

JORNADAS CIENTÍFICAS DEL PARQUE NACIONAL DE LA SIERRA DE GUADARRAMA

Del 22 al 24 de septiembre de 2026
Residencia Lucas Olazábal
Cercedilla, Madrid



Ciencia como herramienta para gestionar el parque

Jueves, 24 de septiembre

Variabilidad genética en las actuaciones de conservación

09:00 09:30 **Investigación y gestión para la conservación de la cabra montés. El caso de la población de Sierra Nevada**

José Enrique Granados. Servicio de Gestión del Medio Natural. Junta de Andalucía.

09:30 10:00 **Endemismos ocultos en la trucha común: herramientas genéticas para su identificación y conservación**

Nuria Sanz. Laboratori d'Ictiologia Genètica. Departament de Biologia. Universitat de Girona.

10:00 10:30 **El ADN del río: genética y conservación del desmán ibérico**

Luis Royo. Área de Genética. Departamento de Biología Funcional. Universidad Oviedo.

Endemismos ocultos en la trucha común: herramientas genéticas para su identificación y conservación

El estudio de los genes nos permite conocer el pasado y predecir el futuro de una población/especie

ACTUALIDAD 

Programa de Cría de la Raza Frisona en España

De evaluar el pasado a predecir el futuro

José Antonio Jiménez
Departamento Técnico de CONAFE



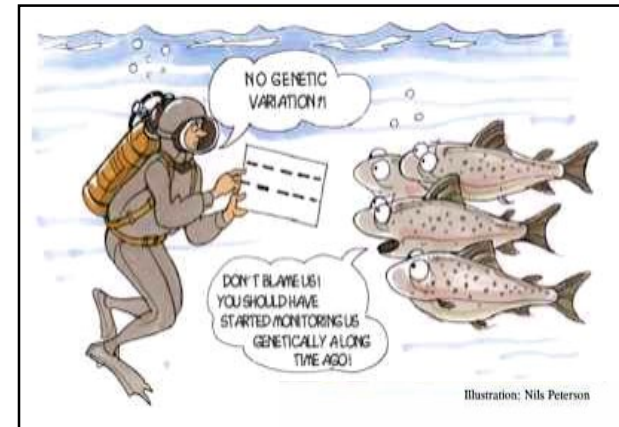
19/04/2024

En los últimos 10 años, el Programa de Cría de la Raza Frisona en España ha experimentado una revolución gracias a la introducción de la selección genómica. Esta herramienta ha permitido la transición desde la evaluación [genética] de datos históricos de granjas hacia la capacidad de prever el futuro de los animales. A lo largo de este texto, exploraremos cuatro aspectos fundamentales que han mejorado gracias a estas nuevas herramientas.



El genoma de los peces: clave para entender el pasado y predecir el futuro de los océanos

Estudiar la genética de los peces tiene múltiples aplicaciones, desde entender la evolución y catalogar la diversidad hasta la evaluación de la salud de los ecosistemas marinos. En AZTI, nos enfocamos en comprender la conectividad entre poblaciones de peces y su resiliencia, es decir, su capacidad para adaptarse a cambios ambientales, ambas esenciales para la conservación y la gestión sostenible de recursos marinos.



Identificar especies

Estructura/fragmentación

Diversidad genética/Ne

Introgresión

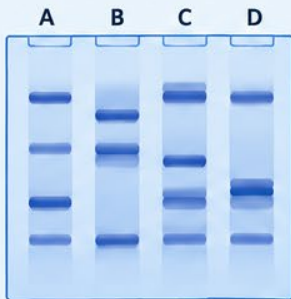
Consanguinidad

Parentesco/sexaje

Control Triploidía

Evolución de los marcadores moleculares para el estudio de poblaciones de trucha

1. Alozimas (1980s)

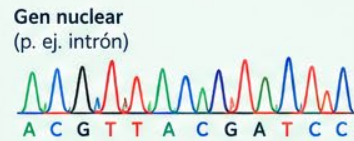
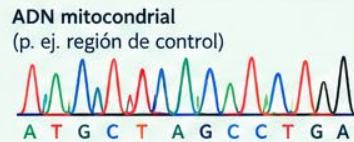


Electroforesis en gel de los variantes de aloenzimas.

- Basados en la variación de la movilidad electroforética de enzimas
- Marcadores codominantes
- Altamente informativos
- Muestreo invasivo

Primeras herramientas moleculares para la genética de poblaciones en trucha.

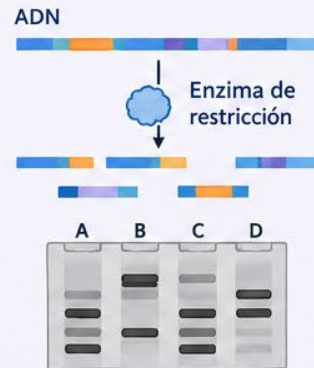
2. Secuenciación de genes mitocondriales y nucleares (1990s – principios de 2000s)



- Secuenciación de genes mitocondriales y nucleares (p. ej. región de control, intrones, RAG, etc.).
- Alta variabilidad, pero principalmente materna (mtDNA) o biparental limitada (nuclear).
- Útiles para filogeografía, estructura y demografía histórica.

Revolucionaron los estudios filogeográficos y de estructura poblacional.

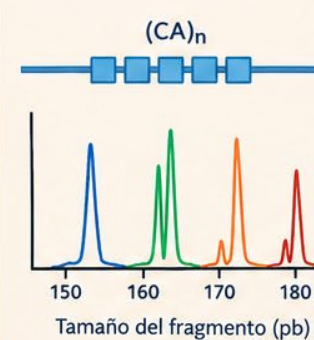
3. Enzimas de restricción (RFLP) (1990s – 2000s)



- Variación en sitios de restricción (RFLPs).
- Predominantemente codominantes (según el locus).
- Contenido de información limitado
- Laboriosos y de menor rendimiento que la secuenciación.

Actualmente su uso se limita al diagnóstico del locus de la *LDH-C*

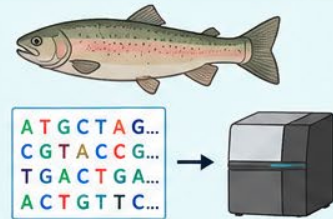
4. Microsatélites (STRs) (finales de 1990s – 2010s)



- Muy polimórficos (alta variabilidad).
- Marcadores codominantes.
- Alta información y poder para detectar estructura, flujo génico y parentesco.
- Genotipado mediante PCR y análisis de fragmentos (electroforesis capilar).

Se convirtieron en el estándar para la genética de poblaciones en muchas especies, incluida la trucha.

5. Genotipado masivo (GBS / SNPs) (2010s – presente)



	SNP1	SNP2	SNP3	SNP4	...
Ind 1	A	G	T	C	
Ind 2	C	G	A	T	
Ind 3	A	A	G	C	
Ind 4	T	G	T	C	
...	C	C	T	C	

- Miles de SNPs (p. ej. RADseq, GBS, arrays).
- Muy alta resolución para la estructura poblacional, la mezcla y la adaptación local.
- Alto rendimiento y coste-efectivo (para grandes tamaños de muestra).

