

Informe sobre conectividad y diversidad de las praderas de angiospermas marinas en el sur de la península ibérica

Autores:

Ricardo Bermejo Lacida

África Núñez García de la Morena



Cofinanciado por
la Unión Europea



MINISTERIO
DE AGRICULTURA, PESCA
Y ALIMENTACIÓN



Fondos Europeos



VICEPRESIDENCIA
TERCERA DEL GOBIERNO
GOBIERNO
DE ESPAÑA
MINISTERIO
PARA LA TRANSICIÓN ECOLÓGICA
Y EL RETO DEMOGRÁFICO



Fundación Biodiversidad



Pleamar



UNIVERSIDAD DE MÁLAGA

Resumen

El Mar de Alborán representa una zona de transición biogeográfica crítica entre el Atlántico y el Mediterráneo. Este informe analiza la conectividad genética de la fanerógama marina *Cymodocea nodosa* en esta región, basándose en marcadores de microsatélites. Los resultados revelan una zona de contacto secundario al oeste del Frente de Almería-Orán (AOF), con una mezcla de alelos de origen atlántico y mediterráneo. A pesar de la elevada clonalidad en el límite norte atlántico, las poblaciones de la costa norte del Mar de Alborán (sector español) mantienen niveles significativos de diversidad. El Frente de Almería-Orán actúa como una barrera unidireccional, permitiendo el flujo génico desde el Mediterráneo hacia el Atlántico pero limitando el sentido inverso. Este complejo patrón de conectividad justifica acciones urgentes para preservar la singularidad genética de la región.

Introducción

Las praderas de fanerógamas marinas constituyen uno de los ecosistemas más valiosos del medio costero. Como especies formadoras de hábitat, sustentan una elevada biodiversidad, estabilizan los sedimentos, atenúan la energía del oleaje, mejoran la calidad del agua mediante la retención de nutrientes y carbono, y proporcionan áreas de refugio, alimentación y cría para numerosas especies de interés ecológico y pesquero. Sin embargo, durante las últimas décadas estos ecosistemas han experimentado una regresión generalizada como consecuencia de la degradación del litoral, el cambio climático y el aumento de las presiones de origen antrópico.

La restauración ecológica se ha convertido en una herramienta clave para revertir esta pérdida, pero su éxito depende de la correcta selección tanto de las áreas prioritarias de actuación como de las poblaciones donadoras del material vegetal. Para ello resulta imprescindible conocer la diversidad genética de las poblaciones, el grado de conectividad existente entre ellas y la existencia de barreras ambientales que limiten el flujo génico. La incorporación de esta información permite maximizar el potencial



Cofinanciado por
la Unión Europea



MINISTERIO
DE AGRICULTURA, PESCA
Y ALIMENTACIÓN



Fondos Europeos



VICEPRESIDENCIA
TERCERA DEL GOBIERNO
GOBIERNO DE ESPAÑA
MINISTERIO
PARA LA TRANSICIÓN ECOLÓGICA
Y EL RETO DEMOGRÁFICO



Fundación Biodiversidad



Pleamar



UNIVERSIDAD DE MÁLAGA

adaptativo de las poblaciones restauradas y aumentar la probabilidad de éxito a largo plazo.

El Estrecho de Gibraltar y el mar de Alborán constituyen una de las transiciones biogeográficas más importantes y mejor documentadas del medio marino europeo. La apertura del estrecho tras la crisis de salinidad del Mesiniense, junto con las fluctuaciones climáticas del Pleistoceno, han configurado un escenario evolutivo singular donde confluyen linajes atlánticos y mediterráneos. En la actualidad, la circulación superficial de aguas atlánticas hacia el Mediterráneo y la presencia del Frente Almería-Orán mantienen una discontinuidad oceanográfica que limita el intercambio biológico entre ambas cuencas y condiciona la conectividad de numerosas especies marinas.

Cymodocea nodosa constituye un modelo especialmente adecuado para estudiar estos procesos. Esta fanerógama marina presenta una amplia distribución entre el Atlántico nororiental y el Mediterráneo, pero posee una capacidad de dispersión limitada, ya que sus frutos permanecen asociados a la planta madre y la dispersión a larga distancia depende fundamentalmente del transporte ocasional de fragmentos de rizoma durante temporales. Como consecuencia, la estructura genética de sus poblaciones conserva la huella tanto de procesos históricos como de las barreras oceanográficas actuales.

