

16/11/2016

Reintroduciendo la marmota alpina en los Pirineos



Pese a la falta de planificación y seguimiento, la reintroducción de la marmota alpina en los Pirineos ha sido un éxito. Sin embargo, las poblaciones reintroducidas en Andorra, la Cerdanya y el Ripollès tienen muy poca diversidad genética, un aspecto crucial para adaptarse al nuevo ambiente. El tiempo dirá si este aspecto las perjudica al adaptarse a las nuevas condiciones que genera el cambio climático.

Ejemplar adulto de marmota alpina (*Marmota marmota*). Imagen de Carole et Denis Favre-Bonvin.

La conservación de las especies es un gran deber que tenemos en nuestras manos. Acciones concretas como las reintroducciones, que se basan en la liberación deliberada de individuos de una especie con la finalidad de restablecerla en un área en la cual se extinguió, son una buena manera de contribuir. Desafortunadamente, más de un tercio de las reintroducciones (¡que cuestan mucho dinero!) fracasan debido a la falta de estudios previos, a un seguimiento posterior inadecuado, o bien por una baja diversidad genética. Que las poblaciones sean diversas genéticamente es importante en general, pero lo es más aún cuando las poblaciones son pequeñas, como es habitual en las poblaciones reintroducidas. El problema radica en el hecho que la falta de diversidad genética reduce la capacidad de adaptarse al nuevo ambiente.

Una reintroducción poco planificada: el caso de la marmota alpina (*Marmota marmota*)

La marmota alpina se extinguió de los Pirineos hace más de 15.000 años. Entre 1948 y 1988 se reintrodujeron en distintas zonas del Pirineo francés unos 400 ejemplares de marmota procedentes de los Alpes franceses (¡no se sabe con exactitud ni cuantos ni de donde se cogieron!). La marmota rápidamente se restableció y colonizó casi toda la cara sur del Pirineo.

Gracias a unos cuantos pelos para extraer el ADN y a la colaboración entre LBBE (Laboratoire de Biométrie et Biologie Evolutive, Lyon, Francia) y el CREAM (Centre de Recerca Ecològica i Aplicacions Forestals, UAB), hemos podido descubrir que las tres poblaciones pirenaicas estudiadas (Andorra, la Cerdanya y el Ripollès) tienen una baja diversidad genética, que proviene solamente de dos poblaciones alpinas y que no ha habido intercambio genético entre ellas. Más concretamente, las marmotas de Andorra y la Cerdanya provienen de Mercantour, al sur de los Alpes; mientras que las del Ripollès provienen del norte, de la región de Vanoise. Como las poblaciones del Pirineo no han intercambiado material genético, cada población del Pirineo aún se parece mucho a la población de origen de los Alpes, y por eso hemos podido identificar su origen con mucha precisión.

Pese a la falta tanto de planificación como de seguimiento y la baja diversidad genética de las poblaciones estudiadas, la reintroducción de la marmota alpina ha sido todo un éxito. De todas formas, debe considerarse un caso excepcional. En este debe subrayarse la importancia de elegir un número suficiente de individuos a reintroducir así como el hecho que estos individuos sean genéticamente diversos con tal de aumentar el número de reintroducciones con éxito. Actualmente hay pocos casos de reintroducciones que hayan utilizado la diversidad genética como factor de selección de los individuos a reintroducir. Pero aún queda un último interrogante para las marmotas del Pirineo: ¿serán capaces de adaptarse al nuevo ambiente que genera el cambio climático con esta baja diversidad genética?

 Reserva Natural de la Grande Sassièrre (Alpes franceses), donde se ha llevado a cabo una parte de la investigación.

Reserva Natural de la Grande Sassièrre (Alpes franceses), donde se ha llevado a cabo una parte de la investigación.

Imagen de Carole et Denis Favre-Bonvin.

Mariona Ferrandiz Rovira

Investigadora postdoctoral

Centre de Recerca Ecològica i Aplicacions Forestals (CREAF)

mariona.ferrandiz@uab.cat

935812934

Referencias

Bichet, C., Sauzet, S., Averty, L. et al. Multiple geographic origins and high genetic differentiation of the Alpine marmots reintroduced in the Pyrenees. *Conservation Genetics*. 2016 17: 1157. doi:10.1007/s10592-016-0851-4

[View low-bandwidth version](#)