND_H           | 0.350  | -0.432 | -0.342 | -0.227 | PET_Col_Rs    | 0.487  | -0.124 | -0.562 | -0.355 |
| IND_D1          | -0.447 | -0.312 | 0.512  | -0.053 | ESTL1_Fi_L    | 0.893  | -0.125 | 0.325  | 0.071  |
| IND_d2          | -0.540 | -0.314 | 0.498  | -0.067 | ESTL2_Fi_L    | 0.899  | -0.170 | 0.266  | 0.118  |
| IND_H_ra1       | 0.459  | -0.183 | -0.677 | -0.019 | ANTL1_L       | 0.966  | 0.076  | -0.134 | 0.097  |
| IND_N°Tb        | -0.570 | -0.030 | 0.420  | 0.075  | ANTL2_L       | 0.967  | 0.069  | -0.143 | 0.080  |
| H1_L            | 0.166  | -0.869 | -0.101 | -0.104 | ANTL1_Lc      | 0.942  | 0.081  | -0.119 | 0.114  |
| H2_L            | 0.182  | -0.779 | -0.013 | -0.102 | ANTL2_Lc      | 0.946  | 0.078  | -0.123 | 0.081  |
| H3_L            | 0.113  | -0.747 | 0.052  | -0.057 | ESTM1_Fi_L    | 0.779  | -0.205 | 0.500  | -0.018 |
| h4_L            | 0.014  | -0.672 | 0.038  | -0.025 | ESTM2_Fi_L    | 0.797  | -0.199 | 0.482  | -0.007 |
| h5_L            | -0.148 | -0.638 | 0.065  | 0.001  | ESTM3_Fi_L    | 0.831  | -0.189 | 0.447  | 0.018  |
| ratio_H1        | 0.226  | -0.617 | -0.521 | -0.053 | ESTM4_Fi_L    | 0.841  | -0.211 | 0.419  | 0.002  |
| ratio_H2        | 0.266  | -0.727 | -0.302 | -0.056 | ANTM1_L       | 0.963  | 0.064  | -0.145 | 0.090  |
| ratio_H3        | 0.258  | -0.783 | -0.295 | -0.042 | ANTM2_L       | 0.959  | 0.084  | -0.141 | 0.060  |
| ratio_h4        | 0.179  | -0.788 | -0.203 | -0.071 | ANTM3_L       | 0.968  | 0.057  | -0.148 | 0.083  |
| ratio_h5        | -0.056 | -0.738 | -0.247 | -0.071 | ANTM4_L       | 0.965  | 0.076  | -0.142 | 0.083  |
| Ratio H1_h5_L/A | 0.193  | -0.735 | -0.322 | -0.178 | ANTM1_Lc      | 0.946  | 0.075  | -0.156 | 0.053  |
| FI_ANG SEP      | -0.880 | -0.288 | 0.225  | -0.134 | ANTM2_Lc      | 0.940  | 0.112  | -0.139 | 0.042  |
| FI_D1           | -0.598 | -0.401 | -0.143 | -0.091 | ANTM3_Lc      | 0.954  | 0.088  | -0.150 | 0.089  |
| FI_d2           | -0.552 | -0.445 | -0.218 | -0.110 | ANTM4_Lc      | 0.946  | 0.112  | -0.154 | 0.078  |
| FI_D1_Cuad      | -0.379 | -0.548 | 0.585  | 0.293  | OV_L          | 0.729  | -0.468 | 0.052  | 0.267  |
| FI_d2-Cuad      | -0.322 | -0.337 | 0.643  | 0.381  | ETL_L         | 0.467  | 0.090  | 0.124  | -0.063 |
| FI_Or_D1        | -0.184 | -0.688 | 0.571  | 0.167  | ETG_L         | 0.824  | -0.209 | -0.146 | 0.227  |
| FI_Or_d2        | -0.057 | -0.790 | 0.385  | 0.196  | ETG_A         | 0.872  | -0.057 | -0.108 | 0.145  |
| FI_ratio_Or     | -0.271 | -0.781 | -0.168 | -0.056 | RAC_L         | -0.388 | 0.107  | 0.059  | 0.821  |
| SEPL1_L         | 0.977  | -0.010 | 0.096  | -0.070 | RAC_PED_L     | -0.243 | -0.245 | 0.294  | -0.013 |
| SEPL2_L         | 0.977  | -0.009 | 0.090  | -0.073 | F_PED_L       | 0.363  | -0.759 | -0.017 | 0.185  |
| SEPM1_L         | 0.976  | -0.002 | 0.094  | -0.062 | F_ratio_VA    | 0.190  | -0.628 | -0.204 | 0.647  |
| SEPM2_L         | 0.976  | -0.009 | 0.086  | -0.063 | F1_V_L        | 0.306  | -0.594 | -0.356 | 0.576  |
| SEPL1_Ab        | 0.846  | 0.233  | 0.313  | 0.131  | F1_ratio_VA   | 0.286  | -0.646 | -0.360 | 0.517  |
| SEPL2_Ab        | 0.860  | 0.226  | 0.260  | 0.147  | F2_V_L        | 0.206  | -0.616 | -0.507 | 0.408  |
| SEPL1_Amx       | 0.881  | 0.150  | 0.180  | 0.244  | F2_ratio_VA   | 0.136  | -0.680 | -0.456 | 0.364  |
| SEPL2_Amx       | 0.886  | 0.144  | 0.197  | 0.202  | F3_V_L        | 0.099  | -0.686 | -0.363 | 0.293  |
| SEPL1_HAmx      | 0.958  | -0.006 | 0.099  | -0.133 | F3_ratio_VA   | 0.100  | -0.698 | -0.414 | 0.297  |
| SEPL2_HAmx      | 0.958  | -0.006 | 0.104  | -0.150 | F_EST_L       | 0.477  | 0.341  | -0.362 | 0.304  |
| SEPM1_Ab        | 0.902  | 0.089  | 0.162  | 0.125  | F_CU_L        | 0.572  | 0.142  | -0.400 | 0.325  |
| SEPM2_Ab        | 0.911  | 0.060  | 0.175  | 0.080  | F_CU_A        | 0.736  | 0.483  | 0.261  | -0.015 |
| SEPM1_Amx       | 0.907  | 0.072  | 0.117  | 0.216  | F_ratio_CU    | -0.219 | -0.663 | -0.531 | 0.228  |
| SEPM2_Amx       | 0.901  | 0.045  | 0.090  | 0.202  | F_ACU_MY_L    | 0.559  | 0.453  | -0.324 | 0.235  |
| SEPM1_HAmx      | 0.939  | -0.007 | 0.151  | -0.174 | F_ACU_MY_A    | 0.527  | 0.766  | 0.079  | -0.032 |
| SEPM2_HAmx      | 0.926  | 0.004  | 0.147  | -0.165 | F_ACU_MN_L    | 0.517  | 0.483  | -0.270 | 0.273  |
| PET1_L          | 0.890  | -0.338 | 0.214  | 0.034  | F_ACU_MN_A    | 0.447  | 0.774  | 0.056  | 0.019  |
| PET2_L          | 0.893  | -0.331 | 0.207  | 0.046  | F_ACU_INT_L   | 0.172  | 0.568  | 0.276  | 0.673  |
| PET3_L          | 0.896  | -0.332 | 0.212  | 0.029  | F_ACU_INT_A   | 0.171  | 0.488  | 0.052  | 0.679  |
| PET4_L          | 0.904  | -0.318 | 0.200  | 0.065  | F_ACU_NAp     | 0.316  | 0.635  | -0.250 | 0.237  |
| PET1_Uñ_L       | 0.951  | -0.099 | 0.176  | -0.002 | F_ACU_NPr     | -0.029 | 0.508  | 0.465  | -0.188 |
| PET2_Uñ_L       | 0.955  | -0.113 | 0.163  | 0.010  | F_ACU_B2-B3   | 0.282  | 0.429  | 0.546  | 0.081  |
| PET3_Uñ_L       | 0.960  | -0.084 | 0.156  | -0.003 | F_ACU_MY_NB   | 0.141  | 0.790  | 0.168  | -0.150 |
| PET4_Uñ_L       | 0.961  | -0.102 | 0.153  | -0.001 | F_ACU_MN_NB   | 0.070  | 0.898  | -0.029 | 0.165  |
| PET1_Uñ_Ab      | 0.759  | -0.491 | 0.013  | -0.145 | F_ACU_INT_NB  | -0.040 | 0.655  | 0.178  | 0.475  |
| PET2_Uñ_Ab      | 0.746  | -0.440 | 0.087  | -0.010 | F_ACU_BT      | 0.128  | 0.908  | 0.083  | 0.048  |
| PET3_Uñ_Ab      | 0.740  | -0.418 | 0.098  | -0.105 | F_ACU_ANG1    | 0.227  | 0.746  | -0.146 | 0.011  |
| PET4_Uñ_Ab      | 0.770  | -0.421 | 0.088  | -0.134 | F_ACU_ANG2    | 0.223  | 0.649  | 0.132  | 0.595  |
| PET1_Uñ_Aa      | 0.358  | -0.237 | 0.760  | -0.299 | F_ACU_ANG3    | 0.572  | 0.211  | 0.247  | -0.040 |
| PET2_Uñ_Aa      | 0.356  | -0.242 | 0.746  | -0.273 | SEM_P         | -0.495 | -0.624 | 0.042  | 0.089  |
| PET3_Uñ_Aa      | 0.305  | -0.222 | 0.777  | -0.326 | SEM_E         | 0.114  | -0.610 | 0.374  | -0.368 |
| PET4_Uñ_Aa      | 0.351  | -0.239 | 0.777  | -0.270 | SEM_Ala_GrMy  | -0.300 | -0.739 | 0.185  | 0.300  |
| PET1_Lim_Amx    | -0.421 | -0.080 | 0.661  | 0.397  | SEM_Ala_GrMn  | -0.405 | -0.507 | 0.088  | 0.494  |
| PET2_Lim_Amx    | -0.294 | -0.162 | 0.735  | 0.370  | %SEM_F_T-Co   | -0.004 | 0.272  | -0.673 | 0.052  |
| PET3_Lim_Amx    | -0.308 | -0.157 | 0.726  | 0.364  | %SEM_F_Cu-Ci  | 0.583  | 0.400  | 0.252  | -0.405 |
| PET4_Lim_Amx    | -0.280 | -0.160 | 0.752  | 0.363  | %SEM_F_R-E    | -0.506 | -0.496 | 0.003  | 0.389  |
| RATIO_LIM       | 0.366  | -0.277 | -0.702 | -0.127 | SEM_Ala_distr | -0.717 | -0.471 | 0.113  | 0.257  |
| PET1_Lim_HAmx   | 0.423  | -0.665 | -0.056 | -0.387 | Polen_P       | 0.191  | 0.411  | -0.245 | -0.386 |
| PET2_Lim_HAmx   | 0.499  | -0.732 | 0.085  | -0.317 | Polen_E       | 0.183  | 0.405  | -0.273 | -0.363 |
| PET3_Lim_HAmx   | 0.446  | -0.727 | 0.185  | -0.343 | AntL_ind_L    | 0.866  | -0.018 | -0.148 | 0.063  |
| PET4_Lim_HAmx   | 0.489  | -0.726 | 0.133  | -0.318 | AntL_ind_A    | 0.463  | -0.047 | -0.023 | 0.068  |
| ratio_Pet_Sep   | -0.909 | -0.193 | 0.164  | 0.022  | AntM_ind_L    | 0.893  | -0.025 | -0.169 | 0.048  |
| PET_Le          | 0.097  | 0.275  | -0.577 | -0.056 | AntM_ind_A    | 0.397  | 0.164  | 0.086  | 0.195  |
| PET_Ca          | 0.247  | -0.327 | 0.441  | -0.186 | N° Grs_AntM   | 0.929  | 0.066  | -0.099 | 0.135  |
| PET_Hb          | -0.193 | -0.706 | 0.145  | 0.171  | N° Grs/FI     | 0.918  | 0.084  | -0.093 | 0.126  |
| PET_Ha          | -0.276 | 0.576  | 0.128  | 0.060  | N° Ovus/FI    | 0.916  | -0.054 | -0.213 | 0.276  |
| PET_PI          | -0.297 | 0.631  | 0.060  | 0.193  | Ratio P/O     | 0.551  | 0.220  | 0.080  | -0.099 |
| PET_Ond         | -0.518 | -0.726 | 0.096  | 0.083  | Pap_L         | 0.802  | -0.399 | -0.115 | -0.211 |
| PET_Acan        | 0.659  | 0.401  | -0.227 | -0.055 | Pap_Bo-Bt     | 0.403  | -0.279 | -0.108 | -0.062 |
| PET_Rev         | 0.850  | 0.022  | 0.230  | -0.160 | Pap_T         | -0.174 | -0.447 | -0.045 | 0.629  |
| PET_Col_BI      | 0.145  | -0.696 | -0.010 | -0.059 | Pap_Y         | 0.109  | -0.578 | 0.172  | 0.371  |
| PET_Col_VI      | -0.221 | 0.616  | 0.464  | 0.289  | Pap_D-Sd      | -0.293 | 0.433  | -0.070 | -0.228 |

Tabla 4.7f. ACP de macro & micro-caracteres 351x152 (137+15). Contribución de las variables a los factores. F1: INDIVIDUO (diámetro y tallos), FLOR (apertura y diámetros; Sépalos; Pétalos lg, y naturaleza Ac-Re); ratio Pet/Sep; Androceo; Gineceo), SILICUA (estilo; cuernos; apéndices lg y áng-3); SEMILLAS (contorno del ala y forma Cu-R), Anteras indehiscentes, RECURSOS del ANDROCEO y GINECEO (nº de granos, nº de óvulos), Ratio P/O y PAPILAS (lg y forma Bo). F2: INDIVIDUO (altura), HOJAS, FLOR (orificio; Pétalos forma, posición Hb-Ha, naturaleza Pl-On, color BI-Vj), SILICUA (pedúnculo, valvas, ratio Cu, ancho, nº de divisiones y áng-1&2 de apéndices), SEMILLAS (talla y grosor del ala), POLEN (diámetros) y PAPILAS T-Y-D. F3: INDIVIDUO (diámetros y ramificaciones), FLOR (diámetros y orificio; Pétalos ancho, posición Le-Ca y color Rs), SILICUA (nº bifurcaciones), SEMILLAS (FORMA T). F4: RACIMO, SILICUA (valvas, apéndices interm y áng-2), SEMILLAS (diámetro menor y ala), PAPILAS T-Y.

Las variables asociadas más importantes a cada uno de los cuatro primeros factores se muestran en la Tabla de contribución de las variables (4.7f) y representa los siguientes grupos de variables en cada eje o factor:

**F1 (38.94%): INDIVIDUO:** diámetro menor y tallos basales, **FLOR:** apertura y diámetros, **Sépalos**, **Pétalos** (lg, ancho y naturaleza On-Ac-Re), **ratio Pet/Sep**, **Androceo** (estambres), **Gineceo** (ovario, estilo y estigma), **SILICUA** (talla del estilo, cuernos, apéndices y áng-3), **SEMILLAS** (contorno del ala y forma Cu-R), **Anteras indehiscentes RECURSOS DEL ANDROCEO** (nº de granos); **RECURSOS DEL GINECEO** (nº de óvulos), **Ratio P/O** y **PAPILAS** (lg y forma Bo).

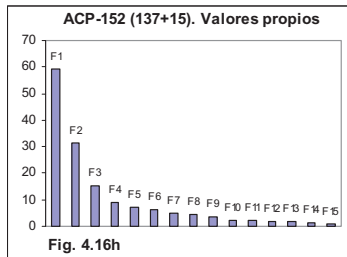


Fig. 4.16h

**F2 (20.54%): INDIVIDUO:** altura máxima, **HOJAS**, **FLOR:** orificio, **Pétalos** (forma, posición Hb-Ha, naturaleza PI-On, color BI-Vi del limbo), **SILICUA** (talla del pedúnculo, valvas, ratio del cuerno, ancho, nº de divisiones y áng-1&2 de apéndices), **SEMILLAS** (talla y grosor del ala), **POLEN** (diámetros) y **PAPILAS T-Y-D**.

**F3 (10.14%): INDIVIDUO:** diámetros y ramificaciones, **FLOR:** diámetros y orificio, **Pétalos** (ancho, posición Le-Ca y color Rs), **SILICUA** (nº de bifurcaciones), **SEMILLAS** triangulares.

**F4 (5.96%): RACIMO**, **SILICUA** (talla de valvas y apéndices y áng-2), **SEMILLAS** (diámetro menor y grosor menor del ala), **PAPILAS T-Y**.

Al depurar caracteres respecto al ACP-155, el modelo de ACP-152 baja ligeramente los valores propios y aumenta ligeramente la varianza acumulada de los cuatro primeros factores. En ambas matrices las variables se sitúan en los mismos factores. No hay diferencias destacables entre estos dos análisis (Figs.4.15 y Figs.4.16):

- En las representaciones bidimensionales, la gráfica F1&F2 (59.47%) se pone de manifiesto las agrupaciones ya descritas para el fenograma UPGMA en los que para Gran Canaria se refleja la afinidad del complejo PF y poblaciones asociadas POVE y POA y además la cercanía de PP y PFCH donde PFCH se encuentra más relacionada al complejo PF y PP más cercana a PO aunque aislada. En las islas occidentales se sigue reflejando el distanciamiento de PIA y PIG de su congénere PIT más relacionado a La Gomera (PS) y La Palma (PA). En la gráfica F1&F3, el eje F3 dispersa el conjunto poblacional de PF, como en el análisis anterior de 155 caracteres y acerca la asociación PFCH y PP al complejo PO en el que también se distancia POM (Figs.4.16).

- En las representaciones tridimensionales, la gráfica F1&F2&F3 (69.61%) el eje F3 distancia a las poblaciones que componen el complejo PF (PFS-PFA-PFT) y también a POA y POVE de este último; también se observa un distanciamiento ligero de POM de sus poblaciones co-específicas (POS-POV). En la gráfica F1&F2&F4 (65.44%) el eje F4 acentúa la separación de las poblaciones de PI (Anexo 4.2).

#### 4.3.4.1. Nivel poblacional sin PG ni PA. Análisis multivariante (151)

Los valores poblacionales (14 UTOs) sin PG ni PA dan resultados similares a los anteriores apartados aunque con algunas diferencias que se observan de manera especial en los fenogramas que se refuerzan de forma complementaria por los resultados de los análisis de ordenación (MDS-NM y ACP).

- Fenogramas de distancias Euclidea (151)

Las medias poblacionales del fenograma UPGMA-151 sin PG&PA (r=0.729) reproduce (Figs.4.16) exactamente los fenogramas UPGMA-155 y 152, aunque se observa un aumento de los nodos respecto a los anteriores análisis, que se refleja en una menor resolución (r).

### - MDS-NM (151)

El análisis de Proximidad (MDS-NM) realizado por el método Ordinal se resuelve con un índice de distorsión considerado casi perfecto (Stress:0.047). Su gráfica (Fig.4.16) pone de manifiesto la estrecha relación entre las dos poblaciones sin adscripción taxonómica, POA y POVE al complejo PF. Se observa un distanciamiento ligero de PP y PFCH, que mantienen una posición intermedia entre el complejo PF y *P. ornata*, estando más cercana PFCH al complejo PF que PP al complejo PO. Por último, en las islas occidentales, se mantiene la estrecha asociación entre PS y PIT, y el alejamiento de esta última de sus poblaciones co-específicas.

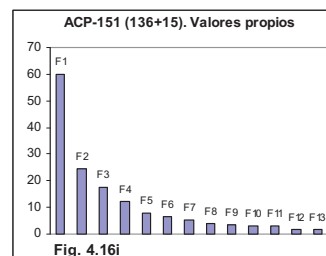
### - ACP (151)

Los análisis de ACP en el conjunto de datos que representa los 151macro y micro-caracteres depurados sin PG ni PA se resuelven con 13 Factores (Tabla 4.7g y Figs.4.16). Los valores propios y la varianza acumulada de los cuatro primeros factores (75.90%) son ligeramente superiores a los de anteriores análisis ACP-155, 152 y 144.

Las variables asociadas más importantes (>0.40) a cada uno de los cuatro primeros factores se muestran en la Tabla de contribución de las variables (Tabla 4.7h) que en el ACP de 151 caracteres, representan las siguientes asociaciones respecto a los factores o ejes.

|                 | F1     | F2     | F3     | F4     | F5     | F6     | F7     | F8     | F9     | F10    | F11    | F12    | F13     |
|-----------------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|---------|
| Valores propios | 60.062 | 24.636 | 17.652 | 12.253 | 7.765  | 6.394  | 5.309  | 4.109  | 3.412  | 3.261  | 2.879  | 1.714  | 1.553   |
| % varianza      | 39.776 | 16.315 | 11.690 | 8.115  | 5.143  | 4.235  | 3.516  | 2.721  | 2.260  | 2.160  | 1.907  | 1.135  | 1.028   |
| % Acumulado     | 39.776 | 56.091 | 67.781 | 75.896 | 81.038 | 85.273 | 88.789 | 91.510 | 93.770 | 95.929 | 97.836 | 98.972 | 100.000 |

**F1 (39.78%): INDIVIDUO:** altura máxima y tallos basales, **FLOR:** apertura y diámetros, *Sépalos*, *Pétalos* (lg, ancho, forma, posición Ha y naturaleza PI-Ac-Re), *ratio Pet/Sep*, *Androceo* (estambres), *Gineceo* (ovario, estilo y estigma), *SILICUA* (talla de pedúnculo, estilo, cuernos, lg de apéndice mayor y áng-3), *SEMILLAS* (contorno del ala y grosor menor del ala), *Anteras indehiscentes*, *RECURSOS DEL ANDROCEO* (nº de granos); *RECURSOS DEL GINECEO* (nº de óvulos), *Ratio P/O* y *PAPILAS ESTIGMÁTICAS* (longitud).



**F2 (16.32%): HOJAS, FLOR:** orificio, *Pétalos* (naturaleza On y color BI-Vi), *SILICUA* (talla de valvas, ratio del cuerno, ancho, nº de divisiones y ang-1&2 de apéndices), *SEMILLAS* (diámetros) y *PAPILAS* Bo.

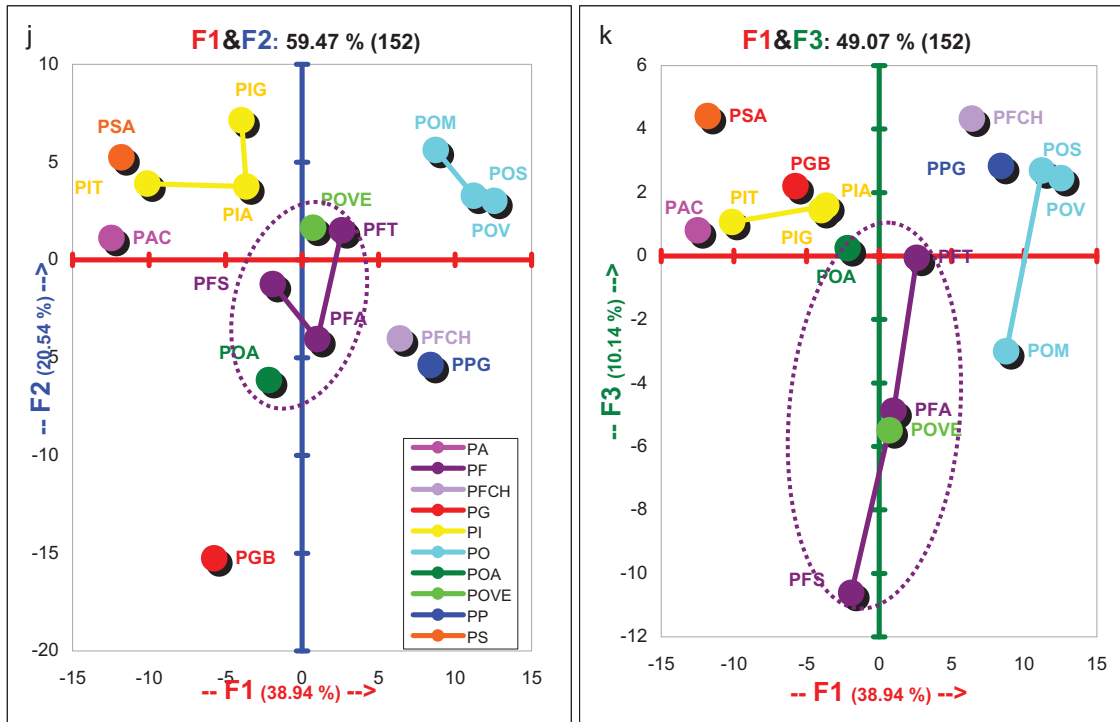
**F3 (11.69%): INDIVIDUO:** diámetros y ramificación, **FLOR:** diámetros y orificio, *Pétalos* (ancho, posición Le y color Rs), *SILICUA* (estilo), *SEMILLAS* (diámetro menor y forma triangular) y *POLEN* (diámetros).

**F4 (8.11%): PÉTALOS** (posición Ca), *RACIMO*, *SILICUA* (talla de valvas, lg cuerno y apéndice menor, apéndice intermedio y nº de apéndices), *SEMILLAS* (grosor del ala y forma Cu-R) y *PAPILAS* (formas T-Y).

- En las representaciones bidimensionales, la gráfica F1&F2 (56.09%) refuerza las mismas asociaciones de poblaciones y taxones de los análisis anteriores (fenogramas y análisis de proximidad). El eje F2 dispersa el complejo PF y acerca la asociación PP y PFCH. En la gráfica F1&F3 (51.47%) el eje F3 dispersa en mayor grado el conjunto poblacional de PF y aleja la asociación PFCH y PP del complejo PF, también distancia a POM de POS-POV y por último produce un gran distanciamiento entre PS y PIT (Figs.4.16).



TAXONOMÍA NUMÉRICA MACRO & MICRO-CARACTERES: ACP-152 (137+15)



TAXONOMÍA NUMÉRICA MACRO & MICRO-CARACTERES: ACP-151 (136+15) sin PG&PA

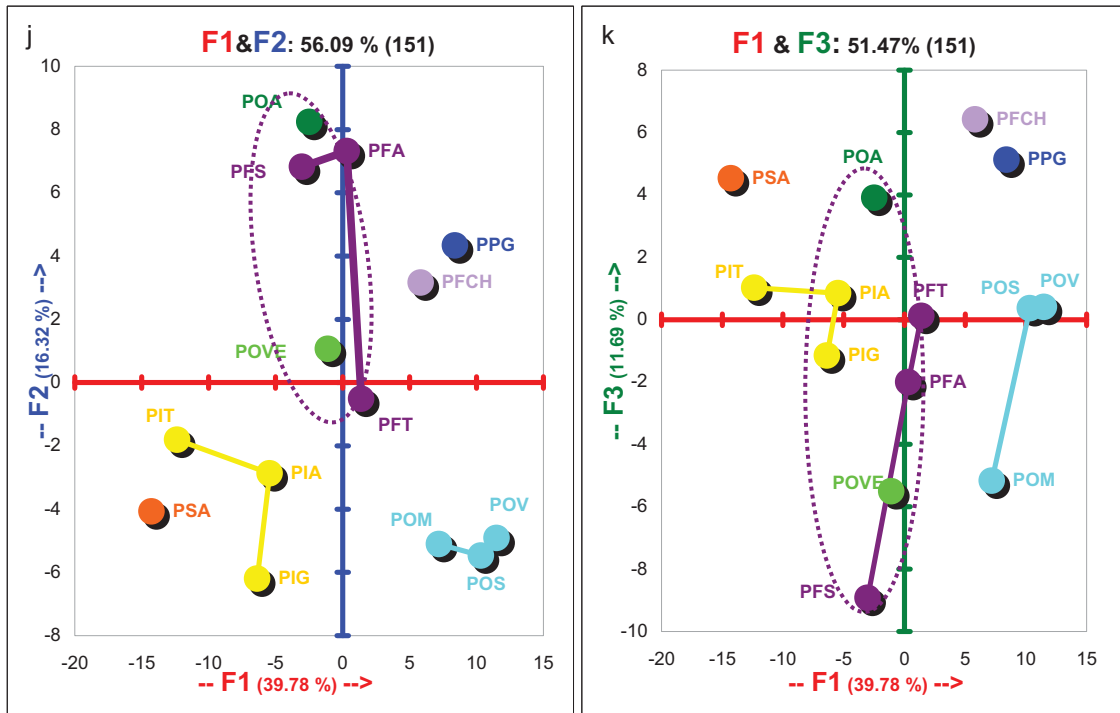


Figura 4.16.-Taxonomía Numérica de macro & micro-caracteres 152 (137+15) y 151 (136+15) sin PG&PA. ACP (351 UTOs). Gráficas bidimensionales. En el análisis de 152 la gráfica F1&F2 se refleja la afinidad del complejo PF y poblaciones asociadas POVE y POA y la cercanía de PP y PFCH al complejo PF; en las islas occidentales se refleja el distanciamiento de PIA y PIG de su congénere PIT más relacionado con PS y PA. El eje F3 dispersa el conjunto poblacional de PF y acerca la asociación PFCH-PP al complejo PO en el que se distancia POM; también se produce un distanciamiento entre PS y PIT. En el análisis 151 sin PG&PA el eje F2 dispersa el complejo PF.

| ACP-307x151 (136+15) MACRO & MICRO-CARACTERES sin PG & PA |        |        |        |        |               |        |        |        |        |
|---|--------|--------|--------|--------|---------------|--------|--------|--------|--------|
| Variable  | F1     | F2     | F3     | F4     | Variable      | F1     | F2     | F3     | F4     |
| IND_H   | 0.768  | 0.345  | -0.398 | -0.219 | ESTL1_Fi_L    | 0.879  | -0.091 | 0.390  | 0.105  |
| IND_D1  | -0.231 | 0.043  | 0.641  | -0.039 | ESTL2_Fi_L    | 0.899  | -0.043 | 0.329  | 0.151  |
| IND_d2  | -0.407 | 0.013  | 0.598  | -0.102 | ANTL1_L       | 0.952  | -0.077 | -0.193 | 0.080  |
| IND_H_ra1   | 0.441  | 0.349  | -0.599 | -0.073 | ANTL2_L       | 0.954  | -0.069 | -0.202 | 0.056  |
| IND_N°Tb  | -0.553 | -0.128 | 0.435  | 0.013  | ANTL1_Lc      | 0.922  | -0.087 | -0.180 | 0.098  |
| H1_L  | 0.438  | 0.802  | 0.179  | -0.030 | ANTL2_Lc      | 0.930  | -0.080 | -0.182 | 0.067  |
| H2_L  | 0.440  | 0.723  | 0.269  | 0.010  | ESTM1_Fi_L    | 0.784  | -0.178 | 0.498  | -0.007 |
| H3_L  | 0.380  | 0.696  | 0.335  | 0.072  | ESTM2_Fi_L    | 0.806  | -0.171 | 0.472  | 0.016  |
| h4_L  | 0.319  | 0.677  | 0.308  | 0.119  | ESTM3_Fi_L    | 0.831  | -0.151 | 0.458  | 0.042  |
| h5_L  | 0.177  | 0.672  | 0.333  | 0.146  | ESTM4_Fi_L    | 0.850  | -0.140 | 0.433  | 0.011  |
| ratio_H1  | 0.249  | 0.819  | -0.205 | 0.026  | ANTM1_L       | 0.946  | -0.088 | -0.220 | 0.053  |
| ratio_H2  | 0.343  | 0.817  | 0.018  | 0.064  | ANTM2_L       | 0.940  | -0.107 | -0.220 | 0.017  |
| ratio_H3  | 0.384  | 0.871  | 0.046  | 0.096  | ANTM3_L       | 0.954  | -0.069 | -0.214 | 0.055  |
| ratio_h4  | 0.317  | 0.860  | 0.147  | 0.083  | ANTM4_L       | 0.948  | -0.099 | -0.219 | 0.045  |
| ratio_h5  | 0.138  | 0.903  | 0.115  | 0.107  | ANTM1_Lc      | 0.928  | -0.070 | -0.217 | 0.016  |
| Ratio H1_h5_L/A   | 0.214  | 0.887  | 0.048  | -0.078 | ANTM2_Lc      | 0.918  | -0.115 | -0.215 | -0.004 |
| FI_ANG SEP  | -0.901 | 0.046  | 0.283  | -0.233 | ANTM3_Lc      | 0.935  | -0.095 | -0.225 | 0.057  |
| FI_D1   | -0.572 | 0.282  | -0.129 | -0.251 | ANTM4_Lc      | 0.925  | -0.103 | -0.228 | 0.037  |
| FI_d2   | -0.471 | 0.388  | -0.178 | -0.218 | OV_L          | 0.766  | 0.309  | 0.169  | 0.321  |
| FI_D1-Cuad  | -0.253 | 0.177  | 0.766  | 0.362  | ETL_L         | 0.524  | -0.267 | -0.013 | -0.118 |
| FI_d2-Cuad  | -0.165 | 0.109  | 0.769  | 0.516  | ETG_L         | 0.812  | 0.099  | -0.170 | 0.206  |
| FI_Or_D1  | 0.016  | 0.286  | 0.823  | 0.253  | ETG_A         | 0.841  | 0.111  | -0.063 | 0.176  |
| FI_Or_d2  | 0.259  | 0.487  | 0.645  | 0.318  | RAC_L         | -0.333 | -0.317 | -0.157 | 0.748  |
| FI_ratio_Or   | 0.046  | 0.899  | 0.111  | 0.113  | RAC_PED_L     | -0.131 | -0.260 | 0.145  | -0.226 |
| SEPL1_L   | 0.969  | -0.149 | 0.042  | -0.104 | F_PED_L       | 0.565  | 0.555  | 0.110  | 0.155  |
| SEPL2_L   | 0.968  | -0.146 | 0.035  | -0.105 | F_ratio_VA    | 0.249  | 0.503  | -0.110 | 0.691  |
| SEPM1_L   | 0.966  | -0.162 | 0.031  | -0.099 | F1_V_L        | 0.351  | 0.519  | -0.299 | 0.601  |
| SEPM2_L   | 0.968  | -0.152 | 0.023  | -0.097 | F1_ratio_VA   | 0.330  | 0.613  | -0.248 | 0.536  |
| SEPL1_Ab  | 0.785  | -0.465 | 0.153  | 0.100  | F2_V_L        | 0.281  | 0.562  | -0.499 | 0.369  |
| SEPL2_Ab  | 0.803  | -0.453 | 0.086  | 0.120  | F2_ratio_VA   | 0.203  | 0.674  | -0.356 | 0.337  |
| SEPL1_Amx   | 0.825  | -0.348 | 0.050  | 0.271  | F3_V_L        | 0.172  | 0.768  | -0.095 | 0.344  |
| SEPL2_Amx   | 0.835  | -0.330 | 0.079  | 0.239  | F3_ratio_VA   | 0.181  | 0.753  | -0.182 | 0.322  |
| SEPL1_HAmx  | 0.949  | -0.128 | 0.059  | -0.185 | F_EST_L       | 0.471  | -0.258 | -0.559 | 0.295  |
| SEPL2_HAmx  | 0.952  | -0.129 | 0.059  | -0.191 | F_CU_L        | 0.502  | 0.257  | -0.340 | 0.485  |
| SEPM1_Ab  | 0.864  | -0.310 | 0.026  | 0.083  | F_CU_A        | 0.718  | -0.508 | 0.171  | 0.014  |
| SEPM2_Ab  | 0.879  | -0.283 | 0.052  | 0.048  | F_ratio_CU    | -0.127 | 0.694  | -0.477 | 0.217  |
| SEPM1_Amx   | 0.869  | -0.218 | 0.029  | 0.239  | F_ACU_MY_L    | 0.512  | -0.057 | -0.404 | 0.424  |
| SEPM2_Amx   | 0.861  | -0.199 | 0.008  | 0.218  | F_ACU_MY_A    | 0.505  | -0.709 | -0.001 | 0.094  |
| SEPM1_HAmx  | 0.928  | -0.189 | 0.085  | -0.235 | F_ACU_MN_L    | 0.444  | -0.143 | -0.359 | 0.454  |
| SEPM2_HAmx  | 0.918  | -0.177 | 0.082  | -0.217 | F_ACU_MN_A    | 0.348  | -0.679 | -0.038 | 0.171  |
| PET1_L  | 0.944  | 0.057  | 0.225  | 0.034  | F_ACU_INT_L   | 0.062  | -0.682 | -0.012 | 0.625  |
| PET2_L  | 0.943  | 0.059  | 0.220  | 0.047  | F_ACU_INT_A   | 0.033  | -0.459 | -0.125 | 0.689  |
| PET3_L  | 0.945  | 0.063  | 0.230  | 0.034  | F_ACU_Nap     | 0.293  | -0.174 | -0.377 | 0.644  |
| PET4_L  | 0.948  | 0.048  | 0.213  | 0.061  | F_ACU_Npr     | -0.006 | -0.521 | 0.423  | -0.180 |
| PET1_Uñ_L   | 0.960  | -0.079 | 0.147  | 0.016  | F_ACU_B2-B3   | 0.311  | -0.553 | 0.420  | 0.142  |
| PET2_Uñ_L   | 0.964  | -0.065 | 0.139  | 0.023  | F_ACU_MY_NB   | 0.025  | -0.666 | 0.278  | -0.026 |
| PET3_Uñ_L   | 0.969  | -0.073 | 0.130  | 0.018  | F_ACU_MN_NB   | -0.124 | -0.780 | -0.225 | 0.447  |
| PET4_Uñ_L   | 0.969  | -0.055 | 0.134  | 0.021  | F_ACU_INT_NB  | -0.245 | -0.651 | -0.045 | 0.372  |
| PET1_Uñ_Ab  | 0.775  | 0.444  | 0.223  | -0.103 | F_ACU_BT      | -0.050 | -0.884 | -0.025 | 0.237  |
| PET2_Uñ_Ab  | 0.762  | 0.325  | 0.247  | 0.065  | F_ACU_ANG1    | -0.120 | -0.364 | -0.181 | 0.288  |
| PET3_Uñ_Ab  | 0.745  | 0.334  | 0.270  | -0.035 | F_ACU_ANG2    | 0.037  | -0.711 | -0.152 | 0.526  |
| PET4_Uñ_Ab  | 0.783  | 0.329  | 0.256  | -0.059 | F_ACU_ANG3    | 0.563  | -0.425 | 0.037  | -0.132 |
| PET1_Uñ_Aa  | 0.399  | -0.177 | 0.754  | -0.255 | SEM_P         | -0.261 | 0.569  | 0.166  | 0.229  |
| PET2_Uñ_Aa  | 0.396  | -0.121 | 0.761  | -0.205 | SEM_E         | 0.221  | 0.516  | 0.668  | -0.240 |
| PET3_Uñ_Aa  | 0.361  | -0.184 | 0.765  | -0.270 | SEM_Ala_GrMy  | -0.382 | 0.344  | 0.351  | 0.612  |
| PET4_Uñ_Aa  | 0.394  | -0.169 | 0.778  | -0.201 | SEM_Ala_GrMn  | -0.569 | 0.031  | 0.009  | 0.656  |
| PET1_Lim_Amx  | -0.257 | -0.217 | 0.661  | 0.525  | %SEM_F_T-Co   | -0.107 | 0.138  | -0.673 | 0.040  |
| PET2_Lim_Amx  | -0.130 | -0.118 | 0.777  | 0.538  | %SEM_F_Cu-Ci  | 0.456  | -0.366 | 0.313  | -0.537 |
| PET3_Lim_Amx  | -0.120 | -0.149 | 0.762  | 0.546  | %SEM_F_R-E    | -0.345 | 0.318  | -0.014 | 0.565  |
| PET4_Lim_Amx  | -0.115 | -0.134 | 0.789  | 0.534  | SEM_Ala_distr | -0.647 | 0.397  | 0.261  | 0.344  |
| RATIO_LIM   | 0.418  | 0.385  | -0.651 | -0.185 | Polen_P       | 0.144  | -0.145 | -0.292 | -0.306 |
| PET1_Lim_HAmx   | 0.578  | 0.426  | 0.054  | -0.546 | Polen_E       | 0.148  | -0.104 | -0.306 | -0.270 |
| PET2_Lim_HAmx   | 0.661  | 0.513  | 0.282  | -0.311 | AntL_ind_L    | 0.872  | -0.058 | -0.228 | 0.066  |
| PET3_Lim_HAmx   | 0.597  | 0.483  | 0.397  | -0.360 | AntL_ind_A    | 0.572  | 0.111  | 0.018  | 0.210  |
| PET4_Lim_HAmx   | 0.631  | 0.484  | 0.328  | -0.365 | AntM_ind_L    | 0.890  | -0.059 | -0.254 | 0.042  |
| ratio_Pet_Sep   | -0.917 | 0.142  | 0.252  | 0.012  | AntM_ind_A    | 0.427  | -0.097 | 0.060  | 0.381  |
| PET_Le  | 0.267  | 0.154  | -0.711 | 0.010  | N° Grs_AntM   | 0.902  | -0.067 | -0.153 | 0.154  |
| PET_Ca  | 0.316  | -0.315 | 0.384  | -0.398 | N° Grs/ FI    | 0.887  | -0.096 | -0.158 | 0.147  |
| PET_Ha  | -0.683 | -0.086 | 0.372  | 0.237  | N° Ovus/FI    | 0.895  | -0.005 | -0.286 | 0.242  |
| PET_PI  | -0.637 | -0.439 | -0.016 | 0.081  | Ratio P/O     | 0.484  | -0.123 | 0.078  | 0.024  |
| PET_Ond   | -0.460 | 0.566  | 0.268  | 0.141  | Pap_L         | 0.841  | 0.268  | -0.044 | -0.288 |
| PET_Acan  | 0.673  | -0.251 | -0.387 | -0.082 | Pap_Bo-Bt     | 0.228  | 0.346  | 0.076  | -0.233 |
| PET_Rev   | 0.842  | -0.138 | 0.205  | -0.126 | Pap_T         | -0.135 | 0.183  | -0.056 | 0.703  |
| PET_Col_BI  | 0.249  | 0.598  | 0.223  | 0.054  | Pap_Y         | 0.289  | 0.084  | 0.158  | 0.365  |
| PET_Col_Vi  | -0.357 | -0.669 | 0.264  | 0.240  | Pap_D-Sd      | -0.185 | -0.279 | -0.249 | -0.187 |
| PET_Col_Rs  | 0.519  | 0.227  | -0.536 | -0.409 |               |        |        |        |        |

Tabla 4.7h. ACP de macro & micro-caracteres sin PG&PA 307x151 (136+15). Contribución de las variables a los factores. F1: INDIVIDUO (altura y tallos), FLOR (apertura y diámetros; Sépalos; Pétalos lg, forma, posición Ha y naturaleza Pl-Ac-Re); ratio Pet/Sep; Androceo, Gineceo), SILICUA (pedúnculo, cuernos, apéndice lg y áng-3), SEMILLAS (contorno del ala), Anteras indehiscentes, RECURSOS ANDROCEO Y GINECEO (n° granos, n° óvulos), Ratio P/O, PAPILAS (lg). F2: HOJAS, FLOR (orificio; Pétalos naturaleza On y color BI-Vi), SILICUA (valvas; ratio Cu; apéndices ancho, n° divisiones y ang-1&2), SEMILLAS (diámetros), PAPILAS Bo. F3: INDIVIDUO (diámetros y ramificación), FLOR (diámetros y orificio; Pétalos ancho y posición Le y color Rs), SILICUA (estilo), SEMILLAS (diámetro menor y formaT). F4: PÉTALOS (posición Ca), RACIMO, SILICUA (valvas, apéndices lg y n°), SEMILLAS (grosor del ala y forma Cu-R), PAPILAS (formas T-Y).

- En las representaciones tridimensionales, la gráfica F1&F2& F3 (67.78%) los eje F2 y F3 alejan a las poblaciones del complejo PF y a las poblaciones sin adscripción taxonómica, POA y POVE; también alejan a POM de sus poblaciones co-específicas y la estrecha asociación PS-PIT. En la gráfica F1&F2&F4 (64.21%), el eje F4 aleja las poblaciones de *P. intermedia*, destacando la lejanía de PIA del resto de poblaciones y taxones y destaca también el alejamiento de la asociación PFCH y PP (Anexo 4.2).

**4.3.5. Macro y micro-caracteres. Análisis Discriminante (141 y 140)**

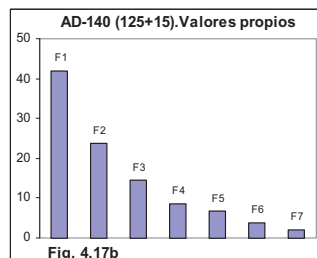
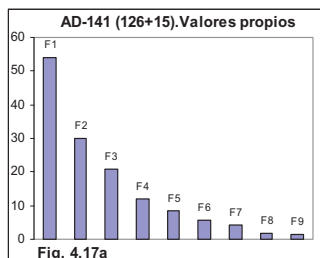
El modelo AD-141 de macro y micro-caracteres (depurados) se resuelve con 9 Factores. Los valores propios de esta matriz 141 caracteres y 351 UTOs son ligeramente más bajos que el AD-152, aunque la varianza acumulada discriminatoria total de los cuatro primeros factores (84.59%) es ligeramente superior que la del anterior análisis (Tabla 4.8a y Fig.4.17a).

En este AD-141, los grupos de variables más importantes asociadas a cada uno de los cuatro primeros factores (con carga factorial >0.40) se muestran en la Tabla de contribución de las variables que señalan en cada factor o eje las asociaciones o grupos de variables muy similares al AD-152 (Tabla 4.16 resumen de Factores y Caracteres asociados y Anexo 4.2). La discriminación de taxones es prácticamente idéntica al AD-152 como se pone de manifiesto en la Tabla 4.14 resumen de Análisis Discriminante y Anexo 4.2.

| Tabla 4.8a. AD-351x141 (126+15). Valores propios y porcentaje de varianza |        |        |        |        |        |        |        |        |         |
|---|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|---------|
|   | F1     | F2     | F3     | F4     | F5     | F6     | F7     | F8     | F9      |
| Valores propios   | 53.842 | 30.078 | 20.770 | 12.091 | 8.385  | 5.524  | 4.351  | 1.692  | 1.321   |
| % de varianza   | 39.001 | 21.787 | 15.045 | 8.758  | 6.073  | 4.001  | 3.152  | 1.226  | 0.957   |
| % Acumulado   | 39.001 | 60.788 | 75.833 | 84.591 | 90.664 | 94.665 | 97.817 | 99.043 | 100.000 |

| Tabla 4.8b. AD-307x140 (125+15) sin PG & PA. Valores propios y porcentaje de varianza |        |        |        |        |        |        |         |
|---|--------|--------|--------|--------|--------|--------|---------|
|   | F1     | F2     | F3     | F4     | F5     | F6     | F7      |
| Valores propios   | 41.955 | 23.777 | 14.609 | 8.752  | 6.912  | 3.860  | 2.193   |
| % de varianza   | 41.109 | 23.297 | 14.315 | 8.575  | 6.772  | 3.782  | 2.149   |
| % Acumulado   | 41.109 | 64.407 | 78.722 | 87.297 | 94.069 | 97.851 | 100.000 |

El modelo AD-140 sin PG & PA de macro y micro-caracteres depurados se resuelve con 7 Factores. Los valores propios de esta matriz de 140 caracteres y 307 UTOs son ligeramente más bajos que el AD-151, aunque la varianza acumulada discriminatoria total de los cuatro primeros factores (87.30%) es ligeramente superior que la del anterior análisis (Tabla 4.8a y Fig. 4.17b).



En este AD-140 sin PG & PA los grupos de variables asociadas a cada uno de los cuatro primeros factores (con carga factorial >0.40) son similares y se muestran en la Tabla de contribución de las variables (Anexo 4.2) y Tabla 4.16 resumen de Factores y Caracteres asociados.

**4.3.6. Nivel poblacional. Macro-Micro-caracteres. Análisis multivariante (141 y 140)**

Los resultados de los análisis de los 141 macro y micro-caracteres depurados son similares a los de anteriores análisis (155 y 152) aunque cambia la asociación PP-PFCH que

se separa de PO y se une al complejo PF (Tabla 4.15 resumen de Taxonomía Numérica y Anexo 4.2).

En todos los análisis (UPGMA, MDS-NM y ACP) se sigue reflejando la posición aislada de PG respecto al resto de los taxones, en los que se pone de manifiesto la independencia de las islas occidentales con una mayor afinidad entre Teno (PIT), La Gomera (PSA) y después La Palma (PIT-PS, PA). En Gran Canaria la unión PP-PFCH se separa de PO (como en el UPGMA-144) y se une al complejo PF, que muestra diferentes relaciones internas (PFS-PFA, POVE y POA-PFT) con respecto a los análisis anteriores (Tabla 4.15 resumen de Taxonomía Numérica y Anexo 4.2).

Todos los análisis realizado en los *140 caracteres depurados sin PG ni PG* justifican los cambios de los UPGMA anteriores con PFCH más relacionada a PP aunque más cercana al complejo PF y a PP aunque aislada más cercana al complejo de PO. Se refuerza la proximidad de las dos poblaciones sin adscripción taxonómica, POA y POVE al complejo PF. Por último entre los dos taxones de las islas occidentales, se refuerza la estrecha relación de PS con PIT (Tabla 4.16 resumen de Factores y Caracteres asociados y Anexo 4.2).

#### 4.3.7. Depuración de macro y micro-caracteres. Análisis Discriminante (138 y 137)

Los 141 caracteres (126 macro y 15 micro) se depuran de tres caracteres micro-morfológicos con escaso valor diagnóstico o carga factorial  $< 0.15$  (*AntL\_ind\_A*, *AntM\_ind\_A* y *Ratio P/O*) quedando reducido al análisis a una MATRIZ de 138 caracteres (126+12). El modelo AD-138 de macro y micro-caracteres (depurados) se resuelve con 9 Factores (Tabla 4.9a y Fig.4.18).

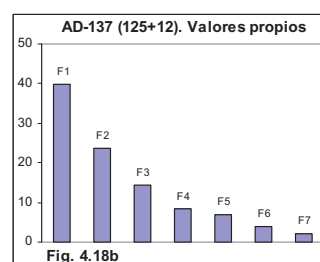
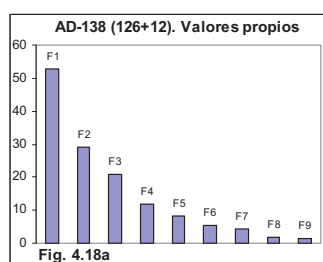
| Tabla 4.9a. AD-351x138 (126+12). Valores propios y porcentaje de varianza |        |        |        |        |        |        |        |        |         |
|---|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|---------|
|   | F1     | F2     | F3     | F4     | F5     | F6     | F7     | F8     | F9      |
| Valores propios   | 52.760 | 29.019 | 20.725 | 11.943 | 8.199  | 5.210  | 4.227  | 1.681  | 1.316   |
| % de varianza   | 39.059 | 21.483 | 15.343 | 8.842  | 6.070  | 3.857  | 3.129  | 1.244  | 0.974   |
| % Acumulado   | 39.059 | 60.542 | 75.885 | 84.726 | 90.796 | 94.653 | 97.782 | 99.026 | 100.000 |

| Tabla 4.9b. AD 307x137 (125+12) sin PG & PA. Valores propios y porcentaje de varianza |        |        |        |        |        |        |         |
|---|--------|--------|--------|--------|--------|--------|---------|
|   | F1     | F2     | F3     | F4     | F5     | F6     | F7      |
| Valores propios   | 39.912 | 23.689 | 14.381 | 8.433  | 6.759  | 3.807  | 2.119   |
| % de varianza   | 40.275 | 23.904 | 14.512 | 8.510  | 6.821  | 3.841  | 2.138   |
| % Acumulado   | 40.275 | 64.179 | 78.690 | 87.200 | 94.021 | 97.862 | 100.000 |

Los valores propios (discriminantes) en esta matriz de 138 caracteres y 351 UTOs son un poco más bajos que el AD-141 aunque la varianza acumulada discriminatoria total de los cuatro primeros factores es similar, alcanzando el 84.73%.

En el AD de 138 macro y micro-caracteres las variables más importantes asociadas a cada uno de los cuatro primeros factores (con carga factorial  $> 0.4$ ) se muestran en las Tablas

de contribución de las variables (Tabla 4.16 resumen de Factores y caracteres asociados y Anexo 4.2). La discriminación de taxones es prácticamente idéntica al AD-152 y 141 (Tabla 4.14 resumen de AD y Anexo 4.2).





Al quitar PG y PA como grupos ya diferenciados, el modelo de AD del conjunto de 137 macro y micro-caracteres en el nivel individual (que no admite la variable de pétalo horizontal bajo), se resuelve con 7 Factores (Tabla 4.9b y Fig.4.18). Los *valores propios* discriminantes en esta matriz de 137 caracteres, son un poco más bajos que la de 140 caracteres y la varianza acumulativa discriminatoria total de los cuatro primeros factores, alcanza el 87.20 % de la varianza discriminatoria total.

En el AD de 137 macro y micro caracteres sin PG&PA, las variables asociadas a cada uno de los cuatro primeros factores son similares a los análisis anteriores como el AD-140 así como la discriminación de taxones (Tabla 4.14 resumen de AD, Tabla 4.16 resumen de Factores y caracteres asociados y Anexo 4.2).

#### 4.3.8. Nivel poblacional. Macro-Micro-caracteres. Análisis multivariante (138 y 137)

Los valores poblacionales dan resultados similares a los anteriores modelos aunque con algunas diferencias que se observan de manera especial en los *fenogramas* y que quedan reflejados de forma complementaria por los análisis de ordenación.

En todos los análisis (UPGMA, MDS-NM y ACP) se sigue reflejando la posición aislada de PG respecto al resto de los taxones, en los que se pone de manifiesto la independencia de las islas occidentales con una mayor afinidad entre Teno (PIT), La Gomera (PSA) y después La Palma (PIT-PS, PA). En Gran Canaria la unión PP-PFCH sigue separada de PO (como en el UPGMA-144 y 141) y se une al complejo PF, que mantiene las mismas asociaciones internas del complejo PF (POVE-PFT y PFS-PFA, POA) que los UPGMA 126 y 120 macro-caracteres aunque con mejor resolución (*r*) que se refleja por una disminución de los nodos (Tabla 4.15 resumen de Taxonomía Numérica y Anexo 4.2).

Las agrupaciones eliminando a PG&PA son prácticamente las mismas que el análisis anterior de 351x138, aunque se observa un aumento de las distancias Euclideas que se refleja en una menor resolución (Tabla 4.16 resumen de Factores y caracteres asociados, Tabla 4.15 resumen de Taxonomía Numérica y Anexo 4.2).

#### 4.3.9. Depuración de macro y micro-caracteres. Análisis Discriminante (135 y 134)

La matriz 135 (120+15) procede de la depuración de 6 caracteres macro-morfológicos de la matriz 141 (126+15). El modelo de AD de 135 macro y micro-caracteres depurados se resuelve con 9 FACTORES (Tabla 4.10a y Fig.4.19). Los *valores propios* en esta matriz son ligeramente más bajos que en los AD-152, AD-141 y 138 aunque la varianza acumulada de los cuatro primeros factores (84.51%), presenta valores similares a los análisis anteriores.

|                 | F1     | F2     | F3     | F4     | F5     | F6     | F7     | F8     | F9      |
|-----------------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|---------|
| Valores propios | 51.273 | 27.606 | 19.776 | 11.699 | 8.121  | 5.181  | 4.068  | 1.645  | 1.206   |
| % de varianza   | 39.267 | 21.142 | 15.145 | 8.960  | 6.219  | 3.968  | 3.115  | 1.260  | 0.923   |
| % Acumulado     | 39.267 | 60.409 | 75.554 | 84.514 | 90.733 | 94.701 | 97.816 | 99.077 | 100.000 |

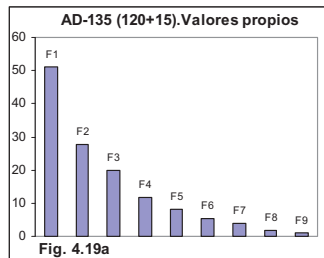
En el AD de 135 macro y micro-caracteres las variables más importantes asociadas a cada uno de los cuatro primeros factores (con carga factorial >0.4) se muestran en la Tabla 4.10b de contribución de las variables, que ya depurada representan las siguientes asociaciones respecto a los *factores* o *ejes*:

Resultados

| AD- MACRO & MICRO-CARACTERES DEPURADOS 135 (120+15) |        |        |        |        |               |        |        |        |        |
|---|--------|--------|--------|--------|---------------|--------|--------|--------|--------|
| Variable  | F1     | F2     | F3     | F4     | Variable      | F1     | F2     | F3     | F4     |
| IND_H   | 0.097  | 0.332  | -0.177 | -0.144 | PET_Col_BI    | -0.245 | 0.231  | 0.003  | -0.344 |
| IND_D1  | -0.217 | 0.259  | -0.255 | 0.168  | PET_Col_Vi    | 0.109  | -0.245 | 0.124  | 0.149  |
| IND_d2  | -0.305 | 0.289  | -0.179 | 0.190  | PET_Col_Rs    | 0.260  | 0.158  | -0.112 | 0.050  |
| IND_H_ra1   | 0.325  | 0.285  | -0.026 | 0.087  | ANTL1_L       | 0.811  | 0.137  | 0.040  | -0.201 |
| IND_N°Tb  | -0.249 | -0.028 | -0.007 | 0.091  | ANTL2_L       | 0.805  | 0.135  | 0.036  | -0.205 |
| H1_L  | -0.142 | 0.572  | -0.350 | -0.096 | ANTL1_Lc      | 0.780  | 0.148  | -0.002 | -0.148 |
| H2_L  | -0.082 | 0.549  | -0.505 | -0.138 | ANTL2_Lc      | 0.772  | 0.146  | -0.018 | -0.141 |
| H3_L  | -0.106 | 0.550  | -0.572 | -0.037 | ANTM1_L       | 0.809  | 0.164  | 0.033  | -0.192 |
| h4_L  | -0.169 | 0.450  | -0.636 | 0.047  | ANTM2_L       | 0.812  | 0.151  | 0.044  | -0.180 |
| h5_L  | -0.296 | 0.296  | -0.571 | 0.018  | ANTM3_L       | 0.810  | 0.161  | 0.021  | -0.203 |
| ratio_H1  | -0.020 | 0.408  | -0.160 | -0.110 | ANTM4_L       | 0.811  | 0.159  | 0.053  | -0.192 |
| ratio_H2  | -0.066 | 0.400  | -0.191 | -0.240 | ANTM1_Lc      | 0.828  | 0.169  | 0.002  | -0.151 |
| ratio_H3  | -0.005 | 0.479  | -0.321 | -0.039 | ANTM2_Lc      | 0.829  | 0.149  | 0.014  | -0.132 |
| ratio_h4  | -0.067 | 0.478  | -0.373 | -0.047 | ANTM3_Lc      | 0.813  | 0.158  | 0.019  | -0.164 |
| ratio_h5  | -0.204 | 0.322  | -0.458 | 0.022  | ANTM4_Lc      | 0.831  | 0.144  | 0.024  | -0.144 |
| Ratio H1_h5_L/A                                     | -0.054 | 0.523  | -0.264 | -0.111 | OV_L          | 0.206  | 0.324  | -0.088 | -0.260 |
| FL_ANG SEP  | -0.659 | 0.137  | 0.002  | 0.158  | ETG_L         | 0.288  | 0.165  | 0.075  | -0.179 |
| FL_D1   | -0.340 | 0.161  | -0.013 | 0.073  | ETG_A         | 0.362  | 0.061  | -0.001 | -0.188 |
| FL_d2   | -0.317 | 0.169  | -0.021 | 0.051  | RAC_L         | -0.313 | -0.074 | 0.157  | 0.053  |
| FL_D1-Cuad  | -0.358 | 0.238  | -0.119 | 0.021  | F_PED_L       | -0.068 | 0.399  | 0.102  | -0.191 |
| FL_d2-Cuad  | -0.243 | 0.111  | -0.178 | -0.009 | F_ratio_VA    | -0.049 | 0.357  | -0.009 | 0.013  |
| FL_Or_d2  | -0.235 | 0.383  | -0.201 | -0.038 | F1_V_L        | -0.022 | 0.589  | 0.062  | -0.071 |
| FL_ratio_Or   | -0.238 | 0.199  | -0.171 | 0.022  | F1_ratio_VA   | -0.017 | 0.571  | 0.001  | -0.050 |
| SEPL1_L   | 0.722  | 0.173  | 0.076  | -0.305 | F2_V_L        | -0.088 | 0.689  | 0.037  | 0.042  |
| SEPL2_L   | 0.722  | 0.168  | 0.074  | -0.305 | F2_ratio_VA   | -0.121 | 0.645  | -0.038 | 0.068  |
| SEPM1_L   | 0.722  | 0.176  | 0.082  | -0.298 | F3_V_L        | -0.084 | 0.366  | -0.126 | 0.028  |
| SEPM2_L   | 0.718  | 0.176  | 0.077  | -0.303 | F3_ratio_VA   | -0.101 | 0.389  | -0.090 | 0.024  |
| SEPL1_Ab  | 0.519  | -0.021 | 0.127  | -0.312 | F_EST_L       | 0.283  | -0.023 | 0.132  | 0.094  |
| SEPL2_Ab  | 0.537  | -0.011 | 0.153  | -0.321 | F_CU_L        | 0.196  | 0.002  | -0.058 | -0.014 |
| SEPL1_Amxa  | 0.526  | 0.051  | 0.183  | -0.294 | F_CU_A        | 0.260  | -0.117 | 0.024  | -0.126 |
| SEPL2_Amxa  | 0.528  | 0.036  | 0.148  | -0.308 | F_ratio_CU    | -0.191 | 0.250  | -0.012 | 0.089  |
| SEPL1_HAmx  | 0.684  | 0.176  | -0.004 | -0.235 | F_ACU_MY_L    | 0.262  | -0.192 | 0.013  | -0.112 |
| SEPL2_HAmx  | 0.678  | 0.168  | 0.001  | -0.264 | F_ACU_MY_A    | 0.444  | -0.365 | 0.023  | -0.097 |
| SEPM1_Ab  | 0.555  | 0.091  | 0.119  | -0.356 | F_ACU_MN_L    | 0.214  | -0.212 | 0.042  | -0.129 |
| SEPM2_Ab  | 0.545  | 0.095  | 0.110  | -0.376 | F_ACU_MN_A    | 0.383  | -0.408 | 0.071  | -0.130 |
| SEPM1_Amxa  | 0.550  | 0.104  | 0.080  | -0.286 | F_ACU_INT_L   | 0.103  | -0.159 | 0.126  | -0.014 |
| SEPM2_Amxa  | 0.541  | 0.101  | 0.131  | -0.352 | F_ACU_NAp     | 0.256  | -0.322 | -0.039 | -0.016 |
| SEPM1_HAmx  | 0.643  | 0.186  | 0.034  | -0.248 | F_ACU_NPr     | 0.170  | -0.073 | -0.110 | 0.077  |
| SEPM2_HAmx  | 0.666  | 0.190  | -0.014 | -0.202 | F_ACU_B2-B3   | 0.197  | -0.011 | -0.057 | 0.011  |
| PET1_L  | 0.386  | 0.281  | -0.025 | -0.302 | F_ACU_MY_NB   | 0.279  | -0.272 | -0.096 | 0.067  |
| PET2_L  | 0.388  | 0.276  | -0.022 | -0.305 | F_ACU_MN_NB   | 0.273  | -0.479 | -0.010 | 0.058  |
| PET3_L  | 0.397  | 0.279  | -0.027 | -0.303 | F_ACU_INT_NB  | 0.077  | -0.196 | 0.155  | -0.020 |
| PET4_L  | 0.409  | 0.278  | -0.003 | -0.310 | F_ACU_BT      | 0.342  | -0.436 | -0.022 | 0.052  |
| PET1_Uñ_L   | 0.587  | 0.234  | -0.049 | -0.221 | F_ACU_ANG1    | 0.325  | -0.464 | 0.035  | 0.004  |
| PET2_Uñ_L   | 0.586  | 0.241  | -0.046 | -0.220 | F_ACU_ANG2    | 0.120  | -0.171 | 0.152  | -0.046 |
| PET3_Uñ_L   | 0.588  | 0.219  | -0.054 | -0.212 | SEM_P         | -0.358 | 0.245  | -0.141 | 0.104  |
| PET4_Uñ_L   | 0.582  | 0.230  | -0.053 | -0.220 | SEM_E         | -0.012 | 0.278  | -0.248 | -0.061 |
| PET1_Uñ_Ab  | 0.218  | 0.255  | -0.120 | -0.263 | SEM_Ala_GrMy  | -0.443 | 0.446  | 0.176  | -0.023 |
| PET2_Uñ_Ab  | 0.194  | 0.256  | -0.062 | -0.330 | SEM_Ala_GrMn  | -0.325 | 0.217  | 0.193  | 0.004  |
| PET3_Uñ_Ab  | 0.204  | 0.211  | -0.105 | -0.257 | SEM_F_Cu-Ci   | 0.259  | -0.050 | -0.022 | -0.062 |
| PET4_Uñ_Ab  | 0.217  | 0.226  | -0.083 | -0.271 | SEM_F_R-E     | -0.339 | 0.101  | -0.033 | 0.030  |
| PET1_Lim_Amx  | -0.326 | 0.084  | -0.133 | 0.105  | SEM_Ala_distr | -0.270 | 0.072  | -0.040 | 0.069  |
| PET2_Lim_Amx  | -0.331 | 0.070  | -0.129 | -0.069 | Polen_P       | 0.236  | -0.325 | -0.004 | 0.070  |
| PET3_Lim_Amx  | -0.341 | 0.078  | -0.131 | -0.041 | Polen_E       | 0.232  | -0.327 | -0.031 | 0.074  |
| PET4_Lim_Amx  | -0.335 | 0.066  | -0.121 | -0.070 | AntL_ind_L    | 0.679  | 0.185  | -0.040 | -0.245 |
| RATIO_LIM   | 0.177  | 0.085  | -0.002 | -0.132 | AntL_ind_A    | 0.141  | -0.018 | -0.126 | -0.094 |
| PET1_Lim_HAmx                                       | 0.102  | 0.343  | -0.069 | -0.009 | AntM_ind_L    | 0.681  | 0.202  | 0.004  | -0.268 |
| PET2_Lim_HAmx                                       | 0.073  | 0.345  | -0.136 | -0.107 | AntM_ind_A    | 0.108  | -0.064 | -0.083 | -0.039 |
| PET3_Lim_HAmx                                       | 0.066  | 0.340  | -0.142 | -0.127 | Nº Grs_AntM   | 0.617  | -0.009 | 0.106  | -0.337 |
| PET4_Lim_HAmx                                       | 0.074  | 0.356  | -0.127 | -0.089 | Nº Grs/ FI    | 0.628  | -0.025 | 0.134  | -0.340 |
| ratio_Pet_Sep                                       | -0.761 | -0.010 | -0.049 | 0.172  | Nº Ovus/FI    | 0.524  | 0.191  | 0.105  | -0.184 |
| PET_Ca  | -0.043 | 0.180  | 0.155  | -0.199 | Ratio P/O     | 0.141  | -0.143 | 0.034  | -0.171 |
| PET_Hb  | -0.495 | 0.610  | 0.309  | -0.045 | Pap_L         | 0.464  | 0.397  | -0.042 | -0.250 |
| PET_Ha  | 0.067  | -0.388 | -0.168 | 0.155  | Pap_Bo-Bt     | 0.446  | 0.379  | 0.248  | -0.222 |
| PET_PI  | 0.070  | -0.226 | 0.054  | 0.174  | Pap_T         | -0.448 | 0.396  | 0.354  | 0.126  |
| PET_Ond   | -0.703 | 0.396  | 0.031  | -0.085 | Pap_Y         | -0.136 | 0.762  | 0.269  | 0.133  |
| PET_Acan  | 0.445  | -0.127 | -0.029 | 0.014  | Pap_D-Sd      | -0.016 | -0.489 | -0.386 | 0.390  |
| PET_Rev   | 0.298  | 0.056  | -0.004 | -0.182 |               |        |        |        |        |

Tabla 4.10b. Análisis Discriminante de macro depurados & micro-caracteres 135 (120+15). Contribución de las variables a los factores. F1: FLOR (apertura; Sépalos, Pétalos lg, y naturaleza On-Ac; Ratio Pet/Sep; Anteras dehiscentes), SILICUA (ancho de apéndice mayor), SEMILLAS (diámetro mayor y grosor mayor ala), Anteras indehiscentes, RECURSOS ANDROCEO y GINECEO (nº granos, nº óvulos), PAPILAS ESTIGMÁTICAS (lg y formas Bo-T). F2: INDIVIDUO (altura y diámetros), HOJAS (H1 y ratios), FLOR (orificio, Pétalos forma y posición Hb-Ha), SILICUA (pedúnculo y valvas; apéndices ancho, nº de divisiones y áng-1), SEMILLAS (grosor mayorl ala), POLEN (diámetros) y PAPILAS (formas Y-D). F3: HOJAS (lg H2-h5). F4: PÉTALOS (color BI), GINECEO (ovario).

**F1 (39.27%):** FLOR: apertura, Sépalos, Pétalos (lg, posición Hb y naturaleza On-Ac), Ratio Pet/Sep, Androceo (anteras dehiscentes), Gineceo (ancho del estigma), SILICUA (ancho de apéndice mayor), SEMILLAS (diámetro mayor y grosor mayor del ala), Anteras indehiscentes, RECURSOS DEL ANDROCEO (nº de granos), RECURSOS DEL GINECEO (nº de óvulos) y PAPILAS ESTIGMÁTICAS (lg y formas Bo-T).



**F2 (21.14%):** INDIVIDUO: altura máxima y diámetros, HOJAS (H1 y ratios), FLOR: orificio, Pétalos (forma y posición Hb-Ha), SILICUA (talla del pedúnculo y valvas, ancho, nº de divisiones y áng-1 de apéndices), SEMILLAS (grosor mayor del ala), POLEN (diámetros) y PAPILAS ESTIGMÁTICAS (lg y formas Bo-T-Y-D).

**F3 (15.15%):** HOJAS (lg H2-h5) y PAPILAS T-D.

**F4 (8.96%):** PÉTALOS (color BI del limbo), GINECEO (ovario) y PAPILA D.

- En la gráfica F1&F2 (60.41%) se discrimina fuertemente PG del resto de los taxones, algunos de los cuales también se discriminan como PP, PO y PA, el complejo PF se diferencia junto con POA y POVE. En la gráfica F1&F3 (54.41%), el eje F3 discrimina fuertemente a POA y PA del resto de los taxones y poblaciones que también se discriminan excepto la unión PI-PS. La gráfica F1&F4 (48.23%) discrimina a PFCH y POA del resto de los taxones de Gran Canaria que quedan sin diferenciar (Figs.4.19).

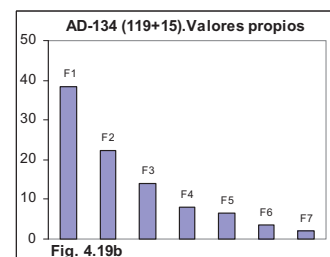
4.3.9.1. Macro y micro-caracteres sin PG&PA. Análisis Discriminantes (134)

Al quitar PG y PA como grupos extremos ya diferenciados, el modelo de AD del conjunto de 134 (que no admite la variable de pétalo horizontal bajo) queda la matriz de 134 (119+15) que se resuelve con 7 Factores (Tabla 4.10c y Fig.4.19b). Los valores propios (discriminantes) en esta matriz de 307x134 caracteres, disminuyen más de la mitad que los de 152 y 141 caracteres aunque los valores de la varianza acumulada discriminatoria de los cuatro primeros factores, que alcanza el 87.14% en este modelo 134 es similar a los de los anteriores análisis sin PG&PA.

| Tabla 4.10c. AD 307x134 (119+15) sin PG & PA. Valores propios y porcentaje de varianza |        |        |        |        |        |        |         |
|--|--------|--------|--------|--------|--------|--------|---------|
|  | F1     | F2     | F3     | F4     | F5     | F6     | F7      |
| Valores propios  | 38.464 | 22.329 | 13.979 | 7.894  | 6.547  | 3.596  | 2.057   |
| % de varianza  | 40.546 | 23.537 | 14.736 | 8.322  | 6.901  | 3.791  | 2.168   |
| % Acumulado  | 40.546 | 64.083 | 78.819 | 87.140 | 94.041 | 97.832 | 100.000 |

En el AD de 134 macro y micro caracteres sin PG&PA, las variables asociadas a cada uno de los cuatro primeros factores se muestran en la Tabla 4.19d de contribución de las variables y representan los siguientes grupos de variables en cada eje o factor:

**F1 (40.55%):** INDIVIDUO: altura y ramificaciones, FLOR: apertura, Sépalos, Pétalos (longitud), ratio Pet/Sep, Androceo (anteras dehiscentes), Anteras indehiscentes, RECURSOS DEL ANDROCEO (nº de granos), RECURSOS DEL GINECEO (nº de óvulos) y PAPILAS ESTIGMÁTICAS (lg y formas Bo-Y).



**F2 (23.54%):** INDIVIDUO: diámetros, HOJAS, FLOR: orificio, Pétalos (naturaleza On-Ac), SILICUA (talla de valvas, ancho y nº divisiones de apéndices) y SEMILLAS (diámetros)

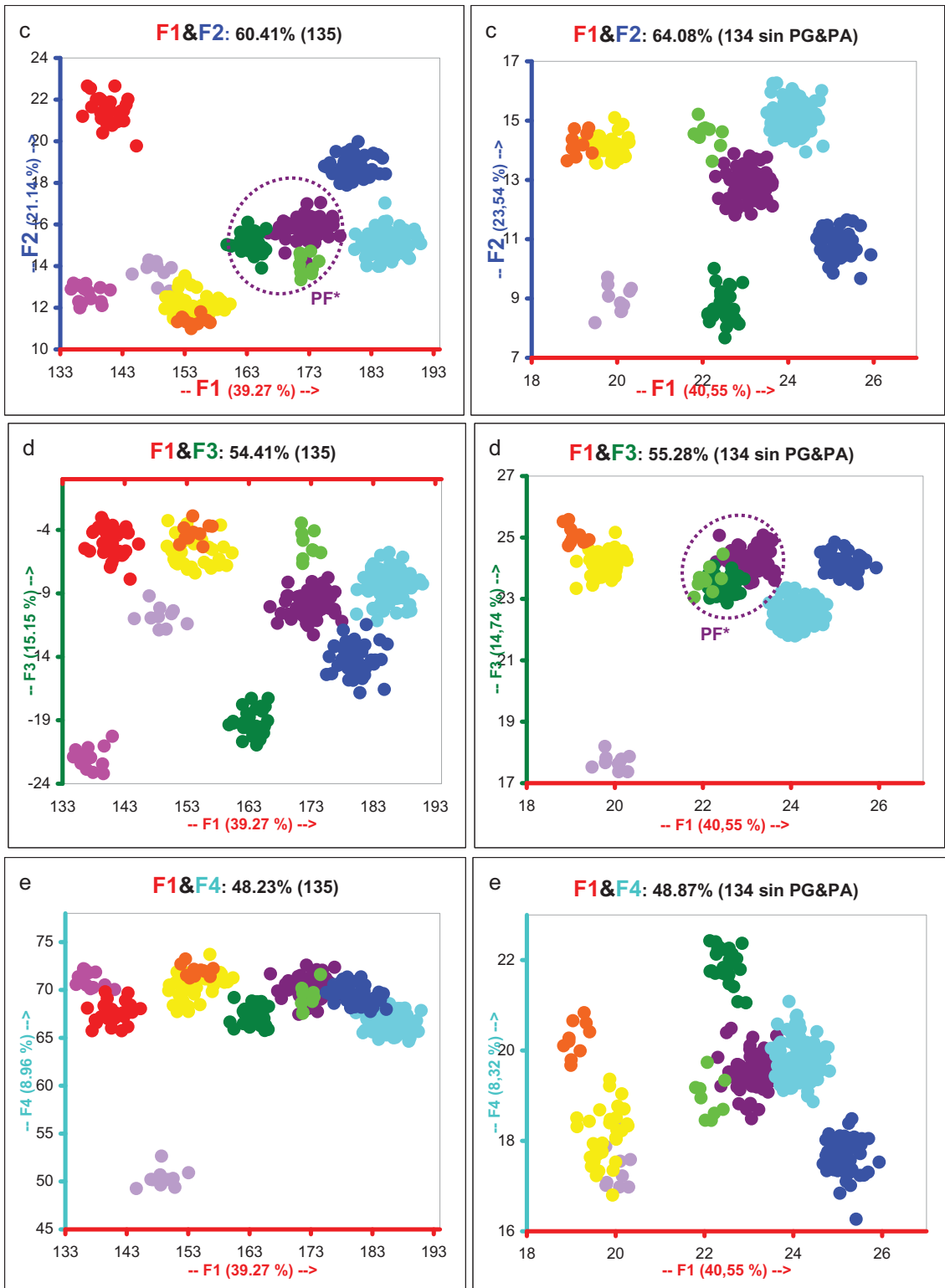
Resultados

| AD- MACRO & MICRO-CARACTERES sin PG & PA 307x134 (119+15) |        |        |        |        |               |        |        |        |        |
|---|--------|--------|--------|--------|---------------|--------|--------|--------|--------|
| Variable  | F1     | F2     | F3     | F4     | Variable      | F1     | F2     | F3     | F4     |
| IND_H   | 0.544  | 0.034  | -0.248 | 0.026  | PET_Col_BI    | -0.085 | -0.283 | -0.297 | 0.134  |
| IND_D1  | 0.127  | -0.285 | 0.215  | -0.107 | PET_Col_Vi    | -0.085 | 0.253  | 0.094  | -0.301 |
| IND_d2  | 0.036  | -0.316 | 0.278  | -0.093 | PET_Col_Rs    | 0.328  | -0.009 | 0.041  | 0.141  |
| IND_H_ra1   | 0.420  | -0.003 | 0.105  | -0.204 | ANTL1_L       | 0.710  | 0.245  | -0.279 | -0.096 |
| IND_N°Tb  | -0.225 | -0.085 | 0.127  | 0.159  | ANTL2_L       | 0.702  | 0.241  | -0.283 | -0.071 |
| H1_L  | 0.368  | -0.552 | -0.002 | 0.107  | ANTL1_Lc      | 0.706  | 0.209  | -0.213 | -0.095 |
| H2_L  | 0.431  | -0.602 | -0.056 | 0.233  | ANTL2_Lc      | 0.710  | 0.214  | -0.211 | -0.092 |
| H3_L  | 0.424  | -0.658 | 0.059  | 0.186  | ANTM1_L       | 0.731  | 0.257  | -0.273 | -0.100 |
| h4_L  | 0.352  | -0.672 | 0.132  | 0.227  | ANTM2_L       | 0.725  | 0.273  | -0.261 | -0.088 |
| h5_L  | 0.157  | -0.631 | 0.084  | 0.288  | ANTM3_L       | 0.737  | 0.248  | -0.286 | -0.110 |
| ratio_H1  | 0.200  | -0.456 | 0.021  | -0.231 | ANTM4_L       | 0.723  | 0.267  | -0.272 | -0.115 |
| ratio_H2  | 0.183  | -0.468 | -0.125 | -0.143 | ANTM1_Lc      | 0.763  | 0.244  | -0.226 | -0.117 |
| ratio_H3  | 0.315  | -0.526 | 0.084  | -0.121 | ANTM2_Lc      | 0.751  | 0.262  | -0.207 | -0.104 |
| ratio_h4  | 0.278  | -0.602 | 0.089  | -0.053 | ANTM3_Lc      | 0.740  | 0.260  | -0.244 | -0.147 |
| ratio_h5  | 0.129  | -0.622 | 0.137  | 0.127  | ANTM4_Lc      | 0.746  | 0.268  | -0.221 | -0.142 |
| Ratio H1_h5_L/A   | 0.229  | -0.657 | 0.074  | -0.118 | OV_L          | 0.312  | -0.240 | -0.217 | -0.022 |
| Fl_ANG_SEP  | -0.444 | -0.238 | 0.269  | -0.064 | ETG_L         | 0.262  | 0.039  | -0.181 | 0.004  |
| Fl_D1   | -0.142 | -0.172 | 0.119  | 0.059  | ETG_A         | 0.242  | -0.017 | -0.185 | 0.039  |
| Fl_d2   | -0.105 | -0.164 | 0.091  | -0.010 | RAC_L         | -0.284 | 0.170  | 0.008  | -0.037 |
| Fl_D1-Cuad  | -0.102 | -0.340 | 0.097  | -0.013 | F_PED_L       | 0.144  | -0.170 | -0.139 | -0.022 |
| Fl_d2-Cuad  | -0.070 | -0.299 | 0.040  | -0.148 | F_ratio_VA    | 0.166  | -0.208 | 0.086  | -0.243 |
| Fl_Or_d2  | 0.134  | -0.393 | 0.036  | -0.067 | F1_V_L        | 0.306  | -0.269 | 0.030  | -0.359 |
| Fl_ratio_Or   | 0.015  | -0.271 | 0.071  | 0.058  | F1_ratio_VA   | 0.303  | -0.321 | 0.061  | -0.334 |
| SEPL1_L   | 0.640  | 0.266  | -0.386 | -0.077 | F2_V_L        | 0.367  | -0.323 | 0.172  | -0.321 |
| SEPL2_L   | 0.639  | 0.268  | -0.387 | -0.074 | F2_ratio_VA   | 0.301  | -0.409 | 0.214  | -0.310 |
| SEPM1_L   | 0.642  | 0.272  | -0.380 | -0.092 | F3_V_L        | 0.165  | -0.360 | 0.129  | -0.258 |
| SEPM2_L   | 0.641  | 0.271  | -0.386 | -0.086 | F3_ratio_VA   | 0.164  | -0.333 | 0.122  | -0.236 |
| SEPL1_Ab  | 0.353  | 0.310  | -0.412 | -0.133 | F_EST_L       | 0.211  | 0.303  | 0.036  | -0.219 |
| SEPL2_Ab  | 0.370  | 0.340  | -0.426 | -0.159 | F_CU_L        | 0.133  | -0.041 | -0.006 | -0.197 |
| SEPL1_Amxa  | 0.363  | 0.281  | -0.365 | -0.256 | F_CU_A        | 0.118  | 0.157  | -0.175 | -0.018 |
| SEPL2_Amxa  | 0.362  | 0.256  | -0.379 | -0.213 | F_ratio_CU    | 0.007  | -0.200 | 0.167  | -0.079 |
| SEPL1_HAmx  | 0.629  | 0.184  | -0.297 | -0.058 | F_ACU_MY_L    | 0.055  | 0.126  | -0.152 | -0.082 |
| SEPL2_HAmx  | 0.619  | 0.192  | -0.330 | -0.070 | F_ACU_MY_A    | 0.090  | 0.297  | -0.196 | -0.086 |
| SEPM1_Ab  | 0.446  | 0.264  | -0.443 | -0.150 | F_ACU_MN_L    | 0.003  | 0.145  | -0.172 | -0.052 |
| SEPM2_Ab  | 0.445  | 0.249  | -0.465 | -0.134 | F_ACU_MN_A    | -0.002 | 0.327  | -0.237 | -0.072 |
| SEPM1_Amxa  | 0.437  | 0.176  | -0.344 | -0.240 | F_ACU_INT_L   | -0.038 | 0.225  | -0.068 | -0.036 |
| SEPM2_Amxa  | 0.406  | 0.189  | -0.417 | -0.217 | F_ACU_NAp     | -0.008 | 0.153  | -0.073 | -0.130 |
| SEPM1_HAmx  | 0.592  | 0.209  | -0.310 | -0.047 | F_ACU_NPr     | 0.142  | 0.032  | 0.051  | -0.219 |
| SEPM2_HAmx  | 0.628  | 0.189  | -0.263 | -0.045 | F_ACU_B2-B3   | 0.176  | 0.051  | -0.013 | -0.269 |
| PET1_L  | 0.454  | 0.003  | -0.317 | -0.046 | F_ACU_MY_NB   | 0.063  | 0.097  | 0.035  | -0.198 |
| PET2_L  | 0.449  | 0.004  | -0.319 | -0.050 | F_ACU_MN_NB   | -0.090 | 0.323  | -0.037 | -0.042 |
| PET3_L  | 0.460  | -0.001 | -0.318 | -0.049 | F_ACU_INT_NB  | -0.094 | 0.228  | -0.068 | -0.028 |
| PET4_L  | 0.458  | 0.016  | -0.326 | -0.047 | F_ACU_BT      | -0.001 | 0.304  | -0.035 | -0.149 |
| PET1_Uñ_L   | 0.586  | 0.075  | -0.254 | -0.129 | F_ACU_ANG1    | -0.141 | 0.225  | -0.040 | -0.078 |
| PET2_Uñ_L   | 0.586  | 0.072  | -0.251 | -0.119 | F_ACU_ANG2    | -0.048 | 0.234  | -0.096 | -0.018 |
| PET3_Uñ_L   | 0.582  | 0.080  | -0.246 | -0.135 | SEM_P         | -0.045 | -0.298 | 0.173  | -0.075 |
| PET4_Uñ_L   | 0.577  | 0.061  | -0.248 | -0.141 | SEM_E         | 0.189  | -0.383 | 0.022  | -0.161 |
| PET1_Uñ_Ab  | 0.284  | -0.252 | -0.212 | 0.024  | SEM_Ala_GrMy  | -0.099 | -0.169 | 0.055  | -0.127 |
| PET2_Uñ_Ab  | 0.258  | -0.220 | -0.287 | -0.052 | SEM_Ala_GrMn  | -0.176 | -0.036 | 0.056  | -0.097 |
| PET3_Uñ_Ab  | 0.245  | -0.226 | -0.213 | 0.049  | SEM_F_Cu-Ci   | 0.142  | 0.049  | -0.075 | -0.012 |
| PET4_Uñ_Ab  | 0.262  | -0.197 | -0.226 | -0.004 | SEM_F_R-E     | -0.164 | -0.149 | 0.059  | 0.056  |
| PET1_Lim_AmX  | -0.107 | -0.193 | 0.130  | -0.317 | SEM_Ala_distr | -0.146 | -0.160 | 0.110  | 0.005  |
| PET2_Lim_AmX  | -0.144 | -0.252 | -0.040 | -0.351 | Polen_P       | -0.027 | 0.229  | 0.015  | 0.340  |
| PET3_Lim_AmX  | -0.131 | -0.229 | -0.020 | -0.342 | Polen_E       | -0.021 | 0.216  | 0.019  | 0.346  |
| PET4_Lim_AmX  | -0.148 | -0.237 | -0.044 | -0.335 | AntL_ind_L    | 0.656  | 0.202  | -0.326 | 0.031  |
| RATIO_LIM   | 0.209  | 0.115  | -0.177 | 0.331  | AntL_ind_A    | 0.154  | -0.022 | -0.128 | 0.084  |
| PET1_Lim_HAmx   | 0.300  | -0.137 | 0.032  | 0.053  | AntM_ind_L    | 0.651  | 0.215  | -0.346 | 0.015  |
| PET2_Lim_HAmx   | 0.278  | -0.244 | -0.049 | -0.050 | AntM_ind_A    | 0.059  | -0.027 | -0.048 | -0.070 |
| PET3_Lim_HAmx   | 0.276  | -0.254 | -0.072 | -0.046 | N° Grs_AntM   | 0.411  | 0.271  | -0.431 | 0.011  |
| PET4_Lim_HAmx   | 0.281  | -0.256 | -0.027 | -0.017 | N° Grs/Fl     | 0.410  | 0.324  | -0.443 | 0.019  |
| ratio_Pet_Sep   | -0.647 | -0.399 | 0.301  | 0.170  | N° Ovus/Fl    | 0.464  | 0.172  | -0.218 | -0.162 |
| PET_Ca  | 0.053  | 0.065  | -0.210 | 0.015  | Ratio P/O     | -0.005 | 0.105  | -0.209 | 0.086  |
| PET_Ha  | -0.254 | -0.145 | 0.199  | -0.018 | Pap_L         | 0.584  | -0.053 | -0.242 | 0.008  |
| PET_PI  | -0.155 | 0.064  | 0.177  | -0.064 | Pap_Bo-Bt     | 0.395  | -0.113 | -0.135 | 0.228  |
| PET_Ond   | -0.362 | -0.485 | 0.012  | -0.049 | Pap_T         | -0.211 | 0.044  | 0.240  | -0.077 |
| PET_Acan  | 0.290  | 0.265  | -0.073 | 0.120  | Pap_Y         | 0.424  | -0.019 | 0.280  | -0.346 |
| PET_Rev   | 0.250  | 0.070  | -0.203 | -0.118 | Pap_D-Sd      | -0.071 | 0.180  | 0.362  | 0.003  |

Tabla 4.10d. Análisis Discriminante de macro-caracteres depurados & micro-caracteres sin PG&PA 307x134 (119+15). Contribución de las variables a los factores. F1: INDIVIDUO (altura y ramificaciones), FLOR (apertura, Sépalos, Pétalos lg, Anteras dehiscentes, Anteras indehiscentes, RECURSOS del ANDROCEO y GINECEO (nº de granos, nº de óvulos), PAPILAS ESTIGMÁTICAS (lg y formas Bo-Y). F2: INDIVIDUO (diámetros), HOJAS, FLOR (orificio, Pétalos naturaleza On-Ac), SILICUA (valvas, apéndices ancho y nº divisiones) y SEMILLAS (diámetros). F3: SÉPALOS (ancho y forma), PÉTALOS (color BI), RECURSOS del ANDROCEO (nº de granos) y PAPILAS D. F4: Pétalos (ancho del limbo), SILICUA (valvas, nº de protuberancias y bifurcaciones de apéndices), POLEN (diámetros).

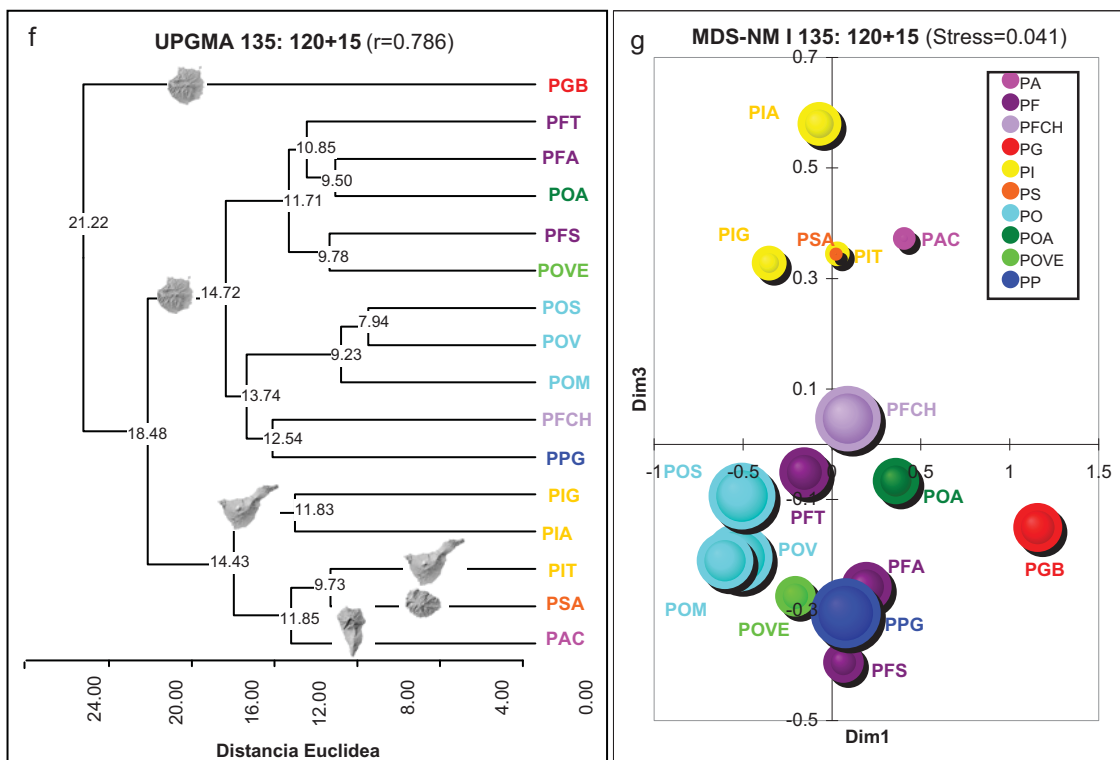


**ANÁLISIS DISCRIMINANTE MACRO-CARACTERES: 135 (120+15) y 134 (119+15)**

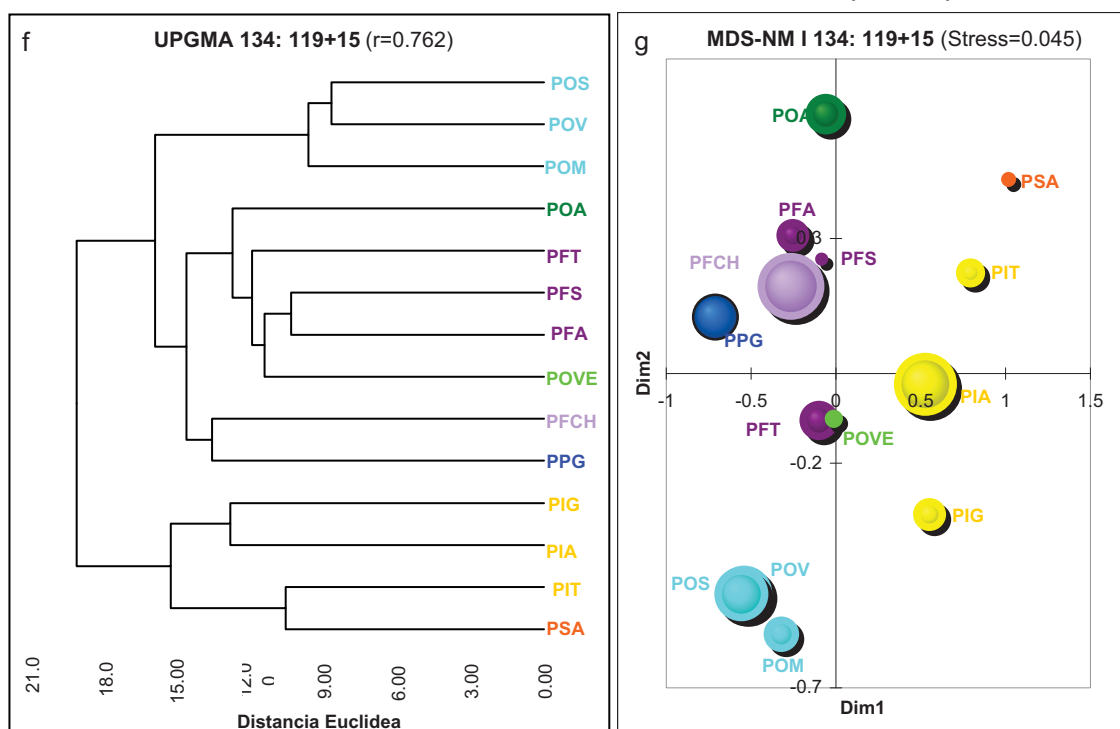


**Figura 4.19.- Análisis Discriminante de macro & micro-caracteres 135 (120+15) y 134 (119+15). Gráficas de factores y variables (351-307 UTOs).** En el análisis 135 los ejes *F1&F2* discriminan fuertemente a PG y también se discriminan PP, PO y PA, en el complejo PF se diferencian POA y POVE y se discrimina PFCH que se relaciona con los taxones de las otras islas; el eje *F3* discrimina fuertemente a POA y PA del resto de taxones que también se discriminan excepto la unión PI-PS; el eje *F4* sólo discrimina a PFCH. En el análisis 134 sin PG&PA los ejes *F1&F2* discriminan a todos los taxones excepto PS-PI y mantienen a PF relacionada con POVE; el eje *F3* discrimina a PFCH del resto de taxones y el eje *F4* discrimina fuertemente a PP y POA .

**TAXONOMÍA NUMÉRICA MACRO & MICRO-CARACTERES: 135 (120+15)**



**TAXONOMÍA NUMÉRICA MACRO & MICRO-CARACTERES: 134 (119+15) sin PG&PA**



**Figura 4.19.- Taxonomía Numérica de macro & micro-caracteres 135 (120+15) y 134 (119+15). Análisis poblacional (16 y 14 UTOs). Fenogramas y MDS-NM.** En el UPGMA-135 se observa la posición aislada de *P. glabriuscula* (PG) como *outgroup*, el complejo PF recupera las agrupaciones PFA-POA, PFT y PFS-POVE como en los UPGMA-155 y 152 y la agrupación PFCH-PP acompaña también al complejo PO. En el fenograma UPGMA-134 sin PG&PA la agrupación PFCH-PP acompaña al complejo PF. El MDS-NM pone de manifiesto las mismas agrupaciones descritas.

**F3** (14.74%): *SÉPALOS* (ancho), *PÉTALOS* (color BI del limbo), *RECURSOS DEL ANDROCEO* (nº de granos) y *PAPILAS D*.

**F4** (8.32%): *HOJAS*, *PÉTALOS* (ancho del limbo), *SILICUA* (valvas, nº de protuberancias y bifurcaciones de apéndices), *POLEN* (diámetros) y *PAPILA Y*.

- En la gráfica de 307 OTUs, los factores *F1&F2* (64.08%) discriminan fuertemente a POA, PFCH y PP del resto de los taxones y poblaciones, de los cuales PO también se discrimina, PF se mantiene relacionada con POVE y se diferencia asociación de PS con PI frente a Gran Canaria. La gráfica *F1&F3* (55.28%) discrimina fuertemente a PFCH del resto de los taxones y poblaciones, PP y PO también se discriminan, se mantiene la asociación de PF con POA y POVE. La gráfica *F1&F4* (48.87%) discrimina a POA, PP y PS (Fig.4.19).

**4.3.10. Nivel poblacional. Macro-Micro-caracteres. Análisis multivariante (135 y 134)**

Los valores poblacionales (16 OTUs) del nivel individuo (351x135) dan resultados similares a los anteriores aunque con algunas diferencias que se observan de manera especial en los *fenogramas* y que quedan reflejados de forma complementaria por los análisis de ordenación (MDS-NM y ACP).

- *Fenogramas de distancias Euclideas (135)*

El *UPGMA-135* (r=0.786) de 120 macro y 15 micro-caracteres es idéntico a los *fenogramas UPGMA-155* y *152* (r= 0.770) pero con mejor resolución, donde el complejo PF recupera las agrupaciones PFA-POA, PFT y PFS-POVE y la agrupación PFCH-PP acompaña también al complejo PO (Fig.4.19).

- *MDS-NM (135)*

El análisis de Proximidad (MDS-NM) de 135 caracteres (120 macro y 15 micro) se resuelve con un bajo índice de distorsión (Stress: 0.041), considerado casi perfecto y explican los cambios ocurridos en los *fenogramas*. En su gráfica se pone de manifiesto la cercanía entre PFCH y PP, observándose asimismo su posición intermedia entre el complejo PF y PO, estando PFCH más cercana a PF y PP más cercana a PO. Asimismo se observa la proximidad de los dos taxones sin adscripción taxonómica, POA y POVE al complejo PF. Por último se observa la estrecha relación entre los tres taxones de las islas occidentales, PS y PA con PI, así como el alejamiento de PIT de sus poblaciones co-específicas (Fig.4.19).

- *ACP (135)*

El análisis de ACP en el conjunto de datos que representa los 135 macro y micro-caracteres depurados se resuelve con 15 Factores (Tabla 4.10e y Fig.4.19). En este ACP-135 aunque se produce un ligero descenso de los valores propios con respecto a los ACP anteriores (ACP-152, 144 y 141) la varianza acumulada es similar (76.38%).

Tabla 4.10e. ACP-351x135 (120+15). Valores propios y porcentaje de varianza

|                        | F1            | F2            | F3            | F4            | F5     | F6     | F7     | F8     | F9     | F10    | F11    | F12    | F13    | F14    | F15     |
|------------------------|---------------|---------------|---------------|---------------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|---------|
| <b>Valores propios</b> | <b>54.048</b> | <b>30.016</b> | <b>10.898</b> | <b>8.154</b>  | 6.841  | 5.206  | 4.745  | 3.897  | 2.501  | 2.152  | 1.905  | 1.521  | 1.311  | 0.955  | 0.851   |
| <b>% varianza</b>      | <b>40.036</b> | <b>22.234</b> | <b>8.072</b>  | <b>6.040</b>  | 5.067  | 3.857  | 3.514  | 2.887  | 1.853  | 1.594  | 1.411  | 1.127  | 0.971  | 0.707  | 0.631   |
| <b>% Acumulado</b>     | <b>40.036</b> | <b>62.269</b> | <b>70.342</b> | <b>76.382</b> | 81.449 | 85.306 | 88.820 | 91.707 | 93.560 | 95.154 | 96.564 | 97.691 | 98.662 | 99.369 | 100.000 |

Las variables asociadas más importantes (>0.40) a cada uno de los cuatro primeros factores se muestran en la Tabla de contribución de las variables (4.10f) que en el ACP de 135 caracteres, representan las siguientes asociaciones respecto a los *factores* o *ejes*:

**F1** (40.04%): *INDIVIDUO*: diámetro menor y tallos basales, *FLOR*: apertura y diámetros, *Sépalos*, *Pétalos* (longitud, ancho, naturaleza On-Ac-Re), *ratio* Pet/Sep, *Androceo* anteras

Resultados

| ACP- MACRO & MICRO-CARACTERES 351x135 (120+15) |        |        |        |        |               |        |        |        |        |
|--|--------|--------|--------|--------|---------------|--------|--------|--------|--------|
| Variable                                       | F1     | F2     | F3     | F4     | Variable      | F1     | F2     | F3     | F4     |
| IND_H  | 0.364  | -0.472 | -0.276 | -0.168 | PET_Col_BI    | 0.120  | -0.691 | -0.016 | -0.073 |
| IND_D1   | -0.478 | -0.262 | 0.579  | -0.276 | PET_Col_Vi    | -0.230 | 0.653  | 0.485  | 0.207  |
| IND_d2   | -0.573 | -0.259 | 0.517  | -0.252 | PET_Col_Rs    | 0.521  | -0.181 | -0.558 | -0.228 |
| IND_H_ra1                                      | 0.499  | -0.256 | -0.597 | 0.133  | ANTL1_L       | 0.975  | 0.041  | -0.038 | 0.086  |
| IND_N°Tb                                       | -0.592 | 0.017  | 0.429  | -0.115 | ANTL2_L       | 0.977  | 0.034  | -0.052 | 0.074  |
| H1_L   | 0.153  | -0.883 | 0.026  | -0.199 | ANTL1_Lc      | 0.952  | 0.047  | -0.006 | 0.083  |
| H2_L   | 0.168  | -0.789 | 0.133  | -0.266 | ANTL2_Lc      | 0.956  | 0.043  | -0.010 | 0.048  |
| H3_L   | 0.096  | -0.751 | 0.213  | -0.259 | ANTM1_L       | 0.974  | 0.027  | -0.040 | 0.086  |
| h4_L   | 0.001  | -0.677 | 0.206  | -0.244 | ANTM2_L       | 0.970  | 0.048  | -0.052 | 0.058  |
| h5_L   | -0.163 | -0.636 | 0.218  | -0.205 | ANTM3_L       | 0.979  | 0.020  | -0.041 | 0.077  |
| ratio_H1                                       | 0.241  | -0.663 | -0.476 | 0.076  | ANTM4_L       | 0.976  | 0.040  | -0.046 | 0.084  |
| ratio_H2                                       | 0.265  | -0.753 | -0.240 | -0.011 | ANTM1_Lc      | 0.960  | 0.037  | -0.043 | 0.036  |
| ratio_H3                                       | 0.258  | -0.815 | -0.176 | -0.069 | ANTM2_Lc      | 0.953  | 0.076  | -0.043 | 0.029  |
| ratio_h4                                       | 0.172  | -0.810 | -0.103 | -0.133 | ANTM3_Lc      | 0.967  | 0.051  | -0.035 | 0.080  |
| ratio_h5                                       | -0.057 | -0.762 | -0.137 | -0.161 | ANTM4_Lc      | 0.960  | 0.074  | -0.048 | 0.071  |
| Ratio H1_h5_L/A                                | 0.190  | -0.760 | -0.310 | -0.121 | OV_L          | 0.709  | -0.476 | 0.185  | 0.210  |
| FI_ANG SEP                                     | -0.901 | -0.244 | 0.136  | -0.147 | ETG_L         | 0.820  | -0.236 | -0.076 | 0.273  |
| FI_D1  | -0.597 | -0.398 | -0.180 | 0.050  | ETG_A         | 0.869  | -0.080 | -0.059 | 0.149  |
| FI_d2  | -0.545 | -0.451 | -0.234 | 0.035  | RAC_L         | -0.384 | 0.104  | 0.252  | 0.754  |
| FI_D1-Cuad                                     | -0.430 | -0.488 | 0.670  | 0.095  | F_PED_L       | 0.342  | -0.760 | 0.070  | 0.182  |
| FI_d2-Cuad                                     | -0.369 | -0.274 | 0.756  | 0.152  | F_ratio_VA    | 0.191  | -0.659 | 0.053  | 0.627  |
| FI_Or_d2                                       | -0.099 | -0.753 | 0.529  | -0.017 | F1_V_L        | 0.316  | -0.639 | -0.125 | 0.615  |
| FI_ratio_Or                                    | -0.278 | -0.794 | -0.071 | -0.150 | F1_ratio_VA   | 0.295  | -0.691 | -0.134 | 0.560  |
| SEPL1_L  | 0.968  | -0.021 | 0.141  | -0.096 | F2_V_L        | 0.224  | -0.671 | -0.322 | 0.525  |
| SEPL2_L  | 0.968  | -0.020 | 0.135  | -0.098 | F2_ratio_VA   | 0.151  | -0.730 | -0.275 | 0.471  |
| SEPM1_L  | 0.968  | -0.013 | 0.140  | -0.085 | F3_V_L        | 0.109  | -0.726 | -0.185 | 0.338  |
| SEPM2_L  | 0.968  | -0.021 | 0.135  | -0.085 | F3_ratio_VA   | 0.111  | -0.741 | -0.247 | 0.369  |
| SEPL1_Ab                                       | 0.828  | 0.244  | 0.348  | 0.108  | F_EST_L       | 0.511  | 0.287  | -0.246 | 0.376  |
| SEPL2_Ab                                       | 0.845  | 0.232  | 0.300  | 0.141  | F_CU_L        | 0.600  | 0.090  | -0.280 | 0.416  |
| SEPL1_Amx                                      | 0.867  | 0.149  | 0.236  | 0.241  | F_CU_A        | 0.730  | 0.488  | 0.268  | -0.083 |
| SEPL2_Amx                                      | 0.870  | 0.146  | 0.240  | 0.192  | F_ratio_CU    | -0.201 | -0.706 | -0.431 | 0.369  |
| SEPL1_HAmx                                     | 0.951  | -0.016 | 0.146  | -0.169 | F_ACU_MY_L    | 0.593  | 0.408  | -0.238 | 0.264  |
| SEPL2_HAmx                                     | 0.951  | -0.015 | 0.142  | -0.178 | F_ACU_MY_A    | 0.538  | 0.761  | 0.032  | -0.054 |
| SEPM1_Ab                                       | 0.891  | 0.086  | 0.222  | 0.137  | F_ACU_MN_L    | 0.547  | 0.444  | -0.200 | 0.301  |
| SEPM2_Ab                                       | 0.897  | 0.059  | 0.222  | 0.091  | F_ACU_MN_A    | 0.460  | 0.767  | 0.010  | 0.017  |
| SEPM1_Amx                                      | 0.898  | 0.065  | 0.198  | 0.219  | F_ACU_INT_L   | 0.171  | 0.573  | 0.414  | 0.556  |
| SEPM2_Amx                                      | 0.891  | 0.038  | 0.148  | 0.233  | F_ACU_Nap     | 0.352  | 0.595  | -0.160 | 0.222  |
| SEPM1_HAmx                                     | 0.928  | -0.010 | 0.176  | -0.208 | F_ACU_NPr     | -0.043 | 0.553  | 0.393  | -0.293 |
| SEPM2_HAmx                                     | 0.917  | -0.001 | 0.191  | -0.216 | F_ACU_B2-B3   | 0.258  | 0.473  | 0.551  | -0.053 |
| PET1_L   | 0.867  | -0.335 | 0.311  | -0.041 | F_ACU_MY_NB   | 0.151  | 0.802  | 0.098  | -0.212 |
| PET2_L   | 0.870  | -0.330 | 0.307  | -0.027 | F_ACU_MN_NB   | 0.098  | 0.882  | -0.011 | 0.112  |
| PET3_L   | 0.872  | -0.330 | 0.305  | -0.044 | F_ACU_INT_NB  | -0.032 | 0.661  | 0.227  | 0.449  |
| PET4_L   | 0.881  | -0.317 | 0.296  | -0.002 | F_ACU_BT      | 0.148  | 0.905  | 0.063  | -0.008 |
| PET1_Uñ_L                                      | 0.937  | -0.102 | 0.265  | -0.084 | F_ACU_ANG1    | 0.253  | 0.726  | -0.199 | 0.035  |
| PET2_Uñ_L                                      | 0.941  | -0.118 | 0.257  | -0.070 | F_ACU_ANG2    | 0.233  | 0.645  | 0.226  | 0.543  |
| PET3_Uñ_L                                      | 0.947  | -0.090 | 0.245  | -0.081 | SEM_P         | -0.511 | -0.613 | 0.120  | 0.060  |
| PET4_Uñ_L                                      | 0.947  | -0.107 | 0.236  | -0.071 | SEM_E         | 0.077  | -0.567 | 0.368  | -0.486 |
| PET1_Uñ_Ab                                     | 0.738  | -0.492 | 0.018  | -0.149 | SEM_Ala_GrMy  | -0.332 | -0.714 | 0.257  | 0.299  |
| PET2_Uñ_Ab                                     | 0.719  | -0.435 | 0.099  | -0.027 | SEM_Ala_GrMn  | -0.430 | -0.489 | 0.138  | 0.518  |
| PET3_Uñ_Ab                                     | 0.712  | -0.412 | 0.088  | -0.134 | %SEM_F_Cu-Ci  | 0.576  | 0.421  | 0.139  | -0.442 |
| PET4_Uñ_Ab                                     | 0.744  | -0.416 | 0.080  | -0.160 | %SEM_F_R-E    | -0.521 | -0.489 | 0.096  | 0.360  |
| PET1_Lim_Amx                                   | -0.460 | -0.019 | 0.775  | 0.187  | SEM_Ala_distr | -0.736 | -0.447 | 0.163  | 0.201  |
| PET2_Lim_Amx                                   | -0.344 | -0.091 | 0.815  | 0.165  | Polen_P       | 0.210  | 0.389  | -0.373 | -0.383 |
| PET3_Lim_Amx                                   | -0.356 | -0.088 | 0.814  | 0.153  | Polen_E       | 0.204  | 0.378  | -0.382 | -0.371 |
| PET4_Lim_Amx                                   | -0.332 | -0.087 | 0.830  | 0.148  | AntL_ind_L    | 0.876  | -0.052 | -0.038 | 0.026  |
| RATIO_LIM                                      | 0.410  | -0.355 | -0.606 | -0.020 | AntL_ind_A    | 0.465  | -0.064 | 0.093  | -0.101 |
| PET1_Lim_HAmx                                  | 0.412  | -0.672 | -0.043 | -0.381 | AntM_ind_L    | 0.902  | -0.059 | -0.071 | 0.034  |
| PET2_Lim_HAmx                                  | 0.473  | -0.721 | 0.091  | -0.343 | AntM_ind_A    | 0.390  | 0.164  | 0.150  | 0.073  |
| PET3_Lim_HAmx                                  | 0.416  | -0.706 | 0.187  | -0.384 | N° Grs_AntM   | 0.936  | 0.036  | -0.004 | 0.132  |
| PET4_Lim_HAmx                                  | 0.459  | -0.710 | 0.128  | -0.336 | N° Grs/ FI    | 0.926  | 0.053  | 0.001  | 0.114  |
| ratio_Pet_Sep                                  | -0.925 | -0.155 | 0.090  | 0.009  | N° Ovus/FI    | 0.928  | -0.096 | -0.067 | 0.304  |
| PET_Ca   | 0.203  | -0.277 | 0.337  | -0.167 | Ratio P/O     | 0.549  | 0.218  | 0.061  | -0.146 |
| PET_Hb   | -0.222 | -0.686 | 0.182  | 0.195  | Pap_L         | 0.800  | -0.419 | -0.064 | -0.198 |
| PET_Ha   | -0.270 | 0.594  | 0.069  | -0.004 | Pap_Bo-Bt     | 0.403  | -0.293 | -0.086 | -0.065 |
| PET_Pi   | -0.284 | 0.641  | 0.006  | 0.244  | Pap_T         | -0.184 | -0.461 | 0.135  | 0.536  |
| PET_Ond  | -0.545 | -0.699 | 0.100  | 0.086  | Pap_Y         | 0.086  | -0.571 | 0.333  | 0.253  |
| PET_Acan                                       | 0.690  | 0.352  | -0.132 | -0.083 | Pap_D-Sd      | -0.276 | 0.429  | -0.138 | -0.179 |
| PET_Rev  | 0.833  | 0.031  | 0.226  | -0.172 |               |        |        |        |        |

Tabla 4.10f. ACP de macro depurados & micro-caracteres 351x135 (120+15). Contribución de las variables a los factores. F1: INDIVIDUO (diámetro y tallos), FLOR (apertura y diámetros; Sépalos; Pétalos lg, ancho uña, naturaleza Ac-Re; ratio Pet/Sep; Anteras dehiscentes; Ginece), SILICUA (estilo, cuernos y apéndices lg), SEMILLAS (contorno del ala y forma Cu-R), Anteras indehiscentes, RECURSOS del ANDROCEO y GINECEO (n° granos, n° óvulos), Ratio P/O y PAPILAS (lg y forma Bo). F2: INDIVIDUO (altura), HOJAS, FLOR (orificio; Pétalos forma, posición Hb-Ha, naturaleza Pl-On y color Bl-Vj), SILICUA (pedúnculo; valvas; ratio Cu; apéndices ancho, n° de divisiones y áng-1&2), SEMILLAS (talla y grosor del ala), PAPILAS Y-D. F3: INDIVIDUO (diámetros y ramificación), FLOR (diámetros; Pétalos ancho y color Rs), SILICUA (n° bifurcaciones de apéndices). F4: RACIMO, SILICUA (apéndice intermedio), SEMILLAS (grosor menor ala) y PAPILAS T.



dehiscentes), *Gineceo* (ovario y estigma), *SILICUA* (talla del estilo, cuernos y apéndices), *SEMILLAS* (contorno del ala y forma Cu-R), *Anteras indehiscentes*, *RECURSOS DEL ANDROCEO* (nº de granos); *RECURSOS DEL GINECEO* (nº de óvulos), *Ratio P/O* y *PAPILAS ESTIGMÁTICAS* (lg y forma Bo).