Aunque diversos estudios han descrito la diferenciación genética entre poblaciones de *C. nodosa*, todavía se desconoce qué poblaciones desempeñan un papel esencial en el mantenimiento de la conectividad regional y cuáles concentran una mayor proporción de diversidad genética única. Las medidas tradicionales de diferenciación genética permiten describir el grado de aislamiento entre poblaciones, pero no identifican aquellas cuya desaparición tendría un mayor impacto sobre la integridad de la red genética. La aplicación de herramientas de teoría de redes ofrece un enfoque complementario para identificar poblaciones puente, evaluar su importancia funcional y establecer prioridades de conservación más allá de la diversidad genética local.

En este contexto, el presente proyecto analiza la estructura genética de poblaciones de *Cymodocea nodosa* distribuidas entre el sur de Portugal y el Mediterráneo occidental mediante marcadores microsatélite. A partir de esta información se evalúan la riqueza



Cofinanciado por
la Unión Europea



MINISTERIO
DE AGRICULTURA, PESCA
Y ALIMENTACIÓN



Fondos Europeos



alélica, la presencia de alelos exclusivos, los patrones de diferenciación genética y el papel funcional de cada población dentro de la red de conectividad genética. El objetivo final es identificar aquellas poblaciones cuya conservación resulta prioritaria para mantener la conectividad genética del mar de Alborán y proporcionar criterios científicos que orienten futuras actuaciones de restauración ecológica en la región.

Metodología

Se muestrearon diez poblaciones de *Cymodocea nodosa* distribuidas entre el sur de Portugal y el Mediterráneo occidental español, abarcando el gradiente biogeográfico comprendido entre Ria Formosa y Denia (Figura 1). En cada localidad se recolectaron aproximadamente 40 ramets mediante buceo autónomo, manteniendo una separación suficiente entre muestras para minimizar la probabilidad de muestrear repetidamente un mismo clon. Las muestras se obtuvieron en superficies aproximadas de 800 m² y se conservaron para su posterior análisis genético.

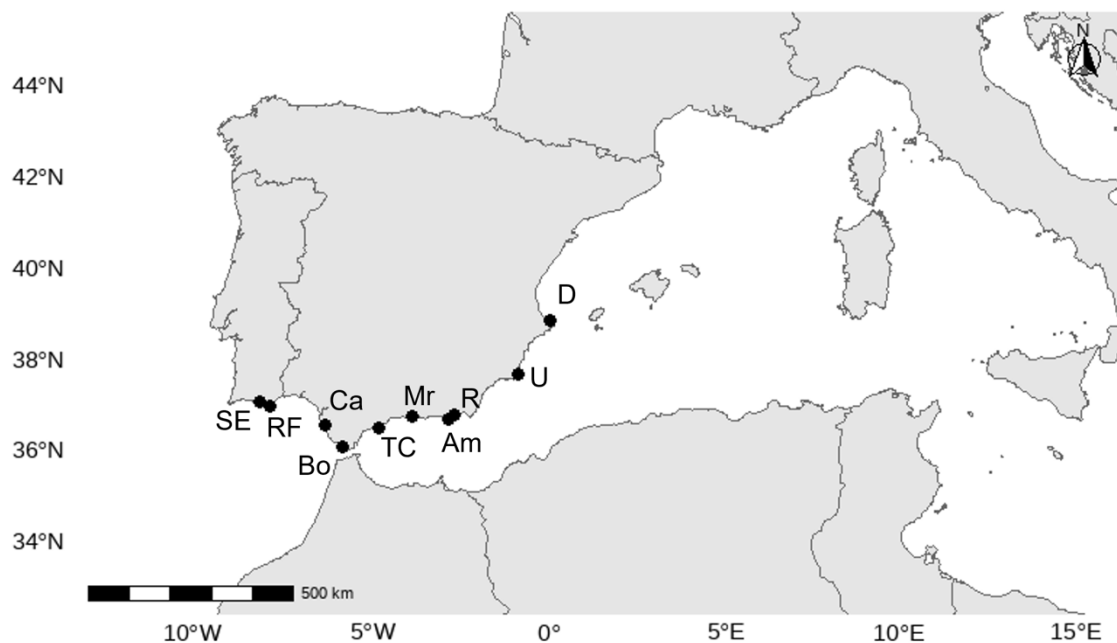


Figura 1. Localizaciones muestreadas de poblaciones de *Cymodocea nodosa*. Los nombres completos de cada población se indican en la Tabla 1.