Los datos genómicos aportan resolución sin precedentes y poder para estudios de poblaciones y conservación.

1980s
Genética de poblaciones inicial

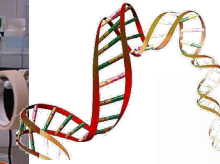
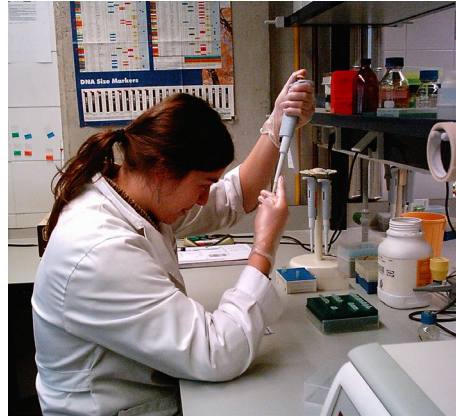
1990s
Genes mitocondriales y nucleares

1990s – 2000s
Fragmentos de restricción y polimorfismos de longitud

finales 1990s – 2010s
Microsatélites (STRs)

2010s – presente
Secuenciación masiva de nueva generación

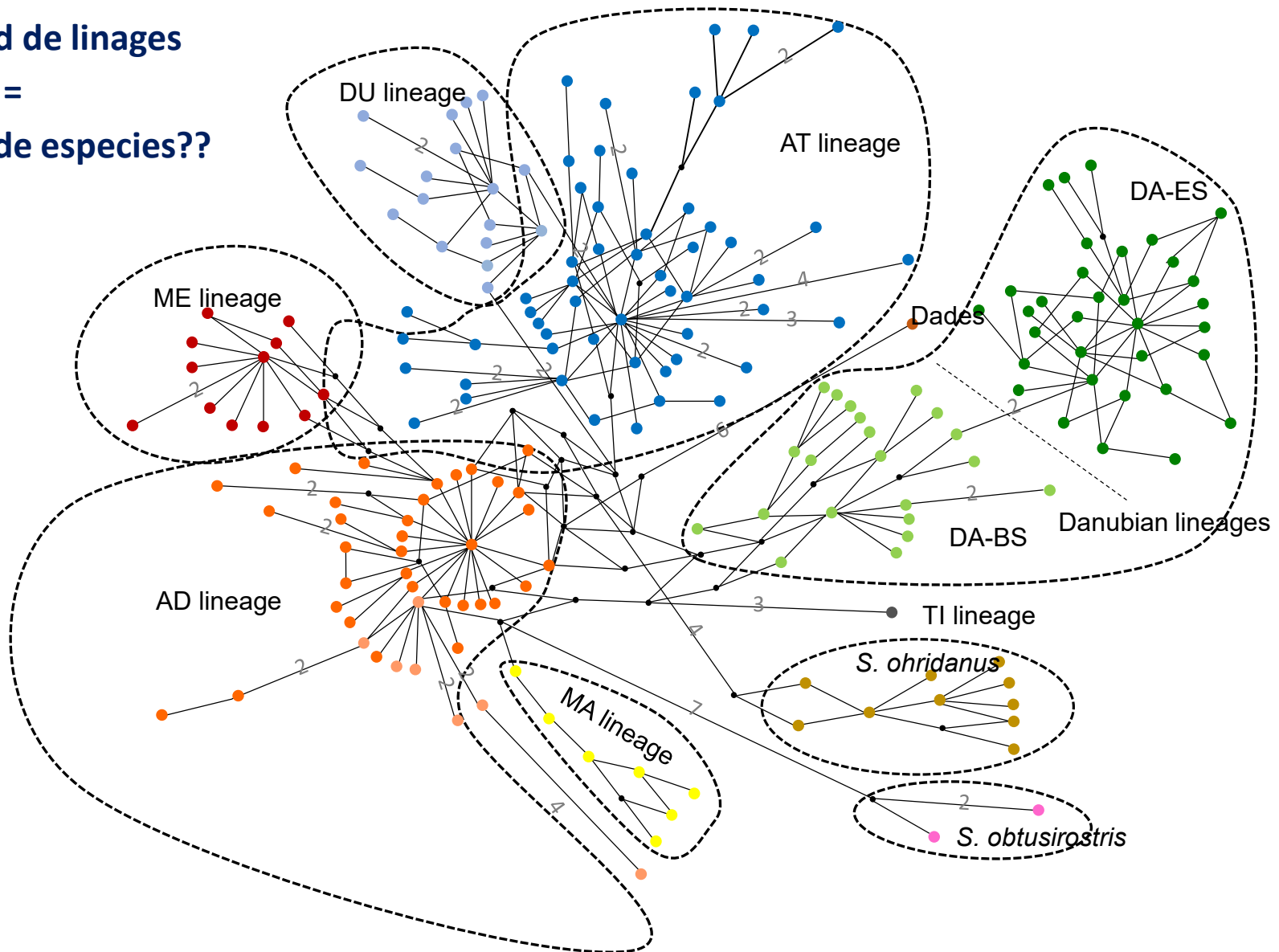
SECUENCIACIÓN DE GENES PARA LA IDENTIFICACIÓN DE ESPECIES



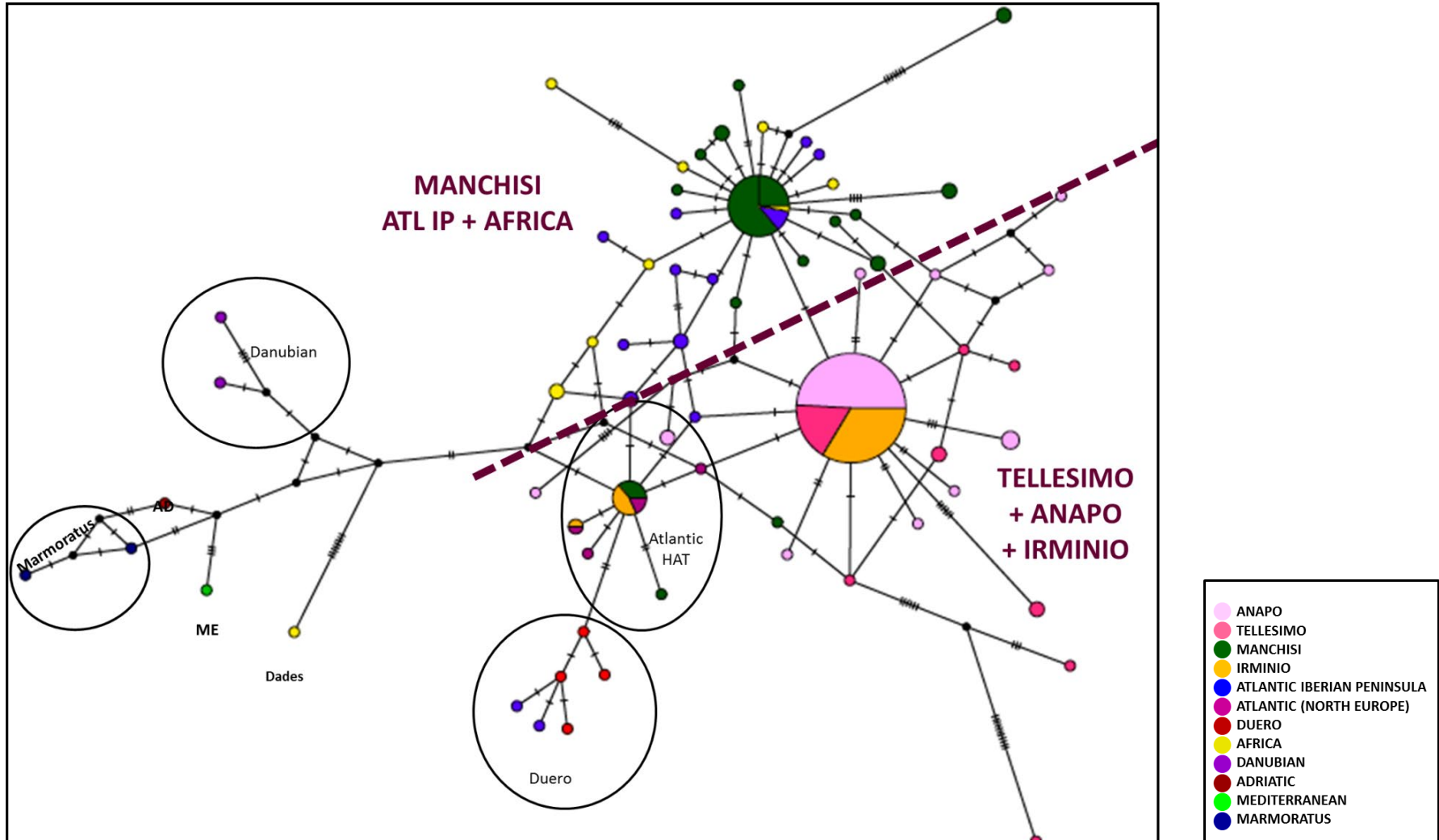
S. macrostigma *S. peristericus*
S. stomachicus *S. ischchan*
S. macedonicus *S. louroensis* *S. pallaryi*
S. chilo *S. letnica*
S. montenigrinus *S. carpio* *S. t. oxianus*
S. tigridis *S. ferox*
S. labrax *S. zrmanjaensis* *S. fibreni*
S. rhodanensis *S. pelagonicus* *S. farioides*
S. labecula *S. dentex* *S. cenerinus* *S. opimus*
S. pellegrini *S. t. caspius* *S. cettii*
S. aphelios *S. visovacensis*
S. akairos *S. marmoratus*
S. nigripinnis *S. platycephalus*

FishBase: Casi 50 especies para el género *Salmo*

Diversidad de linages
=
Diversidad de especies??



Salmo cettii, ¿especie soportada genéticamente???



Región de Control del ADN mitocondrial

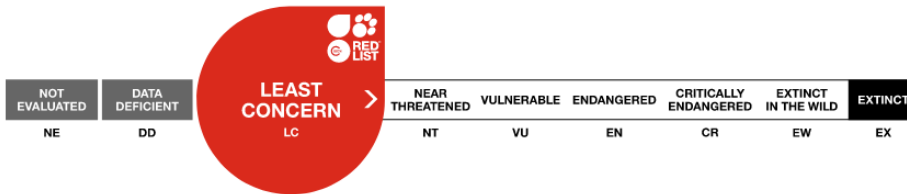


Brown Trout

Salmo trutta

CITATION