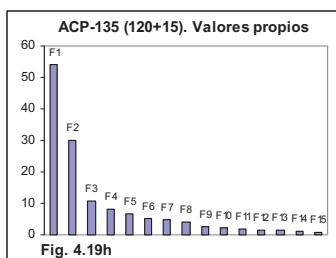


Fig. 4.19h

**F2** (22.23%): *INDIVIDUO*: altura máxima, *HOJAS*, *FLOR*: orificio, *Pétalos* (forma, posición Hb-Ha, naturaleza Pl-On y color Bl-Vi del limbo), *SILICUA* (talla del pedúnculo, valvas, ratio del cuerno, ancho, nº de divisiones y áng-1&2 de apéndices), *SEMILLA* (talla y grosor del ala), *POLEN* (diámetros), *PAPILAS T-Y-D*.

**F3** (8.07): *INDIVIDUO*: diámetros y ramificación, *FLOR*: diámetros y orificio, *Pétalos* (ancho, posición Ca y color Rs del limbo) y *SILICUA* (nº de bifurcaciones de apéndices).

**F4** (6.04%): *RACIMO*, *SILICUA* (talla de valvas, apéndices intermedios y áng-2), *SEMILLAS* (diámetro menor y grosor menor ala) y *PÁPILAS T-Y*.

En el ACP-135 no se producen cambios de variables de un factor a otro como en anteriores análisis, siendo las gráficas prácticamente iguales a los de los ACP-155, 152 y 144.

- En las *representaciones bidimensionales*, la gráfica *F1&F2* (62.27%) mantiene la asociación bastante estrecha del complejo PF, no muy alejada de la unión PP-PFCH, *P. ornata* sigue aislada pero bastante cohesionada entre si, las islas occidentales muy cercanas entre si, y por último PG en una posición bastante aislada del resto de los taxones. En la gráfica *F1&F3* (48.11%), el eje *F3* dispersa el conjunto poblacional de PF y acerca a PG y POA, poblaciones de Gran Canaria a los taxones de las islas occidentales. Asimismo, aleja a PIA (*P.intermedia*) de las poblaciones co-específicas sucediendo otro tanto con POM (PO). Por último, la unión PP-PFCH se acerca a *P. ornata* alejándose del complejo PF (Fig.4.19).

- En las *representaciones tridimensionales*, la gráfica *F1&F2&F3* (70.34%), el eje *F3* aleja las poblaciones que constituyen el complejo PF y también a POM de POS-POV. En la gráfica *F1&F2&F4* (68.31%) se acentúa el distanciamiento de las poblaciones de *P.intermedia* destacando PIA en particular (Anexo 4.2).

#### 4.3.10.1 Análisis multivariantes sin PG&PA. Macro y micro-caracteres (134)

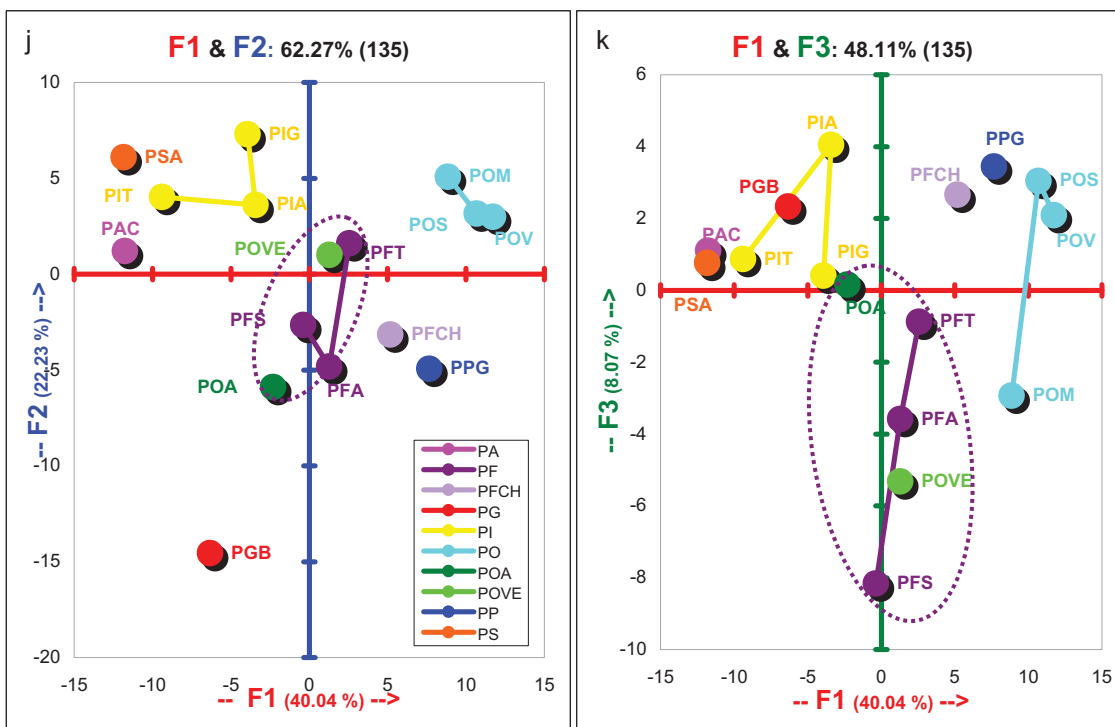
- *Fenogramas de distancias Euclideas (134) sin PG ni PA*

Las agrupaciones eliminando a PG&PA en la matriz de 134 caracteres son diferentes de anteriores análisis porque cambian las agrupaciones internas del complejo PF aunque con mejor resolución. En el *fenograma UPGMA* de la matriz de 134x307 UTOs sin PG&PA ( $r=0.762$ ) el complejo PF se resuelve con las agrupaciones PFS-PFA y POVE, PFT manteniendo a POA como *outgroup* del complejo, además la agrupación PFCH-PP acompaña al complejo PF a diferencia del *UPGMA-151* (Fig.4.19).

- *MDS-NM (134) sin PG ni PA*

El análisis de Proximidad (MDS-NM) se resuelve con un bajo índice de distorsión (Stress:0.045) considerados casi perfecto y justifican, los cambios ocurridos en los *fenogramas*. En su gráfica se produce un alejamiento entre PFCH y PP con respecto a anteriores análisis, observándose el acercamiento de PFCH al complejo PF. Asimismo se observa la proximidad de los dos taxones sin adscripción taxonómica, POA y POVE al complejo PF. Por último se observa la estrecha relación entre los dos taxones de las islas occidentales, PS y PI, siendo PIT la población más cercana a este último taxon (Fig.4.19).

TAXONOMÍA NUMÉRICA MACRO & MICRO-CARACTERES: ACP-135 (120+15)



TAXONOMÍA NUMÉRICA MACRO & MICRO-CARACTERES: ACP-134 (119+15) sin PG&PA

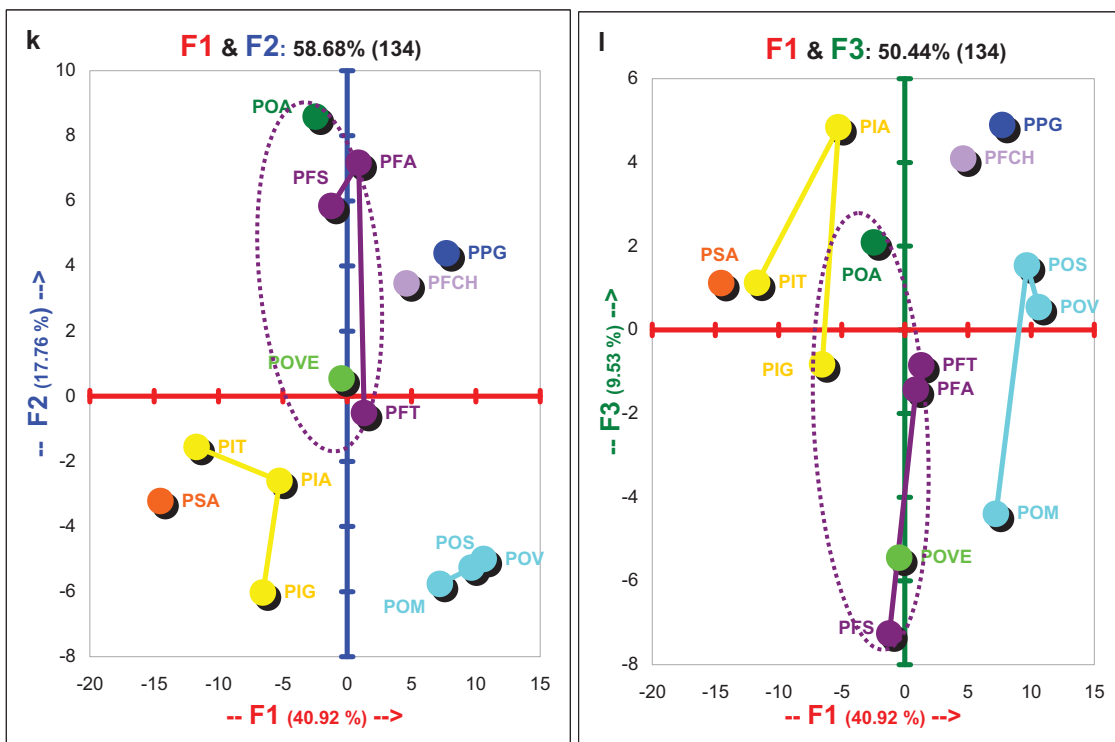


Figura 4.19.-Taxonomía Numérica de macro & micro-caracteres 135 (120+15) y 134 (119+15) sin PG&PA. ACP (351 UTOs). Gráficas bidimensionales. En el análisis de 135 la gráfica  $F1&F2$  mantiene la asociación bastante estrecha del complejo PF, no muy alejada de PP-PFCH, las islas occidentales se sitúan muy cercanas entre si y PG en una posición bastante aislada del resto de los taxones. El eje  $F3$  dispersa el conjunto poblacional de PF, acerca la asociación PFCH-PP al complejo PO en el que se distancia PO y acerca a PG y POA a los taxones de las islas occidentales. En el análisis 134 sin PG&PA la gráfica  $F1&F2$  como en análisis anteriores mantiene la dispersión del complejo PF causada por el eje  $F2$ .

- ACP (134) sin PG ni PA

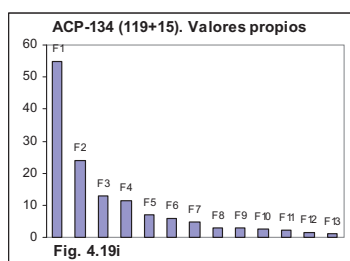
Los análisis de ACP en el conjunto de datos que representa los 134 macro y microcaracteres depurados sin PG ni PA se resuelven con 13 Factores (Tabla 4.10g y Fig.4.19).

Tabla 4.10g. ACP-307x134 (119+15) sin PG & PA. Valores propios y porcentaje de varianza

|                 | F1     | F2     | F3     | F4     | F5     | F6     | F7     | F8     | F9     | F10    | F11    | F12    | F13     |
|-----------------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|---------|
| Valores propios | 54.826 | 23.799 | 12.765 | 11.258 | 6.889  | 5.927  | 4.812  | 3.112  | 2.865  | 2.680  | 2.354  | 1.489  | 1.224   |
| % varianza      | 40.915 | 17.760 | 9.526  | 8.402  | 5.141  | 4.423  | 3.591  | 2.323  | 2.138  | 2.000  | 1.757  | 1.111  | 0.913   |
| % Acumulado     | 40.915 | 58.675 | 68.202 | 76.604 | 81.745 | 86.168 | 89.759 | 92.081 | 94.219 | 96.219 | 97.976 | 99.087 | 100.000 |

Tanto los *valores propios* como la *varianza acumulada* de los cuatro primeros factores (76.60%) son similares a los de análisis anteriores (ACP-151, 137 sin PG&PA).

Las variables asociadas más importantes (>0.40) a cada uno de los cuatro primeros factores se muestran en la Tabla de contribución de las variables (4.10h) que en el ACP de 134 caracteres, representan las siguientes asociaciones respecto a los *factores* o *ejes*:



**F1 (40.92%):** *INDIVIDUO*: altura máxima y tallos basales, *FLOR*: apertura y diámetros, *Sépalos*, *Pétalos* (lg, ancho, forma, posición Ha y naturaleza PI-Ac-Re), *ratio Pet/Sep*, *Androceo* (anteras dehiscentes), *Gineceo* (ovario y estigma), *SILICUA* (talla de pedúnculo, estilo, cuernos y lg de apéndice mayor), *SEMILLAS* (contorno del ala y grosor menor del ala), *Anteras indehiscentes*, *RECURSOS DEL ANDROCEO* (nº de granos); *RECURSOS DEL GINECEO*

(nº de óvulos), *Ratio P/O* y *PAPILAS* (longitud).

**F2 (17.76%):** *HOJAS*, *FLOR*: orificio, *Pétalos* (naturaleza On y color BI-Vi), *SILICUA* (talla de valvas, ratio del cuerno, ancho, nº de divisiones y ang-1& 2 de apéndices), *SEMILLAS* (diámetros) y *PAPILAS* Bo.

**F3 (9.53%):** *INDIVIDUO*: diámetros y ramificaciones, *FLOR*: diámetros y orificio, *Pétalos* (ancho del limbo y color Rs), *SILICUA* (estilo), *SEMILLAS* (diámetro menor), *POLEN* (diámetros) y *PAPILAS* Y-D.

**F4 (8.40%):** *PÉTALOS* (posición Ca), *RACIMO*, *SILICUA* (talla de valvas, lg cuerno y apéndice menor, apéndice intermedio y nº de apéndices), *SEMILLAS* (grosor del ala y forma Cu-R), *PÁPILAS* T-Y.

- En las *representaciones bidimensionales*, la *gráfica F1&F2* (58.68%) como en análisis anteriores mantiene la dispersión del complejo PF causada por el eje F2. Además se sigue manteniendo la cercanía estrecha con la asociación PP-PFCH y un alejamiento de *P. ornata* con respecto a los otros taxones. En la *gráfica F1&F3* (50.44%) el eje F3 dispersa el conjunto poblacional de PF destacando la lejanía de POA. Asimismo, aleja a las poblaciones de PI sucediendo otro tanto con POM (población de PO). Por último, la unión PP-PFCH se acerca a *P. ornata* alejándose del complejo PF (Figs.4.19).

- En las *representaciones tridimensionales*, la *gráfica F1&F2&F3* (68.20%), el eje F3 causa la dispersión del complejo PF, como en ACP anteriores, destacando además la lejanía de POM del resto de poblaciones de *P. ornata*. El eje F4 (67.08%) produce un gran alejamiento de PIA con respecto a sus poblaciones co-específicas (PI) y también se observa un cierto distanciamiento entre PS y PIT (Anexo-Figs.4.19).

Resultados

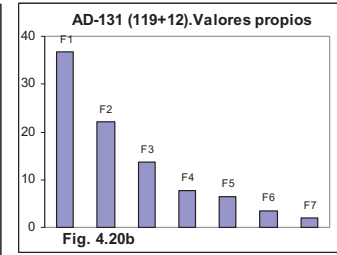
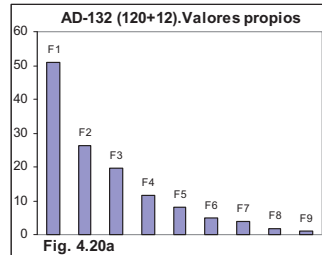
| ACP- MACRO & MICRO-CARACTERES sin PG & PA 307x134 (119+15) |        |        |        |        |               |        |        |        |        |
|--|--------|--------|--------|--------|---------------|--------|--------|--------|--------|
| Variable   | F1     | F2     | F3     | F4     | Variable      | F1     | F2     | F3     | F4     |
| IND_H  | 0.805  | 0.287  | -0.436 | -0.062 | PET_Col_BI    | 0.246  | 0.610  | 0.115  | 0.032  |
| IND_D1   | -0.264 | 0.103  | 0.677  | -0.323 | PET_Col_Vi    | -0.392 | -0.637 | 0.417  | 0.107  |
| IND_d2   | -0.440 | 0.075  | 0.587  | -0.356 | PET_Col_Rs    | 0.565  | 0.163  | -0.606 | -0.231 |
| IND_H_ra1  | 0.497  | 0.281  | -0.560 | 0.113  | ANTL1_L       | 0.962  | -0.121 | -0.059 | 0.089  |
| IND_N°Tb   | -0.578 | -0.072 | 0.466  | -0.217 | ANTL2_L       | 0.964  | -0.113 | -0.078 | 0.071  |
| H1_L   | 0.458  | 0.803  | 0.165  | -0.117 | ANTL1_Lc      | 0.932  | -0.129 | -0.028 | 0.092  |
| H2_L   | 0.452  | 0.733  | 0.286  | -0.130 | ANTL2_Lc      | 0.940  | -0.122 | -0.038 | 0.064  |
| H3_L   | 0.387  | 0.714  | 0.379  | -0.103 | ANTM1_L       | 0.959  | -0.134 | -0.084 | 0.072  |
| h4_L   | 0.327  | 0.695  | 0.370  | -0.057 | ANTM2_L       | 0.951  | -0.152 | -0.100 | 0.037  |
| h5_L   | 0.182  | 0.695  | 0.382  | -0.032 | ANTM3_L       | 0.966  | -0.116 | -0.080 | 0.073  |
| ratio_H1   | 0.290  | 0.789  | -0.271 | 0.147  | ANTM4_L       | 0.959  | -0.145 | -0.088 | 0.064  |
| ratio_H2   | 0.368  | 0.803  | -0.041 | 0.104  | ANTM1_Lc      | 0.943  | -0.116 | -0.076 | 0.023  |
| ratio_H3   | 0.412  | 0.860  | 0.038  | 0.090  | ANTM2_Lc      | 0.930  | -0.160 | -0.085 | 0.005  |
| ratio_h4   | 0.336  | 0.862  | 0.119  | 0.043  | ANTM3_Lc      | 0.949  | -0.142 | -0.078 | 0.073  |
| ratio_h5   | 0.163  | 0.909  | 0.094  | 0.064  | ANTM4_Lc      | 0.939  | -0.149 | -0.084 | 0.051  |
| Ratio H1_h5_L/A  | 0.238  | 0.882  | -0.074 | -0.041 | OV_L          | 0.761  | 0.295  | 0.279  | 0.237  |
| FI_ANG SEP   | -0.918 | 0.097  | 0.114  | -0.288 | ETG_L         | 0.817  | 0.064  | -0.094 | 0.256  |
| FI_D1  | -0.548 | 0.280  | -0.254 | -0.149 | ETG_A         | 0.840  | 0.081  | 0.000  | 0.174  |
| FI_d2  | -0.439 | 0.376  | -0.291 | -0.096 | RAC_L         | -0.326 | -0.317 | 0.150  | 0.718  |
| FI_D1-Cuad   | -0.298 | 0.250  | 0.832  | 0.074  | F_PED_L       | 0.577  | 0.540  | 0.148  | 0.093  |
| FI_d2-Cuad   | -0.214 | 0.176  | 0.884  | 0.236  | F_ratio_VA    | 0.282  | 0.480  | 0.166  | 0.662  |
| FI_Or_d2   | 0.233  | 0.531  | 0.723  | 0.047  | F1_V_L        | 0.396  | 0.476  | -0.057 | 0.648  |
| FI_ratio_Or  | 0.072  | 0.908  | 0.080  | 0.067  | F1_ratio_VA   | 0.375  | 0.577  | -0.034 | 0.580  |
| SEPL1_L  | 0.957  | -0.173 | 0.090  | -0.144 | F2_V_L        | 0.340  | 0.505  | -0.338 | 0.517  |
| SEPL2_L  | 0.958  | -0.170 | 0.083  | -0.143 | F2_ratio_VA   | 0.256  | 0.634  | -0.223 | 0.457  |
| SEPM1_L  | 0.956  | -0.187 | 0.083  | -0.136 | F3_V_L        | 0.211  | 0.750  | 0.003  | 0.379  |
| SEPM2_L  | 0.959  | -0.179 | 0.076  | -0.131 | F3_ratio_VA   | 0.224  | 0.728  | -0.092 | 0.386  |
| SEPL1_Ab   | 0.753  | -0.476 | 0.249  | 0.038  | F_EST_L       | 0.500  | -0.315 | -0.367 | 0.456  |
| SEPL2_Ab   | 0.776  | -0.471 | 0.187  | 0.085  | F_CU_L        | 0.532  | 0.206  | -0.174 | 0.611  |
| SEPL1_Amx  | 0.801  | -0.370 | 0.174  | 0.252  | F_CU_A        | 0.686  | -0.512 | 0.255  | -0.077 |
| SEPL2_Amx  | 0.809  | -0.350 | 0.182  | 0.216  | F_ratio_CU    | -0.068 | 0.654  | -0.446 | 0.413  |
| SEPL1_HAmx   | 0.940  | -0.151 | 0.098  | -0.238 | F_ACU_MY_L    | 0.539  | -0.111 | -0.213 | 0.527  |
| SEPL2_HAmx   | 0.942  | -0.153 | 0.086  | -0.234 | F_ACU_MY_A    | 0.473  | -0.726 | 0.071  | 0.071  |
| SEPM1_Ab   | 0.848  | -0.338 | 0.120  | 0.067  | F_ACU_MN_L    | 0.462  | -0.191 | -0.180 | 0.546  |
| SEPM2_Ab   | 0.861  | -0.309 | 0.124  | 0.032  | F_ACU_MN_A    | 0.321  | -0.695 | 0.042  | 0.172  |
| SEPM1_Amx  | 0.854  | -0.245 | 0.157  | 0.227  | F_ACU_INT_L   | 0.041  | -0.676 | 0.291  | 0.541  |
| SEPM2_Amx  | 0.846  | -0.228 | 0.110  | 0.228  | F_ACU_NAp     | 0.316  | -0.219 | -0.110 | 0.731  |
| SEPM1_HAmx   | 0.914  | -0.210 | 0.100  | -0.292 | F_ACU_NPr     | -0.054 | -0.490 | 0.402  | -0.343 |
| SEPM2_HAmx   | 0.906  | -0.198 | 0.117  | -0.283 | F_ACU_B2-B3   | 0.259  | -0.532 | 0.506  | -0.029 |
| PET1_L   | 0.928  | 0.048  | 0.290  | -0.061 | F_ACU_MY_NB   | -0.021 | -0.647 | 0.293  | -0.128 |
| PET2_L   | 0.928  | 0.048  | 0.290  | -0.046 | F_ACU_MN_NB   | -0.133 | -0.789 | 0.019  | 0.437  |
| PET3_L   | 0.929  | 0.055  | 0.290  | -0.059 | F_ACU_INT_NB  | -0.259 | -0.640 | 0.161  | 0.319  |
| PET4_L   | 0.932  | 0.038  | 0.285  | -0.030 | F_ACU_BT      | -0.077 | -0.882 | 0.147  | 0.178  |
| PET1_Uñ_L  | 0.945  | -0.096 | 0.231  | -0.065 | F_ACU_ANG1    | -0.124 | -0.373 | -0.117 | 0.349  |
| PET2_Uñ_L  | 0.950  | -0.082 | 0.228  | -0.058 | F_ACU_ANG2    | 0.025  | -0.719 | 0.120  | 0.490  |
| PET3_Uñ_L  | 0.956  | -0.092 | 0.215  | -0.059 | SEM_P         | -0.253 | 0.589  | 0.164  | 0.231  |
| PET4_Uñ_L  | 0.955  | -0.074 | 0.211  | -0.049 | SEM_E         | 0.194  | 0.554  | 0.537  | -0.435 |
| PET1_Uñ_Ab   | 0.766  | 0.434  | 0.132  | -0.151 | SEM_Ala_GrMy  | -0.391 | 0.375  | 0.473  | 0.506  |
| PET2_Uñ_Ab   | 0.744  | 0.318  | 0.193  | 0.009  | SEM_Ala_GrMn  | -0.572 | 0.048  | 0.126  | 0.651  |
| PET3_Uñ_Ab   | 0.725  | 0.332  | 0.184  | -0.098 | %SEM_F_Cu-Ci  | 0.421  | -0.359 | 0.194  | -0.668 |
| PET4_Uñ_Ab   | 0.766  | 0.323  | 0.171  | -0.118 | %SEM_F_R-E    | -0.339 | 0.331  | 0.073  | 0.595  |
| PET1_Lim_Amx   | -0.307 | -0.155 | 0.832  | 0.270  | SEM_Ala_distr | -0.650 | 0.443  | 0.279  | 0.281  |
| PET2_Lim_Amx   | -0.189 | -0.054 | 0.890  | 0.277  | Polen_P       | 0.150  | -0.168 | -0.413 | -0.208 |
| PET3_Lim_Amx   | -0.179 | -0.086 | 0.888  | 0.285  | Polen_E       | 0.157  | -0.128 | -0.411 | -0.176 |
| PET4_Lim_Amx   | -0.176 | -0.068 | 0.901  | 0.267  | AntL_ind_L    | 0.884  | -0.104 | -0.115 | 0.094  |
| RATIO_LIM  | 0.482  | 0.320  | -0.627 | 0.008  | AntL_ind_A    | 0.573  | 0.095  | 0.124  | 0.134  |
| PET1_Lim_HAmx  | 0.593  | 0.414  | -0.068 | -0.565 | AntM_ind_L    | 0.904  | -0.109 | -0.154 | 0.086  |
| PET2_Lim_HAmx  | 0.655  | 0.512  | 0.150  | -0.369 | AntM_ind_A    | 0.412  | -0.108 | 0.164  | 0.335  |
| PET3_Lim_HAmx  | 0.585  | 0.492  | 0.258  | -0.463 | N° Grs_AntM   | 0.909  | -0.107 | -0.023 | 0.175  |
| PET4_Lim_HAmx  | 0.621  | 0.490  | 0.184  | -0.437 | N° Grs/ FI    | 0.894  | -0.134 | -0.026 | 0.164  |
| ratio_Pet_Sep  | -0.928 | 0.189  | 0.155  | -0.040 | N° Ovus/FI    | 0.916  | -0.058 | -0.098 | 0.282  |
| PET_Ca   | 0.272  | -0.300 | 0.222  | -0.497 | Ratio P/O     | 0.470  | -0.132 | 0.075  | 0.009  |
| PET_Ha   | -0.713 | -0.032 | 0.378  | 0.104  | Pap_L         | 0.855  | 0.236  | -0.070 | -0.286 |
| PET_Pi   | -0.647 | -0.421 | 0.038  | 0.062  | Pap_Bo-Bt     | 0.245  | 0.343  | 0.064  | -0.336 |
| PET_Ond  | -0.462 | 0.594  | 0.156  | 0.118  | Pap_T         | -0.120 | 0.191  | 0.195  | 0.626  |
| PET_Acan   | 0.696  | -0.293 | -0.244 | -0.017 | Pap_Y         | 0.289  | 0.097  | 0.375  | 0.212  |
| PET_Rev  | 0.818  | -0.152 | 0.187  | -0.177 | Pap_D-Sd      | -0.184 | -0.289 | -0.323 | -0.024 |

Tabla 4.10h. ACP macro & micro-caracteres sin PG&PA de 307x134 (119+15). Contribución de las variables a los factores. F1: INDIVIDUO (altura y tallos), FLOR (apertura y diámetros; Sépalos; Pétalos lg, ancho uña, forma, posición Ha y naturaleza Pl-Ac-Re; ratio Pet/Sep; Anteras dehiscentes; Gineceo), SILICUA (pedúnculo, estilo, cuernos y lg apéndice mayor), SEMILLAS (contorno del ala), Anteras indehiscentes, RECURSOS del ANDROCEO y GINECEO (n° de granos, n° de óvulos), Ratio P/O, PAPILAS (lg). F2: HOJAS, FLOR (orificio, Pétalos naturaleza On y color Bi-Vi), SILICUA (valvas; ratio Cu; apéndices ancho, n° divisiones y ang-1&2), SEMILLAS (diámetro) y PAPILAS Bo. F3: INDIVIDUO (diámetros y ramificaciones), FLOR (diámetros y orificio; Pétalos ancho limbo y color Rs), SEMILLAS (diámetro menor), POLEN (diámetros) y PAPILAS Y-D. F4: PÉTALOS (posición Ca), RACIMO, SILICUA (valvas, lg apéndice menor y n° apéndices), SEMILLAS (grosor del ala y forma Cu-R), PAPILAS T.

**4.3.11. Depuración de macro y micro-caracteres. Análisis Discriminante (132 y 131)**

La matriz 132 (120+12) procede de la depuración de 6 caracteres macro-morfológicos de la matriz 141 (126+15) que se despoja a continuación de tres caracteres micro-morfológicos (*AntL\_ind\_A*, *AntM\_ind\_A* y *Ratio P/O*) y se convierte en la matriz 132 (120+12).

El modelo de AD de 132 macro y micro-caracteres



depurados se resuelve con 9 Factores (Tabla 4.11a y Fig.4.20a). Los *valores propios* en esta matriz son ligeramente más bajos que en los *AD-152*, *AD-141* y *138* aunque la *varianza acumulada* de los cuatro primeros factores que alcanza el 84.62% en la matriz de 132 caracteres, presenta valores similares a los análisis anteriores

En el *AD de 132 macro y micro-caracteres* los grupos de variables más importantes asociadas a cada uno de los cuatro primeros factores (con carga factorial >0.4) se muestran en la Tabla de contribución de las variables (Anexo 4.2), Tabla 4.16 resumen de Factores y Caracteres asociados. En el *AD-132*, la depuración de 20 caracteres mantiene las mismas asociaciones de poblaciones y taxones del *AD-152*, 141 y 138 y 135 como se pone de manifiesto en la Tabla 4.14 resumen de Análisis Discriminante y Anexo 4.2.

|                 | F1     | F2     | F3     | F4     | F5     | F6     | F7     | F8     | F9      |
|-----------------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|---------|
| Valores propios | 50.722 | 26.489 | 19.717 | 11.496 | 7.973  | 4.919  | 3.984  | 1.631  | 1.202   |
| % de varianza   | 39.585 | 20.673 | 15.388 | 8.972  | 6.222  | 3.839  | 3.109  | 1.273  | 0.938   |
| % Acumulado     | 39.585 | 60.258 | 75.646 | 84.618 | 90.840 | 94.679 | 97.788 | 99.062 | 100.000 |

|                 | F1     | F2     | F3     | F4     | F5     | F6     | F7      |
|-----------------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|---------|
| Valores propios | 36.853 | 22.090 | 13.726 | 7.730  | 6.404  | 3.587  | 1.999   |
| % de varianza   | 39.889 | 23.910 | 14.856 | 8.367  | 6.932  | 3.882  | 2.164   |
| % Acumulado     | 39.889 | 63.799 | 78.655 | 87.022 | 93.954 | 97.836 | 100.000 |

Al quitar PG y PA como grupos extremos ya diferenciados, el modelo de AD del conjunto de 132 macro y micro-caracteres (que no admite la variable de pétalo horizontal bajo) configura la matriz de 131 (119+12) que se resuelve con 7 Factores (Tabla 4.11b y Fig.4.20b).

En el *AD de 131 macro y micro caracteres sin PG&PA*, las variables asociadas a cada uno de los cuatro primeros factores se muestran en la Tablas de contribución de las variables (Anexo 4.2) y Tabla 4.16 resumen de *Factores y Caracteres asociados* y representan los siguientes grupos de variables en cada *eje o factor*. En la *representación gráfica* los distintos ejes, mantienen prácticamente las mismas asociaciones de poblaciones y taxones de AD anteriores (Tabla 4.14 resumen de Análisis Discriminante y Anexo 4.2).

**4.3.11. Nivel poblacional. Macro-Micro-caracteres. Análisis multivariante (132 y 131)**

Los valores poblacionales (16 OTUs) del nivel individuo (351x132) dan resultados similares a los anteriores aunque con algunas diferencias que se observan de manera



especial en los *fenogramas* y que quedan reflejados de forma complementaria por los análisis de ordenación (MDS-NM y ACP).

En todos los análisis (UPGMA, MDS-NM y ACP) se observa que el complejo PF se resuelve con mismas las agrupaciones (PFA-POA, PFT y PFS-POVE) que análisis anteriores (UPGMA-135) aunque a diferencia del anterior, la agrupación PFCH-PP acompaña al complejo PF (Tabla 4.16 resumen de Factores y caracteres asociados, Tabla 4.15 resumen de Taxonomía Numérica y Anexo 4.2).

Las agrupaciones eliminando a PG&PA son prácticamente las mismas que el análisis anterior de 351x131, aunque se observa un aumento de las distancias Euclideas que se refleja en una menor resolución (Tabla 4.16 resumen de Factores y caracteres asociados, Tabla 4.15 resumen de Taxonomía Numérica y Anexo 4.2).

#### 4.3.12. Correlaciones y Depuración de caracteres. Análisis Discriminantes (125 y 124)

Para esta depuración de caracteres se parte del total de 171 caracteres morfológicos (vegetativos y reproductivos) teniendo en cuenta los resultados del análisis de correlación (Spearman) en el que solo se consideran para su eliminación los coeficientes (r) que superan el 0.760 en el nivel de significación  $\alpha=0.05$ . Se tiene en cuenta además los caracteres del análisis discriminante de macro & micro-caracteres AD-152 (137+15) cuyo peso (*factor loading*) supera el 0.3.

Se construye así una nueva MATRIZ-125 ligeramente diferente a la Matriz-152 que está integrada por 125 caracteres (113 macro y 12 micro-caracteres):

(i) De los 113 macro-caracteres, 11 no se encuentran presentes en la Matriz-152 y están referidos a los grupos de las hojas (ancho) y valvas: *H1\_A-h5\_A* (5), *H\_A* (1), *Ratio H\_L/A* (1), *F1\_V\_A- F3\_V\_A* (3) y *F\_Valva\_A* (1). En ambos grupos (hojas y valvas) teniendo en cuenta la correlación de variables, se sustituye las longitudes por los anchos, también un carácter vegetativo (*IND\_d2*) con peso de 0.417 y cuatro que pertenecen a los sépalos (*SEP\_Ab*) con pesos de hasta 0.627, aunque en realidad hay que destacar que se sustituyen caracteres con pesos a tener en cuenta (0.66-0.30).

(ii) El resto de los caracteres de la MATRIZ-125 son los de la Matriz 152 en la que se han eliminado 25 CARACTERES de los cuales 17 pertenecen a la flor: *PET\_Uñ\_Ab* (4), *PET\_Uñ\_Aa* (4), *PET\_Ca* (1), *PET\_Pi* (1), *EST\_Fi\_L* (6), *ETL\_L* (1), cinco al fruto: *RAC\_PED\_L* (1), *F\_ACU\_NB* (3), *F\_ACU\_ANG3* (1) con pesos de hasta 0.409 y tres a los recursos del androceo y gineceo: *Ant\_ind\_A* (2), *Ratio P/O* (1) con pesos bajos <0.4.

El nuevo modelo de AD 125 (113+12) se resuelve con 9 Factores (Tablas 4.12a y Fig.4.21a). Aunque no se superan los valores propios del AD-152 (56.60 en la Tabla 4.7a), si que superan los porcentajes de varianza acumulada de los cuatro primeros factores que del 83.36% suben al 84.49%.

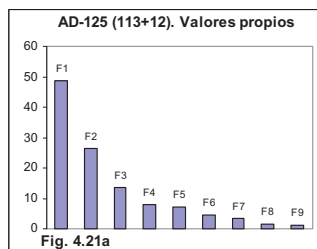
| Tabla 4.12a. AD-351x125 (113+12). Valores propios y porcentaje de varianza |        |        |        |        |        |        |        |        |         |
|--|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|---------|
|  | F1     | F2     | F3     | F4     | F5     | F6     | F7     | F8     | F9      |
| Valores propios  | 48.686 | 26.262 | 13.579 | 7.958  | 7.287  | 4.556  | 3.236  | 1.633  | 1.005   |
| % de varianza  | 42.631 | 22.996 | 11.891 | 6.969  | 6.381  | 3.990  | 2.834  | 1.430  | 0.880   |
| % Acumulado  | 42.631 | 65.627 | 77.518 | 84.487 | 90.867 | 94.857 | 97.691 | 99.120 | 100.000 |

Las variables asociadas más importantes (>0.40) a cada uno de los cuatro primeros factores se muestran en la Tabla 4.21b de contribución de las variables que representan las siguientes asociaciones respecto a los *factores* o *ejes*:

| AD- MACRO & MICRO-CARACTERES 351x125 (113+12) |        |        |        |        |               |        |        |        |        |
|---|--------|--------|--------|--------|---------------|--------|--------|--------|--------|
| Variable                                      | F1     | F2     | F3     | F4     | Variable      | F1     | F2     | F3     | F4     |
| IND_H   | 0.115  | 0.275  | 0.174  | -0.262 | PET_Col_Rs    | 0.267  | 0.128  | 0.125  | -0.005 |
| IND_D1  | -0.201 | 0.207  | 0.345  | -0.080 | ANTL1_L       | 0.820  | 0.104  | -0.114 | -0.150 |
| IND_NºTb                                      | -0.253 | -0.021 | 0.013  | 0.092  | ANTL2_L       | 0.814  | 0.101  | -0.117 | -0.152 |
| IND_H_ra1                                     | 0.339  | 0.266  | 0.146  | -0.002 | ANTL1_Lc      | 0.790  | 0.107  | -0.048 | -0.136 |
| H1_A  | -0.051 | -0.164 | 0.048  | 0.059  | ANTL2_Lc      | 0.782  | 0.101  | -0.026 | -0.142 |
| H2_A  | 0.051  | -0.158 | 0.139  | 0.072  | ANTM1_L       | 0.819  | 0.125  | -0.091 | -0.155 |
| H3_A  | -0.064 | -0.260 | 0.003  | 0.025  | ANTM2_L       | 0.821  | 0.115  | -0.097 | -0.136 |
| h4_A  | -0.025 | -0.304 | 0.032  | 0.135  | ANTM3_L       | 0.821  | 0.121  | -0.085 | -0.173 |
| h5_A  | 0.028  | -0.208 | -0.106 | 0.091  | ANTM4_L       | 0.821  | 0.124  | -0.107 | -0.144 |
| ratio_H1                                      | 0.005  | 0.404  | 0.106  | -0.236 | ANTM1_Lc      | 0.839  | 0.124  | -0.039 | -0.145 |
| ratio_H2                                      | -0.039 | 0.386  | 0.044  | -0.343 | ANTM2_Lc      | 0.838  | 0.106  | -0.043 | -0.119 |
| ratio_H3                                      | 0.026  | 0.437  | 0.268  | -0.261 | ANTM3_Lc      | 0.823  | 0.116  | -0.054 | -0.151 |
| ratio_h4                                      | -0.035 | 0.432  | 0.284  | -0.283 | ANTM4_Lc      | 0.840  | 0.103  | -0.053 | -0.129 |
| ratio_h5                                      | -0.179 | 0.268  | 0.350  | -0.237 | OV_L          | 0.229  | 0.301  | -0.075 | -0.279 |
| Ratio H1_h5_L/A                               | -0.022 | 0.506  | 0.148  | -0.275 | ETG_L         | 0.297  | 0.167  | -0.152 | -0.101 |
| Ratio H_L/A                                   | 0.008  | 0.410  | 0.186  | -0.311 | ETG_A         | 0.368  | 0.053  | -0.132 | -0.135 |
| H_A   | -0.004 | -0.256 | 0.046  | 0.073  | RAC_L         | -0.317 | -0.048 | -0.068 | 0.115  |
| FI_ANG SEP                                    | -0.657 | 0.157  | 0.101  | 0.110  | F_PED_L       | -0.050 | 0.418  | -0.163 | -0.113 |
| FI_D1   | -0.333 | 0.170  | 0.053  | 0.038  | F_Valva_A     | -0.026 | -0.047 | -0.071 | 0.023  |
| FI_d2   | -0.309 | 0.176  | 0.065  | 0.004  | F_ratio_VA    | -0.029 | 0.356  | 0.076  | -0.063 |
| FI_D1-Cuad                                    | -0.343 | 0.230  | 0.110  | -0.081 | F1_V_A        | 0.035  | -0.076 | -0.122 | 0.068  |
| FI_d2-Cuad                                    | -0.230 | 0.090  | 0.153  | -0.161 | F1_ratio_VA   | 0.015  | 0.572  | 0.058  | -0.133 |
| FI_Or_D1                                      | -0.286 | 0.350  | 0.096  | -0.173 | F2_V_A        | 0.073  | -0.083 | -0.136 | 0.061  |
| FI_Or_d2                                      | -0.211 | 0.353  | 0.178  | -0.195 | F2_ratio_VA   | -0.087 | 0.645  | 0.161  | -0.063 |
| FI_ratio_Or                                   | -0.226 | 0.184  | 0.161  | -0.083 | F3_V_A        | 0.092  | -0.212 | 0.052  | -0.029 |
| SEPL1_L                                       | 0.732  | 0.140  | -0.185 | -0.223 | F3_ratio_VA   | -0.078 | 0.385  | 0.145  | -0.101 |
| SEPL2_L                                       | 0.732  | 0.136  | -0.182 | -0.224 | F_EST_L       | 0.279  | -0.018 | 0.027  | 0.117  |
| SEPM1_L                                       | 0.732  | 0.144  | -0.181 | -0.220 | F_CU_L        | 0.201  | -0.011 | 0.062  | -0.081 |
| SEPM2_L                                       | 0.728  | 0.143  | -0.180 | -0.225 | F_CU_A        | 0.256  | -0.130 | -0.090 | -0.088 |
| SEPL1_Amxa                                    | 0.532  | 0.051  | -0.253 | -0.174 | F_ratio_CU    | -0.179 | 0.262  | 0.092  | 0.041  |
| SEPL2_Amxa                                    | 0.534  | 0.030  | -0.244 | -0.198 | F_ACU_MY_L    | 0.256  | -0.195 | -0.078 | -0.077 |
| SEPL1_HAmx                                    | 0.695  | 0.132  | -0.089 | -0.216 | F_ACU_MY_A    | 0.429  | -0.379 | -0.096 | -0.054 |
| SEPL2_HAmx                                    | 0.689  | 0.125  | -0.105 | -0.239 | F_ACU_MN_L    | 0.206  | -0.208 | -0.115 | -0.068 |
| SEPM1_Amxa                                    | 0.561  | 0.085  | -0.170 | -0.232 | F_ACU_MN_A    | 0.365  | -0.410 | -0.156 | -0.046 |
| SEPM2_Amxa                                    | 0.551  | 0.094  | -0.260 | -0.246 | F_ACU_INT_L   | 0.095  | -0.150 | -0.102 | 0.062  |
| SEPM1_HAmx                                    | 0.653  | 0.148  | -0.124 | -0.204 | F_ACU_INT_A   | 0.103  | -0.161 | -0.123 | 0.067  |
| SEPM2_HAmx                                    | 0.677  | 0.143  | -0.057 | -0.196 | F_ACU_NAp     | 0.245  | -0.331 | 0.015  | -0.029 |
| PET1_L  | 0.404  | 0.249  | -0.110 | -0.285 | F_ACU_NPr     | 0.170  | -0.110 | 0.166  | -0.062 |
| PET2_L  | 0.406  | 0.245  | -0.114 | -0.286 | F_ACU_B2-B3   | 0.200  | -0.042 | 0.105  | -0.096 |
| PET3_L  | 0.415  | 0.247  | -0.110 | -0.287 | F_ACU_BT      | 0.324  | -0.454 | 0.034  | 0.028  |
| PET4_L  | 0.426  | 0.250  | -0.136 | -0.276 | F_ACU_ANG1    | 0.304  | -0.452 | -0.080 | 0.062  |
| PET1_Uñ_L                                     | 0.602  | 0.190  | -0.032 | -0.243 | F_ACU_ANG2    | 0.110  | -0.155 | -0.149 | 0.059  |
| PET2_Uñ_L                                     | 0.602  | 0.197  | -0.035 | -0.239 | SEM_P         | -0.344 | 0.233  | 0.212  | -0.037 |
| PET3_Uñ_L                                     | 0.603  | 0.174  | -0.022 | -0.240 | SEM_E         | 0.008  | 0.238  | 0.184  | -0.249 |
| PET4_Uñ_L                                     | 0.598  | 0.186  | -0.029 | -0.246 | SEM_Ala_GrMy  | -0.426 | 0.483  | -0.081 | 0.035  |
| PET1_Lim_AmX                                  | -0.315 | 0.062  | 0.234  | -0.082 | SEM_Ala_GrMn  | -0.320 | 0.260  | -0.114 | 0.089  |
| PET2_Lim_AmX                                  | -0.319 | 0.053  | 0.123  | -0.222 | SEM_F_T-Co    | 0.081  | -0.008 | 0.010  | 0.073  |
| PET3_Lim_AmX                                  | -0.329 | 0.060  | 0.148  | -0.201 | SEM_F_Cu-Ci   | -0.333 | 0.110  | 0.050  | 0.007  |
| PET4_Lim_AmX                                  | -0.323 | 0.051  | 0.115  | -0.215 | SEM_F_R-E     | 0.258  | -0.066 | -0.031 | -0.064 |
| RATIO_LIM                                     | 0.179  | 0.073  | -0.092 | -0.037 | SEM_Ala_distr | -0.266 | 0.082  | 0.068  | 0.030  |
| PET1_Lim_HAmx                                 | 0.118  | 0.323  | 0.071  | -0.058 | Polen_P       | 0.215  | -0.322 | -0.032 | 0.167  |
| PET2_Lim_HAmx                                 | 0.093  | 0.318  | 0.077  | -0.196 | Polen_E       | 0.212  | -0.330 | -0.009 | 0.152  |
| PET3_Lim_HAmx                                 | 0.087  | 0.311  | 0.067  | -0.219 | AntL_ind_L    | 0.691  | 0.135  | -0.062 | -0.217 |
| PET4_Lim_HAmx                                 | 0.094  | 0.331  | 0.071  | -0.172 | AntM_ind_L    | 0.693  | 0.162  | -0.108 | -0.213 |
| ratio_Pet_Sep                                 | -0.764 | 0.025  | 0.063  | 0.139  | Nº Grs_AntM   | 0.620  | -0.018 | -0.267 | -0.187 |
| PET_Le  | 0.173  | -0.142 | 0.186  | 0.004  | Nº Grs/ FI    | 0.629  | -0.031 | -0.288 | -0.169 |
| PET_Hb  | -0.476 | 0.661  | -0.174 | 0.097  | Nº Ovus/FI    | 0.535  | 0.180  | -0.133 | -0.124 |
| PET_Ha  | 0.054  | -0.396 | 0.133  | 0.056  | Pap_Lt        | 0.485  | 0.366  | -0.072 | -0.240 |
| PET_Ond                                       | -0.685 | 0.429  | -0.031 | -0.087 | Pap_Bo-Bt     | 0.457  | 0.422  | -0.398 | 0.020  |
| PET_Acan                                      | 0.438  | -0.158 | 0.030  | 0.028  | Pap_T         | -0.440 | 0.473  | -0.142 | 0.293  |
| PET_Rev                                       | 0.304  | 0.036  | -0.067 | -0.181 | Pap_Y         | -0.109 | 0.798  | 0.013  | 0.177  |
| PET_Col_Bl                                    | -0.233 | 0.255  | -0.218 | -0.244 | Pap_D-Sd      | -0.033 | -0.567 | 0.547  | 0.084  |
| PET_Col_Vi                                    | 0.097  | -0.246 | 0.018  | 0.126  |               |        |        |        |        |

Tabla 4.12b. Análisis Discriminante de macro & micro-caracteres depurados 125 (113+12). Contribución de las variables a los factores. F1: FLOR (apertura; Sépalos; Pétalos lg, y naturaleza On-Ac; Ratio Pet/Sep; Anteras dehiscentes; Estigma), SI LICUA (ancho de apéndices), Anteras indehiscentes, RECURSOS del ANDROCEO y GINECEO (nº granos, nº óvulos), PAPILAS ESTIGMÁTICAS (lg y formas Bo). F2: INDIVIDUO (altura), HOJAS (ratios), FLOR (orificio; Pétalos forma, posición H b-Ha y color Bl), SI LICUA (pedúnculo, ratios valvas, apéndices ancho, nº divisiones y áng-1), SEMILLAS (grosor mayor ala), POLEN (diámetros), PAPILAS Y-D). F3: INDIVIDUO (diámetro mayor), PAPILAS D. F4: PÉTALOS (ancho de limbo), GINECEO (ovario).

**F1 (42.63%):** FLOR: apertura, Sépalos, Pétalos (lg, posición Hb y naturaleza On-Ac), Ratio Pet/Sep, Androceo (anteras dehiscentes), Gineceo (ancho del estigma), SILICUA (ancho de apéndices), SEMILLAS (diámetro mayor y grosor mayor del ala), Anteras



*indehiscientes* y RECURSOS DEL ANDROCEO (nº de granos), RECURSOS DEL GINECEO (nº de óvulos) y PAPILAS ESTIGMÁTICAS (lg y formas Bo-T).

**F2 (23.00%):** INDIVIDUO: altura máxima, HOJAS (ratios), FLOR: orificio, Pétalos (forma, posición Hb-Ha y color Bl del limbo), SILICUA (lg pedúnculo, ratios de valvas, ancho, nº de divisiones y áng-1 de apéndices), SEMILLAS (grosor mayor del ala), POLEN (diámetros) y PAPILAS Bo-T-Y-D).

**F3 (11.89%):** INDIVIDUO: diámetro mayor y PAPILAS D.

**F4 (6.97%):** HOJAS (ratios), PÉTALOS (ancho de limbo), GINECEO (ovario) y PAPILA T.

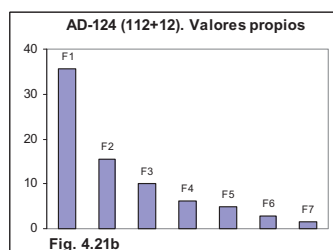
- En la gráfica F1&F2 (65.63%) se discriminan en posición muy aislada a PG y PA, no tan aislada a PP, PO y diferencia al complejo PF junto con POA y POVE frente al resto de los taxones que quedan sin discriminar. En la gráfica F1&F3 (54.52%), el eje F3 discrimina en posición muy aislada a PFCH y PA y en una posición no tan aislada a PP y PO. En la gráfica F1&F4 (49.60%) de la varianza el eje F4 discrimina fuertemente a PFCH y además se discrimina con menos intensidad PF, POA, PG y PA (Figs.4.21).

#### 4.3.12.1. Macro y micro-caracteres sin PG&PA. Análisis Discriminantes (124)

Al quitar PG y PA como grupos ya diferenciados, en las matrices de 307 UTOs los caracteres se reducen a 124 (ya que no se admite la variable de pétalo horizontal bajo exclusiva de PG) y también se resuelve mejor que el anterior con solo 7 Factores (Tabla 4.12c y Fig.4.21b). Los valores propios disminuyen sin embargo la varianza acumulada de los cuatro primeros factores explica el 87.82% de la varianza discriminatoria, superando al análisis anterior.

|               | F1     | F2     | F3     | F4     | F5     | F6     | F7      |
|---------------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|---------|
| Valores       | 35.742 | 15.526 | 10.105 | 6.113  | 4.865  | 2.949  | 1.549   |
| % de varianza | 46.509 | 20.203 | 13.150 | 7.955  | 6.330  | 3.838  | 2.016   |
| % Acumulado   | 46.509 | 66.712 | 79.862 | 87.816 | 94.146 | 97.984 | 100.000 |

Los grupos de variables asociadas a cada uno de los cuatro primeros factores se muestran en la Tabla 4.12d y que señalan las siguientes asociaciones respecto a los factores:



**F1 (46.51%):** INDIVIDUO: altura máxima y ramificaciones, FLOR: apertura, Sépalos, Pétalos (lg y naturaleza On), Ratio Pet/Sep, Androceo (anteras dehiscentes), Anteras indehiscientes y RECURSOS DEL ANDROCEO (nº granos), RECURSOS DEL GINECEO (nº de óvulos) y PAPILAS ESTIGMÁTICAS (lg y formas Bo-Y).

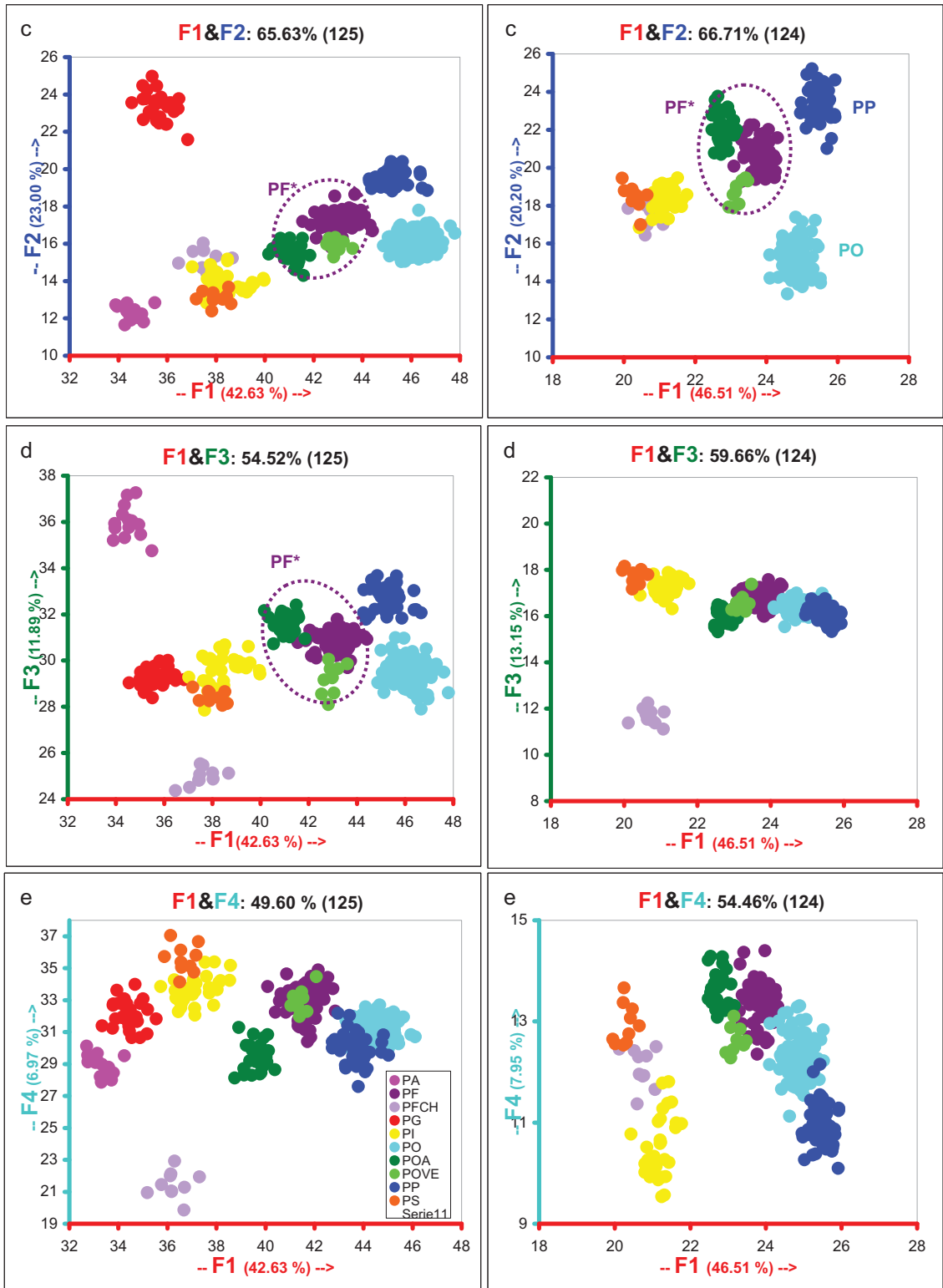
**F2 (20.20%):** INDIVIDUO: diámetro mayor, HOJAS (ancho y ratios), FLOR: orificio, Pétalos (naturaleza On-Ac),

SILICUA (ratios de valvas, ratio de cuerno, ancho y nº de divisiones de apéndices), SEMILLAS (diámetros), RECURSOS DEL ANDROCEO (nº de granos) y PAPILAS Y.

**F3 (13.15%):** PÉTALOS (color Bl del limbo), GINECEO (ovario) y PAPILAS D.

**F4 (7.95%):** PÉTALOS (ancho y color Vi del limbo), SILICUA (ratio valvas, nº protuberancias y bifurcaciones de apéndices), POLEN (diámetros) y PAPILA Bo.

**ANÁLISIS DISCRIMINANTE MACRO-CARACTERES: 125 (113+12) y 124 (112+12)**



**Figura 4.21.- Análisis Discriminante de macro & micro-caracteres 125 (113+12) y 124 (112+12). Gráficas de factores y variables (351-307 UTOs).** En el AD-125 la gráfica F1&F2 discrimina en posición muy aislada a PG y PA, no tan aislada a PP y PO y diferencia al complejo PF junto con POA y POVE; el eje F3 discrimina en posición muy aislada a PFCH y PA; el eje F4 discrimina fuertemente a PFCH. El AD-124 sin PG&PA el eje F2 discrimina en posición aislada PO y PP, el complejo PF se mantiene unido a POA y POVE; el eje F3 discrimina fuertemente a PFCH y el eje F4 diferencia a PS, PFCH y PI del resto de los taxones que se quedan sin diferenciar.

| AD- MACRO & MICRO-CARACTERES sin PG&PA 307x124 (112+12) |        |        |        |        |               |        |        |        |        |
|---|--------|--------|--------|--------|---------------|--------|--------|--------|--------|
| Variable  | F1     | F2     | F3     | F4     | Variable      | F1     | F2     | F3     | F4     |
| IND_H   | 0.541  | -0.086 | -0.250 | 0.151  | PET_Col_Rs    | 0.323  | 0.054  | 0.016  | 0.205  |
| IND_D1  | 0.087  | 0.334  | 0.032  | -0.228 | ANTL1_L       | 0.735  | -0.272 | -0.178 | -0.102 |
| IND_NºTb  | -0.243 | 0.062  | 0.119  | 0.039  | ANTL2_L       | 0.726  | -0.276 | -0.180 | -0.083 |
| IND_H_ra1   | 0.426  | 0.160  | 0.000  | -0.059 | ANTL1_Lc      | 0.726  | -0.217 | -0.134 | -0.135 |
| H1_A  | 0.024  | -0.325 | 0.161  | 0.038  | ANTL2_Lc      | 0.731  | -0.218 | -0.132 | -0.120 |
| H2_A  | 0.090  | -0.171 | 0.172  | 0.043  | ANTM1_L       | 0.757  | -0.280 | -0.167 | -0.130 |
| H3_A  | -0.072 | -0.309 | 0.098  | 0.093  | ANTM2_L       | 0.752  | -0.287 | -0.149 | -0.109 |
| h4_A  | -0.063 | -0.320 | 0.217  | -0.025 | ANTM3_L       | 0.762  | -0.274 | -0.186 | -0.124 |
| h5_A  | -0.021 | -0.385 | 0.132  | -0.102 | ANTM4_L       | 0.751  | -0.282 | -0.165 | -0.129 |
| ratio_H1  | 0.151  | 0.502  | -0.310 | 0.114  | ANTM1_Lc      | 0.788  | -0.240 | -0.138 | -0.141 |
| ratio_H2  | 0.125  | 0.396  | -0.408 | 0.122  | ANTM2_Lc      | 0.777  | -0.249 | -0.111 | -0.137 |
| ratio_H3  | 0.250  | 0.550  | -0.255 | 0.098  | ANTM3_Lc      | 0.769  | -0.258 | -0.149 | -0.171 |
| ratio_h4  | 0.200  | 0.595  | -0.273 | 0.156  | ANTM4_Lc      | 0.776  | -0.252 | -0.128 | -0.165 |
| ratio_h5  | 0.045  | 0.584  | -0.191 | 0.267  | OV_L          | 0.276  | 0.091  | -0.311 | -0.080 |
| Ratio H1_h5_L/A   | 0.145  | 0.662  | -0.344 | 0.200  | ETG_L         | 0.264  | -0.096 | -0.158 | 0.031  |
| Ratio H_L/A   | 0.174  | 0.560  | -0.340 | 0.134  | ETG_A         | 0.234  | -0.066 | -0.180 | 0.055  |
| H_A   | 0.020  | -0.374 | 0.180  | 0.064  | RAC_L         | -0.254 | -0.190 | 0.149  | -0.267 |
| FL ANG SEP  | -0.475 | 0.278  | 0.147  | 0.040  | F_PED_L       | 0.118  | 0.086  | -0.223 | 0.040  |
| FL_D1   | -0.164 | 0.172  | 0.041  | -0.004 | F_Valva_A     | -0.053 | -0.098 | 0.012  | 0.083  |
| FL_d2   | -0.123 | 0.175  | 0.001  | -0.016 | F_ratio_VA    | 0.149  | 0.269  | -0.076 | -0.218 |
| FL_D1-Cuad  | -0.145 | 0.297  | -0.063 | -0.096 | F1_V_A        | -0.005 | -0.234 | 0.055  | 0.003  |
| FL_d2-Cuad  | -0.104 | 0.260  | -0.115 | -0.212 | F1_ratio_VA   | 0.274  | 0.384  | -0.184 | -0.254 |
| FL_Or_D1  | -0.031 | 0.359  | -0.198 | -0.140 | F2_V_A        | 0.026  | -0.274 | 0.050  | 0.003  |
| FL_Or_d2  | 0.082  | 0.353  | -0.182 | -0.050 | F2_ratio_VA   | 0.263  | 0.543  | -0.101 | -0.196 |
| FL_ratio_Or   | -0.020 | 0.267  | -0.079 | 0.172  | F3_V_A        | -0.052 | 0.004  | 0.007  | -0.041 |
| SEPL1_L   | 0.663  | -0.359 | -0.255 | -0.097 | F3_ratio_VA   | 0.133  | 0.419  | -0.131 | -0.075 |
| SEPL2_L   | 0.662  | -0.362 | -0.254 | -0.094 | F_EST_L       | 0.262  | -0.143 | 0.119  | -0.111 |
| SEPM1_L   | 0.667  | -0.359 | -0.249 | -0.115 | F_CU_L        | 0.135  | 0.083  | -0.068 | -0.152 |
| SEPM2_L   | 0.665  | -0.362 | -0.253 | -0.109 | F_CU_A        | 0.133  | -0.220 | -0.075 | -0.079 |
| SEPL1_Amxa  | 0.401  | -0.354 | -0.226 | -0.283 | F_ratio_CU    | -0.010 | 0.288  | 0.019  | 0.032  |
| SEPL2_Amxa  | 0.395  | -0.352 | -0.243 | -0.252 | F_ACU_MY_L    | 0.074  | -0.155 | -0.086 | -0.039 |
| SEPL1_HAmx  | 0.641  | -0.257 | -0.214 | -0.105 | F_ACU_MY_A    | 0.126  | -0.334 | -0.034 | -0.137 |
| SEPL2_HAmx  | 0.632  | -0.275 | -0.243 | -0.098 | F_ACU_MN_L    | 0.024  | -0.190 | -0.085 | -0.020 |
| SEPM1_Amxa  | 0.461  | -0.262 | -0.257 | -0.302 | F_ACU_MN_A    | 0.039  | -0.387 | -0.044 | -0.119 |
| SEPM2_Amxa  | 0.430  | -0.316 | -0.308 | -0.273 | F_ACU_INT_L   | -0.007 | -0.237 | 0.072  | -0.151 |
| SEPM1_HAmx  | 0.607  | -0.287 | -0.210 | -0.090 | F_ACU_INT_A   | -0.010 | -0.261 | 0.070  | -0.130 |
| SEPM2_HAmx  | 0.641  | -0.245 | -0.180 | -0.095 | F_ACU_NAp     | 0.019  | -0.131 | -0.004 | -0.079 |
| PET1_L  | 0.445  | -0.136 | -0.300 | -0.077 | F_ACU_NPr     | 0.147  | 0.028  | 0.017  | -0.291 |
| PET2_L  | 0.441  | -0.138 | -0.301 | -0.082 | F_ACU_B2-B3   | 0.185  | -0.011 | -0.035 | -0.335 |
| PET3_L  | 0.451  | -0.132 | -0.304 | -0.076 | F_ACU_BT      | 0.041  | -0.251 | 0.104  | -0.207 |
| PET4_L  | 0.451  | -0.151 | -0.302 | -0.081 | F_ACU_ANG1    | -0.105 | -0.176 | 0.061  | 0.028  |
| PET1_Uñ_L   | 0.590  | -0.132 | -0.235 | -0.134 | F_ACU_ANG2    | -0.017 | -0.254 | 0.048  | -0.098 |
| PET2_Uñ_L   | 0.590  | -0.130 | -0.232 | -0.127 | SEM_P         | -0.077 | 0.342  | -0.006 | -0.042 |
| PET3_Uñ_L   | 0.587  | -0.130 | -0.229 | -0.138 | SEM_E         | 0.138  | 0.362  | -0.219 | -0.101 |
| PET4_Uñ_L   | 0.580  | -0.114 | -0.241 | -0.136 | SEM_Ala_GrMy  | -0.114 | 0.176  | -0.044 | -0.114 |
| PET1_Lim_Amx  | -0.120 | 0.235  | 0.001  | -0.431 | SEM_Ala_GrMn  | -0.174 | 0.065  | 0.026  | -0.067 |
| PET2_Lim_Amx  | -0.167 | 0.201  | -0.183 | -0.414 | SEM_F_T-Co    | 0.053  | -0.006 | 0.065  | -0.014 |
| PET3_Lim_Amx  | -0.150 | 0.192  | -0.152 | -0.412 | SEM_F_Cu-Ci   | -0.180 | 0.129  | 0.005  | 0.052  |
| PET4_Lim_Amx  | -0.169 | 0.186  | -0.177 | -0.395 | SEM_F_R-E     | 0.143  | -0.074 | -0.054 | -0.040 |
| RATIO LIM   | 0.212  | -0.214 | -0.055 | 0.343  | SEM_Ala_distr | -0.163 | 0.178  | 0.026  | 0.028  |
| PET1_Lim_HAmx   | 0.276  | 0.152  | -0.065 | 0.100  | Polen_P       | -0.005 | -0.205 | 0.164  | 0.467  |
| PET2_Lim_HAmx   | 0.243  | 0.212  | -0.203 | 0.032  | Polen_E       | -0.002 | -0.196 | 0.163  | 0.461  |
| PET3_Lim_HAmx   | 0.238  | 0.202  | -0.225 | 0.008  | AntL_ind_L    | 0.672  | -0.295 | -0.204 | 0.003  |
| PET4_Lim_HAmx   | 0.243  | 0.228  | -0.184 | 0.047  | AntM_ind_L    | 0.669  | -0.308 | -0.222 | 0.009  |
| ratio_Pet_Sep   | -0.697 | 0.378  | 0.145  | 0.090  | Nº Grs_AntM   | 0.440  | -0.408 | -0.253 | 0.025  |
| PET_Le  | 0.167  | -0.032 | 0.078  | 0.026  | Nº Grs/FI     | 0.445  | -0.458 | -0.236 | 0.040  |
| PET_Ha  | -0.266 | 0.202  | 0.115  | -0.038 | Nº Ovus/FI    | 0.487  | -0.185 | -0.157 | -0.156 |
| PET_Ond   | -0.421 | 0.391  | -0.224 | 0.075  | Pap_Lt        | 0.567  | -0.026 | -0.285 | 0.083  |
| PET_Acan  | 0.319  | -0.256 | 0.080  | 0.058  | Pap_Bo-Bt     | 0.361  | 0.047  | -0.206 | 0.389  |
| PET_Rev   | 0.256  | -0.125 | -0.179 | -0.110 | Pap_T         | -0.189 | 0.119  | 0.224  | 0.072  |
| PET_Col_BI  | -0.129 | 0.081  | -0.392 | 0.353  | Pap_Y         | 0.437  | 0.291  | 0.126  | -0.136 |
| PET_Col_Vi  | -0.045 | -0.170 | 0.202  | -0.556 | Pap_D-Sd      | -0.037 | 0.012  | 0.437  | -0.172 |

Tabla 4.12d. Análisis Discriminante de macro & micro-caracteres depurados sin PG&PA 307x124 (112+12). Contribución de las variables a los factores. F1: INDIVIDUO (altura y ramificaciones), FLOR (apertura; Sépalos; Pétalos lg y naturaleza On; Ratio Pet/Sep; Anteras dehiscentes, Anteras indehiscentes, RECURSOS del ANDROCEO y GINECEO (nº granos, nº óvulos), PAPILAS (lg y formas Y). F2: INDIVIDUO (diámetro mayor), HOJAS (ancho y ratios), FLOR (orificio, Pétalos naturaleza Ac), SILICUA (ratios de valvas, ratio Cu, apéndices ancho y nº de divisiones), SEMILLAS (diámetros), RECURSOS DEL ANDROCEO (nº de granos). F3: PÉTALOS (color BI), GINECEO (ovario), PAPILAS D. F4: PÉTALOS (ancho y color Vi del limbo), SILICUA (nº protuberancias y bifurcaciones de apéndices), POLEN (diámetros) y PAPILA Bo.



- En la gráfica de 124x307, los factores *F1&F2* que representa el 66.71% de la varianza acumulada, discriminan en posición aislada PO y en posición no tan aislada PP del resto de los taxones y poblaciones, el complejo PF se mantiene unido a POA y POVE. En la gráfica *F1&F3* que representa el 59.66% de la varianza acumulada, el eje F3 discrimina fuertemente a PFCH del resto de taxones y poblaciones. Y en la gráfica *F1&F4* que representa el 54.46% de la varianza acumulada, el eje F4 diferencia a PS, PFCH y PI del resto de los taxones que se quedan sin diferenciar (Figs.4.21).

#### 4.3.13. Nivel poblacional. Macro-Micro-caracteres. Análisis multivariante (125 y 124)

- *Fenogramas de distancias Euclideas (125)*

El UPGMA-125 ( $r=0.776$ ) es muy similar al UPGMA-144 aunque el complejo PF se agrupa con ligeras diferencias (PFT-POA y PFS-POVE, PFA) de la misma forma, se mantiene la unión de PP-PFCH con el complejo PF (Figs.4.21).

- *MDS-NM (125)*

Los análisis de Proximidad (MDS-NM) en la matriz de 125 caracteres depurados se resuelven con un índice de distorsión considerado casi perfecto (Stress: 0.046) y justifican, los cambios ocurridos en los *fenogramas*. En su gráfica se observa la estrecha afinidad de las dos poblaciones sin adscripción taxonómica, POA y POVE al complejo PF y se pone de manifiesto la cercanía entre PFCH y PP, observándose asimismo su posición intermedia entre el complejo PF y PO (Figs.4.21).

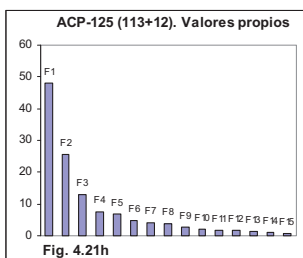
- *ACP (125)*

Los análisis de ACP en el conjunto de datos que representa los 125 macro y micro-caracteres depurados se resuelve con 15 Factores (Tabla 4.12e y Figs.4.21), se produce un ligero descenso de los valores propios con respecto a los ACP anteriores aunque la varianza acumulada es similar (75.27%).

| Tabla 4.12e. ACP-351x125 (113+12). Valores propios (eigen values) y porcentaje de varianza |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |         |
|--|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|---------|
|  | F1     | F2     | F3     | F4     | F5     | F6     | F7     | F8     | F9     | F10    | F11    | F12    | F13    | F14    | F15     |
| Valores propios  | 48.229 | 25.499 | 12.866 | 7.495  | 6.921  | 4.788  | 4.008  | 3.752  | 2.630  | 2.161  | 1.825  | 1.640  | 1.324  | 1.027  | 0.836   |
| % varianza   | 38.584 | 20.399 | 10.292 | 5.996  | 5.536  | 3.830  | 3.207  | 3.002  | 2.104  | 1.729  | 1.460  | 1.312  | 1.059  | 0.822  | 0.669   |
| % Acumulado  | 38.584 | 58.983 | 69.28  | 75.271 | 80.807 | 84.638 | 87.844 | 90.846 | 92.950 | 94.679 | 96.139 | 97.451 | 98.510 | 99.331 | 100.000 |

Las variables asociadas a cada uno de los cuatro primeros factores se muestran en la Tabla 4.12f y representan las siguientes asociaciones respecto a los *factores* o *ejes*:

**F1 (38.58%):** *INDIVIDUO*: diámetros y tallos basales, *FLOR*: apertura y diámetros, *Sépalos*, *Pétalos* (longitud, naturaleza On-Ac-Re), *ratio* Pet/Sep, *Androceo* (anteras dehiscentes), *Gineceo* (ovario y estigma), *SILICUA* (talla del estilo, cuernos y lg apéndices), *SEMILLAS* (contorno del ala y forma Cu-R), *Anteras indehiscentes*, *RECURSOS DEL ANDROCEO* (nº de granos); *RECURSOS DEL GINECEO* (nº de óvulos) y *PAPILAS ESTIGMÁTICAS* (lg y forma Bo).



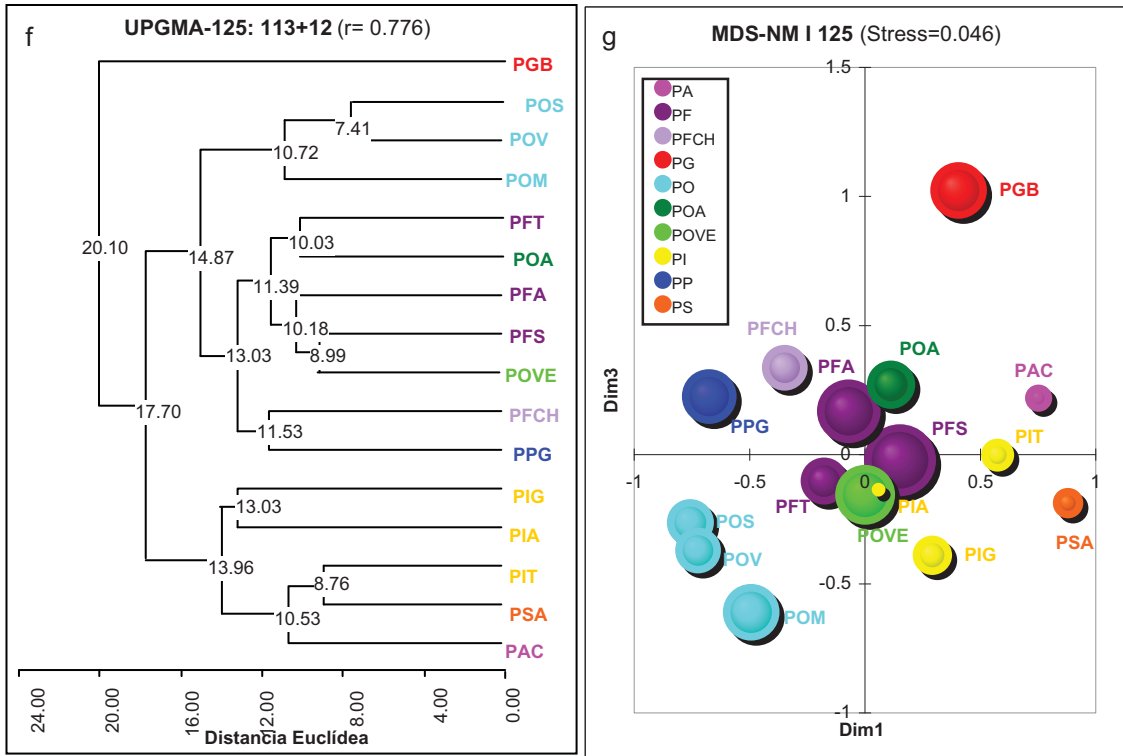
**F2 (20.39%):** *INDIVIDUO*: altura máxima, *HOJAS* (ancho y *ratios*), *FLOR*: orificio, *Pétalos* (forma, posición Hb-Ha, naturaleza On y color BI-Vi del limbo), *SILICUA* (talla del pedúnculo, valvas, *ratio* del cuerno, ancho, nº de divisiones y áng-1&2 de apéndices), *SEMILLA* (talla y grosor del ala), *POLEN* (diámetros), *PAPILAS T-Y-D*.

Resultados

| ACP- MACRO & MICRO-CARACTERES 351x125 (113+12) |        |        |        |        |               |        |        |        |        |
|--|--------|--------|--------|--------|---------------|--------|--------|--------|--------|
| Variable                                       | F1     | F2     | F3     | F4     | Variable      | F1     | F2     | F3     | F4     |
| IND_H  | 0.360  | -0.487 | -0.205 | -0.178 | PET_Col_Rs    | 0.541  | -0.191 | -0.404 | -0.402 |
| IND_D1   | -0.497 | -0.140 | 0.605  | -0.269 | ANTL1_L       | 0.982  | 0.013  | 0.032  | 0.059  |
| IND_H_ra1                                      | 0.534  | -0.322 | -0.503 | 0.001  | ANTL2_L       | 0.983  | 0.005  | 0.020  | 0.043  |
| IND_N°Tb                                       | -0.607 | 0.145  | 0.505  | -0.212 | ANTL1_Lc      | 0.961  | 0.028  | 0.064  | 0.059  |
| H1_A   | -0.195 | 0.380  | 0.709  | -0.284 | ANTL2_Lc      | 0.965  | 0.029  | 0.063  | 0.025  |
| ratio_H1                                       | 0.232  | -0.744 | -0.447 | 0.107  | ANTM1_L       | 0.982  | 0.002  | 0.037  | 0.038  |
| H2_A   | -0.142 | 0.384  | 0.593  | -0.321 | ANTM2_L       | 0.979  | 0.021  | 0.024  | 0.011  |
| ratio_H2                                       | 0.239  | -0.812 | -0.232 | 0.097  | ANTM3_L       | 0.985  | -0.005 | 0.034  | 0.036  |
| H3_A   | -0.287 | 0.415  | 0.609  | -0.343 | ANTM4_L       | 0.984  | 0.011  | 0.029  | 0.035  |
| ratio_H3                                       | 0.239  | -0.834 | -0.133 | 0.042  | ANTM1_Lc      | 0.970  | 0.021  | 0.039  | -0.018 |
| h4_A   | -0.231 | 0.577  | 0.451  | -0.131 | ANTM2_Lc      | 0.965  | 0.058  | 0.036  | -0.025 |
| ratio_H4                                       | 0.150  | -0.819 | -0.072 | 0.017  | ANTM3_Lc      | 0.977  | 0.027  | 0.036  | 0.034  |
| h5_A   | -0.086 | 0.545  | 0.546  | -0.108 | ANTM4_Lc      | 0.972  | 0.051  | 0.028  | 0.017  |
| ratio_h5                                       | -0.077 | -0.734 | -0.095 | -0.013 | OV_L          | 0.672  | -0.473 | 0.259  | 0.211  |
| Ratio H1_h5_L/A                                | 0.174  | -0.822 | -0.292 | -0.027 | ETG_L         | 0.801  | -0.276 | 0.019  | 0.217  |
| H_A  | -0.205 | 0.455  | 0.630  | -0.386 | ETG_A         | 0.856  | -0.113 | 0.016  | 0.148  |
| Ratio H_L/A                                    | 0.244  | -0.825 | -0.274 | 0.084  | RAC_L         | -0.388 | 0.161  | 0.273  | 0.644  |
| FI_ANG SEP                                     | -0.914 | -0.195 | 0.131  | -0.200 | F_PED_L       | 0.302  | -0.763 | 0.198  | 0.062  |
| FI_D1  | -0.610 | -0.379 | -0.123 | -0.179 | F_Valva_A     | -0.089 | 0.263  | 0.075  | -0.319 |
| FI_d2  | -0.560 | -0.438 | -0.191 | -0.159 | F_ratio_VA    | 0.174  | -0.658 | 0.140  | 0.527  |
| FI_D1-Cuad                                     | -0.481 | -0.397 | 0.706  | 0.124  | F1_V_A        | 0.143  | 0.429  | 0.039  | -0.044 |
| FI_d2-Cuad                                     | -0.413 | -0.208 | 0.696  | 0.321  | F1_ratio_VA   | 0.279  | -0.713 | -0.044 | 0.448  |
| FI_Or_D1                                       | -0.298 | -0.559 | 0.669  | 0.037  | F2_V_A        | 0.192  | 0.397  | -0.010 | -0.071 |
| FI_Or_d2                                       | -0.151 | -0.663 | 0.621  | 0.027  | F2_ratio_VA   | 0.140  | -0.765 | -0.186 | 0.331  |
| FI_ratio_Or                                    | -0.307 | -0.736 | -0.001 | -0.059 | F3_V_A        | -0.051 | 0.439  | 0.171  | -0.050 |
| SEPL1_L  | 0.958  | -0.041 | 0.198  | -0.109 | F3_ratio_VA   | 0.093  | -0.767 | -0.162 | 0.291  |
| SEPL2_L  | 0.959  | -0.040 | 0.192  | -0.110 | F_EST_L       | 0.540  | 0.241  | -0.236 | 0.360  |
| SEPM1_L  | 0.958  | -0.030 | 0.199  | -0.106 | F_CU_L        | 0.620  | -0.009 | -0.355 | 0.525  |
| SEPM2_L  | 0.958  | -0.039 | 0.194  | -0.105 | F_CU_A        | 0.733  | 0.473  | 0.206  | 0.013  |
| SEPL1_Amxa                                     | 0.854  | 0.097  | 0.209  | 0.297  | F_ratio_CU    | -0.199 | -0.761 | -0.360 | 0.272  |
| SEPL2_Amxa                                     | 0.856  | 0.095  | 0.208  | 0.270  | F_ACU_MY_L    | 0.612  | 0.348  | -0.299 | 0.373  |
| SEPM1_Amxa                                     | 0.886  | 0.013  | 0.179  | 0.264  | F_ACU_MY_A    | 0.558  | 0.737  | -0.071 | 0.080  |
| SEPM2_Amxa                                     | 0.878  | -0.030 | 0.125  | 0.274  | F_ACU_MN_L    | 0.561  | 0.390  | -0.260 | 0.404  |
| SEPL1_HAmx                                     | 0.945  | -0.025 | 0.216  | -0.203 | F_ACU_MN_A    | 0.477  | 0.738  | -0.106 | 0.146  |
| SEPL2_HAmx                                     | 0.941  | -0.026 | 0.207  | -0.206 | F_ACU_INT_L   | 0.178  | 0.604  | 0.374  | 0.569  |
| SEPM1_HAmx                                     | 0.917  | -0.009 | 0.256  | -0.263 | F_ACU_INT_A   | 0.169  | 0.632  | 0.353  | 0.492  |
| SEPM2_HAmx                                     | 0.908  | 0.009  | 0.277  | -0.270 | F_ACU_NAp     | 0.376  | 0.567  | -0.277 | 0.410  |
| PET1_L   | 0.834  | -0.341 | 0.372  | -0.018 | F_ACU_NPr     | -0.021 | 0.571  | 0.295  | -0.204 |
| PET2_L   | 0.838  | -0.337 | 0.365  | -0.002 | F_ACU_B2-B3   | 0.260  | 0.494  | 0.447  | 0.068  |
| PET3_L   | 0.840  | -0.338 | 0.361  | -0.012 | F_ACU_BT      | 0.187  | 0.896  | -0.061 | 0.130  |
| PET4_L   | 0.849  | -0.328 | 0.355  | 0.018  | F_ACU_ANG1    | 0.283  | 0.674  | -0.310 | 0.191  |
| PET1_Uñ_L                                      | 0.920  | -0.107 | 0.313  | -0.041 | F_ACU_ANG2    | 0.249  | 0.648  | 0.206  | 0.495  |
| PET2_Uñ_L                                      | 0.924  | -0.122 | 0.311  | -0.036 | SEM_P         | -0.539 | -0.583 | 0.099  | 0.128  |
| PET3_Uñ_L                                      | 0.933  | -0.095 | 0.293  | -0.040 | SEM_E         | 0.035  | -0.537 | 0.355  | -0.367 |
| PET4_Uñ_L                                      | 0.931  | -0.121 | 0.277  | -0.020 | SEM_Ala_GrMy  | -0.374 | -0.677 | 0.341  | 0.144  |
| PET1_Lim_Amx                                   | -0.490 | 0.059  | 0.695  | 0.312  | SEM_Ala_GrMn  | -0.456 | -0.486 | 0.176  | 0.410  |
| PET2_Lim_Amx                                   | -0.391 | -0.038 | 0.695  | 0.373  | %SEM_F_T-Co   | 0.107  | 0.122  | -0.632 | 0.162  |
| PET3_Lim_Amx                                   | -0.402 | -0.026 | 0.699  | 0.357  | %SEM_F_Cu-Ci  | 0.590  | 0.411  | 0.143  | -0.455 |
| PET4_Lim_Amx                                   | -0.380 | -0.030 | 0.713  | 0.362  | %SEM_F_R-E    | -0.554 | -0.450 | 0.111  | 0.387  |
| RATIO_LIM                                      | 0.426  | -0.371 | -0.479 | -0.155 | SEM_Ala_distr | -0.753 | -0.438 | 0.134  | 0.285  |
| PET1_Lim_HAmx                                  | 0.398  | -0.663 | 0.124  | -0.526 | Polen_P       | 0.243  | 0.378  | -0.377 | -0.261 |
| PET2_Lim_HAmx                                  | 0.445  | -0.751 | 0.160  | -0.298 | Polen_E       | 0.236  | 0.378  | -0.383 | -0.246 |
| PET3_Lim_HAmx                                  | 0.382  | -0.719 | 0.265  | -0.377 | AntL_ind_L    | 0.880  | -0.066 | 0.026  | 0.042  |
| PET4_Lim_HAmx                                  | 0.427  | -0.730 | 0.226  | -0.349 | AntM_ind_L    | 0.903  | -0.074 | 0.002  | 0.022  |
| ratio_Pet_Sep                                  | -0.937 | -0.120 | 0.049  | 0.003  | N° Grs_AntM   | 0.932  | -0.009 | 0.030  | 0.158  |
| PET_Le   | 0.205  | 0.176  | -0.499 | 0.060  | N° Grs/ FI    | 0.924  | 0.010  | 0.030  | 0.151  |
| PET_Hb   | -0.258 | -0.651 | 0.310  | -0.022 | N° Ovus/FI    | 0.928  | -0.131 | 0.020  | 0.211  |
| PET_Ha   | -0.249 | 0.589  | -0.034 | 0.149  | Pap_Lt        | 0.792  | -0.456 | 0.046  | -0.263 |
| PET_Ond  | -0.586 | -0.684 | 0.111  | 0.080  | Pap_Bo-Bt     | 0.392  | -0.272 | 0.079  | -0.268 |
| PET_Acan                                       | 0.726  | 0.347  | -0.092 | -0.080 | Pap_T         | -0.204 | -0.401 | 0.243  | 0.458  |
| PET_Rev  | 0.805  | 0.019  | 0.227  | -0.138 | Pap_Y         | 0.069  | -0.535 | 0.467  | 0.154  |
| PET_Col_BI                                     | 0.078  | -0.727 | -0.012 | 0.075  | Pap_D-Sd      | -0.239 | 0.391  | -0.287 | -0.011 |
| PET_Col_Vi                                     | -0.216 | 0.691  | 0.375  | 0.194  |               |        |        |        |        |

Tabla 4.12f . ACP de macro y micro-caracteres depurados 351x125 (113+12). Contribución de las variables a los factores. F1: INDIVIDUO (ramificaciones y tallos), FLOR (apertura y diámetros; Sépalos; Pétalos lg, naturaleza On-Ac-Re y color Rs; ratio Pet/Sep; Anteras dehiscentes; Gineceo, SILICUA (estilo, cuernos y apéndices lg), SEMILLAS (contorno del ala y forma Cu-R), Anteras indehiscentes, RECURSOS del ANDROCEO y GINECEO (nº granos, nº óvulos), PAPILAS (lg y forma Bo). F2: INDIVIDUO (altura), HOJAS (ratios), FLOR (orificio, Pétalos forma, posición Hb-Ha, naturaleza On y color BI-Vi), SILICUA (pedúnculo; valvas; ratio Cu; apéndices ancho, nº divisiones y áng-1&2), SEMILLA (talla y grosor ala), POLEN (diámetros), PAPILAS T-Y-D. F3: INDIVIDUO (diámetro), HOJAS (ancho), FLOR (diámetros, Pétalos ancho y posición Ca), SEMILLAS (forma T). F4: RACIMO, SILICUA (ratios valvas, cuernos lg, apéndices lg y áng-2) y PAPILAS T.

**TAXONOMÍA NUMÉRICA MACRO & MICRO-CARACTERES: 125 (113+12)**



**TAXONOMÍA NUMÉRICA MACRO & MICRO-CARACTERES: 124 (112+12) sin PG&PA**

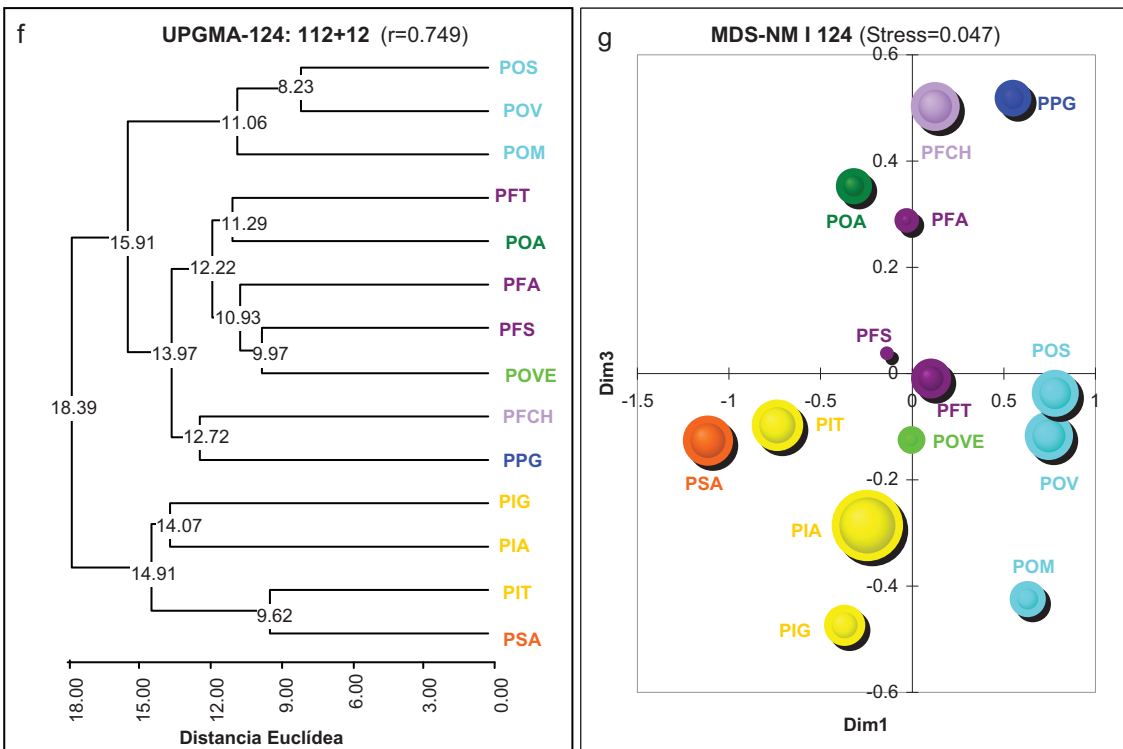


Figura 4.21.- Taxonomía Numérica de macro & micro-caracteres 125 (113+12) y 124 (112+12). Análisis poblacional (16 y 14 UTOs). Fenogramas y MDS-NM. El UPGMA-125 es muy similar al UPGMA-144 aunque el complejo PF se agrupa con ligeras diferencias (PFT-POA y PFS-POVE, PFA), PP-PFCH se mantiene unido al complejo PF; el UPGMA-124 muestra las mismas asociaciones. El MDS-NM pone de manifiesto las mismas agrupaciones descritas.

**F3** (10.29%): *INDIVIDUO*: diámetro, *FLOR*: diámetros, *Pétalos* (ancho, posición Ca y color Rs del limbo) y *SEMILLAS* (forma T).

**F4** (6%): *PÉTALOS* (forma), *RACIMO*, *SILICUA* (*ratios* valvas, cuernos intermedio, apéndices lg y áng-2), *SEMILLAS* (diámetro menor y grosor menor ala) y *PAPILAS T*.

- En las *representaciones tridimensionales*, la gráfica *F1&F2&F3* (69.28%) el eje F3 distancia a las poblaciones que componen el complejo PF (PFS-PFA-PFT) y también a POA y POVE de este último; también se observa un distanciamiento ligero de POM de sus poblaciones co-específicas (POS-POV). En la gráfica *F1&F2&F4* (64.98%) el eje F4 acentúa la separación de las poblaciones de PI (Figs.4.21).

#### 4.3.13.1. Nivel poblacional sin PG ni PA. Análisis multivariante (124)

##### - Fenogramas de distancias Euclideas (124) sin PG ni PA

Las agrupaciones eliminando a PG&PA en la matriz de 124 caracteres son similares al fenograma UPGMA-125 (Figs.4.21) aunque se observa un aumento de los nodos que se refleja en una menor resolución ( $r=0.749$ ).

##### - MDS-NM (124) sin PG ni PA

El análisis de Proximidad (MDS-NM) en la matriz de 125 caracteres depurados sin PG ni PA se resuelve con un bajo índice de distorsión (Stress:0.047) considerado casi perfecto y justifican, los cambios ocurridos en los *fenogramas*. En su gráfica se observa un distanciamiento del complejo PF y se pone de manifiesto la cercanía entre PFCH y PP, que también se alejan de PF y PO (Figs.4.21).

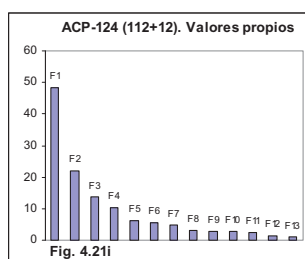
##### - ACP (124) sin PG ni PA

Los análisis de ACP en el conjunto de datos que representa los 134 macro y micro-caracteres depurados sin PG ni PA se resuelven con 13 Factores (Tabla 4.12g y Fig.4.21i).

Tabla 4.12g. ACP-3071x124 (112+12) sin PG & PA. Valores propios y porcentaje de varianza

|                 | F1     | F2     | F3     | F4     | F5     | F6     | F7     | F8     | F9     | F10    | F11    | F12    | F13     |
|-----------------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|---------|
| Valores propios | 48.180 | 21.777 | 13.741 | 10.401 | 6.208  | 5.328  | 4.712  | 3.193  | 2.809  | 2.668  | 2.432  | 1.363  | 1.188   |
| % varianza      | 38.855 | 17.562 | 11.081 | 8.388  | 5.006  | 4.296  | 3.800  | 2.575  | 2.266  | 2.152  | 1.961  | 1.099  | 0.958   |
| % Acumulado     | 38.855 | 56.417 | 67.498 | 75.886 | 80.892 | 85.189 | 88.989 | 91.564 | 93.830 | 95.981 | 97.943 | 99.042 | 100.000 |

Aunque los *valores propios* son más bajos que los análisis anteriores, la varianza acumulada de los cuatro primeros factores (75.89%) es similar.



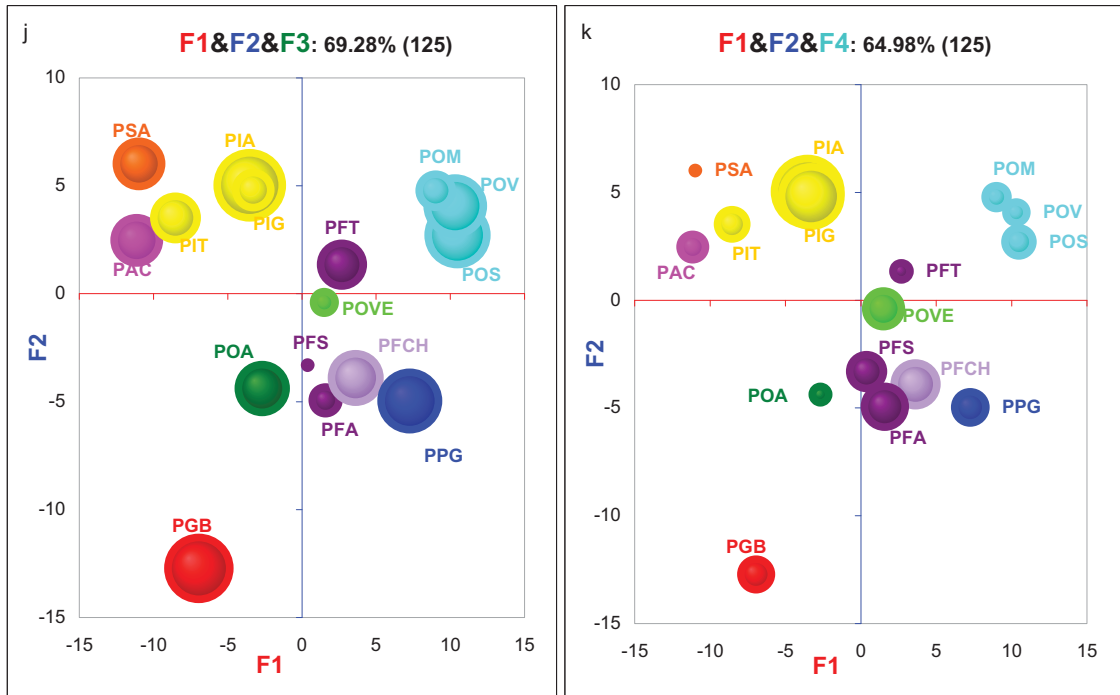
Las variables asociadas más importantes ( $>0.40$ ) a cada uno de los cuatro primeros factores se muestran en la Tabla 4.12h y representan las siguientes asociaciones respecto a los *factores* o *ejes*:

**F1** (48.18%): *INDIVIDUO*: altura máxima, ramificaciones y tallos basales, *FLOR*: apertura y diámetros, *Sépalos*, *Pétalos* (lg, forma, posición Ha y naturaleza Ac-Re), *ratio Pet/Sep*, *Androceo* (anteras dehiscentes), *Gineceo* (ovario y estigma), *SILICUA* (talla del pedúnculo, estilo, ancho cuerno y lg de apéndice mayor), *SEMILLAS* (contorno del ala), *Anteras indehiscentes*, *RECURSOS DEL ANDROCEO* (nº de granos), *RECURSOS DEL GINECEO* (nº de óvulos).

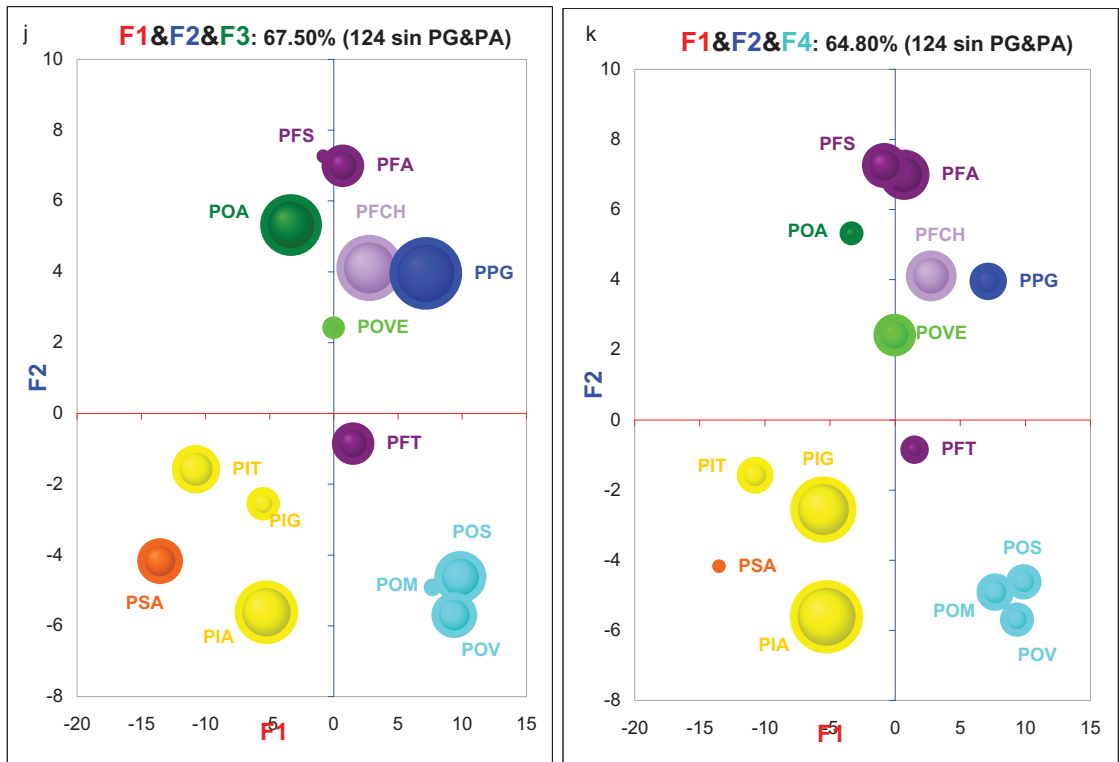
**F2** (21.78%): *HOJAS*, *FLOR*: orificio, *Pétalos* (naturaleza On y color Bl-Vi), *SILICUA* (talla de valvas, ratio del cuerno, ancho, nº de divisiones y ang-1&2 de apéndices).

**F3** (13.74%): *INDIVIDUO*: diámetro y ramificaciones, *FLOR*: diámetros y orificio, *Pétalos* (ancho y color Rs del limbo), *SEMILLAS* (diámetro menor y forma T), *POLEN* (diámetros) y *PAPILAS Y-D*.

**TAXONOMÍA NUMÉRICA MACRO & MICRO-CARACTERES: ACP-125 (113+12)**



**TAXONOMÍA NUMÉRICA MACRO & MICRO-CARACTERES: ACP-124 (112+12) sin PG&PA**



**Figura 4.21.-Taxonomía Numérica de macro & micro-caracteres 125 (113+12) y 124 (112+12). ACP. Gráficas tridimensionales.** En el ACP-125 la gráfica tridimensional  $F1&F2&F3$  el eje  $F3$  distancia a las poblaciones del complejo PF (PFS-PFA-PFT, POA y POVE; también se observa el distanciamiento de POM de sus poblaciones co-específicas (POS-POV). En la gráfica  $F1&F2&F4$  el eje  $F4$  acentúa la separación de las poblaciones de PI. En el análisis 124 sin PG&PA los ejes  $F2$  y  $F3$  alejan a las poblaciones del complejo PF y a POM de sus poblaciones co-específicas, el eje  $F4$  aleja a PS del resto de poblaciones.