Cofinanciado por
la Unión Europea



MINISTERIO
DE AGRICULTURA, PESCA
Y ALIMENTACIÓN



Fondos Europeos



El ADN genómico se extrajo a partir de tejido foliar utilizando el kit DNeasy Plant (Qiagen), siguiendo las recomendaciones del fabricante. Los individuos fueron genotipados mediante ocho loci de microsatélites específicos para *Cymodocea nodosa* (Cn2-14, Cn2-16, Cn2-18, Cn2-24, Cn2-38, Cn2-45, Cn4-19 y Cn4-29), previamente desarrollados para la especie (Alberto et al., 2003). Los productos de PCR se separaron mediante electroforesis capilar y el tamaño de los alelos se determinó utilizando un secuenciador automático.

Dado el crecimiento clonal de la especie, los genotipos multilocus (MLG) se utilizaron para identificar individuos genéticamente únicos (genets) y distinguirlos de los diferentes ramets pertenecientes a un mismo clon. La probabilidad de que dos individuos compartieran un mismo MLG por reproducción sexual (P_{sex}) se estimó mediante el programa GenClone, permitiendo eliminar de los análisis posteriores las réplicas clonales.

Tras eliminar los clones repetidos, se calcularon diferentes métricas de diversidad genética para cada población. La riqueza genotípica (R) se estimó como: $R = (G - 1) / (N - 1)$, donde G representa el número de genets y N el número total de ramets muestreados.

Asimismo, se calcularon la heterocigosidad esperada (H_e), la heterocigosidad observada (H_o) y el coeficiente de endogamia (F_{IS}). Para permitir comparaciones entre poblaciones con diferente número de genets, la riqueza alélica se estandarizó mediante rarefacción a un tamaño muestral de diez genets ($\hat{A} = G_{10}$), siguiendo el procedimiento descrito por Leberg (2002). Además, se cuantificó el número de alelos exclusivos presentes en cada población como indicador de diversidad genética única.

La diferenciación genética entre poblaciones se estimó mediante el índice F_{ST} de Weir y Cockerham. La significación estadística de la diferenciación se evaluó mediante pruebas exactas de Fisher implementadas en GENEPOP.

Las relaciones genéticas entre poblaciones se representaron mediante un árbol Neighbor-Joining construido a partir de las distancias de Cavalli-Sforza calculadas a partir de las frecuencias alélicas, evaluando la robustez de los nodos mediante 1000 réplicas bootstrap.



Cofinanciado por
la Unión Europea



MINISTERIO
DE AGRICULTURA, PESCA
Y ALIMENTACIÓN



Fondos Europeos



VICEPRESIDENCIA
TERCERA DEL GOBIERNO
GOBIERNO DE ESPAÑA
MINISTERIO
PARA LA TRANSICIÓN ECOLÓGICA
Y EL RETO DEMOGRÁFICO



Fundación Biodiversidad



Pleamar



UNIVERSIDAD DE MÁLAGA

Con el objetivo de evaluar la influencia de la transición Atlántico-Mediterráneo sobre la estructura genética, las poblaciones se agruparon en dos regiones biogeográficas previamente descritas para la especie (Atlántico y Mediterráneo occidental) y se realizó un análisis jerárquico de estadísticos F utilizando el paquete *hierfstat* de R.

Para evaluar el papel funcional de cada población en el mantenimiento de la conectividad genética regional, la matriz de diferenciación genética (F_{ST}) se transformó en una red ponderada, donde cada nodo representa una población y las conexiones entre nodos están definidas por su distancia genética.

Con el fin de obtener la estructura mínima necesaria para mantener la conectividad entre todas las poblaciones, se construyó un árbol de expansión mínima (Minimum Spanning Tree, MST) mediante el algoritmo de Prim implementado en el paquete *igraph* de R.

Sobre esta red se calcularon métricas de centralidad para cada población, incluyendo la centralidad de intermediación (*betweenness*) y la centralidad de cercanía (*closeness*). La primera cuantifica la proporción de rutas genéticas más cortas que atraviesan cada población, identificando poblaciones puente cuya desaparición produciría una mayor fragmentación de la red. La segunda mide la proximidad genética media de cada población al resto de la red, permitiendo identificar aquellas que ocupan posiciones centrales dentro del sistema de conectividad.

Este enfoque permite complementar las métricas clásicas de diferenciación genética mediante la identificación de poblaciones cuya importancia funcional para mantener la conectividad regional es superior a la que cabría esperar únicamente a partir de sus niveles de diversidad genética.

