



Diversidad genética espacial y flujo genético en anfibios pirenaicos: evolución potencial bajo escenarios de cambio global

Entidad en la que se desarrolla el proyecto: Museo Nacional de Ciencias Naturales (MNCN -CSIC)

Investigador Principal: David Rodríguez Vieites - Museo Nacional de Ciencias Naturales (MNCN-CSIC)

Parque Nacional donde se ubica el estudio: Parque Nacional de Ordesa y Monte Perdido

Palabras clave: anfibios, montaña, rana pirenaica, distribución, conservación

Organismo cofinanciador: Organismo Autónomo Parques Nacionales

Inicio: 27/12/2010 - **Fin:** 27/12/2013

SINOPSIS

En este proyecto se ha realizado un trabajo de campo intenso que nos ha permitido recabar datos de genética, morfometría, densidad poblacional, distribución y estado de poblaciones de dos especies de anfibios pirenaicos: la rana bermeja y la rana pirenaica.

La diversidad genética espacial de la rana bermeja es mayor de lo esperado, habiendo encontrado dos linajes nuevos en Iberia, uno de ellos endémico de Aragón, siendo el más basal de todos los de esta especie. Este linaje coexiste con otro más común, habiendo sido localizado solo en la zona de Benasque y no por ahora en otras zonas.

La rana pirenaica es muy homogénea genéticamente, tanto en el genoma mitocondrial completo como en marcadores nucleares, y probablemente ha sufrido, recientemente, un cuello de botella con posterior expansión geográfica. Las diferencias entre el núcleo oriental y occidental son mínimas, y ha existido un flujo genético reciente entre poblaciones. En cuanto al estado de conservación, nos hemos concentrado principalmente en la rana pirenaica, por ser un endemismo en peligro de extinción cuyo estado actual se desconocía en gran medida. Hemos incrementado el área de distribución conocida de esta especie con nuevas localidades, si bien muchas poblaciones históricas han desaparecido por causas desconocidas. El tamaño poblacional estimado es bajo en muchas localidades, por lo que la probabilidad de extinción local es elevada. Los modelos de conectividad espacial sugieren una cierta fragmentación, con siete unidades desconectadas recientemente entre sí, y una separación efectiva entre el núcleo oriental y occidental de la especie, si bien la conectividad dentro de estas unidades parece elevada.

Se ha detectado la presencia masiva del hongo *Batrachoquytrium dendrobatidis* en todo el área de distribución de rana pirenaica, si bien su



impacto en la especie es desconocido. El monitoreo de la fenología de puesta en ranas pardas sugiere que se adelanta más de un mes en años cálidos frente a años fríos, siendo también la mortalidad de larvas mayor especialmente en arroyos poco profundos. El análisis de tendencias de las series históricas de estaciones meteorológicas del Pirineo Central indica que en el futuro las condiciones climáticas serán más cálidas, lo que sugiere que ambas ranas pardas se reproducirán antes y se deberán enfrentar a condiciones de sequía estival. Los datos obtenidos confirman a la especie como en peligro de extinción. Se proponen una serie de medidas de gestión para la conservación in situ y ex situ de la especie, así como unidades de gestión en toda el área de distribución.

ALGUNOS FRAGMENTOS QUE NOS PUEDEN ACERCAR AL CONTENIDO DEL PROYECTO

Las oscilaciones climáticas durante el cuaternario han perfilado el patrón actual de distribución de la biodiversidad en los Pirineos, así como influido en la estructura genética espacial de las especies. En este proyecto se investiga la diversidad genética y flujo genético entre poblaciones de dos especies de ranas pardas, la rana bermeja (*Rana temporaria*) y la rana pirenaica (*Rana pyrenaica*) en el Pirineo central. Ambas especies se caracterizan por estar distribuidas a lo largo de todo el Pirineo central, desde baja a alta montaña, si bien la primera presenta un mayor rango altitudinal y utiliza principalmente charcas y lagos para reproducirse, mientras que la segunda (endemismo pirenaico en peligro de extinción), se reproduce en aguas rápidas de cabeceras de ríos. Aparte de las diferencias ecológicas que pueden afectar al flujo genético entre poblaciones, ambas muestran una relativa homogeneidad genética en marcadores mitocondriales y en el caso de la rana bermeja también en alozymas, aunque en esa especie se observa una gran diversidad morfológica en todo el Pirineo mientras que para rana pirenaica no hay datos.

Mediante el empleo de marcadores moleculares de evolución rápida (microsatélites) se estudió la estructura genética espacial de estas especies y evaluó la existencia de aislamiento o conectividad reciente entre poblaciones. Se midió y evaluó la existencia de flujo genético entre las diferentes poblaciones, valles, vertientes y en gradientes altitudinales, para detectar posibles discontinuidades y barreras que servirán para generar modelos realistas de conectividad mediante teoría de circuitos. Se prestó especial atención a cuánta diversidad genética alberga el Parque Nacional de Ordesa y Monte Perdido para estas dos especies, y si existe flujo genético reciente entre el parque y otros valles. Se elaboraron modelos de distribución potencial y de conectividad de ambas especies en base a datos ambientales y genéticos, que puedan ser proyectados bajo escenarios climáticos futuros.

Uno de los objetivos principales del proyecto consistió en determinar el área de distribución actual de *Rana pyrenaica*, especie amenazada y en peligro de extinción endémica del Pirineo. En los tres años del proyecto se realizó un trabajo de campo muy exhaustivo para localizar las localidades de presencia de *Rana pyrenaica*. Primero, se realizó un modelo de distribución potencial en



base a datos históricos para determinar las zonas donde potencialmente se podría encontrar la especie, y se determinaron nuevas zonas a muestrear en base a ese modelo. Se visitaron tanto localidades históricas como zonas nuevas, si bien aquellas localidades donde se registró la presencia histórica de la especie y en las que en 2010 no fue localizada por nosotros, fueron visitadas de nuevo en 2011, 2012 y 2013 para confirmar la ausencia real de la especie en la zona. Los muestreos consistieron en transectos por ríos, arroyos, pequeños torrentes y manantiales, localizando adultos y larvas de la especie a medida que se iba recorriendo la zona.

Además de los genomas mitocondriales completos, se amplificaron varias muestras de las poblaciones oriental y occidental de *Rana pyrenaica*, y éstas se separan mitocondrialmente pero tan solo por 4 mutaciones entre sí. Esto sugiere que la divergencia entre las mismas es muy reciente y se ha estimado entre 6.000 y 21.000 años. Esta separación coincide con el último máximo glacial y posterior deglaciación, y junto con los paleomodelos de distribución, sugieren que la especie sufrió una contracción brutal que supuso una pérdida de variación genética (cuello de botella), se aisló en dos zonas y hacia el Holoceno se expandió su rango de distribución, sufriendo una fragmentación posterior más reciente de sus poblaciones. La rana pirenaica es pues una especie con muy poca variabilidad genética, distribuida en dos áreas que se han separado muy recientemente y todavía no muestran una diferenciación genética muy marcada entre ellas.

La integración de estos datos permitirá elaborar modelos espaciales y proyecciones futuras bajo diferentes escenarios de cambio global, que pretenden ser de utilidad y aplicación directa en la gestión del Parque Nacional de Ordesa y Monte Perdido, permitiendo evaluar también cuál es la contribución de la Red de Parques Nacionales a la conservación de la diversidad y el potencial evolutivo de estas especies. Dado que la rana pirenaica es un anfibio endémico y en peligro de extinción, los datos generados serán de mucha utilidad también en la conservación general de la especie.