Freyhof, J. 2011. *Salmo trutta*. *The IUCN Red List of Threatened Species* 2011: e.T19861A9050312. <http://dx.doi.org/10.2305/IUCN.UK.2008.RLTS.T19861A9050312.en>. Downloaded on 12 September 2019.



Salmo ohridanus

CITATION

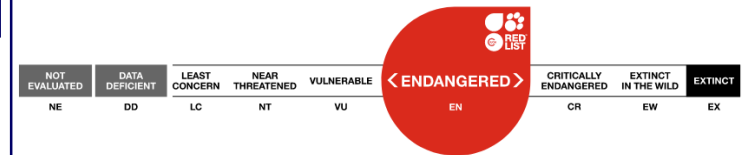
Crivelli, A.J. 2006. *Salmo ohridanus*. *The IUCN Red List of Threatened Species* 2006: e.T81A13080520. <http://dx.doi.org/10.2305/IUCN.UK.2006.RLTS.T81A13080520.en>. Downloaded on 12 September 2019.



Salmo obtusirostris

CITATION

Crivelli, A.J. 2006. *Salmo obtusirostris*. *The IUCN Red List of Threatened Species* 2006: e.T19862A9056634. <http://dx.doi.org/10.2305/IUCN.UK.2006.RLTS.T19862A9056634.en>. Downloaded on 12 September 2019.



Mediterranean Trout

Salmo cettii

ABSTRACT

Mediterranean Trout *Salmo cettii* has most recently been assessed for *The IUCN Red List of Threatened Species* in 2008. *Salmo cettii* is listed as Near Threatened.

THE RED LIST ASSESSMENT

► Freyhof, J. & Kottelat, M. 2008. *Salmo cettii*. *The IUCN Red List of Threatened Species* 2008: e.T135



IUCN, Unione Mondiale per la Conservazione della Natura, aiuta il mondo a trovare soluzioni pragmatiche per le sfide ambientali e di sviluppo più urgenti

Home | Cos'è l'IUCN | Il Comitato Italiano | Cosa facciamo | News | Liste Rosse italiane | Green List | Sostenere l'IUCN | Risorse | Cor