Resultados

Se genotiparon un total de 514 individuos de *Cymodocea nodosa* procedentes de diez localidades distribuidas entre el sur de Portugal y el Mediterráneo occidental utilizando ocho loci de microsatélites. Tras la eliminación de las réplicas clonales, se identificaron

114 genotipos multilocus (genets), que constituyeron la base de los análisis posteriores de diversidad y estructura genética (Tabla 1).

La riqueza genotípica mostró una marcada variabilidad entre poblaciones (Tabla 1). Las poblaciones de Roquetas (R), Cádiz (Ca), Urrutias (U) y Denia (D) presentaron los valores más elevados de genets, mientras que Maro (Mr), Calahonda (TC), Ria Formosa (RF), Santa Eulalia (SE) y Bolonia (Bo) estuvieron dominadas por uno o muy pocos genotipos clonales.

Tras estandarizar el tamaño muestral a diez genets mediante rarefacción, la riqueza alélica también mostró diferencias notables entre localidades (Figura 2A). La mayor riqueza alélica se registró en Roquetas ($\hat{A} = 3,78$), seguida de Denia ($\hat{A} = 3,46$), Cádiz ($\hat{A} = 3,44$), Urrutias ($\hat{A} = 3,22$) y Almerimar ($\hat{A} = 3,12$). En contraste, Maro presentó el menor valor de riqueza alélica ($\hat{A} = 1,62$), reflejando su reducida diversidad genética.

Sitio	Código	Grupo	n	G	R	$\hat{A}$	He	Ho	f
Ria Formosa	RF	Atl	220	5	0.03	2.50	0.425	0.475	-0.134
Santa Eulalia	SE	Atl	30	3	0.07	2.38	0.550	0.542	0.019
Cádiz	Ca	Atl	40	24	0.59	3.44	0.579	0.672	-0.164***
Bolonia	Bo	Atl	28	3	0.07	2.50	0.567	0.750	-0.440
Calahonda	TC	Atl	35	2	0.03	2.00	0.583	0.625	-0.111
Maro	Mr	Med	30	1	0	1.62	0.625	0.625	-
Almerimar	Am	Med	39	9	0.21	3.12	0.450	0.472	-0.052
Roquetas	R	Med	30	26	0.86	3.78	0.561	0.520	0.075
Urrutias	U	Med	30	24	0.79	3.22	0.578	0.573	0.003**
Denia	D	Med	32	17	0.52	3.46	0.576	0.493	0.148

Tabla 1. Grupo, grupo geográfico de la muestra (Atl: atlántico; Med: mediterráneo); n, número de ramets analizados; G, número de genotipos diferentes; R, riqueza genotípica; $\hat{A}$, riqueza alélica ($\pm$ SE) estimada tras normalizar G a 10, salvo cuando G < 10; He, Ho, heterocigosidades esperada y observada, respectivamente; f, coeficiente de endogamia. Se indican los valores significativos de f (*P < 0,05, **P < 0,01, ***P < 0,001).

El análisis de la distribución de alelos exclusivos mostró que la diversidad genética única se concentra principalmente en las poblaciones mediterráneas (Figura 2B). Almerimar y Roquetas acumularon el mayor número de variantes exclusivas (6 y 4 respectivamente), lo que indica que estas poblaciones representan reservorios importantes de diversidad genética regional. Por el contrario, las poblaciones atlánticas y algunas localidades del mar de Alborán carecieron de alelos privados, lo que sugiere una menor contribución de variantes genéticas exclusivas al conjunto de la metapoblación. Este patrón indica que la riqueza alélica y la singularidad genética no son necesariamente coincidentes, ya que poblaciones con niveles similares de diversidad pueden diferir considerablemente en la cantidad de variación genética exclusiva que albergan.