Resultados

| ACP-307x124 (112+12) MACRO & MICRO-CARACTERES sin PG&PA |        |        |        |        |               |        |        |        |        |
|---|--------|--------|--------|--------|---------------|--------|--------|--------|--------|
| Variable  | F1     | F2     | F3     | F4     | Variable      | F1     | F2     | F3     | F4     |
| IND_H   | 0.816  | 0.432  | -0.301 | -0.091 | PET_Col_Rs    | 0.588  | 0.218  | -0.507 | -0.328 |
| IND_D1  | -0.280 | -0.132 | 0.664  | -0.336 | ANTL1_L       | 0.976  | -0.095 | -0.031 | 0.076  |
| IND_H_ra1   | 0.534  | 0.405  | -0.461 | 0.024  | ANTL2_L       | 0.978  | -0.083 | -0.045 | 0.056  |
| IND_N* <i>Tb</i>  | -0.593 | -0.336 | 0.411  | -0.264 | ANTL1_Lc      | 0.949  | -0.117 | -0.007 | 0.077  |
| H1_A  | -0.030 | -0.723 | 0.395  | -0.253 | ANTL2_Lc      | 0.956  | -0.110 | -0.012 | 0.046  |
| ratio_H1  | 0.260  | 0.883  | -0.077 | 0.084  | ANTM1_L       | 0.975  | -0.100 | -0.052 | 0.053  |
| H2_A  | -0.019 | -0.600 | 0.349  | -0.297 | ANTM2_L       | 0.970  | -0.116 | -0.072 | 0.021  |
| ratio_H2  | 0.321  | 0.858  | 0.143  | 0.080  | ANTM3_L       | 0.981  | -0.082 | -0.043 | 0.054  |
| H3_A  | -0.182 | -0.615 | 0.408  | -0.341 | ANTM4_L       | 0.977  | -0.108 | -0.059 | 0.048  |
| ratio_H3  | 0.371  | 0.845  | 0.228  | 0.037  | ANTM1_Lc      | 0.961  | -0.101 | -0.042 | -0.006 |
| h4_A  | -0.172 | -0.719 | 0.153  | -0.097 | ANTM2_Lc      | 0.951  | -0.140 | -0.060 | -0.019 |
| ratio_H4  | 0.291  | 0.825  | 0.298  | 0.008  | ANTM3_Lc      | 0.968  | -0.109 | -0.049 | 0.052  |
| h5_A  | -0.069 | -0.771 | 0.178  | -0.094 | ANTM4_Lc      | 0.959  | -0.122 | -0.053 | 0.024  |
| ratio_h5  | 0.114  | 0.818  | 0.269  | 0.000  | OV_L          | 0.718  | 0.231  | 0.347  | 0.229  |
| Ratio H1_h5_L/A   | 0.196  | 0.919  | 0.119  | -0.073 | ETG_L         | 0.805  | 0.110  | -0.023 | 0.235  |
| H_A   | -0.085 | -0.708 | 0.342  | -0.367 | ETG_A         | 0.820  | 0.075  | 0.061  | 0.157  |
| Ratio H_L/A   | 0.311  | 0.916  | 0.138  | 0.062  | RAC_L         | -0.312 | -0.377 | 0.037  | 0.685  |
| FI_ANG SEP  | -0.924 | 0.037  | 0.081  | -0.277 | F_PED_L       | 0.531  | 0.488  | 0.272  | 0.059  |
| FI_D1   | -0.556 | 0.282  | -0.198 | -0.228 | F_Valva_A     | -0.131 | -0.377 | -0.201 | -0.265 |
| FI_d2   | -0.454 | 0.403  | -0.212 | -0.180 | F_ratio_VA    | 0.266  | 0.438  | 0.252  | 0.575  |
| FI_D1-Cuad  | -0.352 | 0.015  | 0.852  | 0.081  | F1_V_A        | 0.108  | -0.570 | -0.330 | 0.060  |
| FI_d2-Cuad  | -0.264 | 0.007  | 0.880  | 0.282  | F1_ratio_VA   | 0.356  | 0.586  | 0.091  | 0.482  |
| FI_Or_D1  | -0.096 | 0.162  | 0.878  | -0.012 | F2_V_A        | 0.158  | -0.519 | -0.364 | 0.031  |
| FI_Or_d2  | 0.174  | 0.307  | 0.828  | 0.019  | F2_ratio_VA   | 0.245  | 0.692  | -0.069 | 0.348  |
| FI_ratio_Or   | 0.019  | 0.797  | 0.257  | -0.011 | F3_V_A        | -0.226 | -0.145 | 0.489  | -0.106 |
| SEPL1_L   | 0.958  | -0.148 | 0.122  | -0.119 | F3_ratio_VA   | 0.195  | 0.740  | 0.091  | 0.272  |
| SEPL2_L   | 0.958  | -0.144 | 0.116  | -0.118 | F_EST_L       | 0.543  | -0.166 | -0.390 | 0.437  |
| SEPM1_L   | 0.956  | -0.162 | 0.112  | -0.114 | F_CU_L        | 0.538  | 0.364  | -0.120 | 0.600  |
| SEPM2_L   | 0.959  | -0.151 | 0.107  | -0.109 | F_CU_A        | 0.691  | -0.485 | 0.182  | 0.005  |
| SEPL1_Amxa  | 0.802  | -0.279 | 0.130  | 0.335  | F_ratio_CU    | -0.060 | 0.771  | -0.307 | 0.333  |
| SEPL2_Amxa  | 0.806  | -0.262 | 0.139  | 0.305  | F_ACU_MY_L    | 0.544  | -0.001 | -0.223 | 0.522  |
| SEPM1_Amxa  | 0.851  | -0.159 | 0.145  | 0.291  | F_ACU_MY_A    | 0.487  | -0.675 | -0.090 | 0.157  |
| SEPM2_Amxa  | 0.842  | -0.115 | 0.102  | 0.303  | F_ACU_MN_L    | 0.462  | -0.093 | -0.211 | 0.550  |
| SEPL1_HAmx  | 0.943  | -0.147 | 0.141  | -0.228 | F_ACU_MN_A    | 0.329  | -0.631 | -0.119 | 0.256  |
| SEPL2_HAmx  | 0.941  | -0.140 | 0.130  | -0.222 | F_ACU_INT_L   | 0.066  | -0.711 | 0.124  | 0.583  |
| SEPM1_HAmx  | 0.915  | -0.216 | 0.129  | -0.279 | F_ACU_INT_A   | 0.037  | -0.740 | 0.086  | 0.512  |
| SEPM2_HAmx  | 0.909  | -0.219 | 0.150  | -0.280 | F_ACU_NAp     | 0.317  | -0.143 | -0.177 | 0.730  |
| PET1_L  | 0.904  | 0.037  | 0.361  | -0.030 | F_ACU_NPr     | -0.023 | -0.519 | 0.290  | -0.271 |
| PET2_L  | 0.903  | 0.040  | 0.359  | -0.014 | F_ACU_B2-B3   | 0.271  | -0.551 | 0.377  | 0.061  |
| PET3_L  | 0.904  | 0.047  | 0.361  | -0.025 | F_ACU_BT      | -0.027 | -0.864 | -0.062 | 0.241  |
| PET4_L  | 0.908  | 0.032  | 0.353  | 0.002  | F_ACU_ANG1    | -0.117 | -0.313 | -0.203 | 0.374  |
| PET1_Uñ_L   | 0.937  | -0.101 | 0.268  | -0.034 | F_ACU_ANG2    | 0.059  | -0.722 | -0.044 | 0.517  |
| PET2_Uñ_L   | 0.942  | -0.091 | 0.269  | -0.033 | SEM_P         | -0.289 | 0.594  | 0.255  | 0.227  |
| PET3_Uñ_L   | 0.949  | -0.096 | 0.253  | -0.032 | SEM_E         | 0.135  | 0.440  | 0.661  | -0.425 |
| PET4_Uñ_L   | 0.946  | -0.065 | 0.254  | -0.017 | SEM_Ala_GrMy  | -0.445 | 0.300  | 0.476  | 0.512  |
| PET1_Lim_Amx  | -0.333 | -0.296 | 0.757  | 0.327  | SEM_Ala_GrMn  | -0.580 | 0.064  | 0.039  | 0.684  |
| PET2_Lim_Amx  | -0.238 | -0.161 | 0.833  | 0.370  | %SEM_F_T-Co   | 0.001  | 0.245  | -0.528 | 0.190  |
| PET3_Lim_Amx  | -0.225 | -0.197 | 0.822  | 0.380  | %SEM_F_Cu-Ci  | 0.435  | -0.413 | 0.156  | -0.629 |
| PET4_Lim_Amx  | -0.226 | -0.183 | 0.840  | 0.362  | %SEM_F_R-E    | -0.374 | 0.307  | 0.093  | 0.583  |
| RATIO_LIM   | 0.498  | 0.392  | -0.520 | -0.083 | SEM_Ala_distr | -0.673 | 0.396  | 0.329  | 0.289  |
| PET1_Lim_HAmx   | 0.589  | 0.378  | 0.103  | -0.624 | Polen_P       | 0.176  | -0.129 | -0.463 | -0.179 |
| PET2_Lim_HAmx   | 0.628  | 0.528  | 0.312  | -0.349 | Polen_E       | 0.180  | -0.106 | -0.457 | -0.159 |
| PET3_Lim_HAmx   | 0.552  | 0.465  | 0.422  | -0.455 | AntL_ind_L    | 0.899  | -0.059 | -0.105 | 0.105  |
| PET4_Lim_HAmx   | 0.591  | 0.474  | 0.359  | -0.437 | AntM_ind_L    | 0.915  | -0.062 | -0.142 | 0.089  |
| ratio_Pet_Sep   | -0.949 | 0.107  | 0.120  | -0.036 | Nº Grs_AntM   | 0.908  | -0.047 | 0.013  | 0.193  |
| PET_Le  | 0.386  | 0.241  | -0.540 | 0.169  | Nº Grs/ FI    | 0.896  | -0.073 | -0.001 | 0.190  |
| PET_Ha  | -0.724 | -0.167 | 0.330  | 0.099  | Nº Ovus/FI    | 0.926  | -0.011 | -0.055 | 0.244  |
| PET_Ond   | -0.515 | 0.592  | 0.217  | 0.144  | Pap_Lt        | 0.855  | 0.268  | 0.056  | -0.302 |
| PET_Acan  | 0.741  | -0.250 | -0.239 | -0.038 | Pap_Bo-Bt     | 0.220  | 0.152  | 0.174  | -0.462 |
| PET_Rev   | 0.792  | -0.123 | 0.218  | -0.140 | Pap_T         | -0.133 | 0.060  | 0.189  | 0.560  |
| PET_Col_BI  | 0.189  | 0.634  | 0.245  | 0.070  | Pap_Y         | 0.301  | -0.005 | 0.415  | 0.188  |
| PET_Col_Vi  | -0.370 | -0.696 | 0.237  | 0.158  | Pap_D-Sd      | -0.134 | -0.084 | -0.387 | 0.062  |

Tabla 4.12h . ACP de macro y micro-caracteres depurados sin PG&PA 351x124 (112+12). Contribución de las variables a los factores. F1: INDIVIDUO ( altura, ramificaciones y tallos), FLOR (aperturas y diámetros; Sépalos; Pétalos lg, forma, posición Ha y naturaleza Ac-Re; ratio Pet/Sep; Anteras dehiscentes; Gineceo) , SILICUA ( pedúnculo, estilo, ancho cuerno y lg a péndice mayor), SEMILLAS (contorno ala), Anteras indehiscentes, RECURSOS del ANDROCEO y GINECEO (nº granos, nº óvulos). F2: HOJAS, FLOR (orificio, Pétalos naturaleza On y color BI-Vi), SILICUA (valvas, ratio Cu, apéndices ancho, nº de visiones y ang-1&2). F3: INDIVIDUO (diámetro y ramificaciones), FLOR (diámetros y orificio, Pétalos ancho y color Rs), SEMILLAS (diámetro menor y forma T), POLEN (diámetros) y PAPILAS Y-D. F4: PÉTALOS (forma), RA CIMO, SILICUA (ratios valvas, lg cuerno y apéndice menor, lg apéndice intermedio, nº de apéndices y ang-1), SEMILLAS (grosor del ala y forma Cu-R), PAPILAS Bo-T.

**F4 (10.40%):** PÉTALOS (forma), RACIMO, SILICUA (ratios valvas, lg cuerno y apéndice menor, lg apéndice intermedio, nº de apéndices y ang-1), SEMILLAS (grosor del ala y forma Cu-R), PAPILAS Bo-T.

- En las representaciones tridimensionales, la gráfica F1&F2& F3 (67.50%) los ejes F2 y F3 alejan a las poblaciones del complejo PF y a las poblaciones sin adscripción taxonómica, POA y POVE; también alejan a POM de sus poblaciones co-específicas y. En la gráfica F1&F2&F4 (64.80%), el eje F4 aleja las poblaciones de *P.intermedia*, y a PS del resto de poblaciones (Figs.4.21).

#### 4.3.14. Correlaciones y Depuración de caracteres. Análisis Discriminante (111 y 110)

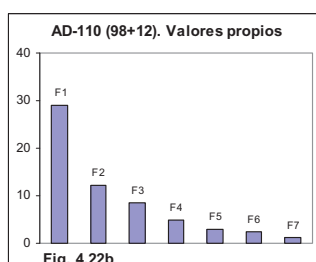
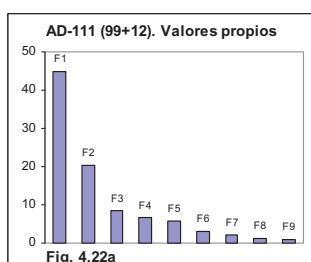
La matriz de 111 caracteres procede de la matriz 125 caracteres depurada de 14 macrocaracteres con escaso valor discriminante (<0.150), de los cuales 8 son vegetativos: *IND\_H\_ra1* (1), *IND\_NºTb* (1), *H1\_A-h5\_A* (5), *H\_A* (1), dos pertenecen a la flor: *Fl\_d2* (1), *Fl\_ratio\_Or* (1) y cuatro al fruto o silicua: *F1\_V\_A- F3\_V\_A* (3) y *F\_Valva\_A* (1).

Aunque la varianza acumulada de los cuatro primeros factores es superior en este análisis (AD-111), los valores propios son inferiores y se reflejan en las gráficas resultantes que discriminan notoriamente menos a los taxones (Tabla 4.14 resumen de AD, Tabla 4.16 resumen de Factores y caracteres asociados). Las variables más importantes asociadas a cada uno de los cuatro primeros factores se muestran en las Tablas de contribución de las variables (Anexo 4.2).

Tabla 4.13a. AD-351x111 (99+12). Valores propios y porcentaje de varianza

|                 | F1     | F2     | F3     | F4     | F5     | F6     | F7     | F8     | F9      |
|-----------------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|---------|
| Valores propios | 44.815 | 20.308 | 8.598  | 6.663  | 5.648  | 3.050  | 2.169  | 1.275  | 0.873   |
| % de varianza   | 47.983 | 21.743 | 9.206  | 7.134  | 6.047  | 3.266  | 2.322  | 1.365  | 0.935   |
| % Acumulado     | 47.983 | 69.726 | 78.931 | 86.065 | 92.112 | 95.378 | 97.700 | 99.065 | 100.000 |

Al quitar PG y PA como grupos ya diferenciados, en las matrices de 307 UTOs los caracteres se reducen a 110 (ya que no se admite la variable de pétalo horizontal bajo exclusiva de PG) y se resuelve mejor que el anterior con solo 7 Factores (Tablas 4.13b y Fig.4.22b).



Los valores propios disminuyen por lo que son más bajos que los anteriores análisis (AD-125, 124 y 111), sin embargo la varianza acumulada de los cuatro primeros factores explica el 89.19% de la varianza discriminatoria, superando a los anteriores análisis.

Los valores propios disminuyen por lo que son más bajos que los anteriores análisis (AD-125, 124 y 111), sin embargo la varianza acumulada de los cuatro primeros factores explica el 89.19% de la varianza discriminatoria, superando a los anteriores análisis.

Tabla 4.13b. AD-307x110 (98+15). Valores propios y porcentaje de varianza

|                 | F1     | F2     | F3     | F4     | F5     | F6     | F7      |
|-----------------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|---------|
| Valores propios | 29.143 | 12.177 | 8.463  | 4.993  | 2.861  | 2.445  | 1.331   |
| % de varianza   | 47.455 | 19.829 | 13.780 | 8.130  | 4.658  | 3.982  | 2.167   |
| % Acumulado     | 47.455 | 67.284 | 81.064 | 89.194 | 93.852 | 97.833 | 100.000 |

#### 4.3.10. Nivel poblacional. Macro-Micro-caracteres. Análisis multivariante (111 y 110)

Los valores poblacionales dan resultados similares a los anteriores modelos aunque con algunas diferencias que se observan de manera especial en los *fenogramas* y que quedan reflejados de forma complementaria por los análisis de ordenación.

En todos los análisis (UPGMA, MDS-NM y ACP) se sigue reflejando la posición aislada de PG respecto al resto de los taxones, en los que se pone de manifiesto la independencia de las islas occidentales con una mayor afinidad entre Teno (PIT), La Gomera (PSA) y después La Palma (PIT-PS, PA). En Gran Canaria la unión PP-PFCH sigue separada de PO y se une al complejo PF como en la Matriz-125, aunque con ligeras diferencias en las asociaciones internas del complejo PF (PFS-POVE y PFA-POA, PFT) aunque con mejor resolución ( $r=0.782$ ) que se refleja por una disminución de los nodos (Tabla 4.15 resumen de Taxonomía Numérica y Anexo 4.2).

Las agrupaciones eliminando a PG&PA son prácticamente las mismas que el análisis anterior excepto en las asociaciones internas del complejo PF (PFS-PFA y PFT-POVE, POA), y se observa un aumento de las distancias Euclídeas que se refleja en una menor resolución (Tabla 4.15 resumen de Taxonomía Numérica y Anexo 4.2)

## 5. CONGRUENCIA TAXONÓMICA. SIMILITUD Y DIVERSIDAD MORFOLÓGICA

---

En primer lugar se analiza la *congruencia taxonómica* entre todos los grupos de análisis morfológico destacando los modelos mejor resueltos para revelar las verdaderas relaciones de similitud entre las poblaciones y taxones de *Parolinia*, así como los caracteres responsables de su discriminación y similitud.

En segundo lugar con la finalidad de detectar las posibles distorsiones en las técnicas de ordenación (MDS-NM y ACP) y modelos considerados mejor resueltos, se implementa el *retículo* de Prim de los *árboles de mínima expansión* (MTS) otro análisis de agrupación.

En tercer lugar los modelos taxonómicos mejor resueltos, se someten a un análisis *Neighbor-Joining* (NJoin) como aproximación hipotética de *relaciones filogenéticas* en el género, que junto con los datos genéticos de aloenzimas, se confrontan con la filogenia molecular (ADN: ITS) de *Parolinia* (JAÉN *et al.*, 2007) tratando de esclarecer las cuestiones que aún no se han podido resolver desde la perspectiva exclusivamente molecular (ADN).

Como punto final del capítulo se dan a conocer las correlaciones de la *diversidad morfológica* con las variables implicadas en los *sistemas de cruzamiento* y *diversidad genética* de *Parolinia*.

### 5.1. CONGRUENCIA TAXONÓMICA Y TAXONOMÍA NUMÉRICA

En todos los *análisis discriminantes* (1649 y 351UTOs), se obtiene más resolución cuando se usan las matrices de 351 UTOs, razón por la cual se utilizarán estos resultados como punto de referencia para los análisis de congruencia taxonómica y caracteres implicados.

Los análisis con valores poblacionales (matrices de 16 UTOs) en todas las técnicas multivariantes utilizadas (UPGMA, MDS-NM y ACP) dan resultados similares aunque existen

ligeras diferencias que se observan de manera especial en los *fenogramas UPGMA* que suelen quedar reforzados de forma complementaria por los análisis de ordenación, MDS-NM y ACP (Tablas resumen AD, de Taxonomía Numérica y de Factores y Caracteres asociados (4.14-4.16).

En todos los análisis se observa una clara mejora en la resolución cuando se incorporan los *Micro-caracteres*. Sin embargo, la depuración sucesiva de caracteres con poco peso o alta correlación, no parece que resuelva mejor ni los Análisis Discriminantes (AD) ni el resto de análisis de Taxonomía Numérica: análisis de Cluster, análisis de proximidad (MDS-NM) y Análisis de Componentes Principales (ACP).

### 5.1.1. Taxones y macro-caracteres. Análisis discriminante y multivariante

En todos los *análisis discriminantes* (AD) del nivel sub-individual de 1649 UTOs, las *matrices de confusión* indican que las poblaciones no adscritas a ningún taxon (POA, POVE y PFCH) están asignadas al complejo de poblaciones de *P. filifolia* (PFS, PFA y PFT), aunque manteniendo una cierta independencia (sobre todo PFCH).

En general se observa, una disminución de los *valores propios* (Eigenvalues) con la depuración y decremento de caracteres y UTOs, acompañado de un aumento del porcentaje de *varianza acumulada* en los primeros factores con la disminución de caracteres. Si parece mejorar notablemente la resolución de los AD y diferenciación de poblaciones con la exclusión de los dos taxones que mejor se discriminan (PG y PA) en *Parolinia* (Tablas 4.14-4.16).

#### 5.1.1.1. Macro-caracteres. Discriminación de taxones y poblaciones (AD)

En los 6 análisis (AD) realizados, la mejor resolución se obtiene con el total de macro-caracteres de la MATRIZ-137 donde se discrimina aisladamente PG, PO y PP (Gran Canaria) y PI (Tenerife). Este mismo análisis sin PG ni PA (MATRIZ-136) refuerza la discriminación de PO y PP y diferencia por primera vez también en Gran Canaria a PF de PO y PP. En las islas occidentales se discrimina PI y PS (La Gomera). Cabe destacar el reconocimiento de un solo complejo taxonómico independiente formado por el conjunto de poblaciones asignadas a PF (PFS, PFA y PFT) y las tres poblaciones sin adscripción (POA, POVE, PFCH) relacionadas a *P. filifolia* (Tabla 4.14 resumen AD). La MATRIZ-126 (depurando 11 macro-caracteres (*orificio floral, pétalos y filamentos estaminales*) solo discrimina a PG y diferencia a PO. La MATRIZ-120 (depurando 6 caracteres más: *pétalos levantados, estilo, pedúnculo del racimo, ancho del apéndice intermedio, ángulo 3 de apéndices y las semillas triangulares*) presenta como novedad la discriminación de PA en las islas occidentales. Estos mismos análisis sin PG ni PA (AD-125 y 119) como el AD-136, discriminan además a PP de PO en Gran Canaria y a PI (Tenerife) de PS (La Gomera) en las islas occidentales.

- Se puede concluir que en el conjunto de AD de *MACRO-CARACTERES* se discrimina a PG en posición aislada y a PO y PP (relacionada a PO) como taxones independientes. Las tres poblaciones sin adscripción taxonómica (PFCH, POVE y POA) se manifiestan muy relacionadas a PF, principalmente PFCH y POVE, relación que se acentúa (AD-126 y 120) y se consolida (PF, POVE, PFCH y POA) cuando se elimina de los análisis a PG y PA. En las islas occidentales se diferencia más fácilmente PA (La Palma) que PI (Tenerife) y PS (La Gomera) que se discriminan cuando se elimina de los análisis a PG y PA (Tablas 4.14-4.15 resumen AD y Factores y Caracteres asociados).

### 5.1.1.2. Macro-caracteres. Taxones y relaciones de similitud (UPGMA, MDS-NM y ACP)

- En todos los fenogramas UPGMA se consolida la posición aislada de PG y la independencia de las islas occidentales donde siempre hay una mayor afinidad entre Teno y La Gomera con La Palma (PIT-PS, PA) que se separan de las otras dos poblaciones de la especie de Tenerife (PIG-PIA). En Gran Canaria además de PG, se diferencia por un lado *P.ornata* (PO) que puede ir acompañada lejanamente por la asociación PP-PFCH (UPGMA-137). Por el otro lado, se revela el *complejo PF\** integrado por las poblaciones de *P.filifolia* y las otras dos poblaciones sin adscripción (PFS, PFA-POA y PFT-POVE) que también puede ir acompañado de PP-PFCH (UPGMA-126 y 120).

- En el MDS-NM y ACP (16 UTOs) las poblaciones de PO se suelen mostrar bastante cohesionadas, PP no se diferencia claramente sino que se relaciona a PFCH que a veces se observa aparentemente más cercana al complejo PF (126 y 120). En las islas occidentales se sigue diferenciando más fácilmente PA (La Palma) que PS y PI, en la que PIT siempre prefiere a PS (La Gomera) más que a sus congéneres (PIA y PIG).

La asociación PP-PFCH puede ir asociada al complejo poblacional de PF y otras veces al complejo de PO, hecho que obliga a que los análisis de congruencia taxonómica pongan especial atención a esclarecer estas relaciones y a identificar los caracteres que se encuentran especialmente implicados, analizando separadamente el conjunto de macro-caracteres y los cambios ocurridos cuando se implementan los micro-caracteres acompañados de los recursos del androceo y gineceo (Tablas 4.15-4.16 resumen de Taxonomía Numérica y de Factores y Caracteres asociados).

### 5.1.2. Taxones y macro & micro-caracteres. Análisis discriminante y multivariante

Los 14 análisis discriminantes de macro y *micro-caracteres* se han realizado solo en el nivel individuo (351 UTOs), observándose una mejora notable en la resolución, según los *valores propios (eigenvalues)* que se pueden triplicar (respecto a los macro-caracteres) y según el mayor porcentaje de *varianza* acumulada en los cuatro primeros *factores* o ejes.

Como anteriormente, la depuración sucesiva de caracteres con poco peso no parece que resuelva mejor ni los análisis discriminantes (AD) ni los Análisis de Componentes Principales (ACP). La exclusión de los dos taxones que mejor se discriminan (PG y PA) si parece mejorar notablemente la resolución y diferenciación de las poblaciones y taxones de *Parolinia*. Conviene destacar que la inclusión de los *micro-caracteres*, resuelve mejor la discriminación de las *poblaciones sin adscripción taxonómica* (POA, POVE y PFCH) pero no mejoran la discriminación de los *macro-caracteres* en las islas occidentales de PS y PI.

#### 5.1.2.1. Macro y microcaracteres. Discriminación de taxones y poblaciones (AD)

En el total de los 155 macro y micro-caracteres, la mejor resolución se obtiene con la MATRIZ-152 (137+15) sin los tres micro-caracteres que no admiten AD (*Nº grs-AntL*, *Pap\_P* y *U*) y luego aunque muy similar con la MATRIZ-141 (126+15) y MATRIZ-135 (120+15) donde se obtienen prácticamente los mismos resultados en las agrupaciones taxonómicas y poblacionales (Tablas 4.14-4.15 resumen AD y Factores y Caracteres asociados). En estos análisis (AD) se discrimina en Gran Canaria **PG**, **PO** y **PP** como también **PF** y cada una de las tres poblaciones relacionadas **POA**, **POVE** y **PFCH**. La depuración de micro-caracteres (*ancho de anteras indehiscentes* y *ratio P/O*) origina la MATRIZ-138 (126+12) y 132 (120+12) que discriminan como los AD anteriores, obteniendo resultados similares pero no idénticos. En todos, solo se discrimina *P.aridanae* (**PA**) de la isla de La Palma en las islas occidentales.



| AD             | % Varianza acumulada        | Valores propios        | PF          | POA        | POVE        | PFCH        | PP        | PO        | PG        | PI        | PS        | PA        |
|----------------|-----------------------------|------------------------|-------------|------------|-------------|-------------|-----------|-----------|-----------|-----------|-----------|-----------|
| <b>137x351</b> |                             |                        |             |            |             |             |           |           |           |           |           |           |
| F1&F2          | 59.57                       | F1= 24.699             | *           | ○ PF*      | ∈ PF        | ∈ PF        | PO - PF*  | ○ PP      | ●         | PF* ○ PS  | PA ○ PI*  | PS        |
| F1&F3          | 52.12                       | F2= 12.135             | *           | ○ PF*      | ○ PF- PP    | ∈ PF        | PF*       | ●         | ○ PS      | ●         | PA ○ PG   | ○ PS      |
| F1&F4          | 48.93                       | F3=7.532               | PI ○ POA*   | PS ○ PF*   | ∈ PF        | ○ PF*       | ●         | ●         | ○ POA*    | PF*       | POA*      | ○ PS*     |
| <b>136x307</b> |                             |                        |             |            |             |             |           |           |           |           |           |           |
| F1&F2          | 60.94                       | F1= 19.472             | PFCH ○ POVE | ○ PFCH-PF  | ○ PF        | PF ○ POA    | ○ PF*     | ●         | —         | ●         | ●         | —         |
| F1&F3          | 54.66                       | F2= 9.891              | POA ○ PI    | ○ PF       | ∈ PF        | ●           | ●         | ●         | —         | ○ PF      | ●         | —         |
| F1&F4          | 50.34                       | F3= 6.867              | *           | ○ PS       | *           | *           | PO-PF*    | PP        | —         | *         | ○ POA     | —         |
| <b>126x351</b> |                             |                        |             |            |             |             |           |           |           |           |           |           |
| F1&F2          | 60.10                       | F1= 23.926             | *           | ○ PF*      | ∈ PF        | ∈ PF        | PO ○ PF*  | ○ PP      | ●         | PF* ○ PS  | PA ○ PI*  | PS        |
| F1&F3          | 52.32                       | F2= 11.404             | *           | PA ○ PF*   | ○ PF*       | ∈ PF        | PF*       | ○ PP      | ●         | ○ PS      | ○ PI      | ○ POA     |
| F1&F4          | 48.65                       | F3= 7.482              | *           | *          | ∈ PF        | ○ PF*       | PI ○ PF*  | ○ PF*     | POA*      | *         | *         | ○ POA-PS  |
| <b>125x307</b> |                             |                        |             |            |             |             |           |           |           |           |           |           |
| F1&F2          | 61.43                       | F1= 16.444             | POVE-PP     | ○ PF       | PF*         | ∈ PF        | ○ PF*     | ●         | —         | ●         | ●         | —         |
| F1&F3          | 54.43                       | F2= 9.283              | POVE ○ POA* | PI ○ PF    | ∈ PF        | ○ PF        | ●         | ●         | —         | POA ○ PF  | ○ POA*    | —         |
| F1&F4          | 48.98                       | F3= 6.349              | *           | PS ○ PI    | PF*         | ∈ PF*       | *         | PP*       | —         | PF*       | POA       | —         |
| <b>120x351</b> |                             |                        |             |            |             |             |           |           |           |           |           |           |
| F1&F2          | 60.49                       | F1=21.488              | PP ○ PI     | ○ PF*      | ∈ PF        | ∈ PF        | PO-PF*    | ○ PP      | ●         | PS ○ PF*  | PA-PI     | PS-PI     |
| F1&F3          | 52.99                       | F2= 10.862             | *           | PA ○ PF*   | ○ PF*       | ∈ PF        | PF*       | ○ PP*     | ●         | ○ PS      | ○ PI      | ○ POA     |
| F1&F4          | 49.04                       | F3= 6.850              | *           | *          | ∈ PF        | ○ PF*       | PF* ○ PO  | PP ○ PF*  | ○ POA*    | *         | *         | *         |
| <b>119x307</b> |                             |                        |             |            |             |             |           |           |           |           |           |           |
| F1&F2          | 62.41                       | F1= 15.659             | POA ○ PP    | ○ PF*      | ○ PF*       | ∈ PF        | ○ PF*     | ●         | —         | ●         | ●         | —         |
| F1&F3          | 54.53                       | F2= 8.831              | POA-PFCH    | PI ○ PF    | ○ PF        | ○ PF        | ○ PO      | ○ PP      | —         | POA-PF    | ●         | —         |
| F1&F4          | 49.26                       | F3= 5.720              | *           | PS ○ PI*   | ○ PF*       | ∈ PF        | PO-PF*    | PP-PF*    | —         | PF* ○ POA | ○ POA     | —         |
| <b>AD</b>      | <b>% Varianza acumulada</b> | <b>Valores propios</b> | <b>PF</b>   | <b>POA</b> | <b>POVE</b> | <b>PFCH</b> | <b>PP</b> | <b>PO</b> | <b>PG</b> | <b>PI</b> | <b>PS</b> | <b>PA</b> |
| <b>152x351</b> |                             |                        |             |            |             |             |           |           |           |           |           |           |
| F1&F2          | 59.82                       | F1= 56.603             | POVE ○ POA  | ○ PF       | ○ PF        | PA ○ PI     | ●         | ●         | ●         | PS ○ PFCH | PI        | ○ PFCH*   |
| F1&F3          | 53.03                       | F2= 31.467             | ●           | ●          | ●           | ●           | ●         | ●         | ○ PI-PS   | PS ○ PG   | PI ○ PG   | ●         |
| F1&F4          | 47.40                       | F3=21.476              | *           | ●          | ∈ PF        | ●           | *         | *         | ●         | POA ○ PS  | ○ PI      | ●         |
| <b>151x307</b> |                             |                        |             |            |             |             |           |           |           |           |           |           |
| F1&F2          | 63.43                       | F1= 45.515             | ○ POVE      | ●          | ○ PF        | ●           | ●         | ●         | —         | ●         | ●         | —         |
| F1&F3          | 54.79                       | F2= 25.944             | POA-POVE    | PF-POVE    | PF-POA      | ●           | ●         | ●         | —         | ●         | ●         | —         |
| F1&F4          | 48.70                       | F3= 16.218             | POVE ○ PO   | ●          | ○ PF        | ○ PI        | ●         | ○ PF      | —         | ○ PFCH    | ●         | —         |
| <b>141x351</b> |                             |                        |             |            |             |             |           |           |           |           |           |           |
| F1&F2          | 60.79                       | F1= 53.842             | POVE ○ POA  | ○ PF       | ○ PF        | ○ PI-PS     | ●         | ●         | ●         | PS ○ PFCH | PI        | ●         |
| F1&F3          | 54.05                       | F2= 30.078             | ●           | ●          | ●           | ●           | ●         | ●         | ●         | PS        | PS        | ●         |
| F1&F4          | 47.76                       | F3= 20.070             | *           | ●          | ∈ PF        | ●           | *         | *         | ●         | PS        | PI        | ●         |
| <b>140x307</b> |                             |                        |             |            |             |             |           |           |           |           |           |           |
| F1&F2          | 64.41                       | F1= 41.955             | ○ POVE      | ●          | ○ PF        | ●           | ●         | ●         | —         | PS        | PI        | —         |
| F1&F3          | 55.42                       | F2= 23.777             | POA-POVE    | PF-POVE    | PF-POA      | ●           | ●         | ●         | —         | ●         | ●         | —         |
| F1&F4          | 49.68                       | F3= 14.609             | PO ○ POVE   | ●          | ○ PF        | ○ PI        | ●         | ○ PF      | —         | ○ PFCH    | ●         | —         |
| <b>138x351</b> |                             |                        |             |            |             |             |           |           |           |           |           |           |
| F1&F2          | 60.54                       | F1= 52.760             | POA ○ POVE  | ○ PF       | ○ PF        | PA ○ PI     | ●         | ●         | ●         | PS ○ PFCH | PI        | ○ PFCH*   |
| F1&F3          | 54.40                       | F2= 29.019             | ●           | ●          | ●           | ●           | ●         | ●         | ●         | PS        | PI        | ●         |
| F1&F4          | 47.90                       | F3= 20.725             | *           | ●          | ∈ PF        | ●           | *         | *         | ○ PA      | PS        | PI        | ○ PG      |
| <b>137x307</b> |                             |                        |             |            |             |             |           |           |           |           |           |           |
| F1&F2          | 64.18                       | F1= 39.912             | ○ POVE      | ●          | ○ PF        | ●           | ●         | ●         | —         | PS        | PI        | —         |
| F1&F3          | 54.79                       | F2= 23.689             | POVE-POA    | PF-POVE    | PF-POA      | ●           | ●         | ●         | —         | ●         | ●         | —         |
| F1&F4          | 48.78                       | F3= 14.381             | PO ○ POVE   | ●          | ○ PF        | ○ PI        | ●         | ○ PF      | —         | ○ PFCH    | ●         | —         |
| <b>135x351</b> |                             |                        |             |            |             |             |           |           |           |           |           |           |
| F1&F2          | 60.41                       | F1= 51.273             | POA ○ POVE  | ○ PF       | ○ PF        | ○ PI-PS     | ●         | ●         | ●         | PS ○ PFCH | PI        | ●         |
| F1&F3          | 54.41                       | F2= 27.606             | ●           | ●          | ●           | ●           | ●         | ●         | ●         | PS        | PI        | ●         |
| F1&F4          | 48.23                       | F3= 19.776             | *           | ●          | ∈ PF        | ●           | *         | *         | ○ PA      | PS        | PI        | ○ PG      |
| <b>134x307</b> |                             |                        |             |            |             |             |           |           |           |           |           |           |
| F1&F2          | 64.08                       | F1= 38.464             | ○ POVE      | ●          | ○ PF        | ●           | ●         | ●         | —         | ○ PS      | ○ PI      | —         |
| F1&F3          | 55.28                       | F2= 22.329             | POVE-POA    | PF-POVE    | PF-POA      | ●           | ●         | ●         | —         | ○ PS      | ○ PI      | —         |
| F1&F4          | 48.87                       | F3= 13.979             | PO ○ POVE   | ●          | ○ PF        | ○ PI        | ●         | ○ PF      | —         | ○ PFCH    | ●         | —         |
| <b>132x351</b> |                             |                        |             |            |             |             |           |           |           |           |           |           |
| F1&F2          | 60.26                       | F1= 50.722             | POA ○ POVE  | ○ PF       | ○ PF        | PA ○ PI-PS  | ●         | ●         | ●         | PS ○ PFCH | PI        | ●         |
| F1&F3          | 54.97                       | F2= 26.489             | ●           | ●          | ●           | ●           | ●         | ●         | ●         | PS        | PI        | ●         |
| F1&F4          | 48.56                       | F3= 19.717             | *           | ○ PF*      | ∈ PF        | ●           | *         | *         | ○ PA      | PS        | PI        | ○ PG      |
| <b>131x307</b> |                             |                        |             |            |             |             |           |           |           |           |           |           |
| F1&F2          | 63.80                       | F1= 36.853             | ○ POVE      | ●          | ○ PF        | ●           | ●         | ●         | —         | ○ PS      | ○ PI      | —         |
| F1&F3          | 54.75                       | F2= 22.090             | POA ○ POVE  | PF ○ POVE  | PF ○ POA    | ●           | ●         | ●         | —         | ○ PS      | ○ PI      | —         |
| F1&F4          | 48.26                       | F3=13.726              | PO ○ POVE   | ●          | ○ PF        | ○ PI        | ●         | ○ PF      | —         | ○ PFCH    | ●         | —         |
| <b>125x351</b> |                             |                        |             |            |             |             |           |           |           |           |           |           |
| F1&F2          | 65.63                       | F1= 48.686             | POVE ○ POA  | ○ PF       | ○ PF        | PI-PS       | ●         | ●         | ●         | PS-PFCH   | PI-PFCH   | ●         |
| F1&F3          | 54.52                       | F2= 26.262             | POVE ○ POA  | ○ PF       | ○ PF        | ●           | ●         | ●         | ○ PI-PS   | ○ PG-PS   | ○ PG-PI   | ●         |
| F1&F4          | 49.60                       | F3= 13.579             | ●           | ●          | ∈ PF        | ●           | PO        | PP        | ●         | PS        | PI        | ●         |
| <b>124x307</b> |                             |                        |             |            |             |             |           |           |           |           |           |           |
| F1&F2          | 66.71                       | F1= 35.742             | POVE ○ POA  | ○ PF       | ○ PF        | PI-PS       | ●         | ●         | —         | PS -PFCH  | PI-PFCH   | —         |
| F1&F3          | 59.66                       | F2= 15.526             | *           | *          | *           | ●           | *         | *         | —         | PS        | PI        | —         |
| F1&F4          | 54.46                       | F3= 10.105             | *           | *          | *           | ○ PI-PS     | *         | *         | —         | ○ PFCH-PS | ○ PFCH-PI | —         |
| <b>111x351</b> |                             |                        |             |            |             |             |           |           |           |           |           |           |
| F1&F2          | 69.73                       | F1= 44.815             | ○ PP        | PF         | PF          | ○ PI-PS     | ○ PF*     | ●         | ●         | PS ○ PFCH | □ PI      | ●         |
| F1&F3          | 57.19                       | F2= 20.308             | *           | *          | *           | ●           | *         | ●         | ●         | *         | *         | ●         |
| F1&F4          | 55.12                       | F3= 8.598              | *           | *          | *           | ●           | *         | *         | PA        | ○ PS      | ○ PI      | ○ PG      |
| <b>110x307</b> |                             |                        |             |            |             |             |           |           |           |           |           |           |
| F1&F2          | 67.28                       | F1= 29.143             | POVE ○ POA  | ○ PF       | ○ PF        | PI-PS       | ●         | ●         | —         | PS -PFCH  | PI-PFCH   | —         |
| F1&F3          | 61.24                       | F2= 12.177             | *           | *          | *           | ●           | *         | *         | —         | PS        | PI        | —         |
| F1&F4          | 55.58                       | F3= 8.463              | POVE-POA    | POVE-PF    | PF-POA      | PS          | PO        | PP        | —         | ●         | PFCH      | —         |

Tabla 4.14 .- Análisis Discriminante (AD) y discriminación de taxones. Tabla resumen. Símbolos:●= fuertemente discriminado ●= discriminado; ○= diferenciado pero más o menos adosado; \* = indiferenciado

| Macro               | r/ s           | out PF | PFS-PFA            | PFA-POA           | PFT-POVE | PFCH-PP PF | PP       | PFCH-PP PO | PP-PO  | POS POV | PIG-PIA  | PIT-PS           |
|---------------------|----------------|--------|--------------------|-------------------|----------|------------|----------|------------|--------|---------|----------|------------------|
| Matriz-137          | 0.750<br>0.045 | PFS    | ♥♦ (F2)            | ♣♦ (F2)           | ♣♦ (F2)  | ♥♦♦ (F2)   | —        | ♣♦ (F3)    | ♦ (F3) | ♣ POM   | ♣♦ (F3)  | ♣ PA<br>♥♦♦ (F2) |
| Matriz-136          | 0.711<br>0.044 | PFS    | ♥♦♦ (F2)           | ♥♦♦ (F2)          | ♥♦♦ (F2) | ♦ (F2)     | ♥♦♦ (F3) | ♣          | —      | ♣ POM   | ♥♦♦ (F3) | ♥♦♦ (F3)         |
| Matriz-126          | 0.776<br>0.035 | POA    | ♣♦ (F2)            | ♥♦♦ (F2)          | ♥♦♦ (F2) | ♥♦♦ (F2)   | —        | ♦ (F3)     | —      | ♣ POM   | ♣♦ (F2)  | ♣ PA<br>♥♦♦ (F2) |
| Matriz-125          | 0.738<br>0.043 | POA    | ♥♦♦ (F2)           | ♥♦♦ (F2)          | ♥♦♦ (F2) | ♣♦ (F2)    | ♥♦♦ (F3) | —          | —      | ♣ POM   | ♥♦♦ (F2) | ♥♦♦              |
| Matriz-120          | 0.783<br>0.036 | POA    | ♥♦♦ (F2)           | ♥♦♦ (F2)          | ♥♦♦ (F2) | ♥♦♦ (F2)   | —        | ♦ (F3)     | ♦ (F3) | ♣ POM   | ♥♦♦ (F2) | ♣ PA<br>♥♦♦ (F3) |
| Matriz-119          | 0.749<br>0.042 | POA    | ♥♦♦ (F2)           | ♥♦♦ (F2)          | ♥♦♦ (F2) | ♣♦ (F2)    | ♥♦♦ (F3) | —          | —      | ♣ POM   | ♥♦♦ (F2) | ♥♦♦              |
| Macro & Micro       | r              | out PF | PFS-PFA            | PFA-POA           | PFT-POVE | PFCH-PP PF | PP       | PFCH-PP PO | PP-PO  | POS POV | PIG-PIA  | PIT-PS           |
| Matriz 155 (137+18) | 0.770<br>0.043 | -      | ♥♦♦ (F2)           | ♣ PFT<br>♥♦♦ (F2) | ♥♦♦ (F2) | ♦ (F2)     | ♥        | ♣♦ (F3)    | —      | ♣ POM   | ♣♦ (F3)  | ♣ PA<br>♥♦♦ (F2) |
| Matriz 152 (137+15) | 0.757<br>0.043 | -      | ♥♦♦ (F2)           | ♣ PFT<br>♥♦♦ (F2) | ♥♦♦ (F2) | ♦ (F2)     | ♥        | ♣♦ (F3)    | —      | ♣ POM   | ♥♦♦ (F3) | ♣ PA<br>♥♦♦ (F2) |
| Matriz 151 (136+15) | 0.729<br>0.047 | -      | ♥♦♦ (F2)           | ♣ PFT<br>♥♦♦ (F2) | ♥♦♦ (F2) | ♦ (F2)     | ♥♦♦ (F3) | ♣          | —      | ♣ POM   | ♥♦♦ (F3) | ♥♦♦ (F2)         |
| Matriz 144 (126+18) | 0.792<br>0.040 | -      | ♣ POVE<br>♥♦♦ (F2) | ♥♦♦ (F2)          | ♥♦♦ (F2) | ♣♦ (F2)    | ♥        | ♦ (F3)     | —      | ♣ POM   | ♥♦♦ (F2) | ♣ PA<br>♥♦♦ (F3) |
| Matriz 141 (126+15) | 0.785<br>0.042 | -      | ♣ POVE<br>♥♦♦ (F2) | ♥♦♦ (F2)          | ♥♦♦ (F2) | ♣♦ (F2)    | ♥        | ♦ (F3)     | —      | ♣ POM   | ♥♦♦ (F2) | ♣ PA<br>♥♦♦ (F3) |
| Matriz 140 (125+15) | 0.752<br>0.042 | POA    | ♣♦ (F2)            | ♥♦♦ (F2)          | ♥♦♦ (F2) | ♦ (F2)     | ♥♦♦ (F3) | —          | —      | ♣ POM   | ♥♦♦ (F2) | ♥♦♦ (F3)         |
| Matriz 138 (126+12) | 0.780<br>0.042 | POA    | ♥♦♦ (F2)           | ♥♦♦ (F2)          | ♥♦♦ (F2) | ♦ (F2)     | ♥        | ♦ (F3)     | —      | ♣ POM   | ♥♦♦ (F2) | ♣ PA<br>♥♦♦ (F3) |
| Matriz 137 (125+12) | 0.751<br>0.043 | POA    | ♥♦♦ (F2)           | ♥♦♦ (F2)          | ♥♦♦ (F2) | ♦ (F2)     | ♥♦♦ (F3) | —          | —      | ♣ POM   | ♥♦♦ (F2) | ♥♦♦ (F3)         |
| Matriz 135 (120+15) | 0.786<br>0.041 | -      | ♥♦♦ (F2)           | ♣ PFT<br>♥♦♦ (F2) | ♥♦♦ (F2) | —          | ♥        | ♣♦ (F3)    | —      | ♣ POM   | ♥♦♦ (F2) | ♣ PA<br>♥♦♦ (F3) |
| Matriz 134 (119+15) | 0.762<br>0.045 | POA    | ♣ POVE<br>♥♦♦ (F2) | ♥♦♦ (F2)          | ♥♦♦ (F2) | ♣♦ (F2)    | ♥♦♦ (F3) | —          | —      | ♣ POM   | ♥♦♦ (F2) | ♥♦♦ (F3)         |
| Matriz 132 (120+12) | 0.787<br>0.041 | -      | ♥♦♦ (F2)           | ♣ PFT<br>♥♦♦ (F2) | ♥♦♦ (F2) | ♦ (F2)     | ♥        | ♦ (F3)     | —      | ♣ POM   | ♥♦♦ (F2) | ♣ PA<br>♥♦♦ (F3) |
| Matriz 131 (119+12) | 0.761<br>0.043 | -      | ♥♦♦ (F2)           | ♣ PFT<br>♥♦♦ (F2) | ♥♦♦ (F2) | ♣♦ (F2)    | ♥♦♦ (F3) | —          | —      | ♣ POM   | ♥♦♦ (F2) | ♥♦♦ (F3)         |
| Macro & Micro       | r              | out PF | PFS-PFA            | PFA-POA           | PFT-POVE | PFCH-PP PF | PP       | PFCH-PP PO | PP-PO  | POS POV | PIG-PIA  | PIT-PS           |
| Matriz 125 (113+12) | 0.776<br>0.046 | PFA    | ♥♦♦                | —                 | ♣♦       | ♣          | ♥♦♦      | —          | ♥♦♦    | ♣ POM   | ♣        | ♣ PA<br>♥♦♦      |
| Matriz 124 (112+12) | 0.749<br>0.047 | PFA    | —                  | —                 | ♣        | ♣          | ♥♦♦      | —          | —      | ♣ POM   | ♣        | ♣ PA             |
| Matriz 111 (99+12)  | 0.782<br>0.037 | PFT    | ♥♦♦                | ♣ PFT<br>♥♦♦      | ♥♦♦      | ♣          | ♥♦♦      | —          | —      | ♣ POM   | ♣        | ♣ PA             |
| Matriz 110 (98+12)  | 0.746<br>0.039 | POA    | ♣                  | —                 | ♣        | ♣          | ♥♦♦      | —          | —      | ♣ POM   | ♣        | ♣ PA             |

Tabla 4.15.- Taxonomía numérica y congruencia taxonómica (16 UTOs). Análisis de cluster (UPGMA), análisis de proximidad (MDS-NM) y análisis de componentes principales (ACP). ♣ = UPGMA; ♥ = MDS; ♦ = ACP; \* = sin asociar; r= coeficiente cofenético; s= stress; out= outgroup.

Estos mismos análisis sin PG ni PA (AD-151, AD-140, AD-134 y AD-137 y 131) mejoran ligeramente el porcentaje de varianza de los cuatro primeros factores. Como los anteriores, la exclusión de PA en las islas occidentales fuerza la discriminación de **PS** y **PI**.

Se puede concluir que a diferencia de los *macro-caracteres*, cuando se incluyen los *micro-caracteres* las tres poblaciones sin adscripción taxonómica (PFCH, POA y POVE) se manifiestan de forma más independiente pero siempre relacionadas a PF, principalmente POVE y luego POA, manteniéndose PFCH como más alejada. Los análisis sin PG ni PA, se caracterizan por favorecer la discriminación de las tres poblaciones sin adscripción taxonómica y por diferenciar a PI de PS como los macro-caracteres.

#### 5.1.2.2. Macro y microcaracteres. Relaciones de similitud (UPGMA, MDS-NM y ACP)

Se sigue reflejando la posición aislada de PG respecto al resto de los taxones, y la independencia de las islas occidentales donde siempre hay una mayor afinidad entre Teno, La Gomera y La Palma (PIT-PS, PA) que se separan de las otras dos poblaciones de Tenerife (PIG-PIA). En Gran Canaria, se diferencia *P.ornata* (PO) a veces acompañada lejanamente por la asociación PP-PFCH y el complejo PF integrado por *P.filifolia* y las otras dos poblaciones sin adscripción (POA y POVE) que manifiestan distintos niveles de similitud según los análisis y caracteres. Como en los análisis anteriores de macro-caracteres merece destacar que en las poblaciones de PO las relaciones son más estrechas que en el conjunto de poblaciones del complejo PF donde se mantiene la unión PFA-POA del UPGMA-137 y 136. El fenograma UPGMA-144 de máxima resolución ( $r=0.792$ ) es idéntico al UPGMA-141 donde el complejo PF está acompañado por la unión PFCH-PP, a diferencia de los UPGMA-155, 152 y 135. El UPGMA-135 ( $r=0.786$ ) es casi idéntico al 132 ( $r=0.787$ ), aunque se diferencian en la posición de PFCH-PP (Tabla 4.15 resumen de Taxonomía Numérica y Anexo 4.2).

En las técnicas de ordenación (MDS-NM y ACP) el conjunto de los *macro* y *micro-caracteres* obtiene asimismo resultados similares a los anteriores de macro-caracteres poniéndose de manifiesto la asociación PFCH-PP, con PFCH más cerca a PF y PP a PO. El MDS-NM muestra la proximidad de POA y POVE poblaciones sin adscripción taxonómica al complejo PF y a veces la cercanía entre PFCH y PP al complejo PF. En todos ellos se sigue reflejando la posición aislada de PG respecto al resto de los taxones, y se sigue poniendo de manifiesto la independencia de las *islas occidentales* donde siempre hay una mayor afinidad entre Teno, La Gomera y La Palma (PIT-PS, PA) que se separan de las otras dos poblaciones de Tenerife (PIG-PIA). En Gran Canaria, se diferencia *P.ornata* (PO) a veces acompañada por PP-PFCH, y por otro lado el complejo PF integrado también por las otras dos poblaciones sin adscripción (PFS, PFA-POA y PFT-POVE).

#### 5.1.3. Análisis de caracteres. Factores y modelos (AD)

El análisis de los caracteres se lleva a cabo a través de los modelos de AD que mejor resuelven la discriminación de taxones y poblaciones de *Parolinia*. Se señalan los caracteres más importantes asociados a los factores o ejes principales (con más peso o carga factorial), destacando su valor diagnóstico según los taxones.

Los resultados de los 6 análisis de *macro-caracteres* y de los 14 de *macro* y *micro-caracteres*, han puesto de manifiesto dos *modelos* complementarios que se corresponden a dos matrices de 1649 y 351 UTOs: una (i) que incluye a 16 poblaciones y otra (ii) con solo 14 poblaciones sin PG ni PA (Tablas 4.14-4.15 resumen AD y Factores y Caracteres asociados).

En ambos modelos se pone de manifiesto un ligero cambio de caracteres asociados a los cuatro primeros *factores* o *ejes*, que como ya se ha evidenciado, intervienen de forma decisiva en la discriminación de los taxones (Tabla 4.14 resumen AD).

#### 5.1.3.1. Modelo-I con 16 poblaciones. Factores y caracteres asociados (Macro-caracteres)

Los principales caracteres implicados en la discriminación de taxones y poblaciones, se muestran acompañados de *gráficas de líneas* con las medias aritméticas y *diagramas de cajas* que permiten visualizar además de las medias de las distintas poblaciones, sus intervalos de confianza.

*FACTOR F1-IM: Apertura de la FLOR (ángulo de los sépalos) y diámetros, Sépalos (longitud, ancho y forma), ratio Pet/Sep, Anteras dehiscentes, Pétalos (longitud uña, Hb, On-Ac), SILICUA (ancho Apéndices y divisiones), SEMILLAS (diámetro mayor, grosor mayor del ALA y forma Rectangular).*

*FACTOR F2-IM: Altura máxima INDIVIDUO, Hojas (longitud y ratios), Pétalos (longitud total, forma y Hb-Ha), Ovario, SILICUA (pedúnculo, valvas, ángulo 1 de astas y divisiones), SEMILLAS (grosor mayor ala).*

*FACTOR F3-IM: HOJAS (longitud y ratios) y RACIMO.*

*FACTOR F4-IM: Diámetros INDIVIDUO, LIMBO (ancho, color BI-VI) y SILICUA (protuberancias y divisiones apéndices).*

#### 5.1.3.2. Modelo-I con 16 poblaciones. Factores con macro y micro-caracteres asociados

Conviene recordar que los análisis que incluyen los *micro-caracteres*, resuelven mejor la discriminación de las *poblaciones sin adscripción taxonómica* (POA, POVE y PFCH) pero no mejoran en las islas occidentales la discriminación de PS y PI de los *macro-caracteres*.

En este modelo-I de *macro* y *micro-caracteres* se mantienen casi los mismos grupos de *macro-caracteres* a los que se implementan los *micro-caracteres*, aunque con ligeras diferencias como: desaparición del *racimo* en el F3 y aparición de los caracteres señalados con (\*).

*FACTOR F1-IM&M: Apertura de la FLOR y diámetro mayor, Sépalos (longitud, ancho y forma), ratio Pet/Sep, Anteras Dehiscentes, Pétalos (longitudes, posición Hb y naturaleza On-Ac), Estigma (ancho\*), SILICUA (ancho Apéndice mayor), SEMILLAS (diámetro mayor), Anteras indehiscentes (longitudes), Recursos Androceo (nº granos), Recursos Gineceo (nº óvulos) y Papilas estigmáticas Bo & T.*

*FACTOR F2-IM&M: altura máxima y diámetros INDIVIDUO, HOJAS (lg H\*1 y ratios\*), FLOR: orificio (diámetros), Pétalos (forma y posición Hb- Ha), SILICUA (talla del pedúnculo, valvas, ancho apéndices, divisiones y ángulo 1), SEMILLAS (grosor mayor del ala), POLEN (diámetros) y Papilas estigmáticas (formas Bo-T-Y-D).*

*FACTOR F3-IM&M: HOJAS (longitud H2-h5\*) y PAPILAS T\*-D*

*FACTOR F4-IM&M: Pétalos (color BI\* y ancho\* del limbo), Ovario (longitud) y Papilas estigmáticas Bo\*-T\*-D\*.*

#### 5.1.3.3. Modelo-II con 14 poblaciones. Factores y caracteres asociados (Macro)

Al quitar PG y PA como grupos más diferenciados, el modelo mejora notablemente. Se diferencia del anterior en que pierden importancia los caracteres de la *semilla* (forma talla y ala) y cambian de *factor* algunas de las variables que se adelantan del inmediato inferior.

|           | MACRO-CARACTERES  |  | MACRO & MICRO-CARACTERES (1)                              |  | MACRO & MICRO-CARACTERES (2)                                       |   |
|-----------|---|--|---|--|--|---|
|           | AD-I - 16 Pob - 351 UTOs                                      | AD-II - 307 UTOs sin PG&PA                       | AD-I - 16 Pob- 351 UTOs                                   | AD-II - 307 UTOs sin PG&PA                                 | AD-I - 16 Pob- 351 UTOs  | AD-II - 14 UTOs sin PG&PA                                 |
| <b>F1</b> | —   | INDIVIDUO: altura máxima *                       | —   | INDIVIDUO: altura máxima* y ramificación                   | —  | INDIVIDUO: altura máxima* y ramificación*                 |
|           | FLOR: diámetros* y APERTURA (ángulo sépalos) ●                | FLOR: APERTURA ●                                 | FLOR: diámetro mayor* y APERTURA ●                        | FLOR: APERTURA ●   | FLOR: diámetro mayor* y APERTURA ●                                 | FLOR: APERTURA ●  |
|           | SEPALOS: lg, ancho y forma ●                                  | SEPALOS: lg, ancho* y forma ●                    | SÉPALOS: lg, ancho* y forma ●                             | SEPALOS: lg y forma ●                                      | SÉPALOS: lg, ancho* y forma ●                                      | SEPALOS: lg, ancho* y forma ●                             |
|           | PÉTALOS: lg uña, pos Hb y natur On- Ac*                       | PÉTALOS: longitud, natur On*-Ac*                 | PÉTALOS: longitud, pos Hb*, natur On*-Ac*                 | PÉTALOS: longitud  | PÉTALOS: lg, pos Hb* y natur On*-Ac*                               | PÉTALOS: longitud y natur Ond*                            |
|           | Ratio PET/SEP ●   | Ratio PET/SEP ●                                  | Ratio PET/SEP ●   | Ratio PET/SEP ●  | Ratio PET/SEP ●  | Ratio PET/SEP ●   |
|           | ANDROCEO: ANT. DEHISCENTES ●                                  | ANDROCEO: ANT. DEHISCENTES ●                     | ANDROCEO: ANT. DEHISCENTES ●                              | ANDROCEO: ANT. DEHISCENTES ●                               | ANDROCEO: ANT. DEHISCENTES ●                                       | ANDROCEO: ANT. DEHISCENTES ●                              |
|           | —   | —  | GINECEO: estigma (ancho)*                                 | —  | GINECEO: estigma (ancho)*  | —   |
|           | SILICUA: apéndices (ancho* y divisiones*)                     | —  | SILICUA: apéndice mayor (ancho*)                          | —  | SILICUA: apéndices (ancho*)  | —   |
|           | SEMILLAS: diám mayor*, grosor mayor ala y % forma rectangular | —  | SEMILLAS: diámetro mayor*                                 | —  | SEMILLAS: diám mayor* y grosor mayor ala*                          | —   |
|           | —   | —  | RECURS ANDROC: ANT INDEHISC y N° GRANOS*                  | RECURS ANDROC: ANT INDEHISC y N° GRANOS*                   | RECURS ANDROC: ANT INDEHISC y N° GRANOS*                           | RECURS ANDROC: ANT INDEHISC y N° GRANOS*                  |
| —         | —   | RECURS GINEC: N° ÓVULOS                          | RECURS GINEC: N° ÓVULOS                                   | RECURS GINEC: N° ÓVULOS                                    | RECURS GINEC: N° ÓVULOS  |   |
| —         | —   | PAPILAS: lg y formas Bo* - T*                    | PAPILAS: lg y formas Bo -Y*                               | PAPILAS: lg y formas Bo* - T*                              | PAPILAS: lg y formas Bo* - Y*                                      |   |
| <b>F2</b> | INDIVIDUO: altura maxima*                                     | —  | INDIVIDUO: altura max* y diámetros*                       | INDIVIDUO: diámetros*                                      | INDIVIDUO: altura máxima*  | INDIVIDUO: diámetro mayor*                                |
|           | Hojas: longitud* y ratios*                                    | HOJAS: longitud* y ratios*                       | HOJAS: longitud H1* y ratios*                             | HOJAS: longitud* y ratios*                                 | HOJAS: ratios*   | HOJAS: anchos * y ratios*                                 |
|           | —   | FLOR: orificio*                                  | FLOR: orificio*   | FLOR: orificio*  | FLOR: orificio*  | FLOR: orificio*   |
|           | PÉTALOS: longitud total*, forma y pos Hb* - Ha                | PÉTALOS: forma                                   | PÉTALOS: forma y pos Hb - Ha                              | PÉTALOS: natur Ond* - Ac*                                  | PÉTALOS: forma, pos Hb*-Ha y color BI                              | PÉTALOS: natur Ond* - Ac*                                 |
|           | GINECEO: ovario*  | GINECEO: ovario*                                 | —   | —  | —  | —   |
|           | —   | RACIMO*  | —   | —  | —  | —   |
|           | SILICUA: ped*, valvas, apénd (divis* y áng-1*)                | SILICUA: valvas (lg y ratio) y apénd (n° divis*) | SILICUA: ped*, valvas, apénd (ancho*, n° divis* y áng-1*) | SILICUA: valvas (lg y ratio), apénd (ancho* y n°divis*)    | SILICUA: ped*, valvas (ratios), apénd (ancho*, n° divis* y áng-1*) | SILICUA: valvas (ratio), apénd (ancho* y n° divis*        |
|           | SEMILLAS: grosor mayor ala*                                   | SEMILLAS: diámetro menor*                        | SEMILLAS: grosor mayor ala*                               | SEMILLAS: diámetros*                                       | SEMILLAS: grosor mayor ala*  | SEMILLAS: diámetros*                                      |
|           | —   | —  | POLEN: diámetros  | —  | POLEN: diámetros   | RECURS ANDROC: N° GRANOS*                                 |
|           | —   | —  | PAPILAS: Bo*-T* -Y* - D*                                  | —  | PAPILAS: Bo*-T* -Y* - D*   | PAPILAS Y*  |
| <b>F3</b> | —   | INDIVIDUO: diámetros*                            | —   | —  | INDIVIDUO: diámetro mayor *  | —   |
|           | HOJAS: longitud y ratios                                      | —  | HOJAS: longitud H2-h5*                                    | —  | —  | —   |
|           | —   | —  | —   | SÉPALOS: ancho* ●  | —  | —   |
|           | —   | PÉTALOS: limbo (ancho* y color BI* -Vi*)         | —   | PÉTALOS: color BI *  | —  | PÉTALOS: color BI*  |
|           | —   | —  | —   | —  | —  | GINECEO: ovario*  |
|           | RACIMO*   | —  | —   | —  | —  | —   |
|           | —   | SILICUA: n° protuberancias* y n° bifurcaciones*  | —   | —  | —  | —   |
|           | —   | —  | —   | Recurs Androc: N° GRANOS*                                  | —  | —   |
|           | —   | —  | PAPILAS T* - D*   | PAPILAS D*   | PAPILAS D*   | PAPILAS D*  |
|           | —   | —  | —   | —  | —  | —   |
| <b>F4</b> | INDIVIDUO: diámetros*   | —  | —   | —  | —  | —   |
|           | —   | HOJAS: ratios*                                   | —   | HOJAS: lg y ratios*  | HOJAS: ratios*   | HOJAS: ratios*  |
|           | PÉTALOS: limbo (ancho* y color BI* -Vi*)                      | —  | PÉTALOS: limbo (color BI*)                                | PÉTALOS: limbo (ancho*)                                    | PÉTALOS: limbo (ancho*)  | PÉTALOS: limbo (ancho* y color Vi*)                       |
|           | —   | —  | GINECEO: ovario*  | —  | GINECEO: ovario*   | —   |
|           | SILICUA: n° protuberancias* y n° bifurcaciones*               | SILICUA: valvas (lg y ratio), estilo* y cuerno*  | —   | SILICUA: valvas (lg y ratio), apénd (n° protub* y bifurc*) | —  | SILICUA: valvas (ratios), apénd (n° protub* y n° bifurc*) |
|           | —   | —  | —   | POLEN: diámetros   | —  | POLEN: diámetros  |
| —         | —   | PAPILAS D*                                       | PAPILAS Y*  | PAPILAS Bo*- T*  | PAPILAS Bo*  |   |

Tabla 4.16a.- Análisis de caracteres y factores (ejes). Análisis discriminante (AD) de los macro & micro-caracteres. Tabla resumen. Símbolos: ● = caracteres comunes a todos los análisis; \* = posición variable o desaparición del carácter.



|  | MACRO-CARACTERES  |   | MACRO & MICRO-CARACTERES (1)  |   | MACRO & MICRO-CARACTERES (2)  |  |  |
|--|---|---|---|---|---|--|--|
|  | ACP-I - 16 UTOs   | ACP-II - 14 UTOs sin PG&PA  | ACP-I - 16 UTOs   | ACP-II - 14 UTOs sin PG&PA  | ACP - 16 UTOs   | ACP - 14 UTOs sin PG&PA  |  |
| <b>F1</b>  | INDIVIDUO: diámetro menor y tallos basales  | INDIVIDUO: altura máx y tallos basales  | INDIVIDUO: diámetro menor y tallos basales  | INDIVIDUO: altura máxima y tallos basales   | INDIVIDUO: ramificación* y tallos basales*  | INDIVIDUO: altura máx, ramificación* y tallos basales*   |  |
|  | FLOR: diámetros y APERTURA (ángulo sépalos)   | FLOR: diámetros y APERTURA  | FLOR: diámetros y APERTURA  | FLOR: diámetros y APERTURA  | FLOR: diámetros y APERTURA  | FLOR: APERTURA y diámetros my & mn*  |  |
|  | SÉPALOS: lg, ancho y forma  | SÉPALOS: lg, ancho y forma  | SÉPALOS: lg, ancho y forma  | SÉPALOS: lg, ancho y forma  | SÉPALOS: lg, ancho y forma  | SÉPALOS: lg, ancho y forma   |  |
|  | PÉTALOS: lg, ancho uña, natur Ond- Ac-Re  | PÉTALOS: lg, ancho uña, forma, pos Ha, natur Pl-Ac-Re                             | PÉTALOS: lg, ancho y natur Ond-Ac-Re  | PÉTALOS: lg, ancho, forma, pos Ha, natur Pl -Ac -Re                               | PÉTALOS: lg, natur Ond-Ac -Re y color Rs  | PÉTALOS: lg, forma, pos Ha, natur Ond-Ac -Re y color Rs  |  |
|  | Ratio PET/SEP   | Ratio PET/SEP   | Ratio PET/SEP   | Ratio PET/SEP   | Ratio PET/SEP   | Ratio PET/SEP  |  |
|  | ANDROCEO: filamentos* y ANT. DEHISCENTES  | ANDROCEO: filamentos* y ANT. DEHISCENTES  | ANDROCEO: filamentos* y ANT. DEHISCENTES  | ANDROCEO: filamentos* y ANT. DEHISCENTES  | ANDROCEO: ANT. DEHISCENTES  | ANDROCEO: ANT. DEHISCENTES   |  |
|  | GINECEO: ovario, estilo*, estigma   | GINECEO: ovario, estilo*, estigma   | GINECEO: ovario, estilo*, estigma   | GINECEO: ovario, etl*, etg  | GINECEO: ovar, etg  | GINECEO: ovar, etg   |  |
|  | SILICUA: etl, cuernos, apéndices (lg y áng-3*)  | SILICUA: ped, etl, cuernos, apéndices (lg del mayor y áng-3*)                     | SILICUA: etl, cuernos, apéndices (lg y ang-3*)  | SILICUA: ped, etl, cuernos, apéndices (lg y ang-3*)                               | SILICUA: etl, cuernos, apéndices (lg)   | SILICUA: ped, etl, cuernos, apéndices (lg)   |  |
|  | SEMILLAS: contorno ala y % forma Cu-R   | SEMILLAS: contorno ala  | SEMILLAS: contorno ala y % forma Cu -R  | SEMILLAS: contorno y grosor menor ala   | SEMILLAS: contorno ala y % forma Cu -R  | SEMILLAS: contorno y grosor menor ala  |  |
|  | —   | —   | RECUR ANDROC: ANT INDEHISC y nº granos  | RECUR ANDROC: ANT INDEHISC y nº granos  | RECUR ANDROC:ANT INDEHISC y nº granos   | RECUR ANDROC:ANT INDEHISC y nº granos  |  |
| —  | —   | RECUR GINEC: N° OVULOS  | RECUR GINEC: N° OVULOS  | RECUR GINEC: N° OVULOS  | RECUR GINEC: N° OVULOS  |  |  |
| —  | —   | Ratio P/O*  | Ratio P/O*  | —   | —   |  |  |
| —  | —   | PAPILAS: lg y forma Bo  | PAPILAS: lg   | PAPILAS: lg y forma Bo  | PAPILAS: lg   |  |  |
| <b>F2</b>  | INDIVIDUO: altura máxima  | —   | INDIVIDUO: altura máxima  | —   | INDIVIDUO: altura máxima  | —  |  |
|  | HOJAS: lg* y ratios   | HOJAS: lg* y ratios   | HOJAS: lg*, ratios  | HOJAS: lg*, ratios  | HOJAS: ancho* y ratios  | HOJAS: ancho* y ratios   |  |
|  | FLOR: orificio  | FLOR: orificio  | FLOR: orificio  | FLOR: orificio  | FLOR: orificio  | FLOR: orificio   |  |
|  | PÉTALOS: forma, pos Hb-Ha , natur Pl*-On y color Bl -Vi                               | PÉTALOS: forma, natur On y color Bl -Vi   | PÉTALOS: forma, pos Hb-Ha, natur Pl*-On y color Bl -Vi                                  | PÉTALOS: natur On y color Bl -Vi  | PÉTALOS: forma, pos Hb-Ha, natur Ond y color Bl -Vi   | PÉTALOS: forma, natur Ond y color Bl -Vi   |  |
|  | SILICUA: ped, valvas (lg* y ratios), ratio cuerno, apéndices (ancho, divis y áng-1&2) | SILICUA: valvas (lg* y ratios), ratio cuerno, apéndices (ancho, divis, ang-1 & 2) | SILICUA: ped, valvas (lg* y ratios), ratio cuerno, apéndices (ancho, divis y ang-1 & 2) | SILICUA: valvas (lg* y ratios), ratio cuerno, apéndices (ancho, divis, ang-1 & 2) | SILICUA: ped, valvas (ancho* y ratios), ratio cuerno, apéndices (ancho, lg*, divis y ang-1 & 2) | SILICUA: ped , valvas (anchos*, ratios), ratio cuerno, apéndices (ancho, lg*, divis y ang-1 & 2) |  |
|  | SEMILLAS: diámetro mayor y grosor ala   | SEMILLAS: diámetros   | SEMILLAS: diámetros y grosor ala  | SEMILLAS: diámetros   | SEMILLAS: diámetros y grosor ala  | SEMILLAS: diámetros  |  |
|  | —   | —   | POLEN: diámetros  | —   | POLEN: diámetros  | —  |  |
|  | —   | —   | PAPILAS T- Y- D- P*-U*  | PAPILAS Bo  | PAPILAS T - Y - D   | —  |  |
|  | <b>F3</b>   | INDIVIDUO: diámetro mayor y ramificación  | INDIVIDUO: diámetros y ramificación   | INDIVIDUO: diámetros y ramificación   | INDIVIDUO: diámetros y ramificación   | INDIVIDUO: diám mayor, ramificación* y tallos basales*   | INDIVIDUO: diám mayor, ramificación* y tallos basales*                       |
|  |   | FLOR: diámetros y orificio  | FLOR: diámetros y orificio  | FLOR: diámetros y orificio  | FLOR: diámetros y orificio  | FLOR: diámetros y orificio   | FLOR: diámetros y orificios  |
| PÉTALOS: ancho uña* y limbo, pos Le*-Ca y color Rs |   | PÉTALOS: ancho uña* y limbo, pos Le* y color Rs                                   | PÉTALOS: ancho uña* y limbo, pos Le* -Ca y color Rs                                     | PÉTALOS: ancho uña* y limbo, pos Le* y color Rs                                   | PÉTALOS: ancho limbo y pos Le   | PÉTALOS: ancho limbo, pos Le y color Rs  |  |
| SILICUA: nº bifurcaciones apéndices                |   | SILICUA: estilo   | SILICUA: nº de bifurc apéndices   | SILICUA: estilo   | SILICUA: nº de bifurc apénd   | SILICUA: estilo  |  |
| SEMILLAS: % forma triangular*                      |   | SEMILLAS: diám menor y % forma triangular*  | SEMILLAS: % forma triangular*   | SEMILLAS: diám menor y % forma triangular*  | SEMILLAS: % forma triangular  | SEMILLAS: diám menor y % forma triangular  |  |
| —  |   | —   | —   | POLEN: diámetros  | POLEN: diámetros  | POLEN: diámetros   |  |
| —  |   | —   | —   | PAPILAS Y* -D*  | PAPILAS Y*  | PAPILAS Y -D   |  |
| <b>F4</b>  |   | —   | PÉTALOS: pos Ca   | —   | PÉTALOS: pos Ca   | —  | PÉTALOS: forma   |
|  |   | RACIMO  | RACIMO  | RACIMO  | RACIMO  | RACIMO   | RACIMO   |
|  |   | SILICUA: valvas (lg* y ratios), apéndices intermedios y áng-2                     | SILICUA: valvas (lg* y ratios), lg cuerno y apénd (lg, ancho* y nº apend)               | SILICUA: valvas (lg* y ratios), apénd (lg y ancho* y ang-2)                       | SILICUA: valvas (lg* y ratio), lg cuerno, apéndices (lg, ancho* y nºapéndices)                  | SILICUA: ratio valva, lg cuerno, apéndices (lg, ancho, divis y ang-2 )                           | SILICUA: ratio valva, talla cuerno y apéndices (lg y ancho, divis, ang-1& 2) |
|  | SEMILLAS: grosor menor ala  | SEMILLAS: grosor ala y % forma Cu - R   | SEMILLAS: diámetro menor y grosor menor ala   | SEMILLAS: grosor ala y % forma Cu-R   | SEMILLAS: diám menor, grosor menor ala y % forma Cu -R  | SEMILLAS: diám menor, grosor ala y % forma Cu-R  |  |
|  | —   | —   | PAPILAS T -Y -P*  | PAPILAS T - Y*  | PAPILAS T   | PAPILAS Bo- T  |  |

Tabla 4.16b.- Análisis de caracteres y factores (ejes).Análisis de componentes principales (ACP) de los macro & micro-caracteres. Tabla resumen. Símbolo: \* = posición variable o desaparición del carácter.

**FACTOR F1-IIM:** altura máxima INDIVIDUO, Apertura de la FLOR (ángulo de los sépalos), Sépalos (longitud, ancho y forma), ratio Pet/Sep, Anteras dehiscentes y Pétalos (longitud, naturaleza On-Ac).

**FACTOR F2-IIM:** HOJAS (longitud y ratios), FLOR: orificio (diámetros), PÉTALOS (forma), Ovario, Racimo, SILICUA (talla valvas y divisiones de apéndices), SEMILLAS (diámetro menor).

**FACTOR F3-IIM:** diámetros INDIVIDUO, Pétalos (ancho y color BI-Vi del limbo) y SILICUA (protuberancias y bifurcaciones de apéndices).

**FACTOR F4-IIM:** Hojas (ratios) y SILICUA (valvas estilo y ratio cuerno).

En el **F1** con el grueso de los caracteres de la Flor, asciende la altura de los INDIVIDUOS desde el F2 y la longitud de los PÉTALOS (antes en F2). El nuevo **F2** está formado por el grupo de variables del anterior F3, acompañadas en la matriz de 307 UTOs por la forma del limbo. El nuevo **F3** (diámetro de los individuos, limbo ancho y color, divisiones de los cuernos) es el anterior F4, quedando este último reducido al estilo del fruto y ratio de los cuernos o astas solo en la matriz de 1452.

#### 5.1.3.4. Modelo II con 14 poblaciones sin PG ni PA. Factores y caracteres (Macro y Micro)

En el del modelo de macro & micro-caracteres AD-II sin PG ni PA, también aparecen los mismos caracteres con poder discriminatorio que en el análisis de macro-caracteres.

**FACTOR F1-IIM&M:** altura máxima y ramificaciones INDIVIDUO, FLOR: Apertura, Sépalos (longitud y forma), ratio Pet/Sep, Anteras (dehiscentes e indehiscentes), Pétalos (longitud), Recursos androceo (nº granos de polen), Recursos gineceo (nº óvulos) y Papilas estigmáticas (longitud y formas Bo-Y).

**FACTOR F2-IIM&M:** diámetros INDIVIDUO, HOJAS (longitud\*, anchos\* y ratios), FLOR: orificios (diámetros), Pétalos (On-Ac), SILICUA (valvas, ancho apéndices y divisiones cuernos) y SEMILLAS (diámetros), Recursos androceo (nº granos de polen\*) y Pap Y\*.

**FACTOR F3-IIM&M:** FLOR: Sépalos (ancho\*), Pétalos (color BI del limbo), Ovario\*, Recursos androceo (nº granos de polen\*) y Papilas D.

**FACTOR F4-IIM&M:** Hojas (ratios\*), FLOR: Pétalos (ancho y color Vi\* del limbo), Silicua (valvas\* y divisiones de apéndices\*), Polen (diámetros) y Papilas estigmáticas Y\* y Bo\*.

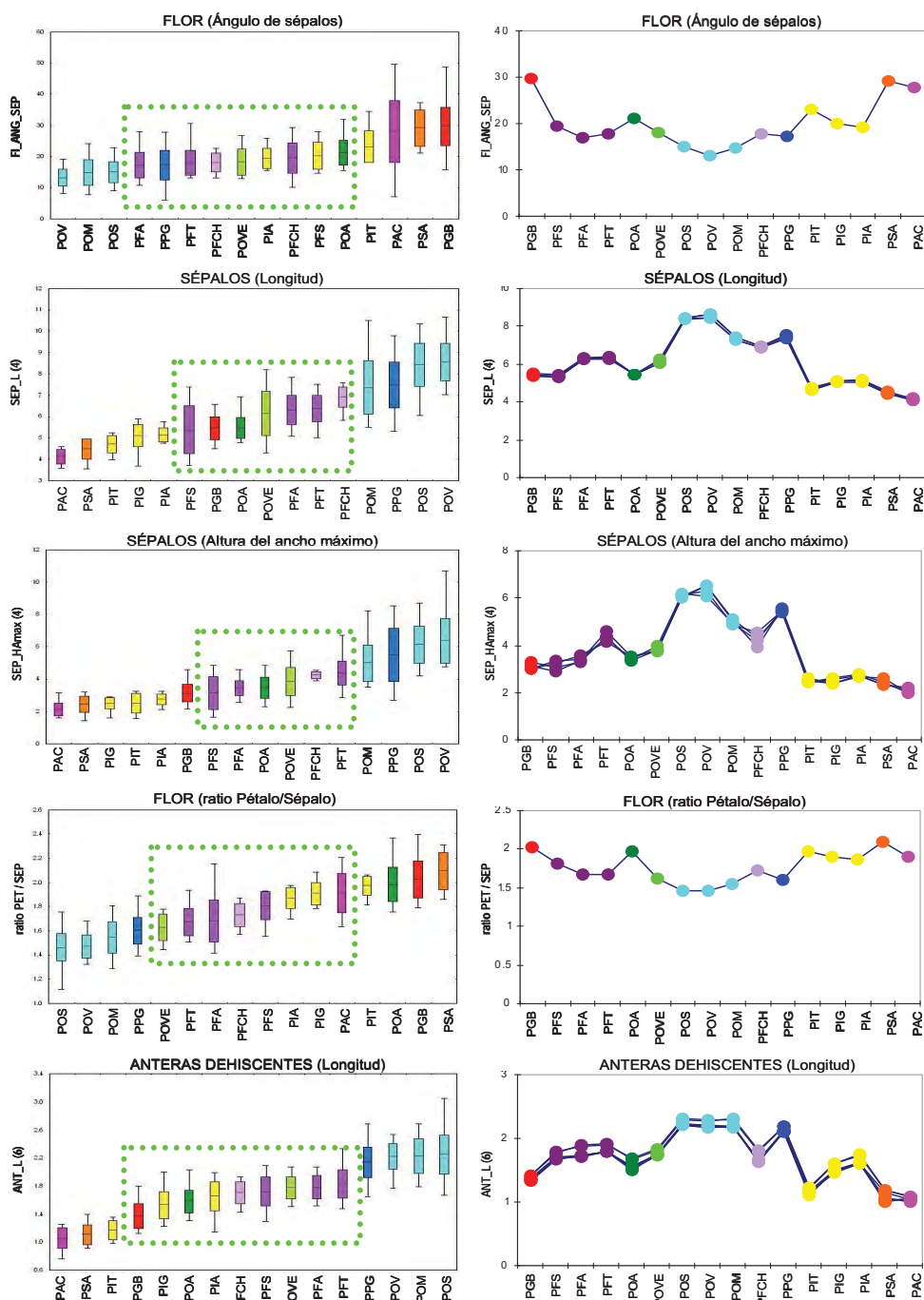
#### 5.1.4. Análisis de caracteres y factores. Valor diagnóstico

Se analizan en cada uno de los cuatro primeros factores o ejes, los grupos de caracteres asociados de mayor peso o más correlacionados a cada factor, acompañados de diagramas de cajas que ponen de manifiesto la media poblacional e intervalo de confianza y gráficas de medias poblacionales que ponen de manifiesto el valor discriminatorio de la media (Anexo 4.1). Aunque en muchos de los caracteres, las poblaciones se solapan en los diagramas de cajas, se observan tendencias que tienden a diferenciar máximos, mínimos e intermedios.

En estas gráficas, merece destacar que *P.ornata* (PO) presenta siempre valores extremos máximos o mínimos, en sentido opuesto a los taxones de las islas occidentales (PA, PI y PS), generalmente acompañados por PG. Las poblaciones asociadas a *P.filifolia* (PF) y las que no poseen asignación taxonómica, tienden a presentar posiciones intermedias.

Hay que poner de manifiesto que en los análisis de ambos modelos, se observan cuatro grupos de caracteres de la FLOR siempre asociados al eje o Factor-1, que son comunes a todos los análisis (AD y ACP) que por su gran valor discriminatorio merecen ser destacados

independientemente (*Apertura Floral* o ángulo de los sépalos, *Sépalos*, *ratio Pet/Sep* y *Anteras dehiscentes*).



1º) La **apertura floral** o ángulo de los sépalos, con un peso de  $\approx 0.70$ , presenta las flores más abiertas en PG y PA (La Palma) cuyo rango incluye prácticamente a PS (La Gomera) superando al resto de poblaciones de Gran Canaria y Tenerife (PI). Las flores más cerradas (con apertura más estrecha) se encuentran en las poblaciones de PO y luego con flores un poco más abiertas el conjunto de *P. filifolia*. Entre ambas aunque muy cerca se encuentra a PP y PFCH.

2º) **Sépalos**. En este grupo de caracteres destaca con mayor peso la longitud de los sépalos ( $\approx 0.79$ ), que además representan al resto por estar fuertemente correlacionados

( $r=0.994$ ). Los *sépalos más largos* se encuentran en PO y PP, seguidos de PFCH. Los más cortos en los taxones de las *islas occidentales* (PA, PS y PI) y los medianos en el complejo de *P.filifolia* (PFA, PFS, PFT, POA, POVE) que incluye a *P.glabriuscula* (PG).

- La *altura del ancho máximo (forma del sépalo)* con un peso  $\approx 0.71$  señala a PO y PP con *sépalos* del máximo ancho más alto, mientras que los *sépalos más anchos* en la base se observan en las *islas occidentales* (PA, PS y PI). Con *sépalos intermedios* se observa al complejo PF acompañado de POVE y POA, y también a PFCH que se distancia de PP.

3º) El **ratio Pet/Sep** (limbo o porción visible del pétalo) con el mayor peso de los cuatro ( $\approx 0.84$ ), señala con *limbos más largos y visibles* a *P.glabriuscula* (PG) y POA de Gran Canaria junto a *P.schizogynoides* (PS), acompañada luego por las otras *islas occidentales* con *limbos más cortos* (PI y PA), y después por las poblaciones del complejo de *P.filifolia*. Los *limbos más cortos* y menos visibles corresponden a las poblaciones de PO y PP de Gran Canaria.

4º) **Anteras dehiscentes**. En este grupo de caracteres el de mayor peso corresponde a la *longitud total de las anteras* ( $\approx 0.83$ ) que además está fuertemente correlacionado con el resto de los caracteres del grupo. Se señala a PO y PP con las *anteras mayores* y con las *anteras más cortas* a los taxones de las *islas occidentales* (PA, PS y PI) acompañadas por PG. Las *anteras intermedias* se presentan en el complejo PF (Gran Canaria) y en dos poblaciones de Tenerife (PIA y PIG).

- La *longitud del conectivo de la antera* que con un peso  $\approx 0.84$  muestra las longitudes más largas en PO y PP y las más cortas en PA, PS, PIT (PI) y PG. En una posición intermedia se observa el complejo PF acompañado por POA, POVE y PFCH.

#### 5.1.4.1. Caracteres y Factor-1 (F1)

El resto de los caracteres pueden ser característicos de un *factor* determinado, aunque pueden cambiar según modelos o se pueden perder.

Caracteres de la FLOR:

5º) **Diámetros**. En este grupo de caracteres el *lado mayor de la corola* presenta el peso mayor ( $\approx 0.43$ ), donde destacan PG y POA con diámetros más anchos, mientras que los más estrechos se encuentran entre las poblaciones de PF y PO. Puede diferenciar a PP de PO, a POA de PF y a PS de PIT. Este carácter pierde importancia en los modelos II cuando se elimina PG y PA.

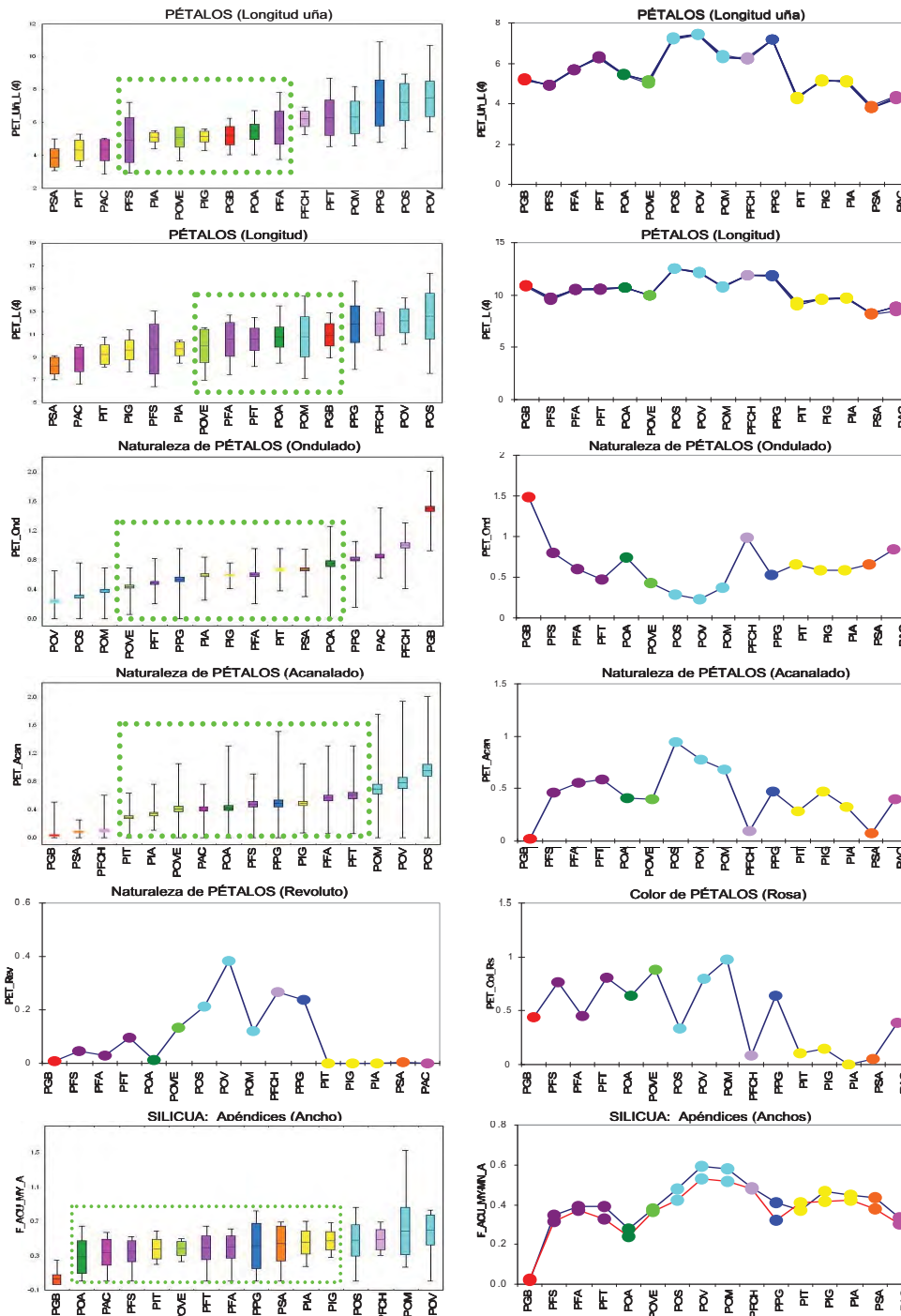
6º) **Pétalos**. La *longitud de la uña* del pétalo con un peso de  $\approx 0.62$  (sigue la línea de los sépalos y anteras) destaca con *uñas más largas* a PO y PP (Gran Canaria) seguidas de PFCH. Las *uñas más cortas* se encuentran en las *islas occidentales* donde PS se distingue de PI. Las *uñas intermedias* (como los sépalos) son para **PF\*** y PG (Gran Canaria).

- La *longitud total de los pétalos*, con un peso de  $\approx 0.50$ , también muestra con los *pétalos más largos* a PO, PP y PFCH y con los *pétalos más cortos* a PS. Aunque es común, se puede encontrar asociado al F2.

- Los *pétalos ondulados* con el máximo peso ( $\approx 0.77$ ) caracterizan con diferencia a PG y luego a PFCH y POA (Gran Canaria) acompañadas de PA (La Palma). Los *menos ondulados* en PO y POVE, y los intermedios o medianamente ondulados en PF, PP y resto de las islas. Puede diferenciar a PP de PFCH y puede aparecer en F2 (AD-II) de *macro* y *micro-caracteres* (1) sin PG ni PA, con menos peso.

- Los *pétalos acanalados* ( $\approx 0.47$ ) caracterizan a PO, ausentándose en PG, PFCH (que se desmarca de PP) y PS donde se manifiestan ocasionalmente. Con situación intermedia se encuentran en el complejo **PF\*** y PP. Este carácter pierde importancia en los AD-II cuando se elimina PG y PA.

- Los *pétalos revolutos* adquieren importancia ( $\approx 0.86$ ) en el ACP (F1) señalando a PO con PFCH y PP con los más revolutos y con *pétalos* menos revolutos al complejo PF con POA y POVE. Las *islas occidentales* (PI, PA y PS) carecen de este tipo de pétalos. El *color rosa* también adquieren importancia en el ACP que lo incluye en el F1 ( $\approx 0.59$ ) diferenciando a PP de PFCH y en las *islas occidentales* destaca PA con los pétalos más rosados.



7º) Gineceo. El *ancho de estigma* con peso  $\approx 0.40$ , señala a PO, PFCH y POVE, con estigmas más anchos y a las *islas occidentales* (PA, PI y PS) con los más estrechos



acompañadas por PG (Gran Canaria). Adquiere importancia con los macro y micro-caracteres (AD-I).

Caracteres del fruto o SILICUA:

8º) **Apéndices del asta o cuerno**. El *ancho del apéndice mayor* ( $\approx 0.56$ ) destaca a PO y PFCH con apéndices más anchos, pudiéndose diferenciar PO de PP. Los más estrechos corresponden a POA, PP y PA. Pierde importancia en los AD-II sin PG ni PA y se asocia al F2.

- El *número de apéndices de los cuernos* ( $\approx 0.36$ ), señala a PIA (PI), POV (PO), PFS (PF) y PFCH con el mayor número de apéndices y se ausenta en PG, destacando a PS y POA con el menor número. Pierde importancia en los modelos II sin PG ni PA y al añadir los micro-caracteres se asocia al F2.

- El *número total de divisiones de los apéndices* ( $\approx 0.5$ ) los más divididos se observan en PP, PO, PI, PS y PA. PG carece de divisiones y le sigue POA con algunas. En los modelos II (sin PG ni PA) y de macro y micro-caracteres se encuentra asociado al F2.

- Las divisiones o el *número de terminaciones del apéndice mayor* ( $\approx 0.37$ ) destaca a PS y PP con el mayor número de divisiones y a PG seguida de lejos por POA con el menor número. Puede diferenciar a PFCH de PP. Este carácter pierde importancia en los modelos II sin PG ni PA y en el modelo I de macro y micro-caracteres aparece asociado al F2.

- El **ancho del cuerno** señala a PFCH y PP con anchos intermedios entre PO y PF y con las astas o cuernos más estrechos a PG. Tiene su máxima importancia en los análisis de macro-caracteres (AD-I 1649 UTOs) y la vuelve adquirir en el ACP ( $F1-I \approx 0.74$ ).

Caracteres de la SEMILLA:

9º) El **grosor mayor del ala** ( $\approx 0.51$ ) diferencia notablemente a PG con alas enormes.

El *diámetro mayor de la semilla* ( $\approx 0.42$ ) diferencia a PG y PA con semillas mayores y a PO con las más pequeñas. Pierde importancia en los AD-II sin PG ni PA y al añadir los micro-caracteres se asocia al F2.

- Las *semillas rectangulares*, exclusivo del AD-I de macro-caracteres ( $\approx 0.4$ ) también discriminan solo a PG y PA con semillas más rectangulares o elípticas.

- La *semillas cuadradas* muestran a PO-PP y PS con más semillas cuadradas y a PG, PA y PI con menos. Puede diferenciar a PP de PFCH y a PS de PI. Adquieren importancia en el ACP que lo incluye también en el F1 ( $\approx 0.59$ ).

- Las *semillas triangulares o cónicas* son más abundantes en PF, POVE y PIT que se desmarca de PIA y PIG como PFCH de PP (con menos semillas triangulares). También adquieren importancia en el ACP ( $F3 \approx 0.69$ ), aunque en los macro y micro-caracteres están en el F1 con bajo peso.

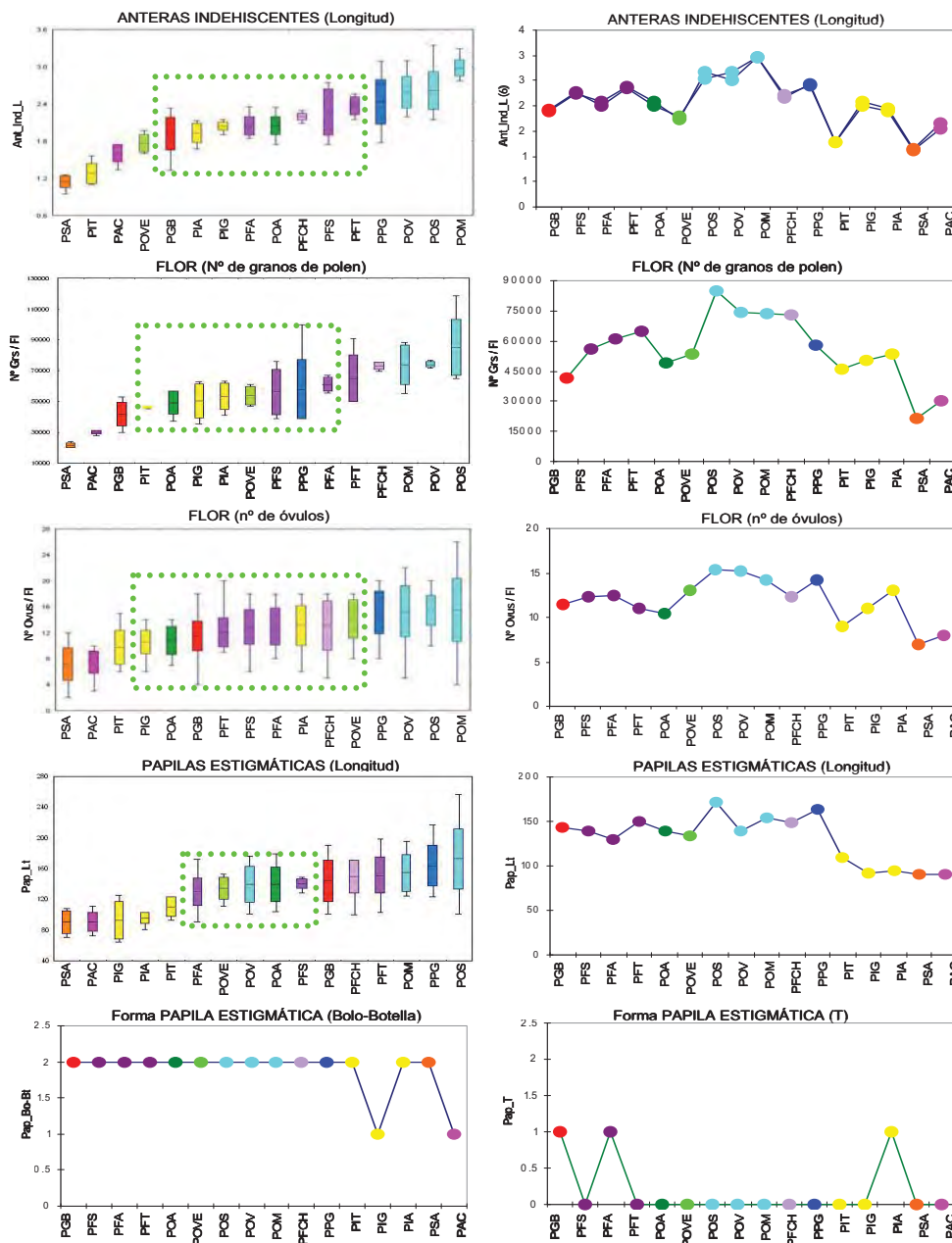
Recursos del ANDROCEO Y GINECEO

10º) La *longitud de las anteras indehiscentes* ( $\approx 0.68$ ) destaca con mayor peso en este grupo de caracteres. Las anteras más largas se encuentran en a PO y PP, mientras que las más cortas en PS, PIT, PA y POVE. En posición intermedia se encuentra el complejo PF acompañado por PI y PG.

11º) El *número de granos de polen* por flor ( $\approx 0.63$ ) muestra a PO y PFCH con el mayor número de granos, seguidas por PP y PF, mientras que el menor número de pólenes se presenta en PS y PA. Este carácter asociado al F3 también puede tener importancia en el F4 del modelo II (1).

12º) El *número de óvulos* por flor ( $\approx 0.54$ ) señala a PO con PP con el mayor número de óvulos y con menos óvulos a PS seguida por PA.

13°) La longitud de las **papilas estigmáticas** ( $\approx 0.58$ ) señala a PO, PP y PFCH con las papilas más largas y a las islas occidentales con las más cortas (PS, PA y PI). Las intermedias se encuentran el complejo PF (con POA y POVE) acompañado de PG.



Las *papilas bolo-botella* ( $\approx 0.46$ ) discriminan a PIG y PA donde apenas se observan del resto donde se manifiestan con abundancia. También pueden estar asociadas al F2 en el AD-I y al F4 en el AD-II (2). Las *papilas T* ( $\approx 0.46$ ) se observan solamente en PG, PFA y PIA. También pueden estar asociadas al F2 en el AD-I y pierde importancia en los AD-II.

### 5.1.4.2. Caracteres y Factor-2 (F2)

#### Caracteres del INDIVIDUO

14°) El único carácter del porte que alcanza peso ( $\approx 0.58$ ) es la **altura máxima**. Los individuos más altos se encuentran en La Palma (PA) y en Bandama (PG) mientras que los más pequeños en La Gomera (PS) y Tenerife (PI). En los modelos II está asociado al F1.

Caracteres de la FLOR:

15°) **Pétalos**. Los pétalos *horizontal bajos* (0.65) muestran el peso mayor con presencia exclusiva en PG. Los pétalos *horizontal altos* (0.46) que no existen en PG, abundan en las *islas occidentales* sobretodo en Tenerife (PI) y La Gomera (PS). El complejo PF (con POA y POVE) muestra más *pétalos horizontal altos* que PO. Este carácter pierde importancia en los modelos AD-II.

16°) En el *gineceo*, la longitud del **ovario** ( $\approx 0.40$ ) diferencia en las *islas occidentales* a PS y PA con ovarios más cortos y después de PI. Al añadir los *micro-caracteres* este carácter está asociado con el *F4* en los AD-I y pierde importancia en los AD-II.

Caracteres del fruto o SILICUA:

17°) En este grupo el carácter de mayor peso corresponde a la *talla de las valvas* ( $\approx 0.70$ ) que aunque alcanzan máximos en PIA las medias mayores son de PG y PP cercanas a PF (sobretodo PFS y POVE). Las *valvas más pequeñas* se observan en La Gomera (PS) que no se solapa con La Palma (PA) ni con el resto de los taxones. Este carácter también está asociado con el *F4* en los modelos II sin PG ni PA.

- El *ratio de las valvas* ( $\approx 0.65$ ) muestra a PG y PP con los mayores, seguidas por PIA, mientras que los más pequeños son de PS y PA. Aparece asociado al *F4* en los modelos II sin PG ni PA.

- La *longitud del pedúnculo* ( $\approx 0.42$ ) alcanza su máximo en POS (PO), aunque las medias más elevadas son de PG y PFCH. Los más cortos se observan en las *islas occidentales*, PA, PI y PS. Pierde importancia en los modelos II sin PG ni PA.

- **Apéndices de los cuernos**. Las *divisiones del apéndice menor del asta* ( $\approx 0.42$ ) señala a PIA, PA y POV con los *apéndices* más divididos, a PG que carece, seguida lejanamente por POA con los menos divididos. Puede diferenciar a PP de PO y a POA de PF.

- El *ángulo 1 de los apéndices* ( $\approx 0.44$ ), destaca a PF y diferencia a PFCH con PO de PP. Destaca PG con astas indivisas como a veces POA. Este carácter pierde importancia en los AD-II sin PG ni PA.

Caracteres de las PAPILAS ESTIGMÁTICAS:

18°) La **papila Y** ( $\approx 0.79$ ) es abundante en PG y se observa en PF, POS, PP y PIA. Está asociado al *F2* en los AD-II y con menos peso al *F4*.

- La *papila dedo-semidedo* ( $\approx 0.51$ ) es abundante en PIG y PA y es menos frecuente en PG, PFCH y PIA. Aunque con menos peso también está asociada al *F4* en el modelo I (1) y al *F3* en el modelo I (2) y en los AD-II sin PG ni PA.

#### 5.1.4.3. Caracteres y Factores F3 y F4

Caracteres de las HOJAS:

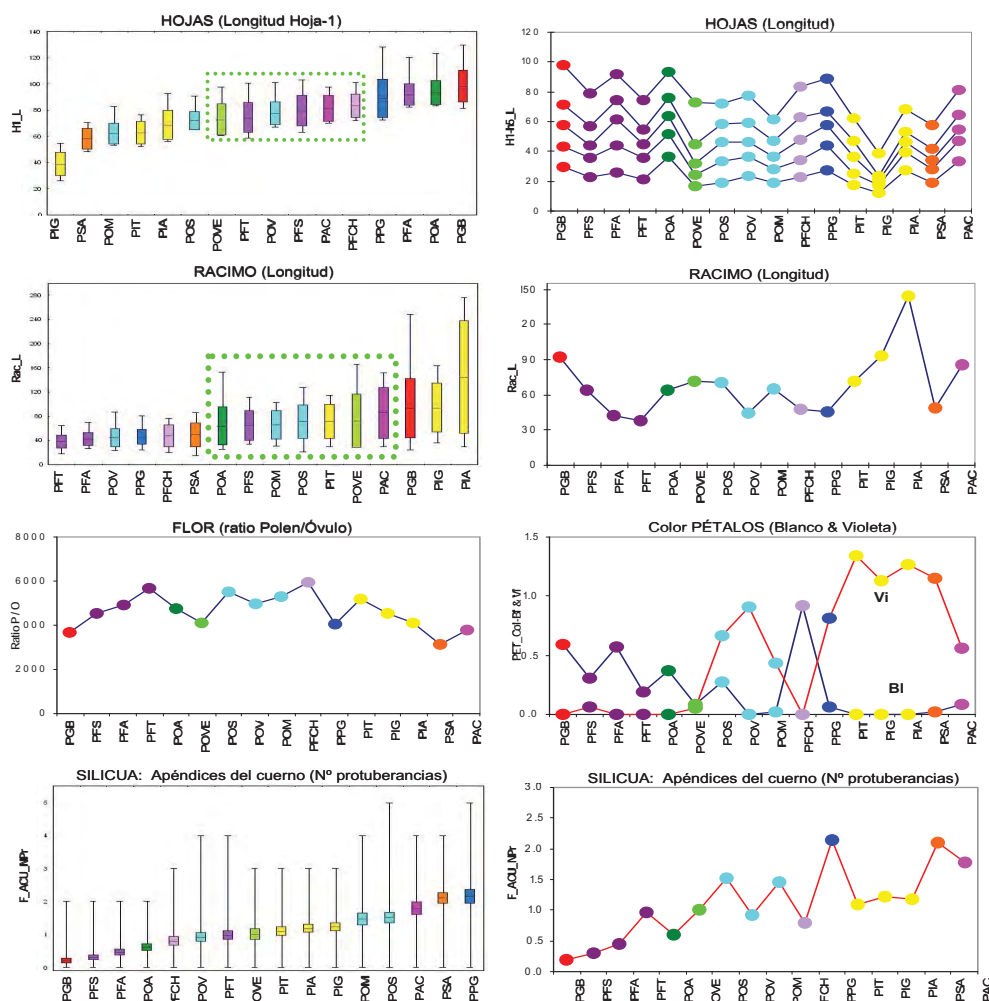
19°) El mayor peso es de la *longitud* mayor de **hojas** (0.59) destacando PG, POA y PFA con hojas más largas seguidas de PP y PFCH y en la longitud menor, PIG, PS y POVE. Estos caracteres están asociados también al *F2* en todos los modelos.

- Los *ratios de las hojas* presentan una alta correlación con las longitudes ( $r \approx 0.74$ ). Señalan a PF con los *ratios* más grandes junto con PFCH y POVE, en cambio los *ratios* más bajos se observan en PI y PS. Estos caracteres están asociados también al *F2* en todos los modelos y al *F4* en los modelos II sin PG ni PA.

Caracteres de la INFRUTESCENCIA:

20°) Los **racimos** ( $\approx 0.41$ ) mayores se observan en PI de Tenerife (PIA), seguidos de PG en Gran Canaria y de La Palma (PA). Los racimos más pequeños en PF, PP y PFCH de

Gran Canaria junto con La Gomera (PS). Aparece asociado al F2 en el modelo II sin PG ni PA y pierde importancia al añadir los micro-caracteres.



Recursos ANDROCEO

21º) El **ratio Polen/Óvulo** tiene más peso en los modelos-II sin PG ni PA y adquiere importancia en el ACP que lo incluye en el F1 (≈0.55). Diferencia a PO y PFCH con el ratio mayor, alejándolas de PP. Los **ratios** más pequeños se observan en PS, PG y POVE.

Caracteres del porte de los INDIVIDUOS:

22º-F4-I) **Diámetros del individuo.** Con más peso (≈0.47) el **diámetro mayor** corresponde a PA, PP y PG y en POVE los individuos más estrechos seguidos de PFCH. Este carácter aparece también asociado al F2 y al F3 según los modelos.

Caracteres de la FLOR:

23º) **Pétalos.** El **ancho de los pétalos** (≈0.41) señala los más anchos en La Palma (PA) y Tenerife (PIA y PIT) así como en PFCH, PP y PG en Gran Canaria. Los más estrechos en el complejo PF. Puede diferenciar a PP de PO y a PS de PI. Aparece asociado al F3 en el AD-II sin PG ni PA y pierde importancia en el AD-I de macro y micro-caracteres.

- El **color blanco** (≈0.4) se observa con mayor intensidad en PFCH seguida de PG y el complejo PF, mientras que en PI, PS, PP y PA puede predominar el **color violeta**. Ambos caracteres están asociados al F3 en el AD-II de macro-caracteres sin PG ni PA. Al añadir los **micro-caracteres** mientras que el **color blanco** se asocia al F2 y F3 según modelos, el **color violeta** pierde importancia excepto en el AD-II de macro y micro-caracteres (2).

