

Confirman la existencia de dos linajes genéticos de ciervo ibérico en España

Un estudio publicado en la revista *Biodiversity and Conservation* asegura la existencia de dos linajes genéticos de ciervo ibérico en España. El hallazgo ha sido realizado gracias a la utilización del ADN mitocondrial de la especie.

UEX - UCC+i

8/1/2014 12:34 CEST



Ejemplar linaje Sur-Oeste (Sierra de San Pedro, Extremadura) de ciervo ibérico. / Miguel Ángel Habela Martínez-Estélez

Un equipo de investigadores ha identificado dos linajes de ciervo ibérico con un grado de divergencia genética importante entre ellos, originados en las poblaciones que permanecieron aisladas durante la última era glaciaria ocurrida entre 20.000 y 14.500 años atrás.

En el estudio participan los investigadores del Grupo Biología y Etología (Bioeto) de la Universidad de Extremadura Juan Carranza y José Luis Fernández-García, entre otros, y ha contado con la colaboración de investigadores de la Universidad de Granada y del Instituto ISPRA de Italia.

José Luis Fernández-García señala que este hallazgo contribuirá al conocimiento de la especie y de su diversidad genética dentro de la península ibérica y en Europa, e influirá, asimismo, en el establecimiento de prioridades y ámbitos de aplicación en planes de conservación de la diversidad genética. Además, permitirá estimar el papel que los seres humanos han jugado y juegan en la alteración del patrimonio genético por hibridación con ejemplares foráneos.

La investigación surgió a raíz de la recomendación de la International Union for Conservation of Nature (IUCN) de esclarecer mediante investigación sistemática la historia y la genética de todas las poblaciones de ciervos europeos para establecer Planes de Gestión Europea que protejan su integridad genética. Inicialmente, la investigación tenía como objetivo estudiar el ciervo ibérico como una subespecie de ciervo.

“Los resultados fueron una sorpresa, ya que dese hace unos años se venía hablando de la subespecie ibérica en singular (*Cervus elaphus hispanicus*)”

Sin embargo, durante la fase de documentación del estudio, los investigadores encontraron referencias que sugerían varios grupos de diferentes de ciervos y, en algunos lugares sin determinar, la presencia de contaminación genética por hibridación con otros ejemplares de ciervos europeos no autóctonos.

Según el investigador de la Facultad de Veterinaria, “los resultados fueron una sorpresa, ya que dese hace unos años se venía hablando de la subespecie ibérica en singular (*Cervus elaphus hispanicus*), pero estaban muy de acuerdo con los postulados del naturalista Ángel Cabrera quien, a principios del siglo XX, catalogó a partir de sus diferencias fenotípicas todas las especies y subespecies, o razas geográficas, de mamíferos en España y Portugal, entre ellos el ciervo. Sin datos genéticos y sólo unos pocos datos fenotípicos los científicos naturalistas de finales del siglo XIX y principios del XX ya entendían que los ciervos de la península podrían ser agrupados en dos subespecies localizadas en las marismas del Guadalquivir, una de ellas,

y en ciertos cotos de Toledo, otra de estas subespecies”.

El ADN mitocondrial clave en la historia del desarrollo evolutivo de las especies

El ADN mitocondrial y su modo de evolución hacen de él una molécula ideal para el análisis de las filogenias y la distribución espacial de los linajes de las especies animales. La reconstrucción de la filogenia del ciervo ibérico a través de las mutaciones en la secuencia del ADN mitocondrial y su comparación con las de otros ciervos europeos ha permitido determinar dos linajes genéticamente divergentes.

La magnitud de la diferencia entre ambos grupos es similar o incluso superior a la que existe entre ellos y otros grupos genéticos de Europa del Norte

La magnitud de la diferencia entre ambos grupos es similar o incluso superior a la que existe entre ellos y otros grupos genéticos de Europa del Norte, donde se encuentran las subespecies de ciervo más emparentadas con los ciervos ibéricos. Las características de un linaje han aparecido casi exclusivamente en el sur-oeste peninsular que incluye buena parte de Extremadura, mientras que la otra familia genética está situada más hacia el nordeste de la península.

En el caso de la península ibérica donde las barreras físicas no son muy importantes, para un ungulado grande como el ciervo, la única justificación plausible es el aislamiento de diferentes grupos genéticos asociados a una fragmentación geográfica sucedida como consecuencia de la última era glacial hace aproximadamente 20.000 años.

Ahora sabemos que a esta glaciación sobrevivieron grupos de ciervos de la especie *Cervus elaphus* en algunas zonas de España y también del sur de Francia; en los llamados refugios glaciares. Así, los dos grupos genéticos de ciervos ibéricos debieron originarse en aquellas poblaciones que históricamente permanecieron aisladas en dos de estos refugios; para luego, al desaparecer los hielos, extenderse también hacia el Noroeste de Europa

hace unos 10.000 años, esto es, al comienzo del Holoceno, último y actual momento geológico del período cuaternario, aprovechando las nuevas condiciones climáticas de este periodo, por esas fechas ya más templadas, y a las que estaban mejor adaptados.

Los estudios filogenéticos realizados en un buen número de especies nativas de la península ibérica, tanto fauna como flora propia de nuestro clima más templado, confirman las teorías de varios refugios glaciares dentro de la península ibérica.

**"Estos hallazgos demuestran que no es necesario
hibridar nuestros venados para obtener los
resultados deseados por los propietarios de cotos"**

Estudios biogeográficos realizados en la última década en diferentes especies vegetales del género *Quercus*, en insectos como los saltamontes, en micro-mamíferos como el Desmán de los Pirineos y macro-mamíferos como los conejos, especie con orígenes casi exclusivos en la Península Ibérica, demuestran la presencia de diferentes linajes habitando en áreas geográficas netamente separadas dentro de la península ibérica.

"Hoy, los expertos internacionales en fauna son muy sensibles a la polución genética de las poblaciones autóctonas, y animan a los países a promover este tipo de estudios muy útiles para establecer las líneas de actuación en los planes de conservación, que permitan conservar nuestro rico patrimonio faunístico, haciendo compatible cualquier actividad humana con influencia en la fauna con la conservación del legado genético de los diferentes linajes", ha afirmado José Luis Fernández.

Estos hallazgos demuestran que no es necesario hibridar nuestros venados para obtener los resultados deseados por los propietarios de cotos.

"Nuestros ciervos conservan aún la suficiente variabilidad genética, incluso dentro de los mismos linajes, capaz de garantizar unas características fenotípicas deseables en el ámbito cinegético".

Referencia bibliográfica:

J. L. Fernández-García, J. Carranza, J. G. Martínez & E. Randi.
"Mitochondrial D-loop phylogeny signals two native Iberian red deer
(Cervus elaphus) Lineages genetically different to Western and Eastern
European red deer and infers human-mediated translocations".
Biodiversity and Conservation DOI 10.1007/s10531-013-0585-2.

Derechos: **Creative Commons**

TAGS

CIERVO IBÉRICO

| MUTACIÓN

| GLACIACIÓN

| PENÍNSULA IBÉRICA

| ADN

Creative Commons 4.0

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