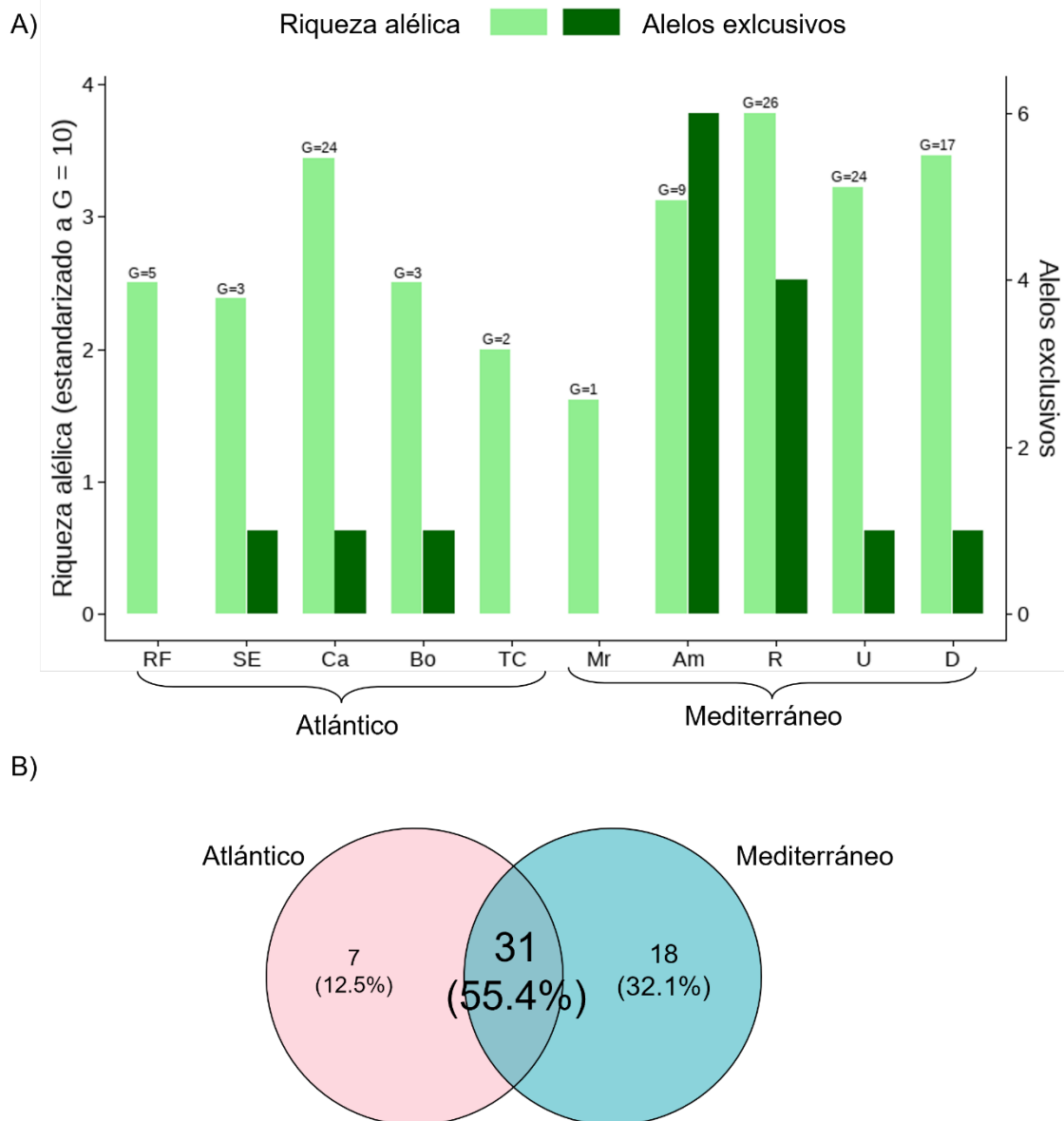


Figura 2. (A) Riqueza alélica (verde claro) y número de alelos exclusivos de cada población (verde oscuro). El número de genotipos de cada población se indica con la letra G sobre cada barra. **(B)** Diagrama de Venn basado en el número de alelos exclusivos de cada grupo genético identificado.

Las poblaciones de Maro y Roquetas son las que presentaron una distancia genética más baja, así como un mayor grado de similitud (Figura 3), mientras que las poblaciones del sur de Portugal (RF, SE) son las que presentan una mayor diferenciación genética con el resto de poblaciones (Figura 3).