Caracteres del fruto o SILICUA:

24º) **Protuberancias de los apéndices.** El mayor número de protuberancias ( $\approx 0.33$ ) destaca a PP de Gran Canaria y PS de La Gomera y el menor a PG y complejo PF (POA, POVE y PFCH). Se asocia al F3 en el AD-II de macro-caracteres y pierde importancia al añadir los micro-caracteres.

- El nº de bifurcaciones de los apéndices ( $\approx 0.36$ ) también destaca a Guayadeque (PP) con el número mayor de bifurcaciones, con ausencia de las mismas en PG, PFS y POA. Al igual que el carácter anterior pierde importancia al añadir los *micro-caracteres*.

### 5.1.5. Discriminación y relaciones de los taxones. Caracteres implicados

#### 5.1.5.1. *P.glabriuscula* (PG)

Discriminan a PG el cáliz cuadrangular de sépalos medianos, la gran *apertura floral* que se refleja a veces en el orificio y diámetro de la *corola*, va acompañada de *pétalos* con limbo amplio, horizontal bajos, ondulados y preferentemente blancos. Aunque la mayoría de las *papilas estigmáticas* son en forma bolo botella, este taxon se caracteriza la presencia también de papilas Y, T, P, U. Tiene *silicuas* con las valvas mayores junto con PP y astas con ausencia de divisiones y protuberancias, las *semillas* mayores de forma rectangular-elíptica con *ala* más desarrollada discriminan perfectamente a este taxon.

Se podría relacionar con las islas por la *apertura floral* con las flores más abiertas (PS y PA) y las *anteras* más pequeñas (PS, PA y PI) así como por el diámetro de la *corola* y *ratio Pet/Sep* que la relacionan también con POA y nuevamente con las islas. Con el complejo PF se relaciona fundamentalmente por la longitud de las *hojas*, longitud de los *sépalos* y de las *papilas estigmáticas*.

#### 5.1.5.2. *P.ornata* (PO), *P.platypetala* (PP) y PFCH

El análisis de los caracteres florales y recursos del androceo y gineceo justifican y ponen de manifiesto las relaciones de *P.ornata* (PO) con *P.platypetala* (PP) y PFCH (Tabla 4.15 resumen de Taxonomía Numérica).

Caracterizan solo a **PO**, la *apertura floral* más estrecha con el *ratio Pet/Sep* (limbo) más pequeño y mayor *ratio Polen/Óvulo* con PFCH. Las *anteras* más largas (junto a PP), los máximos en el número de *pólenes por flor* (con PFCH) y como PP los máximos en el número de *óvulos* y longitud de *papilas estigmáticas*. Es la que tiene más *pétalos revolutos* y *acanalados* (que la diferencian de PP y PFCH). En las *silicuas* las valvas son ligeramente mayores que las de PF como los *cuernos* aunque de largo similar pero son más anchos que PF como los apéndices.

Asocian a PO y PP la longitud y forma de los *sépalos*, los *pétalos revolutos*, las *anteras dehiscentes*, longitud de las *papilas estigmáticas*, presencia de *papilas Y*, abundancia *semillas* cuadradas, triangulares y rectangulares, como se pone de manifiesto en las gráficas de medias.

- Caracterizan a **PP** las *silicuas* con los máximos en las valvas, *cuernos*, número de *protuberancias* y divisiones de los *cuernos*. Pueden diferenciar a PP de PFCH, la forma de los *sépalos*, *anteras dehiscentes*, los *pétalos ondulados* (PFCH), *acanalados* y color *blanco* (PFCH) o *rosa* y *violeta* (PP), longitud de *apéndices* (PP max), *semillas triangulares*, *ratio P/O* y *papila Y*.



### 5.1.5.3. *P. filifolia* (PF) y poblaciones no adscritas (POA, POVE y PFCH)

El complejo PF (PFT-PFS-PFA, PFCH, POVE y POA) se caracteriza sobretodo por los cuatro caracteres más importantes de la *flor* que la sitúan siempre en una posición intermedia en relación al resto de los taxones.

Así ***P. filifolia*** se caracteriza por un *cáliz* de *sépalos* medianos de forma más o menos rectangular, ocasionalmente piriforme. La *apertura floral* media que se refleja a veces en el orificio y *diámetro de la corola*, se acompaña de pétalos con *limbos* también medianos, horizontalmente altos preferentemente *acanalados* y con frecuencia *levantados*, preferentemente blancos en PFA y más rosas en PFS y PFT. También las *papilas estigmáticas* intermedias caracterizan a esta especie y dentro del complejo, caracterizan solo a PF las papilas Y, T, separándola de POA y POVE, como también el *nº de pólenes* (mayor en PF) y de óvulos intermedios entre ambas (POA y POVE).

Los *ratios* de las *hojas* suelen ser los más altos del género como los de las *valvas* y de *los cuernos* excepto en PFT, al contrario que los *racimos* que se muestran como los más cortos, a excepción de PFS, POA y POVE. La abundancia de *semillas triangulares* o *cónicas* podría caracterizar a PF que la relacionan con POVE y PIT.

- Discriminan a **PFCH** de PP la *apertura floral*, *anteras*, *pétalos exclusivamente blancos* y *ratio Polen/Óvulo* como también los caracteres del *fruto*. A excepción del *ancho del cuerno* que justifica la relación de PFCH-PP con PO, en general los caracteres del *fruto* (longitud de las valvas y del cuerno, nº de bifurcaciones y protuberancias de los cuernos, ancho de los apéndices) y de las *semillas* (contorno del ala) justifican la relación de PFCH-PP con PF alejándolas de PO (Tabla 4.15 resumen de Taxonomía Numérica). También el *ratio* de las *hojas* justifican que PFCH-PP se relacionen con PF.

- Discriminan a **POA** de PF la mayor *apertura floral*, mayor *ratio Pet/Sep*, *diámetros de la corola*, relacionándola con PG. La longitud de las *anteras*, la prácticamente ausencia de *divisiones de los cuernos* y la *mayor abundancia* de *semillas rectangulares* caracterizan a POA y la relacionan con PG.

- **POVE** realmente se sitúa dentro del complejo PF salvo ligeras excepciones. Los *diámetros más pequeños del individuo* y flores con *pétalos revolutos* que caracterizan a POVE y la relacionan con PO, así como las flores preferentemente de color rosa, discriminándolas ligeramente de PF junto con el *nº de pólenes* que la acercan a POA, y la relacionan también con PI.

### 5.1.5.4. Islas occidentales. *P. schizogynoides* (PS), *P. intermedia* (PI) y *P. aridanae* (PA)

Los tres taxones de las islas occidentales (PS, PA y PI) están diferenciados de Gran Canaria por las longitudes más pequeñas de todos los *verticilos florales* (en PI más PIT que FIG y PIA). Los *sépalos*, longitud, forma y ancho de los *pétalos*, *anteras* y *papilas* más cortas. Aunque siguen predominando las papilas *bolo-botella*, en general adquieren importancia las papilas *dedo-semi-dedo*. También las *silicuas* presentan generalmente todos sus atributos más pequeños en las *islas occidentales* (en PI más PIT que FIG y PIA).

- De las islas **PS** es la que presenta las biometrías más pequeñas en todos sus verticilos, a excepción de la *apertura floral* y *ratio Pet/Sep* (limbo) que las supera ligeramente (incluso a PG) así como también el menor *nº de pólenes por flor* y *de óvulos*, que pueden caracterizar a este taxon, así como la longitud de las *valvas* más cortas y el menor *ratio* del *cuerno* de *apéndices* y de *protuberancias*. Esta especie se caracteriza por la abundancia de *semillas cuadradas* sobre las *rectangulares* y *triangulares* (apenas presentes).

- Puede caracterizar a **PI**, los *individuos* de menor talla y *hojas* pequeñas, *sépalos*, *pétalos*, *limbo* (talla y color violeta), pétalos *ondulados*, longitud del *pedúnculo* y *valva* mayor (V1), ancho *cuerno*, *nº protuberancias* y *ala de las semillas*, que se diferencia de PS por las *flores* menos abiertas (PIT más abiertas) y *limbos* más amplios. La abundancia de *pétalos ondulados* y *violetas* caracteriza a PI y PS del resto de los taxones y los *ondulados* y *acanalados* a PI y PA. En PI, el tamaño de los *sépalos*, de las *anteras* y del *estigma* es más pequeño en PIT que en PIG y PIA como también el menor *número de pólenes* y de *óvulos*. Además de las *papilas* típicas (*Bo-Bt*) y *D-Sd*, PIA, se caracteriza por la presencia también *papilas T, Y, P*. En las *silicuas* las *valvas*, *astas* y *apéndices* son más pequeños en PIT y mayores en PIA y PIG, y la forma de las *semillas* es más triangular y cuadrada en PIT y más rectangular en PIA y PIG.

- Caracterizan a **PA** los *individuos* de mayor talla, longitudes de *hojas* y *ratío*. La *apertura floral* (ángulo de los sépalos) aunque después de PS, *sépalos* más cortos y anchos como también los *limbos* más cortos y más anchos (como en PIA), pero siempre mayores que Gran Canaria. Las *anteras* también son similares a PS aunque el *nº de granos por flor* y de *óvulos* son ligeramente mayores en PA. Los *pétalos* son más *ondulados* y más rosa que en los taxones de las otras islas (PI y PS) que son más violetas, relacionándola con Gran Canaria (PF-PFCH). Es el taxon que menos *papilas estigmáticas* típicas (*bolo-botella*) presenta dominando las formas *dedo-semidedo*. Las *silicuas* generalmente son bastantes similares a PI y las *semillas* son las de mayor talla después de PG y dominando las *rectangulares* sobre las cuadradas y triangulares.

## 5.2. CONGRUENCIA TAXONÓMICA Y DISTORSIONES (MST)

Las asociaciones taxonómicas y poblacionales de *Parolinia* expresadas por los UPGMA ponen de manifiesto relaciones estrechas, reforzadas aunque con algunas discrepancias, por los análisis de ordenación por MDS-NM (técnica también especialmente eficaz para taxones íntimamente relacionados) y por ACP que refleja mejor las relaciones no tan estrechas. Con la finalidad de detectar las posibles distorsiones en las técnicas de ordenación, se implementa el *retículo* de Prim de los *árboles de mínima expansión* (MTS) a los modelos considerados mejor resueltos, para señalar las relaciones más estrechas en la representación tridimensional de las mismas que ponen de manifiesto:

- La posición aislada de *P.glabriuscula* (PG) de Gran Canaria que se conecta con el resto de los taxones por Agaete (POA).

- La independencia de las *islas occidentales* (PIT-PS, PA) donde siempre hay una mayor afinidad entre Teno (PIT) de Tenerife (*P.intermedia*), La Gomera (*P.schizogynoides*) y La Palma (*P.aridanae*), que suelen mantenerse alejadas de las otras dos poblaciones de Tenerife (PIG-PIA), conectadas a Gran canaria por Guaza (PIG) y Tasartico (PFT).

- En *Gran Canaria*, el conjunto de *P.ornata* (PO) por un lado, a veces acompañado lejanamente por la asociación PP-PFCH y por otro lado, el complejo poblacional de *P.filifolia* (PF) a veces también relacionado a PFCH-PP, aunque PFCH tiende a estar más cerca de PF, y PP más cerca a PO conectados por Mogán (POM) y Tasartico (PFT). Las asociaciones dentro del *complejo PF* integrado por las poblaciones de PF y las otras dos sin adscripción (POA y POVE) suele variar dependiendo de las técnicas analíticas y los caracteres implicados, así como las de PFCH-PP. No obstante estas cinco poblaciones (a veces con PFCH) parecen formar un complejo taxonómico.

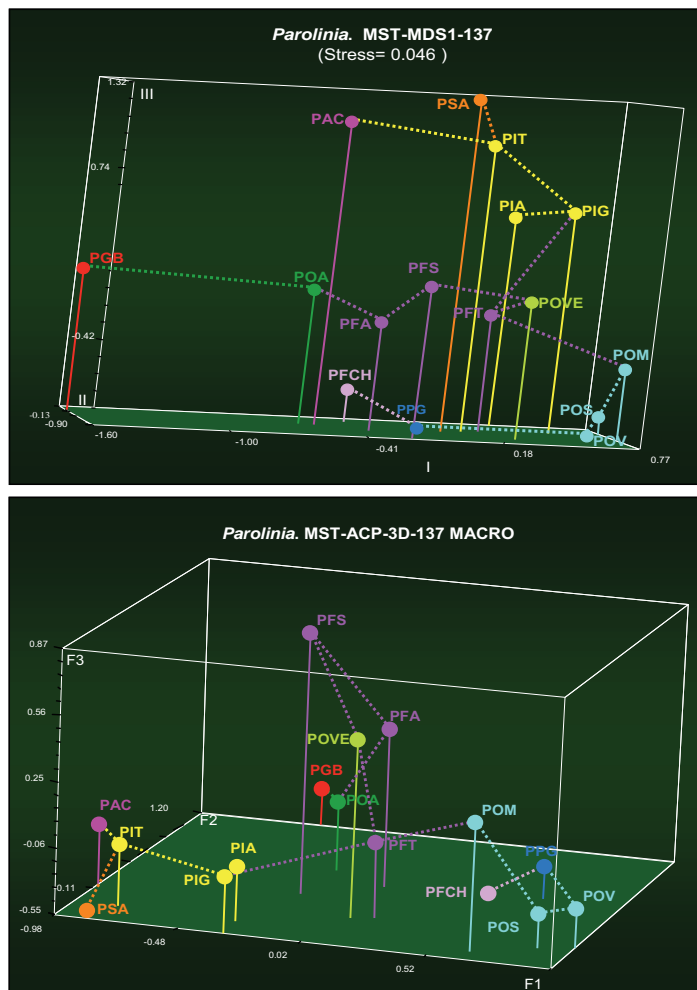
| DISTANCIAS TAXONÓMICAS MACRO & MICRO-CARACTERES 155 & 144 |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |
|---|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|
| POB   | PGB    | PFS    | PFA    | PFT    | POA    | POVE   | POS    | POV    | POM    | PFCH   | PPG    | PIT    | PIG    | PIA    | PSA    | PAC    |
| PGB   | 0      | 21.602 | 19.345 | 21.929 | 15.644 | 22.113 | 26.950 | 27.570 | 27.384 | 21.610 | 21.505 | 22.275 | 24.493 | 22.902 | 24.347 | 22.048 |
| PFS   | 20.236 | 0      | 11.058 | 14.338 | 14.138 | 11.376 | 20.484 | 20.915 | 16.302 | 19.258 | 19.341 | 16.779 | 17.196 | 17.642 | 20.648 | 17.934 |
| PFA   | 19.018 | 10.101 | 0      | 11.238 | 10.533 | 12.214 | 17.612 | 17.609 | 15.500 | 14.154 | 14.180 | 17.783 | 16.659 | 15.992 | 20.877 | 17.958 |
| PFT   | 21.801 | 13.028 | 11.103 | 0      | 11.638 | 11.888 | 12.807 | 13.554 | 10.990 | 13.499 | 14.201 | 16.680 | 13.685 | 15.551 | 17.691 | 17.603 |
| POA   | 15.458 | 12.974 | 10.431 | 11.609 | 0      | 14.329 | 19.066 | 19.172 | 18.019 | 14.194 | 14.800 | 15.952 | 17.162 | 16.447 | 17.613 | 15.419 |
| POVE  | 21.661 | 10.856 | 12.126 | 11.573 | 14.136 | 0      | 16.903 | 16.722 | 13.475 | 16.587 | 16.403 | 15.118 | 14.109 | 15.681 | 18.814 | 19.042 |
| POS   | 26.741 | 18.918 | 17.258 | 12.571 | 18.859 | 16.251 | 0      | 9.076  | 10.856 | 15.329 | 13.861 | 23.025 | 19.063 | 19.482 | 25.484 | 25.837 |
| POV   | 27.217 | 18.805 | 16.925 | 13.029 | 18.707 | 15.609 | 8.950  | 0      | 10.292 | 14.123 | 13.487 | 24.074 | 19.350 | 20.714 | 26.090 | 26.615 |
| POM   | 26.966 | 15.191 | 15.251 | 10.669 | 17.815 | 13.083 | 10.473 | 9.550  | 0      | 16.231 | 16.011 | 21.405 | 16.360 | 18.309 | 23.280 | 24.198 |
| PFCH  | 21.145 | 15.873 | 12.584 | 12.492 | 13.116 | 14.741 | 14.974 | 13.856 | 15.119 | 0      | 12.923 | 21.133 | 18.717 | 18.968 | 23.314 | 23.224 |
| PPG   | 21.254 | 16.698 | 13.147 | 13.594 | 14.149 | 15.055 | 13.623 | 13.230 | 15.107 | 12.826 | 0      | 22.787 | 20.650 | 19.826 | 24.999 | 23.870 |
| PIT   | 21.630 | 16.456 | 17.542 | 16.096 | 15.439 | 14.892 | 22.177 | 22.871 | 20.697 | 19.158 | 21.501 | 0      | 12.597 | 14.754 | 10.618 | 12.135 |
| PIG   | 24.249 | 16.274 | 16.591 | 13.537 | 17.035 | 13.856 | 18.823 | 18.891 | 16.028 | 17.768 | 20.121 | 12.124 | 0      | 12.928 | 15.110 | 15.091 |
| PIA   | 22.458 | 17.207 | 15.780 | 15.229 | 16.228 | 15.560 | 18.775 | 19.649 | 17.942 | 17.286 | 18.608 | 14.252 | 12.284 | 0      | 7.678  | 16.908 |
| PSA   | 24.136 | 19.723 | 20.679 | 17.417 | 17.331 | 18.455 | 25.087 | 25.495 | 22.685 | 22.370 | 24.459 | 10.110 | 14.952 | 17.025 | 0      | 13.000 |
| PAC   | 21.367 | 17.477 | 17.534 | 16.898 | 14.702 | 18.715 | 24.868 | 25.294 | 23.307 | 21.209 | 22.458 | 12.010 | 14.474 | 16.340 | 12.576 | 0      |

**Tabla 4.17.- Tabla de Distancias Taxonómicas (Euclidea) macro y microcaracteres 155 y 144.** Distancias taxonómicas entre poblaciones, Matriz 155 (sobre la diagonal) y Matriz 144 (bajo la diagonal)

### 5.2.1. Taxonomía Numérica, macro-caracteres y MST

La matriz con el total de caracteres macro-morfológicos con MDS-NM y ACP con el MST superpuesto a las gráficas tridimensionales, muestran relaciones similares con ligeras diferencias en la posición de PP-PFCH y asociaciones internas del complejo PF. El MST-MDS-NM (Fig.4.23) pone de manifiesto tres niveles en el eje III que corresponden a:

(i) PO (el más bajo) con PP-PFCH (cuyas relaciones se resuelven en los ejes I y II) y con el retículo de Prim (MST) muestra la conexión con el nivel intermedio (POM-PFT) integrado por el complejo de PF (con POA y POVE).



**Figura 4.23.- MDS-NM y ACP con MST. 137 macro-caracteres.** Las líneas de puntos representan las conexiones del retículo de Prim (MST). Se pone de manifiesto la discriminación de los tres complejos: PO (con PP-PFCH), PF (intermedio con POA y POVE) e islas occidentales (con PI, PS y PA).

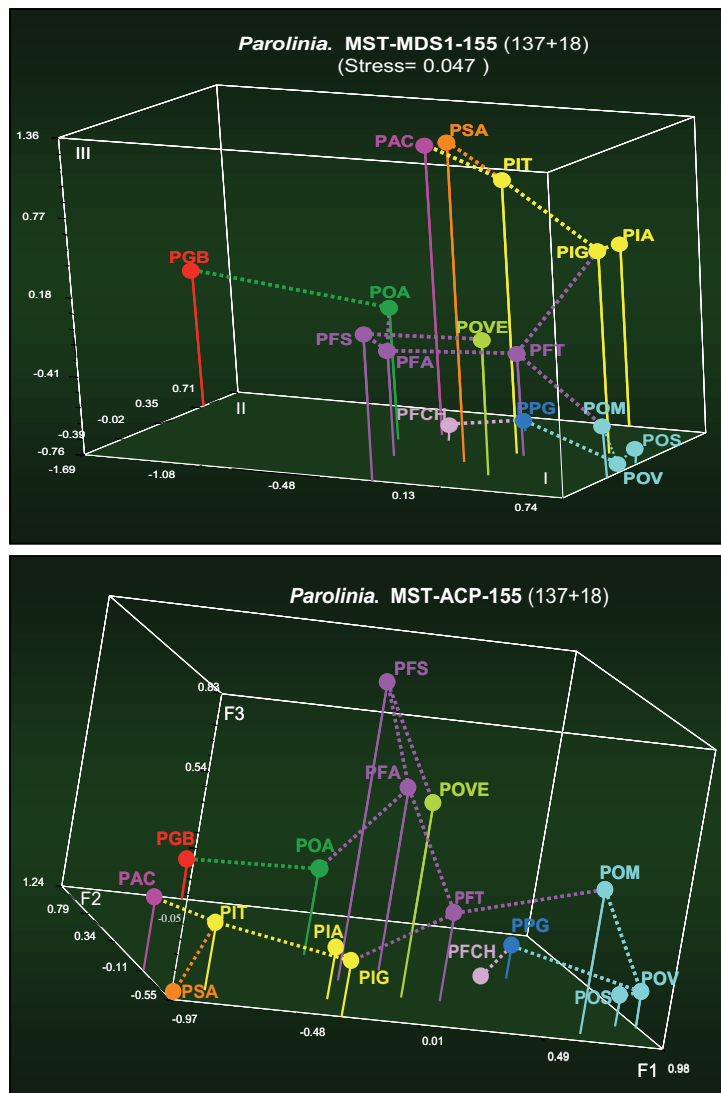
(ii) Este nivel intermedio de PF cuyas relaciones internas se resuelven también a lo largo del eje I (PFT-POVE-PFS-PFA-POA) está conectado a través de POA con PGB en el extremo del eje I. (iii) Por último, el nivel más alto corresponde a las *islas occidentales* (PI, PS y PA) que conectan con PF (PFT-PIG) y a través de Teno (PIT) que a su vez contacta con La Gomera (PS) y La Palma (PA). Las gráficas del ACP diferencian estos tres grupos por el eje o factor  $F1$  siendo el  $F2$  y  $F3$  quienes alejan a PG y resuelven las relaciones internas de los complejos taxonómicos (Fig.4.23).

### 5.2.2. Taxonomía Numérica, macro y micro-caracteres y MST

La matriz con el total de caracteres *macro* y *micro-morfológicos* (1) con UPGMA, MDS-NM y ACP que se resuelven con alta resolución se analizan con el *retículo de Prim* (MST) superpuesto a las gráficas tridimensionales.

Todos los análisis muestran relaciones similares con ligeras diferencias en la posición de PP-PFCH y asociaciones internas del complejo PF donde POVE permanece relacionado a Siberio (PFS) pero los micro-caracteres lo desconectan de Tasartico (PFT).

La mejor resolución se obtiene con el análisis de la matriz 144 (126+18) seguida por la matriz de 125 donde se han depurado caracteres (Tablas 4.15-4.16 resumen de Taxonomía Numérica y de Factores y caracteres asociados).



**Figura 4.24.- MDS-NM y ACP con MST. 155 macro y micro-caracteres.** Las líneas de puntos representan las conexiones del retículo de Prim (MST) sobre la representaciones tridimensionales que ponen de manifiesto la discriminación de los tres complejos PO (extremo con PP-PFCH), PF (intermedio con POA y POVE) e islas occidentales (extremo con PI, PS y PA).



#### 5.2.2.1. *Ánálisis con macro y micro caracteres (155 y 152)*

Con la inclusión de los micro-caracteres (1), las gráficas MDS-NM resuelven las poblaciones de *Parolinia* básicamente de la misma manera que los macro-caracteres entre los tres niveles del eje III donde se diferencian los tres complejos poblacionales de PO, de PF y de las *islas occidentales* (PI, PS y PA) conectados por la población puente de PF (PFT). Las variantes respecto a los macro-caracteres se producen dentro del complejo PF, donde POVE se sitúa en posición terminal opuesta a POA que conecta siempre (alejadamente) con PG (Fig.4.24). En estos análisis, las relaciones de PP-PFCH se verifican a través de PO (POV-PP) quedando PFCH en posición terminal.

Las gráficas del ACP siguen diferenciando estos tres grupos por el eje o factor *F1* quién muestra también la lejanía de PG y resuelven las relaciones internas de los complejos con los ejes *F2* y *F3* de la forma ya descrita.

#### 5.2.2.2. *Ánálisis con macro y micro caracteres (144 y 135)*

Es el análisis de mayor resolución e incluye todos los *micro-caracteres*. Este análisis, resuelve las poblaciones de *Parolinia* de la misma manera que los análisis 155 y 152 en los tres niveles del eje III, donde se siguen diferenciando los tres complejos poblacionales de PO, PF y las *islas occidentales* (PI, PS y PA) conectados por la población puente de PF (PFT). La variante respecto a los anteriores se produce en las relaciones de PFCH-PP que se verifican a través de PF (PFT-PPFCH-PP) quedando PP en posición terminal (Fig.4.25) al igual que el análisis 135.

#### 5.2.2.3. *Ánálisis con macro y micro caracteres (125 y 111)*

Con la inclusión de los *micro-caracteres* (2) teniendo en cuenta en la depuración de los caracteres las correlaciones entre algunos de ellos (Matriz 125 y 111), las gráficas MDS-NM resuelven las poblaciones de *Parolinia* de la misma manera que con los *micro-caracteres* (1) con alguna salvedad:

- POVE vuelve a ocupar una posición intermedia entre Siberio (PFS) y Tasartico (PFT).
- POA que (por un lado) sigue contactando con PG, a diferencia de los otros análisis contacta también con PFT en lugar de con PFA.
- En las relaciones de PFCH-PP a través de PF es La Aldea (PFA) quien contacta con los Riscos de Chapín y *P.platypétala* (PFCH-PP) en lugar de Tasartico (PFT) como los anteriores análisis. Aparentemente PFCH queda incluida en el complejo PF mientras que PP se posiciona con PO.
- En las islas occidentales se mantiene la conexión con Gran Canaria (PIG-PFT) y a diferencia de los anteriores, le corresponde a Teno la conexión con todas las poblaciones y taxones del complejo.

Como resumen, se podría destacar:

(i) La lejanía de **PG** en relación al resto de taxones y poblaciones, se justifica por los primeros factores (*F1* y *F2*) donde están implicados la mayoría de los caracteres. En todos los análisis, las relaciones de PG con el resto del grupo, se verifican a través de POA que la relacionan de lejos al complejo PF (siempre con posiciones intermedias).

(ii) En el resto de los taxones hay claras diferencias entre un extremo integrado por el complejo poblacional de **PO** en Gran Canaria (a veces acompañados por PP-PFCH) y el otro extremo integrado por el complejo de poblaciones de las **islas occidentales** (donde se

diferencian PIT, PS y PAC de PIG y PIA). El grupo *intermedio* lo integran las poblaciones del complejo **PF** con POVE y POA a veces acompañado de PFCH-PP.

(iii) El *flujo génico* entre los tres complejos poblacionales: PO, PF e islas occidentales (PI, PS y PA) parece verificarse siempre a través de Tasartico (PFT), en las islas occidentales con PIG que conecta con Teno (PIT) y este con La Gomera (PS) y La Palma (PA). En *P.ornata* (PO) con POM (Mogán) que cuando va acompañado de PP-PFCH (flor) puede ser reforzado indirectamente a través de POV-PP-PFCH.

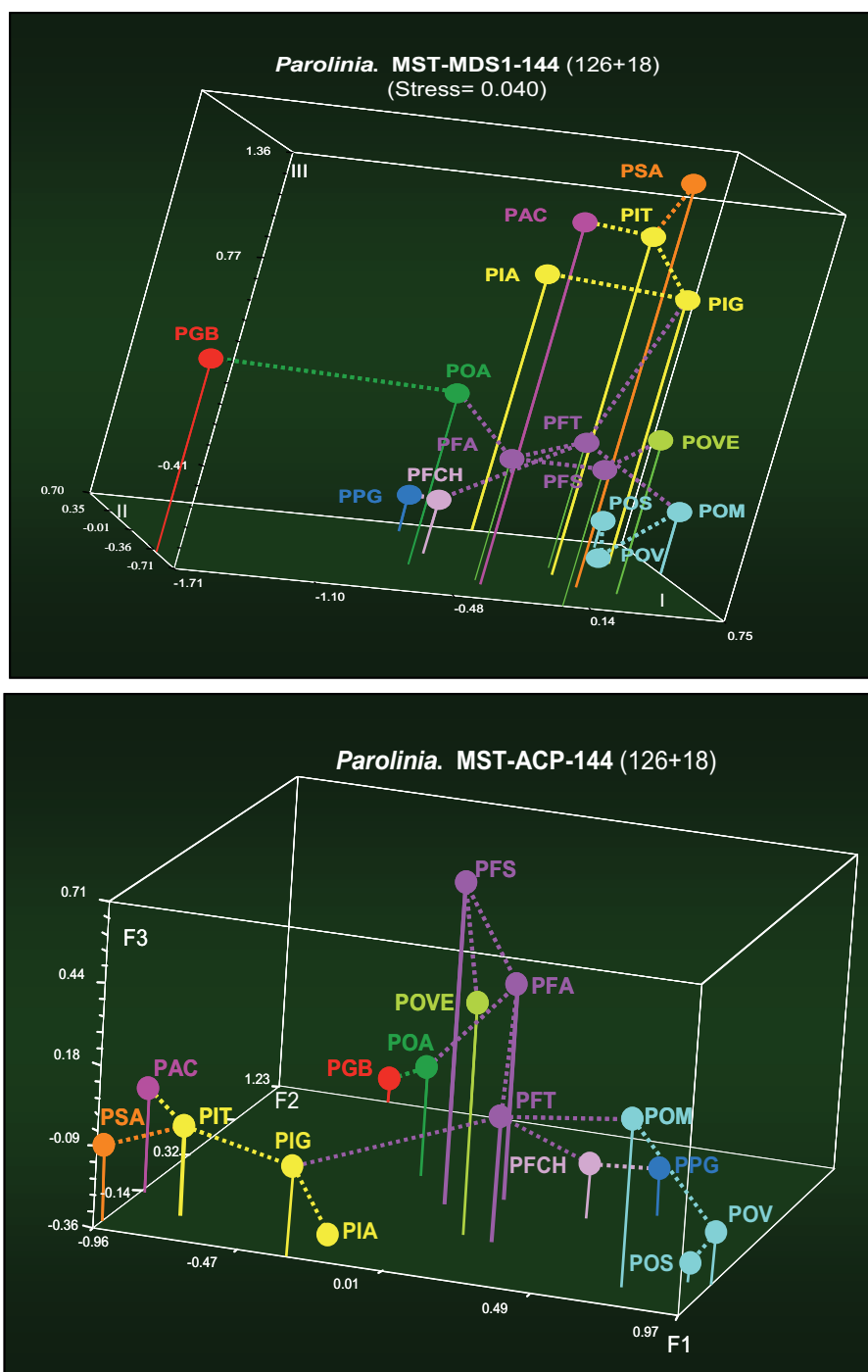


Figura 4.25.- MDS-NM y ACP con MST. 144 macro y micro-caracteres. Las líneas de puntos representan el retículo de Prim (MST). Se pone de manifiesto la discriminación de los tres complejos PO (extremo), PF (intermedio con PP-PFCH) e islas occidentales (extremo con PI, PS y PA).

(iv) PFCH-PP se puede asociar con PO o PF según análisis y caracteres implicados.

(v) En las relaciones dentro del complejo PF: POA siempre contacta con PG (por un lado) y por el otro con PFA (La Aldea) a excepción de los análisis 125 y 111 (PFT), POVE con PFS y a veces también con PFT (137, 125 y 111), PFA con PFS y PFA con PFCH y PP en los análisis 125 y 111.

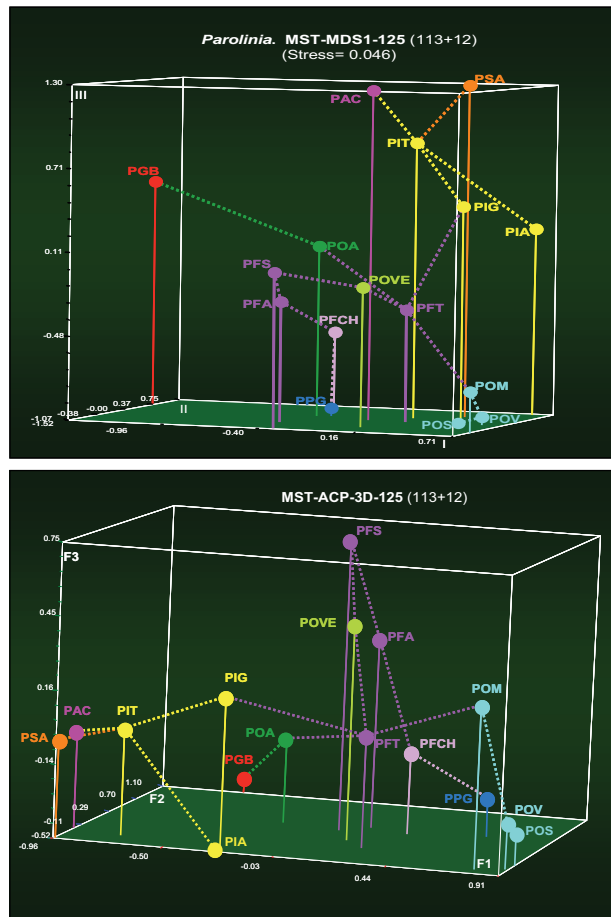


Figura 4.26.- MDS-NM y ACP con MST. 125 macro y micro-caracteres. Las líneas de puntos representan las conexiones del retículo de Prim (MST) sobre las representaciones tridimensionales que ponen de manifiesto la discriminación de los tres complejos PO (extremo), PF (intermedio con PP-PFCH) e islas occidentales (extremo con PI, PS y PA).

### 5.3. INFERENCIAS FILOGENÉTICAS. NEIGHBOR-JOINING

En la estimación filogenética por *Neighbor-Joining* de las poblaciones del género *Parolinia* consideradas (16 UTOs porque no se analiza PFI como para la diversidad genética por aloenzimas), merecen destacar tres modelos diferentes representados por (i) NJoin-155 con el total de los caracteres morfológicos ( $\approx$ NJoin-152), NJoin-144 (con la máxima resolución ( $\approx$ NJoin-135) y NJoin-125 ( $\approx$ NJoin-111). El *coeficiente de correlación cofenético* de estos árboles NJoin es siempre superior a los UPGMA. Análogo al UPGMA, se diferencia de éste en que considera las distancias taxonómicas como no ultramétricas (aditivas).

### 5.3.1. Árboles *Neighbor-Joining* con macro y micro caracteres (155 y 152)

La estimación filogenética *Neighbor-Joining* del total de los caracteres morfológicos (155) y de las poblaciones del género *Parolinia* (16 UTOs sin PFI, como en la diversidad aloenzimática) resulta un árbol ( $r=0.844$ ) que señala como nodo externo a POVE y PFA (poblaciones del complejo PF de Gran Canaria) como más cercanas al ancestro y por tanto al origen del resto de las poblaciones de *Parolinia* en las islas (Fig.4.27).

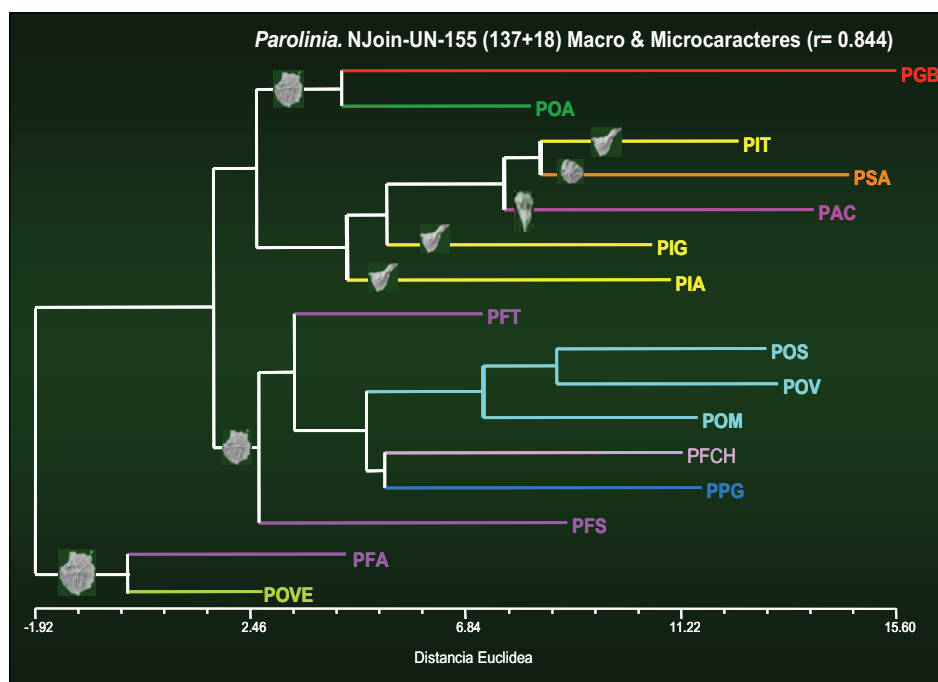


Figura 4.27.- Neighbour Joining macro & micro-caracteres 155. La imagen de la isla indica la distribución geográfica.

El resto de las poblaciones se distribuyen a su vez en otros dos cluster. Uno exclusivo para la isla de Gran Canaria que señala primero a PFS y luego a PFT como posibles *outgroup* del complejo PP-PFCH y *P.ornata* (POM, POS-POS).

El otro cluster dividido a su vez en dos, separa a POA y PGB de Gran Canaria de las poblaciones de las *islas occidentales* donde se mantiene la disgregación de PI con PIT más cerca de La Gomera (PS) y La Palma (PA) que de sus congéneres (PIA y PIG).

### 5.3.2. Árboles *Neighbor-Joining* con macro y micro caracteres (144 y 135)

Cuando se eliminan caracteres (144 y 135) se obtiene el árbol mejor resuelto ( $r=0.937$ ) que cambia ligeramente la topología anterior. Se sigue señalando a POVE (Gran Canaria) más cerca del ancestro como único *outgroup* de los otros dos cluster: El primero mantiene a PFCH, que diversifica primero, luego PP y luego el complejo *P.ornata* (POM- POS-POS).

En el segundo cluster diversifica primero *P.filifolia* que se mantiene más cerca del ancestro (PFT, PFA y PFS) y luego, como en el árbol anterior, diversifican por un lado POA y PGB de Gran Canaria y por otro lado, las *islas occidentales* donde se mantiene la disgregación de PI con PIT más cerca de La Gomera (PS) y La Palma (PA) que de sus congéneres (Fig.4.28).

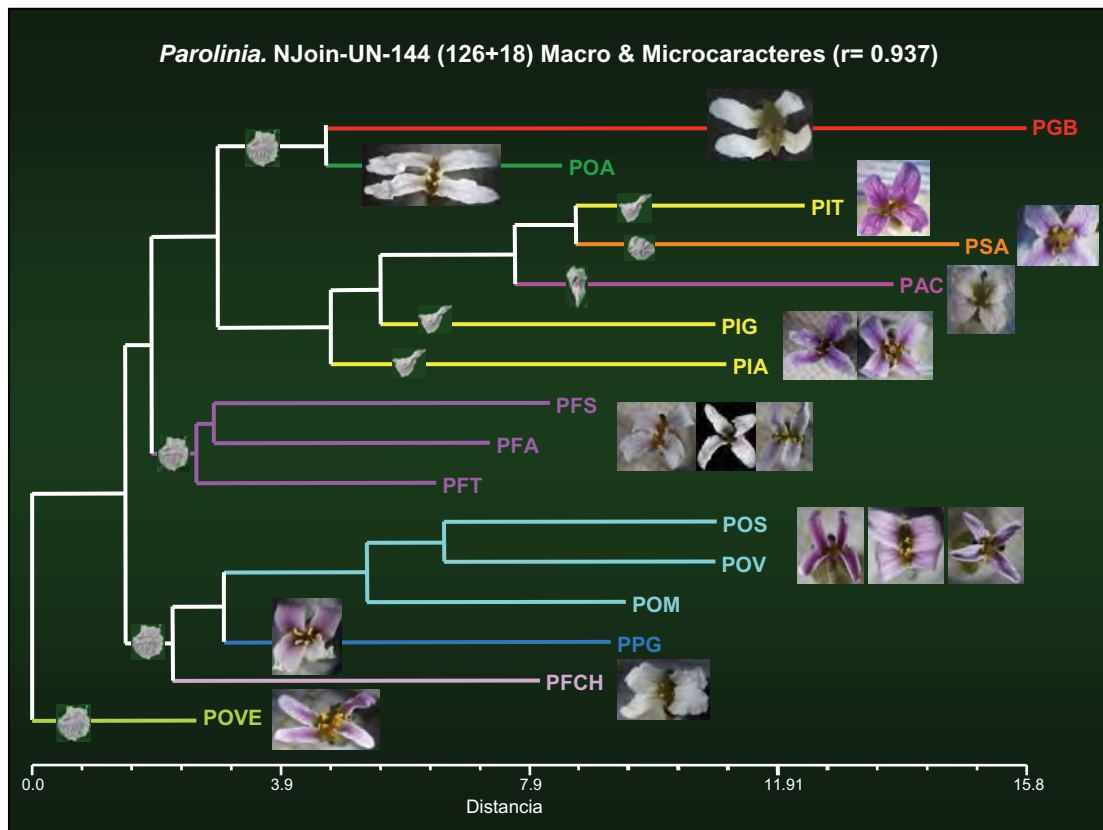


Figura 4.28.- Neighbour Joining macro & micro-caracteres 144.

### 5.3.3. Neighbor-Joining com macro y micro caracteres (125)

El análisis de macro y micro-caracteres cuando se eliminan caracteres (125 y 111) teniendo en cuenta las correlaciones de los mismos (2), se obtiene un árbol ( $r=0.880$ ) cuya topología aparentemente cambiada no lo está sustancialmente. Además de no existir *outgroup* único para el grupo, se disgrega el complejo PF, aunque se mantienen los cluster con poblaciones del complejo (PF) como *outgroups* o con ramas cortas cercanas al ancestro (Fig.4.29).

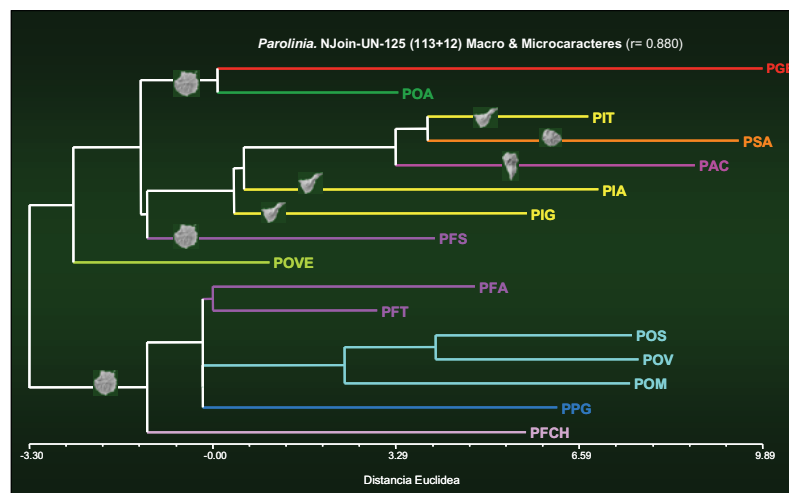


Figura 4.29.- Neighbour Joining macro & micro-caracteres 125.



Este árbol solo muestra dos nodos, uno, como en el árbol anterior integrado por PFCH de outgroup, PP y PO acompañados por PFT y PFA. El otro cluster tiene a POVE (más cerca del ancestro) como *outgroup* del clado de las *islas occidentales* con PFS que diversifica primero y del nodo integrado por POA y PGB.

## 5.4. DIVERSIDAD MORFOLÓGICA. CORRELACIONES

Los resultados del análisis de correlación no paramétrico de la diversidad morfológica con otros niveles de biodiversidad (sistemas de cruzamiento, eficacia reproductiva y diversidad genética) se muestran por grupos de caracteres (Tablas de correlación del Anexo 4.1).

En las correlaciones de la *biodiversidad morfológica* se ha puesto de manifiesto que:

- Las poblaciones de *individuos más anchos* (PAC, PGB y POA) suelen poseer flores de mayor diámetro, orificio floral y limbos más anchos, generalmente acompañadas de *silicuas* con apéndices más cortos o ausentes.

- Las poblaciones de *hojas más largas* (PGB, POA y PAC) tienen las flores más blancas y generalmente los limbos más anchos. Las *hojas más cortas* suelen ir acompañadas de flores violetas (PI, PS y PO). Asimismo las especies de hojas más largas suelen ir acompañadas de apéndices de los cuernos más estrechos y con menos divisiones.

- Las poblaciones de *flores más abiertas* (PG, PS y PA) y ostentan sépalos, pétalos y anteras más cortas con menos granos de polen y de óvulos, estigmas más estrechos, pétalos generalmente ondulados, más que acanalados o revolutos.

- Las poblaciones de *flores con cálices más largos* suelen acompañarse de largos filamentos estaminales, grandes anteras y ovarios con estigmas más altos. También con más pólenes y óvulos por flor, pétalos más largos de limbos cortos generalmente revolutos o acanalados, estigmas anchos y generalmente *papilas estigmáticas* más largas.

Hay que destacar las correlaciones de los caracteres morfológicos con la **edad geológica**. El *diámetro de la flor* y *ancho máximo del limbo* se correlacionan negativamente ( $r=-0.625$ ,  $-0.772$ ) y positivamente con los *pétalos revolutos* ( $r=0.539$ ). Asimismo la edad geológica correlaciona negativamente con la longitud del *racimo* ( $r=-0.633$ ), con el *diámetro P de las semillas* ( $r=-0.608$ ) y el *grosor del ala* ( $-0.626$ ).

### 5.4.1. Correlaciones de la biodiversidad morfológica y sistemas de cruzamiento

Como en el apartado anterior (4.1) solamente se consideran importantes algunas de las correlaciones significativas ( $\alpha=0.05$ ) en este caso con un coeficiente  $r \geq 0.60$  y se acompañan con gráficas de correlación insertas en el texto.

#### 5.4.1.1. Correlaciones de los caracteres vegetativos, sistemas de cruzamiento y eficacia reproductiva

Merece destacar la correlación del *diámetro mayor de los individuos* y el *índice ISI de auto-incompatibilidad*, están fuerte y negativamente correlacionados ( $r=-0.810$ ) como con la *tasa de autogamia S Karron* ( $r=-0.762$ ). Es decir que las poblaciones de individuos más anchos son más *incompatibles* (ISI cercanos a cero) y tienen también una tasa menor de *autogamia* revelando una mayor *alogamia* para esas poblaciones (PA y PG). Mientras que el *ratio de las hojas* está correlacionado positivamente con el índice *ISI de frutos* ( $r=0.762$ ), los

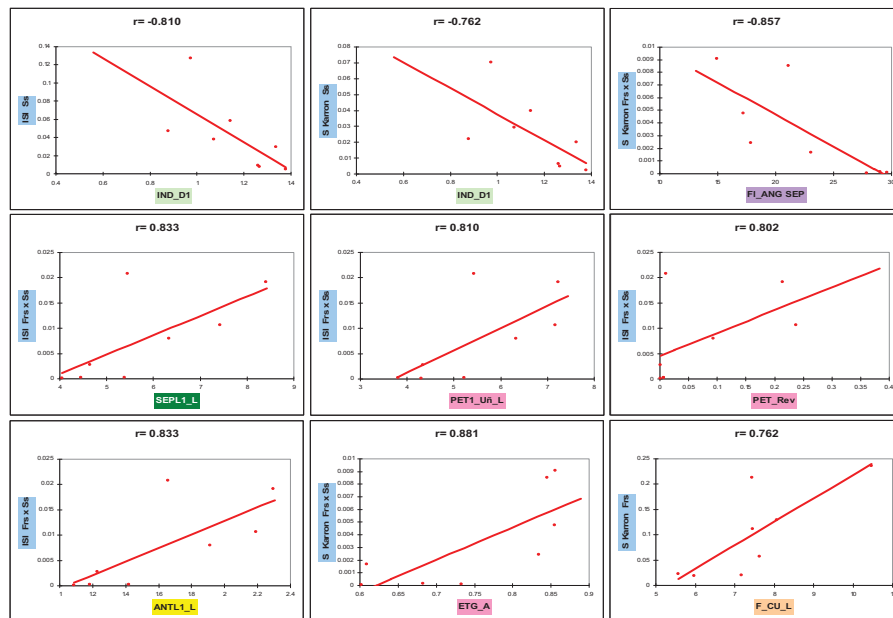
anchos de las hojas más cortas (PS, PI) lo están negativamente ( $r=-0.762$ ) aunque habría que señalar que la correlación no es muy significativa.

Los *caracteres vegetativos* no presentan apenas correlaciones destacables con los caracteres implicados en la *eficacia reproductiva* a excepción del *ancho de las hojas* que está correlacionado negativamente con el % de *germinación* de las *semillas* ( $r=-0.678$ ) y el % de *supervivencia de las plántulas* ( $r=-0.705$ ).

#### 5.4.1.2. Correlaciones de la flor, sistemas de cruzamiento y eficacia reproductiva

Hay que destacar la altísima correlación positiva de los *sépalos*, *anteras dehiscentes* y el *ancho del estigma* con la *tasa S de autogamia* ( $r=0.881$  y  $0.857$ ).

La *apertura floral* (ángulo de los sépalos) está fuertemente correlacionada (negativamente) con el *índice ISI de auto-incompatibilidad* y *tasa S de autogamia* ( $r=-0.762$  y  $-0.857$ ). Esto señala a las poblaciones de individuos con *flores más abiertas* como *más auto-incompatibles* (ISI más bajos) y también con menor *autogamia* revelando asimismo una mayor *alogamia* para esas poblaciones (PG, PS y PA).



- Las biometrías de los *sépalos* (longitud, ancho y forma o altura del ancho máximo), además de estar fuertemente correlacionadas con el *índice ISI* ( $r=0.833-0.786$ ), también lo están positivamente con la *tasa S de autogamia* ( $r=0.857-0.738$ ). Esto quiere decir que las poblaciones (PO y PP) de individuos con sépalos más largos y anchos son *más compatibles* (ISI más altos) y tienen también una tasa mayor de *autogamia* para esas poblaciones.

- La longitud de los *pétalos* está correlacionada con el *índice ISI* ( $r=0.714$ ) y la longitud de la *uña*, además de estar fuertemente correlacionada con el *índice ISI* ( $r=0.810-0.714$ ), lo está con la *tasa S de autogamia* ( $r=0.810-0.690$ ). En las variables cualitativas de los *pétalos* destaca la fuerte correlación de los *pétalos revolutos* con el *índice ISI* ( $r=0.802$ ) y con la *tasa S de autogamia* ( $r=0.755$ ). Los *pétalos acanalados* se correlacionan solamente con la *tasa S de autogamia* ( $r=0.762$ ). Esto señala a las poblaciones de flores con *pétalos* y *uñas* más largos como *más compatibles* (ISI más altos) y también con mayor *autogamia* para esas poblaciones (PO y PP). Asimismo que las poblaciones de flores con limbos más *revolutos* y

*acanalados* son más compatibles (ISI más altos) y con mayor *autogamia* para esas poblaciones (PO y PP).

- Las **anteras dehiscentes** están correlacionadas con el *índice ISI* (0.833-0.786) y con la *tasa S de autogamia* ( $r=0.857-0.810$ ). Esto señala a las poblaciones de flores con anteras más largas como *más compatibles* (ISI más altos) y también con mayor *autogamia* (PO) con excepción de PP.

- El **ovario** (longitud) está fuertemente correlacionado con el *índice ISI de auto-incompatibilidad* según *frutos y poblacional* ( $r=0.810$  y  $0.738$ ) y el ancho del **estigma** con el *índice ISI y con la tasa S de autogamia poblacional* ( $r=0.857$  y  $0.881$ ).

Los caracteres de la *flor* presentan pocas correlaciones significativamente importantes con los caracteres implicados en la *eficacia reproductiva*:

La **apertura floral** se correlaciona negativamente con la **producción** máxima de **semillas** por **silicua** (flor), siendo más significativa con las valvas mayores ( $r=-0.818$ ,  $-0.701$  y  $-0.554$ ). También se correlaciona negativamente con el limbo o *ratio Pet/Sep* ( $r=-0.785$ ).

Las longitudes de los *sépalos*, *pétalos*, *anteras*, *ovario* y *estigma* así como los *pétalos revolutos*, están correlacionados muy significativamente con la *producción máxima de semillas por silicua* ( $r=0.821$ ,  $0.730$ ,  $0.821$ ,  $0.821$ ,  $0.661$ ,  $0.776$  y  $0.764$ ) donde el coeficiente menor corresponde al ovario. Negativamente con las flores de *pétalos ondulados* ( $r=-0.682$ ).

- Los *diámetros de la flor*, del *orificio floral* y el *ancho máximo del limbo*, están correlacionados positivamente con el *peso húmedo de las semillas* ( $r=0.703$ ,  $0.721$  y  $0.702$ ), mientras que los *pétalos acanalados* y longitud de las *anteras dehiscentes* lo están negativamente ( $r=-0.686$  y  $-0.593$ ). Esto pondría de manifiesto que las flores con limbos más largos y anchos suelen producir *semillas* con más peso húmedo que no coinciden con las de grandes *anteras indehiscentes*, *sépalos más anchos* y *pétalos más largos* que suelen poseer más éxito reproductivo ( $r=0.70$  y  $0.5770$ ) ORS1 y % de *germinación de semillas*.

#### 5.4.1.3. Correlaciones de los recursos del androceo y gineceo con los sistemas de cruzamiento y eficacia reproductiva

Hay que destacar que este grupo de caracteres está íntimamente relacionado con la evaluación *indirecta* de los sistemas de cruzamiento (*ratio Polen/Óvulo*) como se ha visto en el Capítulo II. Las biometrías de las **anteras indehiscentes**, *polen* y *papilas estigmáticas* están altamente correlacionadas con los *recursos del androceo y gineceo* como ya se mencionó en el apartado anterior (4.1), no obstante se destacan las más altas correlaciones entre el *número de granos por flor* y el *nº de granos de las anteras medias* ( $r=0.988$ ).

- En las correlaciones con los *sistemas de cruzamiento* (Cap.II) hay que destacar la fuerte correlación entre el *número de pólenes* por *antera media y flor* con el *índice ISI de auto-incompatibilidad* y *tasa S de autogamia* ( $r=0.810$  y  $0.833$ ). Esto indica que las poblaciones de flores con *mayor número de granos de polen coinciden con las que tienen anteras mayores*, son *más compatibles* (ISI más altos) y tienen mayor *autogamia* (PO).

- El *número de óvulos* por *flor* se correlaciona con la longitud de las *papilas estigmáticas* e *índice ISI* ( $r=0.643$  y  $0.690$ ). Merecen destacar la correlación del *ratio polen/óvulo* con el *índice ISI* y la *tasa de autogamia* ( $r=0.786$  y  $0.738$ ).

Los *micro-caracteres de la flor y recursos del androceo y gineceo* no presentan ninguna correlación destacable con ninguno de los caracteres de la *eficacia reproductiva* a excepción de la longitud de las *papilas estigmáticas* que se correlaciona con el % de *germinación de las semillas* ( $r=0.587$ ).

#### 5.4.1.4. Correlaciones del fruto y semillas con los sistemas de cruzamiento y eficacia reproductiva

En los caracteres del *fruto* o *silicua* sólo se observa una relación fuerte con *los sistemas de cruzamiento*, entre la longitud del *cuerno* que está fuertemente correlacionada con la *tasa S de autogamia de Karron* ( $r=0.762$ ). Esto señala que las poblaciones con *mayores cuernos o astas en las silicuas* son *más compatibles* y tienen también una tasa mayor de *autogamia* (PP, POVE y PFA). Por el contrario las astas más cortas se presentan en las poblaciones *más auto-incompatibles* (PS, PG y PA).

También los caracteres del *fruto* y *semillas* presentan pocas correlaciones con los caracteres de la *eficacia reproductiva*. La **producción de semillas** por *silicua* depende más del *número de óvulos por flor o valva* ( $r=0.883$ ,  $0.830$  y  $0.802$ ) que de las longitudes de las valvas, superando siempre las mayores (V1 y V2) a las más pequeñas (V3). Asimismo siempre se correlacionan más significativamente la producción máxima por valva ( $r=0.652$  y  $0.682$ ) que la media.

Asimismo la *producción máxima de semillas* por *silicua* depende del *índice ISI* y *tasa de autogamia* ( $r=0.790$  y  $0.778$ ). Esto pone de manifiesto que las poblaciones menos auto-incompatibles producen normalmente más cantidad de semillas.

La longitud del *pedúnculo del fruto* está correlacionada positivamente con el *% de germinación de las semillas* ( $r=0.692$ ) y las *semillas triangulares* están correlacionadas negativamente con el *peso húmedo* de las mismas ( $r=-0.686$ ).

#### 5.4.2. Correlaciones entre la diversidad morfológica y diversidad genética

A la vista de las correlaciones de los 171 caracteres morfológicos (153 macro-morfológicos y 18 micro-morfológicos) y la *variabilidad genética poblacional* obtenida a partir de los parámetros implicados en la *diversidad genética aloenzimática*, se considera aquellos valores del coeficiente ( $r$ ) que superen el 0.55 en el nivel de significación  $\alpha=0.05$ , a diferencia de las análisis de correlación anteriores, dada la falta de correlaciones en general.

La más altas correlaciones se encuentran entre el *% de loci polimórficos (P)* y *% de formas triangulares* de las *semillas* ( $r=0.759$ ), así como entre los *alelos exclusivos (A<sub>ex</sub>)* y el *ratio del limbo* ( $r=-0.717$ ).

##### 5.4.2.1. Correlaciones de los caracteres vegetativos y diversidad genética

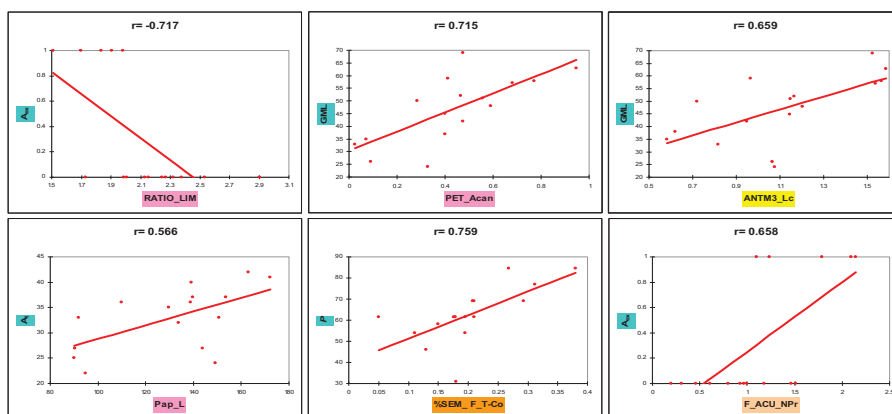
La ausencia prácticamente de relaciones entre los caracteres vegetativos con la *variabilidad genética* hace destacar la correlación negativa de la longitud de la *hojas más pequeñas* con la *H<sub>e</sub>* o *heterocigosidad esperada* ( $r=-0.595$ ).

##### 5.4.2.2. Correlaciones entre la flor y recursos del androceo-gineceo con la diversidad genética

Merecen destacar las relaciones de los *alelos exclusivos (A<sub>ex</sub>)* y *caracteres florales*. Los *alelos exclusivos (A<sub>ex</sub>)* se correlacionan negativamente con la *longitud* y *forma de los sépalos* ( $r=-0.541$ ), *anteras dehiscentes* ( $r=-0.541$ ), *ratio del limbo* ( $r=-0.717$ ), longitud de los *pétalos* ( $r=-0.570$ ), longitud y ancho del *estigma* ( $r=-0.600$ ).

Asimismo están correlacionados negativamente con el número de *granos por antera* y *flor*, *número de óvulos (A<sub>ex</sub>)* ( $r=-0.570$ ), así como con las papilas *bolo-botella* ( $r=-0.561$ ). Se correlacionan positivamente con el *color violeta del limbo* ( $r=0.609$ ) y *papila dedo-semidedo* ( $r=0.554$ ).

- Los *alelos totales* ( $A_T$ ) y *alelos por locus* ( $A_l$ ) están correlacionados positivamente con la longitud ( $r=0.519$  y  $0.524$ ) y forma de los *sépalos* ( $r=0.531$  y  $0.543$ ), con los *pétalos acanalados* ( $A_T=0.649$ ,  $A_l=0.629$ ), *anteras dehiscentes* ( $A_T=0.593$ ,  $A_l=0.579$ ) similares en las *anteras indehiscentes* ( $A_T=0.622-0.602$  y  $A_l=0.574$ ). Asimismo con la longitud de las *papilas estigmáticas* ( $A_T = 0.566$  y  $A_l=0.522$ ).



- El número de *genotipos multilocus* (**GML**) está correlacionado con los *pétalos acanalados* ( $r=0.715$ ), con la longitud y forma (altura del ancho máximo) de los *sépalos* ( $r=0.618-0.588$ ), longitud de la *uña* ( $r=0.562$ ), longitudes de las *anteras dehiscentes* ( $r=0.659-0.603$ ), similares a las *indehiscentes* ( $r=0.653-0.618$ ) y *papilas estigmáticas* ( $r=0.538$ ). Está correlacionado negativamente con la *apertura floral* ( $r=-0.553$ ), *ratio Pet/Sep* ( $r=-0.556$ ) y *papilas P* ( $r=-0.527$ ).

- El % de *loci polimórficos* (**P**) se correlaciona negativamente con el diámetro mayor del *orificio floral* y ancho máximo del *limbo* ( $r=-0.595$  y  $-0.577$ ) y *papilas P* ( $r=-0.515$ ).

- La *heterocigosidad esperada* ( $H_e$ ) está correlacionada negativamente con los diámetros del *orificio floral* ( $r=-0.617$  y  $-0.581$ ) y *papila P* ( $r=-0.527$ ).

- La *tasa de alogamia*  $t$  con los *pétalos ondulados* ( $r=0.576$ ).

#### 5.4.2.3. Correlaciones del fruto (*silicua*) y semilla con la diversidad genética

Entre los caracteres reproductivos de las semillas merece ser destacada la más fuerte correlación del *porcentaje de loci polimórficos* y el % de *semillas triangulares-cónica*.

- Los *alelos exclusivos* ( $A_{ex}$ ) se correlacionan negativamente con el *pedúnculo de la silicua* ( $r=-0.570$ ) y con la longitud del *apéndice menor* ( $r=-0.512$ ). Están correlacionados positivamente con el *número de protuberancias* de los cuernos ( $r=0.658$ ) y *divisiones del apéndice mayor* ( $r=0.645$ ).

- Los *alelos totales* ( $A_T$ ) y *alelos por locus* ( $A_l$ ) están correlacionados negativamente con el *ancho del ala* de las semillas ( $r=-0.569$  y  $-0.603$ ). Asimismo la diversidad alélica está correlacionada con la *producción máxima de semillas por silicua* que depende más de las *valvas mayores* ( $r=0.562$  y  $0.566$ ). Esto pone de manifiesto que las poblaciones menos auto-incompatibles producen normalmente más cantidad de semillas presentan más diversidad alélica.

- El número de *genotipos multilocus* (**GML**) está correlacionado negativamente con el *ancho* y *contorno del ala* de las semillas ( $r=-0.685$  y  $r=-0.509$ ). Asimismo positivamente con la *producción máxima de semillas por silicua* ( $r=0.606$ ).



- El % de loci polimórficos (**P**) está correlacionado fuertemente con la semilla triangular-cónica ( $r=0.759$ ).

- La heterocigosidad esperada ( $H_e$ ) se correlaciona positivamente con la longitud del cuerno ( $r=0.519$ ) y con las semillas triangulares ( $r=0.510$ ). Está correlacionada negativamente con las semillas rectangulares-elípticas ( $r=-0.515$ ).

- La tasa de alogamia  $t$  con el diámetro mayor de las semillas ( $r=0.568$ ).

## 6. CITOGENÉTICA. DIVERSIDAD CROMOSÓMICA

Todas las poblaciones analizadas son diploides,  $2n=22$  (Tabla 4.18). Se aporta por primera vez el número cromosómico de *P.glabriuscula*, *P.platypetala* y *P.aridanae*, así como de la población de Agaete (POA), actualmente no adscrita a ningún taxon.

### 6.1. DIVERSIDAD CROMOSÓMICA Y TAXONES

#### 6.1.1. Cariotipos, idiogramas y mixoploidía

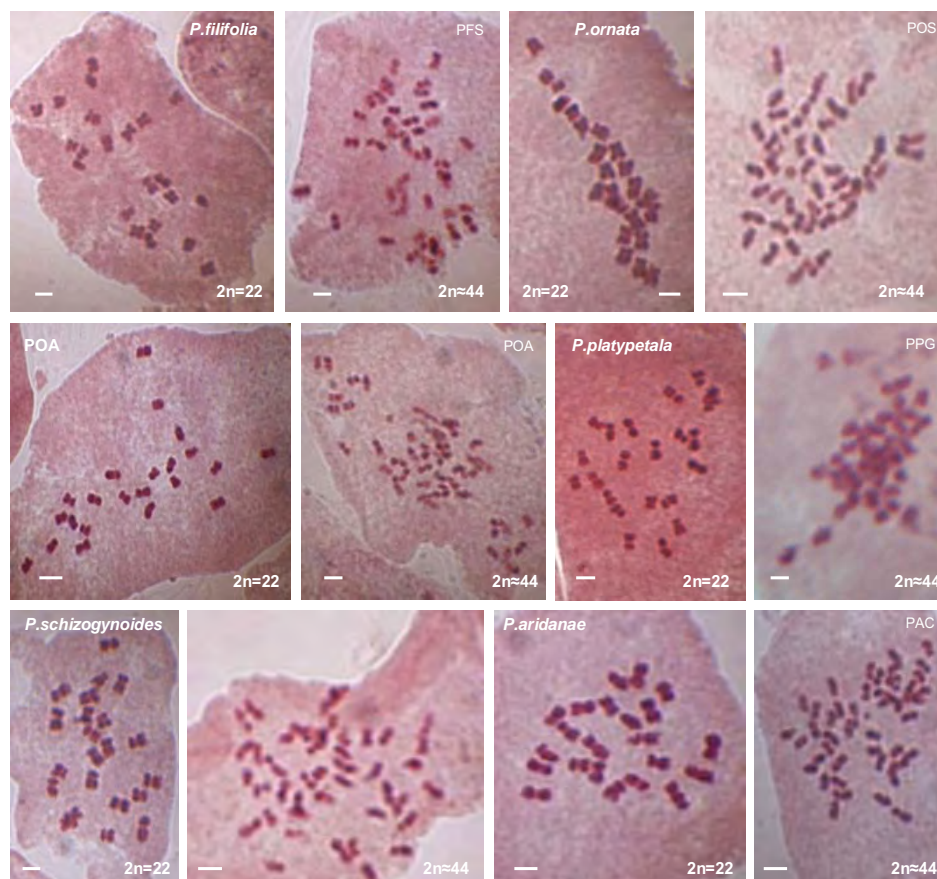
Se estudia una población por taxon (PGB, PFS, POS, POV, PPG, PIG, PSA, PAC y POA (sin adscripción taxonómica). En la Tabla 4.18 de muestran los datos cariológicos de los taxones de *Parolinia*: número de cromosomas ( $2n$ ), longitud total del cariotipo ( $\mu\text{m}$ ), rango de longitud (pares cromosómicos 1 y 11), fórmula cromosómica (LEVAN *et al*, 1964), índices de asimetría (STEBBINS, 1971 y ROMERO ZARCO, 1986), así como los porcentajes de individuos que muestran mixoploidía y/o presencia de cromosomas B. Las longitudes relativas e índices  $r$  de cada par cromosómico se detallan en la Tabla 4.19 y los *idiogramas* y *cariotipos* representativos de cada taxon en la Fig.4.31.

| DATOS CARIOLÓGICOS DE LOS TAXONES DE <i>PAROLINIA</i> |            |    |                                      |                            |                            |                     |                |                |      |           |            |  |
|---|------------|----|--------------------------------------|----------------------------|----------------------------|---------------------|----------------|----------------|------|-----------|------------|--|
| Tax   | Pob        | 2n | Cariotipo longitud ( $\mu\text{m}$ ) |                            |                            | Fórmula cromosómica | Asimetría      |                |      | Mix %inds | cr B %inds |  |
|   |            |    | LT                                   | cr 1                       | cr 11                      |                     | A <sub>1</sub> | A <sub>2</sub> | Steb |           |            |  |
| PG  | PGB        | 22 | 41.54 ± 1.33<br>(34.31-55.04)        | 2.34 ± 0.08<br>(1.9-3.12)  | 1.52 ± 0.06<br>(1.12-2.1)  | 10m+1sm<br>(par8)   | 0.241          | 0.133          | 1A   | 0         | 0          |  |
| PF  | PFS        | 22 | 37.21 ± 0.52<br>(34.36-40.73)        | 1.95 ± 0.03<br>(1.72-2.11) | 1.38 ± 0.04<br>(1.14-1.65) | 10m+1sm<br>(par8)   | 0.225          | 0.113          | 1A   | 14        | 0          |  |
| POA   | POA        | 22 | 40.25 ± 1.06<br>(33.88-49.66)        | 2.21 ± 0.08<br>(1.85-3.02) | 1.52 ± 0.05<br>(1.22-2.14) | 9m+2sm<br>(par4-8)  | 0.259          | 0.122          | 1A   | 60        | 20         |  |
| PO  | POS<br>POV | 22 | 39.09 ± 1.24<br>(33.43-46.54)        | 2.15 ± 0.08<br>(1.73-2.66) | 1.37 ± 0.07<br>(1.04-1.82) | 10m+1sm<br>(par8)   | 0.251          | 0.139          | 1A   | 20        | 0          |  |
| PP  | PPG        | 22 | 45.27 ± 1.21<br>(40.47-52.84)        | 2.53 ± 0.08<br>(2.27-3.15) | 1.68 ± 0.05<br>(1.46-2.05) | 10m+1sm<br>(par8)   | 0.228          | 0.140          | 1A   | 12.5      | 0          |  |
| PI  | PIG        | 22 | 42.75 ± 0.67<br>(38.86-46.48)        | 2.38 ± 0.05<br>(2.04-2.82) | 1.57 ± 0.03<br>(1.31-1.73) | 10m+1sm<br>(par8)   | 0.225          | 0.135          | 1A   | 0         | 0          |  |
| PS  | PSA        | 22 | 37.67 ± 3.27<br>(34.67-39.6)         | 2.12 ± 0.03<br>(1.83-2.53) | 1.38 ± 0.04<br>(1.03-1.58) | 10m+1sm<br>(par8)   | 0.247          | 0.133          | 1A   | 25        | 0          |  |
| PA  | PAC        | 22 | 37.94 ± 0.72<br>(34.09-42.48)        | 2.07 ± 0.05<br>(1.88-2.5)  | 1.40 ± 0.04<br>(1.22-1.71) | 10m+1sm<br>(par8)   | 0.213          | 0.117          | 1A   | 20        | 0          |  |

**Tabla 4.18.- Datos cariológicos de los taxones de *Parolinia*.** Número somático de cromosomas ( $2n$ ), longitud total del cariotipo ( $\mu\text{m}$ ) y rango de longitud (pares cromosómicos 1 y 11). Fórmula cromosómica según LEVAN *et al* (1964). Índices de asimetría A<sub>1</sub> y A<sub>2</sub> de ROMERO ZARCO (1986) y de STEBBINS (1971). Porcentaje de individuos que muestran células con mixoploidía y/o presencia de cromosomas B.

El cariotipo está constituido por once pares de cromosomas pequeños, cuyos valores medios oscilan entre 1.95  $\mu\text{m}$  (PF) y 2.53  $\mu\text{m}$  (PP) en el par cromosómico 1 y entre 1.37  $\mu\text{m}$  (PO) y 1.68  $\mu\text{m}$  (PP) en el par cromosómico 11, con una longitud total del genoma entre 37.21  $\mu\text{m}$  en PF y 45.27  $\mu\text{m}$  en PP.

*P. platypetala* presenta, por tanto, el cariotipo de mayor longitud y las mayores longitudes de los cromosomas mayor y menor del complemento y *P. filifolia* el cariotipo de menor longitud, la menor longitud del cromosoma 1 y una de las menores del par cromosómico 11 (Tabla 4.18).



**Figura 4.30.- Mixoploidía en taxones de *Parolinia*.** Metáfases somáticas en las poblaciones mostrando la presencia de mixoploidía, células con  $2n=22$  y  $2n=44$  en un mismo individuo. Barra= 2 $\mu\text{m}$ .

Todos los taxones presentan una fórmula cromosómica similar ( $10m+1sm$ ) con 10 pares cromosómicos  $m$  y uno  $sm$  (par 8), con la excepción de POA que presenta un cariotipo formado por  $9m+2sm$  (pares 4 y 8). Ocasionalmente se observa un satélite en el brazo corto del par 8 (Fig.4.31).

La longitud del par cromosómico 1 oscila entre 5.23 y 5.63% y entre 3.31 y 3.77% el par 11, lo que supone una diferencia inferior al 3% de la longitud total del genoma entre el par mayor y menor del complemento (Tabla 4.19).

En general, los pares cromosómicos más metacéntricos (pares 1, 3, 5, 6, 9 y 11) muestran bastante homogeneidad en su morfología cromosómica con índices  $r$  que oscilan entre 1.1 y 1.2. Los cromosomas más submetacéntricos muestran mayor variabilidad con  $r$  que, salvo excepciones, oscilan entre 1.4 y 1.55 (cr2, 4, 7 y 10) y 1.82-1.97 (par 8). Los pares 4 y 10 muestran la mayor variabilidad entre los taxones, destacando en POA el par 4  $sm$  ( $r=1.71$ ) y en PP el par 10 casi  $sm$  ( $r=1.62$ ).

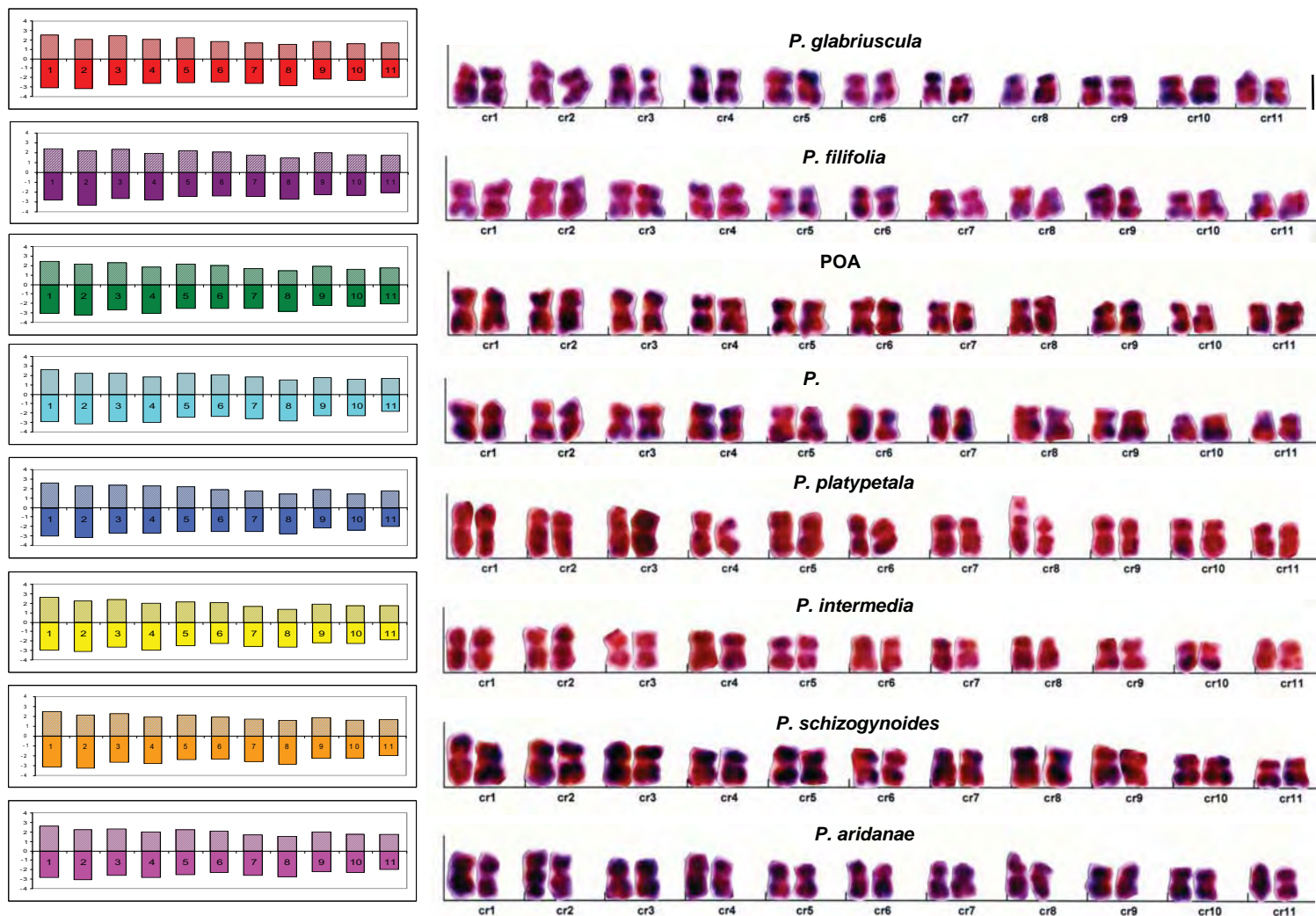


Figura 4.31.- Idiogramas y cariotipos de los taxones de *Parolinia*. Los idiogramas se representan en longitudes relativas (%LTc). Barra 2 µm

| LONGITUD RELATIVA E INDICE <i>r</i> DE LOS CROMOSOMAS DE <i>PAROLINIA</i> |    |                          |            |                           |            |                            |            |                            |            |                            |            |                            |            |                            |            |                            |            |                            |            |                            |             |                            |             |
|---|----|--------------------------|------------|---------------------------|------------|----------------------------|------------|----------------------------|------------|----------------------------|------------|----------------------------|------------|----------------------------|------------|----------------------------|------------|----------------------------|------------|----------------------------|-------------|----------------------------|-------------|
| Pob   | N  | cr1                      |            | cr 2                      |            | cr 3                       |            | cr 4                       |            | cr 5                       |            | cr 6                       |            | cr 7                       |            | cr 8                       |            | cr 9                       |            | cr 10                      |             | cr 11                      |             |
|   |    | %LT1                     | <i>r</i> 1 | %LT2                      | <i>r</i> 2 | %LT3                       | <i>r</i> 3 | %LT4                       | <i>r</i> 4 | %LT5                       | <i>r</i> 5 | %LT6                       | <i>r</i> 6 | %LT7                       | <i>r</i> 7 | %LT8                       | <i>r</i> 8 | %LT9                       | <i>r</i> 9 | %LT10                      | <i>r</i> 10 | %LT11                      | <i>r</i> 11 |
| PGB   | 18 | 5.63±0.08<br>(5.13-6.44) | 1.2        | 5.18 ± 0.09<br>(4.72-5.9) | 1.52       | 5.2 ± 0.05<br>(4.78-5.68)  | 1.16       | 4.68 ± 0.07<br>(3.94-5.19) | 1.31       | 4.71 ± 0.04<br>(4.34-4.92) | 1.13       | 4.31 ± 0.05<br>(3.98-4.65) | 1.22       | 4.26 ± 0.06<br>(3.79-4.66) | 1.57       | 4.39 ± 0.06<br>(3.81-4.84) | 1.89       | 4.02 ± 0.04<br>(3.71-4.34) | 1.17       | 3.95 ± 0.06<br>(3.36-4.26) | 1.46        | 3.65 ± 0.06<br>(3.26-4.16) | 1.18        |
| PFS   | 14 | 5.23±0.04<br>(4.97-5.47) | 1.19       | 5.53 ± 0.1<br>(5.08-6.36) | 1.52       | 4.99 ± 0.04<br>(4.75-5.18) | 1.16       | 4.68 ± 0.06<br>(4.41-5.06) | 1.46       | 4.62 ± 0.03<br>(4.32-4.81) | 1.12       | 4.43 ± 0.05<br>(4.14-4.78) | 1.18       | 4.22 ± 0.07<br>(3.43-4.57) | 1.41       | 4.21 ± 0.07<br>(3.78-4.69) | 1.90       | 4.25 ± 0.04<br>(3.81-4.4)  | 1.16       | 4.13 ± 0.05<br>(3.82-4.48) | 1.3         | 3.70 ± 0.09<br>(3.01-4.17) | 1.15        |
| POA   | 18 | 5.47±0.07<br>(5.02-6.08) | 1.26       | 5.32±0.08<br>(4.86-5.96)  | 1.52       | 4.94 ± 0.06<br>(4.62-5.44) | 1.16       | 4.82 ± 0.1<br>(3.98-5.54)  | 1.71       | 4.63 ± 0.06<br>(4.01-4.98) | 1.2        | 4.52 ± 0.05<br>(4.22-4.96) | 1.27       | 4.24 ± 0.05<br>(3.81-4.55) | 1.50       | 4.29 ± 0.09<br>(3.65-5.07) | 1.92       | 4.14 ± 0.06<br>(3.47-4.54) | 1.17       | 3.87 ± 0.05<br>(3.47-4.29) | 1.41        | 3.77 ± 0.07<br>(3.13-4.32) | 1.19        |
| PO  | 14 | 5.50±0.11<br>(4.87-6.14) | 1.1        | 5.33±0.06<br>(5.03-5.71)  | 1.42       | 5.17 ± 0.05<br>(4.95-5.45) | 1.14       | 4.80 ± 0.05<br>(4.41-5.03) | 1.46       | 4.61 ± 0.07<br>(4.19-4.88) | 1.12       | 4.45 ± 0.06<br>(4.17-4.84) | 1.15       | 4.36 ± 0.07<br>(4.04-4.97) | 1.44       | 4.34 ± 0.08<br>(4.0-4.95)  | 1.90       | 4.04 ± 0.06<br>(3.72-4.37) | 1.13       | 3.94 ± 0.08<br>(3.29-4.31) | 1.44        | 3.48 ± 0.11<br>(2.94-4.12) | 1.12        |
| PPG   | 12 | 5.60±0.09<br>(5.15-6.22) | 1.18       | 5.42±0.1<br>(5.09-6.18)   | 1.41       | 5.07 ± 0.06<br>(4.68-5.34) | 1.13       | 4.73 ± 0.05<br>(4.49-4.95) | 1.34       | 4.71 ± 0.07<br>(4.28-5.07) | 1.13       | 4.48 ± 0.07<br>(4.16-4.9)  | 1.35       | 4.25 ± 0.06<br>(3.93-4.58) | 1.45       | 4.18 ± 0.09<br>(3.68-4.56) | 1.95       | 4.04 ± 0.07<br>(3.71-4.45) | 1.17       | 3.81 ± 0.06<br>(3.4-4.12)  | 1.62        | 3.71 ± 0.05<br>(3.39-3.91) | 1.19        |
| PIA   | 16 | 5.56±0.07<br>(5.16-6.18) | 1.16       | 5.39±0.06<br>(4.92-5.7)   | 1.44       | 5.03 ± 0.06<br>(4.63-5.48) | 1.13       | 4.94 ± 0.07<br>(4.58-5.49) | 1.54       | 4.66 ± 0.05<br>(4.33-4.98) | 1.17       | 4.36 ± 0.03<br>(4.11-4.71) | 1.13       | 4.3 ± 0.06<br>(3.91-4.68)  | 1.54       | 4.05 ± 0.07<br>(3.49-4.43) | 1.97       | 4.06 ± 0.05<br>(3.56-4.37) | 1.16       | 3.97 ± 0.05<br>(3.56-4.36) | 1.34        | 3.68 ± 0.06<br>(3.15-4.04) | 1.12        |
| PSA   | 14 | 5.62±0.12<br>(5.26-6.53) | 1.13       | 5.41±0.07<br>(4.98-5.82)  | 1.53       | 4.94 ± 0.06<br>(4.61-5.37) | 1.17       | 4.74 ± 0.05<br>(4.53-5.04) | 1.47       | 4.55 ± 0.06<br>(4.1-4.87)  | 1.14       | 4.32 ± 0.06<br>(3.99-4.72) | 1.2        | 4.37 ± 0.08<br>(3.74-4.97) | 1.48       | 4.45 ± 0.11<br>(3.64-5.06) | 1.82       | 4.08 ± 0.05<br>(3.77-4.39) | 1.23       | 3.87 ± 0.04<br>(3.65-4.19) | 1.39        | 3.66 ± 0.08<br>(2.96-3.99) | 1.17        |
| PAC   | 14 | 5.46±0.09<br>(5.02-6.23) | 1.11       | 5.26±0.09<br>(4.86-5.87)  | 1.41       | 4.9 ± 0.06<br>(4.4-5.25)   | 1.12       | 4.79 ± 0.07<br>(4.46-5.24) | 1.45       | 4.75 ± 0.04<br>(4.45-4.99) | 1.13       | 4.39 ± 0.03<br>(4.18-4.6)  | 1.13       | 4.29 ± 0.06<br>(4.05-4.77) | 1.55       | 4.27 ± 0.09<br>(3.8-4.9)   | 1.89       | 4.15 ± 0.04<br>(3.89-4.47) | 1.12       | 4.06 ± 0.07<br>(3.69-4.44) | 1.36        | 3.69 ± 0.06<br>(3.35-4.02) | 1.16        |

**Tabla 4.19.- Longitud relativa e índice *r* del complemento haploide de los taxones de *Parolinia*.** Se muestra la media,  $E_{ST}$  y rango (min-max) de la longitud relativa (%LTc) y el índice *r* de los pares cromosómicos 1 a 11 (cr1-cr11)

Tanto el índice de asimetría de Stebbins (clase 1A), como los índices de asimetría ( $A_1$  y  $A_2$ ) de Romero Zarco (Tabla 4.18, Fig.4.32) reflejan una alta simetría del cariotipo. Se observan pocas diferencias entre taxones tanto en el índice de asimetría intracromosómica  $A_1$  (entre 0.213 PAC y 0.259 POA), como en el índice de asimetría intercromosómica  $A_2$  (entre 0.113 PFS y 0.140 PPG).

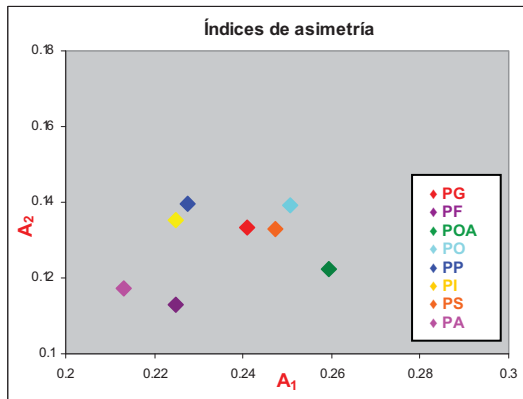


Figura 4.32.- Representación gráfica de los índices de asimetría  $A_1$  y  $A_2$  en los taxones de *Parolinia*. *P.aridanae* y *P. filifolia* presentan los cariotipos más simétricos y *P.ornata* el más asimétrico.

*P.aridanae* y *P. filifolia* presentan los cariotipos más simétricos (PAC:  $A_1=0.213$ ,  $A_2=0.117$ ; PFS:  $A_1=0.225$ ,  $A_2=0.113$ ), mientras que *P.ornata* muestra el más asimétrico ( $A_1=0.251$ ,  $A_2=0.139$ ).

En todas las poblaciones excepto PGB y PIA se detecta la presencia de mixoploidía (células con dotación cromosómica 4x) en algunos individuos (12.5% en PPG al 60% en POA), aunque solamente se observan algunas células con  $2n=44$  (Tabla 4.18, Fig.4.30). Puntualmente, se observan cromosomas B en POA (20%).

### 6.1.2. Relaciones de similitud (UPGMA)

El fenograma obtenido a partir de la longitud relativa e índice  $r$  de los once pares cromosómicos y los índices  $A_1$  y  $A_2$  de asimetría intra e inter-cromosómica (Fig.4.33) muestra a *P.filifolia*, en posición aislada con el cariotipo más simétrico y de menor tamaño, como *outgroup* del resto de los taxones.

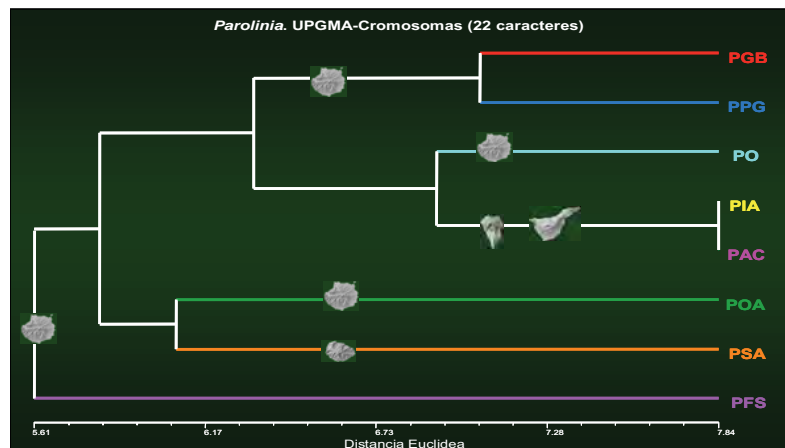


Figura 4.33.- Fenograma de similitud cromosómica. *P.filifolia* con el cariotipo más simétrico se sitúa como *outgroup* del resto de taxones.

Divididos en dos cluster en el resto de los taxones se disgregan las *islas occidentales* y en Gran Canaria *P.ornata* (PO) y *P.platypetala* (PP):

(i) Por un lado se encuentra *P.schizogynoides* (PS) de La Gomera junto con POA, población sin adscripción taxonómica de Gran Canaria.



(ii) Por otro lado, se asocia *P.glabriuscula* (PG) con *P.platypetala* (PP) diferenciadas de *P.intermedia* (PI) y *P.aridanae* (PA) taxones de las *islas occidentales* con *P.ornata* (PO) de Gran Canaria.

## 7. PALINOLOGÍA. POBLACIONES Y TAXONES

Como en los antecedentes palinológicos de *Parolinia* (*P.ornata*) se ha observado el tipo polínico 3-colpado isopolar reticulado típico de la familia con variaciones de la talla de los granos y del retículo según poblaciones (Fig.4.34).

Con menos frecuencia ( $\approx 2-20\%$ ) y con apariencia de granos fértiles, junto con los granos de polen normales (3-colpados) se detectan otras formas polínicas que varían fundamentalmente en el número y disposición de las aperturas y consecuentemente en la polaridad y talla de los granos (Figs.4.35-4.38).

### 7.1. TIPOS POLÍNICOS. POBLACIONES Y TAXONES

#### 7.1.1. Tipo polínico normal 3-colpado longiaxo

*Simetría y Forma.* Granos isopolares con simetría de orden tres (3-colpados), generalmente longiajos y sublongiajos y a veces subesferoidales ( $P/E=1.26-1.13$ ). En *c.o.m.* por lo general son ovals de talla variable con  $P=38.3-29.70$  y  $E=30.4-25.04 \mu m$ .

En vista polar se presentan casi siempre subcirculares. *Aperturas* con tres colpos largos que dejan una zona polar pequeña ( $t=8-7.2 \mu m$ ).

*Exina* de espesor más o menos regular ligeramente más gruesa en el ecuador (2.8-2.3) que en los polos (2.6-2.0).

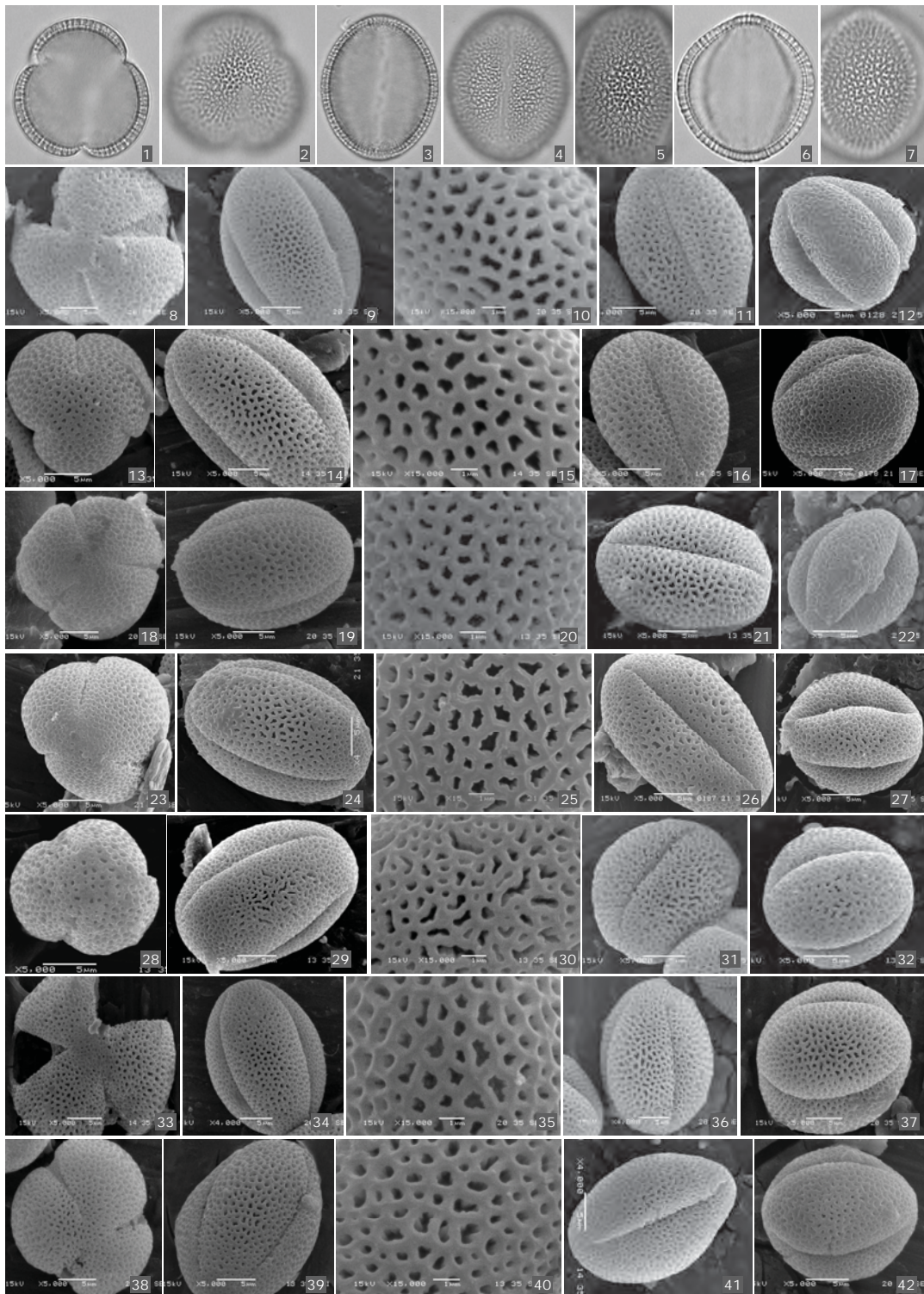
*Tectum* parcial de contorno festoneado, reticulado con *muris* simplicolumelados y lúminas que van disminuyendo notablemente a medida que se acercan al colpo y polos (Fig.4.34). *Columelas* pequeñas con cabezas de diferente talla.

Al MEB, el *tectum* varía de generalmente microreticulado a ocasionalmente reticulado, heterobrochado con lúminas variables de forma (alargadas, redondeadas o poligonales) y talla. Suelen presentar regularmente *granos* de talla más pequeña y equiajos con zonas interaperturales bastante más convexas y retículo más compacto (Fig.4.34).

#### 7.1.2. Polimorfismos polínicos. Descripción y presencia en otros grupos

Junto con las características polínicas de los granos (3-colpados isopolares) normales se han detectado otras *formas polínicas* que se diferencian en el número y disposición de las aperturas y consecuentemente en la polaridad y talla de los granos, pudiéndose observar a niveles intraflorales.

Se han reconocido unas 8 formas polínicas (a veces apolares, heteropolares y/o sincolpadas) incluyendo intermedias que en algunos casos se muestran como agregados polínicos diferentes. Su presencia es regular aunque no todas se manifiestan en las distintas especies y poblaciones del género *Parolinia* y parientes continentales de los géneros *Diceratella* y *Morettia* (Tabla 4.21):



**Figura 4.34.- Tipo polínico normal en *Parolinia*. 3-Zonocolpado microreticulado heterobrochado. MO: 1 y 2 coe y vista polar superficial. 3 y 6: com. 4-7: vistas meridianas superficiales con colpo y mesocolpia de frente. MEB: polos (1ª columna), mesocolpia (2ª columna), colpo (3ª) y formas subesferoidales anormales (4ª columna). PG: 8-12, PF: 1-7 y 13-17, PO: 18-22, PP: 23-27, PI: 28-32, PS: 33-37, PA: 38-42.**

| BIOMETRÍAS DEL POLEN DE <i>PAROLINIA</i> . |            |    |                        |                        |                        |                          |                      |
|--|------------|----|------------------------|------------------------|------------------------|--------------------------|----------------------|
| POB  | MO/<br>MEB | N  | P                      | E                      | M (ecua)               | P / E                    | t                    |
| PGB  | MO         | 80 | 37.5 ± 0.56<br>(27-50) | 30.1 ± 0.38<br>(21-42) | 19.0 ± 0.31<br>(14-27) | 1.25±0.01<br>(1.05-1.54) | 7.6 ± 0.14<br>(4-12) |
|  | MEB        | 39 | 24.5 ± 0.67<br>(16-36) | 17.7 ± 0.37<br>(14-24) | 10.7 ± 0.28<br>(8-16)  | 1.38±0.02<br>(0.92-1.65) | 4.4 ± 0.11<br>(4-6)  |
| PFS  | MEB        | 34 | 23.6 ± 0.23<br>(21-27) | 15.3 ± 0.20<br>(12-18) | 8.9 ± 0.11<br>(8-10)   | 1.55±0.02<br>(1.3-1.78)  | 8.9 ± 0.11<br>(8-10) |
| PFSV                                       | MEB        | 10 | 38.0 ± 0.62<br>(36-41) | 17.0 ± 0.36<br>(16-19) | 14.9 ± 0.00<br>(15)    | 2.24±0.06<br>(1.98-2.49) | 6.9 ± 0.00<br>(7)    |
| PFA  | MO         | 54 | 36.6 ± 0.54<br>(30-46) | 29.9 ± 0.27<br>(27-36) | 19.1 ± 0.23<br>(16-23) | 1.22±0.02<br>(1.00-1.55) | 8.0 ± 0.08<br>(7-9)  |
|  | MEB        | 45 | 25.1 ± 0.33<br>(19-29) | 17.9 ± 0.24<br>(16-22) | 10.5 ± 0.12<br>(9-12)  | 1.41±0.02<br>(1.09-1.75) | 6.4 ± 0.13<br>(5-7)  |
| PFAV                                       | MEB        | 6  | 35.9 ± 0.92<br>(33-40) | 18.5 ± 0.64<br>(16-21) | 14.9 ± 0.00<br>(15)    | 1.95±0.08<br>(1.69-2.26) | 6.9 ± 0.00<br>(7)    |
| PFT  | MEB        | 19 | 41.0 ± 0.58<br>(34-45) | 21.8± 0.72<br>(18-29)  | 14.9 ± 0.00<br>(15)    | 1.91±0.06<br>(1.19-2.16) | 6.9 ± 0.00<br>(7)    |
| POA  | MO         | 88 | 35.2 ± 0.39<br>(26-42) | 29.4 ± 0.20<br>(25-33) | 19.0 ± 0.15<br>(15-22) | 1.20±0.01<br>(1.01-1.34) | 7.2 ± 0.10<br>(5-9)  |
|  | MEB        | 6  | 24.1 ± 0.48<br>(23-26) | 17.2 ± 0.32<br>(16-19) | 10.7 ± 0.52<br>(9-12)  | 1.4±0.04<br>(1.32-1.57)  | 4.7 ± 0.16<br>(4-5)  |
| POVE                                       | MEB        | 16 | 24.4 ± .46<br>(22-29)  | 16.7 ± 0.34<br>(14-19) | 12.8 ± 0.00<br>(13)    | 1.47±0.03<br>(1.27-1.76) | 4.9 ± 0.01<br>(5)    |
| POS  | MO         | 66 | 38.3 ± 0.46<br>(31-44) | 30.4 ± 0.27<br>(25-35) | 19.9 ± 0.19<br>(17-26) | 1.26±0.01<br>(1.03-1.38) | 7.6 ± 0.19<br>(5-12) |
|  | MEB        | 66 | 31.8 ± 0.88<br>(22-43) | 18.3 ± 0.19<br>(16-25) | 13.2 ± 0.19<br>(10-16) | 1.73±0.04<br>(1.22-2.34) | 6.3 ± 0.18<br>(5-9)  |
| POV  | MO         | 24 | 27.0 ± 0.82<br>(19-34) | 18.7 ± 0.39<br>(15-23) | 18.0 ± 0.21<br>(15-19) | 1.46±0.05<br>(1.09-1.92) | 8.4 ± 0.14<br>(8-9)  |
|  | MEB        | 14 | 38.2 ± 0.92<br>(30-42) | 20.2 ± 0.36<br>(18-23) | 13.2 ± 0.38<br>(11-16) | 1.89±0.05<br>(1.53-2.19) | 8.6 ± 0.19<br>(8-9)  |
| POM  | MEB        | 19 | 24.8 ± 0.62<br>(18-29) | 17.3 ± 0.37<br>(15-21) | 11.1 ± 0.25<br>(9-13)  | 1.44±0.04<br>(0.85-1.72) | 5.0 ± 0.11<br>(4-6)  |
| PFCH                                       | MEB        | 31 | 26.1 ± 1.05<br>(19-38) | 16.1 ± 0.40<br>(13-21) | 11.3 ± 0.00<br>(11)    | 1.61±0.05<br>(1.16-2.31) | 5.1 ± 0.11<br>(4-6)  |
| PPG  | MO         | 94 | 34.8 ± 0.39<br>(27-43) | 28.4 ± 0.17<br>(25-32) | 17.7 ± 0.18<br>(12-21) | 1.22±0.01<br>(1.01-1.48) | 7.7 ± 0.12<br>(5-11) |
|  | MEB        | 45 | 25.1 ± 0.38<br>(19-31) | 18.0 ± 0.29<br>(16-24) | 12.1 ± 0.21<br>(10-15) | 1.4±0.02<br>(0.95-1.7)   | 4.6 ± 0.11<br>(4-6)  |
| PIT  | MO         | 28 | 36.2 ± 0.56<br>(30-41) | 31.3 ± 0.45<br>(26-35) | 21.6 ± 0.66<br>(18-31) | 1.16±0.01<br>(1.03-1.30) | 7.7 ± 0.23<br>(7-10) |
|  | MEB        | 27 | 20.6 ± 0.34<br>(17-24) | 16.1 ± 0.26<br>(13-19) | 11.1 ± 0.20<br>(10-13) | 1.29±0.02<br>(0.99-1.47) | 6.7 ± 0.19<br>(5-8)  |
| PIG  | MEB        | 11 | 20.6 ± 0.58<br>(18-25) | 15.7± 0.23<br>(14-17)  | 7.5 ± 0.20<br>(7-8)    | 1.31±0.03<br>(1.14-1.5)  | 3.9 ± 0.19<br>(3-4)  |
| PIA  | MO         | 10 | 20.9 ± 0.81<br>(16-25) | 18.5 ± 0.78<br>(15-24) | 13.6 ± 0.50<br>(12-15) | 1.13±0.03<br>(1.00-1.25) | 3.8 ± 0.20<br>(3-4)  |
|  | MEB        | 6  | 19.7 ± 0.71<br>(18-22) | 15.0 ± 0.76<br>(13-18) | 7.5 ± 0.29<br>(7-8)    | 1.32±0.03<br>(1.22-1.44) | 3.8 ± 0.27<br>(3-4)  |
| PSA  | MO         | 36 | 36.1 ± 0.53<br>(30-41) | 29.3 ± 0.41<br>(24-34) | 21.0 ± 0.48<br>(17-27) | 1.23±0.02<br>(1.05-1.38) | 7.7 ± 0.29<br>(5-10) |
|  | MEB        | 33 | 23.2± 0.32<br>(19-26)  | 16.5 ± 0.36<br>(14-22) | 11.6 ± 0.18<br>(10-13) | 1.42±0.03<br>(1.17-1.86) | 6.1 ± 0.10<br>(5-7)  |
| PAC  | MO         | 33 | 36.9 ± 0.61<br>(30-44) | 30.1 ± 0.39<br>(24-35) | 20.4 ± 0.56<br>(15-27) | 1.23±0.01<br>(1.05-1.46) | 7.6 ± 0.23<br>(5-11) |
|  | MEB        | 30 | 22.8 ± 0.59<br>(15-29) | 16.0 ± 0.26<br>(13-19) | 10.4 ± 0.17<br>(9-11)  | 1.43±0.04<br>(0.96-1.91) | 6.7 ± 0.07<br>(6-7)  |
| PACV                                       | MEB        | 15 | 38.2 ± 0.41<br>(35-41) | 20.7 ± 0.75<br>(18-31) | 17.4 ± 0.27<br>(16-19) | 1.86±0.05<br>(1.35-2.04) | 8.0 ± 0.24<br>(7-9)  |

Tabla 4.20: Biometrías del polen de *Parolinia*. P=diámetro mayor. E=diámetro menor. M=mesocolpia ecuatorial. t=triángulo polar. N=tamaño muestral.



i) *Granos mono-aperturados zonados 2-sincolpados* (Fig.4.35) con dos colpos meridianos a modo de anillo más o menos cerrado que puede dar lugar a un tercer colpo similares a los ya descritos (CLARKE, 1975; KUPRIANOVA, 1979; POZHIDAEV, 1993; DREYER & VAN WYK, 1998; KREUNEN & OSBORN, 1999; HARLEY, 2004; HESSE & ZETTER, 2005; BANKS, STAFFORD & CRANE, 2007).

ii) *Granos 2-aperturados 2-zonacolpados* (Fig.4.35) con dos pares de colpos unidos según dos anillos similares a formas ya descritas (CLARKE, 1975; POZHIDAEV, 1993 y 2000; DREYER & VAN WYK, 1998).

iii) *Granos 2-zono-sincolpados*, con dos colpos sinuosos unidos (Fig.4.36) a modo de *pelota de tenis* similares a formas ya descritas (CLARKE, 1975; POZHIDAEV, 1993 y 2000; DREYER & VAN WYK, 1998; KREUNEN & OSBORN, 1999; BANKS, STAFFORD & CRANE, 2007).

iv) *Granos 4-zono-colpados diagonalmente*, longiaxos con 4 colpos inclinados dos a dos en W (Fig.4.36) más o menos unidos similares a las formas ya descritas (CLARKE, 1975; POZHIDAEV, 1993 y 2000). A veces se observan dos colpos más transversales (*6-colpados*), de menor longitud dispuestos a modo de triángulos isósceles (Fig.4.36).

v) *Granos 6(9)-pantocolpados* (Fig.4.37) con los colpos dispuestos según dos triángulos equiláteros opuestos (*6-pantocolpados*) y/o con 3 colpos adicionales (*9-pantocolpados*) que conectan los vértices de los dos triángulos opuestos. Muy generalizados en angiospermas donde suelen ir asociados a formas *tricolpadas* o *tricolporadas* (WODEHOUSE, 1935; ERDTMAN, 1969 y 1972; VAN CAMPO, 1967 y 1976; CLARKE, 1975; BLACKMORE & CRANE, 1998, etc.).

vi) *Granos 12-pantocolpados* con los colpos dispuestos según dos cuadriláteros opuestos (Fig.4.37) cuyos vértices se conectan por otros cuatro colpos simulando un cubo. Muy generalizados en angiospermas como los anteriores.

vii) *Granos espiraperturados* (Fig.4.38) con colpo (s) en espiral. Suelen coexistir con granos 2 y 4-zonocolpados diagonalmente (*tennis ball* y W) y *pantocolpados* como en otros grupos de angiospermas (FURNESS, 1985 y 2008; BLACKMORE & CRANE, 1998; DREYER & VAN WYK, 1998; etc).

viii) *Agregados polínicos* variables aparentemente por fusión de dos microsporas (Fig.4.39: 6-9) y posiblemente pólenes diploides (diplandroides) algunas similares a las observadas en el género *Lotus* (Fabaceae) concretamente en *L.tenuis* (RIM & BEUSELINCK, 1996) y *L.berthelotii* endemismo canario (PÉREZ DE PAZ, sin publicar).