Liste Rosse italiane

Cosa sono le Liste Rosse

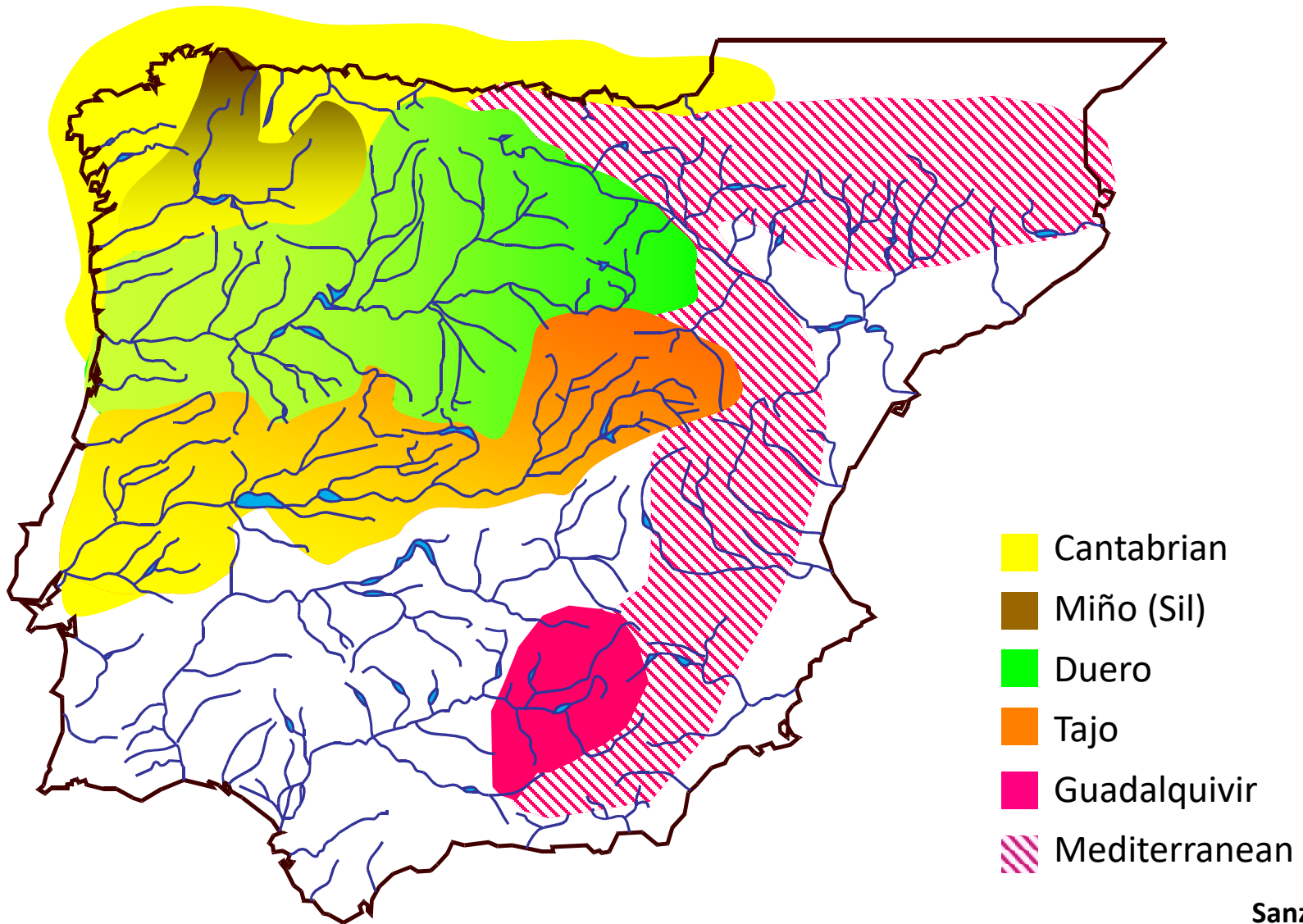
Categorie e criteri

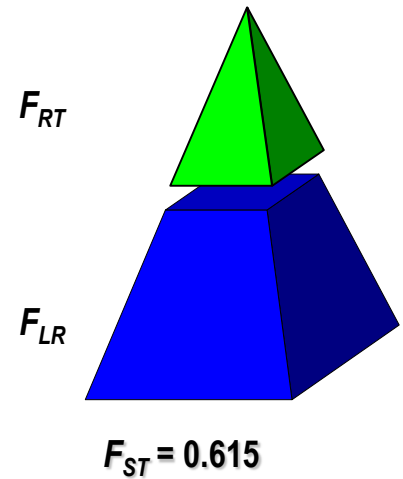
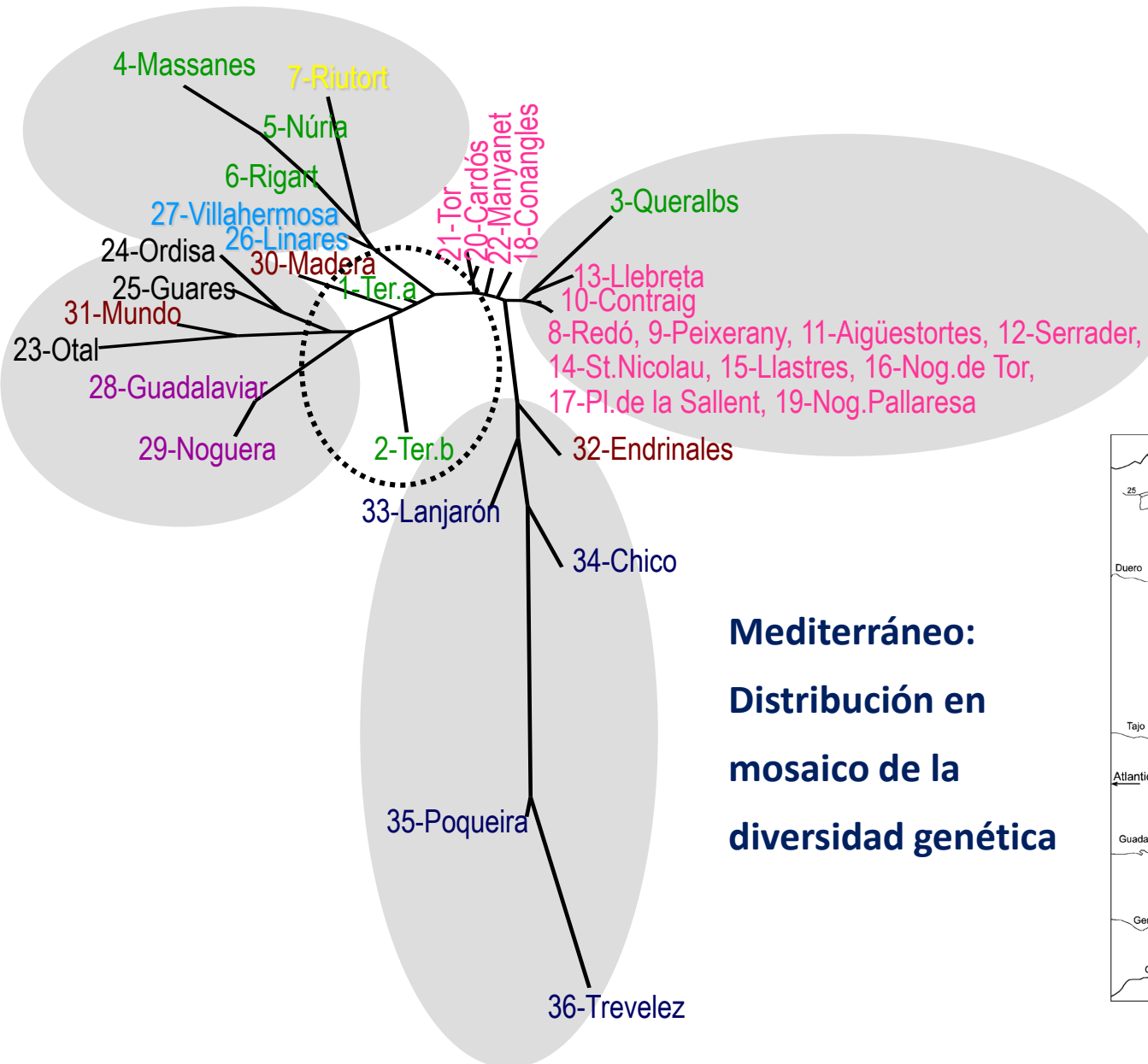
Estinta (EX)
Estinta in Ambiente Selvatico (EW)
Estinta nella Regione (RE)
In Pericolo Critico (CR)