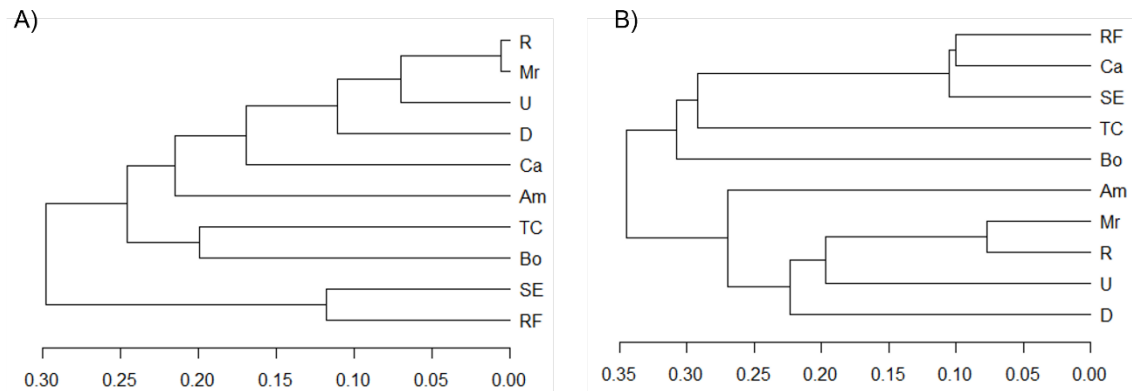


Figura 3. Agrupación jerárquica basada en (A) las distancias genéticas F_{ST} y (B) matriz de disimilitud de Simpson. Los códigos están indicados en la Tabla 1.

Las comparaciones pareadas de diferenciación genética (F_{ST}) mostraron una clara estructuración espacial entre las poblaciones estudiadas (Figura 3A). En general, las poblaciones del sur de Portugal (Ria Formosa y Santa Eulalia) presentaron los mayores niveles de diferenciación genética respecto al resto de localidades, indicando un elevado grado de aislamiento respecto a las poblaciones mediterráneas. Por el contrario, las poblaciones situadas en el mar de Alborán y el Mediterráneo occidental mostraron menores niveles de diferenciación entre sí, destacando la elevada similitud genética entre Maro y Roquetas.

El análisis de agrupamiento basado en disimilitud de composición (índice de Simpson) confirmó este patrón (Figura 3B), diferenciando claramente un grupo atlántico y otro mediterráneo, en concordancia con la influencia de la transición biogeográfica Atlántico-Mediterráneo descrita previamente para la especie.

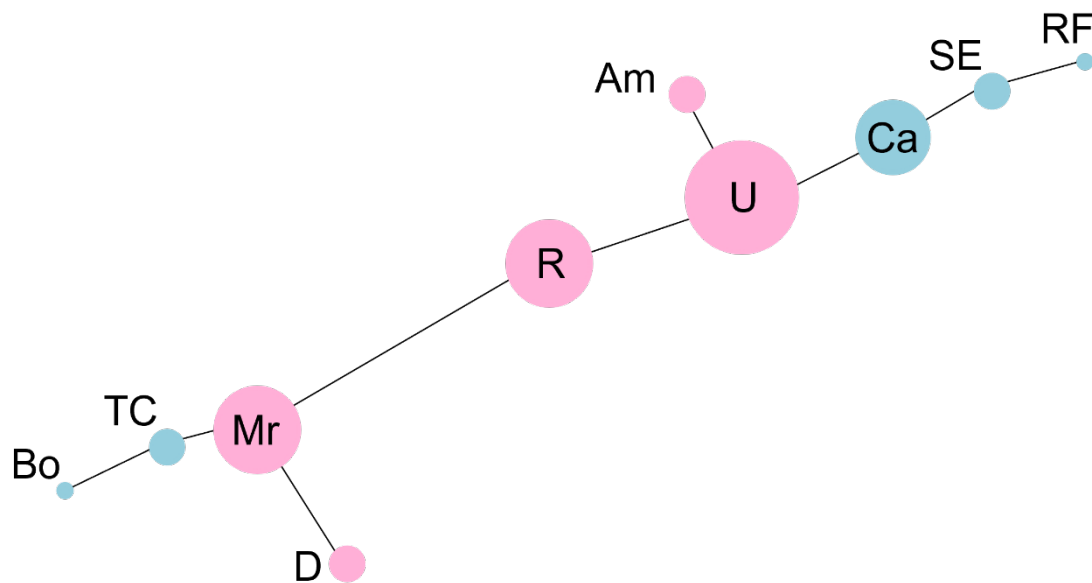


Figura 4. Centralidad de intermediación entre las diferentes poblaciones muestreadas de *Cymodocea nodosa*. Los colores se corresponden con el grupo atlántico (azul) y mediterráneo (rosa).

La representación de las relaciones genéticas mediante un árbol de expansión mínima (Minimum Spanning Tree) permitió identificar las poblaciones que desempeñan un papel estructural en el mantenimiento de la conectividad genética regional (Figura 4).

