

El ADN revela los procesos que controlan la distribución espacial de la biodiversidad

La revista *Nature Communications* publica un estudio de Andrés Baselga, de la Universidad de Santiago de Compostela, y del equipo del profesor Alfried Vogler, del Natural History Museum de Londres, que avanza en el conocimiento de las causas de la diversidad biológica. Sus investigaciones suponen una nueva aproximación metodológica basada en el análisis del ADN de comunidades biológicas enteras –en concreto de coleópteros acuáticos europeos– y pone de manifiesto el efecto predominante de los procesos de dispersión en los patrones de biodiversidad.

USC

21/5/2013 17:00 CEST



Coleóptero *Rhantus frontalis*. / USC.

Para conservar la biodiversidad es esencial comprender qué procesos son los que condujeron a su existencia; por ejemplo, por qué dos lugares tienen comunidades de especies diferentes. Con respecto a esto, es bien conocido que la distancia espacial entre localidades es un elemento clave ya que cuanto mayor sea ésta más diferentes serán las comunidades que en ellas habiten.

Para explicar este fenómeno existen dos teorías contrapuestas. La del nicho ecológico, que postula que las condiciones ambientales son las responsables de que una especie pueda vivir o no en un lugar y por tanto que las condiciones ambientales similares favorecen la presencia de las mismas especies, y la Teoría Neutral de la Biodiversidad, que afirma que el papel del ambiente podría ser irrelevante en comparación con el que desempeñan los procesos de dispersión (migración de los individuos de un lugar a otro) ya que dos localidades alejadas en el espacio pueden tener comunidades biológicas muy diferentes simplemente porque las especies de una localidad no han podido llegar a la otra.

ADN determinante

Aunque ambas hipótesis son plausibles –los estudios previos no han podido descartar ninguna de las dos– sus implicaciones son muy diferentes y se hacía por tanto necesario conocer cual es la más realista. En eso se ha centrado el equipo científico formado por el investigador Parga Pondal del Departamento de Zoología de la Universidad de Santiago de Compostela (USC), Andrés Baselga y el equipo del profesor Alfried Vogler, del Natural History Museum de Londres.

Su investigación, que publica este martes [Nature Communications](#), utiliza una nueva aproximación metodológica basada en el análisis del ADN de comunidades biológicas enteras –en concreto de coleópteros acuáticos europeos– y pone de manifiesto el efecto predominante de los procesos de dispersión en los patrones de biodiversidad.

“Se ha estudiado el ADN de numerosos ejemplares de todas las especies presentes en cada localidad para así definir las comunidades no solo en función de las que albergan sino también en función de sus variedades genéticas”, indica el investigador de la USC.

Los procesos de dispersión, causantes de la biodiversidad

Han secuenciado el gen mitocondrial en más de
5.000 individuos de más de 270 especies
diferentes de coleópteros acuáticos

El gen mitocondrial secuenciado en más de 5.000 individuos de más de 270 especies diferentes de coleópteros acuáticos ha permitido definir la composición de cada comunidad biológica a varios niveles. Así, ha sido posible medir qué proporción de especies estaban presentes en dos comunidades pero también qué proporción de variedades genéticas derivadas de mutaciones recientes y, de manera similar, a niveles intermedios (linajes de antigüedad intermedia entre las mutaciones recientes y las especies).

Además, esta nueva información ha permitido analizar de forma integrada el descenso de la similitud biológica con la distancia geográfica a varios niveles de la genealogía de especies de modo que se ha revelado un nuevo patrón emergente totalmente desconocido hasta ahora: el descenso en la similitud biológica es equivalente en los distintos niveles genéticos, incluyendo el de especie. Es decir, explica Baselga, “la tasa con la que se sustituyen unas variedades genéticas por otras al aumentar la distancia geográfica es la misma con la que se substituyen unas especies por otras”.

Con este descubrimiento se sugiere que hay un único proceso responsable de que esa similitud disminuya de la forma en la que lo hace “y puesto que as variedades genéticas se distribuyen de manera independiente del ambiente, parece que son los procesos de dispersión los causantes del descenso de la similitud de las comunidades de especies”.

Simulaciones informáticas

Esta interpretación se ve corroborada por simulaciones informáticas en las que se recrean las distribuciones de las especies y sus variedades genéticas en escenarios puramente neutrales y en escenarios controlados por el nicho ecológico.

Los resultados observados en los coleópteros acuáticos europeos son similares a las simulaciones puramente neutrales, “lo que no significa – explica Baselga- que las condiciones ambientales no influyan en los seres vivos a través del nicho ecológico sino que a grandes escalas temporales y espaciales su efecto es irrelevante para explicar cómo se distribuyen las

especies y por tanto la diversidad biológica”.

Esta nueva aproximación analizando los patrones a múltiples niveles (de los genes a las especies) podrá aplicarse a otros sistemas de estudio abriendo así la puerta a una nueva generación de análisis macroecológicos que permitirán avanzar en el conocimiento sobre las causas de la biodiversidad.

Derechos: **Creative Commons**

TAGS

DISPESIÓN | BIODIVERSIDAD | MIGRACIÓN | GENÉTICA | NICHOS ECOLÓGICOS |
DIVERSIDAD | ESPECIES | COLEÓPTEROS |

Creative Commons 4.0

Puedes copiar, difundir y transformar los contenidos de SINC. [Lee las condiciones de nuestra licencia](#)