

## NOTA DE PRENSA

@mncn\_csic

www.mncn.csic.es

El artículo ha sido publicado en la revista [Molecular Ecology](#)

## Analizan la conectividad entre poblaciones de anfibios para conservarlas

- ◆ El aislamiento de las poblaciones de anfibios como resultado de la fragmentación de sus hábitats aumenta su riesgo de extinción
- ◆ La integración de observaciones de campo y análisis genómicos permite caracterizar sus procesos de dispersión a pequeña escala

Madrid, 4 de diciembre de 2023 Un estudio del Museo Nacional de Ciencias Naturales (MNCN-CSIC) ha analizado la conectividad en cinco especies de anfibios que habitan una dehesa de la sierra de Guadarrama (Madrid) con una alta densidad de puntos de agua: 64 charcas en un área de menos de 4 Km<sup>2</sup>. Tras dos años dedicados a realizar un seguimiento exhaustivo de las cinco especies, identificando más de 3000 individuos mediante fotografías, han podido estimar su abundancia y reconstruir las redes de conectividad entre puntos de agua, lo que permite plantear medidas de conservación, como la creación de corredores seguros que permitan mantener el intercambio de individuos, y por tanto de sus genes, entre poblaciones.



Macho de tritón pigmeo (*Triturus pygmaeus*), una de las especies más abundantes en la zona de estudio. / Íñigo Martínez-Solano

“La crisis global de biodiversidad que vivimos actualmente está afectando de manera dramática a los anfibios, ya que sus poblaciones son cada vez más escasas y se encuentran más aisladas unas de otras debido a la pérdida y degradación de los sistemas acuáticos en los que se reproducen. Esta situación está reduciendo la conectividad genética de las especies y desequilibrando los procesos demográficos que favorecen la viabilidad de sus poblaciones, lo que las pone en serio riesgo de extinción”, contextualiza el investigador del MNCN Ismael Reyes Moya.

Del conjunto de 4500 individuos muestreados se seleccionaron más de 1000 para analizar su ADN en el laboratorio. Gracias al estudio de miles de marcadores genómicos (SNPs), los investigadores han podido caracterizar la conectividad genética entre poblaciones a una escala muy fina. “Se sabe muy poco sobre cómo se mueven los anfibios y sobre los factores que permiten, o dificultan, mantener conectadas sus poblaciones. Con este trabajo, que incluye tanto observaciones directas de desplazamientos de los animales en el campo como estimas de conectividad basadas en marcadores genéticos, hemos podido comprender mejor los procesos de dispersión de distintas especies de anfibios desde su propio punto de vista, a una escala espacial acorde a su pequeño tamaño y reducida capacidad de desplazamiento”, explica el investigador del MNCN Íñigo Martínez-Solano. “Los datos empíricos de desplazamientos nos permiten interpretar los resultados genéticos, y a partir de ahí, diseñar las acciones de gestión más adecuadas para favorecer la conservación de cada especie”, continúa.



Una de las charcas estudiadas, al pie de la Sierra de Guadarrama. / Íñigo Martínez-Solano



El análisis de estos datos, generalmente no disponibles en anfibios debido a su alto coste en términos de esfuerzo de campo y laboratorio, reveló una correspondencia entre los grupos de individuos relacionados genéticamente entre sí y los grupos de charcas entre las cuales la conectividad es más probable en base a las observaciones de desplazamientos de individuos registradas en el campo.

“La conectividad genética entre poblaciones se ve favorecida cuando el camino entre las charcas es más fácil de recorrer o los riesgos de hacerlo son menores. Por eso resulta fundamental el papel de cuerpos de agua que puedan servir como refugios temporales a los individuos dispersantes, los cuales se enfrentan a riesgos como la depredación o la deshidratación durante el viaje. Esto resultó especialmente patente en el caso de la rana común (*Pelophylax perezi*).”, explica Gregorio Sánchez Montes, también del MNCN.

Otro factor primordial en la conectividad es el tamaño de las propias poblaciones, ya que la probabilidad neta de conexión es más alta cuantos más individuos haya en la población que puedan intentar completar con éxito la hazaña de llevar sus genes a la población de destino. “Este efecto del tamaño poblacional es evidente en el tritón pigmeo (*Triturus pygmaeus*) y el sapo corredor (*Epidalea calamita*), las dos especies más abundantes en el área de estudio, que mostraron una amplia conectividad entre todas sus poblaciones” continúa Sánchez-Montes.

Los datos obtenidos también han permitido identificar las zonas más favorables para atravesar elementos que pueden actuar como una barrera al movimiento de estos animales, como las carreteras, lo que aporta información clave para diseñar pasos de fauna seguros que reduzcan la mortalidad por atropellos.

Reyes-Moya, I.; Sánchez-Montes, G.; Martínez-Solano, I. (en prensa). Assessing fine-scale pondscape connectivity with amphibian eyes: an integrative approach using genomic and capture-mark-recapture data. *Molecular Ecology*. DOI: <https://doi.org/10.1111/mec.17206>