Salmo cettii

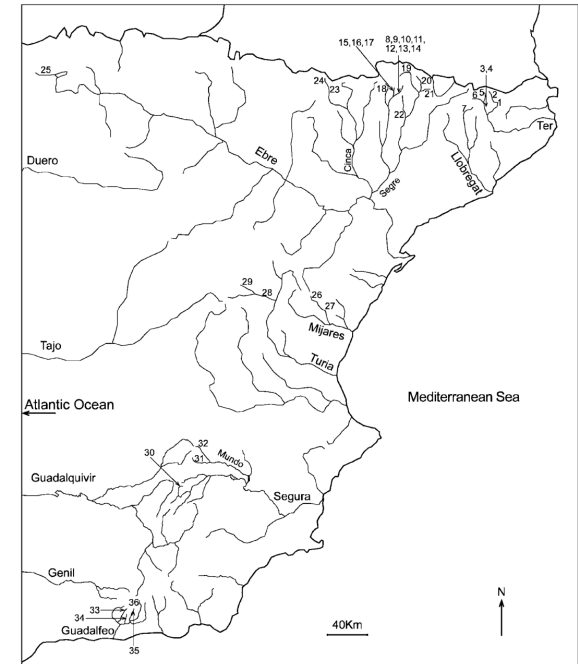


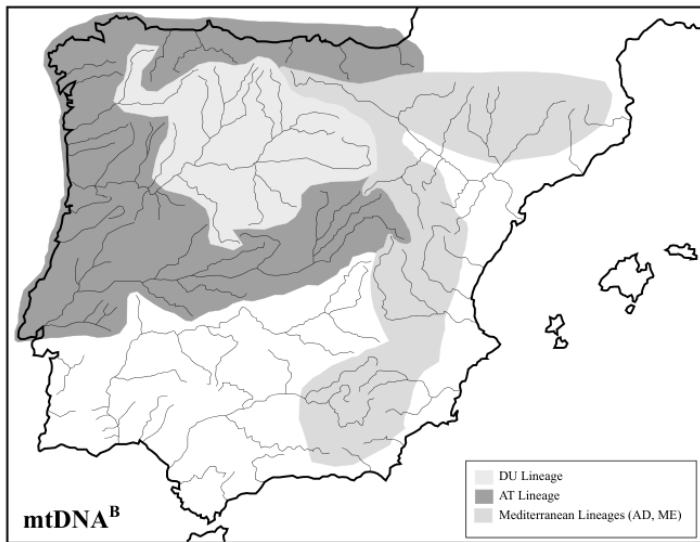
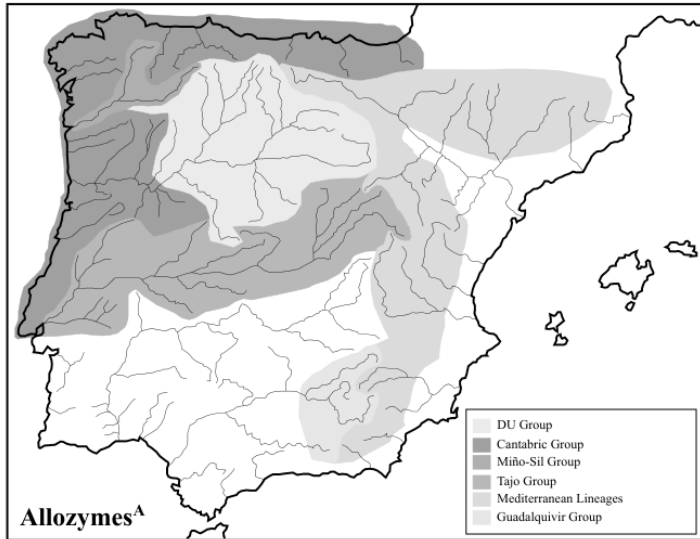
En los ríos atlánticos, existe un claro patrón hidrográfico en la distribución de la diversidad



