

VI Congreso de Novedades en Investigación Zoológica

Máster Universitario en Zoología
Departamento de Biodiversidad Ecología y Evolución



Viernes 17 de mayo 2019
10:30 – 18:00 h
Salón de actos Facultad CC Biológicas
Universidad Complutense de Madrid

Monitoreo genético no invasivo de una población de nutrias silvestres en los Países Bajos

Francesca A. Lioce^{1,2}, Dino Scaravelli³, G. Arjen de Groot⁴, Maria Vallisneri¹

¹*Dipartimento di Scienze Biologiche, Geologiche e Ambientali, Università di Bologna*

²*Centro actual: Departamento de Biodiversidad, Ecología y Evolución, Universidad Complutense de Madrid*

³*Dipartimento di Scienze Mediche Veterinarie, Università di Bologna*

⁴*Wageningen Environmental Research (WENR), Wageningen*

flioce@ucm.es

La Nutria Eurasiática (*Lutra lutra*) se considera Casi Amenazada en la Lista Roja de UICN, lo que significa que corre un alto riesgo de extinción en la naturaleza en muchas partes de su área de distribución. En los Países Bajos, fue declarada extinta en 1989 y en 2002 el Ministerio de Agricultura, Manejo de la Naturaleza y Pesca comenzó un programa de reintroducción. El grupo de investigación Wageningen Environmental Research WENR (ex Alterra) recibió el encargo de monitorear la nueva población de nutrias y, para este fin, se utilizó un método genético no invasivo. En este trabajo estudiamos la variabilidad genética de una subpoblación de nutrias silvestres en la región fronteriza entre Países Bajos y Alemania y evaluamos si las variables ambientales y de laboratorio, como la temperatura en el momento de la recolección y el tiempo de almacenamiento, podrían influir en la tasa de éxito de la amplificación. Dado que utilizamos solo una pequeña fracción del total de la población, implementamos los resultados de los análisis genéticos de la población total para evaluar la variabilidad genética de la nutria en comparación con años anteriores. Los resultados mostraron que la variación genética en la población holandesa sigue siendo aproximadamente la misma del año pasado, pero dentro de la cohorte de nuevos individuos ha disminuido. La variación genética dentro de los individuos ha disminuido, lo que sugiere un aumento en el nivel de inbreeding. Por otro lado, la subpoblación central muestra un aumento en la variabilidad genética dentro de la población.

Se realizó un análisis de regresión logística para evaluar si los factores ambientales afectan la tasa de éxito de la amplificación; los resultados destacan la importancia de considerar varias variables en este tipo de investigaciones; de hecho, en nuestro análisis hubo factores externos que no controlamos y la temperatura se confundió con otros factores ambientales, lo que requirió la necesidad de investigación adicional.