

NOTA DE PRENSA

La Estación Biológica de Doñana desarrolla nuevas herramientas moleculares para medir la biodiversidad en áreas protegidas

- **El estudio se basa en el desarrollo de una serie de marcadores para monitorear la diversidad genética en comunidades de pequeños mamíferos, claves en sus propios ecosistemas**
- **Estas herramientas se podrán usar para medir la diversidad genética a lo largo del tiempo, en varias especies y en ecosistemas diferentes, proporcionando información muy valiosa para la biología de la conservación**

Sevilla, a 29 de enero de 2021. Alrededor de 900 ejemplares de lince ibérico. Algo más de 1000 individuos de gorila de montaña. La biodiversidad se suele medir en cifras, en el número de especies que viven en un ecosistema y la abundancia de las mismas. Sin embargo, el concepto es mucho más amplio. Más allá del número de ejemplares, es importante también atender a la diversidad genética de las poblaciones a la hora de conservar la biodiversidad. Aunque en los últimos 30 años se han producido varios acuerdos y convenciones internacionales para proteger y restaurar la diversidad genética, aún no está claro cómo medirla de una manera estandarizada entre distintas especies y a través del tiempo.

Un estudio internacional liderado por la Estación Biológica de Doñana (EBD-CSIC) y publicado en la revista *Heliyon*, ha desarrollado una serie de marcadores genéticos para monitorear la diversidad genética a lo largo del tiempo en comunidades de pequeños mamíferos. El estudio se ha realizado en dos parques nacionales declarados Patrimonio de la Humanidad por la UNESCO, el Parque Nacional de Doñana en España y el Parque Nacional de Kinabalu en Malasia.

El trabajo se ha basado en la aplicación de técnicas de secuenciación masiva que son conocidas como Next Generation Sequencing o NGS. Las muestras estudiadas han sido recogidas en el campo o tomadas de las colecciones científicas de la EBD-CSIC. “La gran ventaja de este sistema que hemos desarrollado es que permite no solo obtener muchos datos a la vez en varias especies sino también sobre un gran número de individuos y de una manera relativamente barata y sencilla”, señala Jennifer Leonard, investigadora del CSIC en la Estación Biológica de Doñana.

Los marcadores genéticos se optimizaron para la rata de laboratorio. Por ello, la cantidad de información obtenida ha sido más abundante en el caso de especies parecidas, como son otras ratas y ratones, pero también se obtuvieron datos para topillos, ardillas, lirones, musarañas, conejos y tupayas.

“La decisión de enfocar el estudio sobre los pequeños mamíferos se debe al papel fundamental que juegan en sus propios ecosistemas” añade Sacramento Moreno, investigadora del CSIC en



la Estación Biológica de Doñana. “Además, este grupo heterogéneo de animales representa un importante indicador biológico que puede proporcionar informaciones muy valiosas sobre los efectos del cambio climático en curso”.

Este panel de marcadores genéticos representa una herramienta que podrá ser usada para medir la diversidad genética a lo largo del tiempo, en varias especies y en ecosistemas diferentes, proporcionando información muy valiosa tanto para estudios poblacionales como para aquellos más enfocados a la filogeografía, esto es, el estudio de los procesos históricos responsables de la distribución geográfica de las especies, y a la filogenia, la rama de la biología que se dedica a estudiar el origen y evolución de los seres vivos.

“La idea de este trabajo es proponer un enfoque metodológico que sea transferible a otros sistemas de estudio y que pueda producir datos a gran escala”, concluyen Giovanni Forcina y Miguel Camacho-Sanchez, investigadores de la Universidad de Porto y antiguos colaboradores de la Estación Biológica de Doñana. “El monitoreo genético de los recursos de biodiversidad es una tarea imprescindible de cara a la sexta extinción masiva en la que estamos inmersos y cuyo ritmo se va acelerando con el tiempo”. Estudios como este proporcionan herramientas y conocimientos para planificar y desarrollar estrategias de conservación efectivas a largo plazo.

Referencia:

G. Forcina, M. Camacho-Sanchez, F.Y.Y Tuh, S. Moreno, J.A. Leonard. Markers for genetic change. *Heliyon* 7(1): e05583. DOI: [10.1016/j.heliyon.2020.e05583](https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2020.e05583)



Ratón moruno (*Mus Spretus*). Crédito: Mamen Fernández



Rata espinosa (*Maxomys* sp.) en Sabah, Malasia. Crédito: Miguel Camacho.



Miguel Camacho, uno de los investigadores del estudio manipulando ardilla terrestre de montaña (*Sundasciurus everetti*) en Gunung Alab, Malasia / Crédito: Arlo Hinckley



Sacramento Moreno, investigadora del estudio, leyendo un microchip / Crédito: Mamen Fernández



Especímenes de las colecciones científicas de la EBD. De arriba abajo: ardilla roja (*Sciurus vulgaris*), lirón careto (*Eliomys quercinus*), Rata de agua (*Arvicola sapidus*), ratón de campo (*Apodemus sylvaticus*), ratón moruno (*Mus spretus*), musgaño enano (*Suncus etruscus*), musaraña gris (*Crocidura russula*).