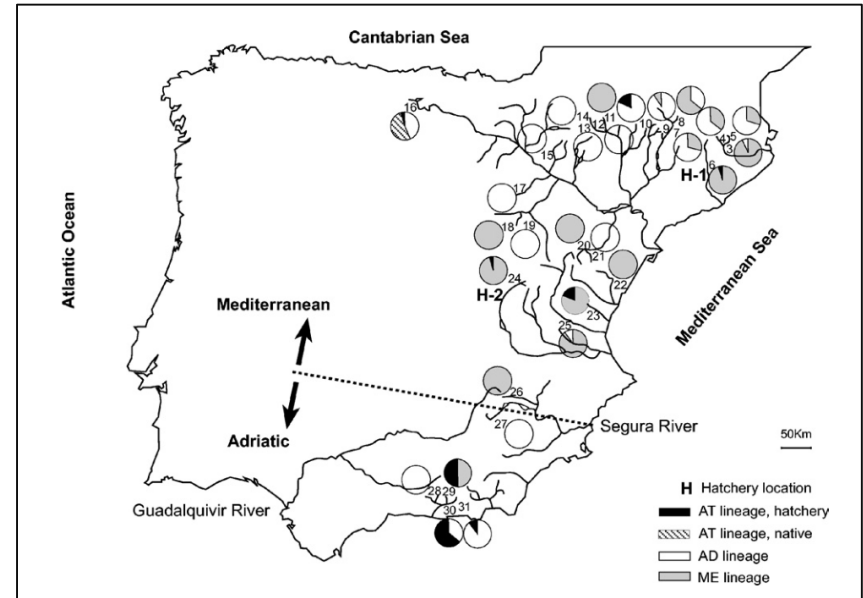


Mediterráneo:
Distribución en
mosaico de la
diversidad genética

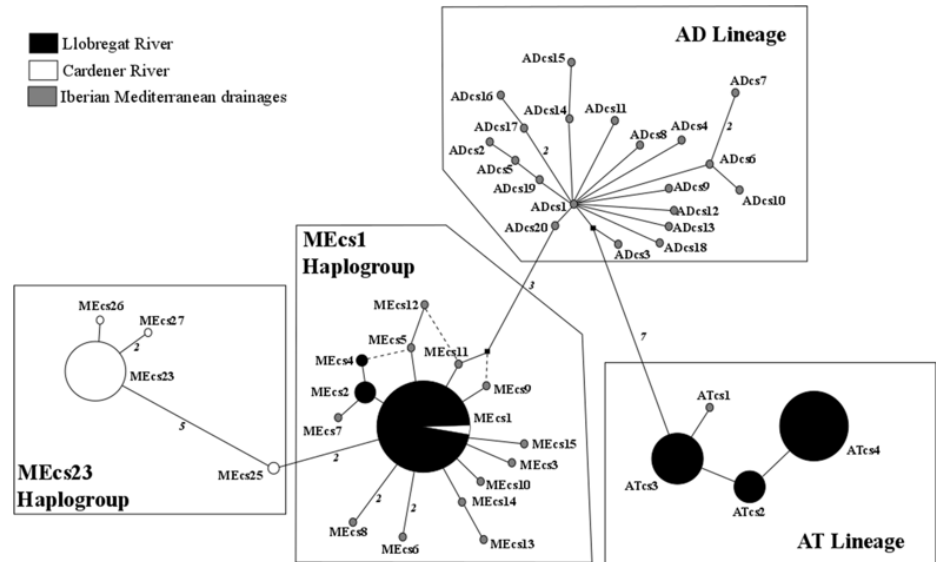




García-Marín et al. 2018

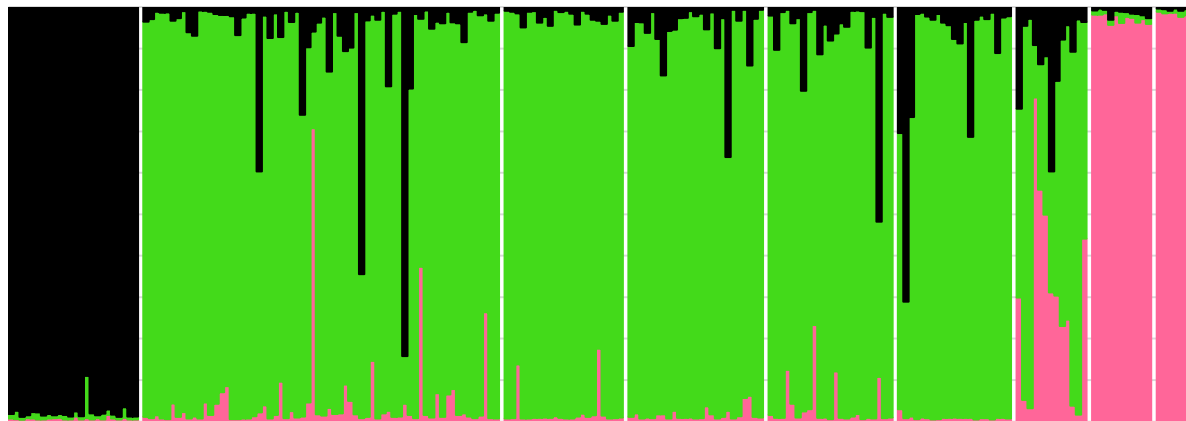
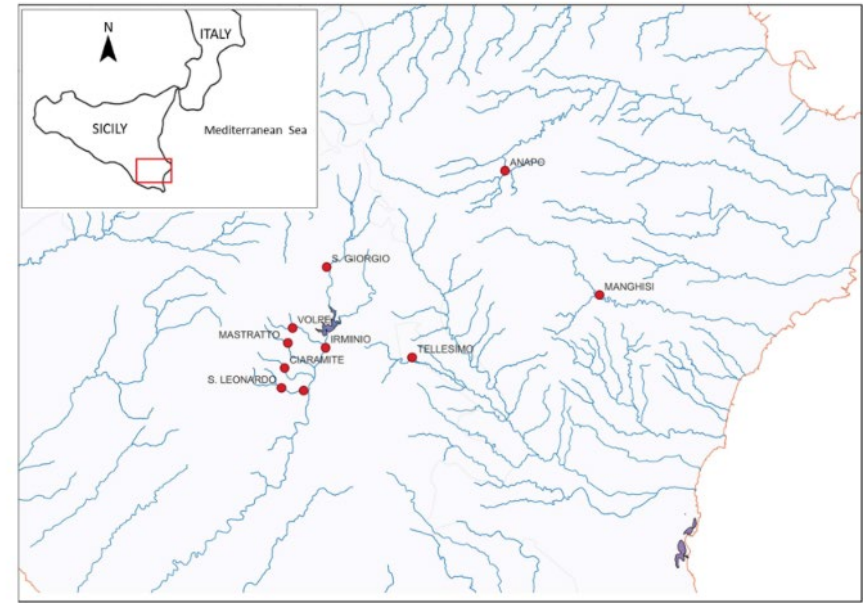
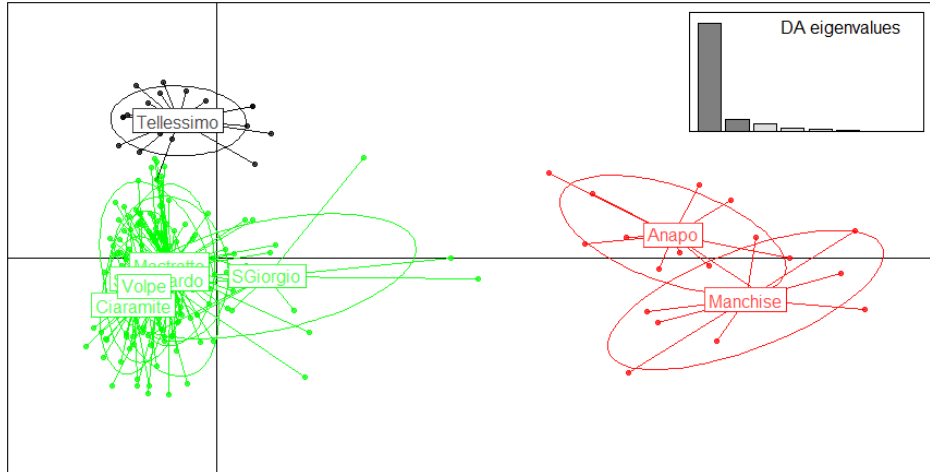


Cortey et al. 2004



Vera et al. 2019

La estructura poblacional refleja normalmente el patrón de jerarquía hidrográfica