La centralidad de intermediación (*betweenness*) fue máxima en Urrutias, seguida por Almerimar y Maro. Estas tres poblaciones concentran una elevada proporción de las rutas genéticas más cortas que conectan el conjunto de la red, lo que indica que funcionan como poblaciones puente entre diferentes sectores de la distribución de *C. nodosa*. En contraste, Ria Formosa, Bolonia, Roquetas y Denia presentaron valores de intermediación muy reducidos o nulos, reflejando una posición periférica dentro de la red genética a pesar de que algunas de ellas presentan elevados niveles de diversidad genética.

La comparación entre diversidad genética y centralidad de la red revela un desacoplamiento entre ambos procesos. Mientras que Maro presenta la menor riqueza alélica y carece de alelos exclusivos, constituye una de las poblaciones con mayor importancia para mantener la conectividad genética regional. Por el contrario, Roquetas alberga una elevada diversidad genética y numerosos alelos exclusivos, pero ocupa una posición periférica dentro de la red de conectividad.



Cofinanciado por
la Unión Europea



MINISTERIO
DE AGRICULTURA, PESCA
Y ALIMENTACIÓN



Fondos Europeos



VICEPRESIDENCIA
TERCERA DEL GOBIERNO
GOBIERNO DE ESPAÑA
MINISTERIO
PARA LA TRANSICIÓN ECOLÓGICA
Y EL RETO DEMOGRÁFICO



Fundación Biodiversidad



Pleamar



UNIVERSIDAD DE MÁLAGA

Estos resultados indican que las poblaciones prioritarias para la conservación no pueden identificarse únicamente a partir de su diversidad genética local, sino que es necesario considerar también su papel funcional en el mantenimiento de la conectividad genética del conjunto de la metapoblación.

Discusión

Los resultados obtenidos muestran que la diversidad genética y la importancia funcional de las poblaciones dentro de la red de conectividad no siguen necesariamente el mismo patrón espacial. Mientras que la riqueza alélica alcanza sus valores máximos en Roquetas, Denia y Cádiz, la mayor concentración de alelos exclusivos se localiza en Almerimar y Roquetas, lo que indica que el Mediterráneo occidental constituye el principal reservorio de diversidad genética de *Cymodocea nodosa* en el área de estudio. Sin embargo, el análisis de redes demuestra que la persistencia de esta diversidad depende de un número reducido de poblaciones que actúan como conectores entre los distintos sectores de la distribución.

Entre ellas, Urrutias emerge como el principal nodo de conectividad del sistema. Su elevada centralidad de intermediación, unida a una alta riqueza alélica y a la presencia de alelos exclusivos, indica que desempeña un papel fundamental en el mantenimiento del flujo génico a lo largo del mar de Alborán. La pérdida de esta población probablemente incrementaría la fragmentación genética de la red y reduciría la conectividad entre las poblaciones occidentales y orientales del Mediterráneo.

Junto con Urrutias, Maro y Roquetas ocupan posiciones estratégicas dentro del núcleo mediterráneo de la red. Ambas poblaciones presentan una fuerte conexión genética entre sí y constituyen elementos esenciales para mantener la continuidad del flujo génico regional. No obstante, sus características genéticas son marcadamente diferentes y sugieren funciones de conservación complementarias.

Maro representa el ejemplo más claro de desacoplamiento entre diversidad genética local e importancia funcional. A pesar de presentar la menor riqueza genotípica y alélica de todas las poblaciones analizadas, ocupa una de las posiciones con mayor centralidad



Cofinanciado por
la Unión Europea



MINISTERIO
DE AGRICULTURA, PESCA
Y ALIMENTACIÓN



Fondos Europeos



VICEPRESIDENCIA
TERCERA DEL GOBIERNO
GOBIERNO DE ESPAÑA
MINISTERIO
PARA LA TRANSICIÓN ECOLÓGICA
Y EL RETO DEMOGRÁFICO



Fundación Biodiversidad



Pleamar



UNIVERSIDAD DE MÁLAGA

dentro de la red genética. Este resultado indica que su contribución a la conectividad regional es muy superior a la que cabría esperar a partir de su diversidad genética. Desde una perspectiva de gestión, esta combinación convierte a Maro en una población prioritaria para actuaciones de restauración y refuerzo poblacional. Incrementar su tamaño efectivo y su diversidad genética contribuiría no solo a mejorar su viabilidad local, sino también a preservar la conectividad del conjunto de la metapoblación, evitando la pérdida de un nodo estratégico para el intercambio genético entre poblaciones.