En todas las formas polínicas descritas se pueden encontrar granos intermedios y de esta manera se pueden agrupar e identificar como cuatro *tipos polínicos* que pueden coexistir variando de una población a otra (Tabla 4.21):

Tipo I) *Granos zonacolpados*: i) *monoaperturados 2-sincolpados* con un anillo y ii) *diaperturados 2-zonacolpados* con 2 pares de colpos simulando dos anillos (Fig.4.35).

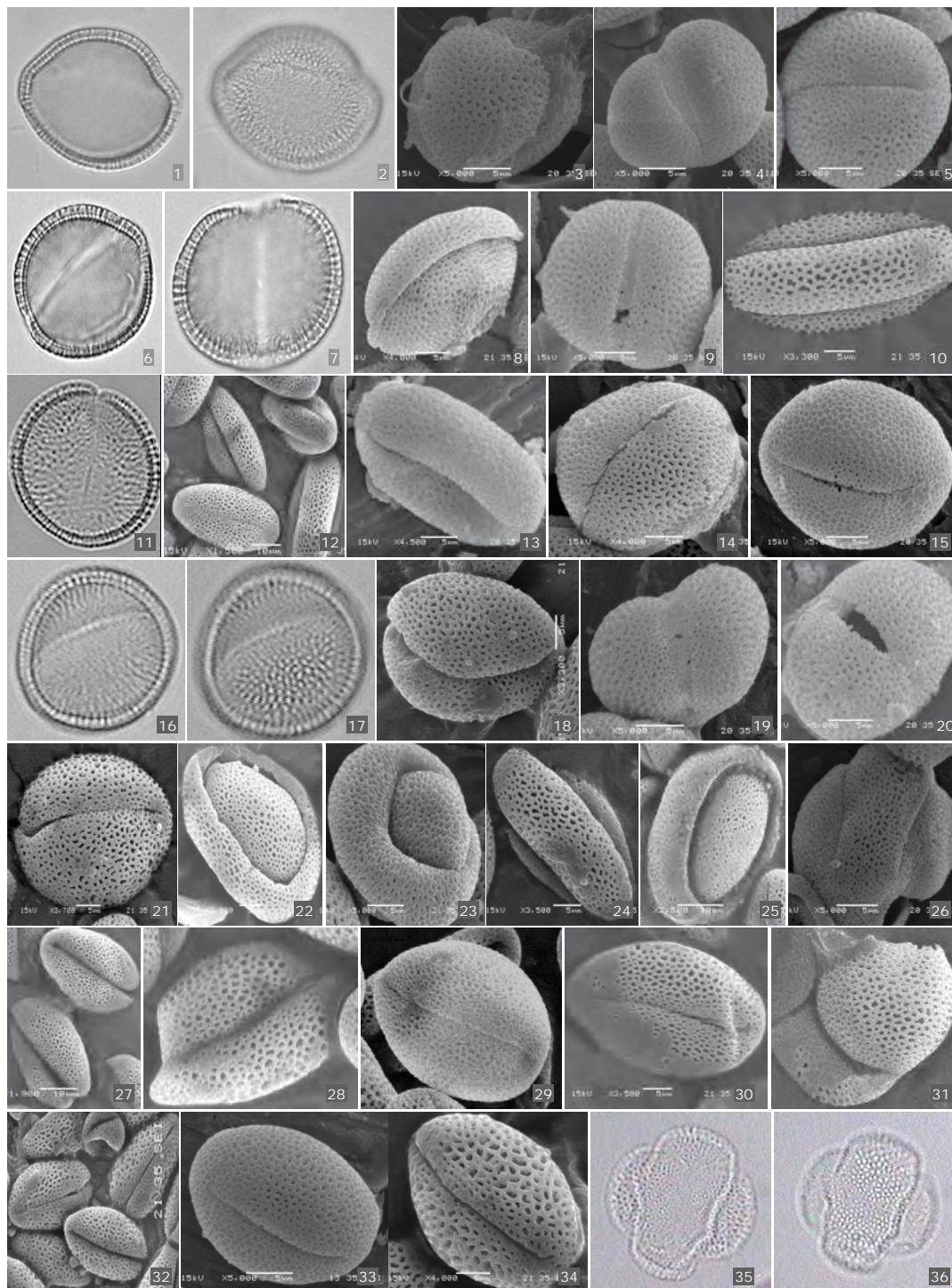
Tipo II) *Granos zonocolpados*: iii) 2-sincolpados ± sinuosos a modo de *pelota de tenis* y iv) 4-colpados diagonalmente (W). Frecuentemente se asocian a formas *6-colpadas* con 4 colpos meridianos y 2 transversales (Fig.4.36).

Tipo III) *Granos pantocolpados*: v) 6(9)-*pantocolpados* y vi) 12-*pantocolpados* (Fig.4.37).

Tipo IV) *Granos espiraperturados* con colpo en espiral (Fig.4.38).

AP) *Agregados polínicos* (Fig.4.38) variables con aparente fusión de microsporas y posibles pólenes diploides (diplandroides).

Como en otros grupos taxonómicos, estos *polimorfismos intraflorales*, pueden constituir *series polínicas continuas y ramificadas* que presentan un aumento gradual en la complejidad del sistema apertural con formas intermedias.



**Figura 4.35.- Parolinia. Polimorfismos polínicos.** Tipo I-ZONAPERTURADO a modo de anillo más o menos cerrado: 2-sincolpado (un anillo): todos los granos a excepción de 2-zonacolpados (2 anillos): 10, 23, 26, 35 y 36. PG: 1-5, PF: 6-10, PO: 11-15, PP: 16-20, PI: 21-26, PS: 27-31, PA: 32-36.



| POLIMORFISMOS POLÍNICOS DE <i>PAROLINIA</i> Y PARIENTES CONTINENTALES:<br><i>DICERATELLA</i> Y <i>MORETTIA</i> |      |         |                          |      |                        |      |                          |       |                     |    |
|--|------|---------|--------------------------|------|------------------------|------|--------------------------|-------|---------------------|----|
| TAXON/<br>ESPECIES   | ISLA | POB     | TIPOS Y FORMAS POLÍNICAS |      |                        |      |                          |       |                     |    |
|  |      |         | Tipo I<br>zonacolpado    |      | Tipo II<br>zonocolpado |      | Tipo III<br>pantocolpado |       | Tipo IV<br>espiriap | AP |
|  |      |         | i-1                      | ii-2 | iii-2                  | iv-4 | v-6-9                    | vi-12 | vii                 | AP |
| PG   | C    | PGB     | +                        |      | +                      | +    | ++                       |       | +                   | +  |
| PF   | C    | PFS     | +                        | +    | +                      | +    | +                        |       |                     | +  |
|  |      | PFA     | +                        | +    | +                      | +    | +                        |       | +                   | +  |
|  |      | PFT     | +                        | +    | +                      | +    | +                        |       | +                   | +  |
| PFCH   | C    | PFCH    | +                        |      | +                      | +    | +                        |       |                     |    |
| POA  | C    | POA     | +                        |      | +                      | +    | +                        |       | ?                   |    |
| POVE   | C    | POVE    | +                        |      |                        | ?    | +                        |       |                     |    |
| PO   | C    | POS     | ++                       |      | ++                     | ++   | +                        |       | +                   | +  |
|  |      | POV     | +                        |      | +                      | +    | +                        |       |                     | +  |
|  |      | POM     | +                        |      | +                      | +    | +                        |       |                     |    |
| PP   | C    | PPG     | +                        |      | +                      | +    | +                        | +     | +                   |    |
| PI   | T    | PIT     | +                        | +    | +                      | +    | ++                       | +     | +                   |    |
|  |      | PIG     | +                        | +    | +                      | +    | +                        | +     | +                   |    |
|  |      | PIA     | +                        | +    | +                      | +    | +                        | +     | +                   |    |
| PS   | G    | PSA     | +                        |      | +                      | +    | ?                        |       | +                   |    |
| PA   | P    | PAC     | +                        |      | +                      | +    | ++                       | ++    |                     |    |
| DSP  | Af   | Etiopía | +                        |      | +                      | +    |                          |       | +                   |    |
| DC   | As   | Irán    | +                        |      | +                      | +    |                          |       | +                   |    |
| MC   | Af   | Argelia | +                        |      | +                      | +    |                          |       | +                   |    |

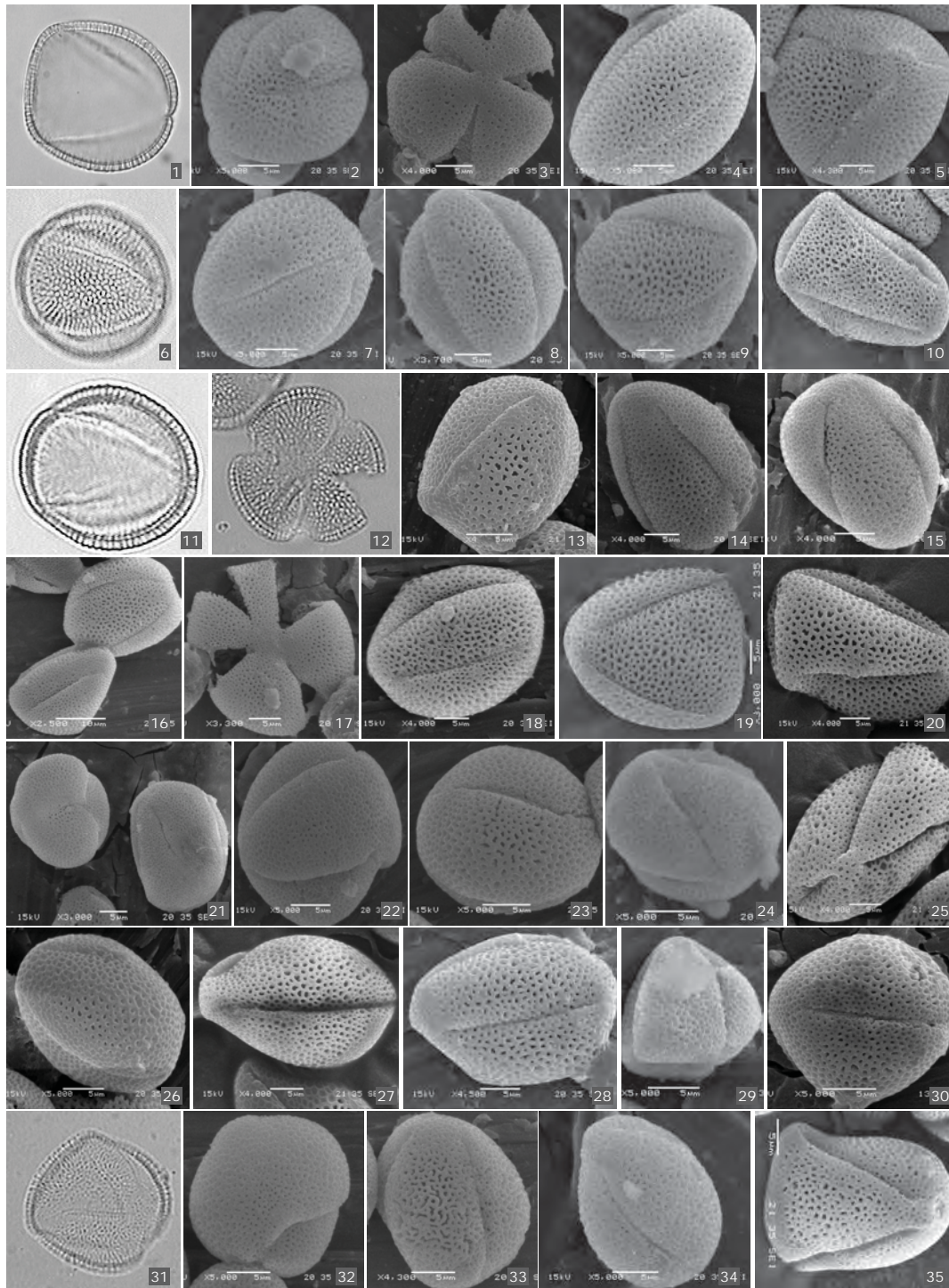
Tabla 4.21.- Polimorfismos polínicos de *Parolinia* y parientes continentales géneros *Diceratella* y *Morettia*. AP= agregados polínicos, +=presencia, ++ abundancia.

### 7.1.3. Tetradas y Microsporogénesis. Tipo 3-colpado normal y polimorfismos

Observaciones preliminares al MO del proceso de microsporogénesis, revelan la presencia de tetradas tetraédricas mayoritariamente, con tetradas tetragonales (isobilaterales), decusadas e intermedias, junto con algunas diadas y tetradas aparentemente anómalas (Fig.4.39), que confirman la microsporogénesis simultánea y aparentemente la posibilidad de procesos en principio mixtos o sucesivos. En el conjunto de microsporas libres se reconocen algunos de los polimorfismos (Fig.4.39) junto con agregados polínicos como posibles microsporas o pólenes diploides.

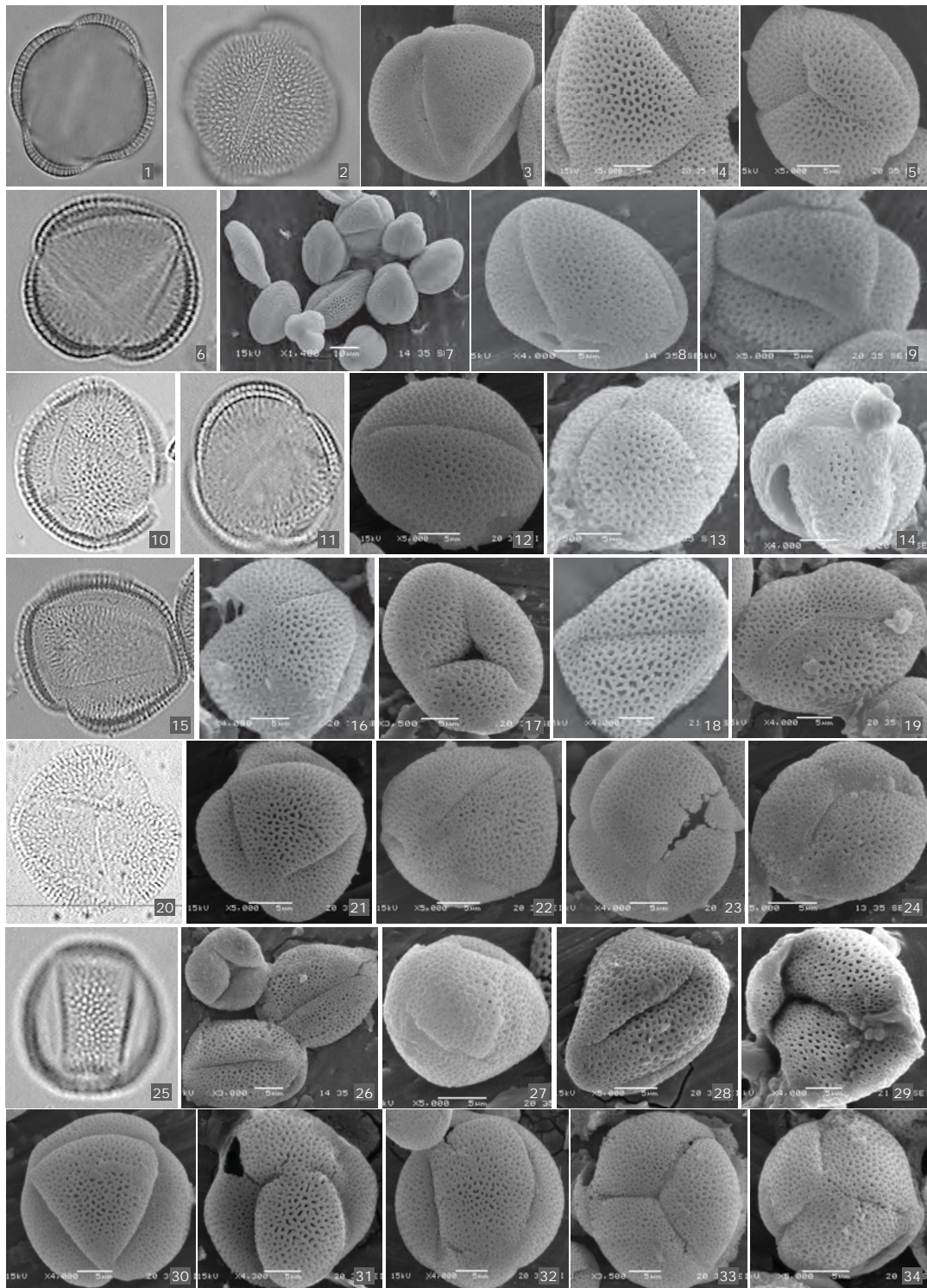
### 7.1.4. Polimorfismos y series polínicas

Como en otros grupos taxonómicos, estos *polimorfismos intraflorales*, también detectados para sus parientes continentales (Figs.4.38-4.39), pueden constituir *series polínicas continuas y ramificadas* (Fig.4.40) que presentan un aumento gradual en la complejidad del sistema apertural con formas intermedias (Fig.4.40). Los tipos polínicos implicados pueden incluir el modelo *sucesiforme* de VAN CAMPO (1967 y 1976) además de algunas formas polínicas similares a las descritas por POZHIDAEV (1993 y 2000) entre las que no se encuentra el tipo *espiraperturado* de *Parolinia* y parientes continentales.



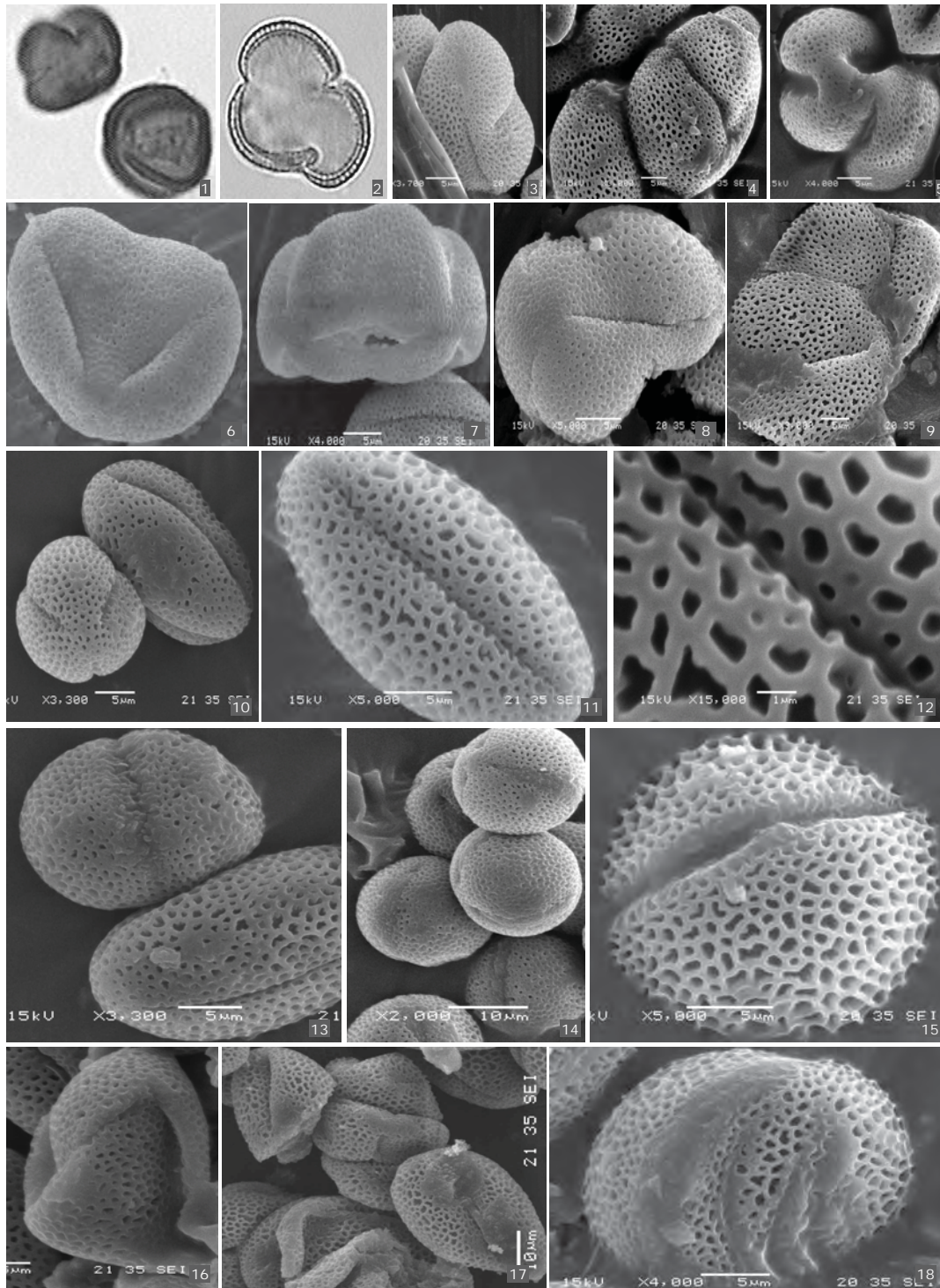
**Figura 4.36.- *Parolinia*. Polimorfismos polínicos.** Tipo II-ZONOCOLPADO: (i) 2-sincolpado a modo de *pelota de tenis*: 1,2,6-8,11,13, 21,23,26,30,32 y (ii) 4-colpado diagonalmente (W): 3 (vista polar), 4,9,12 (vista polar), 14,15,16,17 (vista polar),18,19,24 a veces con dos colpos transversales (6-colpado): 5,10,20,25,3. PG: 1-5, PF: 6-10, PO: 11-15, PP: 16-20, PI: 21-25, PS: 26-30, PA: 31-35.



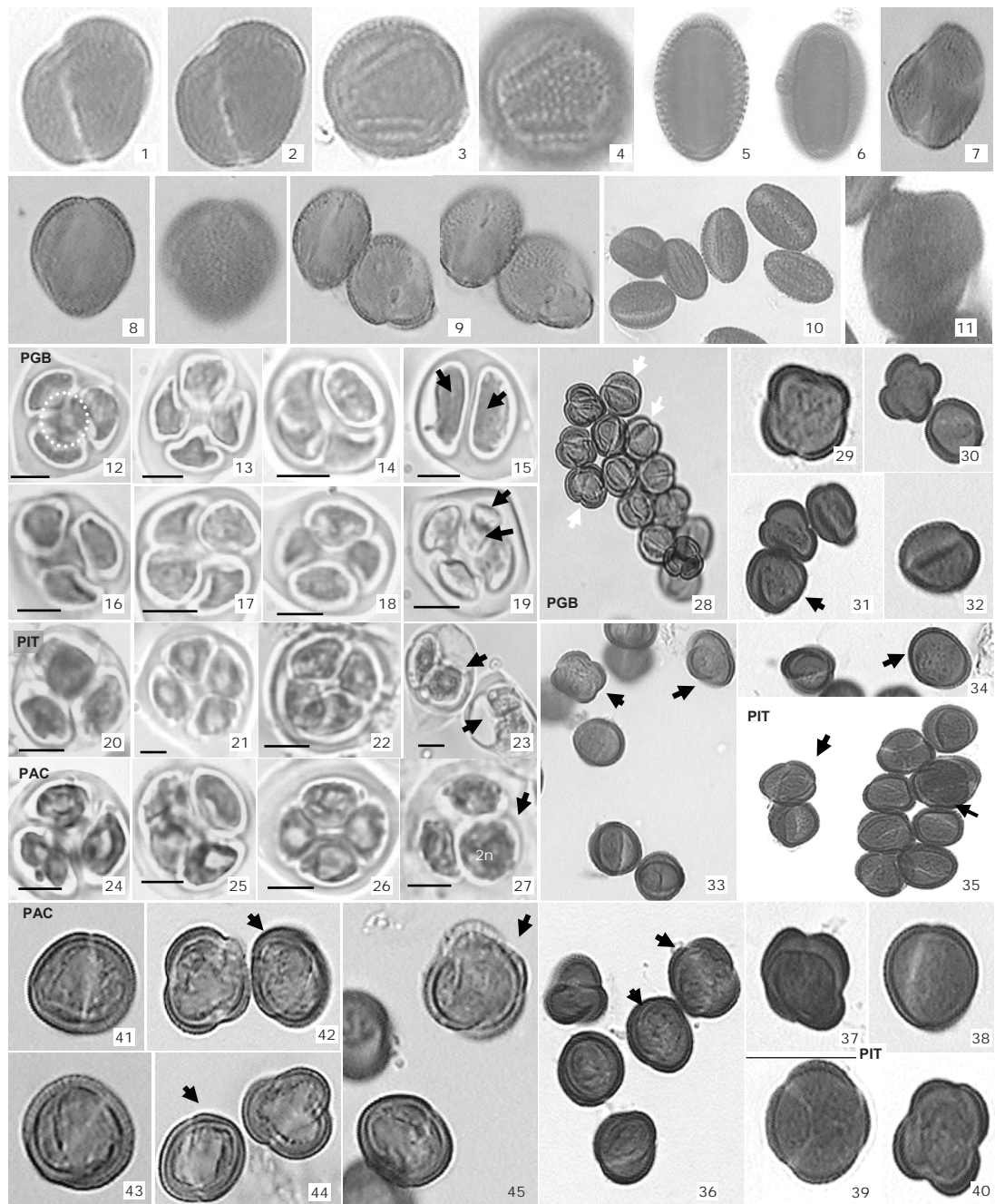


**Figura 4.37.- *Parolinia* Polimorfismos polínicos.** Tipo III- PANTOCOLPADO: (iii) 6-9 *pantocolpado*:1-4,6-12,15-18,20-22, 25-29 (intermedios),31-31 y (iv) 12-*pantocolpado*: 5,13-14,19,23-24,32-34. PG: 1-5, PF: 6-9, PO: 10-14, PP: 15-19, PI: 20-24, PS: 25-29, PA: 30-34.



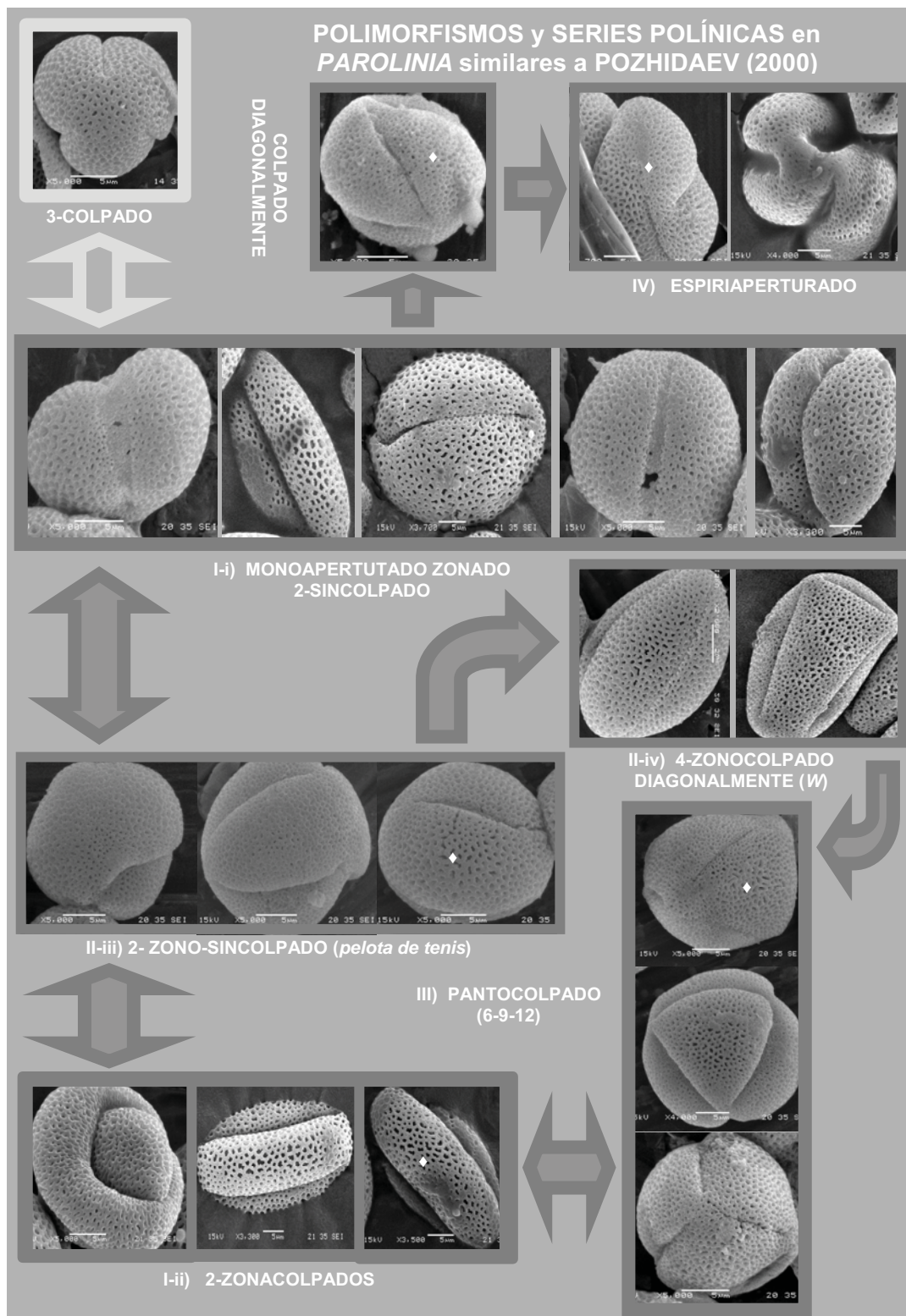


**Figura 4.38.- *Parolinia*. Polimorfismos polínicos. Tipo IV-ESPIRAPERTURADO: (PG:1,PF:2,PP:3,PI:5,PS:4) y agregados polínicos (AP): PG (6-7), PF (9) y PI (8). *Diceratella* (10, 13-18) y *Morettia* (11-12): polen *tricolpado* normal y polimorfismos I y II (13-16) y IV espiapierturados (17 y 18).**



**Figura 4.39.- *Diceratella*, *Morettia* y *Parolinia* (tetradas).** *Diceratella* (1-9) y *Morettia* (10-11): polen *tricolpado* normal (5,7-10) y polimorfismos I-zonaperturados (1-2) y II-bisincolpados (3-4), *tetrazonocolpados* (8) y IV-*espiriaperturados* (9 y 11). *Parolinia* PG: 12-19 y 28-34, PI: 20-23 y 35-40, PA: 24-27 y 41-45. Tetradas: *tetraédrica* (12,16,20,24), *tetragonal* (13,17-18,21,26), *decusada* (14,22,25), *diada* (15) y aparentemente *anómalas* (19,23 y 27). Microsporas (28-40).





**Figura 4.40.- POLIMORFISMOS Y SERIES POLÍNICAS EN PAROLINIA SIMILARES A POZHIDAEV (2000):** los modelos *monoaperturados zonados* (con anillo) y *derivados* (con colpos sinuosos simulando *pelotas de tenis* y *diagonalmente colpados a modo de W*), darían paso a granos *espiriaperturados* y/o *pantocolpados*.



## CAPÍTULO IV



## Discusión y Conclusiones



## 8. DISCUSIÓN Y CONCLUSIONES

---

### 1. ANÁLISIS DE CARACTERES MORFOLÓGICOS. RELACIONES Y TENDENCIAS

Los análisis de correlación entre los distintos grupos de caracteres morfológicos, así como los caracteres implicados en cada uno de los primeros ejes de los *análisis factoriales*, han ayudado a configurar la caracterización de las distintas poblaciones y taxones de *Parolinia*.

En este capítulo se refuerzan estadísticamente las correlaciones previas entre determinados caracteres o atributos florales y el *ratio* P/O (tasas de xenogamia) o evaluación indirecta de los sistemas de cruzamiento (CRUDEN, 1977 y 2000; LLOYD & SCHOEN, 1992) del Capítulo II, se pueden interpretar como dos *tendencias evolutivas* en la flor de *Parolinia*, caracterizadas por la fuertes correlaciones (positivas y negativas) entre grupos de caracteres asociados (*anteras, número de granos de polen, sépalos, limbo, número de óvulos, estigma, ovario* y longitud total de *pétalos*), que han puesto de manifiesto la posible co-evolución de los caracteres florales ha seguido direcciones opuestas.

Habría que destacar que mientras el color de las flores (limbos) además de intensificarse a lo largo de su desarrollo, el patrón de colores puede variar según los individuos de la población pudiendo coexistir individuos de color diferente. A diferencia de las *papilas estigmáticas* y *recursos del androceo y gineceo*, donde la variabilidad de la población se expresa a nivel individual y no depende del número de individuos testados, ya que son muy parecidos entre si.

#### Asociaciones entre las flores frutos y semillas de *Parolinia* y sistemas de cruzamiento

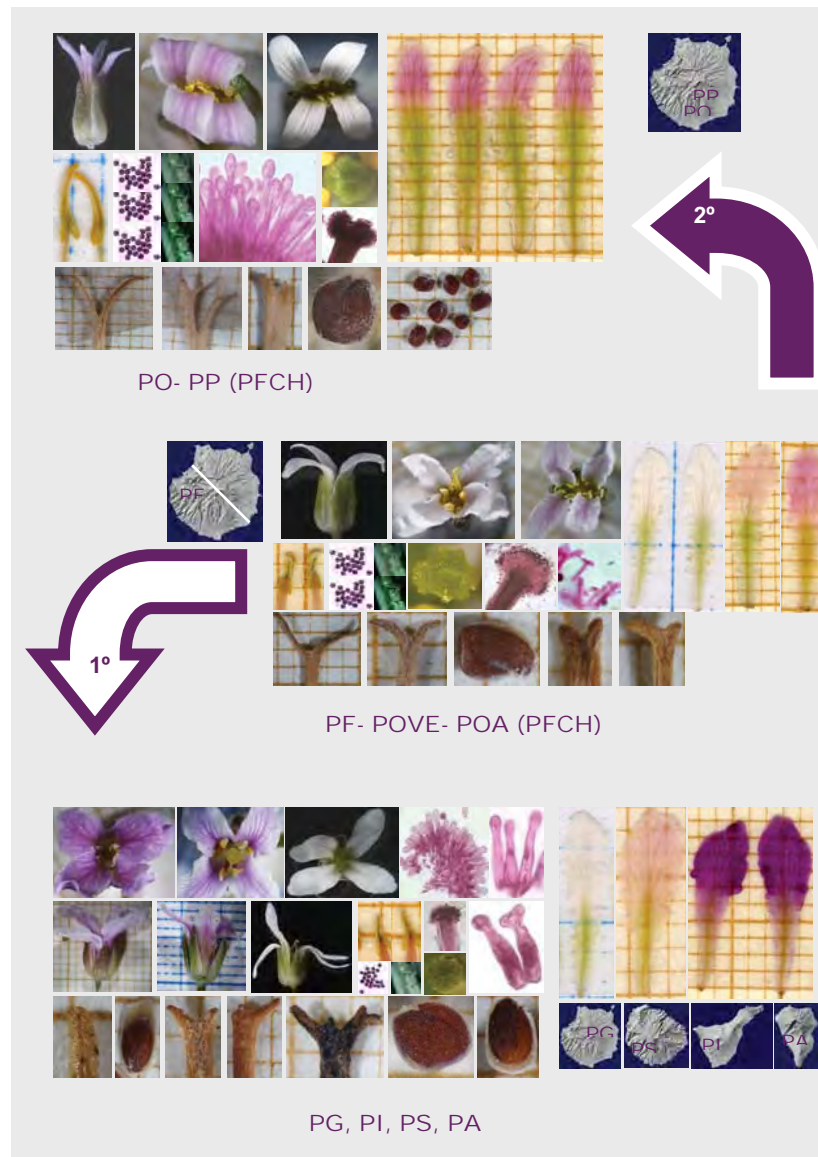
La fuerte correlación de los recursos del *androceo* y *gineceo* con el resto de atributos y biometrías florales en *Parolinia*, puede estar evidenciando un posible *modelo de diversificación* en las islas, indicando que la co-evolución de los caracteres florales que sigue direcciones opuestas, relaciona por un lado: 1º) a los taxones con recursos y atributos florales más pequeños con cálices cortos y flores más abiertas (*P.glabriuscula, P.intermedia P.schizogynoides, P.aridanae* en las islas de Gran Canaria, Tenerife, La Gomera y La Palma), por otro lado 2º) a los taxones de atributos florales mayores con cálices más largos y flores más cerradas (*P.ornata* y *P.platypetala* concentradas en la isla de Gran Canaria) y 3º) señala como poblaciones con situaciones intermedias al complejo de *P.filifolia* incluyendo a POVE y POA, que se encuentran también en Gran Canaria.

Estas fuertes *correlaciones* de la *biodiversidad morfológica*, además de permitir la identificación de las variables especialmente correlacionadas como posibles complejos genéticos co-adaptados, refuerzan la idea de las *dos tendencias evolutivas opuestas en la flor*, que se habían puesto de manifiesto previamente, donde además pueden estar implicados algunos caracteres vegetativos (*hojas*), del *fruto* y de las *semillas*, aunque con menor significación y en principio sin valor filogenético:

1º) Las poblaciones de **flores más abiertas** (PG, PS y PA) con *sépalos, pétalos* y *anteras* más cortas, *limbos* más largos, anchos y más *ondulados* y más blancos que rosas, *estigmas* más cortos y estrechos, suelen tener menos granos de polen y menos óvulos. Estas poblaciones que suelen tener los *individuos más anchos* (PA, PG y POA) y *hojas más*

*largas* suelen tener *flores de diámetro mayor y orificio floral grande*, y generalmente van acompañadas de *silicuas* con apéndices más cortos o ausentes (PG) o con menos *divisiones*. Asimismo suelen tener las *semillas* más grandes de forma rectangular (PG y PA) con ala muy desarrollada y presencia ocasional de *semillas cuadradas*.

- Estas poblaciones de *flores más abiertas* suelen ser *más incompatibles* y alógamas con menor posibilidad de *autogamia* (según ISI por cruces experimentales) y *mayor ratio P/O* de Cruden.



**2°** Las poblaciones de *flores más cerradas* (PO, PFCH y PP) con *cálices* y *anteras más largas*, *ovarios* con *estigmas más altos y anchos* (suelen tener los *pétalos largos* con *limbos más cortos, revolutos y/o acanalados*. También llevan *anteras* con más *pólenes* a excepción de PP (con *anteras* similares a PO difiere en el número de granos y *ratio P/O*), *gineceos* con más *óvulos* y *papilas estigmáticas* generalmente más largas. Asimismo suelen tener las *silicuas* de *cuernos* más anchos y divididos o con más apéndices y más largos o *protuberancias* (PO, PFCH y PP). Suelen producir *semillas cuadradas* más pequeñas y con menos alas (PO y PP).



Estas poblaciones de *flores más cerradas* pueden ser *más compatibles* con mayor posibilidad de *autogamia* (según ISI por cruces experimentales) y más *alogamia* según *ratio P/O* de Cruden más elevado. *P.platypetala*, a pesar de sus flores cerradas, grandes anteras, cálices y óvulos más cercanos a *P.ornata*, baja el *número de pólenes* y en este aspecto, se sitúa junto a las otras especies con flores más abiertas y atributos florales más pequeños con menor *ratio P/O*.

- Entre ambos grupos, los **valores intermedios** en los *atributos florales* (incluyendo los recursos del androceo/gineceo e índices ISI) suelen confluir en las poblaciones de *P.filifolia* (**PF**) acompañadas generalmente por POVE y POA.

Estas dos *tendencias evolutivas* para los **atributos florales** y *recursos del androceo y gineceo*, supuestamente, desde situaciones intermedias (PF) han podido derivar por un lado: **(1º)** hacia anteras más pequeñas con menor número de pólenes y cálices más cortos (PG, PS y PA) en principio más auto-incompatibles y xenógamas, y por otro lado **(2º)** hacia anteras grandes con mayor número de granos y grandes cálices, en principio *más compatibles* (PO). En principio como características ancestrales más conservativas y posibles *plesiomorfías* se señalan los valores intermedios de los recursos y atributos florales, y como novedades evolutivas más derivadas o *sinapomorfías*, por un lado los atributos florales grandes con más recursos y por el otro los atributos florales pequeños con menos recursos.

No obstante las **discrepancias** entre las tasas de *alogamia* según **ratios P/O** y *sistemas de auto-incompatibilidad* observadas según los *cruces experimentales* en *Parolinia*, se podrían fundamentar en la distinta *tasa de mutación* entre los caracteres de los recursos y atributos florales y el *polimorfismo* del locus S o variabilidad de alelos en la población, donde además pueden intervenir factores de *carácter ambiental* con alteraciones de la **talla poblacional** que también involucran a los alelos S. Otra explicación de la fuerte correlación en *Parolinia* del *número de granos* por flor y longitud de las *anteras* y ancho del estigma, que refleja una mayor producción de polen en las especies con anteras más grandes, podría estar dirigida hacia un incremento del reclamo floral a **polinizadores**, que justificaría el excedente de polen sin tener que aumentar forzosamente la tasa de *xenogamia*. Como en otros grupos taxonómicos (CHARLESWORTH & YANG, 1998; CRAWFORD *et al.*, 2008), no se excluye una la tercera posibilidad intermedia que obedecería a un desfase en el tiempo de adquisición de los nuevos recursos florales.

- Por otro lado, los *caracteres vegetativos* (*hojas*), del **fruto** y de las **semillas**, aunque con menor significación también se pueden manifestar involucrados en las tendencias evolutivas de la flor aunque su relación es bastante menos significativa y en principio sin valor filogenético. No obstante una de las características de los taxones de las islas oceánicas, es que, una vez establecidos suelen perder su capacidad de dispersión (GRANT, 1998) y en este aspecto, se podría destacar a PG, PA, PIA y PIG (PI) como taxones que mantienen las semillas con alas bien desarrolladas en relación a los demás, lo cual permitiría pensar que estas poblaciones pudieran haberse establecido más recientemente.

En *Coincya* y otros géneros de la tribu Brassiceae a diferencia de *Parolinia* se ha observado una tendencia evolutiva paralela en caracteres del fruto y de las semillas, donde los frutos largos, dehiscentes y con muchas semillas pequeñas no esféricas, son primitivos y los frutos cortos, más o menos indehiscentes con muy pocas semillas largas y esféricas son más avanzados (LEADLAY & HEYWOOD, 2001).

- En las Brassicaceae existe una amplia reseña bibliográfica donde ya se consideran los **atributos florales** representados por variables como *ratio* limbo/pétalo, *ratio* uña (largo/ancho), largo total/ancho total) que pueden tener valor diagnóstico tanto entre géneros como entre especies (CLEMENTE MUÑOZ & HERNÁNDEZ BERMEJO, 1978; STORK & WÜEST, 1980). En el género *Lobularia* en Canarias, como en *Parolinia*, el tamaño de los *sépalos* está correlacionado con la talla de los pétalos (BORGÉN, 1987). También como en *Parolinia* se observa diferencias en cuanto al tamaño de los *pétalos* de *Lobularia* y las distintas islas, aunque no se cumplen los mismos patrones por la gran diversificación de *Parolinia* en una sola isla (Gran Canaria).

*Parolinia* parece reafirmar la idea que los *caracteres florales* tradicionalmente considerados poco significativos en la familia, están resultando potencialmente importantes en procesos evolutivos de diversificación de especies. A pesar de que la *arquitectura floral* es conservativa en la familia, se ha encontrado una enorme diversidad floral incluso a niveles infra-genéricos siendo útiles para definir linajes y relaciones, ya que hay géneros monofiléticos que se caracterizan por sus *flores* siendo potencialmente importantes en algunos procesos de diversificación específica (AL-SHEBBAZ, BEILSTEIN & KELLOGG, 2006).

Según observa ENDRESS (1992) en esta familia, la mayoría de los cambios evolutivos de la *arquitectura floral* han ocurrido en un pequeño porcentaje de géneros que al estar distribuidos en tribus diferentes, se deben haber producido independiente y repetidamente por alteraciones genéticas adquiridas fácilmente frecuentes en los niveles de jerarquía taxonómica inferiores, como parece probable que puede haber ocurrido en *Parolinia*. Lo cual se explicaría según Endress, porque una parte importante de la *diversidad floral* (tamaño de los órganos florales, forma, color y olor) no está relacionada directamente con la *estructura floral*, revelándose como caracteres que pueden estar implicados en la *biología de la polinización*, y que a este nivel pueden actuar como *tendencias evolutivas* paralelas, opuestas o divergentes como parece ser el caso de *Parolinia*.

El estudio morfológico de la flor de *Parolinia* pues, también se encuentra en sintonía con diversos autores (ORNDUFF, 1969; ENDRESS, 1992; ANDERSON *et al*, 2002; STUESSY, 2003; AL-SHEBBAZ, BEILSTEIN & KELLOGG, 2006) para los cuales, la organización de la *flor* y sus distintos verticilos, pone en evidencia principalmente a niveles infragenéricos, la estrecha conexión entre la *taxonomía vegetal, sistemática y biología reproductiva* donde, el significado funcional-reproductivo de las distintas manifestaciones florales, puede ayudar a entender algunos procesos de *diversificación y especiación*.

### **Relaciones de la diversidad morfológica de frutos y semillas, eficacia reproductiva, sistemas de cruzamiento y pérdida de vigor**

En los caracteres del *fruto* o *silicua* sólo se observa una relación fuerte entre la longitud del *cuerno* con la *tasa de autogamia*, señalando que las poblaciones con *mayores cuernos o astas en las silicuas* pueden ser *más compatibles* con mayor posibilidad de *autogamia* (PP, POVE, PFA, POM). Por el contrario las astas más cortas se presentan en las poblaciones más *auto-incompatibles* (PS, PG y PA).

- También los caracteres de las *silicuas* y *semillas* presentan pocas correlaciones con la *eficacia reproductiva*. La *producción de semillas* por *silicua* depende mucho más del *número de óvulos por flor o valva* que de las longitudes de las *valvas*, superando siempre las mayores (V1y V2) a las más pequeñas (V3). De acuerdo con BORGÉN (1987) y LEADLAY &

HEYWOOD (1990) siempre se encuentra mayor relación con la producción máxima de *semillas* por *valva* que con la producción media que a su vez puede depender del número de óvulos sobretodo en el género *Coincya*.

Como en *Parolinia*, en *Lobularia* el tamaño y forma de las *semillas* está correlacionada con la presencia de ala y ancho de la misma. Asimismo el número y forma de las *semillas* se puede usar como caracteres diagnósticos importantes, aunque a veces como en *Parolinia* en *Lobularia* según BORGÉN (1987) el número de semillas debe ser utilizado con precaución debido a la gran variabilidad por individuo y taxon. La variabilidad detectada en *Lobularia* puede ser debida en parte a los abortos y por tanto el *número máximo de semillas* por *silicua*, puede ser taxonómicamente más importante que el número mínimo.

La presencia de ***pérdida de vigor*** (*inbreeding depresión*) en la progenie de las poblaciones naturales de *Parolinia* según fases tempranas del ciclo vital (mayor en el establecimiento de plántulas que en la germinación) se encuentra correlacionada negativamente con el *índice ISI de auto-incompatibilidad*, *% de cicatrices por infrutescencia*, *% de frutos* y *longitud de las valvas*, lo cual permitiría decir que las cicatrices en las infrutescencias de *Parolinia*, están más relacionadas con la *falta de vigor* que con la *auto-incompatibilidad*.

Asimismo se evidencia que a mayor índice de alogamia, mayor *pérdida de vigor*, menor % frutos y mayor % *silicuas con valvas más pequeñas*. Se pone de manifiesto que en *Parolinia* las poblaciones *más compatibles* producen normalmente *más cantidad de semillas* y que la abundancia de *silicuas pequeñas* (en poblaciones donde coexisten con valvas grandes), podría ser una manifestación de *pérdida de vigor*. Esto concuerda con que las especies o poblaciones *alógamas* pueden expresar *pérdida de vigor*, que sería la fuerza responsable de los indicios y tasas de *autogamia* observados, que de forma alternante en el ciclo vital, favoreciendo la homocigosis, le permitiría eliminar los alelos perjudiciales en fases tempranas del ciclo vital (BARRETT & HARDER, 1996; HUSBAND & SCHEMSKE, 1995 y 1996; GIBBS, 1997).

La posibilidad de ***autogamia*** y por tanto de ***apareamientos mixtos*** está en consonancia con la idea que muy pocas especies se pueden calificar de completamente *autógamas* o *xenógamas*, considerando la incidencia de *autogamia* como una estrategia o mecanismo, que garantiza la progenie. Estas especies y poblaciones *alógamas* (donde se incluye *Parolinia*) favorecen la *auto-fecundación*, cuando factores ecológicos o ambientales reducen o ponen en peligro los *apareamientos* entre individuos, situaciones habituales después de un evento colonizador o catástrofe ambiental con poblaciones pequeñas, aisladas y fragmentadas frecuentes en las floras isleñas (RICHARDS, 1986 y 1997; PROCTOR, YEO & LACK, 1996; BARRETT & HARDER, 1996; LARSON & BARRETT, 1998; BARRETT, 2003; LEIMU, 2004).

*Parolinia*, como otros géneros de Canarias (*Argyranthemum*, *Sonchus* y *Tolpis*) podría constituir pues, un ejemplo que confirmaría la generalización de los *cruces mixtos* y una de las excepciones a la ley de Baker (*leaky self-compatibility* o *pseudo-autocompatibilidad*) donde la llegada a las islas de un taxon auto-incompatible puede permitir la auto-polinización o *autogamia* circunstancialmente (*pseudo-autocompatible*) y diversificar después de su llegada (BAKER & COX, 1984; CARR, POWELL & KHYOS, 1986; CRAWFORD *et al.*, 2008 y en prensa). Se refuerza además la idea que los distintos niveles de *pérdida de vigor* en las poblaciones naturales, son los posibles responsables de la alternancia o evolución de los sistemas de cruzamiento (*auto-xenogamia*), permitiendo los

*cruzamientos mixtos* e indicando que *Parolinia*, fundamentalmente *xenógama*, puede poseer la capacidad de desarrollar situaciones con ligera incidencia de *autogamia*.

### Relaciones entre los caracteres morfológicos, genéticos y sistemas de cruzamiento

En Brassicaceae los análisis de correlación y Kruskal-Wallis de este trabajo revelan que los niveles de *diversidad genética* referida al porcentaje de loci polimórficos ( $P$ ), nº de alelos por locus ( $A_i$ ), heterocigosidad esperada ( $H_e$ ) y heterocigosidad observada ( $H_o$ ), dependen en primer lugar del *sistema de cruzamiento* (SSI) y en segundo lugar del *número de cromosomas* ( $2n$  y  $x$ ). La *talla poblacional*, como el *rango geográfico* muestran poca incidencia sobre los niveles de diversidad genética en los géneros de Brassicaceae analizados (excepto en la tasa  $t$  de alogamia o coeficiente  $F$ ).

Estos resultados refuerzan las hipótesis previas que señalan a la filogenia (historia evolutiva) responsable de los sistemas de cruzamiento, que en este grupo de géneros, determinados por el *sistema de auto-incompatibilidad esporofítico homomorfo* (SSI) propio de la familia, incide directamente en la configuración de la *diversidad genética*, junto con el *número de cromosomas* (RICHARDS, 1986 y 1997; KARRON, 1987; BARRETT & KHON, 1991; GITZENDANNER & SOLTIS, 2000; PÉREZ DE PAZ et al., 2007b).

Sin embargo en *Parolinia*, grupo de especies fundamentalmente *xenógamas*, los análisis de correlación entre la *diversidad morfológica*, *sistemas de cruzamiento* y *diversidad genética* ponen de manifiesto que el *sistema de auto-incompatibilidad* propio de la familia (SSI) es el principal responsable de los niveles de variabilidad genética, que dependen en segundo lugar de la *talla poblacional*, aunque, como en otros grupos taxonómicos, no siempre las poblaciones más *grandes* poseen mayor diversidad genética de acuerdo a las hipótesis previas.

Los indicios de *autogamia* detectados en algunas poblaciones de *Parolinia*, según los cruces experimentales (ISI) y parámetros genéticos ( $F$ ), no confluyen con la misma intensidad en las mismas poblaciones. Esta **discrepancia**, puede estar revelando que además de la *talla poblacional* (que no siempre es determinante), la tasa de *autogamia* pueden estar afectada por las relaciones de *dominancia* y *codominancia* genética (propia del SSI) entre los distintos alelos  $S$  de incompatibilidad, según se encuentren en el polen o en el estigma respectivamente (RICHARDS, 1986 y 1997; BYERS & MEAGHER, 1992; VEKEMANS, SCHIERUP & CHRISTIANSEN, 1998; LEACH & MAYO, 2005; BUSCH & SCHOEN, 2008).

En este sentido, algunas de las correlaciones observadas entre la *diversidad floral* y *diversidad genética*, parecen reafirmar en *Parolinia* este supuesto, de manera que:

Las poblaciones de *flores más cerradas* y *semillas fundamentalmente cuadradas con menos alas* (PO, PP) suelen presentar más *diversidad genética*, mayor número de *genotipos multilocus* (GML) y de *diversidad alélica* ( $A_T$  y  $A_i$ ) sin embargo no siempre poseen el mayor nº de *alelos exclusivos* ( $A_{ex}$ ) que suelen aparecer en las poblaciones de *flores más abiertas* de *sépalos y anteras más cortos* y *estigmas con pétalos más cortos* y fundamentalmente violetas de *limbos amplios* con abundancia de papilas *dedo-semidedo*, pocos *pólenes* y *óvulos por flor* (PI, PS y PA).

Las poblaciones de atributos y recursos florales intermedios suelen tener mayor % de *loci polimórficos* ( $P$ ) y mayor *heterocigosidad esperada* ( $H_e$ ), flores de *limbos más estrechos* con *cuernos largos* y más *semillas triangulares* (PF, PIT, POVE y PP).

De esta manera se puede CONCLUIR que:

1º) Las poblaciones **flores más abiertas** con *limbos más largos y anchos* e *individuos más anchos* son *más auto-incompatibles* (ISI más bajos) y con menos *autogamia* aunque poseen *menor número de pólenes* por flor y *óvulos* (PG, PS y PA). Se pone de manifiesto que las flores con *limbos más largos y anchos* generalmente de pétalos más *ondulados* (PG y PA) van acompañadas de *silicuas* con *valvas largas, cuernos estrechos* (PG y PIA) con apéndices más cortos o ausentes (PG) o con menos *divisiones*. Asimismo suelen tener las *semillas* más largas y rectangulares (PG y PA) con ala más desarrollada y más *peso húmedo* (POA y PG). Estas poblaciones suelen poseer más *alelos exclusivos* ( $A_{ex}$ ) aunque no suelen presentar los niveles más altos de diversidad genética, a pesar que suelen manifestar mayor tasa de *alogamia* ( $t$ ) o menor *coeficiente* de *autogamia* ( $F$ ).

2º) Las poblaciones de **flores más cerradas** con grandes *anteras*, cálices de *sépalos y pétalos* más largos de *limbos* cortos y *revolutos* a veces *acanalados* con *estigmas anchos* de *papilas estigmáticas* largas, se muestran *más compatibles* y con mayor *autogamia* aunque poseen *mayor número de pólenes* por flor y *óvulos* (PO y PP) alcanzando generalmente, el mayor *éxito reproductivo* (producción y *germinación de semillas*). Estas poblaciones no suelen tener *alelos exclusivos* y suelen presentar más *diversidad genética* con mayor *número de genotipos multilocus* (GML) y mayor *diversidad alélica* ( $A_T$  y  $A_I$ ), aunque no manifiesten una mayor tasa de *alogamia* ( $t$ ) o menor *coeficiente*  $F$ .

3º) Las poblaciones de *atributos y recursos florales* **intermedios** (PF) incluyendo índices ISI, generalmente con flores de *limbos más estrechos*, *semillas* menos alargadas, suelen manifestar mayor % de *loci polimórficos* ( $P$ ), mayor tasa de *alogamia* o menor *coeficiente*  $F$  y alelos exclusivos.

La presencia de *alelos exclusivos* suelen estar en relación con situaciones de aislamiento sin flujo génico y factores ambientales, y no con propiedades inherentes a los taxones controladas filogenéticamente, como los atributos florales y sistemas de cruzamiento (WESTERBERGH & SAURA, 1994; BORGÉN, 1997).

No obstante, según los indicios de *autogamia* detectados en algunas poblaciones, las tasas de *autogamia* obtenidas según los *cruces experimentales* (índice ISI y tasa  $S$ ) y según los parámetros genéticos ( $F$ ), como suele ser frecuente (RICHARDS, 1997), no confluyen con la misma intensidad en las mismas poblaciones e islas. Estas **discrepancias** pueden estar revelando que las tasas de *autogamia* pueden estar afectadas no solamente por la *talla poblacional* (que no siempre es determinante), sino también por relaciones de *dominancia* y *codominancia* (propia del SSI) entre los distintos *alelos S* de *incompatibilidad* según se encuentren en el polen o en el estigma respectivamente.

## 2. TAXONES Y RELACIONES DE SIMILITUD

Los 14 análisis discriminantes de macro y *micro-caracteres* mejoran notablemente la resolución. La depuración sucesiva de caracteres con poco peso no parece que resuelva mejor ni los análisis discriminantes (AD) ni los Análisis de Componentes Principales (ACP). La exclusión de los dos taxones que mejor se discriminan (PG y PA) si parece mejorar notablemente la resolución y diferenciación de las poblaciones y taxones de *Parolinia*. Conviene destacar que la inclusión de *micro-caracteres*, resuelve mejor la discriminación de las *poblaciones sin adscripción taxonómica* (POA, POVE y PFCH) pero no mejoran la discriminación de los *macro-caracteres* en las islas occidentales (PS y PI).

Las asociaciones taxonómicas y poblacionales de *Parolinia* expresadas por todas las técnicas de *taxonomía numérica* ponen de manifiesto una congruencia taxonómica casi



absoluta y complementaria. Las relaciones estrechas de los fenogramas UPGMA se refuerzan por los análisis de MDS-NM técnica también especialmente eficaz para taxones íntimamente relacionados y por los ACP que reflejan mejor las relaciones no tan estrechas. La implementación del *retículo* de Prim de los *árboles de mínima expansión* (MTS) a los modelos mejor resueltos, señalan las relaciones más estrechas junto con las posibles distorsiones poniendo de manifiesto:

En todos los análisis de *taxonomía numérica*, se refleja la posición aislada de PG respecto al resto de los taxones, en los que se pone de manifiesto la independencia de las *islas occidentales* donde siempre hay una mayor afinidad entre Teno, La Gomera y La Palma (PIT-PS, PA) que se separan de las otras dos poblaciones de Tenerife (PIG-PIA) más cercanas a Gran Canaria.

En Gran Canaria, se diferencia claramente por un lado, el conjunto poblacional de *P.ornata* (PO) acompañada a veces de la asociación PP-PFCH. Por otro lado, el complejo PF integrado por las tres poblaciones *P.filifolia* y fundamentalmente por las otras dos sin adscripción (POA y POVE) asociadas más frecuente según proximidad geográfica POA-PFA-PFS y PFT-POVE. La asociación PFCH-PP, puede acompañar aquí al complejo PF.

Las poblaciones PO se manifiestan muy cohesionadas, sobre todo las más cercanas geográficamente (POS-POV). Las poblaciones de PF no están tan cohesionadas como las de PO, pero integran las otras dos poblaciones sin adscripción (POVE y POA). PFCH, la otra población sin adscripción taxonómica, suele aparecer más relacionada a PP que a ninguna otra población aunque ambas están situadas aparentemente de manera más o menos independiente respecto a los otros taxones. De relacionarse con alguien PFCH se relacionaría con PF además de con PP.

Los *tres complejos morfológicos* entre los dos *extremos poblacionales* y un grupo intermedio, se identifican con las dos **tendencias evolutivas** de la flor de *Parolinia* para los *atributos florales y recursos del androceo y gineceo*, reforzando que supuestamente, desde *situaciones intermedias* (PF con POVE y POA) en Gran Canaria, han derivado por un lado: hacia el complejo poblacional de PO en Gran Canaria a veces con PP-PFCH (flores más cerradas) y hacia PG en Gran Canaria y el complejo de poblaciones de las *islas occidentales* (PI, PS, PA) con flores más abiertas.

### Caracterización de taxones y relaciones de similitud morfológica

En resumen, se podría destacar:

**1º)** El aislamiento de *P.glabriuscula* (**PG**) en relación al resto de taxones y poblaciones, se justifica por la implicación de caracteres como: gran *apertura floral* y diámetro de la *corola*, *limbos amplios*, *ondulados* y preferentemente *blancos* con *papilas estigmáticas* en toda la variedad (Y, T, P, U). *Silicuas* con valvas grandes y astas estrechas sin divisiones ni protuberancias y con *semillas* grandes rectangular-elípticas con el *ala* fuertemente desarrollada.

Las relaciones de PG con el resto del grupo, se verifican a través de **POA** (diámetro de la *corola*, *ratio Pet/Sep* y *semillas rectangulares*) que también la relaciona de lejos al complejo PF (con caracteres como longitud y forma de los *sépalos*, *papilas estigmáticas* Y-T). Con las *islas occidentales* PG se podría relacionar por la gran *apertura floral* (PS y PA) y *anteras* pequeñas (PS, PA y PI) pero pueden constituir posibles *paralelismos*.

- En el resto de los taxones hay diferencias entre el *extremo poblacional* de **PO** en Gran Canaria (a veces con PP-PFCH) y el otro extremo del complejo de taxones de las *islas*

*occidentales* (PIT, PS y PAC, PIG y PIA). En medio, las poblaciones del complejo **PF** con POVE y POA, a veces con PFCH-PP como *grupo intermedio*.

Las conexiones entre los *tres complejos* poblacionales (PO, PF e *islas occidentales*: PI, PS y PA) se verifican por **Tasartico (PFT)**: con PF (PFA), con las *islas occidentales* (PIG), con PO (POM) y a veces con PFCH-PP:

**2º) Las *islas occidentales*** se conectan con PF (**PFT-PIG**) por el diámetro de la *corola*, *pétalos horizontal alto*, número de *óvulos*, que a su vez conecta con **PIT** (*individuos de menor talla, hojas pequeñas, sépalos, limbos ondulados, pedúnculo y valva mayor, ancho cuerno, nº protuberancias y ala de las semillas*) que se relaciona con **PS** (*talla y hojas más pequeñas, sépalos, limbos ondulados y violetas, anteras, papilas, ancho cuerno, nº de divisiones y ala de las semillas*) y con **PA** (*sépalos, pétalos, limbos ondulados, anteras, ancho del cuerno y ala de las semillas*).

Caracterizan a *P.intermedia* (**PI**), los individuos de talla y hojas pequeñas, sépalos, limbos de color violeta, ondulados, ancho del cuerno y apéndices, nº protuberancias y ala de las semillas.

De las islas *P.schizogynoides* (**PS**) es la de *verticilos florales más pequeños*, a excepción de la apertura floral y *limbo* que supera ligeramente incluso a PG, como también el *menor número de pólenes y óvulos por flor*. Las valvas más cortas como el menor el ratio del cuerno con pocos apéndices y más *protuberancias* con abundancia de *semillas cuadradas*.

Caracterizan a *P.aridanae* (**PA**), los individuos de talla y hojas grandes, gran apertura floral, sépalos cortos como también los limbos cortos y anchos, pero siempre mayores que Gran Canaria. Las anteras son similares a PS aunque el número de granos por flor y *de óvulos* es ligeramente mayor en PA. Los pétalos son más ondulados, levantados y más rosa que en los taxones de las otras islas (PI y PS) que son más violetas, relacionándola con Gran Canaria (PF-PFCH). Dominan las *papilas estigmáticas* dedo-semidedo. Las *silicuas* son bastantes similares a PI y *las semillas* son las de mayor talla después de PG dominando también las *rectangulares* sobre las cuadradas y triangulares.

**3º) Caracterizan a *P.ornata* (PO)**, la *apertura floral* más estrecha con limbos más pequeños y *mayor ratio Polen/Óvulo* con PFCH. Las *anteras* más largas (junto a PP), el mayor número *pólenes por flor* (con PFCH), de *óvulos* y las *papilas estigmáticas*. Es la que más pétalos *revolutos* tiene junto con PP y *acanalados* (que no los tiene PFCH). En las *silicuas* puede tener valvas y *cuernos* ligeramente mayores que PF y mucho más anchos como los apéndices.

**PO** se conecta con **PF** (PFT) por POM (*hojas, limbos acanalados, papilas estigmáticas*) que está vinculado con POV y POS. Asocian a PO y PP la flor y las semillas, es decir los *sépalos, limbos revolutos, anteras dehiscentes, papilas estigmáticas*, presencia de *papilas Y* con abundancia *semillas cuadradas y triangulares*.

**4º) Caracterizan a *P.platypetala* (PP)** las *silicuas* con las valvas mayores, *cuernos* y *apéndices* así como las *divisiones y protuberancias*, longitud de las *hojas* que la relacionan a PFCH y PF.

Se diferencia de PFCH por las *anteras dehiscentes, limbos más acanalados* y de color *rosa o violeta* (PP) más que *ondulados y blancos* (PFCH), *semillas triangulares* y *papila Y* (PP) con mayor *ratio P/O* en PFCH.

**PP-PFCH** se puede asociar con PO o PF según los caracteres implicados sean de la flor o del fruto. PP-PFCH se asocia con PO a través de POV por caracteres de la flor y semillas (*sépalos, limbos revolutos y acanalados, anteras dehiscentes, papilas estigmáticas, abundancia de semillas cuadradas y triangulares*). PFCH se relaciona con PO por los

máximos *pólenes por flor* y el mayor *ratio Polen/Óvulo*. PFCH-PP también se pueden asociar a PF a través de PFT-PFCH por las *hojas, valvas, cuernos, divisiones y protuberancias, apéndices*) y *contorno del ala* de las semillas.

**5º) *P.filifolia* (PF)** se caracteriza por *sépalos* medianos más rectangulares que piriformes. La *apertura floral* y diámetro de la corola mediana, se acompaña de *limbos* también medianos, horizontalmente altos preferentemente *acanalados* y con frecuencia *levantados*, más blancos en PFA y más rosas en PFS y PFT. También las *papilas estigmáticas* intermedias y papilas *Y-T*, como también por el *nº de pólenes* y de *óvulos*, intermedios entre POA y POVE. La abundancia de *semillas triangulares o cónicas* la relacionan con POVE y PIT. En las relaciones del *complejo morfológico* PF (PFS, PFA, PFT, POA y POVE) habría que destacar que **PFA** se vincula con PFS y PFT.

**POA** además del parecido con PG (diámetro de la *corola, limbos, anteras, cuernos* sin prácticamente divisiones y abundancia de *semillas rectangulares*) conecta con **PFA** relativamente cercana geográficamente (*sépalos y pétalos, limbo, pétalos horizontal altos, anteras indehiscentes* y el *ratio P/O*).

**POVE** conecta siempre con **PFS** por la flor, fruto y semillas hojas más largas, apertura floral. Los *diámetros más pequeños del individuo* y flores con pétalos acanalados y revolutos que caracterizan a POVE y la relacionan con PO, así como las flores preferentemente de *color rosa*, discriminándolas ligeramente de PF junto con el *nº de pólenes* que la acercan a POA, y la relacionan también con PI.

### Taxones. Diversidad genética y morfológica en *Parolinia*

Se consolida la cohesión morfológica y genética de las poblaciones co-específicas de las especies *P.ornata* (PO) con *flores más cerradas* y *P.filifolia* (PF) con *flores intermedias* a la que genéticamente se le suma PFCH (sin adscripción taxonómica) que se integra y comparte el 100% de sus alelos aunque morfológicamente se asocia MÁS con PP y ambas a modo de péndulo oscilan entre PO y PF.

1- ***P.filifolia***, con poblaciones muy cercanas al ancestro del género se trata de un conjunto de poblaciones fundamentalmente ubicadas en la zona más antigua de Gran Canaria (ITGE, 1992) menos sujeta a episodios volcánicos posteriores. Comparten el máximo de alelos las poblaciones más cercanas geográficamente (PFA y PFS) y el máximo flujo génico tiene lugar entre las poblaciones más alejadas geográficamente (PFS-PFT). Intercambian un mínimo de migrantes con POVE.

Morfológicamente PF se disgrega aunque se siguen mostrando en posición basal (al resto del grupo en dos cluster) más cerca del ancestro las poblaciones PFA y POVE del complejo PF con flores intermedias. PFS y luego con PFT se manifiestan también en posición basal como *outgroup* del cluster morfológico del complejo PO-PP (de flores más cerradas) acompañado de PFCH.

2- En ***P.ornata*** (PO) comparten el máximo de alelos las poblaciones más alejadas (POM-POS) con el máximo *flujo génico* del género (14) entre las más cercanas (POS-POV) acorde con su mayor cohesión genética. Presentan también *flujo génico* a destacar con PPG y PIT.

3- Se refuerza genética y morfológicamente la gran afinidad entre de PO y PP (***P.platypetala***) especie monotípica aislada en el Bco. de Guayadeque (GC) que comparte el máximo de alelos y de *flujo génico* con PO. Intercambian el mínimo de migrantes con PGB, POVE y PIT.

4- **POA** y **POVE** poblaciones distantes geográficamente del NO y SO de Gran Canaria (Agaete y Veneguera:) se manifiestan genéticamente relacionadas, intercambiando *flujo génico* y funcionando como un complejo más o menos independiente, donde POVE que se relaciona Mogán (POM) población de PO muy cercana geográficamente, también intercambia *flujo génico* con PFA (La Aldea) geográficamente más distante aunque cercana a POA. Ambas se encuentran íntimamente relacionadas e integradas morfológicamente en el complejo poblacional de PF.

El intercambio notable de *flujo génico* entre POA y POVE y por otro lado entre PFT y PFS (Tasartico y Siberio) aisladas geográficamente de forma parecida en el mismo sector de la isla, las sitúa entre los posibles ejemplos de ***flujo génico histórico*** “mantenido” a través de los tiempos, destacando que además se trata de un conjunto de poblaciones fundamentalmente ubicadas en las zonas geológicamente más antiguas de Gran Canaria y teóricamente menos sujetas a episodios volcánicos posteriores, que permitieron una cierta estabilidad ambiental y por tanto intercambio de *migrantes*. Este hecho justificaría la manifestación actual de *flujo génico* entre POVE-POA y PFS-PFT.

5- ***P.glabriuscula*** (PGB), especie monotípica aislada en la Caldera de Bandama (GC) en una de las zonas geológicamente más recientes de Gran Canaria, aunque comparte el máximo de alelos con POA y PF no acusa *flujo génico* con ellas. Lo manifiesta únicamente con PPG geográficamente más cercana. Morfológicamente se encuentre en el cluster con POA, compartiendo cluster con las *islas occidentales* donde se mantiene la disgregación morfológica y genética de PI con PIT más cerca de La Gomera (PS) y La Palma (PA), que de sus congéneres (PIA y PIG).

6- En ***islas occidentales***: la ausencia de *flujo génico* en algunas poblaciones de *Parolinia* podría justificar el aislamiento genético y morfológico de estos taxones:

En *P.intermedia* (**PI**) de Tenerife disgrega morfológica y genéticamente sus poblaciones (en zonas relativamente recientes) no acusando *flujo génico* y compartiendo el mismo porcentaje de alelos con otros congéneres de Gran Canaria (PF y PO) con los que además intercambia *flujo génico*.

*P.schizogynoides* (**PS**) especie rara aislada en La Gomera no acusa *flujo génico* con ninguna población aunque se acerca a PF (Gran Canaria) y PIT con la que comparte el máximo de alelos. *P.aridanae* (**PA**) especie monotípica aislada en La Palma tampoco presenta *flujo génico* con ninguna población aunque comparte alelos con PIT.

### 3. DIVERSIDAD CROMOSÓMICA Y TAXONES

En Brassicaceae se conoce el número de cromosomas de un 68% de los géneros y 42% de las especies, observándose una serie continua de números básicos desde  $x=4$  a  $x=13$ . El número haploide de cromosomas es frecuentemente variable incluso dentro de un mismo género de tal manera que tanto la poliploidía como la *aneuploidía* han jugado un papel importante en la evolución de la familia considerándose la *alopoliploidía* como un modelo común de especiación híbrida (WARWICK & AL-SHEHBAZ, 2006; WARWICK, FRANCIS & AL-SHEHBAZ, 2006).

Los taxones de *Parolinia* presumiblemente diploides con  $2n=22$ , muestran un único cariotipo formado por 11 pares cromosómicos de pequeño tamaño ( $<2.5\mu\text{m}$ ), 10 metacéntricos y uno submetacéntrico (a excepción de POA, con  $2sm$ ). Se observa que frente a la gran variabilidad cromosómica que a nivel general presenta la familia, las especies de este género endémico se muestran muy uniformes, tanto en lo que se refiere al

número como a la morfología de los cromosomas, como indican los bajos índices de asimetría tanto intracromosómica ( $A_1$ ) como intercromosómica ( $A_2$ ), con diferencias entre el par mayor y menor del complemento inferiores al 3% de la longitud total del genoma.

Un hecho notable en la evolución de las angiospermas en islas oceánicas parece ser el *estasis* del número de cromosomas durante la especiación (STUESSY & CRAWFORD, 1998), de tal manera que las marcadas diferencias morfológicas no se acompañan, en general, por diferencias en el número de cromosomas. Esto no significa que no puedan existir grupos de taxones poliploides, pero generalmente evolucionados a partir de un ancestro de similar nivel de ploidía, son muy pocos los grupos evolucionados en las islas por cambios en el número cromosómico (poliploidía o aneuploidía), y cuando ocurre generalmente sus taxones continentales más relacionados son también cromosómicamente variables (STUESSY & CRAWFORD, 1998) en este sentido se pueden citar como ejemplos en la flora canaria *Lotus* L. subgénero *Pedrosia* (ORTEGA, 1976) o *Sideritis* L. subgénero *Marrubiastrum* (MARRERO, 1992).

En general, son muchos los ejemplos de géneros endémicos o con secciones endémicas, evolucionados en las islas Canarias que, como *Parolinia* ( $2n=22$ ), no presentan cambios en el número cromosómico: *Argyranthemum* ( $2n=18$ ), *Echium* ( $2n=16$ ), *Sonchus* subgénero *Dendrosonchus* ( $2n=18$ ), *Gonospermum* ( $2n=18$ ), *Pericallis* ( $2n=60$ ), *Crambe* ( $2n=30$ ), *Lobularia* ( $2n=22$ ), *Greenovia* ( $2n=36$ ), el complejo *Bencomia*, *Marcetella* y *Dendriopoterium* ( $2n=28$ ), *Limonium* sec. *Pterocladus* subsec. *Nobiles* ( $2n=14$ ), etc. A diferencia con las floras de otros archipiélagos oceánicos como Hawai, Juan Fernández, Bonin o Galápagos, la Flora Canaria presenta mayor número de endemismos diploides, lo que implica un origen también diploide de los taxones colonizadores.

El número cromosómico de *Parolinia* ( $2n=22$ ,  $x=11$ ) es compartido con tres géneros de la tribu Euclidieae II, *Diceratella*, *Morettia* y *Notoceras*, los dos primeros estrechamente relacionados con *Parolinia* y únicos constituyentes del subclado africano de la tribu (WARWICK *et al.*, 2007). Además de la homogeneidad en los números cromosómicos, parece existir también, en la flora canaria, una alta simetría de los cariotipos, al menos en aquellos grupos en los que se han llevado a cabo análisis cariotípicos: *Argyranthemum* (HUMPHRIES, 1975), *Sonchus* subgénero *Dendrosonchus* (ALDRIDGE, 1975), *Gonospermum* (FEBLES, 1990, FEBLES *et al.*, 1989a, b), *Carlina* L. (FEBLES, 1986), *Asparagus* L. (RAMOS MARTÍNEZ, 1989), etc., con cariotipos formados por cromosomas metacéntricos ( $M$ ,  $m$ ) y/o submetacéntricos ( $sm$ ) y con pocas diferencias en el tamaño y morfología de los mismos entre especies relacionadas. Posiblemente el alto grado de similitud cariotípica en estos grupos esté en relación con los mecanismos de evolución en islas oceánicas donde las barreras geográficas juegan un papel muy importante en la diferenciación de las especies y donde las diferencias morfológicas entre ellas están originadas por cambios génicos y/o pequeñas reordenaciones estructurales en los cromosomas.

#### 4. PALINOLOGÍA. POBLACIONES Y TAXONES

En *Parolinia* se ha observado el tipo polínico 3-colpado isopolar reticulado típico de la familia con variaciones de la talla de los granos y del retículo según poblaciones. Junto con estas características polínicas normales y más abundantes se han detectado *otras formas polínicas* que se diferencian en el número y disposición de las aperturas y



consecuentemente en la polaridad y talla de los granos, pudiéndose observar a niveles intraflorales (PEREZ DE PAZ, FERNÁNDEZ-PALACIOS & FEBLES, en prensa).

Estos *polimorfismos* con granos *zonaperturados* (en anillo: mono y di-zonasincolpados), *zonocolpados* (di-sincolpados y 4-colpados diagonalmente en W), *pantocolpados*, *espiraperturados* y *agregados polínicos*, ya detectados en otros grupos de angiospermas, filogenéticamente lejanos (donde puede coexistir la diploidía y poliploidía), suelen presentarse como granos fértiles siempre asociados al *tipo polínico 3-colpado* (normal y más abundante) pero generalmente en proporciones más bajas y variables.

Dichos *polimorfismos polínicos* que se encuentran implicados en grupos taxonómicos donde, hasta el momento no figura la familia Brassicaceae, se han identificado como constituyentes de *series polínicas continuas y ramificadas* de complejidad creciente en el *sistema apertural*, cuyo significado biológico se considera todavía incierto y poco explorado (WODEHOUSE, 1935; VAN CAMPO, 1967 y 1976; CLARKE, 1975; FERGUSON, 1980; POZHIDAEV, 1993 y 2000; DREYER & VAN WYK, 1998; BORSCH & WILDE, 2000; PIRE & DEMATTEIS, 2007).

En la flora Canaria solamente se han descrito para el género *Sideritis* (Lamiaceae) en *S.gomerae* (POZHIDAEV, 2000) aunque habían sido denunciados como granos anormales en *S.canariensis* y *S.dendro-chahorra* (LA-SERNA, NEGRÍN SOSA & PÉREZ DE PAZ, 1994) así como en prácticamente todos los endemismos del género *Crambe* de la familia Brassicaceae (PEREZ DE PAZ, 1983).

La presencia en *Parolinia* de estos *polimorfismos polínicos* constituyentes de una *serie polínico-morfológica* suscita dos tipos de cuestiones: 1ª) La primera está relacionada con el *significado biológico* de los tipos polínicos implicados y su posible relación con procesos reproductivos o de diversificación taxonómica, subyacentes a los niveles específicos (filogenia). 2ª) La segunda cuestión está relacionada con el *significado filogenético* de los *tipos polínicos* involucrados y sus implicaciones en el *tránsito* del modelo polínico *mono-aperturado* primitivo frecuente en las angiospermas basales y algunas eudicotiledoneas primitivas, al modelo *3-aperturado* y derivados de las eudicotiledoneas más avanzadas.

### **Polimorfismos polínicos, significado biológico y duplicaciones genéticas**

Los *polimorfismos polínicos intra-florales* observados en *Parolinia* acompañados del tipo *3-colpado normal*, no se consideran asociados ni a los heteromorfismos florales de auto-incompatibilidad, ni a los heteromorfismos sexuales, toda vez que este género no posee ninguno de estos síndromes reproductivos. Aunque pudieran quizás estar asociados a *duplicaciones genéticas* en silenciación, que apoyarían el origen aloploiploide del género y posible *diploidización* frecuente en Brassicaceae e islas oceánicas.

La familia Brassicaceae enmarcada en las eu-dicotiledoneas centrales, Eurosidae II y en el orden Brassicales (STEVENS, 2001) se caracteriza por su gran variabilidad en el número de cromosomas y frecuentes procesos de *poliploidización* y *diploidización* como fuerzas evolutivas importantes y modelos de especiación aloploiploide y homoploide (ANDERSON & WARWICK, 1999; MARHOLD & LIHOVÁ, 2006). Recientemente, estudios en el genoma de algunas angiospermas han consolidado a la *poliploidía* como uno de los principales mecanismos de evolución generalizado en la familia Brassicaceae, confirmando episodios de *poliploidización*, *duplicación genómica* y *diploidización* en la diversificación y especiación ancestral de la familia, que se pueden favorecer especialmente en ecosistemas oceánicos de forma similar a la diversificación de las angiospermas durante el Cretáceo (PIRES & HERTWECK, 2008; SOLTIS *et al.*, 2009).

Algunos de los *polimorfismos polínicos* de *Parolinia*, también detectados en sus dos parientes continentales y relacionados con desviaciones de la *microsporogénesis* (pólenes diploides), a su vez podrían ser un reflejo de las *duplicaciones genéticas* ancestrales en fase de *silenciación* en *Parolinia*, según los datos aloenzimáticos ya comentados y presencia de mixoploidía en algunas de las mitosis observadas con células  $2n=22$  y  $2n\approx 44$ .

Estas *formas polínicas* de *Parolinia*, como una manifestación más de *duplicaciones genéticas* en *silenciación*, denunciarían y apoyarían el posible origen aloploide del género en posible proceso de *silenciación* o *diploidización* frecuente en Brassicaceae e islas oceánicas, donde la reducción genética pueda persistir hasta alcanzar un nivel similar al de sus primeros ancestros diploides (ANDERSON & WARWICK, 1999; MARHOLD & LIHOVÁ, 2006; PIRES & HERTWECK, 2008; SOLTIS *et al.*, 2009).

En este sentido, los *polimorfismos polínicos* en *Parolinia* como en otros grupos taxonómicos podrían ser una manifestación de *mecanismos de variabilidad infraespecífica* que pondrían de manifiesto, *plesiomorfías* ancestrales ampliamente distribuidas en la familia, o *sinapomorfías* o novedades evolutivas, donde habría que profundizar en la presencia/ausencia de los patrones de la *serie polínica apertural* (VAN CAMPO, 1976; BORSCH & WILDE, 2000). De esta manera, la *serie polimórfica* de *Parolinia*, también permitiría aportar datos potencialmente informativos a las relaciones filogenéticas de los taxones y poblaciones del género.

Al mismo tiempo, los *tipos polínicos* de las angiospermas basales y monocotiledóneas (*monosulcado* y *derivados*) suelen asociarse a *tetradas tetragonales* producto de *microsporogénesis sucesivas* (con *diadas* o con tabique de calosa separando las dos células hermanas de la primera meiosis) e *intermedias* (con tabique fugaz). Según estos autores, aunque la *micro-esporogénesis sucesiva* se considera rara en eudicotiledóneas, se puede predecir con bastante fiabilidad en taxones con tipos polínicos asociados a las *tetradas tetragonales* frecuentes en angiospermas primitivas (mono y diaperturados, *espiraperturados* y *pantoporados*) como podría ser el caso de *Parolinia*.

Asimismo las *tetradas* observadas en *Parolinia* están en concordancia con los *tipos polínicos* de la *serie polimórfica* encontrada, con presencia de anomalías que podrían implicar a posibles *microsporas* o *pólenes diploides* de los agregados polínicos (AP). A la espera de la culminación de los análisis que confirmen la *microsporogénesis* con *tetradas* predominantemente *tetraédricas* (*microsporogénesis simultánea*), se valora la presencia de *diadas* como evidencia indirecta de *microsporogénesis mixta* (*simultánea* y *sucesiva*) rara en eudicotiledóneas. Según algunos autores el tipo polínico *3-colpado* y *derivados* de las eudicotiledóneas se asocian tradicionalmente a *tetradas tetraédricas* producto de *microsporogénesis simultáneas* (FURNESS & RUDALL, 1999; FURNESS, RUDALL & SAMPSON, 2002; FURNESS, 2008).

### **Polimorfismos polínicos, filogenia y diversificación en angiospermas**

El origen y evolución del tipo polínico *3-colpado* (con los modelos implicados y *derivados*) sigue siendo una cuestión del máximo interés toda vez que en la filogenia molecular de las angiospermas, constituye una clara *sinapomorfía* en el clado de las eudicotiledóneas (JUDD & OLMSTEAD, 2004; DOYLE, 2005; SOLTIS *et al.*, 2005; BANKS, STAFFORD & CRANE, 2007).

Los *tipos polínicos* de estas *series polimórficas intraflorales*, donde siempre se encuentra implicado el modelo *3-colpado* o *3-colporado* como tipo normal (más abundante), aunque detectados en familias de angiospermas filogenéticamente alejadas, pueden ser

frecuentes en algunas angiospermas basales (Nymphaeaceae, monocotiledóneas) y eudicotiledoneas primitivas fósiles y actuales como *Nelumbo* donde tiene lugar el tránsito de los pólenes *monoaperturados* a los *triaperturados* (BANKS, STAFFORD & CRANE, 2007):

i) El modelo *tricolpado* mayoritario suele ir asociado a pólenes *monoaperturados-zonacolpados* (con anillo) donde a su vez suelen estar implicados pólenes *zono-sincolpados* (*pelota de tenis*), *tetracolpados* e intermedios (KUPRIANOVA, 1979; FURNESS, 2008; DOYLE & HOTTON, 1991; POZHIDAEV, 1993 y 2000; BLACKMORE & CRANE, 1998; KREUNEN & OSBORN, 1999; HARLEY, 2004; HESSE & ZETTER, 2005).

ii) Los pólenes *colpados diagonalmente* y *pantocolpados* suelen estar implicados con el modelo *espiraperturado* aunque tanto en grupos primitivos como evolucionados (FURNESS, 1985 y 2008; BLACKMORE & CRANE, 1998; DREYER & VAN WYK, 1998; BORSCH & WILDE, 2000). Este hecho obligará a tener en cuenta, algunas consideraciones de carácter ontogénico que relacionan a los *tipos polínicos* de la *serie polimórfica* detectada, con el tipo de tetradas involucradas en la microsporogénesis.

Por otro lado, los *polimorfismos polínicos* de *Parolinia* implicados en la *serie polínica* intrafloral establecida, podrían estar poniendo de manifiesto **tendencias evolutivas ancestrales del sistema apertural**, involucrando desde algunas angiospermas basales y eudicotiledoneas más primitivas a las más avanzadas, al mismo tiempo que su concordancia con las tetradas observadas, reforzaría el paralelismo habitual (al menos en caracteres polínicos) de la ontogenia y filogenia (BLACKMORE & CRANE, 1998; FURNESS & RUDALL, 1999; FURNESS, RUDALL & SAMPSON, 2002; HARLEY, 2004; BANKS, STAFFORD & CRANE, 2007; FURNESS, 2008):

Desde un punto de vista palinológico, *Parolinia* y casi con seguridad algunos otros géneros en Canarias, apoyarían la hipótesis de POZHIDAEV (2000) que señalan al modelo *zona-aperturado* (en anillo) como otra posibilidad del tipo polínico basal (apertural) además del modelo tipo tradicional *monosulcado* (WALKER & DOYLE, 1975; DOYLE, 2005). Desde esta perspectiva los modelos *zonaperturados* (en anillo) y derivados (con colpos sinuosos simulando *pelotas de tenis* y *diagonalmente colpados a modo de W*), que darían paso a *espiraperturados* y/o *pantocolpados* se consideran estrechamente vinculados al modelo *tricolpado* tradicional de las eudicotiledoneas, que además está apoyado molecularmente.

Al mismo tiempo, estos modelos representarían situaciones polínicas con fuerte potencial evolutivo ya preconizado por su presencia en las angiospermas primitivas (FURNES, 1985 y 2008; DOYLE & HOTTON, 1991; BLACKMORE & CRANE, 1998; KREUNEN & OSBORN, 1999; HARLEY, 2004; HESSE & ZETTER, 2005). La confirmación de las tendencias evolutivas de estas series podría revolucionar los patrones de variabilidad de los caracteres polínicos en las eudicotiledoneas, al reproducir las secuencias evolutivas polínicas encontradas en la gran diversificación de las angiospermas durante el Cretácico.

Aunque su *significado biológico* se sigue considerando un tanto incierto y no suficientemente valorado, los *polimorfismos polínicos* pueden constituir un tipo de información relevante en la diversificación de las floras de islas oceánicas como Canarias, donde las filogenias moleculares a niveles infra-genéricos no suelen quedar bien resueltas (con los marcadores utilizados hasta el momento). La falta de variabilidad molecular en las floras isleñas a estos niveles específicos y subespecíficos, posiblemente podría encontrar mejor respuesta, complementando los estudios filogenéticos *infragenéricos* con marcadores moleculares *poblacionales* y técnicas de **filogeografía** (prácticamente inexistentes en la flora canaria), incrementadas con datos *citogenéticos*, *palinológicos* y *reproductivos*, cuyo significado biológico y evolutivo no es accesible desde la perspectiva exclusivamente

molecular. Esto estaría en consonancia con la idea integradora que implica el estudio de varios niveles estructurales de la biodiversidad poblacional (macro y micro-morfológico, molecular proteico y molecular de ADN o ARN) con el fin de acceder a un auténtico conocimiento de los procesos de diversificación vegetal (STUESSY, 2003; PIRES & HERTWECK, 2008).



Ante las confrontaciones de los resultados obtenidos en este estudio morfológico-reproductivo y genético por aloenzimas en relación con la **filogenia molecular** de ADN (WARWICK *et al.*, 2007 y JAÉN *et al.*, 2007) se podría deducir que:

(i) La relación con los géneros *Diceratella* y *Morettia* como parientes más cercanos consolidados, se refuerza por los nuevos estudios palinológicos particularmente por la presencia de *polimorfismos polínicos intraflorales*.

La afinidad con los géneros *Diceratella* y *Morettia* podría calificar a *Parolinia* con un modelo de colonización isleño troncal (*stem-based*) en el que los taxones colonizadores se establecen en Macaronesia al mismo tiempo que diversifican los géneros estrechamente relacionados en el continente (VARGAS, 2007). En este modelo, considerado con características ancestrales, se pueden encontrar géneros como *Arbutus*, *Argyranthemum*, *Pinus*, *Chamaecytisus*, *Lavatera* y posiblemente *Crambe*, *Ixanthus*, etc.

(ii) Se refuerza la monofilia del género *Parolinia* que justifica su presencia en Canarias por un solo evento colonizador, que se fortalece desde un punto de vista *genético* y morfológico a partir de una de las poblaciones de ***P.filifolia* (PF)** incluyendo a PFCH, POVE y POA (poblaciones no adscritas en principio a ningún taxon) más relacionadas con PF que con PO.

(iii) La poca resolución obtenida en la filogenia molecular (ADN) dentro del género que no resuelve las *relaciones inter-intra-insulares*, podría aclararse por los resultados *genéticos* (aloenzimáticos) y morfológicos de los *caracteres florales*. El conjunto de los taxones se resuelven en tres grupos según los atributos florales que se confirman en gran medida salvo alguna ligera excepción por la diversidad *aloenzimática*:

1º) Extremo integrado por el complejo de PO de *flores más cerradas* con *atributos y recursos florales mayores y más grandes* a veces acompañado por PP-PFCH. 2º) Extremo integrado por el complejo de las islas occidentales con PG aislada (Gran Canaria) de *flores más abiertas* con *atributos y recursos florales menores y más pequeños* (PG con PI, PS y PA). 3º) El *grupo con características intermedias* integrado por las poblaciones de PF con POVE y POA a veces acompañado de PFCH-PP. 4º) Los *tres complejos morfológicos* entre los dos extremos poblacionales y un grupo intermedio, se identifican con las dos **tendencias evolutivas** de la flor de *Parolinia* que supuestamente, desde *situaciones intermedias* (PF con POVE y POA) en Gran Canaria, han derivado por un lado: hacia el complejo poblacional de **PO** en Gran Canaria a veces con PP-PFCH (flores más cerradas) y hacia **PG** en Gran Canaria y el complejo de poblaciones de las *islas occidentales* (PI, PS, PA) con flores más abiertas.

5º) La conexión entre Gran Canaria (complejos PO y PF) e *islas occidentales* parece verificarse (según aloenzimas) siempre a través de PF con excepción de PI, que se verificaría por PO (POM) y PG. En Gran Canaria todos los análisis reflejan la posición

aislada de PG, a pesar de compartir caracteres florales y alelos, cuyas relaciones con el resto del grupo, también se verifican a través del complejo **PF** (POA y PFI).

6º) *P.aridanae* (La Palma) y *P.intermedia* (Tenerife) ocupan posiciones de grupos hermanos basales al clado de Gran Canaria y *P.schizogynoides* (La Gomera) como especie basal, compartiendo de forma exclusiva estas dos islas tres alelos aunque no acusan flujo génico entre ellas. No obstante, la presencia exclusiva de estos alelos denunciaría también la posibilidad de un flujo génico histórico entre Gran Canaria y la Gomera, que se reforzaría por el hecho que *P.schizogynoides* (PS) comparte con Gran Canaria 23 de los 25 alelos detectados para la especie. Estos resultados sugieren que el ancestro llegó a todas las islas y diversificó fuertemente en Gran Canaria.

La idea de un patrón de colonización desde el Oeste, es contradictoria según los árboles NJoin y *diversidad genética aloenzimática* detectada, toda vez que la isla con mucha mayor diversidad y diversificación (Gran Canaria), se colonizaría más recientemente. En cualquier caso, la extinción puede estar jugando un papel distorsionador importante en la colonización inter-insular, con ancestros desaparecidos en la distribución actual de las islas.

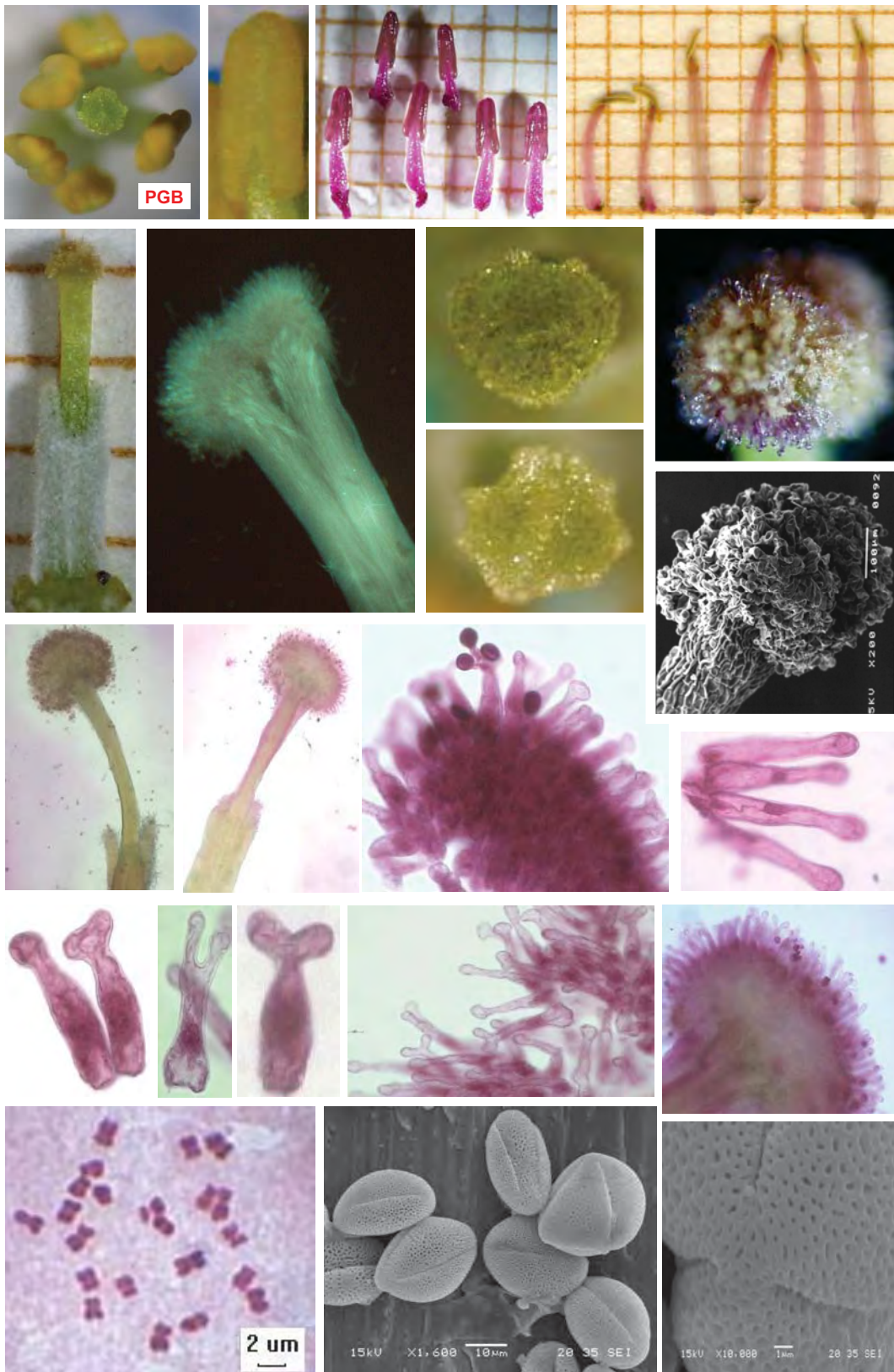
7º) **Parolinia** como la mayoría de géneros macaronésicos, no resuelve su patrón de diversificación en las islas con *filogenias moleculares* que no alcanzan el nivel de resolución suficiente a niveles específicos (*Echium*, *Crambe*, etc.) con los marcadores utilizados hasta el momento. Esto induce a pensar que efectivamente como se ha postulado otras veces, la diversificación morfológica no se puede equiparar a la genética seguramente por implicaciones de los efectos pleiotrópicos. La falta de variabilidad molecular en las floras isleñas a estos niveles específicos y subespecíficos, posiblemente podría encontrar mejor respuesta en la **biología de poblaciones**, donde estudios infra-genéricos con *marcadores moleculares poblacionales* y técnicas de **filogeografía** (prácticamente inexistentes en la flora canaria) incrementados además con datos reproductivos además de citogenéticos, palinológicos, cuyo significado biológico y evolutivo no es accesible desde la perspectiva exclusivamente molecular.