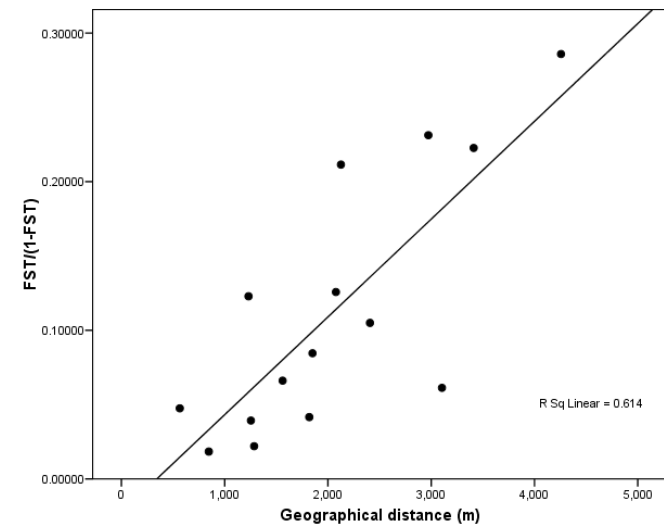
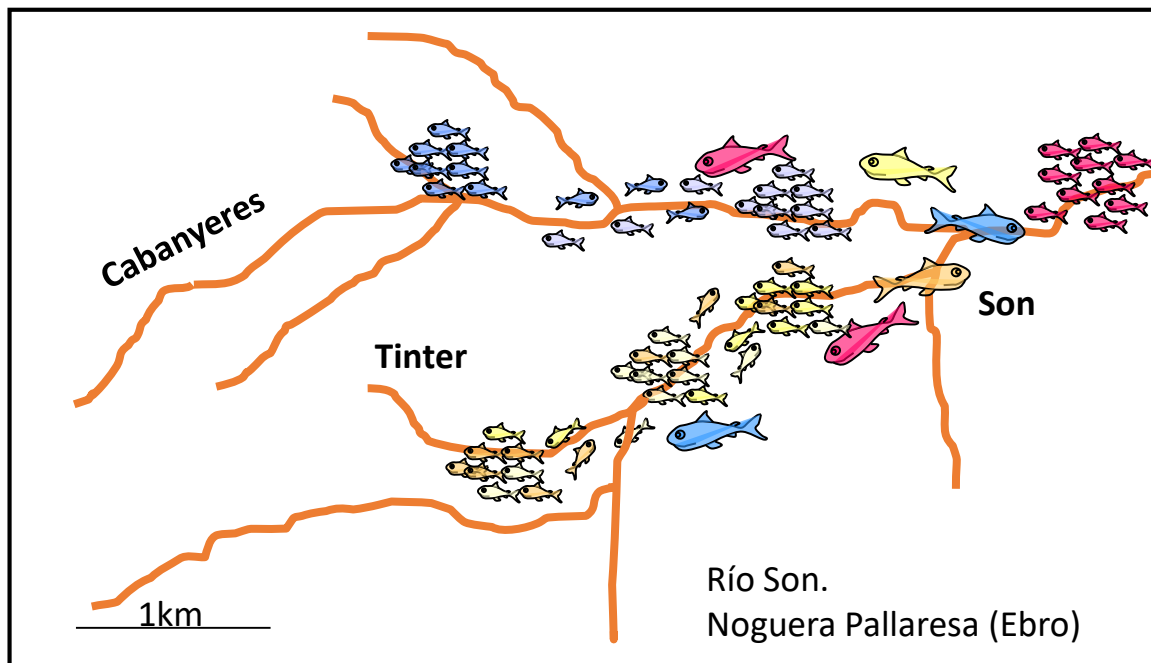


Tellesimo

Irminio

Anapo Mangishi

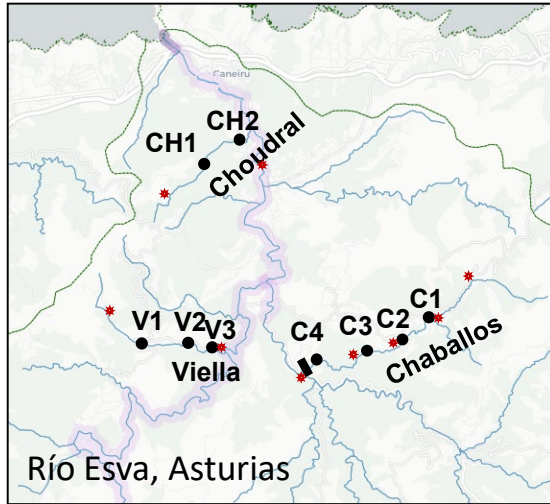
En un río sin barreras, la estructura poblacional sigue un patrón de aislamiento por distancia, modelado por la estructura jerárquica de la red hidrográfica



$R = 0,783$

$P = 0,001$

Isolation by distance

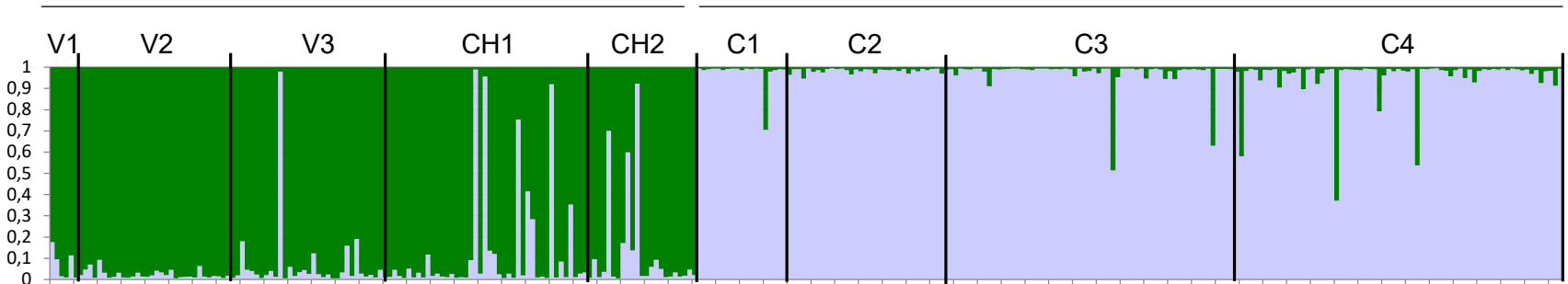


En presencia de barreras
las poblaciones se
fragmentan



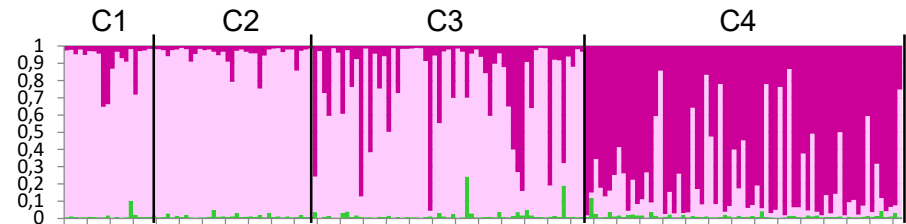
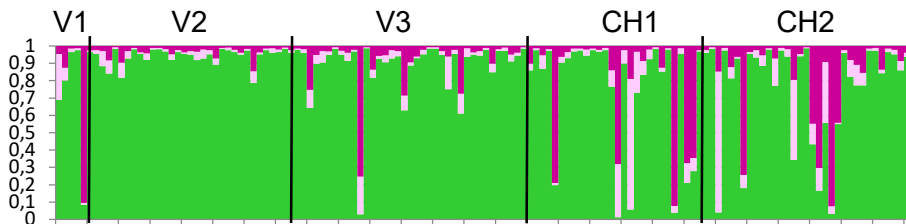
VIELLA-CHOULDAL