En contraste, Roquetas reúne las características más favorables para actuar como población donadora en futuros programas de restauración. Presenta una de las mayores riquezas alélicas del estudio, un elevado número de alelos exclusivos y una posición genética integrada dentro del núcleo mediterráneo, lo que la convierte en una fuente potencial de diversidad genética para reforzar poblaciones degradadas. La utilización de material vegetal procedente de Roquetas permitiría maximizar la incorporación de variabilidad genética en las actuaciones de restauración, aumentando previsiblemente la capacidad adaptativa y la resiliencia de las poblaciones receptoras.

Estos resultados ponen de manifiesto que la selección de poblaciones prioritarias para la conservación y la restauración no debería basarse exclusivamente en indicadores tradicionales de diversidad genética. Mientras que las poblaciones donadoras deberían maximizar la representación de la variación genética disponible, las actuaciones de restauración deberían priorizar aquellas localidades cuya recuperación tenga un mayor efecto sobre la conectividad regional. En este sentido, la teoría de redes proporciona un marco complementario a la genética de poblaciones clásica, al identificar poblaciones cuya importancia ecológica no puede inferirse únicamente a partir de su riqueza genética.

Las poblaciones atlánticas ocupan posiciones terminales dentro de la red, con valores muy bajos de intermediación y proximidad. Aunque conservan un interés biogeográfico evidente al representar el extremo occidental de la distribución de la especie, su contribución al mantenimiento de la conectividad entre las poblaciones mediterráneas parece limitada. Por el contrario, el mar de Alborán emerge como el núcleo funcional de



Cofinanciado por
la Unión Europea



MINISTERIO
DE AGRICULTURA, PESCA
Y ALIMENTACIÓN



Fondos Europeos



VICEPRESIDENCIA
TERCERA DEL GOBIERNO
GOBIERNO
DE ESPAÑA
MINISTERIO
PARA LA TRANSICIÓN ECOLÓGICA
Y EL RETO DEMOGRÁFICO



Fundación Biodiversidad



Pleamar



UNIVERSIDAD DE MÁLAGA

la red genética de *C. nodosa*, donde se concentran tanto las poblaciones con mayor diversidad genética como aquellas que desempeñan un papel esencial en el mantenimiento del flujo génico.

En conjunto, este estudio demuestra que la integración de métricas de diversidad genética y análisis de redes permite identificar funciones complementarias entre poblaciones. Mientras que Roquetas constituye una de las mejores candidatas como población donadora por su elevada riqueza genética, Maro aparece como una prioridad para actuaciones de restauración destinadas a mantener la conectividad regional. Este enfoque permite optimizar las estrategias de conservación al asignar a cada población un papel específico dentro de una planificación basada tanto en la diversidad genética como en el funcionamiento de la metapoblación.

Conclusiones

Los resultados muestran que el mar de Alborán concentra las poblaciones con mayor relevancia para la conservación genética de *Cymodocea nodosa*. Sin embargo, las prioridades de gestión difieren según el objetivo de conservación.

Roquetas destaca como la población más adecuada para proporcionar material vegetal en programas de restauración, al combinar una elevada riqueza alélica con una importante representación de variantes genéticas exclusivas. Por el contrario, Maro constituye la principal candidata para actuaciones de restauración y refuerzo poblacional, ya que su recuperación tendría un efecto desproporcionadamente positivo sobre la conectividad genética regional debido a su posición estratégica dentro de la red.

Estos resultados evidencian que la conservación efectiva de *C. nodosa* requiere integrar indicadores de diversidad genética y de conectividad funcional. La incorporación de herramientas de teoría de redes en la planificación de la restauración permite identificar no solo las mejores poblaciones donadoras, sino también aquellas cuya recuperación resulta esencial para mantener la cohesión genética de toda la metapoblación.

Referencias

Alberto, F., Correia, L., Billot, C., Duarte, C.M. and Serrão, E. (2003), Isolation and characterization of microsatellite markers for the seagrass *Cymodocea nodosa*. *Molecular Ecology Notes*, 3: 397-399. <https://doi.org/10.1046/j.1471-8286.2003.00463.x>

“Las opiniones y documentación aportadas en esta publicación son de exclusiva responsabilidad de la persona o personas que ostenten su autoría y no reflejan necesariamente los puntos de vista de las entidades que apoyan económicamente el proyecto”.

“Este proyecto se desarrolla con la colaboración de la Fundación Biodiversidad del Ministerio para la Transición Ecológica y el Reto Demográfico, a través del Programa Pleamar, y se cofinancia por la Unión Europea por el FEMPA (Fondo Europeo Marítimo, de Pesca y de Acuicultura)”.