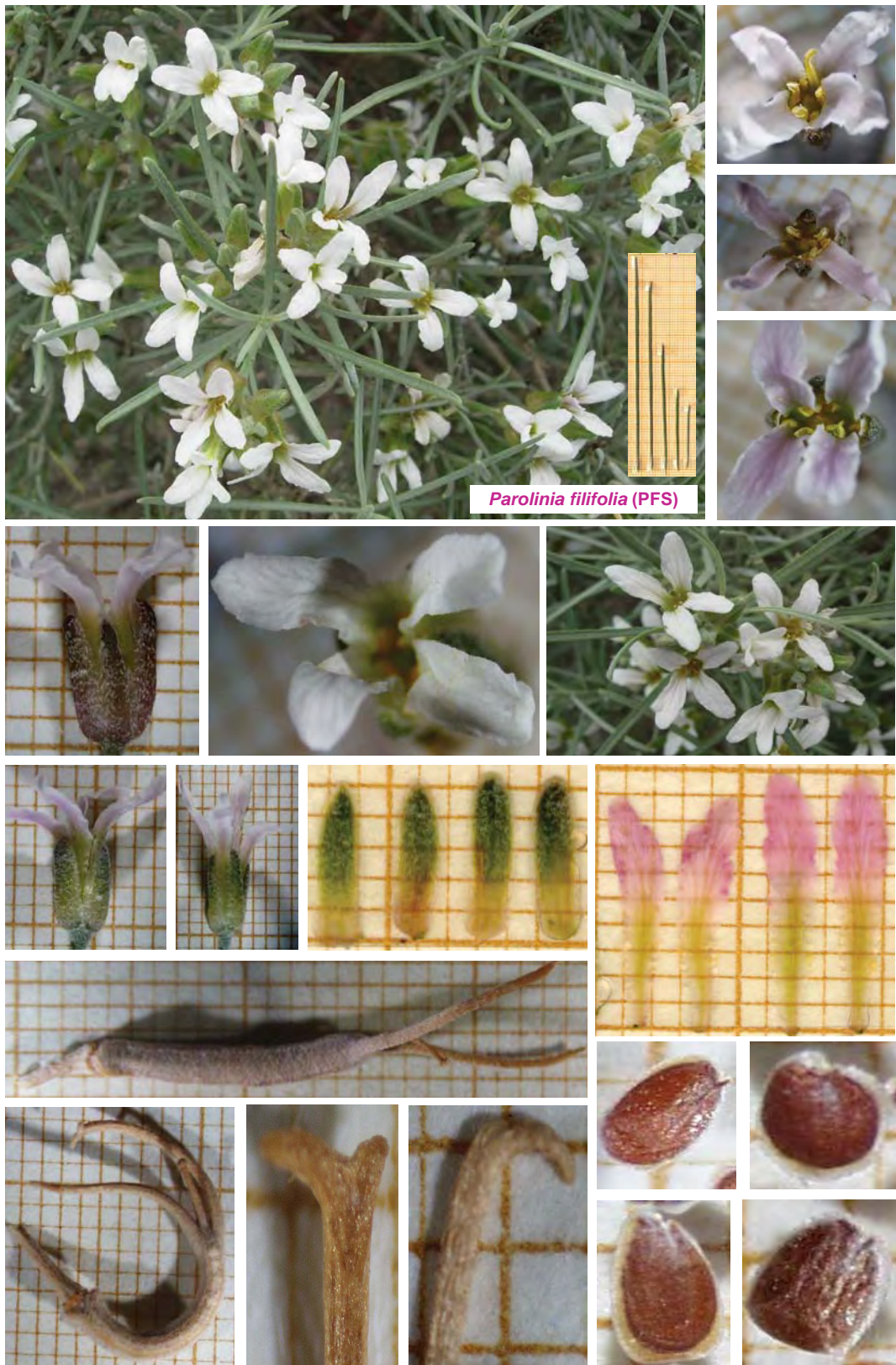


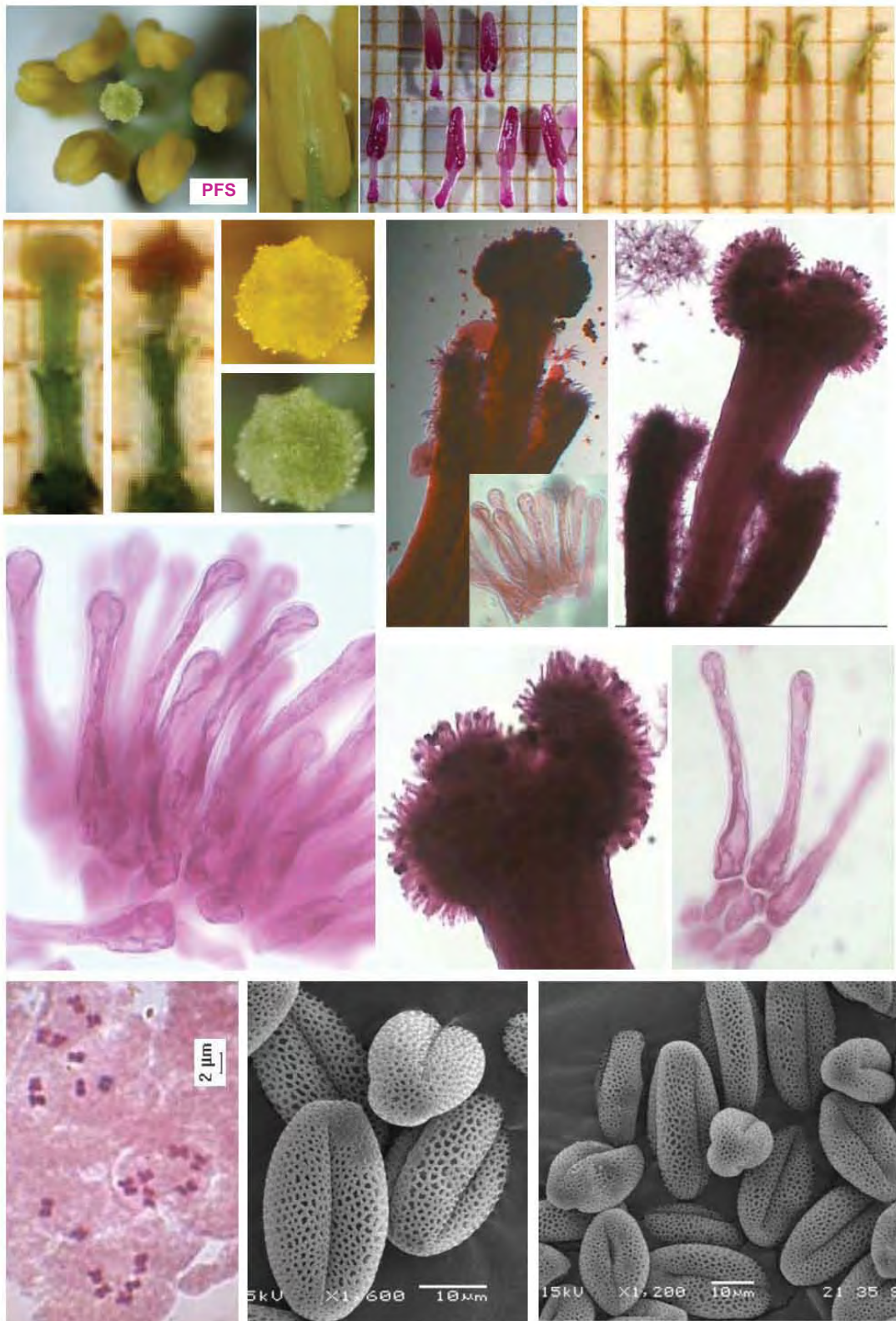


Discusión y conclusiones









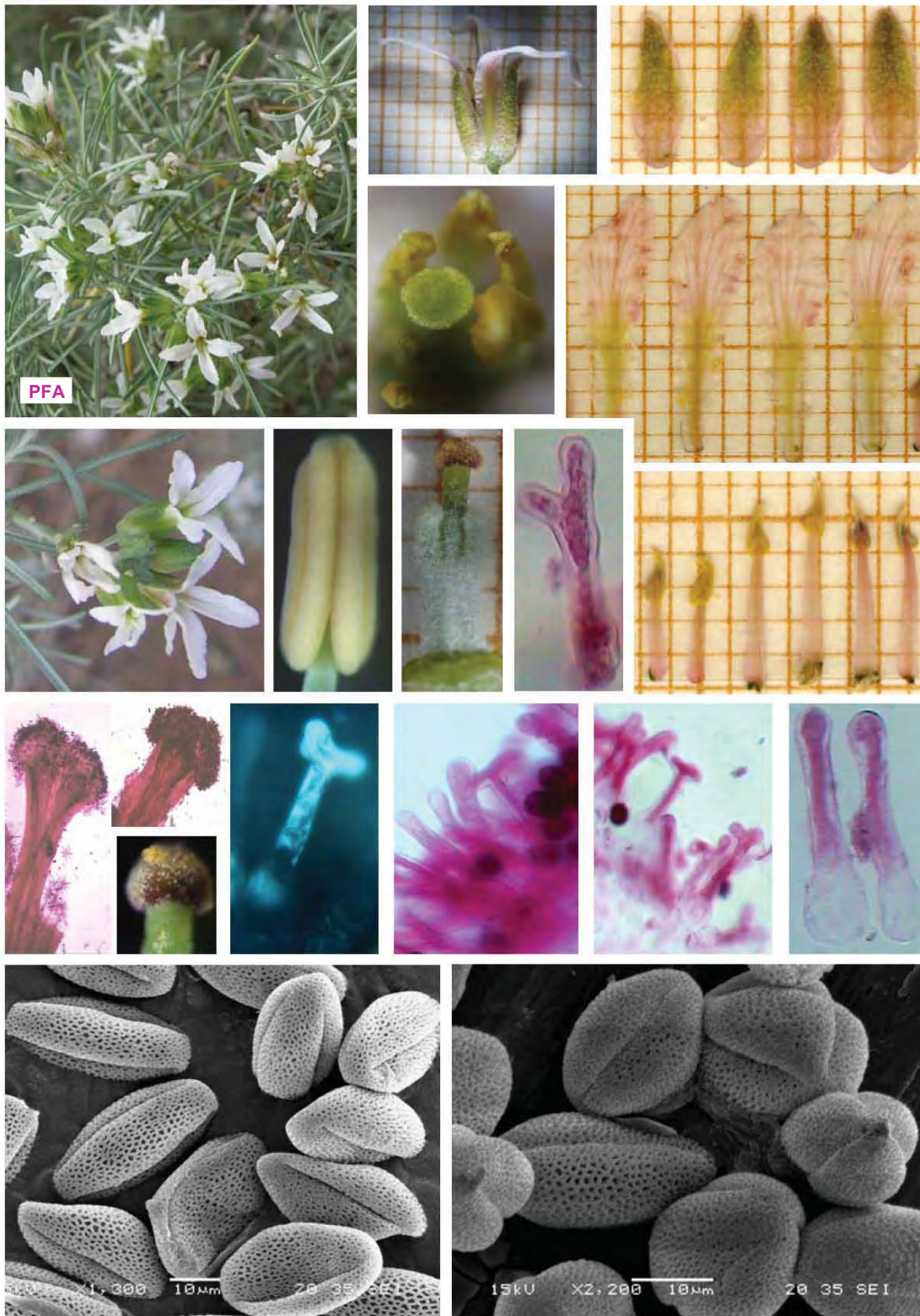




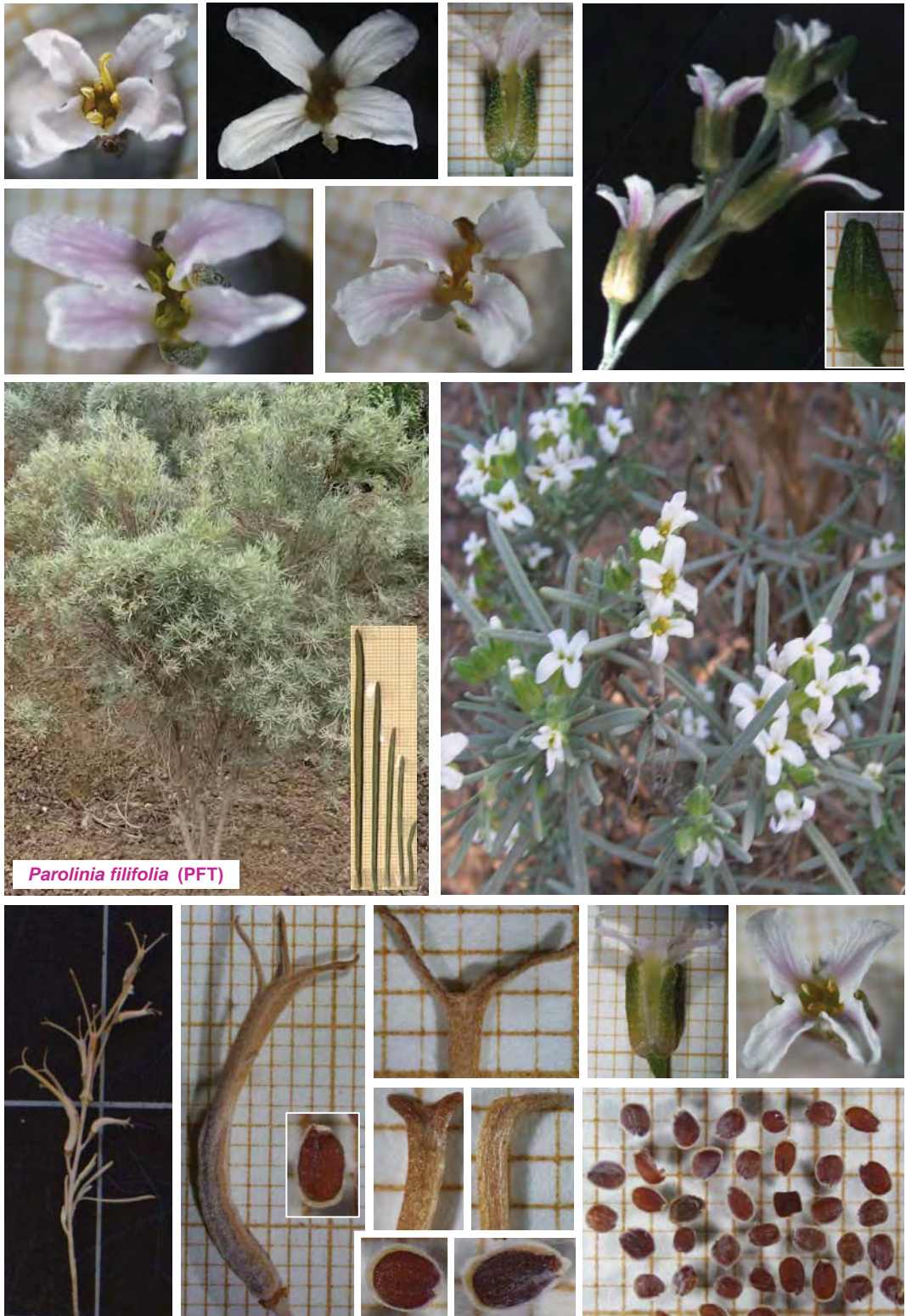
*Parolinia filifolia* (PFA)

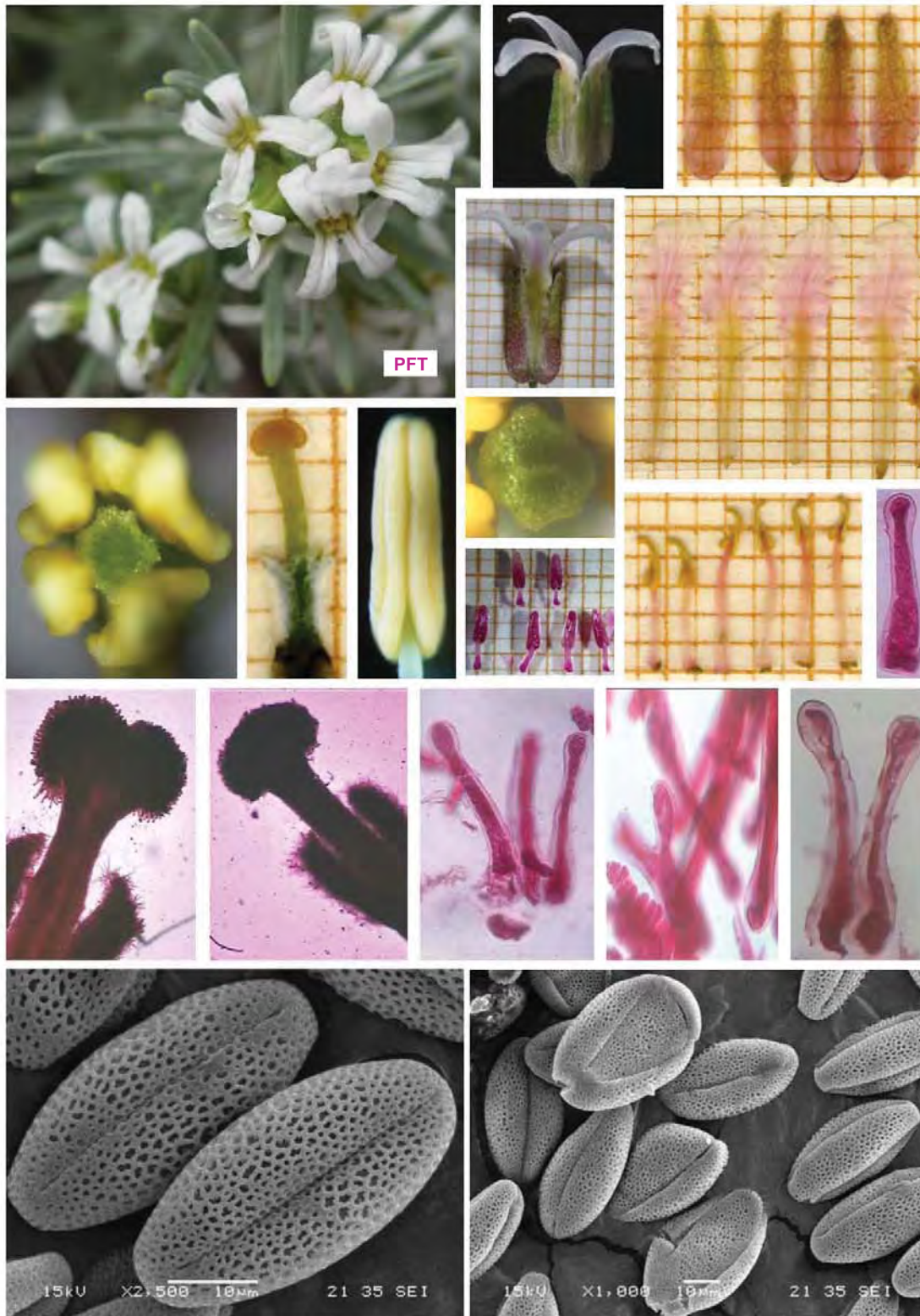








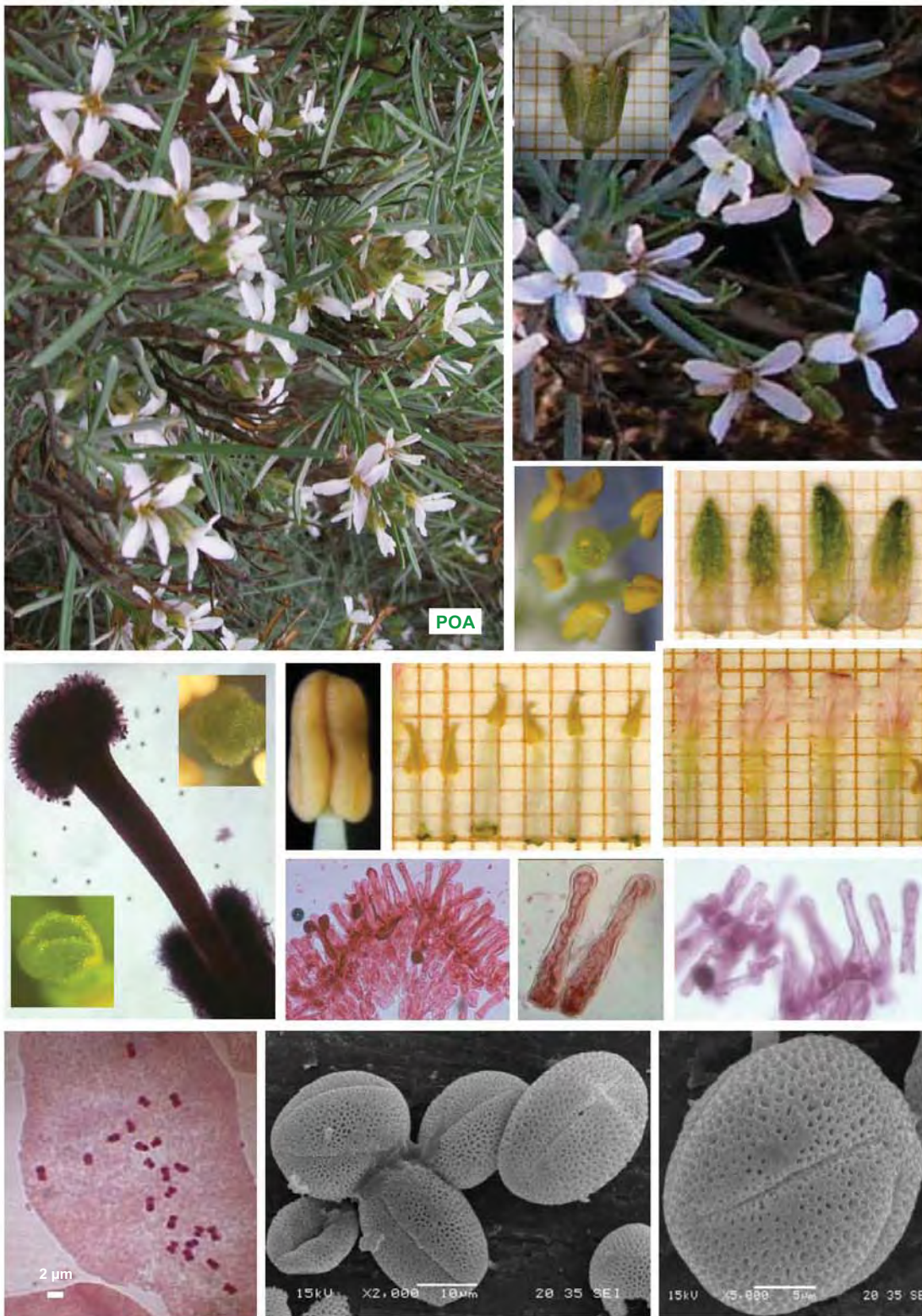








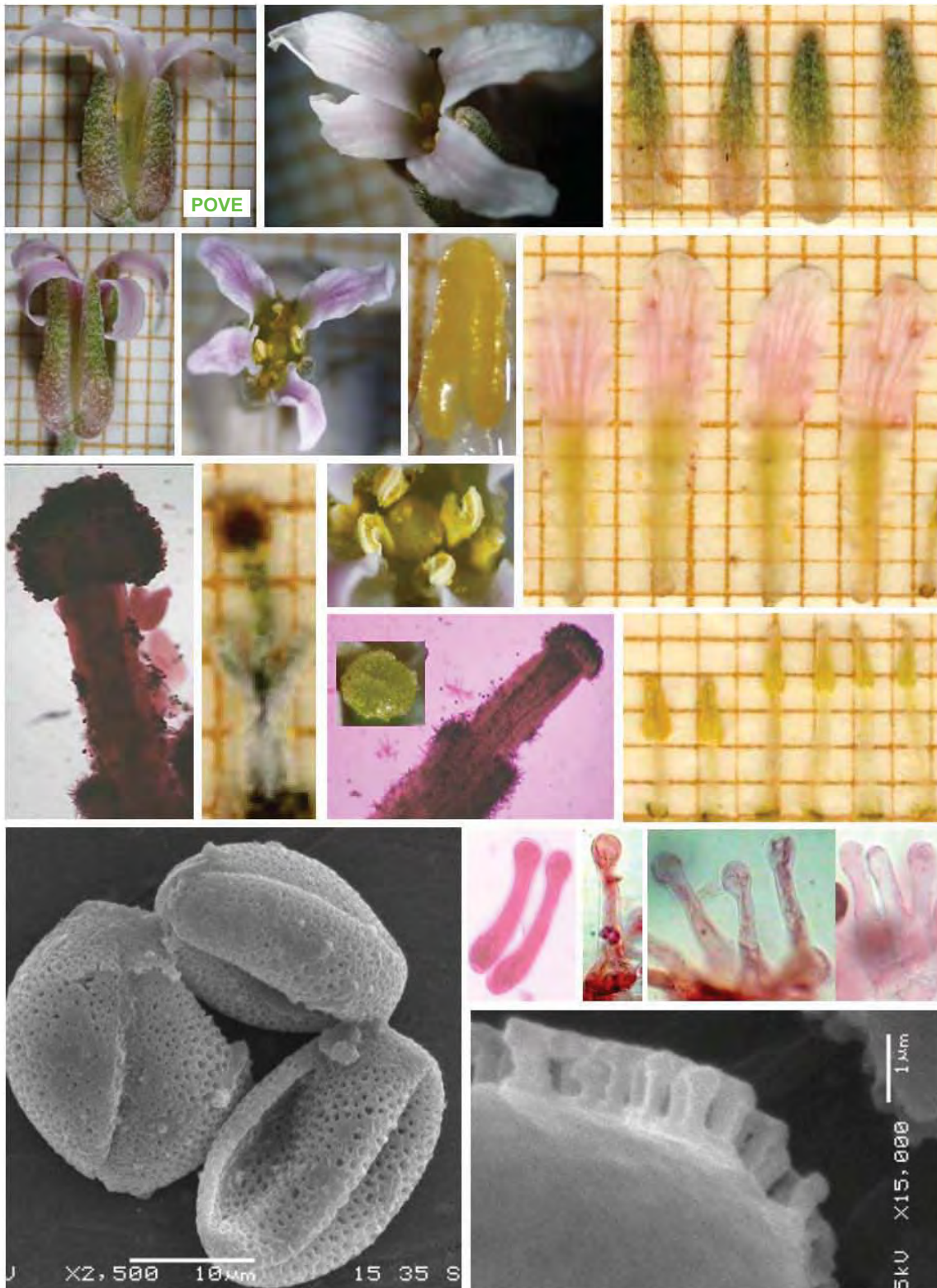


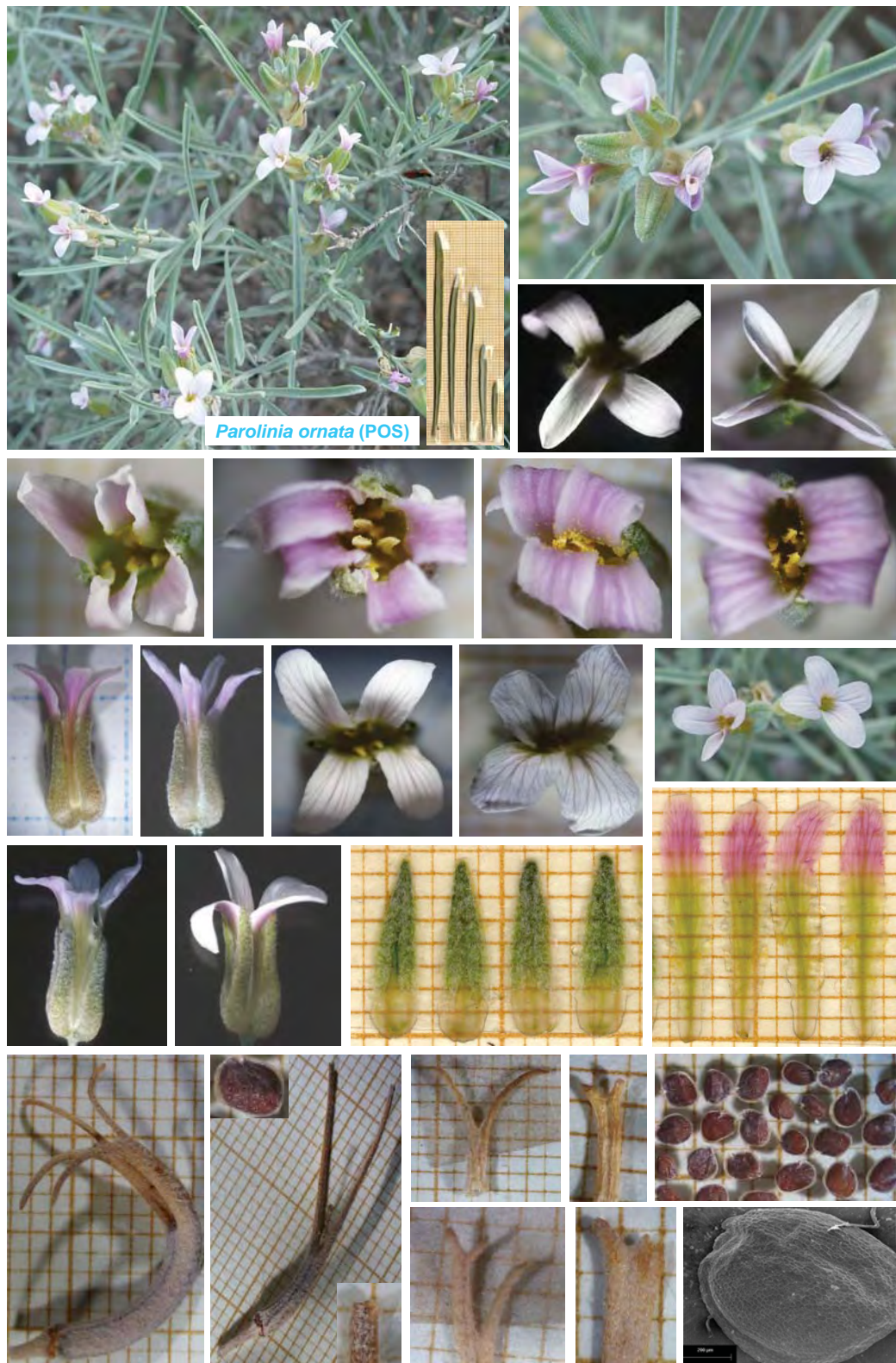




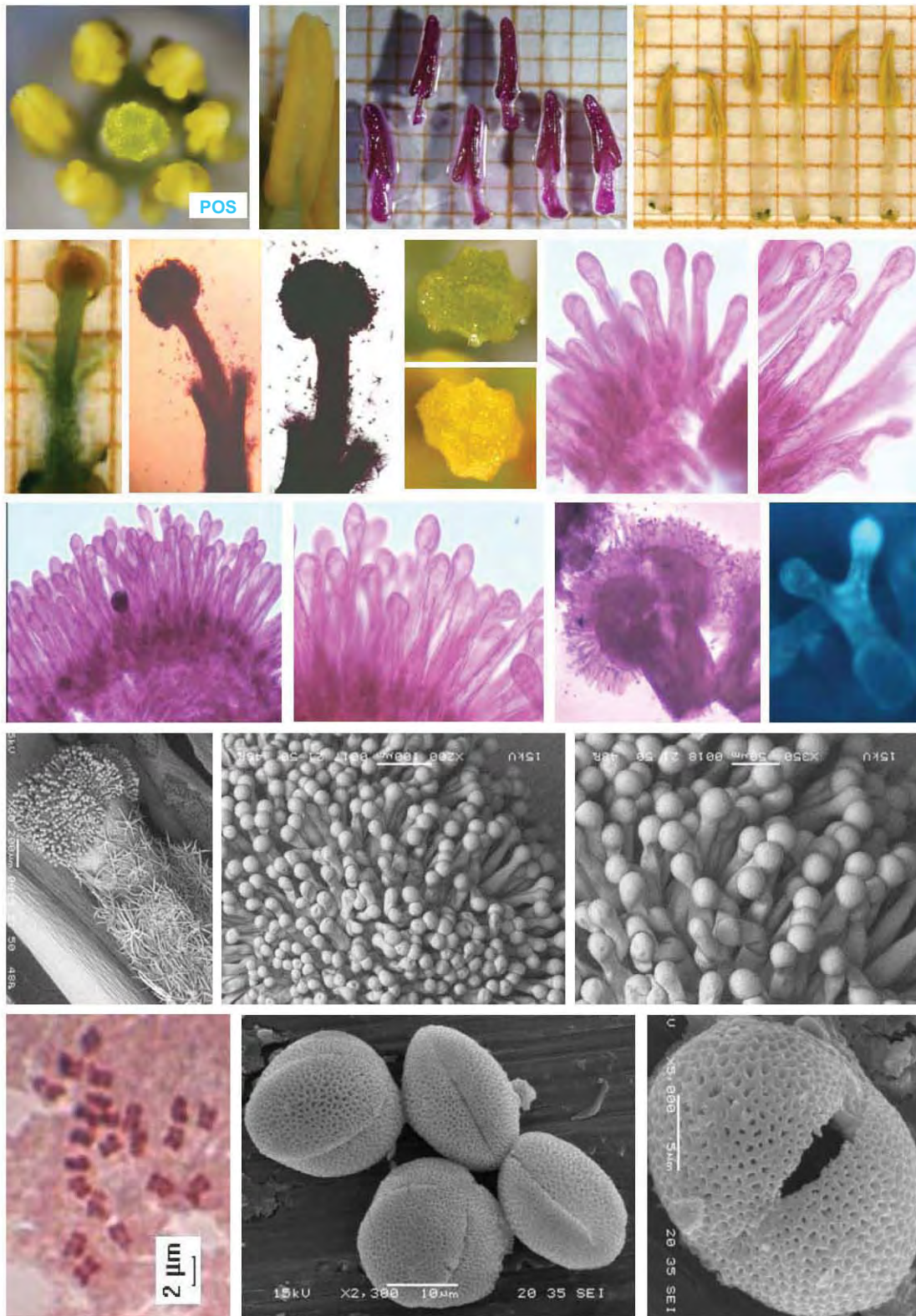












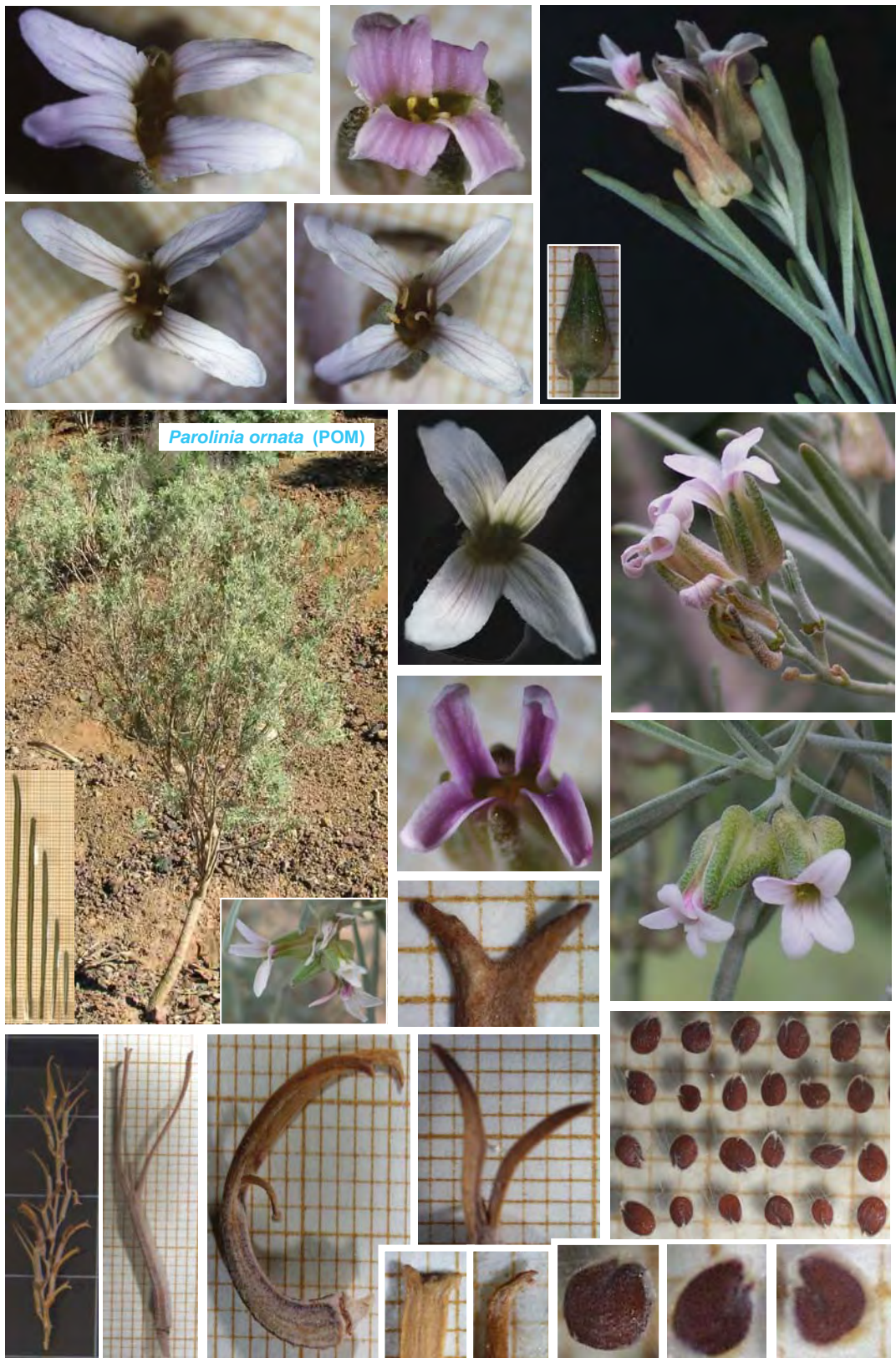












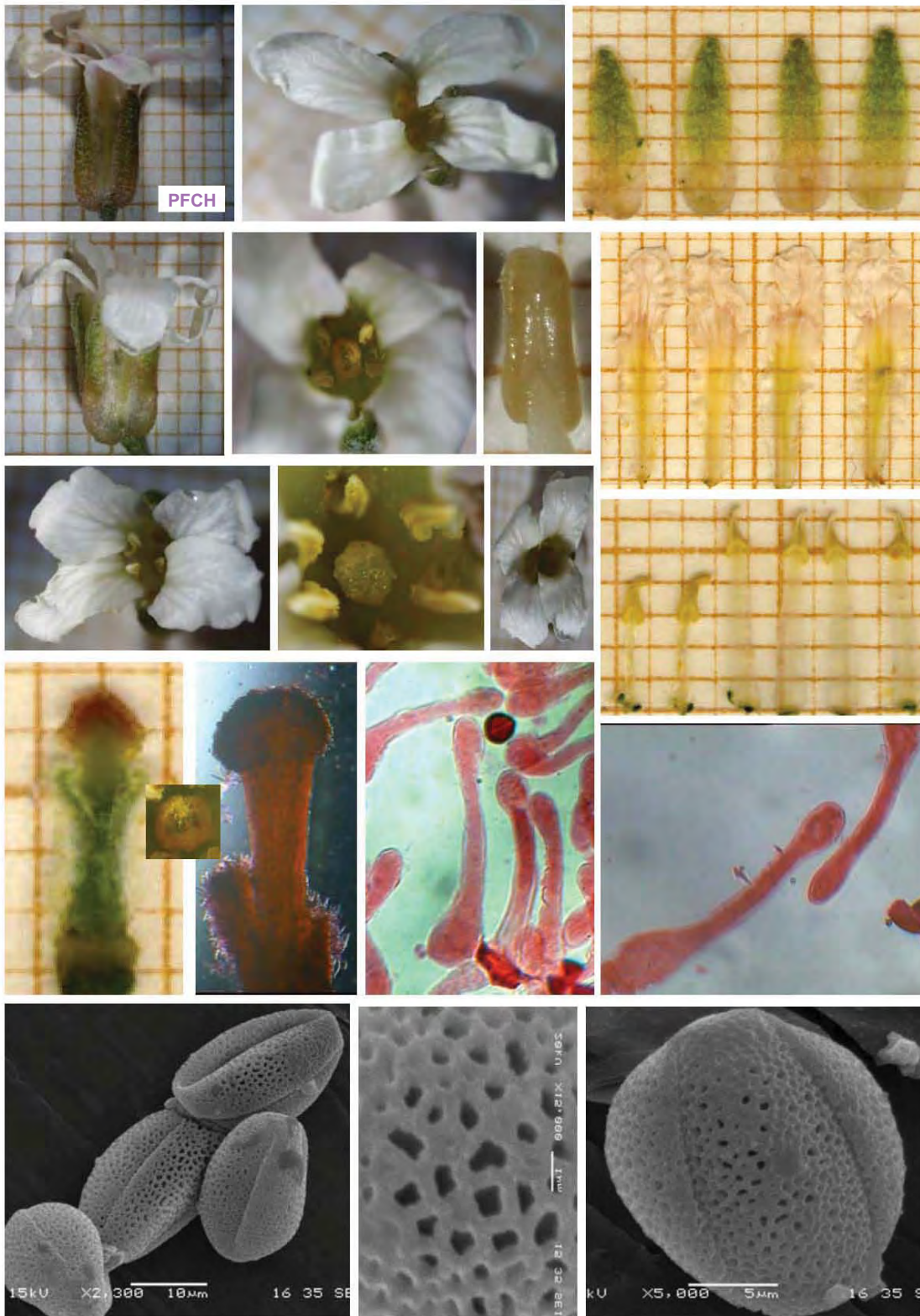






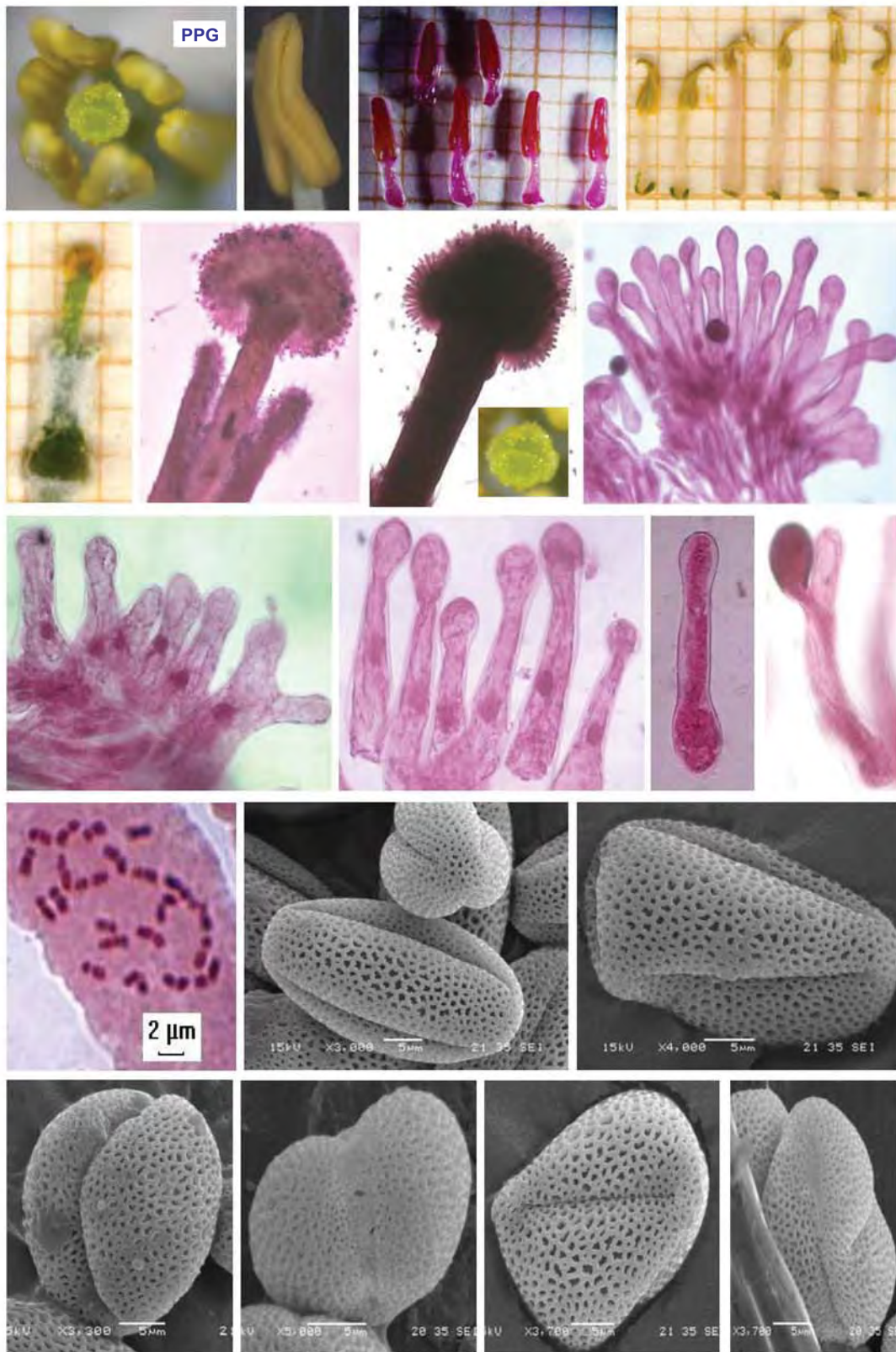




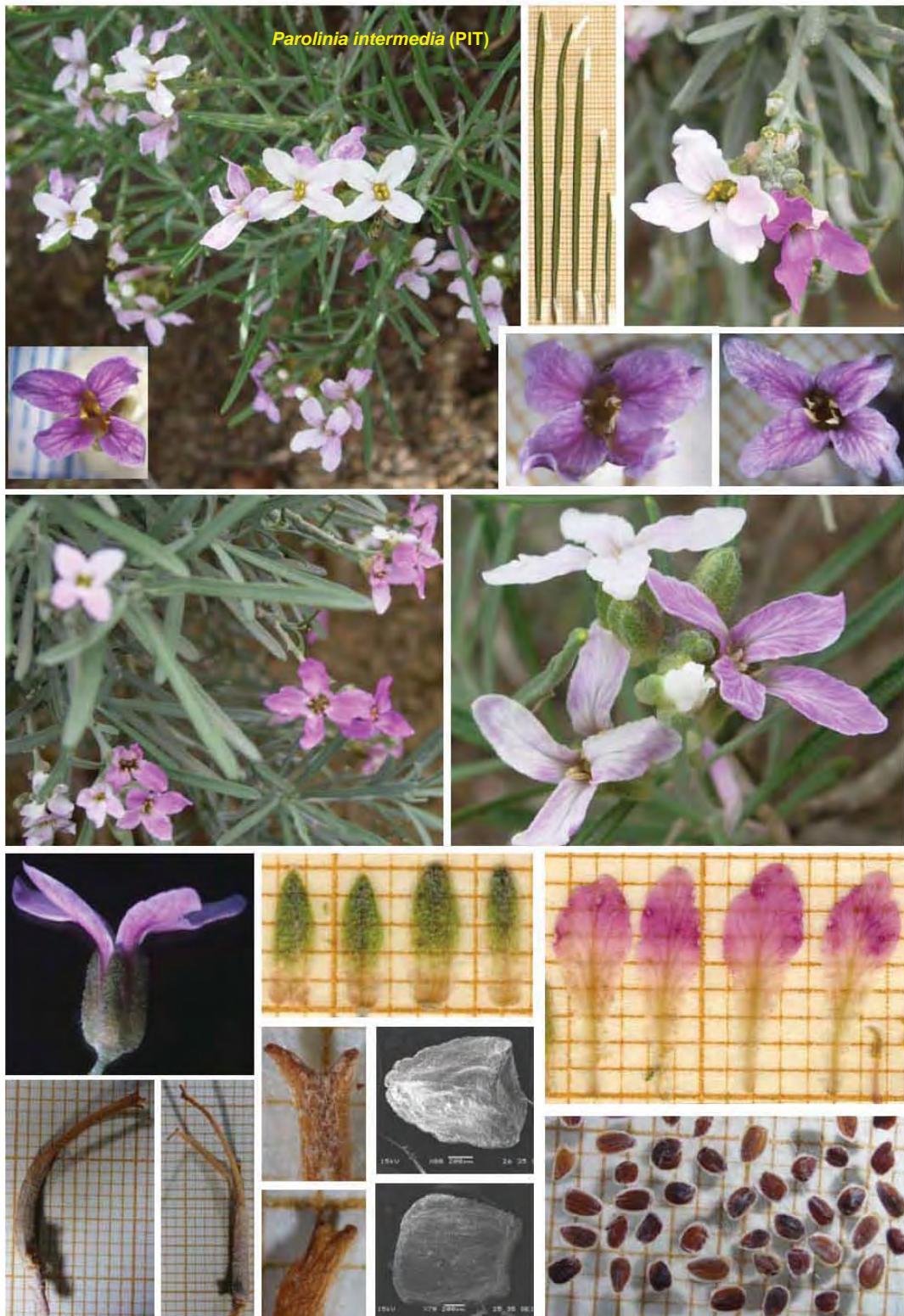




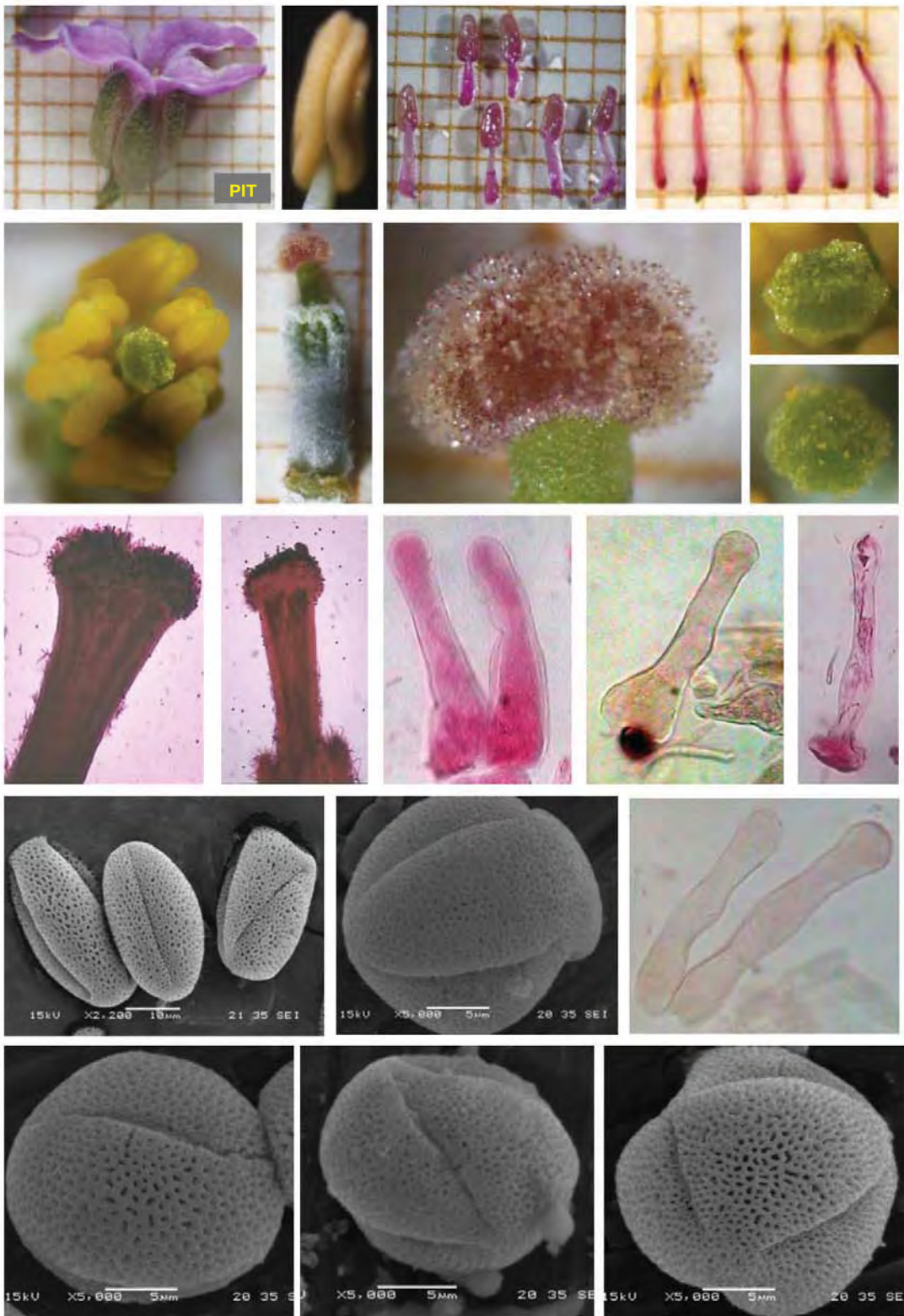




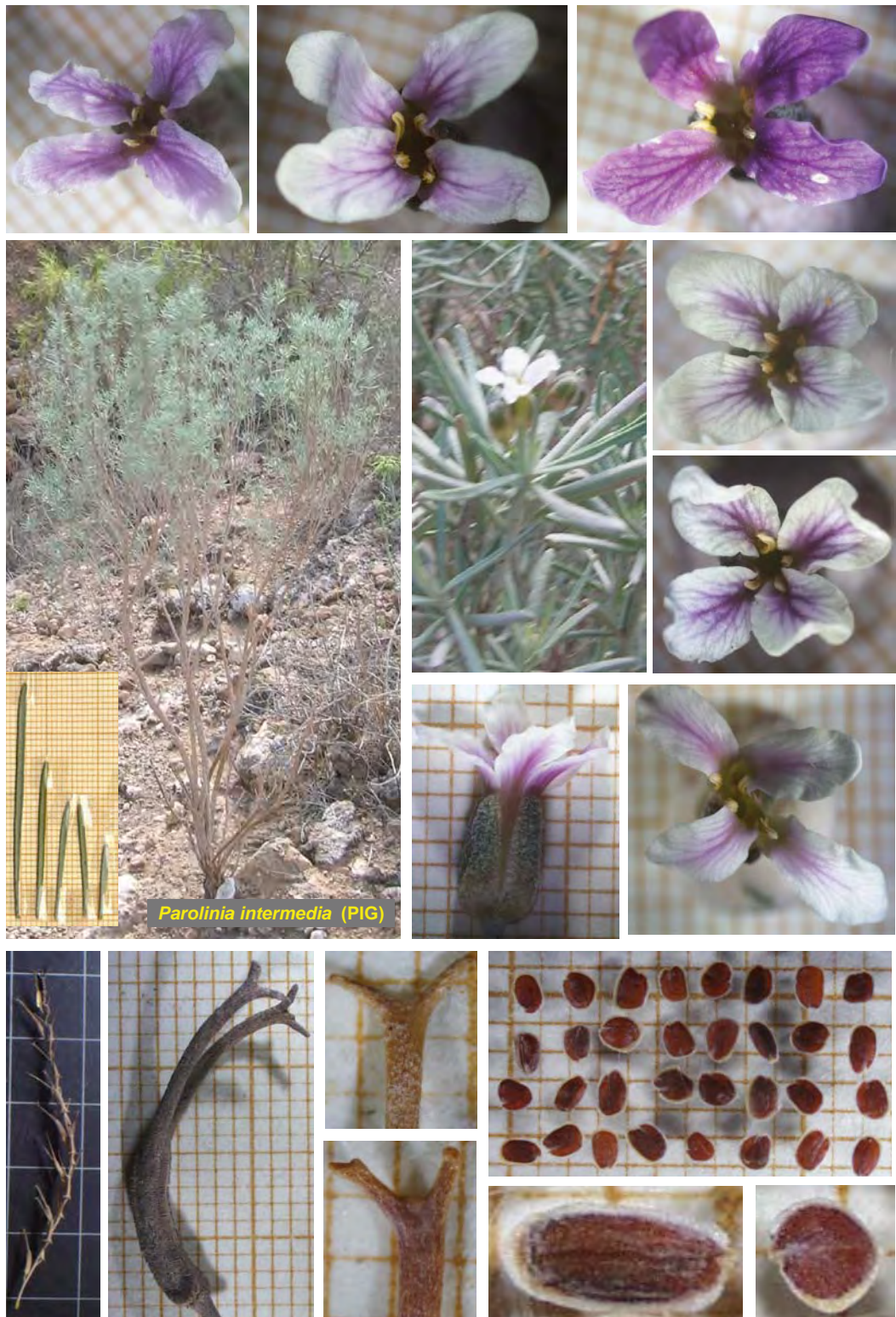




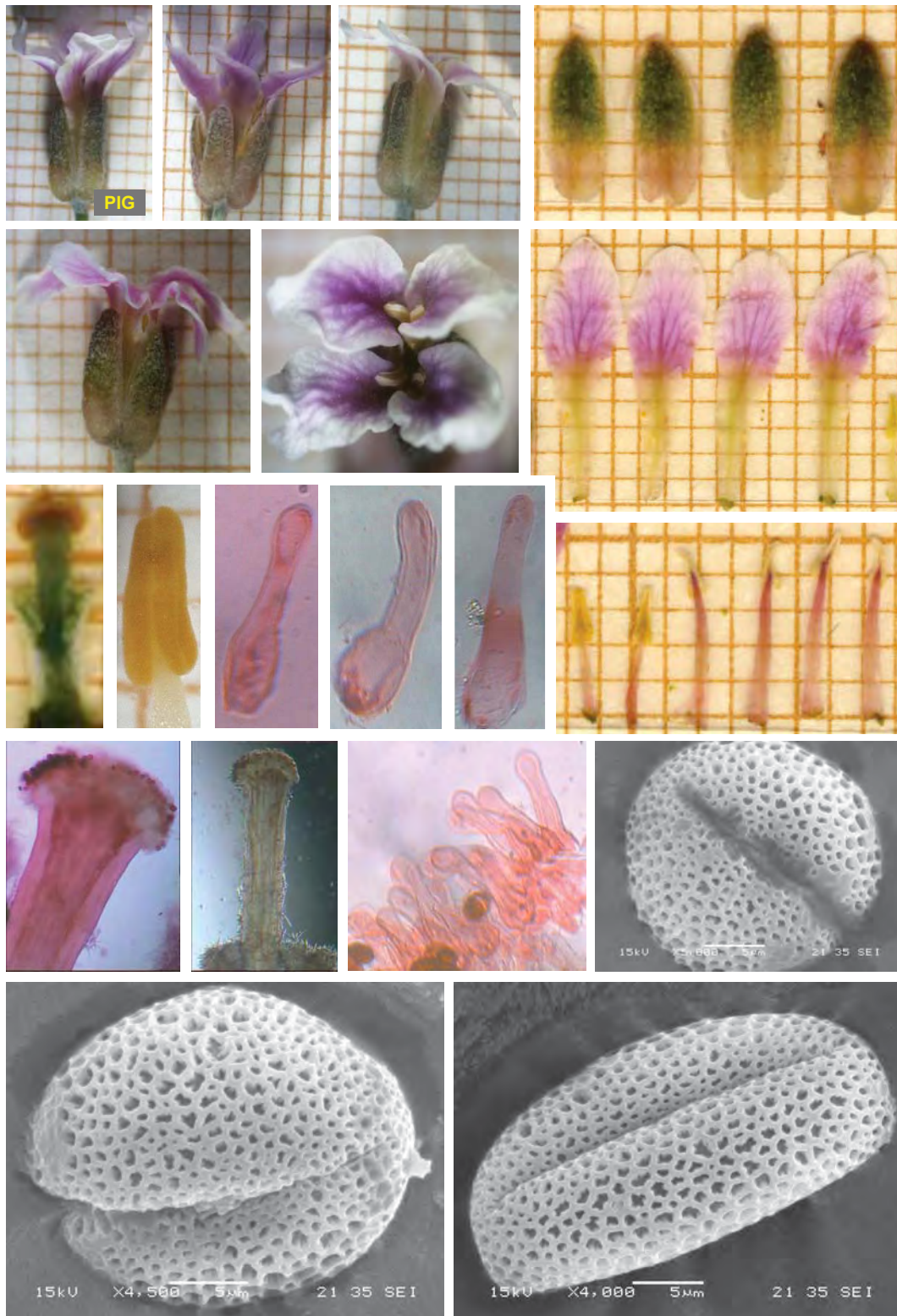
Discusión y conclusiones







Discusión y conclusiones

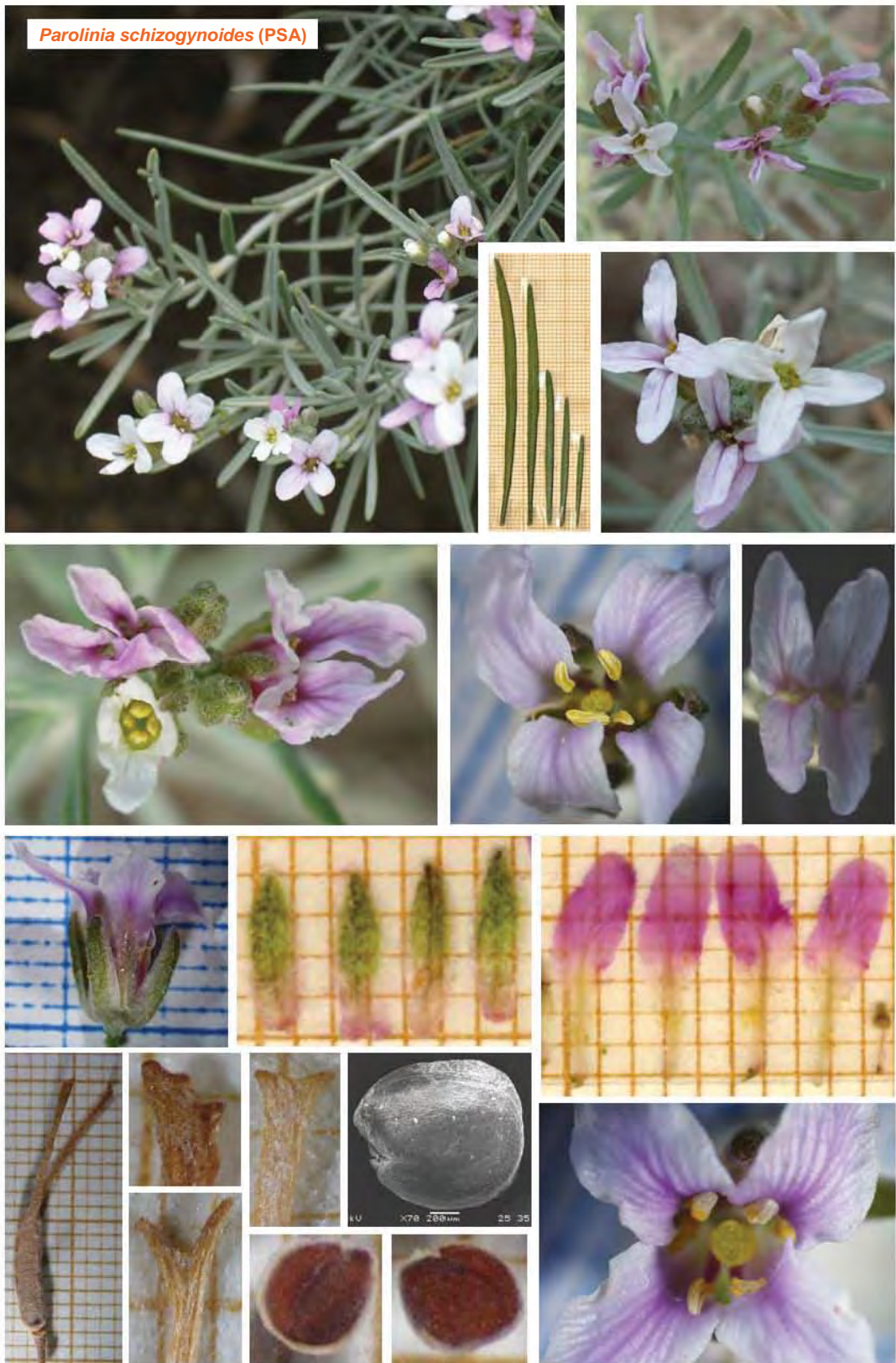




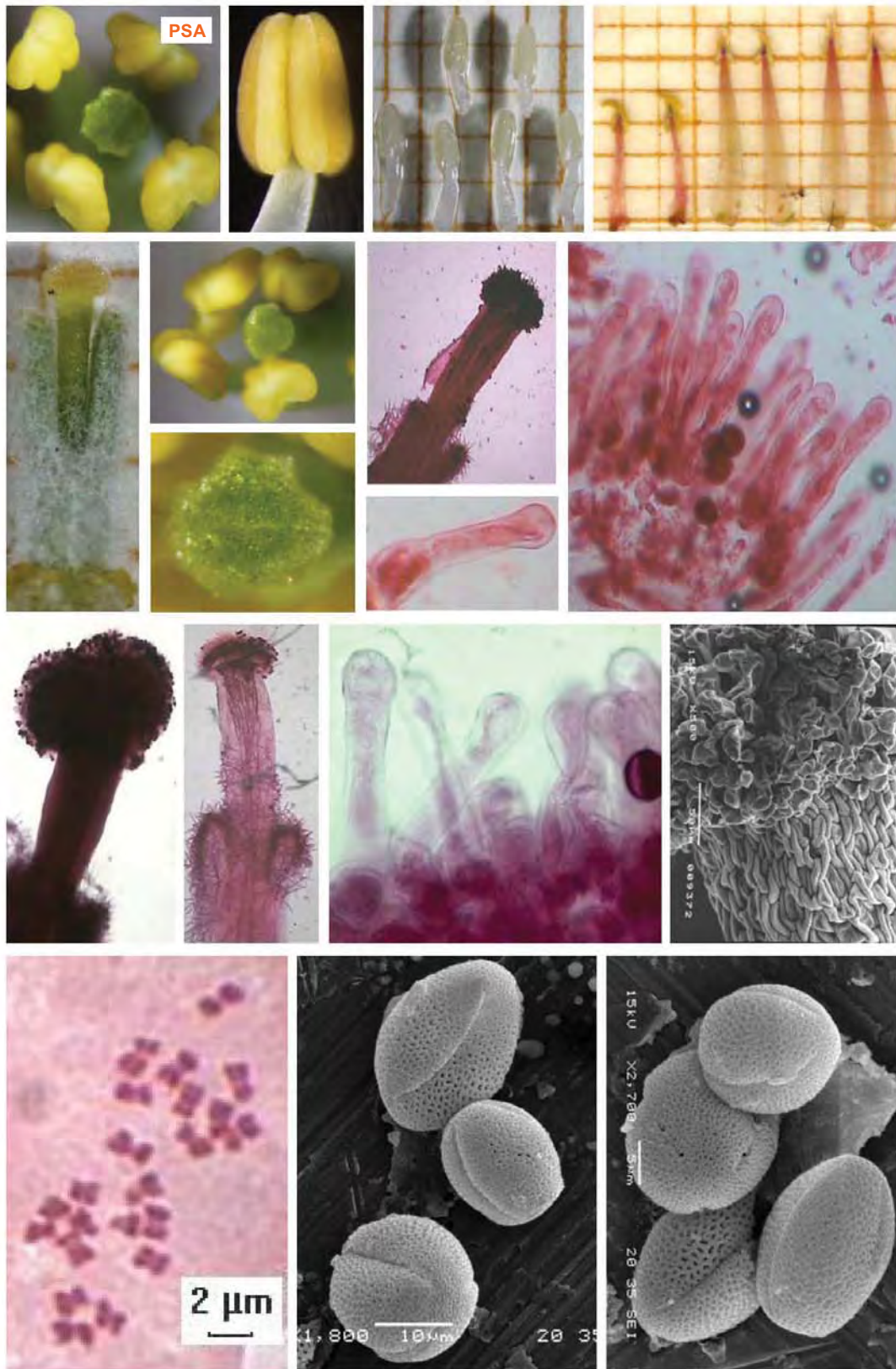






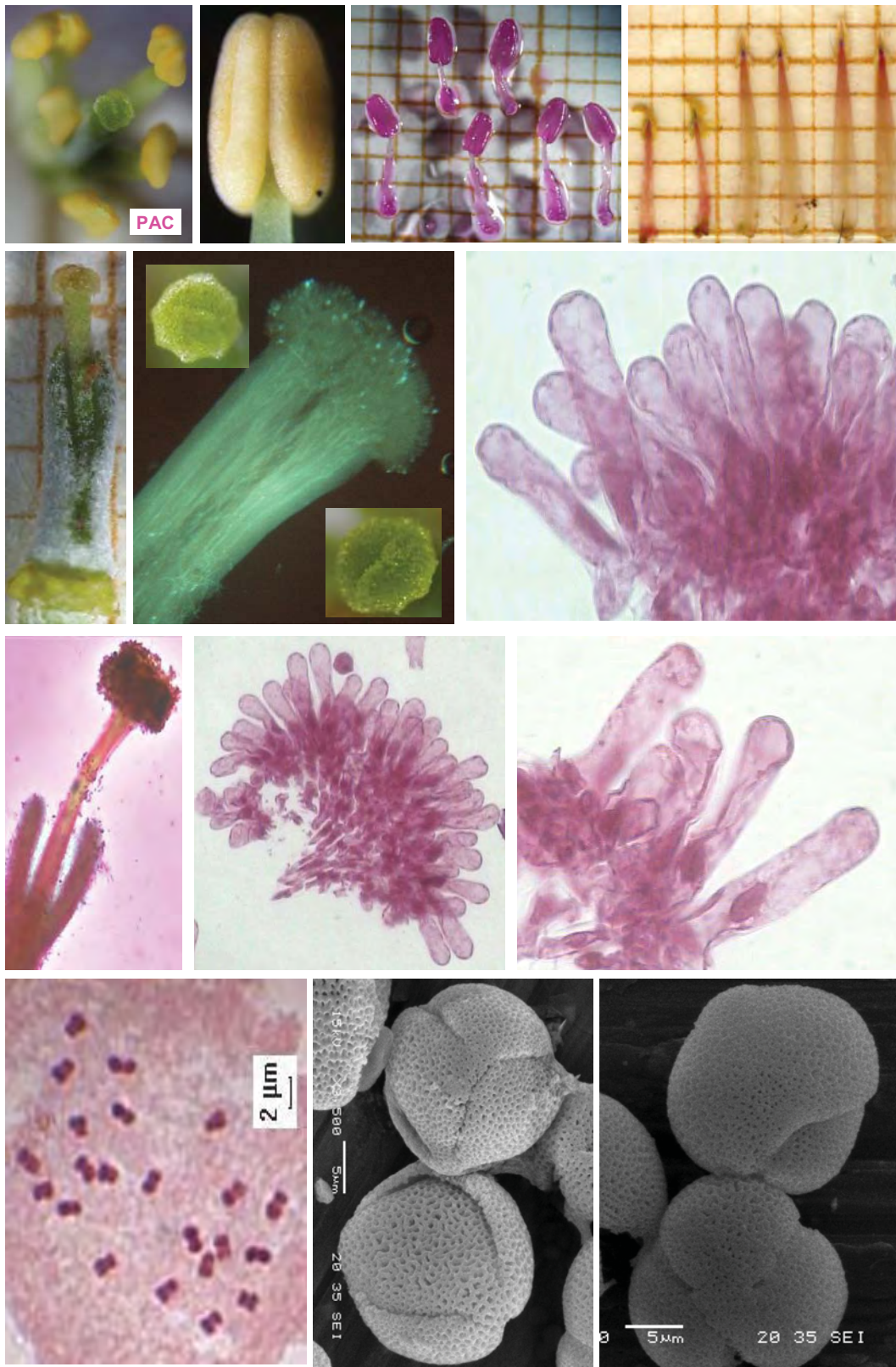




















## V. CONCLUSIONES

---

### 1. FENOLOGÍA ESTACIONAL Y FLORAL

En *Parolinia* la homogeneidad estacional en todas las especies del género acerca del tiempo, duración y frecuencia de los periodos de *floración* y *fructificación*, parecen predecir que el *ciclo vital*, además de estar determinado filogenéticamente, está directamente influenciado por factores climáticos como la pluviometría, donde el régimen irregular de precipitaciones en las islas actúa como detonante estacional de la floración, influyendo más la temperatura en la longevidad o desarrollo de la flor.

#### Fenología estacional o ciclo vital

En el *ciclo vital* de *Parolinia*, se han observado *dos picos de floración* anuales (otoño y primavera) íntimamente ligados al régimen de lluvias, aunque la segunda floración no suele presentar la misma intensidad que la primera. Los periodos de fructificación precedidos por los de floración, suelen quedar inmersos en las dos paradas vegetativas anuales, con *yemas latentes*, frutos verdes y maduros, principalmente en el periodo estival, donde tiene lugar preferentemente, la maduración y dispersión de las semillas. El *crecimiento vegetativo* se produce casi simultáneamente con el *periodo reproductivo* de manera que los individuos pueden presentar primordios *foliares* que coexisten con *yemas activas*, *flores*, *frutos verdes* y *maduros*. Las *yemas latentes* inactivas, que activan su desarrollo con las primeras lluvias del otoño, se interpretan como un mecanismo de floración inmediato y explosivo, en el que las plantas acortan ostensiblemente el desarrollo de flores.

Ante el actual contexto de *cambio climático*, se hacen necesarios estudios fenológicos para valorar la influencia de las *variables ambientales* en las distintas fases del *ciclo vital* de las especies canarias, principalmente los periodos de floración, considerados los estadios más lábiles y críticos del *ciclo vital*. La valoración de la sensibilidad ante la temperatura, pluviometría con referencias a *épocas pasadas* y de otros factores bióticos isleños, permitiría predecir y posiblemente, evitar, algunas de las consecuencias nefastas que agravarían el riesgo de extinción.

#### Fenología floral o desarrollo de la flor y fructificación

En *Parolinia* la longevidad de la flor o duración del *ciclo floral*, parece estar fijada genéticamente aunque influida por la temperatura, con tendencia a alargarse en los periodos más fríos y húmedos, y acortarse en los meses estivales más cálidos y secos, pudiendo oscilar entre unos 7 y 10 días, según poblaciones.

- En el **desarrollo de la flor** de *Parolinia* se han establecido ocho *estadios fenológicos*, aunque los patrones pueden cambiar ligeramente según las especies: **E1:** *botón cerrado*, **E2:** *botón abierto*, **E3:** *flor joven inmadura con los pétalos no expandidos*, **E4:** *flor con los pétalos expandidos* y comienzo de la *dehiscencia de anteras* o fase *masculina con androceo expuesto*. **E5:** *flor masculina* con dehiscencia generalizada y *exposición del androceo y gineceo cubiertos de polen*. **E6:** *flor femenina por excelencia* con estigmas receptivos en todas las poblaciones y *cambio de color* del androceo y gineceo. **E7:** *Flor femenina con gineceo más expuesto e inicio de marchitez*. **E8:** *flor marchita con pérdida de verticilos* (según el viento) conservando exclusivamente el gineceo que se convertirá en fruto.

Como en otros grupos vegetales, las distintas manifestaciones de la *flor* de *Parolinia*, a lo largo de su desarrollo, pueden ser interpretados como síndromes de *polinización* en los que la selección ha actuado favoreciendo el *reclamo* a los insectos (disponibilidad del polen) con el fin de asegurar la fecundación:

- *Parolinia* refuerza la idea que la *exposición secundaria* de polen en el *estigma* como órgano suministrador, es un síndrome de polinización relacionado con taxones alógamos donde se evitan las *interferencias* androceo-gineceo por ***dicogamia*** (protandria) y se impide la auto-fecundación por mecanismos de auto-incompatibilidad. En este sentido la *dicogamia* por *protandria* en *Parolinia* refuerza las hipótesis que señalan a la *dicogamia* como mecanismo destinado a evitar las *interferencias* androceo-gineceo más que a evitar la auto-fecundación. Asimismo, la *dicogamia incompleta* de *Parolinia* (*protandria*) refuerza las últimas hipótesis donde las flores para evitar la *interferencia* polen-estigma: retrasan primero el gineceo y luego apartan el androceo: en un primer momento cuando se expone el polen en las anteras, el estigma todavía no es receptivo y también está cubierto de polen. Cuando se vuelve receptivo, las anteras, a medida que se vacían, se mueven alejándose del estigma para no obstaculizar el acceso de los polinizadores, a modo de *hercogamia* tardía.

Estos cambios y movimientos observados en las anteras (*androceo*) de *Parolinia* después de liberar el polen, se interpretan también como una forma de evitar *interferencias* con el gineceo favoreciendo un mejor acceso de los polinizadores al estigma receptivo. Se observan cuatro tipos de movimientos según la disposición y forma de las *tecas vacías*. Estos movimientos pueden o no ser simultáneos, consecutivos, y/o variar según taxones: i) *Recurvamiento* de los ápices que puede afectar a toda la antera. ii) *Giro horizontal* de la antera respecto a su filamento estaminal, que puede ser *incompleto* (*en L*) cuando solo la porción apical de las teclas gira horizontalmente, y *completo* (*en T*) cuando el giro afecta a toda la antera. iii) *Enrollamiento helicoidal* a lo largo del eje de la antera. iv) Separación progresiva de la porción libre (basal) de las teclas ya vacías a modo de *T invertida*.

- Las flores de *Parolinia* se encuentran agrupadas en una pequeña ***inflorescencia*** o *racimo* con desarrollo acrópeta (desde la base al ápice), donde pueden coexistir desde flores marchitas en la base, a flores maduras femeninas (más coloreadas) y flores jóvenes masculinas (más blancas) junto con botones y yemas en el ápice. En estas *inflorescencias* con *dicogamia interfloral asincrónica* no se evita la posible auto-fecundación entre sus flores (geitonogamia) toda vez que hay indicios de auto-polinización en algunas de sus poblaciones. En los picos de floración, las flores de las inflorescencias en fase femenina (generalmente más coloreadas), superan a las flores en fase masculina (generalmente blancas), lo cual puede constituir un síndrome de polinización que varía ligeramente según taxones, que favoreciendo la recepción de polen en el estigma, asegura el proceso de fecundación y formación de semillas.

- A nivel *individuo* la producción de inflorescencias tiene lugar por grupos, que se producen de forma sucesiva durante el mismo periodo de floración. La *dicogamia interfloral* en *Parolinia* ocurre de forma *hemisincrónica*, solapándose en parte las *fases masculina* y *femenina* de las flores e inflorescencias, permitiendo también la auto-polinización de la que hay indicios en algunos taxones. En contra de la idea tradicional *floricentrista* de la polinización (individualista), los apareamientos de individuos en *Parolinia* dependen de la exposición simultánea de flores en un individuo, que se puede considerar como posible unidad de polinización (*antio*).

- En todas especies de *Parolinia*, una vez transcurrida la *fecundación*, las ***silicuas*** con las *semillas* tardan en madurar unos 6 meses, pudiendo persistir en la planta hasta la *parada estival*, donde tiene lugar generalmente una diáspora explosiva (común en la familia)

con dispersión de semillas normalmente *anemócora* sin que se descarte una posible mirmecoría.

La superposición de los periodos de fructificación y floración implica que la planta tiene que compartir sus recursos entre la producción de flores y semillas. Esto implicaría y justificaría a su vez, que las especies de *Parolinia* pueden estar afectadas por periodos de *pérdida de vigor* en alguna de las fases del *ciclo vital* de sus individuos.

## 2. SISTEMAS DE CRUZAMIENTO Y EFICACIA REPRODUCTIVA

Según la estimación de los recursos florales de *ratio* Polen/Óvulo, todas las poblaciones de *Parolinia* se muestran *xenógamas obligadas* con diferentes niveles según la clasificación de CRUDEN (1977).

La interrupción de *tubos polínicos* en el estigma de *Parolinia* junto con la ausencia de *tubos polínicos* en el gineceo, confirma la naturaleza *esporofítica* del *Sistema de Auto-incompatibilidad Homomórfico*, típico de la familia Brassicaceae. La presencia de calosa en las papilas estigmáticas producto de la reacción de rechazo del polen no compatible, es propia del *Sistema de Auto-incompatibilidad Esporofítico Homomórfico* (SSI).

En este género presumiblemente diploide con  $x=11$ , no se ha observado ningún síndrome de *agamospermia*, ni presencia de propagación clonal (apomixia).

### Atributos y recursos florales, tasas de alogamia y niveles de auto-incompatibilidad

Las fuertes correlaciones entre los distintos *atributos florales*, *índices ISI de auto-incompatibilidad* y *tasas de autogamia*, señalan que las *flores* más cerradas de anteras *grandes* con más pólenes, estigmas más anchos y pétalos más largos, son propias de los taxones *más compatibles* con alguna posibilidad de *autogamia* (PO y PP), de manera que, son las *flores* abiertas de anteras cortas *con menos pólenes* y estigmas *más estrechos* las que se manifiestan más asociadas a la *auto-incompatibilidad* y *alogamia* (PG, PI, PS y PA).

Como excepción hay que poner de manifiesto que *P.platypetala*, a pesar de sus flores cerradas, grandes anteras, cálices y óvulos más cercanos a *P.ornata*, baja el *número de pólenes* y en este aspecto, se sitúa junto al otro grupo de especies con menor *ratio P/O*, flores más abiertas y atributos florales más pequeños.

- Las **discrepancias** entre las tasas de *alogamia* según *ratios P/O* y *sistemas de auto-incompatibilidad* observadas según los *cruces experimentales* en *Parolinia*, se podrían fundamentar en la distinta *tasa de mutación* entre los caracteres de los recursos y atributos florales y el *polimorfismo* del *locus S* o variabilidad de alelos en la población, donde además pueden intervenir factores de *carácter ambiental* con alteraciones de la **talla poblacional** que también involucran a los alelos *S*. Otra explicación de la fuerte correlación en *Parolinia* del *número de granos* por flor y longitud de las *anteras* y ancho del estigma, que refleja una mayor producción de polen en las especies con anteras más grandes, podría estar dirigida hacia un incremento del reclamo floral a **polinizadores**, que justificaría el excedente de polen sin tener que aumentar forzosamente la tasa de *xenogamia*.

- Los distintos niveles de *auto-incompatibilidad* observados en *Parolinia* están en consonancia con la posibilidad y frecuencia de *cruzamientos mixtos*, que según la mayoría de los autores, justifican los distintos niveles de *auto-incompatibilidad* dentro de un mismo género, asociado unas veces al polimorfismo del *locus S* (cuello de botella) o a fenómenos de

*dominancia* y *codominancia* entre los alelos de la población según procedan del polen o del estigma, como se ha revelado en otras Brassicaceae, sin omitir la posibilidad de *mutación*.

- Asimismo los distintos niveles de *auto-incompatibilidad* de *Parolinia* como grupo de especies *fundamentalmente xenógamas* que permiten en principio alguna posibilidad de *autogamia* y por tanto **apareamientos mixtos** están en consonancia con la idea que muy pocas especies se pueden calificar de completamente *autógamas* o *xenógamas*, considerando la incidencia de *autogamia* como una estrategia o mecanismo, que garantiza la progenie. Estas especies y poblaciones *alógamas* (donde se incluye *Parolinia*) favorecen la *auto-fecundación*, cuando factores ecológicos o ambientales reducen o ponen en peligro los *apareamientos* entre individuos, situaciones habituales después de un evento colonizador o catástrofe ambiental con poblaciones pequeñas, aisladas y fragmentadas frecuentes en las floras isleñas.

*Parolinia* como otros géneros de Canarias (*Argyranthemum*, *Sonchus* y *Tolpis*) podría constituir pues, un ejemplo que confirmaría la generalización de los *cruces mixtos* y una de las excepciones a la ley de Baker (*leaky self-incompatibility* o *pseudo-auto-compatibilidad*) donde la llegada a las islas de un taxon auto-incompatible puede permitir circunstancialmente la auto-polinización o *autogamia* (*pseudo-auto-compatible*) y diversificar después de su llegada.

Se refuerza además la idea que los distintos niveles de *pérdida de vigor* en las poblaciones naturales, son los responsables de la alternancia o evolución de los sistemas de cruzamiento (*auto-xenogamia*), permitiendo los *cruzamientos mixtos* e indicando que *Parolinia*, *fundamentalmente xenógama*, puede poseer la capacidad de desarrollar situaciones con ligera incidencia de *autogamia*.

### **Sistemas de cruzamiento, eficacia reproductiva y pérdida de vigor en las poblaciones naturales**

Los datos de *eficacia reproductiva* y los niveles de *pérdida de vigor* en las poblaciones de *Parolinia*, evidencian que, a mayor *pérdida de vigor* mayor índice de *alogamia*, menor porcentaje de frutos y silicuas con valvas más pequeñas. Asimismo se podría decir que las cicatrices en las infrutescencias de *Parolinia* están más relacionadas con la falta de vigor y no constituyen una evidencia indirecta de auto-incompatibilidad.

Se pone de manifiesto que las poblaciones más compatibles en *Parolinia* producen normalmente más cantidad de *semillas*, y que la abundancia de *silicuas* con valvas pequeñas (en poblaciones donde coexisten con las grandes), podría ser una manifestación de *pérdida de vigor*. Asimismo en *Parolinia* el porcentaje máximo de producción de **semillas** por *silicua* depende mucho más del *número de óvulos* por flor (valva) que de las longitudes de las *valvas*, siendo siempre superior en las mayores.

Todas las poblaciones naturales de *Parolinia* presentan niveles de **pérdida de vigor** en fases **tempranas** del ciclo vital o *progenie* (germinación de semillas y establecimiento de plántulas) que además se encuentran en los rangos establecidos ( $\delta \geq 0.53$ ) por varios autores para especies predominantemente *xenógamas*. *Parolinia* como especie preferentemente *alógama* y *auto-incompatible* posee *ratios* de fecundidad relativamente bajos pudiendo agravarse en las poblaciones pequeñas, con menos alelos S, cruces fértiles y escasa producción de semillas, aumentando así el riesgo de extinción.

No obstante los porcentajes de semillas obtenidos muestran que ninguna población de *Parolinia* se encuentra en la *zona roja de extinción* (<5%) de WIENS *et al.* (2002) lo cual no



significa que se deba excluir de las *listas rojas* y *planes de recuperación*, dada la tremenda fragmentación y fragilidad de algunas de sus poblaciones (de gran incidencia antrópica por el turismo).

### 3. DIVERSIDAD GENÉTICA, SISTEMAS DE CRUZAMIENTO Y ESTRUCTURA DE LAS POBLACIONES NATURALES

La presencia generalizada de *duplicaciones genéticas* en Brassicaceae tanto en taxones diploides como poliploides, sugiere que los patrones complejos de *bandas múltiples* en *Parolinia* (donde no se descarta un origen aloploiploide muy antiguo) se puedan considerar como evidencias indirectas de *duplicaciones genéticas* apoyadas por: (i) detección de más *loci* de los esperados (MDH y PGM), (ii) aparición de más *electromorfos* (alelos) de los esperados (MDH, PGI y PGI) y (iii) presencia de *heterocigotos asimétricos* o heterocigotos con bandas de intensidad desigual (IDH, MDH, PGI y PGM). Asimismo, la presencia de *bandas fantasmas* se ha considerado también como *evidencia indirecta* de *duplicaciones* asociadas a posibles *silenciaciones*.

En *Parolinia*, grupo de especies *fundamentalmente xenógamas*, los parámetros básicos de *variabilidad genética* indican niveles de diversidad genética considerablemente más altos que los niveles poblacionales proporcionados por HAMRICK & GODT (1996) para endemismos y taxones alógamos y en sintonía con FRANCISCO-ORTEGA *et al.* (2000) para taxones canarios.

En Brassicaceae los análisis de este trabajo revelan que los niveles de diversidad genética dependen en primer lugar del sistema de cruzamiento (SSI) y en segundo lugar del número de cromosomas ( $2n$  y  $x$ ). La talla poblacional, como el rango geográfico muestran poca incidencia sobre los niveles de diversidad genética en los géneros analizados (excepto coeficiente  $F$ ). Estos resultados refuerzan las hipótesis previas que señalan a la *filogenia* (historia evolutiva) responsable de los *sistemas de cruzamiento*, que en este grupo de géneros, determinados por el *sistema de auto-incompatibilidad esporofítico homomorfo* (SSI) propio de la familia, inciden directamente en la configuración de la diversidad genética, junto con el *número de cromosomas*. En *Parolinia* estos análisis ponen de manifiesto que el *sistema de auto-incompatibilidad* propio de la familia (SSI), es el principal responsable de los niveles de variabilidad genética, que dependen en segundo lugar de la *talla poblacional*, aunque, como en otros grupos taxonómicos, no siempre las poblaciones más *grandes* poseen mayor diversidad genética de acuerdo a las hipótesis previas.

Por tanto se puede concluir de acuerdo con hipótesis anteriores que el patrón de diferenciación genética observado en taxones isleños, no es una característica *isleña per se*, sino que depende de su *historia evolutiva* y *filogenia* de los taxones, que a su vez determina los *sistemas de cruzamiento y estructuración de las poblaciones naturales* pudiéndose modelar por otros factores intrínsecos (cromosomas) y/o abióticos o extrínsecos.

#### Diversidad genética y sistemas de cruzamiento

Desde el punto de vista genético, la mayoría de las poblaciones naturales (11) de *Parolinia* se califican como *fundamentalmente xenógamas* con posibilidad de *autogamia* en 6 de ellas, *contemplándose* por tanto la posibilidad de *crucamientos mixtos* (*autogamia* y/o *alogamia*) donde los distintos modelos de apareamiento entre individuos, con indicios de

*autogamia*, se interpretan como un estado alternativo estable en algunas poblaciones que mantiene el equilibrio y la talla poblacional. A excepción de *P.glabriuscula* (PG) se puede considerar que las poblaciones de *Parolinia* presentan indicios de auto-polinización o *autogamia* que desde POM iría disminuyendo gradualmente (PIT, POA, POVE, POS, PIA, PFT, POV, PFA, PFI, PSA, PAC y PIG) hasta las poblaciones menos *autógamas* (PPG y PFS) calificándose genéticamente como más *alógamas* a PFCH y PGB con menor implicación de *autogamia*.

No obstante, según los indicios de *autogamia* detectados en algunas poblaciones, las tasas de *autogamia* obtenidas según los *cruces experimentales* (índice ISI y tasa S) y parámetros genéticos (*F*), no confluyen con la misma intensidad en las mismas poblaciones y no coinciden en las islas. Estas **discrepancias** en los resultados de las tasas de *autogamia* según la forma directa de los *cruces experimentales* y la indirecta por aloenzimas, pueden estar revelando como suele ser frecuente (RICHARDS, 1997) que además de la *talla poblacional* (que no siempre es determinante), pueden estar interviniendo relaciones de **dominancia** y **codominancia** entre los distintos **alelos S** de *incompatibilidad* (propia del SSI), según se encuentren, en el polen o en el estigma, respectivamente.

- Según los datos de *aloenzimas* en *Parolinia* no se detecta **pérdida de vigor** en los individuos **adultos** de las poblaciones, poniéndose de manifiesto además, la *congruencia* con los datos obtenidos en la *eficacia reproductiva* de las poblaciones, que además confieren una información complementaria. Esta ausencia de *pérdida de vigor* en los individuos adultos de las poblaciones, evidencia que la *pérdida de vigor* detectada en la progenie o fases tempranas del *ciclo vital* (germinación de semillas y establecimiento de plántulas) ha sido suficiente para eliminar los *alelos perjudiciales* de la población, y que además, se encuentran en los rangos establecidos para las especies predominantemente *xenógamas* ( $\delta \geq 0.53$ ).

- *Parolinia* grupo de especies y poblaciones *fundamentalmente xenógamas*, posee la capacidad de desarrollar situaciones con ligera incidencia de *autogamia*, reforzando la idea que los distintos niveles de *pérdida de vigor* en las poblaciones naturales, pudieran ser los responsables de los niveles de *autogamia*, permitiendo eliminar los alelos perjudiciales en homocigosis y alcanzar el equilibrio y mantenimiento de las poblaciones naturales de *Parolinia* mediante la alternancia de los sistemas de *cruzamiento*.

Las discrepancias entre las tasas de *autogamia* y *alogamia* obtenidas en los capítulos II (Sistemas de Cruzamiento) y III (Diversidad Genética) se pueden explicar por situaciones diferentes en los *apareamientos de individuos*, donde pueden intervenir situaciones heterogéneas de *talla poblacional* y relaciones de *dominancia genética* entre alelos S, según se encuentren en el polen o en el estigma, que puede incidir directamente sobre las tasas de *alogamia* y niveles de diversidad genética.

### **Diversidad y estructura genética ( $G_{ST}$ ), flujo génico ( $Nm$ ) y relaciones taxonómicas. Factores abióticos implicados en el mantenimiento y evolución de las poblaciones**

En *Parolinia*, la alta *identidad genética* y la escasa *distancia y diferenciación inter-poblacional* de las especie (*P.filifolia* y de *P.ornata*) refleja la gran cohesión entre poblaciones co-específicas (a excepción de *P. intermedia*) en sintonía con otras especies vegetales, así como la identidad entre congéneres, aunque en otras islas estas identidades suelen ser mayores (WITTER & CARR (1988) y CRAWFORD (1989).

La mayoría de las poblaciones naturales de *Parolinia* presentan alguna manifestación de *deriva genética*, aunque algunos autores consideran también que los alelos fijados

pueden ser una manifestación de la intervención de fuerzas selectivas. Como consecuencia se podría señalar que las fuerzas responsables de la mayor parte de la *variabilidad genética* detectada para determinadas poblaciones, podría posiblemente ir asociada a un *aislamiento* lo suficientemente prolongado para el establecimiento de *mutaciones* con posible intervención de la *deriva genética* por *efecto fundador* sobre *alelos raros*, sin descartar una posible intervención de las *fuerzas selectivas*.

La aparición de *alelos exclusivos* pues en poblaciones teóricamente más recientes (Caldera de Bandama, Teno bajo en Tenerife y El Charco Verde en La Palma) se considera más asociada a *variantes alélicas raras* de frecuencia baja, favorecidas por la *deriva* (fragmentación) que a un aislamiento prolongado producto de las *mutaciones*, que no se descarta, si se contempla la posibilidad de *flujo génico histórico* “mantenido” a través de los tiempos en algunas poblaciones de *Parolinia*.



1º. El aislamiento entre los dos grandes complejos de Gran Canaria (**PF** y **PO-PP**) que se relacionan en las gráficas a través de PG (PFI-PG-PP).

2º. Integración genética de **PFCH** en PF con la que intercambia *flujo génico* además de compartir todos sus alelos y estar reforzada por la *filogenia molecular*.

3º. Se pone de manifiesto la importancia de **PF** de Gran Canaria como complejo crucial más cerca del ancestro del género, en la conexión de poblaciones, taxones e islas: (i) con Gran Canaria (PFI-PG-PP-POS) que a su vez conecta lejanamente con Tenerife (PG con PIA y PIG), y con las otras islas como la Palma (**PA-PFI**) y La Gomera (**PFCH-PS**).

4º. Disgregación de **PI** (Tenerife) con Teno más relacionado a PO (PIT-POM) y con PIA y PIG, lejanamente conectadas con PG de Gran Canaria.

5º. **POA** y **POVE** poblaciones muy separadas geográficamente del NO y SO de Gran Canaria (Agaete y Veneguera) se manifiestan genéticamente relacionadas, intercambiando *flujo génico* y funcionando como un complejo más o menos independiente. POVE se

relaciona con Mogán (POM) cercana geográficamente, con flujo génico (en principio actual) y también intercambia *flujo génico* con PFA (La Aldea) población geográficamente distante más cercana a POA. Por tanto ambas poblaciones (POVE-POA) además de estar genéticamente relacionadas, se encuentran morfológicamente integradas en el complejo poblacional de PF.

6º. El intercambio notable de *flujo génico* entre POA y POVE y por otro lado entre PFT y PFS (Tasartico y Siberio) separadas geográficamente en el mismo sector de la isla, las sitúa entre los posibles ejemplos de *flujo génico histórico* “mantenido” a través de los tiempos, destacando que además se trata de un conjunto de poblaciones fundamentalmente ubicadas en las zona geológicamente más antiguas de Gran Canaria y teóricamente menos sujetas a episodios volcánicos posteriores, que permitieron una cierta estabilidad ambiental y por tanto, intercambio de *migrantes*. Este hecho justifica la manifestación actual de *flujo génico* entre POVE-POA y PFS-PFT.

El análisis de 12 *loci* con la exclusión del *locus Acp-2*, reforzaría la existencia de *flujo génico histórico* toda vez que justificaría la conexión entre el complejo PF y PO por medio de Mogán e Inagua (POM-PFI) que a su vez vincula a Tasartico (PFT) con Siberio (PFS).

La presencia de *flujo génico Nm* entre algunas poblaciones de *Parolinia* que sugieren *intercambio de migrantes* (polen/semillas), se sustenta biológicamente por el gran poder de dispersión de las semillas aladas a pesar de los barrancos, cuya orografía no ha constituido al parecer un aislamiento insalvable.

#### 4. DIVERSIDAD MORFOLÓGICO-REPRODUCTIVA. MICRO-MARCADORES DE BIODIVERSIDAD

El análisis de la diversidad morfológico-reproductiva refuerza estadísticamente las correlaciones entre determinados caracteres o atributos florales y el ratio P/O (tasas de xenogamia) o evaluación indirecta de los *sistemas de cruzamiento*, ya comentadas, que se pueden interpretar como dos *tendencias evolutivas* en la flor de *Parolinia*, caracterizadas por la fuertes correlaciones (positivas y negativas) entre grupos de *caracteres asociados* (*anteras, número de granos de polen, sépalos, limbos, número de óvulos, estigma, ovario y longitud total de pétalos*) que han puesto de manifiesto una posible *co-evolución de los caracteres florales* siguiendo direcciones opuestas.

La fuerte correlación de los recursos del *androceo* y *gineceo* con el resto de atributos y biometrías florales en *Parolinia*, puede estar evidenciando un posible *modelo de diversificación* en las islas, indicando que la co-evolución de los caracteres florales que sigue direcciones opuestas, relaciona por un lado: 1º) a los taxones con recursos y atributos florales más pequeños con cálices cortos y flores más abiertas (*P.glabriuscula, P.intermedia P.schizogynoides, P.aridanae* en las islas de Gran Canaria, Tenerife, La Gomera y La Palma), por otro lado 2º) a los taxones de atributos florales mayores con cálices más largos y flores más cerradas (*P.ornata* y *P.platypetala* concentradas en la isla de Gran Canaria) y 3º) señala como poblaciones con situaciones intermedias al complejo de *P.filifolia* incluyendo a POVE y POA, que se encuentran también en Gran Canaria.

Estas fuertes *correlaciones* de la *biodiversidad morfológica*, además de permitir la identificación de las variables especialmente correlacionadas como posibles *complejos genéticos co-adaptados* (poligenes), refuerzan la idea de las *dos tendencias evolutivas opuestas en la flor*, que se habían vislumbrado previamente, donde además pueden estar



implicados algunos caracteres vegetativos (*hojas*), del *fruto* y de las *semillas*, aunque con menos significación y en principio sin valor filogenético:

**1º)** Las poblaciones de **flores más abiertas** (PG, PS y PA) con *limbos más largos, anchos* y más *ondulados* suelen tener los *mayores diámetros de corola y orificio floral*, con *sépalos, pétalos* y anteras más cortos, y más blancos (PG) o violetas (PI, PS) que rosas (PA), estigmas cortos y estrechos y *papilas estigmáticas* generalmente más cortas y abundantes a modo de *dedo-semidedo* (a excepción de PG). Estas poblaciones que suelen tener los *individuos más anchos* (PA, PG y POA) con *hojas más largas*, generalmente suelen producir *silicuas* con cuernos de apéndices cortos o ausentes (PG) o con menos *divisiones*. Asimismo suelen producir las *semillas* más grandes, de forma alargada-rectangular (PG y PA) con ala muy desarrollada y más *peso húmedo* o a veces semillas triangulares y cuadradas (PI).

Estas poblaciones de *flores más abiertas* (generalmente *aisladas sin flujo génico*) de pocos *pólenes* y óvulos por flor, sin embargo son generalmente *más auto-incompatibles* (ISI más bajos) y xenógamas, con *coeficiente de autogamia (F)* bajo y mayor tasa de *alogamia (t)*. Tampoco suelen presentar los niveles de diversidad genética más altos, aunque suelen poseer el mayor número de *alelos exclusivos (A<sub>ex</sub>)*.

**2º)** Las poblaciones de **flores más cerradas** (PO, PP y PFCH) con *limbos más cortos, revolutos y/o acanalados* con *cálices, pétalos* y anteras más largas, suelen tener ovarios más largos, estigmas más altos y anchos con *papilas estigmáticas* generalmente más largas. Suelen producir *silicuas* de *cuernos anchos* y divididos o con más apéndices (o *protuberancias*) y más largos (PO, PFCH y PP). Sus semillas son de las más pequeñas, preferentemente *cuadradas* y con apenas ala (PO y PP).

Estas poblaciones de *flores más cerradas*, también llevan más *pólenes* a excepción de PP (con anteras similares a PO difiere en el número de *granos* y *ratio P/O*) y gineceos con más *óvulos*, aunque se muestran ligeramente *más compatibles* y con más posibilidad de *autogamia* (PO y PFCH) alcanzando generalmente, el mayor *éxito reproductivo* (producción y germinación de semillas). También suelen presentar más *diversidad genética*, con más *genotipos multilocus* (GML) y mayor diversidad *alélica*, aunque no más *alelos exclusivos (A<sub>ex</sub>)*.

Entre ambos grupos, los **atributos** y **recursos florales intermedios** (incluyendo índices ISI de auto-incompatibilidad) generalmente poblaciones con flores de *limbos más estrechos* con *semillas* menos alargadas en **PF** (M-SI) suelen tener mayor % de *loci polimórficos (P)* y mayor *alogamia*, aunque con significación menor.

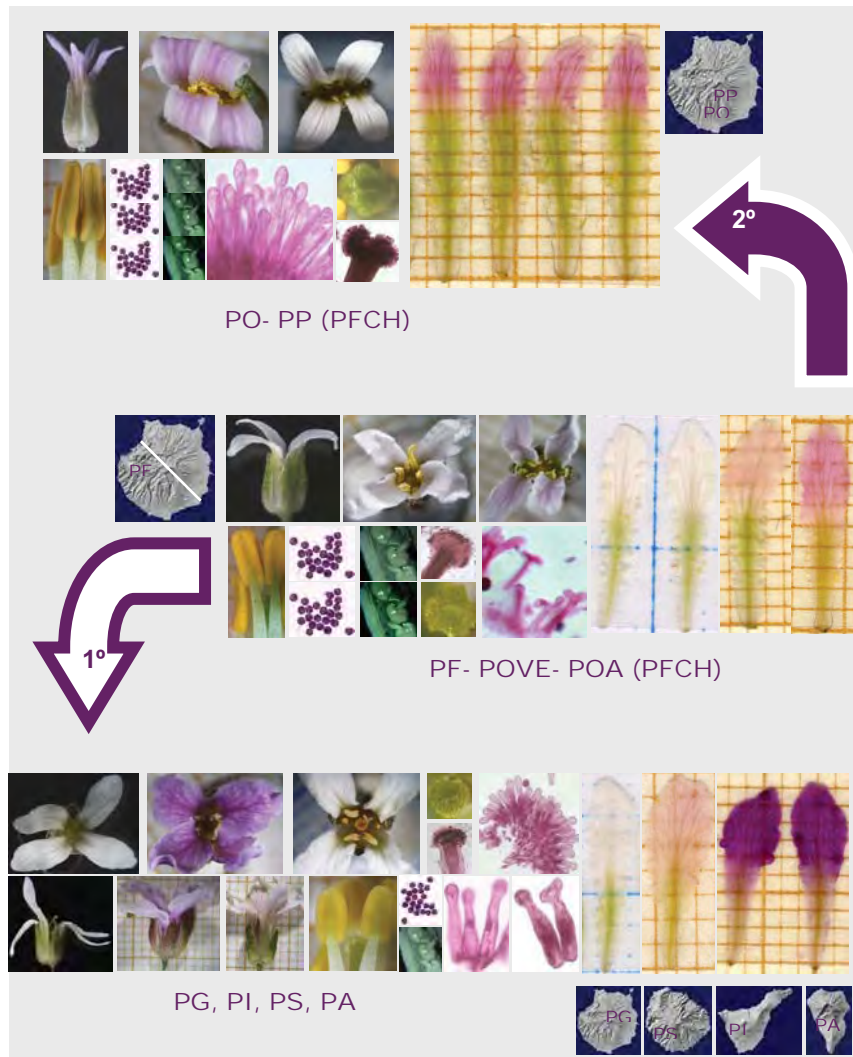
De esta manera se puede CONCLUIR que:

En *Parolinia* se refuerzan pues, los *atributos florales* y *recursos del androceo* y *gineceo* como *tendencias evolutivas* con posible valor *filogenético*, que supuestamente, desde *situaciones intermedias (PF)* han derivado por un lado:

**1º)** Hacia *flores más abiertas* (PG, PI, PS y PA) con *cálices más cortos* y anteras más pequeñas con menor *número de pólenes*, aunque en principio más auto-incompatibles y alógamas y más *alelos exclusivos*, y por otro lado **2º)** hacia *flores más cerradas* (PO, PP y PFCH) de grandes *cálices*, anteras grandes con mayor número de *granos*, aunque en principio *más compatibles*, con más posibilidades de *autogamia* y con menos *alelos exclusivos*.

En principio como características ancestrales más conservativas y posibles *plesiomorfías* se señalan: i) los *valores intermedios de los recursos* y *atributos florales* y *ratio Polen/Óvulo* y como novedades evolutivas o *sinapomorfías* más derivadas, los

*atributos florales grandes* con mayores recursos por un lado y por el otro: los *atributos florales pequeños* con menos recursos.

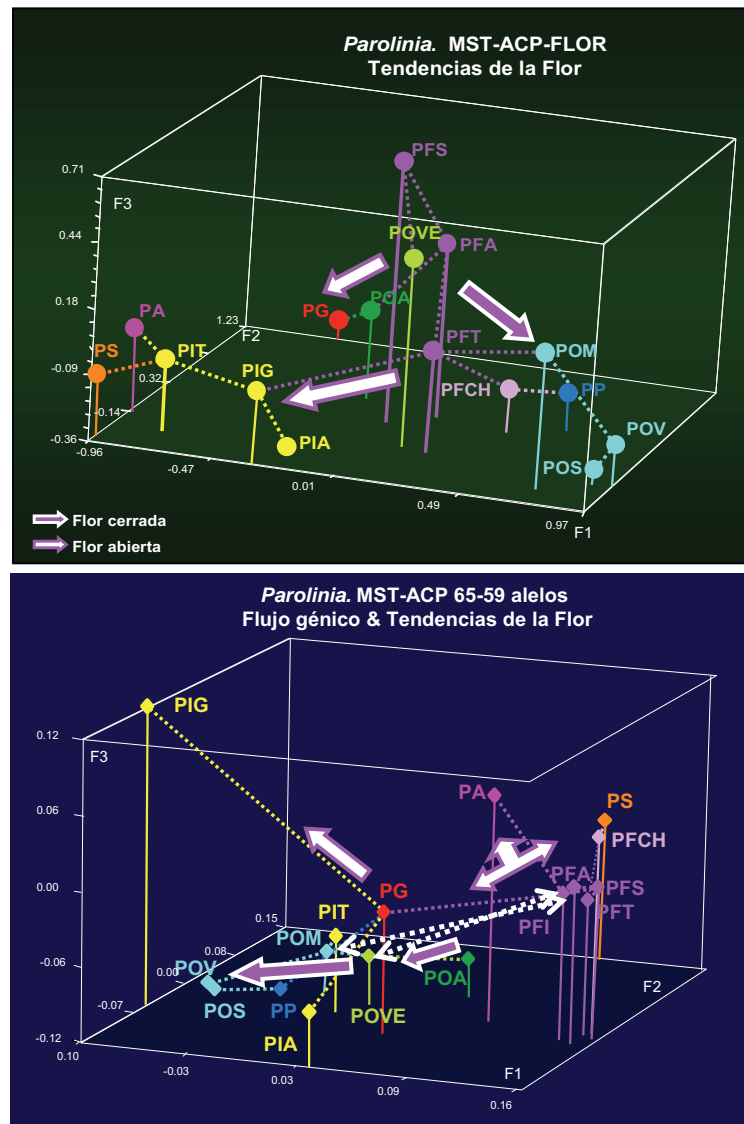


El estudio morfológico de la FLOR de *Parolinia* pues, también se encuentra en sintonía con diversos autores (ORNDUFF, 1969; ENDRESS, 1992; ANDERSON *et al*, 2002; STUESSY, 2003; AL-SHEBBAZ, BEILSTEIN & KELLOGG, 2006) para los cuales, la organización de la *flor* y sus distintos verticilos a niveles *infragenéricos*, pone en evidencia además de la estrecha conexión entre la *taxonomía vegetal* y *sistemática* el significado funcional-reproductivo de las distintas manifestaciones florales (*biología reproductiva*), que puede ayudar a entender y a poner en evidencia posibles procesos de *diversificación* y *especiación* a niveles infragenéricos.

### Caracterización de taxones y relaciones de similitud morfológica

La depuración sucesiva de caracteres no parece que resuelva mejor ni los análisis discriminantes (AD) ni los Análisis de Componentes Principales (ACP). La exclusión de los dos taxones que mejor se discriminan (PG y PA) si parece mejorar notablemente la resolución y diferenciación de las poblaciones y taxones de *Parolinia*.

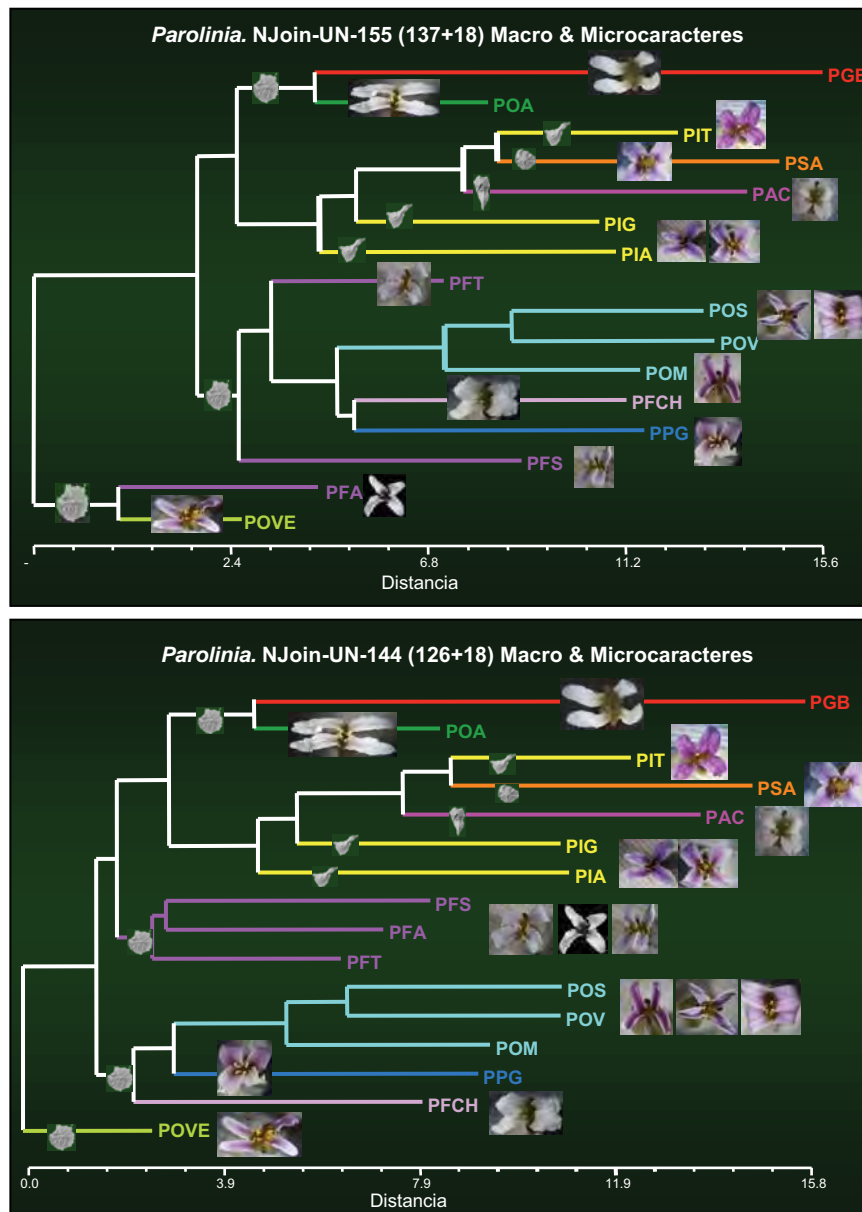
La inclusión de los *micro-caracteres* resuelve mejor la discriminación de las *poblaciones sin adscripción taxonómica* (POA, POVE y PFCH) pero no mejoran la discriminación de los *macro-caracteres* en las islas occidentales de PS y PI.



Las asociaciones taxonómicas y poblacionales de *Parolinia* expresadas por todas las técnicas de *taxonomía numérica* ponen de manifiesto una *congruencia taxonómica* casi absoluta y complementaria. Las relaciones estrechas de los fenogramas UPGMA se refuerzan por los análisis de MDS-NM también especialmente eficaces para taxones íntimamente relacionados y por los ACP que reflejan mejor las relaciones no tan estrechas.

Todos los análisis reflejan la posición aislada de **PG** respecto al resto de los taxones, donde se pone de manifiesto la independencia de las **islas occidentales** siempre con una mayor afinidad entre Teno, La Gomera y La Palma (PIT-PS, PA) que entre las otras dos poblaciones de Tenerife (PIG-PIA) más cercanas a Gran Canaria. En **Gran Canaria**, las poblaciones **PO** se manifiestan muy cohesionadas, sobre todo las más cercanas geográficamente (POS-POV) diferenciándose claramente, el conjunto poblacional de *P.ornata* (**PO**) acompañada a veces de PP-PFCH.

Por otro lado, el complejo **PF** integrado por las tres poblaciones *P. filifolia* y por las otras dos sin adscripción (POA y POVE) se asocia frecuentemente según proximidad geográfica POA-PFA-PFS y PFT-POVE. En este caso las poblaciones no están tan cohesionadas como las de PO. PFCH, la otra población sin adscripción taxonómica, está más relacionada morfológicamente a PP, aunque ambas aparentemente son más o menos independientes. De relacionarse con alguien, PFCH se relacionaría con PF además de con PP.



Como **conclusión** del estudio morfológico de *Parolinia* se podría destacar:

(i) Se diferencian claramente **tres complejos morfológicos** entre dos extremos y un intermedio. Un extremo está integrado por el complejo poblacional de **PO** en Gran Canaria (a veces acompañados por PP-PFCH), y el otro extremo, integrado por el complejo de poblaciones de las **islas occidentales** (con PIT, PS y PA separadas de PIG y PIA). El **grupo intermedio** de taxones lo integran las poblaciones del complejo **PF** con POVE y POA, a veces acompañado de PFCH-PP.



(ii) La **conexión** entre los *tres complejos* poblacionales: PO, PF e *islas occidentales* (PI, PS y PA) parece verificarse siempre a través de Tasartico (PFT): con las *islas occidentales* con PIG quién se vincula con PIT y este con La Gomera (PS) y La Palma (PA). Con *P.ornata* (PO) por POM (Mogán) que cuando va acompañado de PP-PFCH (flor) se vincula a través de POV (Los Vicentillos).

(iii) **PFCH-PP** se puede asociar con PO o PF según la flor o el fruto. PP se asocia con PO (POV) por la flor (*sépalos, limbos revolutos, anteras, papilas estigmáticas*) y PFCH por los *pólenes por flor y ratio Polen/Óvulo*. Se pueden asociar a PF a través de PFT-PFCH por el fruto (*valvas, cuernos y protuberancias*).

(iv) En las relaciones dentro del complejo **PF**: PFT (Tasartico) a pesar de la distancia aparece siempre relacionado con PFA (La Aldea) que está vinculada con PFS (Siberio) y con **POA** (Agaete) que contacta lejanamente con PG (Caldera de Bandama). Al mismo tiempo PFS (Siberio) aparece siempre vinculado con **POVE** (Veneguera) también geográficamente alejadas.

(v) Todos los análisis, reflejan la posición aislada de **PG** cuyas relaciones con el resto del grupo, se verifican a través de POA por la corola que la vinculan lejanamente al complejo PF (con flores intermedias).

Los *tres complejos morfológicos* entre los dos *extremos poblacionales* y el grupo *intermedio*, se identifican con las dos *tendencias evolutivas* de la flor de *Parolinia* para los *atributos florales y recursos del androceo y gineceo*, reforzando que supuestamente, desde *situaciones intermedias* (PF con POVE y POA) en Gran Canaria, han derivado por un lado: hacia el complejo poblacional de PO en Gran Canaria a veces con PP-PFCH (flores más cerradas) y hacia PG en Gran Canaria con el complejo de poblaciones de las *islas occidentales* (PI, PS, PA) con flores más abiertas.

### Taxones. Diversidad morfológica y genética en *Parolinia*

Se consolida la cohesión morfológica y genética de las poblaciones co-específicas de las especies *P.ornata* (**PO**) con *flores más cerradas* y *P.filifolia* (**PF**) con *flores intermedias* a la que genéticamente se le suma PFCH (sin adscripción taxonómica) que se integra y comparte el 100% de sus alelos aunque morfológicamente se asocia con PP y ambas a modo de péndulo oscilan entre PO y PF.

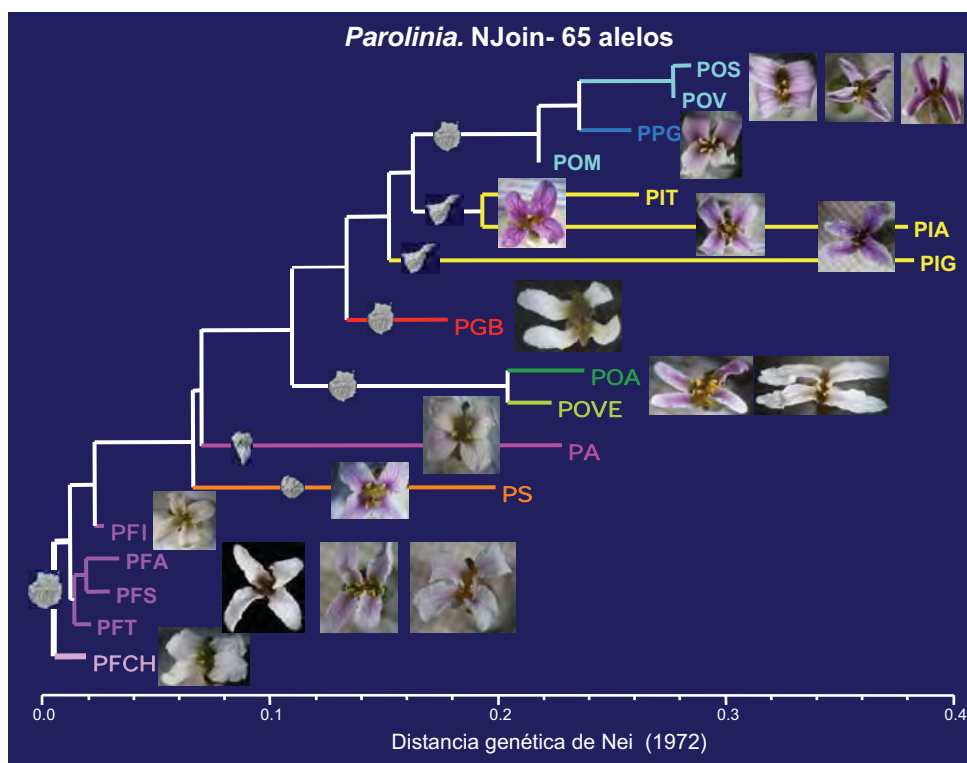
**1. P.filifolia (PF)**, con poblaciones muy cercanas al ancestro del género se trata de un conjunto de poblaciones fundamentalmente ubicadas en la zona más antigua de Gran Canaria (Paleotamarán) menos sujeta a episodios volcánicos posteriores. Comparten el máximo de alelos las poblaciones más cercanas geográficamente (PFA y PFS) y el máximo *flujo génico* entre las más alejadas geográficamente (PFS-PFT) sin descartar a POVE (PFA-POVE).

En el árbol NJoin **PF** absolutamente cohesionada genéticamente, se disgrega morfológicamente, aunque sus poblaciones (PFA y POVE) con flores intermedias se siguen mostrando en posición basal más cerca del *ancestro* respecto al resto del grupo en dos cluster. PFS y luego PFT se manifiestan también en posición basal como *outgroup* del cluster morfológico del complejo PO-PP (de flores más cerradas) acompañado de PFCH.

