



La Universidad de Oviedo desarrolla un proyecto para conocer el estado de conservación de los urogallos a partir de información genética

- Con la información obtenida hasta el momento, el equipo investigador considera la posibilidad de que una excesiva consanguinidad pueda estar provocando problemas en la población cantábrica, y quizá también en la pirenaica

Oviedo/Uviéu, 16 de diciembre de 2019. La Universidad de Oviedo desarrolla el proyecto de investigación “Examen de la pérdida de variabilidad genética como determinante del declive demográfico del urogallo cantábrico”, financiado por la Fundación Biodiversidad (Ministerio para la Transición Ecológica). El proyecto consiste en la obtención de información actualizada sobre el estado de conservación de los urogallos a partir de datos genéticos de la población. El objetivo general es obtener información actualizada y con aproximaciones metodológicas comunes sobre la variabilidad genética actual de las poblaciones de urogallo cantábrico y pirenaico. Esta investigación tiene una vocación esencialmente de transferencia de resultados a las administraciones competentes en la conservación de especies amenazadas, con el fin de que puedan tomar medidas relacionadas, por ejemplo, con la gestión de la población.

En la práctica, el proyecto se traduce en el análisis de nueve marcadores genéticos – fragmentos repetidos de ADN específicos del genoma de la especie–. El personal investigador extrae dicho ADN de excrementos y plumas de muda. A partir de la información obtenida de esas secuencias repetidas de ADN, para 27 individuos de la población cantábrica y 30 de la pirenaica, se realiza la comparación de la variabilidad genética de ambas. La razón de usar esta aproximación es que una característica habitual de las poblaciones pequeñas, y especialmente si están aisladas, es una reducción de la variabilidad genética como consecuencia del incremento de la consanguinidad. Dicha prevalencia de la consanguinidad puede traducirse en disminución de la eficacia biológica, entendida como dificultades en la reproducción, o menor resistencia a enfermedades y parásitos.



El personal investigador obtuvo información de 17 machos y 10 hembras de la población cantábrica, y 16 machos y 14 hembras de la pirenaica. Los resultados más llamativos hasta la fecha son las diferencias apreciables en la estructura de los marcadores analizados entre las poblaciones cantábrica y pirenaica, esperables pero interesantes al proceder de un análisis particularmente comparable. Asimismo, se han encontrado niveles similares de variabilidad genética en ambas poblaciones, algo más baja en el caso de la población pirenaica. Ambas poblaciones muestran valores muy similares y moderados de consanguinidad (coeficiente de endogamia).

Los resultados deben tener en cuenta, por un lado, el limitado alcance geográfico de los datos de la población pirenaica, y, por otro lado, que los marcadores genéticos utilizados deberían optimizarse más. En todo caso, a la vista de los resultados obtenidos hasta la fecha, el equipo investigador no descarta que la consanguinidad esté provocando problemas en la población cantábrica, y quizá, en la pirenaica. Sin embargo, plantea que para responder adecuadamente a estas preguntas es necesaria una evaluación a partir de marcadores o métodos que analicen una mayor proporción del genoma, así como de genes asociados a funciones metabólicas concretas.