**2. En P.ornata (PO)** las poblaciones más alejadas (POM-POS) comparten el máximo de alelos y las más cercanas (POS-POV) intercambian el máximo *flujo génico* del género acorde con su mayor cohesión genético-morfológica. Estas poblaciones presentan también *flujo génico* a destacar con PP y PIT (Tenerife).

3. Se refuerza genética y morfológicamente la gran afinidad entre de PO y PP (*P.platypetala*) especie monotípica aislada en el Bco. de Guayadeque (GC) que comparte el máximo de alelos y *flujo génico* con PO. Intercambia un mínimo de migrantes con PGB, POVE y PIT.

4. Se pone de manifiesto la gran afinidad genética de **POVE-POA** con *intercambio de migrantes* que justifica su asociación funcionando como un complejo genético más o menos independiente, relacionado a PO aunque sin dejar de estarlo con PF (flujo génico POVE-PFA) a la que se encuentra íntimamente relacionadas e integradas morfológicamente en el complejo PF por la flor.



El hecho de que genéticamente POVE presente *flujo génico* con PFA (geográficamente lejana más cercana a POA) permite pensar que la similitud morfológica de la flor de POVE-POA con PF, no es una convergencia (homoplasia) sino que puede constituir una *plesiomorfía* compartida (como se pone de manifiesto en todas las técnicas de taxonomía numérica) que actualmente no se está manifestando genéticamente con PF.

El intercambio notable de *flujo génico* entre ambas poblaciones, como el de Tasartico y Siberio (PFT-PFS) geográficamente alejadas en el mismo sector de la isla (Paleotamarán), sitúa a POVE y POA entre los posibles ejemplos de *flujo génico histórico* "mantenido" a través de los tiempos, a través de un conjunto de poblaciones geográficamente intermedias fundamentalmente ubicadas en las zona geológicamente más antiguas de Gran Canaria y teóricamente menos sujetas a episodios volcánicos posteriores, que permitieron una cierta estabilidad ambiental y por tanto, un intercambio de *migrantes* que justifica actualmente el *flujo génico* entre POVE-POA y PFS-PFT.

5. *P.glabriuscula* (PG), especie monotípica aislada en la Caldera de Bandama (GC) en una de las zonas geológicamente más recientes de Gran Canaria (Neotamarán), aunque comparte el máximo de alelos con POA y PF no acusa *flujo génico* con ellas. Lo manifiesta

únicamente con PP geográficamente más cercana. Morfológicamente se encuentra vinculada con POA, compartiendo cluster también con las *islas occidentales* donde se mantiene la disgregación morfológica y genética de PI con PIT más cerca de La Gomera (PS) y La Palma (PA), que de sus congéneres (PIA y PIG).

6. En *islas occidentales*, la ausencia de *flujo génico* entre las poblaciones de *Parolinia* de islas diferentes, podría justificar el aislamiento genético de estos taxones aunque no tanto morfológico (con algunas convergencias con PG):

En *P.intermedia* (PI) de Tenerife se disgrega morfológica y genéticamente sus poblaciones (en zonas relativamente recientes) no acusando *flujo génico* y compartiendo el mismo porcentaje de alelos con otros congéneres de Gran Canaria (PF y PO) con los que además intercambia *flujo génico*. En La Gomera *P.schizogynoides* (PS) especie rara aislada no acusa *fujo génico* con ninguna población aunque se acerca a PF (Gran Canaria) y a PIT (0.9) y comparte el máximo de alelos con POA. En La Palma *P.aridanae* (PA) especie monotípica aislada tampoco presenta *flujo génico* con ninguna población, aunque comparte el máximo de alelos con PIT.

### Diversidad cromosómica y taxones

Se confirma el número cromosómico de *Parolinia* en las nuevas poblaciones estudiadas ( $2n=22$ ,  $x=11$ ) que es compartido con los géneros *Diceratella* y *Morettia* estrechamente relacionados con *Parolinia* reforzado por la filogenia molecular.

Frente a la gran variabilidad cromosómica que a nivel general presenta la familia, las especies de *Parolinia* se muestran muy uniformes, tanto en lo que se refiere al número como a la morfología de los cromosomas, como indican los bajos índices de asimetría intra e inter-cromosómica. *Parolinia* como otros grupos endémicos de islas oceánicas (*Crambe*, *Lobularia*, *Argyranthemum*, *Echium*, *Sonchus*, *Limonium* subsect. *Nobile*, etc) parece constatar el *estasis* del número y morfología de cromosomas durante la especiación y evolución en las islas, de tal manera que las marcadas diferencias morfológicas de estos géneros no se acompañan, por diferencias en el número básico y niveles de ploidía, asimismo en sintonía con la homogeneidad de los cariotipos encontrados en islas oceánicas (al menos en los grupos en los que se han llevado a cabo).

En todas las poblaciones estudiadas de *Parolinia* excepto PGB y PIA la presencia de *mixoploidía* se podría interpretar como un recuerdo de *poliploidía* en proceso de diploidización frecuente en la familia Brassicaceae.

### Palinología. Poblaciones y taxones

En *Parolinia* se ha observado el tipo polínico *3-colpado isopolar reticulado* típico de la familia con variaciones de la talla de los granos y del retículo según poblaciones. Junto con estas características polínicas normales se han detectado *otras formas polínicas* que se diferencian en el número y disposición de las aperturas y consecuentemente en la polaridad y talla de los granos, pudiéndose observar a niveles intraflorales.

Estos *polimorfismos* con granos *zonaperturados* (en anillo: mono y di-zona-sincolpados), *zonocolpados* (di-sincolpados y 4-colpados diagonalmente en W), *pantocolpados*, *espiraperturados* y *agregados polínicos*, ya detectados en otros grupos de angiospermas, filogenéticamente lejanos (donde puede coexistir la *diploidía* y *poliploidía*), suelen presentarse como granos fértiles siempre asociados al *tipo polínico 3-colpado* (normal) pero generalmente en proporciones más bajas y variables.

Dichos *polimorfismos polínicos* que se encuentran implicados en grupos taxonómicos donde, hasta el momento no figura la familia Brassicaceae, se han identificado como constituyentes de *series polínicas continuas y ramificadas* de complejidad creciente en el *sistema apertural*, cuyo significado biológico se considera todavía incierto y poco explorado.

La presencia en *Parolinia* de estos *polimorfismos polínicos* constituyentes de una *serie polínico-morfológica* suscita dos tipos de cuestiones: 1ª) La primera está relacionada con el *significado biológico* de los tipos polínicos implicados y su posible relación con procesos reproductivos o de diversificación taxonómica, subyacentes a los niveles específicos (filogenia). 2ª) La segunda cuestión está relacionada con el *significado filogenético* de los *tipos polínicos* involucrados y sus implicaciones en el *tránsito* del modelo polínico *mono-aperturado* primitivo frecuente en las angiospermas basales y algunas eudicotiledoneas primitivas, al modelo *3-aperturado* y derivados de las eudicotiledoneas más avanzadas.

1ª) Los *polimorfismos polínicos intra-florales* observados en *Parolinia* acompañados del tipo *3-colpado normal*, no se consideran asociados ni a los heteromorfismos florales de auto-incompatibilidad, ni a los heteromorfismos sexuales, toda vez que este género no posee ninguno de estos síndromes reproductivos. Aunque pudieran quizás estar asociados a *duplicaciones genéticas* en silenciación, que apoyarían el origen aloploiploide del género y posible *diploidización* frecuente en Brassicaceae e islas oceánicas.

Los *polimorfismos polínicos* en *Parolinia* como en otros grupos taxonómicos podrían ser una manifestación de *mecanismos de variabilidad infraespecífica* que pondrían de manifiesto, *plesiomorfías* ancestrales ampliamente distribuidas en la familia, o *sinapomorfías* o novedades evolutivas, donde habría que profundizar en la presencia/ausencia de los patrones de la *serie polínica apertural* incluyendo estudios de microsporogénesis. A la espera de la confirmación de la *microsporogénesis mixta* en *Parolinia*, la presencia de *diadas* se pudiera valorar como evidencia indirecta de *microsporogénesis mixta* (simultánea y sucesiva) rara en eudicotiledoneas, que según una gran mayoría de autores se puede predecir por los *tipos polínicos* involucrados (primitivos) que forman parte de la *serie polínica apertural (mono y di-aperturados, espiraperturados y pantoporados)* detectada en *Parolinia*.

2ª) Por otro lado, desde un punto de vista estrictamente palinológico, la *serie polínica* de *Parolinia*, podría estar poniendo de manifiesto *tendencias evolutivas ancestrales* del *sistema apertural*, con granos desde mono y di-aperturados a granos tri-aperturados (*zonaperturados, zonocolpados: 2-3 y 4-colpados*) y derivados (*4-colpados pantocolpados, espiraperturados y agregados polínicos*) involucrando desde las *eudicotiledoneas primitivas* a las más *avanzadas*, al mismo tiempo que su concordancia con el tipo de tetradas observadas, reforzaría el paralelismo habitual (al menos en caracteres polínicos) de la *ontogenia y filogenia*.

Asimismo *Parolinia* y casi con seguridad algunos otros géneros en Canarias, apoyarían la hipótesis de POZHIDAEV (2000) que señalan al modelo *zona-aperturado* (en anillo) como otra posibilidad del *tipo polínico basal* apertural además del modelo tradicional *monosulcado* (DOYLE, 2005). Desde esta perspectiva los modelos *zonaperturados* (anillo) y derivados (con colpos sinuosos simulando *pelotas de tenis* y *diagonalmente colpados a modo de W*), que darían paso a los modelos *espiraperturados y/o pantocolpados*, estrechamente vinculados al modelo *3-colpado* tradicional de las eudicotiledoneas, como está apoyado además por las filogenias moleculares de las angiospermas, representando situaciones polínicas con fuerte potencial filogenético apoyado también por su presencia en las angiospermas basales primitivas.





Ante las *confrontaciones* de los resultados obtenidos morfológico-reproductivos y genéticos respecto a la **filogenia molecular** de la antigua tribu Mathiolleae:

(i) Se refuerza la relación de *Parolinia* con los géneros *Diceratella* y *Morettia* como parientes más cercanos, particularmente por los estudios palinológicos según la ornamentación de la exina y presencia de polimorfismos polínicos.

La afinidad con los géneros *Diceratella* y *Morettia* podría calificar a *Parolinia* con un modelo troncal (*stem-based*) de colonización isleña en el que los taxones colonizadores se establecen en Macaronesia, al mismo tiempo que diversifican los géneros estrechamente relacionados en el continente. En este modelo, considerado con características ancestrales, se pueden encontrar otros géneros como *Argyranthemum*, *Arbutus*, *Pinus*, *Chamaecytisus*, *Lavatera* y posiblemente *Crambe*, *Ixanthus*, etc.

(ii) La monofilia del género que justificaría su presencia en Canarias por un solo evento colonizador, desde la perspectiva de este estudio *genético* y morfológico, se verificaría en principio, a partir del ancestro de una de las poblaciones de *P.filifolia* (PF) incluyendo a PFCH, POVE y POA, poblaciones más relacionadas.

(iii) La poca resolución obtenida en la filogenia molecular (ADN) dentro del género que no resuelve las **relaciones inter-intra-insulares**, podría aclararse por los resultados *genéticos* (aloenzimáticos) y morfológicos de los *caracteres florales*. El conjunto de los taxones se resuelven en tres grupos según los atributos florales que se confirman en gran medida salvo alguna ligera excepción por la diversidad *aloenzimática*:

1º) Extremo integrado por el complejo de PO de *flores más cerradas* con *atributos y recursos florales mayores y más grandes* a veces acompañado por PP-PFCH. 2º) Extremo integrado por el complejo de las islas occidentales con PG aislada (Gran Canaria) de *flores más abiertas* con *atributos y recursos florales menores y más pequeños* (PG con PI, PS y PA). 3º) El *grupo con características intermedias* integrado por las poblaciones de PF con POVE y POA a veces acompañado de PFCH-PP. Los *tres complejos morfológicos* entre los dos extremos poblacionales y un grupo intermedio, se identifican con las dos **tendencias evolutivas** de la flor de *Parolinia* que supuestamente, desde *situaciones intermedias* (PF con POVE y POA) en Gran Canaria, han derivado por un lado: hacia el complejo poblacional de PO en Gran Canaria a veces con PP-PFCH (*flores más cerradas*) y hacia PG en Gran Canaria y el complejo de poblaciones de las *islas occidentales* (PI, PS, PA) con *flores más abiertas* con *atributos y recursos florales menores y más pequeños* (PG con PI, PS y PA). La relación entre las islas se justificaría entre Tenerife y Gran Canaria por los 15 alelos compartidos exclusivamente e intercambio de flujo génico (PIT). *P.aridanae* (PA) a pesar de no acusar flujo génico con ninguna de las islas, comparte sin embargo alelos exclusivos no solo con Tenerife sino también con Gran Canaria y La Gomera, lo que deja abierta la posibilidad de un flujo génico histórico.

- La conexión entre Gran Canaria (complejos PO y PF) e *islas occidentales* parece verificarse (según aloenzimas) siempre a través de PF con excepción de PI, que se verificaría por PO (POM) y PG. En Gran Canaria todos los análisis reflejan la posición aislada de PG, a pesar de compartir caracteres florales y alelos, cuyas relaciones con el resto del grupo, también se verifican a través del complejo PF (POA y PFI).

*P.aridanae* (La Palma) y *P.intermedia* (Tenerife) ocupan posiciones de grupos hermanos basales al clado de Gran Canaria y *P.schizogynoides* (La Gomera) como especie basal, compartiendo de forma exclusiva estas dos islas tres alelos aunque no acusan flujo génico entre ellas. No obstante, la presencia exclusiva de estos alelos denunciaría también la posibilidad de un flujo génico histórico entre Gran Canaria y la Gomera, que se reforzaría

por el hecho que *P.schizogynoides* (PS) comparte con Gran Canaria 23 de los 25 alelos detectados para la especie. Estos resultados sugieren que el ancestro llegó a todas las islas y diversificó fuertemente en Gran Canaria.

La idea de un patrón de colonización desde el Oeste, es contradictoria según el NJoin y *diversidad genética aloenzimática* detectada, toda vez que la isla con mucha mayor diversidad y diversificación, se colonizaría más recientemente. En cualquier caso, la extinción puede estar jugando un papel distorsionador importante en la colonización inter-insular, con ancestros desaparecidos en la distribución actual de las islas.

(iv) *Parolinia* como la mayoría de géneros macaronésicos, no resuelve su patrón de diversificación en las islas con *filogenias moleculares* que no alcanzan el nivel de resolución suficiente a niveles específicos (*Echium, Crambe, etc.*) con los marcadores utilizados hasta el momento. Esto induce a pensar que efectivamente como se ha postulado otras veces, la diversificación morfológica no se puede equiparar a la genética seguramente por implicaciones de los efectos pleiotrópicos. La falta de variabilidad molecular en las floras isleñas a estos niveles específicos y subespecíficos, posiblemente podría encontrar mejor respuesta en la **biología de poblaciones**, donde estudios infra-genéricos con *marcadores moleculares poblacionales* y técnicas de **filogeografía** (prácticamente inexistentes en la flora canaria) incrementados además con datos reproductivos además de citogenéticos, palinológicos, cuyo significado biológico y evolutivo no es accesible desde la perspectiva exclusivamente molecular.

### Investigación futura y conservación

El conocimiento de la *diversidad morfológico-reproductiva y genética* se considera como uno de los pilares maestros de la *biología de poblaciones* que debe sustentar el mantenimiento y **conservación de su biodiversidad** y perdurabilidad, al tiempo que sustenta el potencial evolutivo de las especies. El conocimiento de estos *patrones de biodiversidad* en el espacio (y deseable en el tiempo), *capacidad reproductiva* y generación de *progenie* viable debieran erigirse como herramientas insustituibles para el diseño adecuado de las estrategias de conservación con el fin de paliar su erosión a corto, medio y largo plazo.

El factor responsable de la altísima vulnerabilidad de los *ecosistemas isleños*, se atribuye al escaso número y tamaño de las poblaciones de las especies endémicas, generalmente circunscritas a una única localidad, risco, barranco o isla como algunas de las situaciones de *Parolinia*, condiciones donde cualquier alteración del hábitat (natural o antrópica) puede ser irrecuperable, pudiendo suponer además una pérdida definitiva de su capacidad reproductiva y del conocimiento de sus sistemas de cruzamiento y evolución en ecosistemas isleños.

En la última revisión de Biología Reproductiva de plantas de islas CRAWFORD y *colaboradores* (en prensa) ponen de manifiesto que a pesar de la gran explosión de estudios en floras isleñas de las dos últimas décadas, prácticamente todos se encuentran destinados a filogenias moleculares y diversidad genética. Los estudios de Biología Reproductiva, a pesar que constituyen los aspectos más importantes y críticos de la conservación vegetal de islas, también han aumentado, pero permanecen todavía casi como hace tres décadas cuando según EHRENDORFER (1979) .. *este fascinante y complejo campo de trabajos científico y experimental, permanece todavía insuficientemente cubierto.*

Los *fallos reproductivos* que no permiten cruces fértiles con generación de *progenie* pueden ser debidos a una alteración de los *sistemas sexuales* de los individuos (que

carecen de los morfos masculinos o femeninos adecuados) o en su defecto de los *sistemas de auto-incompatibilidad* (que carecen de los alelos S adecuados) por efecto generalmente de la fragmentación de las poblaciones naturales. La falta de *progenie vigorosa* puede ser también producto de otros factores bióticos ambientales, como la falta de polinizadores adecuados y la competencia con especies foráneas invasoras, generalmente más vigorosas y con mayor éxito reproductivo (que hay que evaluar).

Se evidencia la necesidad de investigación en *biología reproductiva* como oportunidad única que permite el conocimiento de la capacidad de generación de *progenie* viable (factor crítico a corto plazo) determinante de la *diversidad genética* y estructura poblacional de las especies (con repercusiones a largo plazo) que además permiten un mayor conocimiento de los procesos biológicos y de diversificación vegetal isleños:

1º) Ante el actual contexto de *cambio climático*, se hacen necesarios estudios fenológicos para valorar la influencia de las *variables ambientales* en las distintas fases del *ciclo vital* de las especies canarias, principalmente los periodos de floración, considerados los estadios más lábiles y críticos del *ciclo vital*. La valoración de la sensibilidad ante la temperatura y pluviometría con referencias a *épocas pasadas*, permitiría predecir y posiblemente, evitar, algunas de las consecuencias nefastas que agravarían el riesgo de extinción.

Asimismo de ha puesto de manifiesto la necesidad de considerar en la investigación futura, la presencia de *auto-incompatibilidad homomórfica* según:

2º) *Experimentos de auto-polinización y polinización cruzada* en un número de individuos y poblaciones lo suficientemente grande que contemple que los individuos no estén relacionados, donde sería necesario extender los experimentos a los taxones y poblaciones no incluidos en esta memoria.

Ante la presencia de *auto-incompatibilidad esporofítica homomórfica* (SSI) como en los taxones estudiados de *Parolinia*, se recomienda como estrategia de muestreo para las colecciones *ex situ* de *Jardines Botánicos* y *Bancos de Semillas*, el muestreo a lo largo de todo el rango poblacional, con el fin de asegurar que incluya individuos no relacionados genéticamente o que no estén emparentados (que no compartan alelos de S de auto-incompatibilidad), para evitar situaciones de cuello de botella en el material cultivado, donde las posibilidades de cruces se ven restringidas por la reducción de alelos S.

3º) En los casos sospechosos de SSI llevar a cabo experimentos con *cruces recíprocos* para verificar la relación de dominancia y/o recesividad de los alelos S del polen o del estigma.

4º) Recavar datos de *eficacia reproductiva y pérdida de vigor* a lo largo del ciclo vital de los individuos (en fases tempranas o *progenie* con producción, germinación de semillas y establecimiento de plántulas o tardías de adultos) de las poblaciones naturales de endemismos amenazados, que como *Parolinia*, evidencian que a mayor índice de *alogamia*, menor porcentaje de frutos/semillas y más *pérdida de vigor*, que además para especies predominantemente *xenógamas*, se encuentran en rangos ya establecidos orientativamente ( $\geq 0.53$ ).

5º) En ausencia de *heteromorfismos florales* (sexuales o de auto-incompatibilidad), como estrategia de muestreo en las colecciones *ex situ* de Jardines Botánicos y Bancos de Semillas, aplicar a título orientativo la fórmula propuesta por CESKA, AFFOLTER & HAMRICK (1997) que representa la probabilidad de captura de diversidad genética en un muestreo ideal. No se considera apropiada para géneros endémicos como *Parolinia* con gran diversidad genética, donde según algunos autores, estas valoraciones no dejan de ser estimaciones matemáticas que no contemplan la realidad de las poblaciones naturales.

6º) Desde un punto de vista *citogenético* se considera imprescindible el conocimiento del número de *chromosomas* tanto de los endemismos en estudio como de sus posibles parientes continentales.

7º) Desde un punto de vista *palinológico*, la investigación futura de las *series polínicas a niveles intra-florales* profundizaría en la presencia y significado de los *polimorfismos polínicos* en los grupos taxonómicos con granos fundamentalmente *tricolpados* y derivados (colporados y porados) que actualmente se encuentran minimizados de forma generalizada por su aparente baja frecuencia. La formación de *microsporas anómalas* informaría de la viabilidad de los gametos masculinos pudiendo detectar la presencia de *pólenes diploides*.

8º) Las filogenias moleculares de las floras de islas oceánicas como Canarias no suelen quedar bien resueltas a niveles infra-genéricos con los marcadores utilizados hasta el momento. La falta de variabilidad molecular en las floras isleñas a estos niveles específicos y subespecíficos, según los niveles obtenidos de diversidad genética en *Parolinia*, posiblemente podría encontrar mejor respuesta, implementando estudios infragenéricos con *marcadores moleculares poblacionales* y técnicas de **filogeografía** (prácticamente inexistentes en la flora canaria), complementando además con información citogenética, palinológica y reproductiva, cuyo significado biológico y evolutivo no es accesible desde la perspectiva exclusivamente molecular.

9º) El conocimiento de los *patrones de biodiversidad, capacidad reproductiva* y generación de *progenie* viable, justifican que la *biología de poblaciones* con integración de distintas disciplinas botánicas (micromorfología con citogenética y palinología, biología reproductiva, diversidad genética, etc.) puede erigirse como herramienta insustituible en el diseño de las estrategias de conservación necesarias para paliar la erosión de las especies amenazadas a corto, medio y largo plazo.

Esto estaría en consonancia con la idea integradora que implica el estudio de varios niveles estructurales de la *biodiversidad poblacional* (nivel macro y micro-morfológico, nivel molecular proteico y molecular de ADN) con el fin de acceder a un auténtico conocimiento de los procesos biológicos y de diversificación vegetal (STUESSY, 2003; PIRES & HERTWECK, 2008).





## REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ADAMS, D.C., F.J. ROHLF & D.E. SLICE, 2004. Geometric morphometrics: ten years of progress following the 'revolution'. *Ital. J. Zool.* 71: 5-16.
- ADDINSOFT, 2003. XLSTAT version 7.0.
- ADDINSOFT, 2008. XLSTAT version 2008.2.
- AFFRE, L., & J.D. THOMPSON. 1997. Population genetic structure and Levels of Inbreeding depression in the Mediterranean island endemic *Cyclamen creticum* (Primulaceae). *Biol.J.Linn.Soc.* 60: 527-49.
- AFFRE, L., J.D. THOMPSON. & M. DEBUSSCHE. 1995. The reproductive biology of the Mediterranean endemic *Cyclamen balearicum* Wilk. (Primulaceae). *Bot.J.Linn.Soc.* 118: 309-330.
- ÅGREN, J., & D.W. SCHEMSKE. 1993. Outcrossing rate and inbreeding depression in two annual monoecious herbs, *Begonia hirsuta* and *B. semiovata*. *Evolution* 47: 125-135.
- AIZEN, M.A. 2005. Breeding system of *Tristerix corymbosus* (Loranthaceae), a winter-flowering mistletoe from the southern Andes. *Aust.J.Bot.:* 357-361.
- AL-SHEHBAZ, I.A. 1977. Protogyny in the Cruciferae. *Syst.Bot.* 2: 327-333.
- AL-SHEHBAZ, I.A., M.A. BEILSTEIN & E.A. KELLOGG, 2006. Systematics and phylogeny of the Brassicaceae (Cruciferae): an overview. *Pl.Syst.Evol.* 259: 89-120.
- ALDRIDGE, A.E. 1975. Taxonomic and anatomical studies in *Sonchus* L. subgenus *Dendrosonchus* Webb ex Schultz Bip. and related genera. Tesis Doctoral. Universidad de Reading. Reino Unido.
- ALDRIDGE, A.E. 1978. Anatomy and evolution in the macaronesiam *Sonchus* subgenus *dendrosonchus* (Compositae: Lactuceae). *Bot.J.Linn.Soc.* 76: 249-285.
- ALDRIDGE, A.E. 1981. Anatomy and Evolution in Macaronesian *Echium* (Boraginaceae). *Pl.Syst.Evol.* 138: 9-22.
- ALLAN, G.J., J. FRANCISCO-ORTEGA, A. SANTOS GUERRA, E. BOERNER & E.A. ZIMMER. 2004. Molecular phylogenetic evidence for the geographic origin and classification of Canary Island *Lotus* (Fabaceae: Loteae). *Mol.Phyl.Evol.* 32: 123-138.
- ALLEN, R.B. 1998. Germination, growth, reproduction, and population structure of three subspecies of *Lepidium sisymbrioides* (Brassicaceae) with respect to taxon rarity. *New Zeal.J.Bot.* 36: 439-452.
- ALLPHIN, L., D. WIENS & K.T. HARPURT. 2002. The relative effects of resources and genetics on reproductive success in the rare kachina daisy, *Erigeron kachinensis* (Asteraceae). *Int. J. Plant Sci.* 163: 599-612.
- ALVAREZ, N. M. B., I. E. PERALTA, A. SALAS, and D. M. SPOONER. 2008. A morphological study of species boundaries of the wild potato *Solanum brevicaulis* complex: replicated field trials in Peru. *Pl.Syst.Evol.* 274: 37-45.
- ALZATE, F., M. E. MORT, and M. RAMÍREZ. 2008. Phylogenetic analyses of *Bomarea* (Alstroemeriaceae) based on combined analyses of nrDNA ITS, *psbA-trnH*, *rpoB-trnC* and *matK* sequences. *Taxon* 57: 853-862.
- ANDERSON, G.J., G. BERNARDELLO, T.F. STUESSY & D.J. CRAWFORD. 2001. Breeding Systems and pollination of selected plant endemic to Juan Fernandez Islands. *Amer. J. Bot.* 88: 220-233.
- ANDERSON, G.J., S.D. JOHNSON, P.R. NEAL & G. BERNARDELLO. 2002. Reproductive biology and plant systematics: the growth of a symbiotic association. *Taxon* 51: 637-653.
- ANDERSON, G.J., G. BERNARDELLO, M.R. OPEL, A. SANTOS-GUERRA & M. ANDERSON, 2006. Reproductive biology of the dioecious Canary Islands endemic *Withania aristata* (Solanaceae). *Amer.J.Bot.* 93: 1295-1305.
- ANDERSON, I.A. & J.W. BUSCH. 2006. Relaxed pollinator-mediated selection weakens floral integration in self-compatible taxa of *Leavenworthia* (Brassicaceae). *Amer.J.Bot.* 93: 860-867.
- ANDERSON, J.K. & S.I. WARWICK. 1999. Chromosome number evolution in the tribe *Brassicaceae* (Brassicaceae): evidence from isozyme number. *Pl.Syst.Evol.* 215: 255-285.
- ANDRES-SÁNCHEZ, S., E. RICO, A. HERRERO, M. SANTOS-VICENTE, and M. M. MARTÍNEZ-ORTEGA. 2009. Combining traditional morphometrics and molecular markers in cryptic taxa: towards an updated integrative taxonomic treatment for *Veronica* subgenus *Pentastepalae* (Plantaginaceae sensu APG II) in the western Mediterranean. *Bot.J.Linn.Soc* 159: 68-87.
- APPEL, O. & I.A. AL-SHEHBAZ, 2003. Cruciferae. In *The Families and Genera of Vascular Plants. V. Flowering Plants. Dicotyledons. Malvales, Capparales and Non-betain Caryophyllales*. Kubitzki, K. & C. Bayer (eds), Springer-Verlag. Germany: 75-174.
- AROZENA CONCEPCIÓN, M.E. & E. VILLALBA, MORENO, 1993. La isla de La Gomera In: *Geografía de Canarias*. Vol.II. Editorial Prensa Ibérica, S.A.:933-948.
- AROZENA CONCEPCIÓN, M.E. & J.L. GARCÍA RODRÍGUEZ, 1993. La isla de La Palma in: *Geografía de Canarias*. Vol.II. Editorial Prensa Ibérica, S.A.: 869-884.
- ARROYO, M.T.K. 1976. Geitonogamy in animal pollinated tropical angiosperms a stimulus for the evolution of self-incompatibility. *Taxon* 25: 543-548.
- ARÚS, P. 1983. Metodología de electroforesis horizontal en gel de almidón para muestras de hoja de almendra. *IRTA, Cabris*.
- ARÚS, P. & T.J. ORTON, 1983. Inheritance and linkage relationships of isozyme loci in *Brassica oleracea*. *The Journal of Heredity*. 74: 405-412.
- ARÚS, P. & C.R. SHIELDS. 1983. Cole crops (*Brassica oleraceae* L.). In *Isozymes In: Plant Genetics and Breeding. Part B*. 1ª ed., Tanksley, S.D. & T.J. Orton (eds.), Elsevier. Amsterdam: 339-350.
- ARYAVAMD, A., 1983. In: Index to plant chromosome numbers 1986-1987. P. Goldblatt, & D.E. Johnson (eds). Missouri Botanical Garden (1990).
- ATKINSON, I.A.E. 1998. Conserving plants as evolutionary entities: successes and unanswered questions from New Zealand and elsewhere. *Aliso* 16: 103-112.
- AVISE, J.C. & J.L. HAMRICK (eds.). 1996. *Conservation Genetics: Case Histories from Nature*. Madrid, Londres: Chapman & Hall. 512pp.
- AZEVEDO, M.T.A., E.L. BORBA, J. SEMIR & V.N. SOLFERINI, 2007. High genetic variability in Neotropical myophilous orchids. *Bot.J.Linn.Soc.* 153: 33-40.
- BACHMANN, K. 2001. Evolution and the genetic analysis of populations: 1950-2000. *Taxon* 50: 7-45.
- BACHMANN, K., and O. GAILING. 2003. The genetic dissection of the stepwise evolution of morphological characters. In *Deep Morphology. Towards a renaissance of morphology in plant systematics*. T. F. Stuessy, Mayer V. & E. Hörandl (eds), 35-62. Ruggell, Liechtenstein: A.R.G. Gantner Verlag K.G.
- BAKER, H.G. 1953a, Dimorphism and monomorphism in the Plumbaginaceae; II. Pollen and stigmata in the genus *Limonium*. *Ann.Bot.* 1953; XVII (67):433-445.
- BAKER, H.G. 1953b, Dimorphism and monomorphism in the Plumbaginaceae; III. Correlation of geographical distribution patterns with dimorphism and monomorphism in *Limonium*. *Ann.Bot.* XVII (68): 615-627.
- BAKER, H.G. 1955. Self-compatibility and establishment after "long-distance" dispersal. *Evolution* 9: 347-49.
- BAKER, H.G. 1966. The evolution, functioning and breakdown of heteromorphic incompatibility systems. 1. The Plumbaginaceae. *Evolution*. 20: 349-368.
- BAKER, H.G., & P.A. COX. 1984. Further thoughts on dioecism and islands. *Ann.Missouri.Bot.Gard.* 71: 244-253.
- BAUM, D. A., J. C. AUDRAN, E. TORRES, and F. MÉDAIL. 2009. Morphological polymorphism and rDNA internal transcribed spacer (ITS) sequence variation in *Armeria* (Plumbaginaceae) from south-eastern France. *Bot.J.Linn.Soc* 159: 255-67.
- BAÑARES BAUDET, A., G. BLANCA, J. GÜEMES, J.C. MORENO, S. ORTIZ (eds.). 2003. *Atlas y Libro Rojo de la Flora Vasculare Amenazada de España*. 1ª ed. Madrid: Dirección General de Conservación de la Naturaleza. 1.069 pp
- BANKS,H.P.STAFFORD & P.R.CRANE, 2007. Aperture variation in the pollen of *Nelumbo* (Nelumbonaceae). *Grana* 46 (3): 157-163.
- BARBER, J.C., J. FRANCISCO ORTEGA, A. SANTOS-GUERRA, A. MARRERO RODRÍGUEZ & R.K. JANSEN. 2000. Evolution of endemic *Sideritis* (Lamiaceae) in Macaronesia: insights from chloroplast DNA restriction site analysis. *Syst.Bot.* 25: 633-647.
- BARBER, J.C., J. FRANCISCO-ORTEGA, A. SANTOS-GUERRA, K.G. TURNER & R.K. JANSEN, 2002. Origin of Macaronesian *Sideritis* L.

## Bibliografía

- (Lamiaceae: Lamiaceae) inferred from nuclear and chloroplast sequence datasets. *Mol. Phylo. Evol.* 23: 293-306.
- BARBUJANI, G. 1987. Autocorrelation of gene frequencies under isolation by distance. *Genetics* 117: 777-782.
- BARQUIN DIEZ, E. & V. VOGGENREITER. 1988. *Podromus del Atlas Fitocorológico de las Canarias Occidentales. Parte I: Flora autóctona y especies de interés especial. I-VII. Canarias: 877-882.*
- BARRETT, S.C.H. 1988. The evolution, maintenance and loss of self-incompatibility systems. In *Reproductive Strategies of Plants: Patterns & Strategies*. J. Lovett Doust & L. Lovett Doust (eds.), Oxford University Press. New York: 98-124
- BARRETT, S.C.H. 1995. Mating-system evolution in flowering plants: micro- and macroevolutionary approaches. *Acta Botanica Neerlandica* 44: 385-402.
- BARRETT, S.C.H. 1998a. The reproductive biology and genetics of island plants. In: *Evolution on Islands*. P. R. Grant (ed), Oxford University Press. Oxford. 18-34.
- BARRETT, S.C.H. 1998b. The evolution of mating strategies in flowering plants. *Trends in Plant Science* 3: 335-341.
- BARRETT, S.C.H. 2002. Sexual interference of the floral kind. *Heredity* 88: 154-159.
- BARRETT, S.C.H. 2003. Mating strategies in flowering plants: the outcrossing–selfing paradigm and beyond. *Phil. Trans. R. Soc. London* 358: 991-1004.
- BARRETT, S.C.H. 2008. Major evolutionary transitions in flowering plant reproduction: an overview. *Int.J.Plant. Sci* 169 1: 1-5.
- BARRETT, S.C.H. & C.G. ECKERT. 1990. Variation and evolution of mating systems in seed plants. In: *Biological Approaches and evolutionary trends*. S. Kawano (ed), Academic Press. Tokyo: 229-254.
- BARRETT, S.C.H. & J.R. KOHN. 1991. Genetic and evolutionary consequences of small population size in plants: implications for conservation. In: *Genetics and conservation of rare plants*. Falk, D.A. & K.E. Holsinger (eds), Oxford University Press, Inc. New York: 3-30.
- BARRETT, S.C.H. & D. CHARLESWORTH. 1991. Effects of a change in the level of inbreeding on the genetic load. *Nature* 352: 522-524.
- BARRETT, S.C.H. & L.D. HARDER. 1996. Ecology and evolution of plant mating. *Trends in Ecology & Evolution* 11: 73-79.
- BARRETT, S.C.H., L.D. HARDER & W.W. COLÉ. 1994. Effects of flower number and position on self-fertilization in experimental populations of *Eichhornia paniculata* (Pontederiaceae). *Functional Ecology* 8: 526-535.
- BARRETT, S.C.H., L.D. HARDER & A.C. WORLEY. 1996. The comparative biology of pollination and mating in flowering plants. *Phil. Trans. R. Soc. London* 51: 1271-1280.
- BARRETT, S.C.H., L.D. HARDER & A.C. WORLEY. 1997. The comparative biology of pollination and mating in flowering plants. In *Plant Life Histories: Ecology, Phylogeny and Evolution*. J. Silvertown, M. Franco & J.L. Harper (eds.), 57-76. U.K.: Cambridge University Press.
- BASE de DATOS del JARDÍN BOTÁNICO CANARIO "VIERA Y CLAVIJO". Servicio de Medio Ambiente y Aguas del Cabildo de Gran Canaria. Jardincanario.org.
- BASKIN, J.M. & C.C. BASKIN. 1990. Seed Germination Biology of the Narrowly Endemic Species *Lesquerella stonensis* (Brassicaceae). *Plant Species Biology* 5: 205-213.
- BASKIN, C.C. & J.M. BASKIN. 1995. Warm plus cold stratification requirement for dormancy break in seeds of the woodland herb *Cardamine concatenata* (Brassicaceae), and evolutionary implications. *Can. J. Bot.* 73: 608-612.
- BATEMAN, A. J. 1955a. Self-incompatibility systems in angiosperms. III. Cruciferae. *Heredity* 9: 53-68.
- BATEMAN, A. J. 1955b. Self-incompatibility systems in angiosperms. III. Cruciferae. *Heredity* 9: 53-68.
- BATEMAN, A. J. 1956. Cryptic self-incompatibility in the wall flower: *Cheiranthus cheiri* L. *Heredity* 10: 257-61.
- BATISTA, F. & P.A. SOSA. 2002. Allozyme diversity in natural populations of *Viola palmensis* Webb & Berth. (Violaceae) from La Palma (Canary Islands): implications for conservation genetics. *Ann.Bot.* 90: 725-733.
- BATISTA, F., N. BOUZA, M.A. GONZÁLEZ PÉREZ, J. CAUJAPÉ- CASTELLS & P.A. SOSA, 2004. Genetic variation within and between populations of two endangered endemic species of the laurel forest from the Canary Islands, *Myrica rivas-martinezii* (Myricaceae) and *Sideritis discolor* (Lamiaceae). *Aust.J.Bot.* 52: 471-480.
- BATISTA, F., A. BAÑARES BAUDET, J. CAUJAPÉ-CASTELLS, E. CARQUÉ ÁLAMO, M. MARRERO GÓMEZ & P.A. SOSA, 2001. Allozyme diversity in three endemic species of *Cistus* (Cistaceae) from the Canary Islands: intraspecific and interspecific comparisons and implications for genetic conservation. *Amer. J. Bot.* 88: 1582-1592..
- BAWA, K.S. & J.H. BEACH. 1981. Evolution of sexual systems in flowering plants. *Ann.Missouri.Bot.Gard.* 68: 254-274.
- BAWA, K.S, H. KANG & M.H. GRAYUM. 2003. Relationships among time, frequency, and duration of flowering in tropical rain forest trees. *Amer.J.Bot.* 90: 877-887.
- BECK, J.B., I.A. AL-SHEHBAZ & B.A. SCHAAL. 2006. *Leavenworthia* (Brassicaceae) Revisited: Testing Classic Systematic and Mating System Hypotheses. *Syst.Bot.* 31: 151-159..
- BEILSTEIN, M.A., I.A. AL-SHEHBAZ & E.A. KELLOGG. 2006. Brassicaceae phylogeny and trichome evolution. *Amer.J.Bot.* 93: 607-619.
- BELTRÁN TEJERA, E., W. WILDPRET DE LA TORRE, M.C. LEÓN ARENCIBIA, A. GARCÍA GALLO & J.A. REYES HERNÁNDEZ. 1999. *Libro Rojo de la Flora Canaria contenida en la Directiva-Hábitats Europea*. La Laguna, Tenerife: Organismo Autónomo Parques Nacionales. 694pp.
- BENGOECHEA, G. & C. GÓMEZ-CAMPO. 1975. Algunos caracteres de la semilla en la Tribu Brassiceae. *Anal. Inst. Bot. Cavanilles* 32 : 793-841.
- BENTSSON, B.O., P. WEIBULL & L. GHATNEKAR. 1995. The loss of alleles by sampling: a study of the common outbreeding grass *Festuca ovina* over three geographic scales. *Hereditas* 122: 221-238.
- BERGMANN, F. & E.M. GILLET. 1997. Phylogenetic relationships among *Pinus* species (Pinaceae) inferred from different numbers of 6PGDH loci. *Pl.Syst.Evol.* 208: 25-34.
- BERNARDELLO, G., G.J. ANDERSON, T.F. STUESSY & D.J. CRAWFORD. 2001. A survey of floral traits, breeding system, floral visitors and pollination systems of the Angiosperms of the Juan Fernández Islands (Chile). *The Botanical Review* 67: 255-308.
- BERTIN, R.I. 1993. Incidence of monoecy and dichogamy in relation to self-fertilization in Angiosperms. *Amer.J.Bot.* 80: 557-560.
- BERTIN, R.I. & C.M. NEWMAN. 1993. Dichogamy in Angiosperms. *The Botanical Review* 59: 112-137.
- BLACKMORE, S. 2007. Pollen and spores: Microscopic keys to understanding the earth's biodiversity. *Pl.Syst.Evol.* 263:3-12.
- BLACKMORE, S. & P.R. CRANE, 1998. The evolution of apertures in the spores and pollen grains of embryophytes. In *Reproductive Biology in Systematics, Conservation and Economic Botany*. Owens & Rudall (Eds) Whitstable Lito Printers Ltd. Kew. Kent. UK: 159-182.
- BOAZ, M., U. PLITMANN, & C.C. HEYN. 1990. The ecogeographic distribution of breeding systems in the *Cruciferae* (Brassicaceae) of Israel. *Israel J. Bot.* 39: 31-42.
- BÖHLE, U.-R., H. HILGER & W.F. MARTIN. 1996. Island colonization and evolution of the insular woody habit in *Echium* L. (Boraginaceae). *Proc. Natl. Acad. Sci.* 93: 11740-11745.
- BÖHLE, U.-R., H. HILGER, R. CERFF & W.F. MARTIN. 1994. Non-coding chloroplast DNA for plant molecular systematics at the infrageneric level. In *Molecular Ecology and Evolution: Approaches and Applications*. B. Schierwater, B. Streit, G. P. Wagner & DeSalle (eds.) Birkhauser Verlag Basel. Suiza:
- BORG, A.J., L.A. McDADE, and J. SCHÖNENBERGER. 2008. Molecular phylogenetics and morphological evolution of Thunbergioideae (Acanthaceae). *Taxon* 57: 811–822.
- BORGEN, L. 1969. Chromosome numbers of vascular plants from the Canary Islands, with special reference to the occurrence of polyploidy. *Nytt. Mag. Bot.* 16: 81-121.
- BORGEN, L. 1987. *Lobularia* (Cruciferae). A biosystematic study with special reference to the Macaronesian region. *Opera Botanica* 91: 1-96.
- BORGEN, L. 1997. Genetic differentiation in endemic *Lobularia* (Brassicaceae) in the Canary Islands. *Nord.J.Bot.* 16: 487-503.
- BORGEN, L., Ø.H. RUSTAN & R. ELVEN. 1979. *Brassica bourgeauii* (Cruciferae) in the Canary Islands. *Norw. J. Bot.* 26: 255-64.
- BORSCH, T., C. LOHNE, and J. WIERSEMA. 2008. Phylogeny and evolutionary patterns in Nymphaeales: integrating genes, genomes and morphology. *Taxon* 57: 1052–1081.
- BOUZA, N., J. CAUJAPÉ-CASTELLS, M.A. GONZÁLEZ PÉREZ, F. BATISTA & P.A. SOSA, 2002. Populations structure and genetic diversity of two endangered endemic species of the canarian Laurel forest: *Dorycnium spectabile* (Fabaceae) and *Isoplexis chalcantha* (Scrophulariaceae).

- Int. J. Plant Sci.* 163: 619-630.
- BOWEN, L. & D. VAN VUREN. 1997. Insular endemic plants lack defenses against herbivores. *Cons.Biology* 11: 1251-1253.
- BORSCH, T. & V. WILDE. 2000. Pollen variability within species, populations, and individuals, with particular reference to *Nelumbo in Pollen and Spores: Morphology and Biology*, Harley, Morton & Blackmore (eds). Royal Botanic Gardens, Kew. London. 285-299.
- BRAMWELL, D. 1970. A revision of the genus *Parolinia* Webb (Cruciferae) in the Canary Islands. *Bot. Notiser* 123: 395-400.
- BRAMWELL, D. 1971. Studies in the Canary Islands Flora: The vegetation of Punta de Teno, Tenerife. *Cuad. Bot. Canaria* 11: 4-37.
- BRAMWELL, D. 1972a. Endemism in the Flora of the Canary Islands. In: *Taxonomy, Phytogeography and Evolution*. D. H. Valentine (ed.), 141-158.
- BRAMWELL, D. 1972b. A revision of the genus *Echium* in Macaronesia. *Lasgasalia* 2: 37-115.
- BRAMWELL, D. 1975. Some morphological aspects of the adaptive radiation of Canary islands *Echium* species. *Anal. Inst. Bot. Cavanilles* 32: 241-254.
- BRAMWELL, D. 1976. The endemic flora of the Canary Islands; distribution, relationships and phytogeography. In *Biogeography and ecology in the Canary Islands*. G. Kunkel (ed.), DR. W. Junk B.V. Publishers. The Hague: 207-40.
- BRAMWELL, D. 1986. Contribución a la biogeografía de las islas Canarias. *Bot. Macaronésica* 14: 3-34.
- BRAMWELL, D. 1990. Evolution and Conservation the Canarian Flora. Conference Linnean Society: Evolution and Conservation in the North Atlantic Islands. September, 1990.
- BRAMWELL, D. 2009. Climate change and island floras: a challenge for *ex situ* collections. *Global Plant Conservation Science and Outreach Symposium. Chicago Botanic Garden. Chicago*.
- BRAMWELL, D., & J. RODRIGO PÉREZ. 1984. Prioridades para la conservación de la diversidad genética en la flora de las Islas Canarias. *Bot. Macaronésica* 10 (1982): 3-17.
- BRAMWELL, D. & Z. BRAMWELL. 2001. *Flores Silvestres de las Islas Canarias*. Madrid: Editorial Rueda. 437 pp
- BRAMWELL, D., C. J. HUMPHRIES, B. G. MURRAY & S. J. OWENS. 1972. Chromosome studies in the Flora of Macaronesia. *Bot. Notiser* 125: 139-152.
- BRÄUCHLER, C., H. MEIMBERG, T. ABELE & G. HEUBL. 2005. Polyphyly of the genus *Micromeria* (Lamiaceae) - evidence from cpDNA sequence data. *Taxon* 54: 639-650.
- BRAVO, T., 1964. *Geografía general de las islas Canarias*. Vol. II. Goya ediciones. Santa Cruz de Tenerife. 592pp.
- BRIGGS, D. & S. M. WALTERS (eds) 1997. Conservation: confronting extinction species. In: *Plant Variation and Evolution*. 3ª Ed. D. Briggs, & S. M. Walters (eds). Cambridge University Press. Cambridge: 399-433.
- BROCHMANN, C. 1993. Reproductive strategies of diploid and polyploid populations of arctic *Draba* (Brassicaceae). *Pl. Syst. Evol.* 185: 55-83.
- BROCHMANN, C., D. E. SOLTIS & P. S. SOLTIS. 1992. Electrophoretic relationships and phylogeny of Nordic polyploids in *Draba* (Brassicaceae). *Pl. Syst. Evol.* 182: 35-70.
- BROCHMANN, C., Ø. H. RUSTAN, W. LOBIN & N. KILIAN. 1997. The endemic vascular plants of the Cape Verde Islands, W Africa. *Sommerfeltia* 24: 145-56.
- BROWN, A. H. D., & B. S. WEIR, 1983. Measuring genetic variability in plant populations. In: *Isozymes in Plant Genetics Breeding*. Vol. Part A. 1ª ed., Tanksley S. D. & T. J. Orton (eds.), Elsevier Science Publishing Company Inc. New York, NY 10017. U.S.A.: 219-239.
- BROWN, A. O. & J. N. McNEIL. 2006. Fruit production in cranberry (Ericaceae: *Vaccinium macrocarpon*): a bet-hedging strategy to optimize reproductive effort. *Amer. J. Bot.* 93: 910-916.
- BRUNET, J. & D. CHARLESWORTH. 1995. Floral sex allocation in sequentially booming plants. *Evolution* 49: 70-79.
- BUIDE, M. L. & J. GUITIÁN. 2002. Breeding System in the dichogamous hermaphrodite *Silene acutifolia* (Caryophyllaceae). *Ann. Bot.* 90: 691-699.
- BUSCH, J. W. 2005a. The evolution of self-compatibility in geographically peripheral populations of *Leavenworthia alabamica* (Brassicaceae). *Amer. J. Bot.* 92: 1503-1512.
- BUSCH, J. W. & D. J. SCHOEN. 2008. The evolution of self-incompatibility when mates are limiting. *Trends in Plant Science* 13: 128-136.
- BYERS, D. L. & T. R. MEAGHER. 1992. Mate availability in small populations of plant species with homomorphic sporophytic self-incompatibility. *Heredity* 68: 353-359.
- CABRERA-TOLEDO, D., J. GONZÁLEZ-ASTORGA & A. P. VOVIDES, 2008. Heterozygote excess in ancient populations of the critically endangered *Dioon caputoi* (Zamiaceae, Cycadales) from central Mexico. *Bot. J. Linn. Soc.* 158: 436-447.
- CAMACHO ROSALES, J. 1995. *Análisis multivariado con SPSS/PC*. Barcelona: EUB, S.L. 348 pp.
- CAMACHO ROSALES, J. 2002. *Estadística con SPSS para Windows versión 11*. Madrid: RA-MA editorial. 408 pp.
- CAMPBELL, L. G. & B. C. HUSBAND, 2007. Small populations are mate-poor but pollinator-rich in a rare, self-incompatible plant, *Hymenoxys herbacea* (Asteraceae). *New Phytologist* 174: 915-925.
- CARINE, M. 2005. Spatio-temporal relationships of the Macaronesian endemic flora: a relictual series or window of opportunity?. *Taxon* 54: 895-903.
- CARINE, M. A., S. J. RUSSELL, A. SANTOS GUERRA & J. FRANCISCO-ORTEGA. 2004. Relationships of the Macaronesian and Mediterranean floras: molecular evidence for multiple colonizations into Macaronesia and back-colonization of the continent in *Convolvulus* (Convolvulaceae). *Amer. J. Bot.* 91: 1070-1085.
- CARR, D. E. & M. R. DUDASH. 1996. Inbreeding depression in two species of *Mimulus* (Scrophulariaceae) with contrasting mating systems. *Amer. J. Bot.* 83: 586-593.
- CARR, G. D., E. A. POWELL & D. W. KYHOS. 1986. Self-incompatibility in the Hawaiian Madiinae (Compositae): an exception to Baker's rule. *Evolution* 40: 430-434.
- CARRACEDO, J. C. 1999. Groth, structure, instability and collapse of Canarian volcanoes and comparisons with Hawaiian volcanoes. *J. Volc. Geoth. Res.* 94: 1-19.
- CARROMERO, W. & J. L. HAMRICK, 2005. The mating system of *Verbascum thapsus* (Scrophulariaceae) the effect of plant height. *Int. J. Plant Sci.* 166: 979-983.
- CASIVA, P. V., J. C. VILARDI, A. M. CIALDELLA & B. O. SAIDMAN, 2004. Mating system and population structure of *Acacia aroma* and *A. macracantha* (Fabaceae). *Amer. J. Bot.* 91: 58-64.
- CASTRIC, V. & X. VEKEMANS. 2004. Plant self-incompatibility in natural populations: a critical assessment of recent theoretical and empirical advances. *Mol. Ecology* 13: 2873-2889.
- CAUJAPÉ-CASTELLS, J. 2006. *Brújula para botánicos desorientados en la genética de poblaciones*. <http://www.exegen.org/es/publicaciones.php>.
- CAUJAPÉ-CASTELLS, J. 2007. ¿Son artefactos de muestreo los elevados valores de  $G_{ST}$  estimados para muchas plantas endémicas Canarias? III Congreso De Biología De La Conservación De Plantas (Libro De Resúmenes): 62-64.
- CAUJAPÉ-CASTELLS, J. 2008. Muestreo de poblaciones. Criterios genéticos. in *Conservación ex situ de plantas silvestres*. BACHETA, G., A. BUENO SANCHEZ, G. FENU, B. JIMÉNEZ-ALFARO, E. MATTANA, B. PITTO & M. VIEREVAIRE (eds), 99-115. Principado de Asturias/La Caixa.
- CAUJAPÉ-CASTELLS, J. 2009. General  $G_{ST}$  and  $\theta$  inflation due to biased intra-population sampling, and its consequences for the conservation of the Canarian Flora. *Plant Systematics and Evolution* (en prensa).
- CAUJAPÉ-CASTELLS, J. & J. PEDROLA-MONFORT. 2004. Designing *ex-situ* conservation strategies through the assessment of neutral genetic markers: application to the endangered *Androcymbium gramineum*. *Conservation Genetics* 5: 131-44.
- CAUJAPÉ-CASTELLS, J. & M. BACCARANI-ROSAS, 2004. *Transformer-2*: a program for the analysis of molecular population genetic data. Jardín Botánico Canario "Viera y Clavijo" and Instituto Tecnológico de Canarias. Las Palmas de Gran Canaria. Spain.
- CAUJAPÉ-CASTELLS, J. & J. PÉREZ DE PAZ, 2007. Fortunate islands, valetudinarian data: a critical perspectiva on the available allozyme information for Canarian endemic plants. *International Meeting of Experts in Molecular Population Genetic Markers and Biological Databases (Libro De Resúmenes)*.
- CAUJAPÉ-CASTELLS, J., J. PÉREZ DE PAZ, R. FEBLES, O. FERNÁNDEZ-PALACIOS, C. SUÁREZ GARCÍA, S. MORA, P. NAVARRO, M. OLANGUA, R. JAÉN, F. SOSA, R. TORRENT. 2001. Manual de laboratorio del Jardín Canario "Viera y Clavijo" I. Isoenzimas en gel



## Bibliografía

- horizontal de almidón (sin publicar).
- CAUJAPÉ-CASTELLS, J., A. MARRERO RODRÍGUEZ, M. BACCARANI ROSAS, N. CABRERA GARCÍA & B. VILCHES NAVARRETE, 2008a. Population genetics of the endangered Canarian endemic *Atractylis arbuscula* (Asteraceae): implications for taxonomy and conservation. *Pl.Syst.Evol.* 274: 99-109.
- CAUJAPÉ-CASTELLS, J., J. NARANJO SUÁREZ, I. SANTANA LÓPEZ, M. BACCARANI ROSAS, N. CABRERA GARCÍA, M. MARRERO GÓMEZ, E. CARQUÉ ÁLAMO & R. MESA COELLO, 2008b. Population genetic suggestions to offset the extinction ratchet in the endangered Canarian endemic *Atractylis preauxiana* (Asteraceae). *Pl.Syst.Evol.* 274: 191-199.
- CESKA, J.F., J.M. AFFOLTER & J.L. HAMRICK. 1997. Developing a sampling strategy for *Baptisia archnifera* based on allozyme diversity. *Cons.Biology* 11: 1133-1139.
- CHANDLER, G.T. & M.D. CRISP. 1998. Morphometric and phylogenetic analysis of the *Daviesia ulicifolia* complex (Fabaceae, Mirbelieae). *Pl.Syst.Evol.* 209: 93-122.
- CHARLESWORTH, D. 1988. A method for estimating outcrossing rates in natural populations of plants. *Heredity* 61: 469-471.
- CHARLESWORTH, D. 2003. Effects of inbreeding on the genetic diversity of populations. *Phil. Trans. R. Soc. Lond.* 358: 1051-1070.
- CHARLESWORTH, D. & B. CHARLESWORTH, 1987. Inbreeding depression and its evolutionary consequences. *Ann. Rev. Ecol. Syst.* 18: 237-268.
- CHARLESWORTH, D. & Z. YANG. 1998. Allozyme diversity in *Leavenworthia* populations with different inbreeding levels. *Heredity* 81: 453-461.
- CHARLESWORTH, D. & P. AWADALLA. 1998. Flowering plant self-incompatibility: the molecular population genetics of *Brassica* S-loci. *Heredity* 81: 1-9.
- CHARLESWORTH, D., B., M. NORDBORG & D. CHARLESWORTH. 1997. The effects of local selection, balanced polymorphism and background selection on equilibrium patterns of genetic diversity in subdivided populations. *Genetical Research* 70: 155-174.
- CHARMET, G. & F. BALFOURIER. 1994. Isozyme variation and species relationships in the genus *Lolium* L. (ryegrasses, Gramineae). *Theor. Appl. Genet.* 87: 641-649.
- CHASE, M.W., M.F. FAY, & V. SAVOLAINEN. 2000. Higher-level classification in the angiosperms: new insights from the perspective of DNA sequence data. *Taxon* 49: 685-704.
- CHEMISQUY, M.A., F.J. PREVOST & O. MORRONE. 2009. Seed morphology in the tribe Chloraeae (Orchidaceae): combining traditional and geometric morphometrics. *Bot.J.Linn.Soc.* 160: 171-183.
- CHEN, J. & D.L. SMITH. 2001. Amide hydrogen exchange shows that malate dehydrogenase is a folded monomer at pH 5. *Protein Science* 10: 1079-1083.
- CHUINE, I., J. BELMONTE & A. MIGNOT. 2000. A modelling analysis of the genetic variation of phenology between tree populations. *J. Ecology* 88: 561-570.
- CHUNG, M.Y., J.D. NASON & M.G. CHUNG, 2005. Spatial genetic structure in populations of the terrestrial orchid *Orchis cyclochila* (Orchidaceae). *Pl.Syst.Evol.* 254: 209-219.
- CHUNG, M.Y., C.-W. PARK, E.R. MYERS & M.G. CHUNG, 2007. Contrasting levels of genetic diversity between the common, self-compatible *Liparis kumokiri* and rare, self-incompatible *Liparis makinoana* (Orchidaceae) in South Korea. *Bot.J.Linn.Soc.* 153: 41-48.
- CLARKE, G.C.S., 1975. Irregular pollen grains in some *Hypericum* species. *Grana* 15: 117-125.
- CLAYTON, J.W. & D.N. TRETIAK, 1972. Amine citrate buffer for pH control in starch gel electrophoreses. *J. Fish. Res. Board Canada* 29: 1169-1172.
- CLEMENTE MUÑOZ, M. & J.E. HERNÁNDEZ BERMEJO. 1978. La corola en la tribu Brassiceae. *Anal. Inst. Bot. Cavanilles* 35: 297-334.
- CLEMENTE MUÑOZ, M. & J.E. HERNÁNDEZ BERMEJO. 1980a. El cáliz en la tribu Brassiceae (Cruciferae). *Anal.Jard. Bot. Madrid* 36: 77-96.
- CLEMENTE MUÑOZ, M., & J.E. HERNÁNDEZ BERMEJO. 1980b. Clasificación jerárquica de las Brasiceae según caracteres de las piezas estériles de su flor. *Anal.J.Bot.Madrid* 36: 97-113.
- COATES, D.J. & M. BYRNE. 2005. Genetic variation in plant populations: assessing cause and patterns. In: *Plant Diversity and Evolution: Genotypic and Phenotypic Variation in Higher Plants*. Henry, R.J. (ed.), CAB International. Wallingford: 139-164
- COCKERHAM, C.C., 1969. Variance of gene frequencies. *Evolution* 23: 72-84.
- CONNER, J.K., & A. STERLING. 1995. Testing hypothesis of functional relationships: A comparative survey of correlation patterns among floral traits in five insect-pollinated plants. *Amer.J.Bot.* 82: 1399-406.
- CONNER, J.K., S. RUSH & P. JENNETTEN. 1996. Measurements of natural selection on floral traits in wild radish (*Raphanus raphanistrum*). I. Selection through lifetime female fitness. *Evolution* 50: 1127-1236.
- CONNER, J.K., S. RUSH, S. KERCHER & P. JENNETTEN. 1996. Measurements of natural selection on floral traits in wild radish (*Raphanus raphanistrum*). II. Selection through lifetime male and total fitness. *Evolution* 50: 1137-1146.
- CONTRERAS DÍAZ, H.G., 2004. Filogeografía del género *Pimelia* (Col., Tenebrionidae) en la isla de Gran Canaria: implicaciones para su conservación. *Boletín de la Asociación Española de Entomología* 28: 11.
- COPETE, M.A., J.M.HERRANZ & P. FERRANDIS. 2003. *Coincya rupestris* subsp. *rupestris*. In *Atlas y Libro Rojo de la Flora vascular Amenazada de España*. 1ª ed., Bañares Baudet, A., G. Blanca, J. Güemes, J.C. Moreno, S. Ortiz (eds.), Dirección General de Conservación de la Naturaleza. Madrid: 192-193.
- CORNUET J.M & G. LUIKART, 1996. Description and evaluation of two tests for detecting recent bottlenecks. *Genetics* 144: 2001-2014.
- CRAWFORD, D.J. 1989. Enzyme Electrophoresis and Plant Systematics. In: *Isozymes in Plant Biology*. Vol. 4. 1ª ed., Soltis, D.E & P.S. Soltis (eds), Dioscorides Press. Hong Kong: 146-64.
- CRAWFORD, D. J. 2000. Plant macromolecular systematics in the past 50 years: one view. *Taxon* 49: 479-501.
- CRAWFORD, D.J. & E.B. SMITH. 1982. Allozyme variation in *Coreopsis nuecensoides* and *C. nuecensis* (Compositae), a progenitor-derivative species pair. *Evolution* 36: 379-386.
- CRAWFORD, D.J., R. WITKUS & T.F. STUESSY. 1987. Plant Evolution and Speciation on Oceanic Islands. in *Differentiation Patterns in Higher Plants*. K. M. Urbanska (ed), Academic Press. London: 183-199.
- CRAWFORD, D.J., M.E. MORT & J.K. ARCHIBALD. 2005. Biosystematics, chromosomes and molecular data: melding the old and the new. *Taxon* 54: 285-289.
- CRAWFORD, D.J., G.J. ANDERSON & G. BERNARDELLO, 2009. The reproductive biology of island plants. In *Biology Island Plant*. D. Bramwell (ed.). Cambridge University Press (en prensa).
- CRAWFORD, D.J., J.K. ARCHIBALD, A. SANTOS- GUERRA & M.E. MORT, 2006. Allozyme diversity within and divergence among species of *Tolpis* (Asteraceae-Lactuceae) in the Canary Islands: systematic, evolutionary, and biogeographical implications. *Amer.J.Bot.* 93: 656-664.
- CRAWFORD, D.J., E.B. SMITH, M.L. ROBERTS, M. BENKOWSK & M. HOFFMAN. 1990. Phylogenetic implications of differences in number of plastid phosphoglucose isomerase isozymes in North American *Coreopsis* (Asteraceae: Heliantheae: Coreopsidinae). *Amer. J. Bot.* 77: 54-63.
- CRAWFORD, D.J., J.K. ARCHIBALD, D. STOERMER, M.E. MORT, J.K. KELLY & A. SANTOS-GUERRA. 2008. A test of Baker's law: breeding systems and the radiation of *Tolpis* (Asteraceae) in the Canary Islands. *Int. J. Plant Sci.* 196: 782-791
- CRAWFORD, D.J., E. RUIZ, T.F. STUESSY, E. TEPE, P. AQEVEQUE, F. GONZALES, R.J. JENSEN, G.J. ANDERSON, G. BERNARDELLO, C.M. BAEZA, U. SWENSON & O.M. SILVA, 2001. Allozyme diversity in endemic flowering plant species of the Juan Fernandez Archipelago, Chile: ecological and historical factors with implications for conservation. *Amer. J. Bot.* 88: 2195-203.
- CRISCI, J. 1977. Clasificación biológica: Naturaleza, objetivos, fundamentos. *Obra del Centenario del Museo de La Plata*, T.III: 51-61.
- CRISCI, J. V. 2006a. One-dimensional dystematist: perils in a time of steady progress. *Syst.Bot.* 31: 217-221.
- CRISCI, J. V. 2006b. Making Taxonomy Visible. *Syst.Bot.* 31: 439-440.
- CRISCI, J. & M. F. LÓPEZ ARMENGOL. 1983. *Introducción a la teoría y práctica de la Taxonomía Numérica*. Monografía, 26, Ser. Biología. Programa de Monografías científicas. Secretaría General de la Organización de los Estados Americanos. Washington, DC. 128 pp
- CRNOKRAK, P. & S.C.H. BARRETT. 2002. Perspective: purging the genetic load: a review of the experimental evidence. *Evolution* 56: 2347-2358.



- CRONBERG, N. 1996. Isozyme evidence of relationships within *Sphagnum* sect. *Acutifolia* (Sphagnaceae, Bryophyta). *Pl.Syst.Evol.* 203: 41-64.
- CRONQUIST, A. 1988. *The Evolution and Classification of Flowering Plants*. New York: The New York Botanical Garden. 555pp
- CRUDEN, R.W. 1977. Pollen-Ovule ratios: a conservative indicator of breeding systems in flowering plants. *Evolution* 31: 32-46.
- CRUDEN, R.W. 2000. Pollen grains: why so many?. In: *Pollen and Pollination*. A. Dafni, M. Hesse, & E. Pacini, (Eds): *Pl.Syst.Evol.* 222: 143-165.
- CRUDEN, R.W. 2009. Pollen grain size, stigma depth, and style length: the relationships revisited. *Pl.Syst.Evol* 278:223-238
- CRUDEN, R.W. & S.M. HERMANN-PARKER. 1977. Temporal dioecism: an alternative to dioecism? *Evolution* 31: 863-866.
- CULLEY, T.M., S.G. WELLER, A.K. SAKAI & A.E. RANKIN. 1999. Inbreeding depression and selfing rates in a self-compatible, hermaphroditic species, *Schiedea membranacea* (Caryophyllaceae). *Amer.J.Bot.* 86: 980-987.
- D'AMBROGIO, A. & D. MEDAN. 1993. Comportamiento reproductivo de *Colletia paradoxa* (Rhamnaceae). *Darwiniana* 1-4: 1-14.
- DAFNI, A. 1992. *Pollination Ecology. A practical approach*. New York: Irl Press. Oxford University Press. 250 pp
- DARWIN, C., 1876. *The effects of cross and self fertilization in the vegetable kingdom*. London. John Murray.
- DARWIN, C., 1877. *The Different Forms of Flowers on Plants of the Same Species*. John Murray, London.
- DAVIDAR, P. & E.S. MORTON. 1986. The relationship between fruit crop sizes and fruit removal rates by birds. *Ecology* 67: 262-265.
- DE DALLA TORRE, C.G. & H. HARMS. 1963. *Genera Siphonogamarum ad Systema Englerianum conscripta*. Wiesbaden: Lipsiae: 181-192.
- DE LAGARDE, J. 1983. *Initiation à l'anlyse des données*. Paris: Dunod. 158 pp.
- DE NETTANCOURT, D. 1977. *Incompatibility in Angiosperms. Vol 3 of the Series Monographs on Theoretical and Applied Genetics*, Springer-Verlag, Berlin.
- DE NETTANCOURT, D. 2001. *Incompatibility and incongruity in wild and cultivated plants*. Germany: Springer-Verlag. 322 pp.
- DEL ARCO AGUILAR, M.J. & O. RODRÍGUEZ DELGADO. 2003. Las comunidades vegetales de Gran Canaria. In: *Apuntes sobre Flora y Vegetación de Gran Canaria (Guía de la excursión geobotánica de las XIX Jornadas de Fitosociología y Simposio Internacional de la FIP 2003)*. RODRÍGUEZ DELGADO, O. (coord.). Cabilo de Gran Canaria. Medio Ambiente y Aguas: 71-134.
- DEL ARCO, M., M. SALAS, J. R. ACEBES GINOVÉS, M.C. MARRERO, J.A. REYES-BETANCORT & P.L. PÉREZ DE PAZ. 2002. Bioclimatology and climatophilous vegetation of Gran Canaria (Canary Islands). *Ann. Bot. Fennici* 39: 15-41.
- DEL CASTILLO, R. 1998. Fitness consequences of maternal and nonmaternal components of inbreeding in the gynodioecious *Phacelia dubia*. *Evolution* 52: 44-60.
- DENSLOW, J. S. 1987. Fruit removal rates from aggregated and isolated bushes of the red elderberry, *Sambucus pubens*. *Can. J. Bot.* 65: 1229-1235.
- DERIEG, N.J., A. SANGAUMPHAI & L.P. BRUEDERLE, 2008. Genetic diversity and endemism in North American *Carex* section *Ceratocystis* (Cyperaceae). *Amer.J.Bot.* 95: 1287-1296.
- DEVLIN, B. & A.G. STEPHENSON. 1984. Factors that influence the duration of the staminate and pistillate phases of *Lobelia cardinalis* flowers. *Botanical Gazette* 145: 323-328.
- DEVLIN, B., J. CLEGG & N.C. ELLSTRAND. 1992. The effect of flower production on male reproductive success in wild radish populations. *Evolution* 46: 1030-1042.
- DÍEZ DAPENA, M.J., 1987. Brassicaceae. In: *Atlas Polínico de Andalucía Occidental*. Valdés, B., M.J. Díez Dapena & I. Fernández (eds). Sevilla: Instituto de Desarrollo regional de la Universidad de Sevilla: 154-158.
- DIGGLE, P.K., 1999. Heteroblasty and the evolution of flowering phenologies. *Int. J. Plant Sci.* 160: S123-S134.
- DIGGLE, P.K., 2003. Architectural effects on floral form and function: a review. In *Deep Morphology. Towards a renaissance of morphology in plant systematics*. Stuessy, T. F., V. Mayer & E. Hörandl (eds.), A.R.G. Gantner Verlag K.G. Ruggell, Liechtenstein: 63-80
- DILCHER, D. L. 2001. Paleobotany: some aspects of non-flowering and flowering plant evolution. *Taxon* 50: 697-711.
- DOBES, C.H., T. MITCHELL-OLDS & M.A. KOCH. 2004. Extensive chloroplast haplotype variation indicates Pleistocene hybridization and radiation of North American *Arabis drummondii*, *A.divaricarpa*, and *A. holboellii* (Brassicaceae). *Mol.Ecology* 13: 349-370.
- DOBZHANSKY, T., F.J. AYALA, G.L. STEBBINS & J.W. VALENTINE, 1980. *Evolución*. Ed. Omega. Barcelona. 558 pp.
- DOLAN, R. W. 1995. The rare, serpentine endemic *Streptanthus morrisonii* (Brassicaceae) species complex, revisited using isozyme analysis. *Syst.Bot.* 20: 338-346.
- DONOHUE, K. 1998. Effects of inbreeding on traits that influence dispersal and progeny density in *Cakile edentula* var. *lacustris* (Brassicaceae). *Amer. J. Bot.* 85: 661-668.
- DOYLE, J.A. 2005. Early evolution of angiosperm pollen as inferred from molecular and morphological phylogenetic analyses. *Grana* 44: 227-251.
- DOYLE, J.A. & C.L.HOTTON, 1991. Diversification of early angiosperm pollen in a cladistic context in Blackmore, S. & S.H. Barnes (eds.): *Pollen and Spores. Patterns of Diversification*: 167-195. Systematics Association. Clarendon Press. Oxford.
- DOYLE, J.A. & P.K. ENDRESS. 2000. Morphological phylogenetic analysis of basal angiosperms: comparison and combination with molecular data. *Int. J. Plant Sci.* 161: S121-S153.
- DREYER, L.L. & A.E.VAN WYK, 1998. Aberrant pollen in southern African *Oxalis* (Oxalidaceae). *Grana* 37: 337-342.
- DUDASH, M.R. 1990. Relative fitness of selfed and outcrossed progeny in a self-compatible, protandrous species, *Sabatia angularis* L. (Gentianaceae): a comparison in three environments. *Evolution* 44: 1129-1139.
- DUDASH, M.R. & S.B. FENSTER. 2001. The role of breeding system and inbreeding depression in the maintenance of an outcrossing mating strategy in *Silene virginica* (Caryophyllaceae). *Amer.J.Bot.* 88: 1953-59.
- DUPONT, Y.L. 2000. Adaptive radiation in the Canarian island community of *Echium* (Boraginaceae) and their pollinating bees (Apoidea). *Appendix 1*: 1-2.
- DUPONT, Y.L. & C. SKOV. 2004. Influence of geographical distribution and floral traits on species richness of bees (Hymenoptera: Apoidea) visiting *Echium* species (Boraginaceae) of the Canary Islands. *Int. J. Plant Sci.* 165: 377-386.
- DUPONT, Y.L. & J.M. OLESEN, 2006. Andromonoecy and buzz pollination in *Solanum* species (Solanaceae) endemic to the Canary Islands. *Anal.J.Bot.Madrid* 63: 63-66.
- DUPONT, Y.L., D.M. HANSEN, & J.M. OLESEN, 2003. Structure of a plant-flower-visitor network in the high-altitude sub-alpine desert of Tenerife, Canary Islands. *Ecography* 26: 301-310.
- DURÁN ALTISENT, J.M. & F. PÉREZ GARCÍA, 1984. Aspectos fisiológicos de la germinación de semillas. E.T.S. de Ingenieros Agrónomos de la Universidad Politécnica de Madrid.
- DURAN, K.L., T.K. LOWREY, R.R. PARMENTER & P.O. LEWIS, 2005. Genetic diversity in Chihuahuan Desert populations of creosotebush (Zygophyllaceae: *Larrea tridentata*). *Amer.J.Bot.* 92: 752-760.
- DYTHAM, C. 2003. *Choosing and using statistics. A Biologist's Guide*. Oxford.: Blackwell Publishing. 248 pp
- ECKERT, C.G. & S.C.H. BARRETT. 1994. Inbreeding depression in partially self-fertilizing *Decodon verticillatus* (Lythraceae): population-genetic and experimental analyses. *Evolution* 8: 952-964.
- EHLERS, B.K. & H.Æ. PEDERSEN. 2000. Genetic variation in three species of *Epipactis* (Orchidaceae): geographic scale and evolutionary inferences. *Biol.J.Linn.Soc.* 69: 411-430.
- EHRENDORFER, F. 1979. Reproductive Biology in Island Plants. In *Plants and Islands*. D. Bramwell (ed.), Academic Press. London: 293-306.
- EHRENDORFER, F., R. SAMUEL & W. PINSKER. 1996. Enzyme analysis of genetic variation and relationships in diploid and polyploid taxa of *Galium* (Rubiaceae). *Pl.Syst.Evol.* 202: 121-135.
- ELGAR, M.A. & D. CLODE. 2001. Inbreeding and extinction in island populations: a cautionary note. *Cons.Biology* 15: 284-286.
- ELLEMAN, C.J. & H.G. DICKINSON. 1994. Pollen-stigma interaction during sporophytic self-incompatibility in *Brassica oleracea*. In *Genetic control of self-incompatibility and reproductive development in flowering plants*. Williams, E.G., A.E. Clarke & R.B. Knox (eds). Dordrecht: Kluwer Academic Publishers. 67-87.
- ENDRESS, P. K. 1992. Evolution and floral diversity: the phylogenetic surroundings of *Arabidopsis* and *Antirrhinum*. *Int. J. Plant Sci.* 153: S-196-S-122.

## Bibliografía

- ENDRESS, P. K. 1994. *Diversity and Evolutionary Biology of Tropical Flowers*. Cambridge: Cambridge University Press. 511 pp.
- ENDRESS, P. K. 1999. Symmetry in flowers: diversity and evolution. *Int. J. Plant Sci.* 160: S3-S23.
- ENDRESS, P. K. 2003. What should a "complete" morphological phylogenetic analysis entail? In *Deep Morphology. Towards a renaissance of morphology in plant systematics*. T. F. Stuessy, Mayer V. & E. Hörandl eds, 131-64. Ruggell, Liechtenstein: A.R.G. Gantner Verlag K.G.
- ENDRESS, P.K., & D.H. LORENCE. 2004. Heteodichogamy of a novel type in *Hernandia* (Hernandiaceae) and its structural basis. *Int. J. Plant Sci.* 165: 753-763.
- ENDRESS, P. K., R. BASS, and M. GREGORY. 2000. Systematic plant morphology and anatomy- 50 years of progress. *Taxon* 49: 401-34.
- ERDTMAN, G. 1969. *Handbook of Palynology*. Copenhagen. Munksgaard. 486 pp.
- ERDTMAN, G., 1971. *Pollen morphology and plant taxonomy Angiosperms. An introduction to Palynology I* (2ª edición). Hafner Publishing Company. New York. 539 pp.
- ERICKSON, D.L. & J.L. HAMRICK, 2003. Genetic and clonal diversity for *Myrica cerifera* along a spatiotemporal island chronosequence. *Heredity* 90: 25-32.
- ESCHMANN-GRUPE, G., B. NEUFFER & H. HURKA. 2004. Extent and structure of genetic variation in two colonising *Diplotaxis* species (Brassicaceae) with contrasting breeding systems. *Pl.Syst.Evol.* 244: 31-43.
- EUNIS DATABASE 2. 2005. European Nature Information System Database version 2. <http://eunis.eea.eu.int>
- EVANS, M.E.K., R. W. DOLAN, E.S. MENGES & D.R. GORDON. 2000. Genetic diversity and reproductive biology in *Warea carteri* (Brassicaceae), a narrowly endemic Florida scrub annual. *Amer.J.Bot.* 87: 372-381.
- EVERITT, B.S., & G. DUNN. 2001. *Applied Multivariate Data Analysis*. New York: Oxford University Press. 342 pp.
- FAEGRI, K., & L. VAN DER PIJL. 1971. *The principles of pollination ecology*. Pergamon Press. Oxford.
- FAEGRI, K., & L. VAN DER PIJL. 1979. The principles of pollination ecology, third revised edition. 244 pp. Pergamon Press. Oxford.
- FAIRFIELD, K.N., M.E. MORT & A. SANTOS GUERRA. 2004. Phylogenetics and evolution of the Macaronesian members of the genus *Aichryson* (Crassulaceae) inferred from nuclear and chloroplast sequence data. *Pl.Syst.Evol.* 248: 71-83.
- FALK, D.A. & K.E. HOLSINGER (eds.) 1991. *Genetics and Conservation of Rare Plants*. New York: Oxford University Press, Inc. 289 pp
- FARRIS, J. S. 1972. Estimating phylogenetic trees from distance matrices. *Amer. Natur.* 106:645-668.
- FEBLES, R. 1986. Análisis cariotípico del género *Carlina* L. (Compositae) en las islas Canarias. *Bot.Macaronesia* (1984) 12-13: 87-96.
- FEBLES, R. 1989. Estudios en la Flora Macaronésica: algunos números de cromosomas. VI. *Bot.Macaronesia* 17: 57-76.
- FEBLES, R., A.M. FERNÁNDEZ-PERALTA & J.J. GONZÁLEZ-AGUILERA. 1989a. Análisis cariotípico de las especies endémicas del género *Tanacetum* L. (Anthemideae-Asteraceae). *Bot. Macaronésica* 18: 59-68.
- FEBLES, R., A.M. FERNÁNDEZ-PERALTA & J.J. GONZÁLEZ-AGUILERA. 1989b. Análisis cariotípico de los géneros *Gonospermum* Less y *Lugoa* DC (Asteraceae-Anthemideae). *Bot. Macaronésica* 17: 77-91.
- FEBLES, R. 1990. *Análisis citogenético y evolutivo en las especies endémicas de los géneros Gonospermum Less., Lugoa DC. y Tanacetum L. (Compositae: Anthemideae) de las islas Canarias*. Tesis Doctoral (unp.) Facultad de Biología. Universidad Autónoma de Madrid. 454 pp.
- FEBLES, R., & J. PÉREZ DE PAZ. 2005. Sistemas de reproducción y biodiversidad Macaronésica. II. Síndromes florales, dicogamia y otros componentes filogenéticos de diversidad. *VIII Simposio de La Asociación Iberomacaronésica de Jardines Botánicos*.
- FEBLES R., O. FERNÁNDEZ-PALACIOS, J. PÉREZ DE PAZ, and M. OLANGUA CORRAL. 2006a. La Flor: micro-marcadores y heteromorfismos. Elementos del Banco: especies, poblaciones naturales y muestreo. Almacenamiento de material, metodología, técnicas de observación y captación de imágenes. *Jornadas Red de Bancos de Biodiversidad en la Flora Macaronésica (BIOMABANC)*. Las Palmas G.C.
- FEBLES R., M. OLANGUA CORRAL & O. PÉREZ DE PAZ J. FERNÁNDEZ-PALACIOS. 2006b. Fruto, semillas y reproducción asexual (apomixia): micro-marcadores de eficacia reproductiva. Muestreo, almacenamiento de material y captación de imágenes. *Jornadas Red de Bancos de Biodiversidad en la Flora Macaronésica (BIOMABANC)*. Las Palmas G.C.
- FERGUSON, I.K., 1980. The pollen morphology of *Ceratonia* (Leguminosae: Caesalpinioideae). *Kew Bulletin* 35: 273-277.
- FERGUSON, J. W. H. 2002. On the use of genetic divergence for identifying species. *Biol.J.Linn.Soc.* 75: 509-516.
- FERNÁNDEZ-LÓPEZ, Á. & M. MARRERO GÓMEZ. 2000. Conservación de recursos genéticos vegetales del monteverde canario. *Invest.Agrar., Sist. y Recur. For.* fuera de serie nº 2: 185-208.
- FERNÁNDEZ-PALACIOS, J.M. & A. DE LOS SANTOS. 1996. *Ecología de las Islas Canarias. Muestreo y análisis de poblaciones y comunidades*. Santa Cruz de La Palma: Sociedad La Cosmológica. 390 pp.
- FERNÁNDEZ-PALACIOS, J.M. & J.L. MARTÍN ESQUIVEL. 2001. Las islas como experimento de laboratorio. in *Naturaleza de las islas Canarias. Ecología y Conservación*. J.M. Fernández-Palacios & J.L. Martín Esquivel (eds), Turquesa ediciones. España. 39-44
- FERNÁNDEZ-PALACIOS, J.M. & E. DIAS. 2001. Marco biogeográfico macaronésico. in: *Naturaleza de las islas Canarias. Ecología y Conservación*. Fernández-Palacios, J.M. & J.L. Martín Esquivel (Eds.), Turquesa ediciones. España: 45-52.
- FERNÁNDEZ-PALACIOS, O. 2003. *Parolinia filifolia* Kunkel. in *Altas y Libro Rojo de la Flora vascular Amenazada de España*. 1ª ed., Bañares Baudet, A., G. Blanca, J. Güemes, J.C. Moreno, S. Ortiz (eds.), Dirección General de Conservación de la Naturaleza. Madrid: 806-807.
- FERNÁNDEZ-PALACIOS, O., J. PÉREZ DE PAZ & R. FEBLES, 2002a. Biología reproductiva del género endémico canario, *Parolinia* Webb (Cruciferae). 1º Congreso De Biología De La Conservación De Plantas (Libro De Resúmenes): 67.
- FERNÁNDEZ-PALACIOS, O., B. VILCHES NAVARRETE & C. ORTEGA, 2003a. *Parolinia platypetala* Kunkel. in *Altas y Libro Rojo de la Flora vascular Amenazada de España*. 1ª ed., Bañares Baudet, A., G. Blanca, J. Güemes, J. C. Moreno, S. Ortiz (eds.), Dirección General de Conservación de la Naturaleza. Madrid: 430-431.
- FERNÁNDEZ-PALACIOS, O., B. VILCHES NAVARRETE & C. ORTEGA, 2003b. *Parolinia glabriuscula* Montelongo & Bramwell. in *Altas y Libro Rojo de la Flora vascular Amenazada de España*. 1ª ed., Bañares Baudet, G. Blanca, J. Güemes, J. C. Moreno, S. Ortiz S. (eds.), Dirección General de Conservación de la Naturaleza. Madrid: 428-429.
- FERNÁNDEZ-PALACIOS, O., J. PÉREZ DE PAZ & R. FEBLES, 2005a. Micro-marcadores de biodiversidad morfológico-reproductiva y sistemas de cruzamiento en el género canario *Parolinia* WEBB (Brassicaceae). 2º Congreso De Biología De La Conservación De Plantas (Libro De Resúmenes).
- FERNÁNDEZ-PALACIOS, O., J. PÉREZ DE PAZ & R. FEBLES, 2005b. Morphological-reproductive biodiversity micromarkers in the Canarian endemic genus *Parolinia* Webb (Brassicaceae). *XVII International Botanical Congress (Libro De Resúmenes)*: 458.
- FERNÁNDEZ-PALACIOS, O., J. PÉREZ DE PAZ & R. FEBLES. 2008. Ciclo vital, fenología floral y dicogamia de *Parolinia glabriuscula* P. platypetala (Brassicaceae: Matthioleae) dos endemismos de Gran Canaria. *Bot. Macaronésica* 17-55.
- FERNÁNDEZ-PALACIOS O., J. PÉREZ DE PAZ & R. FEBLES, 2008. Polimorfismos y series polínicas intra-florales en el género canario *Parolinia* (Matthioleae-Brassicaceae) en relación al número cromosómico y duplicaciones genéticas. *XVI International A.P.L.E Symposium of Palynology* (Libro De Resúmenes): 117.
- FERNÁNDEZ-PALACIOS, O., R. FEBLES, J. PÉREZ DE PAZ & J. CAUJAPÉ-CASTELLS, 2002b. Biodiversidad genética del género endémico canario, *Parolinia* Webb (Cruciferae). 1º Congreso De Biología De La Conservación De Plantas (Libro De Resúmenes): 89.
- FERNÁNDEZ-PALACIOS, O., J. PÉREZ DE PAZ, R. FEBLES & J. CAUJAPÉ-CASTELLS, 2004. Diversidad genética en *Parolinia: P.glabriuscula* y *P.platypetala* (Brassicaceae: Matthioleae). *Bot. Macaronésica* 25: 147-64.
- FERNÁNDEZ-PALACIOS, O., J. PÉREZ DE PAZ, R. FEBLES & J. CAUJAPÉ-CASTELLS, 2007. Duplicaciones y diversidad genética de *Parolinia ornata* (Brassicaceae: Matthioleae) endemismo de Gran Canaria en relación a dos congéneres más restringidos y otros taxones isleños y continentales. *Bot. Macaronésica* 26 (2006): 19-54.
- FERRER, M.M. & S.V. GOOD-AVILA. 2007. Macrophylogenetic analyses of the gain and loss of self-incompatibility in the Asteraceae. *New Phytologist* 173: 401-414.
- FIGUEIREDO GOULART, M., J.P. LEMOS FILHO & M.B. LOVATO. 2005. Phenological variation within and among populations of *Plathymenia reticulata* in Brazilian Cerrado, the Atlantic forest and transitional sites. *Ann.Bot.* 96: 445-455.
- FONT QUER, P., 1993.- Diccionario de Botánica. Ed. Labor S.A. Barcelona.

- FORD, B.A., D.A.R. McQUEEN, J.R. STARR & R.F. C. NACZI. 1998a. The impact of species-specific traits and phylogenetic relatedness on allozyme diversity in *Carex* sect. *Phyllostachys* (Cyperaceae). *Pl.Syst.Evol.* 212: 13-29.
- FORD, B.A., J.R. STARR, D.A. R. McQUEEN & R. F. C. NACZI. 1998b. Relationships among species in *Carex* sect. *Phyllostachys* (Cyperaceae) based on allozyme divergence. *Pl.Syst.Evol.* 212: 31-51.
- FORFANG, A.-S., & J.M. OLESEN, 1998. Male-biased sex ratio and promiscuous pollination in the dioecious island tree *Laurus azorica* (Lauraceae). *Pl.Syst.Evol.* 212: 143-157.
- FOX, C. W. 2005. Problems in measuring among-family variation in inbreeding depression. *Amer.J. Bot.* 92: 1929-1932.
- FRANCESCHINELLI, E.V. & K.S. BAWA, 2000. The effect of ecological factors on the mating system of a South American shrub species (*Helicteres brevispira*). *Heredity* 84: 116-123.
- FRANCISCO-ORTEGA, J., 1996. *Curso "Métodos para la Sistemática Molecular de Plantas"*. Jardín Botánico Canario "Viera y Clavijo".
- FRANCISCO-ORTEGA, J., M.T. JACKSON, J.P. CATTY & B.V. FORD-LLOYD. 1992. Genetic diversity in the *Chamaecytisus proliferus* complex (Fabaceae: Genisteae) in the Canary Islands in relation to *in situ* conservation. *Gen.Res.Crop.Evol.* 39: 149-158.
- FRANCISCO-ORTEGA, J., R.K. JANSEN, D.J. CRAWFORD & A. SANTOS-GUERRA. 1995. Chloroplast DNA evidence for intergeneric relationships of the Macaronesian endemic genus *Argyranthemum* (Asteraceae). *Syst.Bot.* 20: 413-422.
- FRANCISCO-ORTEGA, J., D.J. CRAWFORD, A. SANTOS-GUERRA & J.A. CARVALHO. 1996. Isozyme differentiation in the endemic genus *Argyranthemum* (Asteraceae: Anthemideae) in the Macaronesian Islands. *Pl.Syst.Evol.* 202: 137-152.
- FRANCISCO-ORTEGA, J., D.J. CRAWFORD, A. SANTOS-GUERRA & R.K. JANSEN. 1997a. Origin and Evolution of *Argyranthemum* (Asteraceae-Anthemideae) in Macaronesia. in *Molecular Evolution and Adaptive Radiation*. 1<sup>a</sup> ed., T. J. Givnish & K. J. Sytsma (eds.), 407-31. USA: Cambridge University Press.
- FRANCISCO-ORTEGA, J., A. SANTOS-GUERRA, A. HINES & R.K. JANSEN. 1997b. Molecular evidence for a Mediterranean origin of the Macaronesian endemic genus *Argyranthemum*. *Amer.J.Bot.* 84: 1595-1613.
- FRANCISCO-ORTEGA, J., A. SANTOS-GUERRA, S.-C. KIM & D.J. CRAWFORD, 2000. Plant genetic diversity in the Canary Islands: a conservation perspective. *Amer.J.Bot.* 87: 909-919.
- FRANCISCO-ORTEGA, J., J. FUERTES-AGUILAR, C. GÓMEZ-CAMPO, A. SANTOS-GUERRA & R.K. JANSEN. 1999a. Internal transcribed spacer sequence phylogeny of *Crambe* L. (Brassicaceae): molecular data reveal two old world disjunctions. *Mol.Phyl.Evol.* 11: 361-380.
- FRANCISCO-ORTEGA, J., L.R. GOERTZEN, A. SANTOS GUERRA, A. BENABID & R.K. JANSEN. 1999b. Molecular Systematics of the *Asteriscus* Alliance (Asteraceae: Inuleae) I: Evidence from Internal Transcribed Spacers of Nuclear Ribosomal DNA. *Syst.Bot.* 24: 249-66.
- FRANCISCO ORTEGA, J., P. SEON- JOO, A. SANTOS GUERRA, A. BENABID & R.K JANSEN. 2001. Origin and evolution of the endemic Macaronesian Inuleae (Asteraceae): evidence from the internal transcribed spacers of nuclear ribosomal DNA. *Biol.J.Linn.Soc.* 72: 77-97.
- FRANCISCO-ORTEGA, J., J. FUERTES-AGUILAR, S-C KIM, A. SANTOS-GUERRA, D.J CRAWFORD & R.K. JANSEN. 2002. Phylogeny of the Macaronesian endemic *Crambe* sect. *Dendrocrambe* (Brassicaceae) based on internal transcribed spacer sequences of nuclear ribosomal DNA. *Amer.J.Bot.* 89: 1984-1990.
- FRANKEL, O.H., A.H.D. BROWN & J.J. BURDON. 1995. *The Conservation of Plant Biodiversity*. Great Britain: Cambridge University Press. 299 pp.
- FRANKHAM, R. 1997. Do island populations have less genetic variation than mainland populations? *Heredity* 78: 311-327.
- FRANKHAM, R. 1998. Inbreeding and Extinction: island populations. *Cons.Biology* 12: 665-675.
- FU, Y.-B., G. NAMKOONG & J.E. CARLSON. 1998. Comparison of breeding strategies for purging inbreeding depression via simulation. *Cons.Biology* 12: 856-864.
- FURNESS, C.A., 1985. A review of spiraperturate pollen. *Pollen et Spores* 27 (3-4): 307-320.
- FURNESS, C.A., 2008. Successive microsporogenesis in eudicots, with particular reference to Berberidaceae (Ranunculales). *Plant Systematics Evolution, Suppl.* 273: 211-223.
- FURNESS, C.A., P.J. RUDALL, 1999. Inaperturate pollen in monocotyledons. *Int. J. Plant Sci.* 160: 395-414.
- FURNESS, C.A., P.J. RUDALL & F.B. SAMPSON, 2002. Evolution of microsporogenesis in angiosperms. *Int. J. Plant Sci.* 163 (2): 235-260.
- GALINDO VILLARDON, M. P. 1984. *Exposición intuitiva de métodos estadísticos*. Salamanca: Gráficas Varona. 854pp.
- GANDERS, F. R. 1979. The biology of heterostyly. *New Zeal.J.Bot.* 17: 607-635.
- GARCÍA GALLO, A. & W. WILDPRET DE LA TORRE. 1996. *Parolinia intermedia* Svent. & Bramwell (Brassicaceae) In: *Libro Rojo de especies vegetales amenazadas de las Islas Canarias*. 1<sup>a</sup> ed., Gómez-Campo, C. & colaboradores (eds.), Viceconsejería de Medio Ambiente: 478-479.
- GARCÍA-VERDUGO, C., J. A. BERMEJO DOMÍNGUEZ, R. RUBIO DE CASAS, E. PÉREZ-CORONA, E. MANRIQUE, C. GRANADO-YELA, L. BALAGUER, and P. VARGAS. 2007. ¿Al acebuche no hay madera que lo luche: diversidad genética y distribución actual de *Olea europaea* subsp. *guanchica* Vargas et al. *III Congreso de Biología de la Conservación de Plantas (Libro de Resúmenes)*: 58.
- GARNATJE, T., A. SUSANNA & R. MESSEGUER. 1998. Isozyme studies in the genus *Cheirolophus* (Asteraceae: Cardueae - Centaureinae) in the Iberian Peninsula, North Africa and the Canary Islands. *Pl.Syst.Evol.* 213: 57-70.
- GARNOCK-JONES, P. J. 1991. Gender dimorphism in *Cheesemanian wallii* (Brassicaceae). *New Zeal.J.Bot.* 29: 87-90.
- GASCUEL, O. 1997. Concerning the NJ algorithm and its unweighted version, UNJ. In: *Mathematical hierarchies and biology*. B. Mirkin, F.R. McMorris, F.S. Roberts, & A. Rzhetsky (eds.). DIMACS series in discrete mathematics and theoretical computer science, Vol. American Mathematical Society, Providence, R.I. Pp. 149-170.
- GIBBS, P. E. 1986. Do homomorphic and heteromorphic self-incompatibility systems have the same sporophytic mechanism? *Pl.Syst.Evol.* 154: 285-323.
- GIBBS, P.E. 1988. Self- Incompatibility mechanisms in flowering plants: some complications and clarifications. *Lagascalia* 15 (Extra): 17-28.
- GIBBS, P.E. 1997. Curso de Doctorado: Biología Reproductiva: Cruzamientos e Incompatibilidad en Angiospermas. Universidad de Las Palmas G.C.
- GIBBS, P.E. & M. B. BIANCHI. 1999. Does late-acting self-incompatibility (LSI) show family clustering? Two more species of Bignoniaceae with LSI: *Dolichandra cynanchoides* and *Tabebuia nodosa*. *Ann.Bot.* 84: 449-457.
- GIBBS, P.E. & S. TALAVERA. 2001. Breeding system studies with three species of *Anagallis* (Primulaceae): self-incompatibility and reduced female fertility in *A. monelli* L. *Ann.Bot.* 88: 139-144.
- GIBSON, J.P., 2001. Ecological and genetic comparison between ray and disc achene pools of the heteromorphic species *Prionopsis ciliata* (Asteraceae). *Int. J. Plant Sci.* 162: 137-45.
- GIBSON, J.P., S.A. RICE & C.M. STUCKE, 2008. Comparison of population genetic diversity between a rare, narrowly distributed species and a common, widespread species of *Alnus* (Betulaceae). *Amer.J.Bot.* 95: 588-596.
- GITZENDANNER, M.A. & P.S. SOLTIS. 2000. Patterns of genetic variation in rare and widespread plant congeners. *Amer. J. Bot.* 87: 783-792.
- GIVNISH, T.J. 1997. Adaptive radiation and molecular systematics: issues and approaches. In: *Molecular Evolution and Adaptive Radiation*. 1<sup>a</sup> ed. T. J. Givnish & K. J. Sytsma (eds), Cambridge University Press USA: 1-54.
- GIVNISH, T.J. 1998. Adaptive Plant Evolution on Islands: classical patterns, molecular data, new insights. In: *Evolution on Islands*. P.R. Grant (ed), Oxford University Press. Oxford. 281-304
- GIVNISH, T. J. 2003. How a better understanding of adaptations can yield better use of morphology in plant systematics: toward Eco-Evo-Devo. In *Deep Morphology. Towards a renaissance of morphology in plant systematics*. T. F. Stuessy, Mayer V. & E. Hörandl eds, 273-95. Ruggell, Liechtenstein: A.R.G. Gantner Verlag K.G.
- GLEISSBERG, S. 2003. Comparative morphology in relation to molecular genetics and phylogenetic systematics. In *Deep Morphology. Towards a renaissance of morphology in plant systematics*. T. F. Stuessy, Mayer V. & E. Hörandl eds, 107-15. Ruggell, Liechtenstein: A.R.G. Gantner Verlag K.G.
- GODT, M.J.W. & J.L. HAMRICK. 1999. Genetic divergence among infraspecific taxa of *Sarracenia purpurea*. *Syst.Bot* 23: 427-438.
- GOERTZEN, L.R., J. FRANCISCO ORTEGA, A. SANTOS-GUERRA, J.P. MOWER, C.R. LINDER & R.K. JANSEN. 2002. Molecular systematics of the *Asteriscus* Alliance (Asteraceae:Inuleae) II: combined nuclear and Chloroplast data. *Syst.Bot.* 27: 815-823.



## Bibliografía

- GÓMEZ, J.M. 1996. Predispersal reproductive ecology of an arid land crucifer, *Moricandia moricandioides*: effect of mammal herbivory on seed production. *J.Arid Envir.*: 425–437.
- GÓMEZ, J.M., & R. ZAMORA. 1996. Wind pollination in high-mountain populations of *Hormathophylla spinosa* (Cruciferae). *Amer.J.Bot.* 83, no. 5: 580-585.
- GÓMEZ, J.M. & R. ZAMORA. 2003. Factors affecting intrafruit pattern of ovule abortion and seed production in *Hormathophylla spinosa* (Cruciferae). *Pl.Syst.Evol.* 239: 215-29.
- GÓMEZ, J.M., F. PEFFETTI & J. P. MARTÍNEZ CAMACHO. 2005. Natural selection on flower shape and the evolution of zygomorphy in *Erysimum medihispanicum* (Brassicaceae). *XVII International Botanical Congress (Libro De Resúmenes)*: 458.
- GÓMEZ-CAMPO, C. 2003. Morphological characterisation of *Eruca vesicaria* (Cruciferae) germplasm. *Bocconea* 16: 615-624.
- GÓMEZ-CAMPO, C. & COLABORADORES. 1996. *Libro Rojo de especies vegetales amenazadas de las Islas Canarias*. Viceconsejería de Medio Ambiente. Consejería de Política Territorial. Gobierno de Canarias. 663 pp
- GÓMEZ-CAMPO, C., J.M. HERRANZ-SANZ & F. MONTERO-RIQUELME. 2001. The genus *Coincya* Rouy (Cruciferae) in south-central Spain revisited: a morphometric analysis of population structure. *Bot.J.Linn.Soc.* 135: 125-35.
- GONZÁLEZ FERNÁNDEZ DE CASTRO, A., J.C. MORENO SAIZ & J. FUERTES AGUILAR. 2007. Biología reproductiva de un paleoendemismo ornitófilo tinerfeño. *III Congreso De Biología De La Conservación De Plantas (Libro De Resúmenes)*: 80.
- GONZÁLEZ PÉREZ, M. A., J. CAUJAPÉ- CASTELLS & P. A. SOSA, 2004a. Allozyme variation and structure of the Canarian endemic palm tree *Phoenix canariensis* (Arecaceae): implications for conservation. *Heredity* 93: 307-315.
- GONZÁLEZ PÉREZ, M.A., J. CAUJAPÉ- CASTELLS & P.A. SOSA, 2004b. Molecular evidence of hybridisation between the endemic *Phoenix canariensis* and the widespread *P. dactylifera* with random amplified polymorphic DNA (RAPD) markers. *Pl.Syst.Evol.* 247: 165-175.
- GONZÁLEZ-PÉREZ, M.A., M.D. LLEDÓ, M.F. FAY, C. LEXER & P.A. SOSA, 2004c. Isolation and characterization of microsatellite loci in *Bencomia exstipulata* and *B. caudata* (Rosaceae). *Mol. Ecology Notes* 4: 130-132.
- GONZÁLEZ PÉREZ, M.A., P.A. SOSA, E. RIVERO, E.A. GONZÁLEZ-GONZÁLEZ & A. NARANJO, 2008a. Molecular markers reveal no genetic differentiation between *Myrica rivas-martinezii* and *M. faya* (Myricaceae). *Ann.Bot.* 103: 79-86.
- GONZÁLEZ PÉREZ, M.A., P.A. SOSA, E.A. GONZÁLEZ-GONZÁLEZ, A. BAÑARES, M. MARRERO, E. CARQUÉ & M. POLIFRONE, 2008b. *Gnaphalium tedeum* and *Gnaphalium luteo-album*: two taxa of the Canary Islands with different genetic histories. *Pl.Syst.Evol.* 276: 36-49.
- GOODELL, K., D.R. ELAM, J.D. NASON & N.C. ELLSTRAND. 1997. Gene Flow among small populations of a self-incompatible plant: an interaction between demography and genetics. *Amer.J.Bot.* 84: 1362-1371.
- GOODSON, B.E., A. SANTOS-GUERRA & R.K. JANSEN. 2006. Molecular systematics of *Descourainia* (Brassicaceae) in the Canary Islands: biogeographic and taxonomic implications. *Taxon* 55: 671-682.
- GOTTLIEB, L. D. 1977. Electrophoretic evidence and plant systematics. *Ann.Missouri Bot. Gard.* 64: 161-80.
- GOTTLIEB, L.D. 1984. Isozyme evidence and problem solving in plant systematics. In: *Plant Biosystematics*. 1ª ed., Grant, W. F. (ed) Academic Press Canadá. Canadá: 343-57.
- GOTTLIEB, L. D. 1987. Phosphoglucosyltransferase and isocitrate dehydrogenase gene duplications in *Layia* (Compositae). *Amer. J. Bot.* 74 (1): 9-15.
- GRAFCAN, 2008. Cartografía básica. Gobierno Autónomo de Canarias.
- GRANADO-YELA, C., L. BALAGUER NÚÑEZ, C. GRACÍA-VERDUGO, P. VARGAS, E. PÉREZ CORONA, E. MARQUIQUE-REOL & M. MÉNDEZ, 2007. Estudio de la expresión sexual y conservación del acebuche canario. *III Congreso De Biología De La Conservación De Plantas (Libro De Resúmenes)*: 81.
- GRANT, P.R. 1998. Evolution on Islands: Epilogue and Questions. In: *Evolution on Islands*. P.R Grant (ed), Oxford University Press. Oxford: 305-319.
- GREENE, C.W. 1978. A nomarsky interference study of megasporogenesis and megagametogenesis in *Smelowskia calycina* (Cruciferae). *Amer.J.Bot.* 65: 353-58.
- GRIFFIN, S.R. & S.C.H. BARRETT. 2004. Genetic variation in *Trillium erectum* (Melanthiaceae), a widespread forest herb in eastern North America. *Can. J. Bot.* 82: 316-321.
- GRIFFIN, S.R., K. MAVRAGANIS & C.G. ECKERT. 2000. Experimental analysis of protogyny in *Aquilegia canadensis* (Ranunculaceae). *Amer.J.Bot.* 87: 1246-1256.
- GRIFFITH, D.A. 1987. Spatial autocorrelation: a primer. Washington. DC. Association of American Geographers.
- GRIFFITH, C., E. KIM & K. DONOHUE. 2004. Life-history variation and adaptation in the historically mobile plant *Arabidopsis thaliana* (Brassicaceae) in North America. *Amer.J.Bot.* 91: 837-849.
- GUITIÁN, J., P. GUITIÁN & L. NAVARRO. 1996. Fruit set, fruit reduction, and fruiting strategy in *Cornus sanguinea* (Cornaceae). *Amer.J.Bot.* 83: 744-748.
- GUREVITCH, J., D.R. TAUB, T. C MORTON, P.L. GOMEZ & I.-N. WANG. 1996. Competition and genetic background in a rapid-cycling cultivar of *Brassica rapa* (Brassicaceae). *Amer.J.Bot.* 83: 932-938.
- GUZMÁN, D. & P. VARGAS. 2005. Systematics, character evolution, and biogeography of *Cistus* L. (Cistaceae) based on ITS, *trnL-trnF*, and *matK* sequences. *Mol.Phyl.Evol.* 37: 644-660.
- HALL, J. C. K.J. SYTSMA & H.H. ILLIS, 2002. Phylogeny of Capparaceae and Brassicaceae based on chloroplast sequence data. *Amer.J. Bot.* 89: 1826-1842.
- HALL, P., L.C. ORRELL & K.S. BAWA. 1994. Genetic diversity and mating system in a tropical tree, *Carapa gualanensis* (Meliaceae). *Amer.J.Bot.* 81: 1104-1111.
- HAMILTON, M.B. & T. MITCHELL-OLDS. 1994. The mating system and relative performance of selfed and outcrossed progeny in *Arabis fecunda* (Brassicaceae). *Amer.J.Bot.* 81: 1252-1256.
- HAMRICK, J.L. 1987. Gene flow and distribution of genetic variation in plant populations. In: *Differentiation Patterns in Higher Plants*. K. M. Urbanska, (ed) Academic Press. 53-67
- HAMRICK, J.L., & M.J.W. GODT. 1989. Allozyme diversity in plant species. In: *Plant Population Genetics, Breeding and Germplasm Resources*. A.H.D. Brown, M.T. Clegg, A.L. Kahler, and B.S. Weir (eds), Sinauer Associates Inc. M.A. Sunderland 43-63.
- HAMRICK, J.L. & M.J.W. GODT. 1996. Conservation Genetic of Endemic Plant Species. In: *Conservation Genetic: Case Histories from Nature*. 1ª ed. Avise J.C. & J. L. Hamrick (eds). Madrid, London, Paris, New York: Chapman & Hall. 281-304
- HAMRICK, J.L., & M.J.W. GODT. 1997. Effects of Life History Traits on Genetic Diversity in plant species. in *Plant Life Histories: Ecology, Phylogeny and Evolution*. J. Silvertown, M Franco & J.L. Harper (eds), Cambridge University Press. U.K., USA, Australia 102-118.
- HAMRICK, J.L., Y.B. LINHART & J.B. MITTON, 1979. Relationships between life history characteristics and electrophoretically detectable genetic variation in plants. *Ann. Rev. Ecol. Syst.* 10: 173-200.
- HAMRICK, J.L., M.J.W. GODT, D.A. MURAWSKI & M.D. LOVELESS. 1991. Correlations between species traits and allozyme diversity: implications for Cons.Biology. in *"Genetics and conservation of rare plants"*. Falk, D.A. & Holsinger, K.E. (eds), Oxford University Press, Inc. New York: 75-86.
- HANSEN, A. & P. SUNDING. 1993. *Flora of Macaronesia. Checklist. Sommerfeltia* 17. 259 pp
- HANSEN MACHIN, A. 1993a, El relieve construido por la estructuras volcánicas (I y II). In: *Geografía de Canarias*. Vol.I. Editorial Prensa Ibérica, S.A.:37-68.
- HANSEN MACHÍN, A., 1993b.- *Bandama. Paisaje y evolución*. 1ª edición. Excmo. Cabildo Insular de Gran Canaria. Área de Política Territorial, Arquitectura, Medio Ambiente y Vivienda. 127 pp.
- HARDER, L.D., C.Y. JORDAN, W.E. GROSS & M.B. ROUTLEY. 2004. Beyond floriculture: The pollination function of inflorescences. *Pl. Spec. Biol.* 19: 137-148.
- HARLEY, M.M., 2004. Triparturate pollen in the monocotyledons: configuration and conjectures. *Plant Systematics and Evolution* 75 (1-2): 75-122..
- HARTL, D.L. & A.G. CLARK, 1989. *Principles of population genetics*. Sinauer Associates Inc., Sunderland, Massachusetts. 682 pp.
- HATAKEYAMA, K., M. WATANABE, T. TAKASAKI, K. OJIMA & K. HINATA. 1998. Dominance relationships between S-alleles in self-incompatible



- Brassica campestris* L. *Heredity* 80: 241-247.
- HEDGE, I.C. 1976. A systematic and geographical survey of the old world Cruciferae. In: *The Biology and Chemistry of the Cruciferae*. Vaughan, J. G., A. J. Macleod & B. M. G. Jones (eds). Londres: Academic Press: 1-45.
- HELENURM, K. 2003. Genetic diversity in the rare, insular endemic *Sibara filifolia* (Brassicaceae). *Madroño* 50: 181-186.
- HELENURM, K., & S.C.H. BARRETT. 1987. The reproductive biology of boreal forest herbs. II. Phenology of flowering and fruiting. *Can. J. Bot.* 65: 2047-2056.
- HENDERSON, A., B. FISCHER, A. SCARIOT, M.A. WHITAKER PACHECO & R. PARDINI. 2000. Flowering phenology of a palm community in a central Amazon forest. *Brittonia* 52: 149-159.
- HENDERSON, A.J. 2004. A multivariate analysis of *Hyospathe* (Palmae). *Amer.J.Bot.* 91: 953-965.
- HENDERSON, A.J. 2005. The Methods of Herbarium Taxonomy. *Syst.Bot.* 30: 456-469.
- HENDERSON, A.J. 2006. Traditional morphometrics in plant systematics and its role in palm systematics. *Bot.J.Linn.Soc.* 151: 103-111.
- HENRY, R.J. 2005. Importance of plant diversity. in *Plant Diversity and Evolution: Genotypic and Phenotypic Variation in Higher Plants*. Henry, R.J. (ed.), 1-5. Wallingford: CAB International.
- HENRY, R.J. (ed.) 2005. *Plant Diversity and Evolution. Genotypic and Phenotypic Variation in Higher Plants*. Trowbridge, UK.: CABI Publishing (Cromwell Press). 340 pp.
- HERNÁNDEZ BERMEJO, J.E., & M. CLEMENTE MUÑOZ. 1985. El análisis de información en taxonomía numérica: aplicación al estudio de la tribu Brassiceae (Cruciferae). *An.Jard Bot.Madrid* 41: 313-331.
- HERRERA, C.M. 1996. Floral traits and plant adaptation to insect pollinators: a devil's advocate approach. In: *Floral Biology. Studies on Floral Evolution in Animal-Pollinated Plants*. Lloyd, D.G. & S.C.H., Barrett (eds), Chapman & Hall. USA 65-87.
- HESSE, M. 1979. Development and ultrastructure of pollenkit and exine in closely related entomo- and anemophilous Angiosperms: Polygonaceae. *Flora* 168: 558-77.
- HESSE, M. 1981. The fine structure of the exine in relation to the stickiness of angiosperm pollen. *Rev.Palaeobotany Palyn.* 35: 81-92.
- HESSE, M. 1986. Nature, form and function of pollen-connecting threads in angiosperms. In *Pollen and Spores: Form and Function*. Blackmore, S. & I. K Ferguson (eds). Linnean Society of London. Academic Press London. 109-119
- HESSE, M. 2003. Toward a deeper understanding of sporoderm structure and function. In *Deep Morphology. Towards a renaissance of morphology in plant systematics*. T. F. Stuessy, Mayer V. & E. Hörandl eds , 207-20. Ruggell, Liechtenstein: A.R.G. Gantner Verlag K.G.
- HESSE, M. & R. ZETTER. 2005. Ultrastructure and diversity of recent and fossil zona-aperturate pollen grains. *Plant Systematics and Evolution* 255 (3-4): 145-176.
- HEYWOOD, V.H. 1968. *Modern methods in plant taxonomy*. Great Britain: Academic Press. 312 pp.
- HEYWOOD, J.S., 1991. Spatial analysis of genetic variation in plant populations. *Ann.Rev.Ecol.Syst.* 22: 335-355.
- HEYWOOD, V.H. & J.M. IRIONDO. 2003. Plant conservation: old problems, new perspectives. *Biol. Conservation* 113: 321-335.
- HEYWOOD, V.H., R.K. BRUMMITT, A. CULHAM & O. SEBERG, 2007. *Flowering Plant Families of the World*. UAE: Royal Botanic Garden, Kew. 424pp
- HIDEUX, M., 1972a. Apport du microscope électronique à balayage à l'étude structurale de l'exine et des apertures de quelques saxifragacées ligneuses. *Pollen et Spores* 14:25-50
- HIDEUX, M., 1972b. Techniques d'étude du pollen au M.E.B. effect differents traitements physicochimiques. *Micron* 3:1-31
- HIDEUX, M. 1977. Traitement numérique des données palinologiques à des fins taxinomiques. *Grana* 16: 85-97.
- HIDEUX, M. & L. MARCEAU, 1972. Techniques d'étude du pollen au MEB: Méthode simple de coupes. *Adansonia*, ser. 2, 12: 609-618
- HIDEUX, M. & J. MAHÉ, 1977. Traitement par la taxonomie numérique des données palynologiques: Saxifragacées ligneuses australes. *Rev. Gen. Bot.* 84: 21-60.
- HILL, M.O. & J.E. SMITH. 1976. Principal component analysis of taxonomic data with multi-state discrete characters. *Taxon* 25: 249-255.
- HILLIS, D.M., C. MORITZ & B.K. MABLE (eds. 1996. *Molecular Systematics*. Sunderland, Massachusetts. U.S.A: Sinauer Associates, Inc.: 655 pp.
- HINATA, K. & N. KONNO. 1975. Number of pollen grains in *Brassica* and allied genera. *Tohoku J.Agric.Res.* 26: 117-124.
- HOLSINGER, K.E. 2000. Reproductive systems and evolution in vascular plants. *Proc.Nat.Acad.Sci. USA* 97: 7037-7042.
- HONG-WA, C. 2008. Multivariate analyses of morphological characters of *Leptolaena* Thouars s.l. subgenera *Mediusella* and *Xerochlamys* (Sarcoaenaceae). *Bot.J.Linn.Soc* 157: 559-74.
- HÖRANDL, E. 2008. Evolutionary implications of self-compatibility and reproductive fitness in the apomictic *Ranunculus auricomus* polyploid complex (Ranunculaceae). *Int.J.Plant. Sci* 169: 1219-1228.
- HOWELL, G. J., A.T. SLATER & R.B. KNOW. 1993. Secondary pollen presentation in Angiosperms and its biological significance. *Aust.J.Bot.* 41: 417-438.
- HUH, M.K. & O. OHNISHI. 2001. Allozyme diversity and population structure of Japanese and Korean populations of wild radish, *Raphanus sativus* var. *hortensis* f. *raphanistroides* (Brassicaceae). *Genes & Genet. Syst.* 76: 15-23.
- HUCK, R.B. 1992. Overview of pollination biology in the Lamiaceae. In: *Advances in Labiate Science*. Harley, R. M. & T. Reynolds (eds), Kew: Royal Botanic Gardens. 167-181.
- HUMPHRIES, C. J. 1975. Cytological studies in the Macaronesian genus *Argyranthemum* (Compositae: Anthemideae). *Bot. Notiser* 128: 239-255.
- HUMPHRIES, C.J. 1979. Endemism and evolution in Macaronesia. In: *Plants and islands*. D. Bramwell (ed.), Academic Press. London: 171-199
- HUMPHRIES, C.J., MURRAY, B.G., BOCQUET, G. & K.N.VASUDEVA, 1978. In: Index to plant chromosome numbers 1975-1978. GOLDBLATT, P. (ed.). Missouri Botanical Garden (1981).
- HURKA, H. & S. DURING. 1994. Genetic control of plastidic L-glutamate dehydrogenase isozymes in the genus *Capsella* (Brassicaceae). *Heredity* 72: 126-131.
- HURKA, H. & B. NEUFFER. 1997. Evolutionary processes in the genus *Capsella* (Brassicaceae). *Pl.Syst.Evol.* 206: 295-316.
- HUSBAND, B.C., & D.W. SCHEMSKE. 1995. Magnitude and timing of inbreeding depression in a diploid population of *Epibolium angustifolium* (Onagraceae). *Heredity* 75: 206-15.
- HUSBAND, B.C., & D.W. SCHEMSKE. 1996. Evolution of the Magnitude and Timing of Inbreeding Depression in Plants. *Evolution* 50 (1): 54-70.
- HUSBAND, B.C. & D.W. SCHEMSKE. 2000. Ecological mechanisms of reproductive isolation between diploid and tetraploid *Chamerion angustifolium*. *J. Ecology* 88: 689-701.
- IBGRP, 1985 a. Handbook of seed technology for genebanks. Vol. I: "Principles and Methodology.
- IBGRP, 1985 b. Handbook of seed technology for genebanks. Vol. II: "Compendium of Specific Germination Informatio and Test Recommendations".
- IGIC, B. & J.R. KOHN. 2006. The distribution of plant mating systems: study bias against obligately outcrossing species. *Evolution* 60: 1098-1103.
- IGIC, B., L. BOHS & J.R. KOHN. 2003. Historical inferences from the self-incompatibility locus. *New Phytologist* 161: 97-105.
- IGIC, B., R. LANDE & J.R. KOHN. 2008. Loss of self-incompatibility and its evolutionary consequences. *Int.J.Plant Sci.* 169: 93-104.
- INOUE, K., M. MAKI & M. MASUDA. 1996. Evolution of *Campanula* flowers in relation to insect pollinators on islands. in *Floral Biology. Studies on Floral Evolution in Animal-Pollinated Plant*. D. G. & Barrett S. C. H. eds. Lloyd, 377-400. USA: Chapman & Hall.
- IPCN, 2006. Index to Plant Chromosome Numbers Data Base. *Missouri Botanical Garden*. <http://mobot.mobot.org/W3T/Search/ipcn.html>
- ISTA, 1985. Reglas internacionales para ensayos de semillas. Ministerio de Agricultura. Dirección General de la Producción Agraria. Madrid.
- I.T.G.E. 1990a. Mapa Geológico de España, escala 1: 25.000. Hoja 1.100-I, II, Agaete.
- I.T.G.E. 1990b. Mapa Geológico de España, escala 1: 25.000. Hoja 1.1009-I, Santa Brígida
- I.T.G.E. 1990c. Mapa Geológico de España, escala 1: 25.000. Hoja 1.1008-II, III, San Nicolás de Tolentino.
- I.T.G.E. 1990d. Mapa Geológico de España, escala 1: 25.000. Hoja 1.1009-III, San Bartolomé de Tirajana.
- I.T.G.E. 1990e. Mapa Geológico de España, escala 1: 25.000. Hoja 1.1113-I, Mogán.
- I.T.G.E. 1990f. Mapa Geológico de España, escala 1: 25.000. Hoja 1.1114-IV, Santa Lucía.
- I.T.G.E. 1990g. Mapa Geológico de España, escala 1: 25.000. Hoja 1.1114-I, Agüimes.

## Bibliografía

- I.T.G.E. 1990h. Mapa Geológico de España, escala 1: 25.000. Hoja 1.109-IV, Teror.
- I.T.G.E. 1992. Mapa Geológico de España, escala 1: 100.000. Isla de Gran Canaria.
- JAASKA, V. 2005. Isozyme variation and phylogenetic relationships in *Vicia* subgenus *Cracca* (Fabaceae). *Ann.Bot.* 96: 1085-1096.
- JAÉN MOLINA, R., J. CAUJAPÉ-CASTELLS, O. FERNÁNDEZ-PALACIOS, J. PÉREZ DE PAZ, R. FEBLES. & D. BRAMWELL. 2007. Filogenia molecular del género *Parolinia* (Brassicaceae) basada en secuencias ITS. *III Congreso De Biología De La Conservación De Plantas (Libro De Resúmenes)*: 153.
- JARDIM, R. & D. FRANCISCO. 2000. *Flora endémica da Madeira*. Múchia Plicações. 339 pp
- JEANMONOD, D. 1984. La speciation: aspects divers et modèles récents. *Candollea* 39: 151-194.
- JENSEN, R.J. 2003. The conundrum of morphometrics. *Taxon* 52: 663-671.
- JENSEN, R.J. 2006. Reply to Henderson on delimiting species for taxonomic analyses. *Syst.Bot.* 31: 432-435.
- JESUS, F.F., A. G. ABREU, J. SEMIR & V.N. SOLFERINI. 2009. Low genetic diversity but local genetic differentiation in endemic *Minasia* (Asteraceae) species from Brazil. *Pl.Syst.Evol.* 277: 187-196.
- JOHNSON, R.A. 1992. Pollination and reproductive ecology of acuña cactus, *Echinomastus erectocentrus* var. *acunensis* (Cactaceae). *Int. J. Plant Sci.* 153: 400-408.
- JOHNSTON, M.O., & D.J. SCHOEN. 1996. Correlated Evolution of self-fertilization and inbreeding depression: an experimental study of nine populations of *Amsinckia* (Boraginaceae). *Evolution* 50: 1478-1491.
- JONSELL, B. 1978. New taxa of *Diceratella* and *Farsefia* (Cruciferae) from E Tropical Africa. *Bot. Notiser* 131: 251-257.
- JONSELL, B. 1979. New taxa of Cruciferae from East Tropical Africa and Madagascar. *Bot. Notiser* 132: 521-535.
- JUDD, W.S. & R.G. OLMSTEAD, 2004. A survey of tricolpate (eudicot) phylogenetic relationships. *American Journal of Botany* 91 (10): 1627-1644.
- JUSAITIS, M. & M. ADAMS, 2005. Conservation implications of clonality and limited sexual reproduction in the endangered shrub *Acanthocladium dockeri* (Asteraceae). *Aust.J.Bot.* 53: 535-544.
- KÁLMAN, K., A. MEDVEGY, Z. PÉNZES, and E. MIHALIK. 2007. Morph-specific variation of floral traits associated with reciprocal herkogamy in natural populations of *Primula vulgaris* and *Primula veris*. *Pl. Syst.Evol.* 268: 15-27.
- KAPLAN, D. R. 2001. The science of plant morphology: definition, history, and role in modern biology. *Amer.J.Bot.* 88: 1711-1741.
- KÄRKKÄINEN, K., H. KUITTINEN, R.V. TREUREN, S. OIKARINEN & O. SAVOLAINEN. 1999. Genetic basis of inbreeding depression in *Arabis petraea*. *Evolution* 53: 1354-1365.
- KARRON, J.D. 1987. A comparison of levels of genetic polymorphism and self-compatibility in geographically restricted and widespread plant congeners. *Evol. Ecology* 1: 47-58.
- KARRON, J.D. 1989. Breeding systems and levels of inbreeding depression in geographically restricted and widespread species of *Astragalus* (Fabaceae). *Amer. J. Bot.* 76: 331-340.
- KARRON, J.D. 1991. Patterns of genetic variation and breeding systems in rare plant species. In: *Genetics and conservation of rare plants*. Falk, D. A. & K. E. Holsinger (eds), Oxford University Press, Inc. New York: 87-98
- KARRON, J.D., R.J. MITCHELL & J.M. BELL. 2006. Multiple pollinator visits to *Mimulus ringens* (Phrymaceae) flowers increase mate number and seed set within fruits. *Amer.J.Bot.* 93: 1306-1312.
- KEARNS, C.A., & D.W. INOUE. 1993. *Techniques for Pollination Biologist*. Colorado: University Press of Colorado. 583 pp.
- KEPHART, S.R. 1990. Starch gel electrophoresis of plant isozymes: a comparative analysis of techniques. *Amer.J.Bot.* 77: 693-712.
- KEPHART, S.R., E. BROWN & J. HALL. 1999. Inbreeding depression and partial selfing: evolutionary implications of mixed-mating in a coastal endemic, *Silene douglassii* var. *oraria* (Caryophyllaceae). *Heredity* 82: 534-554.
- KERCHEER, S. & J.K. CONNER. 1996. Patterns of genetic variability within and among populations of wild radish, *Raphanus raphanistrum* (Brassicaceae). *Amer.J.Bot.* 83: 1416-1421.
- KESSELI, R.V. & S.K. JAIN. 1985. Breeding systems and population structure in *Limnanthes*. *Theor. Appl. Genet.* 71: 292-299.
- KEVAN, P.G. 1978. Floral coloration, its colorimetric analysis and significance in anthecology. In: *The Pollination of Flowers by Insects*. A. J. RICHARDS (ed), Linnean Society of London. Academic Press Inc. London: 51-78.
- KEVAN, P.G. 1984. Pollination by Animals and Angiosperm Biosystematic. In *Plant Biosystematic*. W. F. Grant (ed.), 271-292.
- KHALIK, K.A., L.J.G. VAN DER MAESEN, W.J.M. KOOPMAN & R.G. VAN DEN BERG. 2002. Numerical taxonomic study of some tribes of Brassicaceae from Egypt. *Pl.Syst.Evol.* 233: 207-21.
- KHALIK, K.A., R.G.VAN DEN BERG, L.J.G.VAN DER MAESEN & M.N.EL HADIDI, 2002. Pollen morphology of some tribes of Brassicaceae from Egypt and its systematic implications. *Feddes Repertorium* 113 (3-4): 211-232.
- KIM, S.-C., D.J. CRAWFORD, J. FRANCISCO-ORTEGA & A. SANTOS-GUERRA. 1996. A common origin for woody *Sonchus* and five related genera in the Macaronesian islands: Molecular evidence for extensive radiation. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 93: 7743-7748.
- KIM, S.-C., D.J. CRAWFORD, J. FRANCISCO-ORTEGA & A. SANTOS-GUERRA. 1999. Adaptive radiation and genetic differentiation in the woody *Sonchus* alliance (Asteraceae: Sonchinae) in the Canary Islands. *Pl.Syst.Evol.* 215: 101-118.
- KLIPS, R. A. & T. M. CULLEY, 2004. Natural hybridization between prairie milkweeds, *Asclepias sullivantii* and *Asclepias syriaca*: morphological, isozyme, and hand-pollination evidence. *Int. J. Plant Sci.* 165: 1027-1037.
- KNOX, R.B. 1987. Pollen differentiation patterns and male function. In: K.M. Urbanska (ed): *Differentiation patterns in higher plants*. Academic Press. London: 33-51
- KOCH, M.A., & C. KIEFER, 2006. Molecules and migration: biogeographical studies in cruciferous plants. *Pl.Syst.Evol.* 259: 121-142.
- KOCH, M.A., I.A. AL-SHEHBAZ & K. MUMMENHOFF, 2003. Molecular systematics, evolution, and population biology in the mustard family (Brassicaceae). *Ann.Missouri.Bot.Gard.* 90: 151-171.
- KOELEWIJN, H.P. 1998. Effects of different levels of inbreeding on progeny fitness in *Plantago coronopus*. *Evolution* 52: 692-702.
- KOROL, L., S.L. GIL, M. J. CLIMENT, A. ZEHAVIA & G. SCHILLER. 1999. Canary Islands pine (*Pinus canariensis* Chr. Sm. ex DC.) 2. Gene flow among native populations. *Forest Genetics* 6: 277-282.
- KREUNEN, S.A. & J.M. OSBORN, 1999. Pollen and anther development in *Nelumbo* (Nelumbonaceae). *Amer.J. Bot.* 86: 1662-1676.
- KRUTOVSKII, K.V. & F. BERGMANN. 1995. Introgressive hybridization and phylogenetic relationships between Norway, *Picea abies* (L.) Karst., and Siberian, *P. obovata* Ledeb., spruce species studied by isozyme loci. *Heredity* 74: 464-480.
- KUBITZKI, K. & H. KURZ. 1984. Synchronized dichogamy and dioecy in neotropical *Lauraceae*. *Pl.Syst.Evol.* 147: 253-266.
- KULBABA, M., and A. C. WORLEY. 2008. Floral design in *Polemonium brandegei* (Polemoniaceae): genetic and phenotypic variation under hawkmoth and hummingbird pollination. *Int.J.Plant. Sci.* 169: 509-22.
- KUNIN, W.E. 1997. Population size and density effects in pollination: pollinator foraging and plant reproductive success in experimental arrays of *Brassica kaber*. *J. Ecology* 85: 225-234.
- KUNIN, W.E. & A. SHMIDA. 1997. Plant reproductive traits as a function of local, regional, and global abundance. *Cons.Biology* 11: 183-192.
- KUNKEL, G. 1969. Sobre la distribución de *Parolinia ornata* (Cruciferae) en Gran Canaria. *Cuad.Bot. Canaria* VII: 1-4.
- KUNKEL, G. 1975. Dos nuevas especies de *Parolinia* (Brassicaceae) de Gran Canaria. *Cuad. Bot. Canaria* 23-24: 61-68.
- KUNKEL, G. 1979. *Flora de Gran Canaria. Tomos I-IV*. Las Palmas de Gran Canaria: Ediciones del Excmo. Cabildo Insular de Gran Canaria. 121 pp.
- KUPRIANOVA, L.A., 1979. On the possibility of the development of tricolpate pollen from monosulcate. *Grana* 18: 1-4.
- LA-SERNA RAMOS, I.E., & M.C. LEÓN ARENCIBIA. 1980. Contribución a la tipificación de endemismos canarios descritos por Webb y Berthelot. *Vieraea* 10: 109-128.
- LA-SERNA RAMOS, I.E., L.NEGRIN SOSA & P.L.PÉREZ DE PAZ, 1994. A palynological study of the genus *Sideritis* subgenus *Marrubiastrum* (Lamiaceae): Macaronesian endemism. *Grana* 33: 21-37.
- LADD, P.G. 1994. Pollen Presenters in the flowering Plants -form and function. *Bot.J.Linn.Soc.* 115: 165-195.
- LADLEY, J.J., D. KELLY & A.W. ROBERTSON. 1997. Explosive flowering, nectar production, breeding systems, and pollinators of New Zealand mistletoes (Loranthaceae). *New Zeal.J.Bot.* 35: 345-360.

- LaDOUX, T. & E.A. FRIAR. 2006. Late-acting self-incompatibility in *Ipomopsis tenuifolia* (Gray) V. Grant (Polemoniaceae). *Int. J. Plant Sci.* 167: 463-471.
- LAHHAM, J.N. & D.AL-EISAWI, 1987. Pollen morphology of Jordanian Cruciferae. *Mitt. Bot. Staatssamml. München* 23: 355-375.
- LAMOTTE, M. 1974. Estadística biológica. Principios fundamentales. Cuarta edición. Ed. Toray-Masson, S.A. Barcelona. 163 pp.
- LANDE, R. 1988. Genetics and Demography in Biological Conservation. *Science* 241: 1455-1460
- LANDE, R., & D.W. SCHEMSKE. 1985. The evolution of self-fertilization and inbreeding depression in plants. I. Genetic models. *Evolution* 39: 24-40.
- LANDE, R., D.W. SCHEMSKE & S.T. SCHULTZ. 1994. High inbreeding depression, selective interference among loci, and the threshold selfing rate for purging recessive lethal mutations. *Evolution* 48: 965-978.
- LARSON, B.M.H. & S.C.H. BARRETT. 1998. Reproductive biology of island and mainland populations of *Primula mistassinica* (Primulaceae) on Lake Huron shorelines. *Can. J. Bot.* 76: 1819-1827.
- LAZARO, A. & I. AGUINAGALDE. 1998. Genetic diversity in *Brassica oleracea* L. (Cruciferae) and wild relatives (2n=18) using isozymes. *Ann.Bot.* 82: 821-828.
- LE THOMAS, A. 1980. Ultrastructural characters of the pollen grains of african Annonaceae and their significance for the phylogeny of primitive angiosperms I. *Pollen et Spores* XXII (3-4): 267-342.
- LE THOMAS, A. 1981. Ultrastructural characters of the pollen grains of African Annonaceae and their significance for the phylogeny of primitive angiosperms II. *Pollen et Spores* XXIII (1): 5-36.
- LEACH, C. & O. MAYO. 2005. *Outbreeding Mechanisms in Flowering Plants. An evolutionary perspective from Darwin onwards*. J. Cramer. Berlin. Stuttgart. 147 pp.
- LEADLAY, E.A. & V.H. HEYWOOD. 1990. The biology and systematics of the genus *Coincya* Porta & Rigo ex Rouy (Cruciferae). *Bot.J.Linn.Soc.* 102: 313-98.
- LEDIG, F.T., P.D. HODGSKISS & D.R. JOHNSON. 2005. Genic diversity, genetic structure, and mating system of Brewer spruce (Pinaceae), a relict of the Arcto-Tertiary forest. *Amer.J.Bot.* 92: 1987-1994.
- LEE, C., S.-C. KIM, K. LUNDY & A. SANTOS-GUERRA. 2005. Chloroplast DNA phylogeny of the woody *Sonchus* alliance (Asteraceae: Sonchinae) in the Macaronesian Islands. *Amer.J.Bot.* 92: 2072-2085.
- LEHTILÄ, K. & S.Y. STRAUSS. 1999. Effects of foliar herbivory on male and female reproductive traits of wild radish, *Raphanus raphanistrum*. *Ecology* 80: 116-124.
- LEIMU, R. 2004. Variation in the Mating System of *Vincetoxicum hirundinaria* (Asclepiadaceae) in Peripheral Island Populations. *Ann.Bot.* 93: 107-113.
- LEMS, K. 1960. Botanical notes on the Canary Islands. II. The evolution of plant forms in the islands: *Aeonium*. *Ecology* 41: 1-7.
- LEMS, K., & C.M. HOLZAPFEL. 1968. Evolution in the Canary Islands. I. Phylogenetic relations in the genus *Echium* L. (Boraginaceae) as shown by trichome development. *Botanical Gazette* 129: 95-107.
- LESLIE, A. 2008. Interpreting the function of saccate pollen in ancient conifers and other seed plants. *Int.J.Plant. Sci* 169: 1038-45.
- LEVAN, A., FREDGA, K & A.A. SANDBERG, 1964. Nomenclature for centromeric position on chromosomes. *Hereditas* 52:201-220.
- LEVIN, D. A. 2001. 50 years of plant speciation. *Taxon* 50: 69-91.
- LEVSEN, N., D.J. CRAWFORD, J.K. ARCHIBALD, A. SANTOS-GUERRA & M.E. MORT, 2008. Nei's to Bayes': comparing computational methods and genetic markers to estimate patterns of genetic variation in *Tolpis* (Asteraceae). *Amer.J.Bot.* 95: 1466-1474.
- LEWIS, D. 1994. Gametophytic - sporophytic incompatibility. in *Genetic control of self-incompatibility and reproductive development in flowering plants*. Williams, E. G., A. E. Clarke & R. B. Knox (eds.) Kluwer Academic Publishers. Dordrecht: 88-101.
- LEWIS P.O. & R. WHITKUS, 1993. Genestat-PC 3.3. North Carolina State University. Raleigh. North Carolina. LI, X.-O., J.M. BASKIN & C.C. BASKIN. 1999. Comparative morphology and physiology of fruit and seed development in the two shrubs *Rhus aromatica* and *R. glabra* (Anacardiaceae). *Amer.J.Bot.* 86: 1217-1225.
- LLORENS, L. & J. PEÑUELAS. 2005. Experimental evidence of future drier and warmer conditions affecting flowering of two co-occurring Mediterranean shrubs. *Int. J. Plant Sci.* 166: 235-245.
- LLOYD, D.G. 1968. Pollen tube growth and seed set in self-incompatible and self-compatible *Leavenworthia* (Cruciferae) populations. *New Phytologist* 67: 179-195.
- LLOYD, D. G. 1979. Parental Strategies of Angiosperms. *New Zealand J. Bot.* 17: 595-606.
- LLOYD, D.G. 1980. Sexual strategies in plants. I. An hypothesis of serial adjustment of maternal investment during one reproductive session. *New Phytol.* 86: 69-79.
- LLOYD, D.G. 1992. Self- and cross-fertilization in plants. II. The selection of self-fertilization. *Int. J. Plant Sci.* 153: 370-380.
- LLOYD, D.G. & J. M. A. YATES. 1982. Intrasexual selection and the segregation of pollen and stigmas in hermaphrodite plants, exemplified by *Wahlenbergia albomarginata* (Campanulaceae). *Evolution* 36: 903-913.
- LLOYD, D.G. & C.J. WEBB. 1986. The avoidance of interference between the presentation of pollen and stigmas in angiosperms I. Dichogamy. *New Zeal.J.Bot.* 34: 135-162.
- LLOYD, D.G., & D.J. SCHOEN. 1992. Self- and cross-fertilization in plants. I. Functional dimensions. *Int. J. Plant Sci.* 153: 358-369.
- LLOYD, D.G. & BARRETT, S.C.H. 1996. *Floral Biology. Studies on Floral Evolution in Animal-Pollinated Plant*. In: Lloyd, D. G. & S.C.H. Barrett (eds). Chapman & May. USA. 410 pp.
- LÓPEZ, J., J.A. DEVESA, A. ORTEGA OLIVENCIA & T. RUIZ. 2000. Production and morphology of fruit and seeds in Genisteae (Fabaceae) of south-west Spain. *Bot.J.Linn.Soc.* 132: 97-120.
- LÓPEZ-PUJOL, J., M.R. ORELLANA, M. BOSCH, J. SIMON & C. BLANCHÉ, 2007. Low genetic diversity and allozymic evidence for autopolyploidy in the tetraploid Pyrenean endemic larkspur *Delphinium montanum* (Ranunculaceae). *Bot.J.Linn.Soc.* 155: 211-222.
- LORENZO, H., J. CAUJAPÉ- CASTELLS, R. FEBLES & J. PÉREZ DE PAZ. 2003. Isozyme variation in the Canarian endemic *Neochamaelea pulverulenta* (Cneoraceae): implications for population differentiation in the Canaries and first molecular insights on the floristic link with the Mediterranean. *Bocconea* 16: 953-959.
- LOWE, A.J. & R.J. ABBOTT. 1996. Origins of the new allopolyploid species *Senecio cambrensis* (Asteraceae) and its relationship to the Canary Islands endemic *Senecio teneriffae*. *Amer.J.Bot.* 83: 1365-1372.
- LOWE, A., S HARRIS, and P. ASHTON. 2004. Genetic diversity and differentiation. In *Ecological genetics: design, analysis and application*. Oxford: Blackwell Publishing. 344 pp.
- LUGHADHA, E.N. 1998. Preferential outcrossing in *Gomidesia* (Myrtaceae) is maintained by a post-zygotic mechanism. In: *Reproductive Biology in Systematics, Conservation and Economic Botany*. Owens, S.J. & P.J. Rudall (Eds) Whitstable Lito Printers Ltd. Kew. Kent. UK: 363-379.
- LUIKART, G., & J.M. CORNUET. 1998. Empirical evaluation of a test for identifying recently bottleneck populations from allele frequency data. *Cons.Biology* 12: 228-237.
- LUMARET, R., N. OUZZANI, H. MICHAUD, G. VIVIER, M.-F. DEGUILLOUX & F. DI GUISTO. 2004. Allozyme variation of oleaster populations (wild olive tree) (*Olea europaea* L.) in the Mediterranean Basin. *Hereditas* 92: 343-351.
- LUNAU, K. 1995. Notes on the colour of pollen. *Pl.Syst.Evol.* 198: 235-52.
- LUNAU, K. 1996. Unidirectionality of floral colour changes. *Pl.Syst.Evol.* 200: 125-40.
- LUNAU, K. 2000. The ecology and evolution of visual pollen signals. *Pl.Syst.Evol.* 222. Dafni, A., M. Hesse & E. Pacini (eds): *Pollen and Pollination*: 89-111.
- LYNCH, M. 1986. Random drift, uniform selection, and the degree of population differentiation. *Evolution* 40: 640-643.
- LYNCH, M. 1996. A quantitative-Genetic Perspective on Conservation Issues. in *Conservation Genetic: Case Histories from Nature*. 1<sup>st</sup> ed., Avise J.C. & J. L. Hamrick (eds), Chapman & Hall. Madrid, London, Paris, New York: 471-501
- LYNCH, M. & W.G. HILL. 1986. Phenotypic evolution by neutral mutation. *Evolution* 40: 915-35.
- LYONS, E.E. & J. ANTONOVICS. 1991. Breeding system evolution in *Leavenworthia*: breeding system variation and reproductive success in natural



## Bibliografía

- populations of *Leavenworthia crassa* (Cruciferae). *Amer.J.Bot.* 78: 270-287.
- MABLE, B. K. 2004. Polyploidy and self-compatibility: is there an association? *New Phytologist* 162: 803-811.
- MALAVIYA, D.R., A.K. ROY, P. KAUSHAL, B. KUMAR & A. TIWARI, 2008. Genetic similarity among *Trifolium* species based on isozyme banding pattern. *Pl.Syst.Evol.* 276: 125-136.
- MALLEY, J. 1980. 4. Les changements climatiques de la fin du Tertiaire en Afrique: leur conséquence sur l'apparition du Sahara et de sa végétation. in "The Sahara and the Nile. Quaternary environments and prehistoric occupation in northern Africa". M.A.J. Williams & H. Faure (eds), A.A.BALKEMA. Rotterdam: 63-86.
- MANDÁKOVÁ, T. & Z. MÜNZBERGOVÁ, 2008. Morphometric and genetic differentiation of diploid and hexaploid populations of *Aster amellus* agg. in a contact zone. *Pl.Syst.Evol.* 274: 155-170.
- MANGAS VINUELA, J. 1994. La formación geológica de una isla volcánica: Gran Canaria. *Curso De Volcanismo y Volcanes De Las Islas Canarias*: 1-7.
- MANLY, B.F.J. 1985. The statistics of natural selection. Chapman & Hall, London.
- MANSION, G., & L. STRUWE. 2004. Generic delimitation and phylogenetic relationships within the subtribe Chironiinae (Chironieae: Gentianaceae), with special reference to *Centaurium*: evidence from nrDNA and cpDNA sequences. *Mol. Phyl.Evol.* 32: 951-977.
- MARHOLD, K., & J. LIHOVÁ. 2006. Polyploidy, hybridization and reticulate evolution: lessons from the Brassicaceae. *Pl.Syst.Evol.* 259: 143-174.
- MARRERO RODRÍGUEZ, A., 1992a. Evolución de la Flora Canaria in G. Kunkel (coord.): Flora y Vegetación del Archipiélago Canario. Tratado florístico (55-92), Ed. Edirca. Las Palmas de Gran Canaria: 55-92
- MARRERO RODRÍGUEZ, A. 1992b. Chromosomal evolutionary trends in the genus *Sideritis* subgenus *marrubiastrum*. In *Advances in Labiatae Science*. Harley, R.M. & T. Reynolds (eds), Kew: Royal Botanic Gardens: 247-256.
- MARRERO RODRÍGUEZ, A. & J. FRANCISCO-ORTEGA. 2001a. Evolución en islas: la forma en el tiempo. in *Naturaleza de las islas Canarias. Ecología y Conservación*. Fernández-Palacios, J. M. & J. L. Martín Esquivel (Eds.), Turquesa ediciones. España: 141-150.
- MARRERO RODRÍGUEZ, A. & J. FRANCISCO-ORTEGA. 2001b. Evolución en islas: la metáfora espacio-tiempo-forma. In *Naturaleza de las islas Canarias. Ecología y Conservación*. Fernández-Palacios, J. M. & J. L. Martín Esquivel (eds.), Turquesa ediciones. España: 133-140.
- MARSHALL, D.L. 1998. Pollen donor performance can be consistent across maternal plants in wild radish (*Raphanus sativus*, Brassicaceae): a necessary condition for the action of sexual selection. *Amer.J.Bot.* 85: 1389-1397.
- MARSHALL, D.L. & D.M. OLIVERAS. 2001. Does differential seed siring success change over time or with pollination history in wild radish, *Raphanus sativus* (Brassicaceae). *Amer. J. Bot.* 88: 2232-2242.
- MARSHALL, D.L., J. REYNOLDS, N.J. ABRAHAMSON, H.L. SIMPSON, M.G. BARNES, J.S. MEDEIROS, S. WALSH, D.M. OLIVERAS & J.J. AVRITT. 2007. Do differences in plant and flower age change mating patterns and alter offspring fitness in *Raphanus sativus* (Brassicaceae)? *Amer.J.Bot.* 94: 409-418.
- MASELLI, S., F. PÉREZ-GARCÍA & I. AGUINAGALDE. 1999. Evaluation of seed storage conditions and genetic diversity of four Crucifers endemic to Spain. *Ann.Bot.* 84: 207-212.
- MASIEROWSKA, M. L. 2003. Floral nectaries and nectar production in brown mustard (*Brassica juncea*) and white mustard (*Sinapis alba*) (Brassicaceae). In: *Nectar and Nectary: from biology to biotechnology*. Hesse, M. & E. Pacini (eds). *Pl.Syst.Evol.* 238: 97-107.
- MASSINGA, P.H., S.D. JOHNSON & L. D HARDER. 2005. Heteromorphic incompatibility and efficiency of pollination in two distylous *Pentstemon* species (Rubiaceae). *Ann.Bot.* 95: 389-399.
- MATEU-ANDRÉS, I. & L. DE PACO. 2005. Allozymic differentiation of the *Antirrhinum majus* and *A. siculum* species groups. *Ann.Bot.* 92: 465-473.
- MATTHEWS, S. 2009. Phylogenetic relationships among seed plants: Persistent questions and the limits of molecular data. *Am.J.Bot.* 96: 228-36.
- MAYA, P. 1989. Notas sobre la germinación de *Arbutus canariensis* Veill. *Bot.Macaronésica* 17: 27-36.
- MAYA, P. & M. PONCE. 1989. Algunos datos sobre la interacción entre luz y Temperatura en la germinación de algunas especies de Asteraceae endémicas de Canarias. *Bot.Macaronésica* 17: 15-26.
- MAYA, P., A. MONZON & M. PONCE. 1988. Datos sobre la germinación de especies endémicas canarias. *Bot.Macaronésica* 16: 67-80.
- MAYER, M., P.S. SOLTIS & D.E. SOLTIS. 1994. The evolution of the *Streptanthus glandulosus* complex (Cruciferae): genetic divergence and gene flow in serpentine endemics. *Amer.J.Bot.* 81: 1288-1299.
- MAYER, S.S., D. CHARLESWORTH & B. MEYERS. 1996. Inbreeding depression in four populations of *Collinsia heterophylla* nutt (Scrophulariaceae). *Evolution* 50: 879-891.
- McMULLEN, C. K. 1987. Breeding systems of selected Galápagos islands angiosperms. *Amer.J.Bot.* 74: 1694-1705.
- MEDAN, D. 1991. Reproductive phenology, pollination biology, and gynoeceum development in *Discaria americana* (Rhamnaceae). *New Zeal.J.Bot.* 29: 31-42.
- MEDAN, D. 1993. Breeding system and maternal success of a perennial hermaphrodite, *Discaria americana* (Rhamnaceae). *New Zeal.J. Bot.* 31: 175-184.
- MEDAN, D. 1994. Reproductive biology of *Frangula alnus* (Rhamnaceae) in southern Spain. *Pl.Syst.Evol.* 193: 173-186.
- MEDAN, D. & A. D'AMBROGIO. 1998. Reproductive biology of the andromonoecious shrub *Trevoa quinquenervia* (Rhamnaceae). *Bot.J.Linn.Soc.* 126: 191-206.
- MEDAN, D. & M.E. ARCE. 1999. Reproductive biology of the andean-disjunct genus *Retanilla* (Rhamnaceae). *Pl.Syst.Evol.* 218: 281-298.
- MEMBRIVES-FERNÁNDEZ, N., J. PEDROLA-MONFORT & J. CAUJAPÉ-CASTELLS. 2001. Relative influence of biological versus historical factors on isozyme variation of the genus *Androcymbium* (Colchicaceae) in Africa. *Pl.Syst.Evol.* 229: 237-260.
- MITCHELL-OLDS, T., I.A. AL-SHEHBAZ, M.A. KOCH & T. SHARBEL. 2005. Crucifer evolution in the post-genomic era. In: *Plant Diversity and Evolution: Genotypic and Phenotypic Variation in Higher Plants*. Henry R. J. (ed.), CAB International.. Wallingford: 119-137.
- MIRJALILI, S. A., S. J. BENNETT, and E. POORAZIZI. 2008. A phenetic analysis on the genus *Lolium* (Poaceae) in Iran. *Pl. Syst. Evol.* 274: 203-208.
- MOLERO, J., T. GARNATJE, A.M. ROVIRA, N. GARCÍA-JACAS & A. SUSANNA. 2002. Karyological evolution and molecular phylogeny in Macaronesian dendroid spurges (*Euphorbia* subsect. *Pachycladae*). *Pl.Syst.Evol.* 231: 109-132.
- MONTELONGO PARADA, V. 1994. Tirajana. *Aguayro* nº 208. pp: 28.
- MONTELONGO PARADA, V., D. BRAMWELL & O. FERNÁNDEZ-PALACIOS. 2003. *Parolinia glabriuscula* (Brassicaceae), una nueva especie para Gran Canaria (Islas Canarias, España). *Bot.Macaronésica* 24: 67-72.
- MORA, S., J. PÉREZ DE PAZ, R. FEBLES, & J. CAUJAPÉ- CASTELLS. 2000. Relaciones entre biodiversidad y biología reproductiva en el género *Echium* (Boraginaceae). VI *Symposium De La Asociación Ibero-Macaronésica De Jardines Botánicos. (Libro De Resúmenes)*: 31.
- MORA, S., R. JAÉN MOLINA, J. PÉREZ DE PAZ & R. FEBLES. 2002. Sexos, formas y colores en el género *Echium* L. (Boraginaceae) ¿Tiene esto que ver con la sistemática? 1º *Congreso De Biología De La Conservación De Plantas (Libro De Resúmenes)*: 63.
- MORA, S., J. CAUJAPÉ-CASTELLS, J. E. MALO ARRÁZOLA, J. PÉREZ DE PAZ & R. FEBLES. 2007. Diversidad isoenzimática de algunos endemismos leñosos del género *Echium* L. (Boraginaceae) en las islas Canarias. III *Congreso De Biología De La Conservación De Plantas (Libro De Resúmenes)*: 78-79.
- MORA-VICENTE, S., J. CAUJAPÉ-CASTELLS, J. PÉREZ DE PAZ, R. FEBLES-HERNÁNDEZ & J. E. MALO. 2009. Isozyme diversity in some Canarian woody endemisms of the genus *Echium* L. (Boraginaceae). *Pl.Syst.Evol.* 279: 139-149.
- MORAN, P.A.P., 1948. The interpretation of statistical maps. *Journal of the Royal Statistical Society B* 37: 243-251. MORET, J., A. BARI & A. LE THOMAS. 1993. Evolution of herkogamy and gynodioecy in Moroccan species of *Romulea* (Iridaceae). *Pl.Syst.Evol.* 184: 241-257.
- MORET, J., A. BARI, A. LE THOMAS & P. GOLDBLATT. 1992. Gynodioecy, Hercogamy and Sex-ratio in *Romulea bulbocodium* var. *dioica* (Iridaceae). *Evolutionary Trends in Plants*. 6: 99-109.
- MORITZ, C. & D.M. HILLIS. 1996. Molecular Systematics: Context and Controversies. In: *Molecular Systematics*. 2ª ed., Hillis, D. M., C. Moritz & B. K. Mable (eds), Sinauer Associates, Inc. Sunderland, Massachusetts. U.S.A.: 1-13.
- MORIKAWA, T. & J.M. LEGGETT. 1990. Isozyme polymorphism in natural populations of *Avena canariensis* from the Canary Islands. *Heredity* 64:



- 403-11.
- MORRONE, J.J., M.M. CIGLIANO & J.V. CRISCI, 1992. Cladismo y diversidad biológica. *Ciencia Hoy*. Vol. 4 (21): 26-34..
- MORT, M.E., D.E. SOLTIS, P.S. SOLTIS, J. FRANCISCO-ORTEGA & A. SANTOS GUERRA. 2001. Phylogenetic relationships and evolution of Crassulaceae inferred from *matK* sequence data. *Amer.J.Bot.* 88: 76-91.
- MORT, M.E., D.E. SOLTIS, P.S. SOLTIS, J. FRANCISCO-ORTEGA & A. SANTOS-GUERRA. 2002. Phylogenetic and evolution of the Macaronesian clade of Crassulaceae inferred from nuclear and chloroplast sequence data. *Syst.Bot.* 27: 271-288.
- MOYLE, L.C., M.S. OLSON & P. TIFFIN. 2004. Patterns of reproductive isolation in three angiosperm genera. *Evolution* 58: 1195-208.
- MUNIR, J., L. DORN, K. DONOGUE & J. SCHIMITT. 2001. The effect of maternal photoperiod on seasonal dormancy in *Arabidopsis thaliana* (Brassicaceae). *Amer.J. Bot.* 88: 1240-1249.
- MURPHY, R.W., J.W. SITES, D.G. BUTH & C.H. HAUFLE. 1996. Proteins: Isozyme Electrophoresis. In: *Molecular Systematics*. HILLIS, D. M., C. MORITZ & B. K. MABLE (eds.), Sinauer Associates, Inc. Sunderland, Massachusetts U.S.A 51-120.
- NASON, J.D. & N.C. ELLSTRAND. 1995. Lifetime estimates of biparental inbreeding depression in the self-incompatible annual plant *Raphanus sativus*. *Evolution* 49: 307-316.
- NAUMOVSKI, D. 2005. Germination ecology of seeds of endemic species *Degenia velebitica* (Degen) Hayek (Brassicaceae). *Acta Bot. Croat.* 64: 323-330.
- NEAL, P.R., & G.J. ANDERSON. 2005. Are "mating systems" "breeding systems" of inconsistent and confusing terminology in plant reproductive biology? or is it the other way around. *Pl.Syst.Evol.* 250: 173-185.
- NEI, M. 1972. Genetic distance between populations. *The American Naturalist* 106: 283-292.
- NEI, M., 1973. Analysis of gene diversity in subdivided populations. *Proc.Nat.Acad.Sci. USA* 70: 3321 – 3323.
- NEI, M. 1978. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. *Genetics* 89: 583-590.
- NEI, M. 1987. *Molecular Evolutionary Genetics*. New York, USA.: Columbia University Press. 512 pp.
- NEUFFER, B. & R. HOFFROGGE. 2000. Ecotypic and allozyme variation of *Capsella bursa-pastoris* and *C.rubella* (Brassicaceae) along latitude and altitude gradients on the Iberian Peninsula. *An.Jard. Bot.Madrid.* 57: 299-315.
- NEUMANN, K. 1991. In search for the green Sahara: Palynology and botanical macro-remains. in *Palaeoecology of Africa and the surrounding islands* Vol. 22. Heine, K., A.Ballouche et J. Maley (eds.). A.A. Balkema Publishers. Rotterdam/Brookfield: 203-212
- NICHOLLS, M.S. 1987. Spatial pattern of ovule maturation in the inflorescence of *Echium vulgare*: demography, resource allocation and the constraints of architecture. *Biol.J.Linn.Soc.* 31: 247-256.
- NICKRENT, D.L. & D. WIENS. 1989. Genetic diversity in rare California shrub *Dedeckera eurekaensis* (Polygonaceae). *Syst.Bot.* 14: 245-253.
- NIETO-FELINER, G. 1991. Breeding systems and related floral traits in several *Erysimum* (Cruciferae). *Can. J. Bot.* 69: 2515-2521.
- NILSSON, S., M. HELLBOM & W. SMOLENSKI, 2002. A reappraisal of the significance of pollen in classifications of the Gentianaceae. *Grana.* 41: 90-106.
- NORDENSTAM, B (1980) Nomenclatural notes on South African Cruciferae. *J.f South African Bot.* 4: 251-263.
- NORDSTRÖM, S. & M. HEDRÉN, 2008. Genetic differentiation and postglacial migration of the *Dactylorhiza majalis* ssp. *traunsteineri/laponica* complex into Fennoscandia. *Pl.Syst.Evol.* 276: 73-87.
- NYBOM, H., and I. V. BARTISH. 2007. DNA markers and morphometry reveal multiclonal and poorly defined taxa in an apomictic *Cotoneaster* species complex. *Taxon* 56: 119–128.
- O'BRIEN, S.P. 1996. Timetable of stigmatic receptivity and development and pollen tube growth in *Chamelaucium uncinatum* (Myrtaceae). *Aust.J. Bot.* 44: 649-659.
- O'NEIL, P. 1997. Natural selection on genetically correlated phenological characters in *Lythrum salicaria* L. (Lythraceae). *Evolution* 51: 267-274.
- O'KANE, S.L. & I.A. AL-SHEHBAZ. 2003. Phylogenetic position and generic limits of *Arabidopsis* (Brassicaceae) based on sequences of nuclear ribosomal data. *Ann.Miss.Bot.Gard.* 90: 603-612.
- OJA, T. 2005. Isozyme evidence on the genetic diversity, mating system and evolution of *Bromus intermedius* (Poaceae). *Pl.Syst.Evol.* 254: 199-208.
- OLANGUA-CORRAL, M., R. FEBLES & J. PÉREZ DE PAZ, 2004. Fenología estacional y del capítulo de la Sección *Monoptera* (Sch. Bip.) Humph. de *Argyranthemum* Webb ex Sch. Bip. (Asteraceae: Anthemidae) endémica de Gran Canaria. *Bot.Macaronesia* 25: 127-141.
- OLANGUA-CORRAL, M., J. PÉREZ DE PAZ, & R. FEBLES. 2005a. *Argyranthemum* Webb ex Schultz Bip. (Asteraceae: Anthemidae). Morphological and reproductive biodiversity micromarkers in an endemic Macaronesian genus. XVII *Internacional Botanical Congreso. (Viena-2005)*: Libro de Resúmenes: 455.
- OLANGUA-CORRAL, M., J. PÉREZ DE PAZ, & R. FEBLES. 2005b. *Argyranthemum* Webb & Schultz Bip. (Asteraceae: Anthemidae). Micromarcadores morfológicos-reproductivos, sistema de cruzamiento y éxito reproductivo de los taxones Gran Canarias. II *Congreso De Biología De La Conservación De Plantas (Gijón-2005)*: Libro de Resúmenes. 178.
- OLANGUA-CORRAL, M., J. PÉREZ DE PAZ, & R. FEBLES. 2006. Reproductive micro-markers, breeding systems and reproductive success of *Argyranthemum* (Sch. Bip.) Humphr. (Asteraceae: Anthemidae). *The Internacional Compositae Alliance Congreso (Barcelona-06)*: Libro de Resúmenes.
- OLESEN, J.M., Y.L. DUPONT, B.K. EHLERS, A. VALIDO & D.M. HANSEN. 2005. Heterostyly in the Canarian endemic *Jasminum odoratissimum* (Oleaceae). *Nord.J.Bot.* 23: 537-539.
- OLIVA TEJERA, F., J. CAUJAPÉ-CASTELLS, J. NARANJO SUÁREZ, J. NAVARRO DÉNIZ, J.R. ACEBES GINOVÉS & D. BRAMWELL, 2004. Variación genética de los *Lotus* I. (Fabaceae: Loteae) de pinar en Gran Canaria. *Bot.Macaronesia* 25: 31-52.
- OLIVA TEJERA, F., J. CAUJAPÉ-CASTELLS, J. NARANJO SUÁREZ, J. NAVARRO DÉNIZ & J.R. ACEBES-GINOVÉS, 2005. Population genetic differentiation in taxa of *Lotus* (Fabaceae: Loteae) endemic to the Gran Canaria pine forest. *Heredity* 94: 199-206.
- OLIVA TEJERA, F., J. CAUJAPÉ-CASTELLS, J. NAVARRO DÉNIZ, J. A. REYES-BETANCORT, S. SCHOLZ, BACCARANI-ROSAS, & N. CABRERA GARCÍA, 2006. Patterns of genetic divergence of three Canarian endemic *Lotus* (Fabaceae): implications for the conservation of the endangered *L. kunkelii*. *Amer.J.Bot.* 9: 1116-1124.
- OLIVEIRA, J.A., E. ARBONES & R. BREGU. 1995. Diversidad genética en poblaciones naturales de *Lolium canariense*. XXXV *Reunión Científica De La Sociedad Española Para El Estudio De Los Pastos. Tenerife*.
- OLIVEIRA, R.P., E.L. BORBA, H.M. LONGHI-WAGNER, A.C.S. PEREIRA & S.M. LAMBERT, 2008. Genetic and morphological variability in the *Raddia brasiliensis* complex (Poaceae: Bambusoideae). *Pl.Syst.Evol.* 275: 25-35.
- OLMSTEAD, R.G. 2006. Multi-dimensional systematist: 21st century systematics in a time of rapid progress. *Syst.Bot.* 31: 437-439.
- OLOWOKUDEJO, J.D. & V.H. HEYWOOD. 1984. Cytotaxonomy and breeding system of the genus *Biscutella* (Cruciferae). *Pl.Syst.Evol.* 145: 291-309.
- ORNDUFF, R. 1969. Reproductive biology in relation to systematics. *Taxon* 18: 121-244.
- OROMÍ MASOLIVER, P., 2007. Caracterización genética y ecológica de las especies amenazadas *Acrostira bellamyi* (Orthoptera) y *Rhopalomesites euphorbiae* (Coleoptera), insectos huésped potenciales de las plantas amenazadas *Euphorbia mellifera* y *Euphorbia lambii* del P. N. de Garajonay. Proyecto Parques Nacionales
- ORTEGA, J. 1976. Citogenética del género *Lotus* en Macaronesia. I. Números de cromosomas. *Bot.Macaronesia* 1: 17-24.
- ORTIZ, M.A., S. TALAVERA, J.L. GARCÍA-CASTAÑO, K. TREMETSBERGER, T.F. STUESSY, F. BALAO & R. CASIMIRO-SORIGUER. 2006. Self-incompatibility and floral parameters in *Hypochaeris* sect. *Hypochaeris* (Asteraceae). *Amer.J.Bot.* 93: 234-244.
- OYAMA, K. 1998. Genetic differentiation among populations of *Arabis serrata* (Brassicaceae) along its geographic distribution. *Pl.Syst.Evol.* 213: 91-102.
- PARDO, C. 1983. Morfología polínica de los géneros *Crambe* L. y *Hemicrambe* Webb (Brassicaceae). in *Actas del IV Simposio de Palinología*. Solé de Porta & Suárez Cervera (eds), 165-174. Barcelona: Publicacions i edicions de la Universitat de Barcelona.
- PARKS, C.R. & J.F. WENZEL. 1990. Molecular divergence between Asian and North American species of *Liriodendron* (Magnoliaceae) with implications for fossil floras. *Amer.J.Bot.* 77: 1243-1256.

## Bibliografía

- PASCHKE, M., C.ABS & B. SCHMID. 2002. Effects of population size and pollen diversity of reproductive success and offspring size in the narrow endemic *Cochlearia bavarica* (Brassicaceae). *Amer.J.Bot.* 89: 1250-1259.
- PEDROLA-MONFORT, J. 1998. Curso de Doctorado: Métodos moleculares para la estimación de la diversidad genética. Universidad de Las Palmas de G.C.
- PEDROLA-MONFORT, J. & J. CAUJAPÉ-CASTELLS. 1994. Allozymic and morphological relationships among *Androcymbium gramineum*, *A. europaeum* and *A. psammophilum* (Colchicaceae). *Pl.Syst.Evol.* 191: 111-126.
- PEDROLA-MONFORT, J. & J. CAUJAPÉ-CASTELLS. 1996. Genetic and morphological divergence in the *Androcymbium gramineum* complex (Colchicaceae). *Pl.Syst.Evol.* 201: 149-162.
- PERCY, D.M. & Q.C.B. CRONK. 2002. Different fates of island brooms: contrasting evolution in *Adenocarpus*, *Genista*, and *Teline* (Genisteae, Fabaceae) in the Canary Islands and Madeira. *Amer.J.Bot.* 89: 854-864.
- PÉREZ-COLLAZOS, E. & P. CATALÁN. 2006. Palaeopolyploidy, spatial structure and conservation genetics of the narrow steppe plant *Vella pseudocytisus* subsp. *pau* (Vellinae, Cruciferae). *Ann.Bot.* 97: 635-647.
- PÉREZ-COLLAZOS, E., J.G. SEGARRA, L.A. INDA & P. CATALÁN. 2007. Population genetics and the conservation status of the threatened Iberian steppe grass *Puccinellia pungens* (Pau) Paunero (Poaceae). *Bot.J.Linn.Soc.* 154: 269-281.
- PÉREZ DE PAZ, J. 1981. Contribución al atlas palinológico de endemismos canario-macaronésicos 3. *Bot.Macaronésica* 7 (1980): 77-112.
- PÉREZ DE PAZ, J. 1983a. Estudio palinológico del género *Crambe* L. (Brassicaceae) en Macaronesia. In: *Actas del IV Simposio de Palinología*. Solé de Porta & Suárez Cervera (eds). Barcelona: Publicacions i edicions de la Universitat de Barcelona: 51-69.
- PÉREZ DE PAZ, J. 1983b. Estudios palinológicos en la Flora Macaronésica. *II Congreso Internacional Pró Flora Macaronésica 1977*: 155-162.
- PÉREZ DE PAZ, J. 1993. *Diversidad polínica, Sistemática, Evolución y Biogeografía del género Echium L. en Macaronesia, y del género Lobostemon Lehm. (Boraginaceae)*. Tesis Doctoral (unp.). Universidad de La Laguna.
- PÉREZ DE PAZ, J. 1995. Palynologie et Tendances évolutives dans le complexe *Echium-Lobostemon* (Boraginaceae). 14<sup>o</sup> Symposium de l'APLF (Asociación de Palinólogos de Lengua Francesa). *Actas de Resúmenes*. Paris: 79.
- PÉREZ DE PAZ, J. 1996. Generalidades, diversidad polínica y evolución de las secciones macaronésicas: *Stricta*, *Virescentia*, *Gentianoidea* y *Echium* del género *Echium* L. (Boraginaceae). *Bot.Macaronésica* 21 (1995): 3-28
- PÉREZ DE PAZ, J. 1998. Diversidad polínica y taxonomía numérica del género *Echium* L. (Boraginaceae) en Macaronesia. *Bot.Macaronésica* 23 (1996): 47-81.
- PÉREZ DE PAZ, J. 2002. La biología reproductiva. Importancia y tipos de estudios. In: *Biología de la conservación de plantas amenazadas*. 1<sup>o</sup> ed., A. Bañares Baudet (ed), Organismo Autónomo Parques Nacionales. Madrid 71-132
- PÉREZ DE PAZ, J. 2004. Rosaceae-Sanguisorbeae de Macaronesia: géneros *Marcelletia*, *Bencomia* y *Dendropterium*. Palinología, biogeografía, sistemas sexuales y filogenia. *Bot.Macaronésica* 25: 99-130.
- PÉREZ DE PAZ, J. & A. ROCA SALINAS. 1978. Palinología del género *Euphorbia* L. en la Macaronesia 1. *Bot.Macaronésica* 4 (1977): 77-83.
- PÉREZ DE PAZ, J. & R. FEBLES. 2002a. Principales síndromes reproductivos de la flora canaria. *1<sup>o</sup> Congreso De Biología De La Conservación De Plantas (Libro De Resúmenes)*: 61.
- PÉREZ DE PAZ, J. & R. FEBLES. 2002b. Sistemas sexuales en la flora canaria. Importancia de la dioecia, subdioecia y diclinia. *1<sup>o</sup> Congreso De Biología De La Conservación De Plantas (Libro De Resúmenes)*: 62.
- PÉREZ DE PAZ, J. & R. FEBLES. 2005a. Sistemas de cruzamiento, biodiversidad y filogenia en la Flora Macaronésica. I. Evolución de los síndromes florales: heteromorfismos y sistemas sexuales. *VIII Simposio De La Asociación Iberomacaronésica De Jardines Botánicos*.
- PÉREZ DE PAZ, J. & R. FEBLES. 2005b. Banco de micro-marcadores morfológico-reproductivos (Red de Bancos de Biodiversidad en la Flora Macaronésica: BIOMABANC: INTERREG IIIB: espacio Azores-Madeira-Canarias). *VIII Simposio De La Asociación Iberomacaronésica De Jardines Botánicos*.
- PÉREZ DE PAZ, J. & FERNÁNDEZ-PALACIOS O. 2008. Polimorfismos y series polínicas en el género canario *Parolinia* Webb (Matthioleae-Brassicaceae). Significado biológico y filogenético. *XVI Internacional A.P.L.E Symposium of Palynology (Libro De Resúmenes)*: 59.
- PÉREZ DE PAZ, J., O. FERNÁNDEZ-PALACIOS & R. FEBLES. 2009. Polimorfismos y series polínicas en el género canario *Parolinia* y parientes continentales *Diceratella* y *Morettia* (Matthioleae-Brassicaceae). Significado biológico y filogenético. In: Libro homenaje al Profesor Wildpret. Editorial. Instituto de Estudios Canario. iEn prensa.
- PÉREZ DE PAZ, J., N. MEMBRIVES, J. PEDROLA-MONFORT & J. CAUJAPÉ-CASTELLS. 2002. Tipos polínicos, diversificación y biogeografía del género *Androcymbium* Willd. (Colchicaceae). *XIV Simposio De La APLE (Asociación De Palinólogos De Lengua Española)*. *Actas de Resúmenes*: 103-106.
- PÉREZ DE PAZ, J., R. FEBLES, O. FERNÁNDEZ-PALACIOS & M. OLANGUA CORRAL. 2006a. Banco de micro-marcadores Morfológico-Reproductivos. Descripción y fundamentos biológicos. Elementos del Banco, niveles y tipo de micromarcadores. I- La Flor: micromarcadores y heteromorfismos (sexuales y de incompatibilidad pin-thrum y cob-pap). *Jornadas Red De Bancos De Biodiversidad En La Flora Macaronésica (BIOMABANC)*. Las Palmas G.C.
- PÉREZ DE PAZ, J., R. FEBLES, O. FERNÁNDEZ-PALACIOS & M. OLANGUA CORRAL. 2006b. La Flor: micro-marcadores de fenología y arquitectura floral. II- Sistemas de Cruzamiento. Elementos del Banco. Muestreos, metodología, técnicas de observación y captación de imágenes. *Jornadas Red De Bancos De Biodiversidad En La Flora Macaronésica (BIOMABANC)*. Las Palmas G.C.
- PÉREZ DE PAZ, J., R. FEBLES, O. FERNÁNDEZ-PALACIOS, M. OLANGUA, & E. RIVERO. 2007a. *Manual para la detección de micro-marcadores morfológico-reproductivos en la Flora Macaronésica. Metodología y Protocolos*.
- PÉREZ DE PAZ, J., O. FERNÁNDEZ-PALACIOS, J. CAUJAPÉ-CASTELLS, M. OLANGUA CORRAL & R. FEBLES, 2007b. Biología reproductiva, filogenia, diversidad genética y poblaciones naturales en las islas Canarias y situaciones continentales. *III Congreso De Biología De La Conservación De Plantas (Libro De Resúmenes)*: 88-90.
- PÉREZ DE PAZ, P.L., 1978. Revisión del género *Micromeria* Benth (Lamiaceae-Stachyoideae) en la región Macaronésica. Escmo. Cabildo Insular de Tenerife. ACT.
- PÉREZ DE PAZ, P.L. 1992. Revisión taxonómica de *Sideritis* L. subgénero *Marrubiastrum* (Moench) Mend.- Heder (endemismo macaronésico). *Phanerogamarum Monographiae*, Tomus XX. Ed. J. Cramer. Berlin.
- PÉREZ GARCÍA, F., J.M. PITA VILLAMIL & C. GÓMEZ CAMPO, 1989. Monografías "Fisiología de Semillas". E.T.S. de Ingenieros Agrónomos de la Universidad Politécnica de Madrid.
- PÉREZ GONZÁLEZ, R., 1993. La isla de Tenerife in: *Geografía de Canarias*. Vol.II. Editorial Prensa Ibérica, S.A.: 757-772.
- PERNY, M., A. TRIBSCH, T.F. STUCESSY & K. MARHOLD. 2005. Taxonomy and cytogeography of *Cardamine raphanifolia* and *C. gallaecica* (Brassicaceae) in the Iberian Peninsula. *Pl.Syst.Evol.* 254: 69-91.
- PERSSON, K., A.-S. FÁLT & R. VON BOTHMER. 2001. Genetic diversity of allozymes in turnip (*Brassica rapa* L. var. *rapa*) from the Nordic area. *Hereditas* 134: 43-52.
- PETIT, R., A. HAMPE & R. CHEDDADI. 2005. Climate changes and tree phylogeography in the Mediterranean. *Taxon* 54: 877-885.
- PIRE, S.M. & M.DEMATTEIS. 2007. Pollen aperture heteromorphism in *Centaureum pulchellum* (Gentianaceae). *Grana* 46: 1-12.
- PIRES, J.C. & K.L. HERTWECK. 2008. A renaissance of cytogenetics: studies in polyploidy and chromosomal evolution. *Ann. Missouri Bot. Gard.* 95: 275-281.
- PIRY, S., LUIKART, G. & J.M. CORNUET, 1998. Bottleneck, a program for detecting recent effective population size reductions from allele frequency data. INRA, URLB, Laboratoire de Modélisation et Biologie Evolutive. Montpellier, France.
- PITA VILLAMIL, J.M. & F. PÉREZ GARCÍA, 1989. Monografías. "Dormición de Semillas". E.T.S. de Ingenieros Agrónomos de la Universidad Politécnica de Madrid.
- PLA DALMAU, J.M. 1957. Polen. Estudios palinológicos y precisiones morfológicas sobre los granos de polen de quinientas especies botánicas del extremo NE de España. In: *Polen.Universidad de Barcelona*. Barcelona: 229-233.
- POLOWICK, P.L., & V.K. SAWHNEY. 1986. A scanning electron microscopic study on the initiation and development of floral organs of *Brassica*

- napus* (cv. WESTAR). *Amer.J.Bot.* 73: 254-263.
- POZHIDAEV, A.E., 1993. Polymorphism of pollen in the genus *Acer* (Aceraceae). *Grana* 32: 79-85.
- POZHIDAEV, A. E. 2000. Pollen variety and aperture patterning. in *Pollen and Spores: Morphology and Biology*. Harley, M. M. C. M. Morton & S. Blackmore (eds)., 205-25. Great Britain: Royal Botanic Gardens, Kew.
- POZNER, R., & A. COCCUCCI. 2006. Floral structure, anther development, and pollen dispersal of *Halophytum ameghinoi* (Halophytaceae). *Int. J. Plant Sci.* 167: 1091-1098.
- PRAGLÓWSKI, I., 1970. An elucidation of the microreticulate structure of the exine. *Grana* 13:45-50.
- PRANCE, G. T. 2000. Plant systematics: a half-century of progress (1950-2000) and future challenges. *Taxon* 49: 399.
- PRANTL, 1890. *Cruciferae. In: Genera Siphonogamarum ad Systema Englerianum conscript* (1963). De Dalla Torre, C. G. & H. Harms (eds). Wiesbaden: Lipsiae.
- PRESTON, R. E. 1986. Pollen-ovule ratios in the Cruciferae. *Amer.J.Bot.* 73: 1732-1740.
- PRESTON, R. E. 1991. The intrafloral phenology of *Streptanthus tortuosus* (Brassicaceae). *Amer.J.Bot.* 78: 1044-1053.
- PRINA, A., & A. MARRERO RODRÍGUEZ. 2001. *Crambe tamadabensis* (Brassicaceae, Brassiceae), una nueva especie para Gran Canaria (Islas Canarias, España). *An.Jard.Bot.Madrid* 58: 245-49.
- PROCTOR, M., & P. YEO. 1973. *The Pollination of Flowers*. London: Collins. 500 pp.
- PROCTOR, M., P. YEO, & A. LACK. 1996. *The Natural History of Pollination*. London: Harper Collins Publishers. 479 pp.
- PROYECTO BASEMAC (Mac 4.1/C.9) INTERREG IIB Azores-Madeira-Canarias. 2000-2006. *Banco de semillas de Macaronesia. Un programa para la conservación sostenible de la diversidad vegetal. Memoria del Proyecto*.
- PUNT, W., S.BLACKMORE, S.NILSSON & A.LE THOMAS, 1994. *Glossary of Pollen and Spore Terminology*. LPP Foundation. Utrech.
- QUELLER, D.C. 1984. Pollen-ovule ratios and hermaphrodite sexual allocation strategies. *Evolution* 38: 1148-1151.
- RAMOS MARTÍNEZ, A. 1989. Aportaciones al conocimiento cariológico del género *Asparagus* (Liliaceae) en las islas Canarias. *Bot. Macaronésica* 18: 3-14.
- RAMSEY, J. & D.W. SCHEMSKE. 1998. Pathways, mechanisms, and rates of polyploid formation in flowering plants. *Annu.Rev.Ecol.Syst.* 29: 467-501.
- RAUFASTE, N. & F. ROUSSET. 2001. Are partial Mantel Tests adequate? *Evolution* 55 (8): 1703-1705.
- REES, D.J.; B.C. EMERSON, P. OROMÍ, G.M. HEWITT, 2001. Mitochondrial DNA, ecology and morphology: interpreting the phylogeography of the Nesotes (Coleoptera: Tenebrionidae) of Gran Canaria. *Molecular Ecology*, 10: 427-434.
- REESE, G., 1957. In: Federov. Chromosome numbers of Flowering Plant (1974): 175
- REITSMA, T., 1969. Size modification of recent pollen grains under different treatments. *Rev. Palaeobot. Palynol.* 9:175-202. SIN FICHAR
- REYES HERNÁNDEZ, J. A. 1999. *Parolinia schizogynoides* Svent., Add.Fl. Canar., 1: 11 (1960). in *Libro Rojo de la Flora Canaria contenida en la Directiva-Hábitats Europea*. Beltrán Tejera, E., W. Wildpret de la Torre, M. C. León Arencibia, A. García Gallo & J. A. Reyes Hernández (ed), Organismo Autónomo Parques Nacionales. La Laguna, Tenerife: 489-493.
- RICHARDS, A. J. 1986. *Plant Breeding Systems*. 1ª ed: Chapman & Hall. London.529 pp
- RICHARDS, A. J. 1997. *Plant Breeding Systems*. 2ª ed. Chapman & Hall. London 529 pp
- RIESEBERG, L. H., and J. M. BURKE. 2001. The biological reality of species: gene flow, selection, and collective evolution. *Taxon* 50: 47-67.
- RIM, Y.W. & P.R.BEUSELINCK, 1996. Cytology of 2n pollen formation and pollen morphology in diploid *Lotus tenuis* (Fabaceae). *American Journal of Botany* 83(8): 1057-1062.
- RITLAND, K. 1990. Inferences about inbreeding depression based on changes of the inbreeding coefficient. *Evolution* 44: 1230-1241.
- RIVAS MARTINEZ, S. *et al.* 1993. Excursión guide. Outline vegetatoin of Tenerife Island (Canary Islands). *Itinera Geobotanica* 7: 5-168.
- ROCA SALINAS, A. 1983. Morfología polínica del género *Limonium* Mill en Macaronesia. In: *Actas del IV Simposio de Palinología*. Solé de Porta & Suárez Cervera (eds), Publicacions i edicions de la Universitat de Barcelona. Barcelona: 211-222.
- RODRÍGUEZ-RIAÑO, T., A. ORTEGA-OLIVENCIA & J.A. DEVESA ALCARAZ. 1999. Reproductive phenology in three Genisteae (Fabaceae) shrub species of the W Mediterranean Region. *Nordic Journal of Botany* 19: 345-54.
- RODRÍGUEZ-RIAÑO, T., A. ORTEGA OLIVENCIA & J.A. DEVESA. 2004. Reproductive biology in *Cytisus multiflorus* (Fabaceae). *Ann. Bot. Fennici* 41: 179-88.
- ROHLF, F.J. 1998. NTSYS-pc. Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis version 2.02j. Applied Biostatistics Inc.
- ROLÁN ALVAREZ, E. 2008. Caracteres morfológicos y sus componentes. *Proyecto "Arquitectura Genética y Origen Evolutivo De Caracteres Adaptativos En Un Caracol Marino"*.
- ROLL, J., J. M. RANDALL, R. J. CABIN & D.L. MARSHALL. 1997. Reproducte success increases with local density of conspecifics in a desert mustard (*Lesquerella fendleri*). *Cons.Biology* 11: 738-746.
- ROMERO ZARCO, C., 1986. A new method for estimating karyotype asymmetry. *Taxon*, 35:526-530
- ROUTLEY, M B., R.I. BERTIN & B.C. HUSBAND. 2004. Correlated evolution of dichogamy and self-incompatibility: a phylogenetic perspective. *Int. J. Plant Sci.* 165: 983-993.
- ROY, B.A. 1995. The breeding systems of six species of *Arabis* (Brassicaceae). *Amer.J.Bot.* 82: 869-877.
- RUIZ, E., D.J. CRAWFORD, T.F. STUESSY, F. GONZALES, R. SAMUEL, J. BECERRA, & M. SILVA. 2004. Phylogenetic relationships and genetic divergence among endemic species of *Berberis*, *Gunnera*, *Myrceugenia* and *Sophora* of the Juan Fernández Islands (Chile) and their continental progenitors based on isozymes and nrITS sequences. *Taxon* 53: 321-332.
- RUSTAN, Ø.H. 1996. Revision of the genus *Diplotaxis* (Brassicaceae) in the Cape Verde Islands, W Africa. *Nord.J.Bot.* 16: 19-50.
- SAAD, L., and G. MAHY. 2009. Molecular and morphological variation of rare endemic oncocyclus irises (Iridaceae) of Lebanon. *Bot.J.Linn.Soc* 159: 123-35.
- SAGE, T.L., R.I. BERTIN & E.G. WILLIAMS. 1994. Ovarian and other late-acting self-incompatibility systems. in *Genetic control of self-incompatibility and reproductive development in flowering plants*. Williams, E.G., A.E. Clarke & R. B. Knox (eds.) Kluwer Academic Publishers. Dordrecht: 116-140.
- SAGE, T.L., S.R. GRIFFIN, V. PONTIERI, P. DROBAC, W.W. COLE & S.C.H. BARRETT. 2001. Stigmatic self-incompatibility and mating patterns in *Trillium grandiflorum* and *Trillium erectum* (Melanthiaceae). *Ann.Bot.* 88: 829-841.
- SAHUQUILLO, E. & R. LUMARET. 1995. Variation in the subtropical group of *Dactylis glomerata* L.- 1. Evidence from allozyme polymorphism. *Bioch. Syst. Ecol.* 23: 407-418.
- SAITOU, N. & M. NEI. 1987. The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees. *Mol. Biol. Evol.*, 4:406-425.
- SALAS PASCUAL, M. 2003. El medio físico de Gran Canaria. In: *Apuntes sobre Flora y Vegetación de Gran Canaria (Guía de la excursión geobotánica de las XIX Jornadas de Fitosociología y Simposio Internacional de la FIP 2003)*. RODRÍGUEZ DELGADO, O. (coord.). Cabildo de Gran Canaria. Medio Ambiente y Aguas: 15-31.
- SANCHEZ DÍAZ, J. 1975. Características y distribución de los suelos en la isla de Gran Canaria. Tesis Doctoral. Universida de La Laguna.
- SÁNCHEZ-DORESTE, J.L., J. A. REYES-BETANCORT, S. SCHOLZ, & J. CAUJAPÉ- CASTELLS. 2004. Patrones de variación genética poblacional en el endemismo canario *Matthiola bolleana* Webb ex Christ. *Bot.Macaronésica* 25: 1-11.
- SÁNCHEZ-DORESTE, J.L., G. DOMINA & J. CAUJAPÉ-CASTELLS. 2005. Genetic differentiation of three species of *Matthiola* (Brassicaceae) in the Sicilian insular system. *Pl.Syst.Evol.* 253: 81-93.
- SÁNCHEZ-DORESTE, J.L., J. CAUJAPÉ- CASTELLS, J. A. REYES-BETANCORT & S. SCHOLZ, 2006. Population genetics of *Matthiola bolleana* (Brassicaceae) in the Canary Islands. *Pl.Syst.Evol.* 262:139-151.
- SANTANA SANTANA, A. & E. PÉREZ-CHACON, 1991. *Sociedad y medio: aproximación a las formas históricas de uso del territorio en Gran Canaria*. Cabildo Insular de Gran Canaria, La Caja de Canarias.
- SANTANA SANTANA, A. & A. NARANJO CIGALA. 1992. *El relieve de Gran Canaria. Guía de las grandes unidades morfológicas*. España: Nogal Ediciones. 108 pp.



## Bibliografía

- SANTOS-GUERRA, A. 1983a. Vegetación de la región macaronésica. *II Congreso Internacional Pró Flora Macaronésica. Funchal*: 185-203.
- SANTOS GUERRA, A. 1983b. *Vegetación y Flora de La Palma*. Santa Cruz de Tenerife: Editorial Interinsular Camarosa S.A. 348 pp.
- SANTOS GUERRA, A. 1996a. *Parolinia schizogynoides* Svent.(Brassicaceae) in *Libro Rojo de especies vegetales amenazadas de las Islas Canarias*. 1ª ed., Gómez-Campo, C. & colaboradores. Viceconsejería de Medio Ambiente: 482-483
- SANTOS GUERRA, A. 1996b. *Parolinia aridanae* Santos sp. nova (Brassicaceae) in *Libro Rojo de especies vegetales amenazadas de las Islas Canarias*. 1ª ed., Gómez-Campo, C. & colaboradores, Viceconsejería de Medio Ambiente; 474-475.
- SANTOS- GUERRA, A. 2001. Flora vascular nativa. In *Naturaleza de las islas Canarias. Ecología y Conservación*. Fernández-Palacios, J. M. & J. L. Martín Esquivel (Eds.), Turquesa ediciones. España: 185-192.
- SARGENT, R. D, M. A. MANDEGAR & S.P. OTTO. 2006. A model of the evolution of dichogamy incorporating sex-ratio selection, anther-stigma interference, and inbreeding depression. *Evolution* 60: 934-944.
- SCHAAL, B. A., and W. J. LEVERICH. 2001. Plant population biology and systematics. *Taxon* 50: 679-95.
- SCHEMSKE, D.W. & R. LANDE. 1985. The evolution of self-fertilization and inbreeding depression in plants. II. Empirical observations. *Evolution* 39: 41-52.
- SCHEMSKE, D.W., B.C. HUSBAND, M.H. RUCKELSHAUS, C. GOODWILLIE, I.M. PARKER & J.G. BISHOP. 1994. Evaluating approaches to the conservation of rare and endangered plants. *Ecology* 75: 584-606.
- SCHIERUP, M.H. & F.B. CHRISTIANSEN. 1996. Inbreeding depression and outbreeding depression in plants. *Heredity* 77: 461-68.
- SCHILLER, G., L. KOROL, E.D. UNGAR, A. ZEHAVIA, S. L. GIL, and M. J. CLIMENT. 1999. Canary Islands pine (*Pinus canariensis* Chr.Sm. ex DC.). 1. Differentiation among native populations in their isoenzymes. *Forest Genetics* 6: 257-276.
- SCHOEN, D.J. & D.G. LLOYD. 1992. Self- and cross-fertilization in plants. III. Methods for studying modes and functional aspects of self-fertilization. *Int. J. Plant Sci.* 153: 381-393.
- SCHOEN, D.J., & T.-L. ASHMAN. 1995. The evolution of floral longevity: resource allocation to maintenance versus construction of repeated parts in modular organisms. *Evolution* 49: 131-139.
- SCHRANZ, M.E., C. DOBES, M.A. KOCH & T. MITCHELL-OLDS. 2005. Sexual reproduction, hybridization, apomixis, and polyploidization in the genus *Boechea* (Brassicaceae). *Amer.J.Bot.* 92: 1797-1810.
- SCHRANZ, M.E., L. KANTAMA, H. DE JONG & T. MITCHELL-OLDS. 2006. Asexual reproduction in a close relative of *Arabidopsis*: a genetic investigation of apomixis in *Boechea* (Brassicaceae). *New Phytologist* 171: 425-438.
- SCHULZ, O. E. 1936. Cruciferae . in *Die Natürlichen Pflanzenfamilien*. 2ª ed (1960). Band 17b. Engler, A. & H. Harms. (eds). DUNCKER & HUMBLOT. Berlin: 227-658.
- SCOTLAND, R. W. 2000. Are angiosperms firmly rooted? *Taxon* 49: 529-31.
- SEAVEY, S.R. & K.S. BAWA. 1986. Late-Acting Self-Incompatibility in Angiosperms. *The Botanical Review* 52: 195-219.
- SHAPCOTT, A. 1994. Genetic and ecological variation in *Atherosperma moschatum* and the implications for conservation of its biodiversity. *Aust.J.Bot.* 42: 663-686.
- SHARBEL, T.F. & T. MITCHELL-OLDS. 2001. Recurrent polyploid origins and chloroplast phylogeography in the *Arabis holboellii* complex (Brassicaceae). *Heredity* 87:59-68.
- SHIELDS, C.R., T.J. ORTON & C.W. STUBER, 1983. An outline of general resource needs and procedures for the electrophoretic separation of active enzymes from plant tissue. In: *Isozymes in Plant Genetics and Breeding. Part A*. 1ª ed., Tanksley, S. D. & T. J. Orton (eds.), Elsevier Science Publishing Company Inc. Amsterdam: 443-68.
- SIEGEL, S., 1988. *Estadística no paramétrica*. Ed. Trillas, Mexico.
- SILVA, L., N. PINTO, B. PRESS, F. RUMSEY, M. CARINE, S. HENDERSON. & E. SJÖGREN. 2005. in BORGES, P.A.V., CUNHA, R. GABRIEL, R. MARTINS, A.F., SILVA, L. & VIEIRA, V. (eds). *A list of vascular Plants (Pteridophyta & Spermatophyta) from the Azores*. Direcção regional do Ambiente and Universidade dos Açores, Horta, Angra do Heroísmo and Ponta Delgada. pp: 131-161.
- SILVA-MONTELLANO, A. & L.E. EGUIARTE, 2003. Geographic patterns in the reproductive ecology of *Agave lechuguilla* (Agavaceae) in the Chihuahuan desert. I. Floral characteristics, visitors, and fecundity. *Amer.J.Bot.* 90: 377-387.
- SILVERTOWN, J. & D. CHARLESWORTH. 2001. *Introduction to Plant Population Biology*. Oxford, U.K.: Blackwell Science. 347 pp.
- SIMILLION, C., K. VANDEPOELE, M.C.E. VAN MONTAGU, M. ZABEAU & Y. VAN DE PEER. 2002. The hidden duplication past of *Arabidopsis thaliana*. *Proc.Nat. Acad. Sci. USA* 99: 13627-13632.
- ŠINGLIAROVÁ, B., J. CHRTEK & P. MRÁZ, 2008. Loss of genetic diversity in isolated populations of an alpine endemic *Pilosella alpicola* subsp. *ullepitschii*: effect of long-term vicariance or long-distance dispersal? *Pl.Syst.Evol.* 275: 181-191.
- SITCAN: Sistema de información territorial. <http://www.gobiernodecanarias.org/cmavot/index.jsp>
- SLATKIN, M. 1985. Rare alleles as indicators of gene flow. *Evolution* 39: 53-65.
- SLATKIN, M. 1987. Gene flow and the geographic structure of natural populations. *Science* 236: 787-792.
- SLATKIN, M. 1994. Gene flow and population structure. In: *Ecological genetics*. Real LA ed. Princeton, NJ, Princeton University Press. 3-17
- SLATKIN, M. & N.H. BARTON, 1989. A comparison of three indirect methods for estimating average levels of gene flow. *Evolution* 43: 1349-1368.
- SNEATH, P.H.A. 1995. Thirty years of Numerical Taxonomy . *Syst. Biol.* 44: 281-298.
- SNEATH, P.H.A. & R.R. SOKAL. 1973. *Numerical taxonomy*. San Francisco: W. H. Freeman & Company. 573 pp.
- SOKAL, R.R., 1979. Testing statistical significance of geographical variation patterns. *Systematic Zoology* 8, 227-232.
- SOKAL, R.R. & F.J. ROHLF. 1969. *Biometría. Principios y métodos estadísticos en la investigación biológica*. Madrid: H.BLUME Ediciones. 832 pp.
- SOKOLOFF, D., M. REMIZOWA, T. MACFARLANE, and RUDALL. P. J. 2008. Classification of the early-divergent angiosperm family Hydatellaceae: one genus instead of two, four new species and sexual dimorphism in dioecious taxa. *Taxon* 57: 179-200.
- SOLTIS, D.E. & SOLTIS P.S. (eds). 1989. *Isozymes in Plant Biology*. Hong Kong: Dioscorides Press. 268 pp.
- SOLTIS, D.E. & P.S. SOLTIS. 1992. The distribution of selfing rates in homosporous ferns. *Amer. J. Bot.* 79: 97-100.
- SOLTIS, P.S., & M.A. GITZENDANNER. 1999. Molecular Systematics and Conservation of Rare Species. *Cons.Biology* 13: 471-83.
- SOLTIS, P.S., & D.E. SOLTIS. 2001. Molecular systematics: assembling and using the Tree of Life. *Taxon* 50, no. 3: 663-77.
- SOLTIS, P.S., D.E. SOLTIS & L.D. GOTTLIEB. 1987. Phosphoglucosylase gene duplications in *Clarkia* (Onagraceae) and their phylogenetic implications. *Evolution* 41: 667-671.
- SOLTIS, D.E., P.S. SOLTIS & J.A. TATE. 2003. Advances in the study of polyploidy since *Plant speciation*. *New Phytologist* 161: 173-191.
- SOLTIS, D.E., P.S. SOLTIS, P.K. ENDRESS. & M.W. CHASE. 2005. *Phylogeny and Evolution of Angiosperms*. Sinauer Associates Inc. Publishers. 370 pp.
- SOLTIS, D.E., V.A. ALBERT, J. LEEBENS-MACK, C.D. BELL, A.H. PATERSON, C. ZHENG, D. SANKOFF, C.W. DE PAMPHILIS, P.K. WALL & P.S. SOLTIS. 2009. Polyploidy and angiosperm diversification. *Amer.J.Bot.* 96: 336-348.
- SOSA, P. 2001. Genes, poblaciones y especies. In: *Naturaleza de las islas Canarias. Ecología y Conservación*. Fernández-Palacios J. M. & J. L. Martín Esquivel (Eds). Turquesa ediciones. España. 151-155.
- SOSA, P.A. & S.M. LINDSTROM. 1999. Isozymes in macroalgae (seaweeds): genetic differentiation, genetic variability and applications in systematics. *Eur. J. Phycol.* 34: 427-442.
- SOSA, P. A., F. BATISTA, M. A. GONZÁLEZ PÉREZ & N. BOUZA, 2002. La conservación genética de las especies vegetales amenazadas. In: *Biología de la conservación de plantas amenazadas*. 1ª ed., A. Bañares Baudet (ed), Organismo Autónomo Parques Nacionales. Madrid: 135-160.
- SOTO MEDINA, M. E., J. CAUJAPÉ-CASTELLS, A. ROCA SALINA & D. BRAMWELL, 2007. La variabilidad genética de dos especies de *Crambe* amenazadas en Canarias: implicaciones para su conservación. *III Congreso De Biología De La Conservación De Plantas (Libro De Resúmenes)*: 68-69.
- STÄHLBERG, D., and M. HEDRÉN. 2008. Systematics and phylogeography of the *Dactylorhiza maculata* complex (Orchidaceae) in Scandinavia: insights from cytological, morphological and molecular data . *Pl. Syst.Evol.* 273: 107-32.



- STANTON, M. L. 1984. Developmental and genetic sources of seed weight variation in *Raphanus raphanistrum* L. (Brassicaceae). *Amer.J.Bot.* 71: 1090-1098.
- STANTON, M. L. 1987a. Reproductive biology of petal color variants in wild populations of *Raphanus sativus*: I. Pollinator response to color morphs. *Amer.J.Bot.* 74: 178-87.
- STANTON, M. L. 1987b. Reproductive biology of petal color variants in wild populations of *Raphanus sativus*: II. Factors limiting seed production. *Amer.J.Bot.* 74: 188-96.
- STATSOFT, INC. (1996). STATISTICA for Windows 5.1. (Computer program manual).
- STEARNS, W. T. 1972. *Kunkeliella*, a new genus of Santalaceae in the Canary Islands. *Cuad.Bot. Canaria* 16: 11-26.
- STEBBINS, G. L. 1971. *Chromosomal Evolution in Higher Plants*. London. Edward Arnold (Publishers). 216 pp.
- STEINMANN, V.W. & J.M. PORTER. 2002. Phylogenetic relationships in Euphorbieae (Euphorbiaceae) based on ITS and *ndhF* sequence data. *Ann.Missouri.Bot.Gard.* 89: 453-490.
- STEVENS, P. F. 2000. Botanical systematics 1950-2000: change, progress, or both? *Taxon* 49: 635-59.
- STEVENS, P.F. 2001. Angiosperm Phylogeny Website. Version 7, May 2006 [and more or less continuously updated since]. <http://www.mobot.org/MOBOT/research/APweb/>.
- STORK, A.L. & J. WÜEST. 1980. *Morettia* DC. (Cruciferae): a morphological and taxonomically study. *Bol. Soc. Brot. Sér.2*, 53: 241-273.
- STUESSY, T. F. 2001. New frontiers in plant systematics. *Taxon* 50: 661-662.
- STUESSY, T. F. 2003. Morphological data in plant systematics. In *Deep Morphology. Towards a renaissance of morphology in plant systematics*. T. F. Stuessy, V. Mayer & E. Hörandl (eds), Ruggell, Liechtenstein: A.R.G. Gantner Verlag K.G. pp: 299-315
- STUESSY, T.F. & D.J. CRAWFORD. 1998. Chromosomal stasis during speciation in angiosperms of oceanic islands. in *Evolution and Speciation of Island Plants*. Stuessy T. F. & M.Ono (eds)., Cambridge. 307-324.
- STUESSY, T. F., E. HÖRANDL, and V. MAYER. 2000. New and renewed sources of comparative data from plants. *Taxon* 49: 400.
- STUESSY, T. F. HÖRANDL E. & MAYER V. eds. 2001. *Plant Systematics. A half-century of progress (1950-2000) and future challenges*. Vienna, Austria: International Association for plant Taxonomy.
- STUESSY, T. F., D. J. CRAWFORD, C. MARTICORENA & R. RODRIGUEZ. 1998. Island biogeography of angiosperms of the Juan Fernandez archipelago. in *Evolution and Speciation of Island Plants*. Stuessy, T.F. & M. Ono (eds.), Cambridge: 121-138.
- STUESSY, T. F., G. JAKUBOWSKY, R. SALGUERO GÓMEZ, M. FOSSESSER, P. M. SCHLÜTER, T. FER, B.-Y. SUN, & H. KATO. 2006. Anagenetic evolution in island plants. *J. Biogeography* 33: 1259-1265.
- SUÁREZ, C., R. FEBLES, J. PÉREZ DE PAZ, & J. CAUJAPÉ- CASTELLS. 2000. Relaciones entre biodiversidad morfológica y genética y biología reproductiva en especies canarias de *Limonium* Mill. (Plumbaginaceae). *VI Symposium De La Asociación Ibero-Macaronésica De Jardines Botánicos. Valencia*: 43.
- SUÁREZ, C., J. PÉREZ DE PAZ, J. CAUJAPÉ- CASTELLS & R. FEBLES. 2002. Sistemas de cruzamiento y diversidad genética de *Limonium dendroides* Svent. (Plumbaginaceae), un endemismo canario en peligro de extinción. *1º Congreso De Biología De La Conservación De Plantas (Libro De Resúmenes)*: 87.
- SUÁREZ, C., J. PÉREZ DE PAZ, J. CAUJAPÉ- CASTELLS & R. FEBLES. 2009. Genetic diversity and floral dimorphism in *Limonium dendroides* (Plumbaginaceae), a woody Canary species on the way of extinction. *Pl.Syst.Evol.* 280: 105-117.
- SUNDING, P. 1979. Origins of the Macaronesian Flora. In: *Plants and Islands*. D. Bramwell (ed.), Academic Press. London 13-40
- SUSANNA, A., T. GARNATJE & N. GARCÍA-JACAS. 1999. Molecular phylogeny of *Cheirolophus* (Asteraceae: Cardueae-Centaureinae) based on ITS sequences of nuclear ribosomal DNA. *Pl.Syst.Evol.* 214: 147-160.
- SUTHERLAND, S. & L. F. DELPH. 1984. On the importance of male fitness in plants: patterns of fruit-set. *Ecology* 65: 1093-104.
- SVENTENIUS, E.R.S. 1948. Plantas nuevas o poco conocidas de Tenerife. *Bol. 18, Inst.Nac.Invest.Agron.* 96: 1-19.
- SVENTENIUS, E.R.S. 1960. *Additamentum ad floram canariense*. Madrid. *Inst.Nac.Invest. Agron.* 1: 11-12
- SWOFFORD, D.L. & R.B. SELANDER, 1989. BIOSYS-1: A Fortran program for the comprehensive analysis of electrophoretic data in population genetics and systematics. *Journal of Heredity* 72: 281-283.
- SYTSMAN, K. J. & J. C. PIRES. 2001. Plant systematics in the next 50 years- re-mapping the new frontier. *Taxon* 50: 713-32.
- SYTSMAN, K. J. & B. A. SCHAAL. 1985. Genetic variation, differentiation, and evolution in a species complex of tropical shrubs based on isozymic data. *Evolution* 39: 582-593.
- TALAVERA, S., P.E. GIBBS & J. HERRERA. 1993. Reproductive biology of *Cistus ladanifer* (Cistaceae). *Pl.Syst.Evol.* 186: 123-134.
- TAYLOR, D. R., S. TRIMBLE & D.E. McCAULEY. 1999. Ecological genetics of gynodioecy in *Silene vulgaris*: relative fitness of females and hermaphrodites during the colonization process. *Evolution* 53: 745-751.
- THIEDE, D.A. & C.K. AUGSPURGER. 1996. Intraspecific variation in seed dispersion of *Lepidium campestre* (Brassicaceae). *Amer.J.Bot.* 83: 856-866.
- TOMB, A.S. 1999. Pollen morphology and relationships of *Setchellanthus caeruleus* (Setchellanthaceae). *Taxon* 48: 285-288.
- TRAPNELL, D. W. & J. L. HAMRICK, 2006. Floral display and mating patterns within populations of the neotropical epiphytic orchid, *Laelia rubescens* (Orchidaceae). *Amer.J.Bot.* 93: 1018-1028.
- TYLER, T. 2004. Studies in *Melica ciliata*- complex: 1. Distribution of allozyme variation within and among individuals, populations and geographic regions. *Pl.Syst.Evol.* 248: 1-30.
- VALIDO, A., Y.L. DUPONT, & J.M. OLESEN, 2004. Bird-flower interactions in the Macaronesian islands. *J. Biogeography* 31: 1945-1953.
- VAN CAMPO, M., 1967. Pollen et Classification. *Rev. Palaeobotan. Palynol.* 3: 65-71.
- VAN CAMPO, M., 1976. Patterns of pollen morphological variation within taxa. in *The evolutionary significance of the exine*, Ferguson, I.K. & J. Muller (eds.). Linnean Society of London. Academic Press. London: 125-137.
- VAN DER PLUYM, A. & M.J. HIDEUX. 1977. Application d'une méthodologie quantitative à la palynologie d'*Eryngium maritimum* (Umbelliferae). *Pl.Syst.Evol.* 127: 55-85.
- VAN ETTEN, M. L., L. B. PREVOST, A. C. DEEN, B. V. ORTIZ, L. A. DONOVAN, and S.-M. CHANG. 2008. Gender differences in reproductive and physiological traits in a gynodioecious species, *Geranium maculatum* (Geraniaceae). *Int.J.PLant. Sci* 169: 271-79.
- VAN LOON, J.CRH. 1974. A cytological investigation of flowering plants from the Canary Islands. *Acta Bot. Neerl.* 23: 113-124.
- VAN TUNEN, A.J., I.M. VAN DER MEER & J.N.M. MOL. 1994. Cap. 20. Flavonoids and genetic modification of male fertility. In: *Genetic control of self-incompatibility and reproductive development in flowering plants*. Williams, E. G., A. E. Clarke & R. B. Knox (eds.) Kluwer Academic Publishers. Dordrecht: 423-442.
- VARGAS, P. 2007. Are Macaronesian islands refugia of relict plant lineages?: a molecular survey. In *Phylogeography of Southern European Refugia*. S. & N. Ferrand eds. Weiss, 297-314. Springer.
- VAUGHAN, J. G., and J. M. WHITEHOUSE. 1971. Seed structure and the taxonomy of the Cruciferae. *Botanical Journal of the Linnean Society* 64: 383-409.
- VAUGHAN, J.G., J.R. PHELAN & K.E. DENFORD. 1976. Seed studies in the Cruciferae. In *The Biology and Chemistry of the Cruciferae*. (eds) J. G. Macleod A. J. & B. M. G. Jones eds. Vaughan, 119-144. Londres: Academic Press.
- VEKEMANS, X., M.H. SCHIERUP & F.B. CHRISTIANSEN. 1998. Mate availability and fecundity selection in multi-allelic self-incompatibility systems in plants. *Evolution* 52: 19-29.
- VEGA, R.D. 1992. *La Meteorología en las Islas Canarias*. Santa Cruz de Tenerife. 81 pp
- VESPRINI, J.L., & E. PACINI. 2005. Temperature-dependent floral longevity in two *Helleborus* species. *Pl.Syst.Evol.* 252: 63-70.
- VILCHES NAVARRETE, B., A. ROCA SALINAS, J. NARANJO SUÁREZ, B. NAVARRO, D. BRAMWELL & J. CAUJAPÉ-CASTELLS. 2002. La variación genética de *Erysimum L.* en Gran Canaria. *I Congreso De Biología De La Conservación De Plantas. Valencia*.
- VILCHES NAVARRETE, B., A. ROCA SALINAS, J. NARANJO, B. NAVARRO, D. BRAMWELL & J. CAUJAPÉ-CASTELLS. 2004. Estructura espacial de la variación genética de *Erysimum albescens* (Cruciferae) en Gran Canaria: implicaciones para la conservación *ex situ* en bancos de

## Bibliografía

- germoplasma. *Bot. Macaronésica* 25: 15-30.
- VILJOEN, A.M., B.E. VAN WYK, H. VAN der BANK, G. F. SMITH, and M. VAN der BANK. 1996. A chemotaxonomic and biochemical evaluation of the identity of *Aloe candelabrum* (Aloaceae). *Taxon* 45: 461-471.
- VIZMANOS, J.R. & R. ASENSIO. 1976. *Curso y ejercicios de bioestadística*. Madrid: Centro de promoción reprográfica. 332 pp.
- VOGEL, S. 1996. Cristian Konrad Sprengel's Theory of the Flower. The cradle of floral ecology. In *Floral Biology. Studies on Floral Evolution in Animal-Pollinated Plant*. Lloyd, D. G. & S. C. H. Barrett (eds), Chapman & Hall. USA. 44-62.
- VON GAISBERG, M. & G. WAGENITZ. 2002. *Carduus baeocephalus* subsp. *microstigma* Gaisberg & Wagenitz, a new subspecies from the Canary Islands (Cardueae, Carduinae) - a facultative autogamous descendant of *Carduus baeocephalus* Webb subsp. *baeocephalus*. *Candollea* 57: 271-282.
- VON KÄMMER, F. 1972. Ergänzungen zu O.Eriksson: Check-List of Vascular Plants of the Canary Islands (1971). *Cuad. Bot. Canaria* XVI: 47-49.
- VOGGENREITER, V. 1974. Investigaciones Geobotánicas en la Vegetación de La Palma como Fundamento para la protección de la Vegetación Natural. *Monog. Biol. Canarienses* 5: 1-57.
- VVAA. 2000. Lista Roja de Flora Vasculosa Española (valoración según categorías UICN). *Conservación Vegetal* 6 (extra): 11-38.
- WALKER, J.W. & J. DOYLE. 1975. The bases of angiosperm phylogeny: Palynology. *Ann. Missouri Bot. Gard.* 62: 664-723
- WALTER, K.S. & GILLLETT H. J. (eds.). 1998. 1997 IUCN Red List of Threatened Plants. Compiled by the World Conservation Monitoring Centre. IUCN- The World Conservation Union, Gland, Switzerland and Cambridge, UK. 862 pp.
- WARTENBERG, D., 1989. SAAP vs. 4.3. Spatial autocorrelation Analysis Program. Distributed by the author.
- WARWICK, S.I. & I.A. AL-SHEHBAZ. 2006. Brassicaceae: Chromosome number index and database on CD-Rom. *Pl. Syst. Evol.* 259: 237-248.
- WARWICK, S.I., A. FRANCIS & I.A. AL-SHEHBAZ. 2006. Brassicaceae: Species checklist and database on CD-Rom. *Pl. Syst. Evol.* 259: 249-258.
- WARWICK, S.I., C.A. SAUNDERS, I.A. AL-SHEHBAZ & F. JACQUEMOUD. 2007. Phylogenetic relationships in the Tribes Anchonieae, Chorisporeae, Euclidieae, and Hesperideae (Brassicaceae) based on nuclear ribosomal ITS DNA sequences. *Ann. Missouri Bot. Gard.* 94: 56-78.
- WASER, N.M. & M.V. PRICE. 1991. Outcrossing distance effects in *Delphinium nelsonii*: pollen loads, pollen tubes, and seed set. *Ecology* 72: 171-179.
- WASER, N.M., & M.V. PRICE. 1994. Crossing-distance effects in *Delphinium nelsonii*: outbreeding and inbreeding depression in progenie fitness. *Evolution* 48: 842-852.
- WASER, N.M., R.G. SHAW & M.V. PRICE. 1995. Seed set and seed mass in *Ipomopsis aggregata*: variance partitioning and inferences about postpollination selection. *Evolution* 49: 80-88.
- WASER, N.M., L. CHITTKA, M.V. PRICE, N.M. WILLIAMS & J. OLLERTON. 1996. Generalization in pollination systems, and why it matters. *Ecology* 77: 1043-1060.
- WATSON, L. & M.J. DALLWITZ. 1992. The families of flowering plants: descriptions, illustrations, identification, and information retrieval. version 9 th September 2008. <http://delta-intkey.com>.
- WEBB, C.J. 1984. Constraints on the evolution of plant breeding systems and their relevance to systematics. In: *Plant Biosystematics. W. F. Grant (Ed.)*: 249-270.
- WEBB, C.J. 1994. Pollination, self-incompatibility, and fruit production in *Corokia cotoneaster* (Escalloniaceae). *New Zeal. J. Bot.* 32: 385-392.
- WEBB, C.J., & D. G. LLOYD. 1986. The avoidance of interference between the presentation of pollen and stigmas in angiosperms II. Herkogamy. *New Zeal. J. Bot.* 24: 163-178.
- WEBB, C.J., D.G. LLOYD & L.F. DELPH. 1999. Gender dimorphism in indigenous New Zealand seed plants. *New Zeal. J. Bot.* 37: 119-130.
- WEBB, P.B. 1840. *Parolinia* Gen. nov. *Parolinia ornata* sp. nov. *Annls. Sci. Nat.* 2: 133-134.
- WEBER, A. 2003. What is morphology and why is it time for its renaissance in plant systematics? In: *Deep Morphology. Towards a renaissance of morphology in plant systematics*. T.F. Stuessy, V. Mayer & E. Hörandl (eds), A.R.G. Gantner Verlag K.G Ruggell, Liechtenstein: 3-32.
- WEIR, B.S., 1990. Genetic data analysis: methods for discrete population genetic data. Sinauer, Sunderland, MA.
- WEISS, M.R. 1995. Floral color change: a widespread functional convergence. *Amer. J. Bot.* 82: 167-85.
- WEISS, M.R. & B.B. LAMONT. 1997. Floral color change and insect pollination: a dynamic relationship. *Isr. J. Pl. Sci.* 45: 185-199.
- WELLER, S.G., A.K. SAKAI & C. STRAUB. 1996. Allozyme diversity and genetic identity in *Schieda* and *Alsindendron* (Caryophyllaceae: Alsinoideae) in the Hawaiian islands. *Evolution* 50: 23-34.
- WENDEL, J.F. & N. F. WEEDEN. 1989. Visualization and interpretation of plant isozymes. in *Isozymes in Plant Biology*. 1ª ed., SOLTIS D.E. & P.S. SOLTIS (eds), Dioscorides Press. Hong Kong: 5-45.
- WENDEL, J.F., R. ROWLEY & J. McD. STEWART. 1994. Genetic diversity in and phylogenetic relationships of the Brazilian endemic cotton, *Gossypium mustelinum* (Malvaceae). *Pl. Syst. Evol.* 192: 49-59.
- WERTH, C.R., W.K HILU, C.A. LANGNER & W.V. BAIRD. 1993. Duplicate gene expression for isocitrate dehydrogenase and 6-phosphogluconate dehydrogenase in diploid species of *Eleusine* (Gramineae). *Amer. J. Bot.* 80 : 705-710.
- WESTERBERGH, A. & A. SAURA. 1994. Genetic differentiation in endemic *Silene* (Caryophyllaceae) on the Hawaiian Islands. *Amer. J. Bot.* 81: 1487-1493.
- WHITLOCK, M.C. & D.E. MCCAULEY. 1999. Indirect measures of flow and migration:  $F_{ST} \neq 1 / (4 N_m + 1)$ . *Heredity* 82: 117-25.
- WIENS, D. 1984. Ovule survivorship, brood size, life history, breeding systems, and reproductive success in plants. *Oecologia* 64: 47-53. SOLO ABSTRACT
- WIENS, D., L. ALLPHIN, D.H. MANSFIELD & G. THACKRAY. 2002. Developmental failure and loss of reproductive capacity as a factor in extinction: a nine-year study of *Dedeckera eurekensis* (Polygonaceae). *Aliso* 21: 55-63.
- WIENS, D., C.L. CALVIN, C.A. WILSON, C.I. DAVERN, D. FRANK & S.R. SEAVEY. 1987. Reproductive success, spontaneous embryo abortion, and genetic load in flowering plants. *Oecologia* 71: 501-509.
- WILLIAMSON, M. 1981. Islands populations. Oxford University Press. Hong Kong.
- WILLIAMSON, P.S., & C.R. WERTH. 1999. Levels and patterns of genetic variation in the endangered species *Abronia macrocarpa* (Nyctaginaceae). *Amer. J. Bot.* 86: 293-301.
- WILLIS, J.C., 1970. *Age and Area*. Eds. Asher & Clotld. Vaals. Amsterdam (Reed. Cambridge, 1922).
- WILLIS, J. H. 1999. The role of genes of large effect on inbreeding depression in *Mimulus guttatus*. *Evolution* 53: 1678-1691.
- WITTER M.S. & G.D. CARR. 1988. Adaptive radiation and genetic differentiation in the Hawaiian silversword alliance (Compositae-Madiinae). *Evolution* 42: 1278-1287.
- WODEHOUSE, R.P. 1935. *Pollen Grains. Their structure, identification and significance in science and Medicine*. MC Graw-Hill Book Company. First edition. Third impression. New York. 574 pp.
- WRIGHT, S. 1931. Evolution in mendelian populations. *Genetics* 130: 639-647.
- WRIGHT, S. 1951. The genetical structure of populations. *Ann. Eugen.* 15: 323-354.
- WRIGHT, S.I., R.W. NESS, J.P. FOXE & S.C.H. BARRETT. 2008. Genomic consequences of outcrossing and selfing in plants. *Int. J. Plant. Sci* 169: 105-118.
- WRIGHT, S.J., & O. CALDERON. 1995. Phylogenetic patterns among tropical flowering phenologies. *J. Ecology* 83: 937-948.
- WYATT, R. 1982. Inflorescence architecture: how flower number, arrangement and phenology affect pollination and fruit-set. *Amer. J. Bot.* 69: 585-594.
- YAMASHIRO, T. & M. MAKI. 2005. A comparative study of the reproductive character and genetic diversity of an autogamous *Tylophora matsumurae* and its progenitor *Tylophora tanakae* (Apocynaceae-Asclepiadoideae). *Pl. Syst. Evol.* 256: 55-67.
- YEH, F. C., YANG, R.-C., BOYLE, T.B.J., YE, Z.-H. & MAO, J.X. 1997. Poppene, the user-friendly shareware for population genetic analysis. Molecular Biology and Biotechnology Centre, University of Alberta, Canada. YEO, P. F. 1993. Secondary Pollen Presentation. Form, Function and Evolution. *Pl. Syst. Evol. Supplementum* 6: 268 p
- ZAPATA, T.R. & M.T.K. ARROYO. 1978. Plant reproductive ecology of a secondary deciduous tropical forest in Venezuela. *Biotropica* 10 : 221-230.



| Species    | Genotype                   |
|------------|----------------------------|
| Species 1  | aa bb cc dd ee ff gg hh ii |
| Species 2  | aa BB cc dd ee ff gg hh ii |
| Species 3  | AA bb cc dd ee ff gg hh ii |
| Species 4  | aa BB CC dd ee ff gg hh ii |
| Species 5  | AA BB cc dd ee ff gg hh ii |
| Species 6  | AA BB CC DD ee ff gg hh ii |
| Species 7  | AA BB CC DD Ee ff gg hh ii |
| Species 8  | AA BB CC DD EE ff gg hh ii |
| Species 9  | AA BB CC DD EE Ff gg hh ii |
| Species 10 | AA BB CC DD EE FF gg hh ii |
| Species 11 | AA BB CC DD EE FF Gg hh ii |
| Species 12 | AA BB CC DD EE FF GG hh ii |
| Species 13 | AA BB CC DD EE FF GG Hh ii |
| Species 14 | AA BB CC DD EE FF GG HH ii |
| Species 15 | AA BB CC DD EE FF GG HH Ii |
| Species 16 | AA BB CC DD EE FF GG HH II |