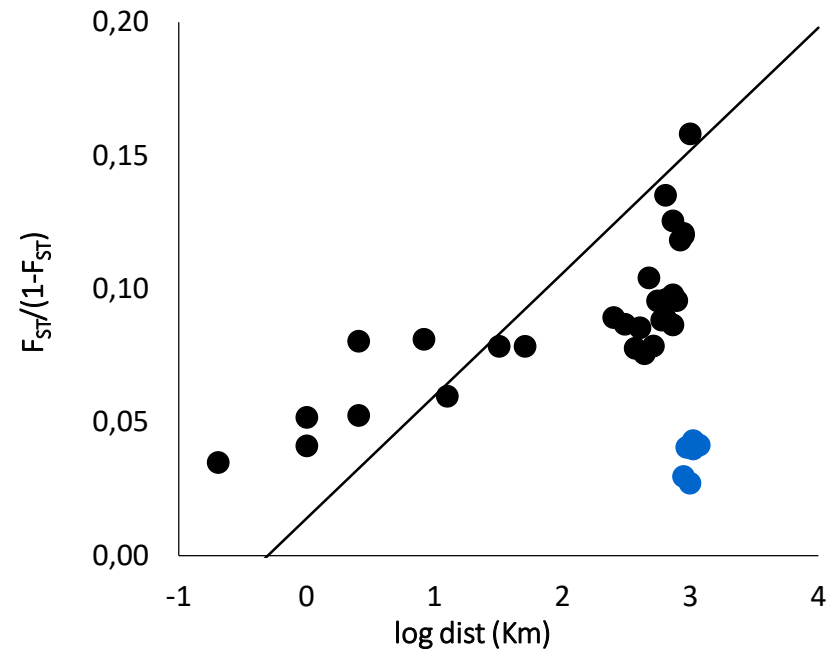
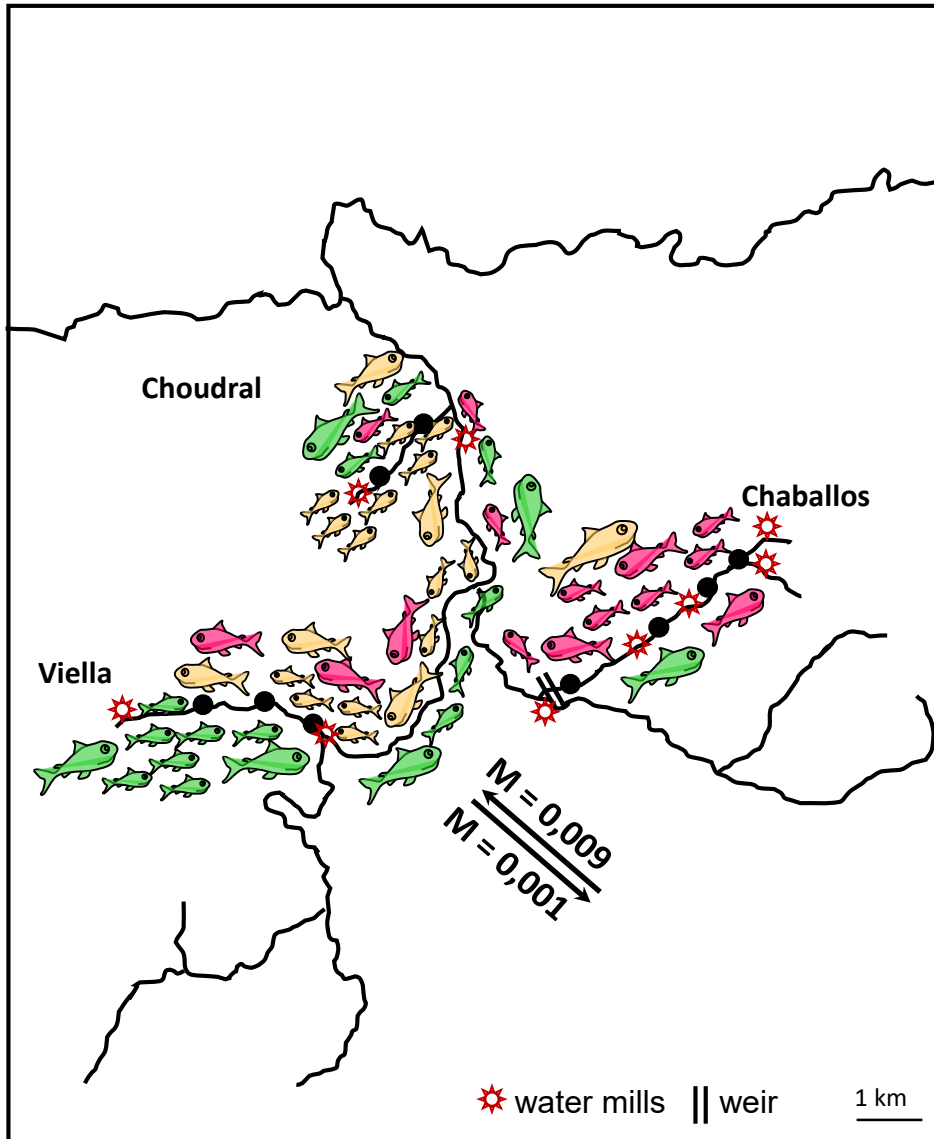
CHABALLOS



VIELLA-CHOULDAL

CHABALLOS



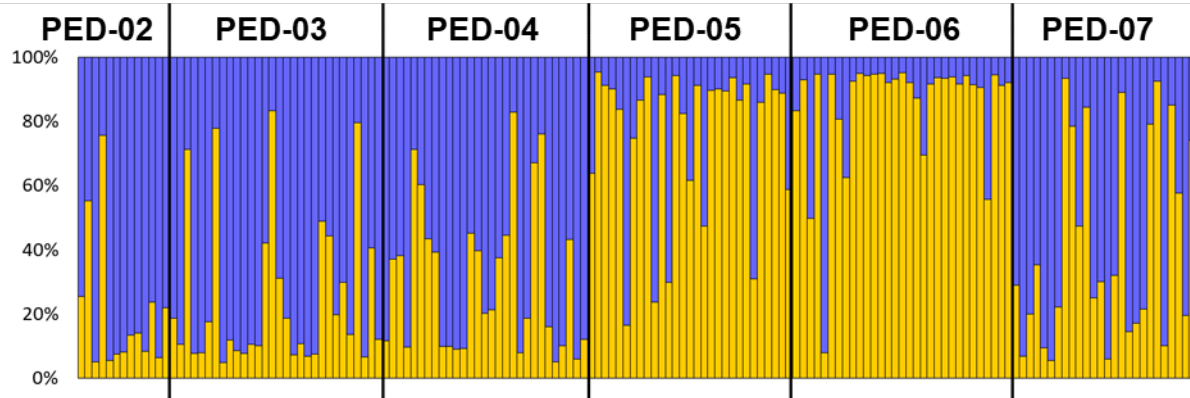


$R = 0,215$

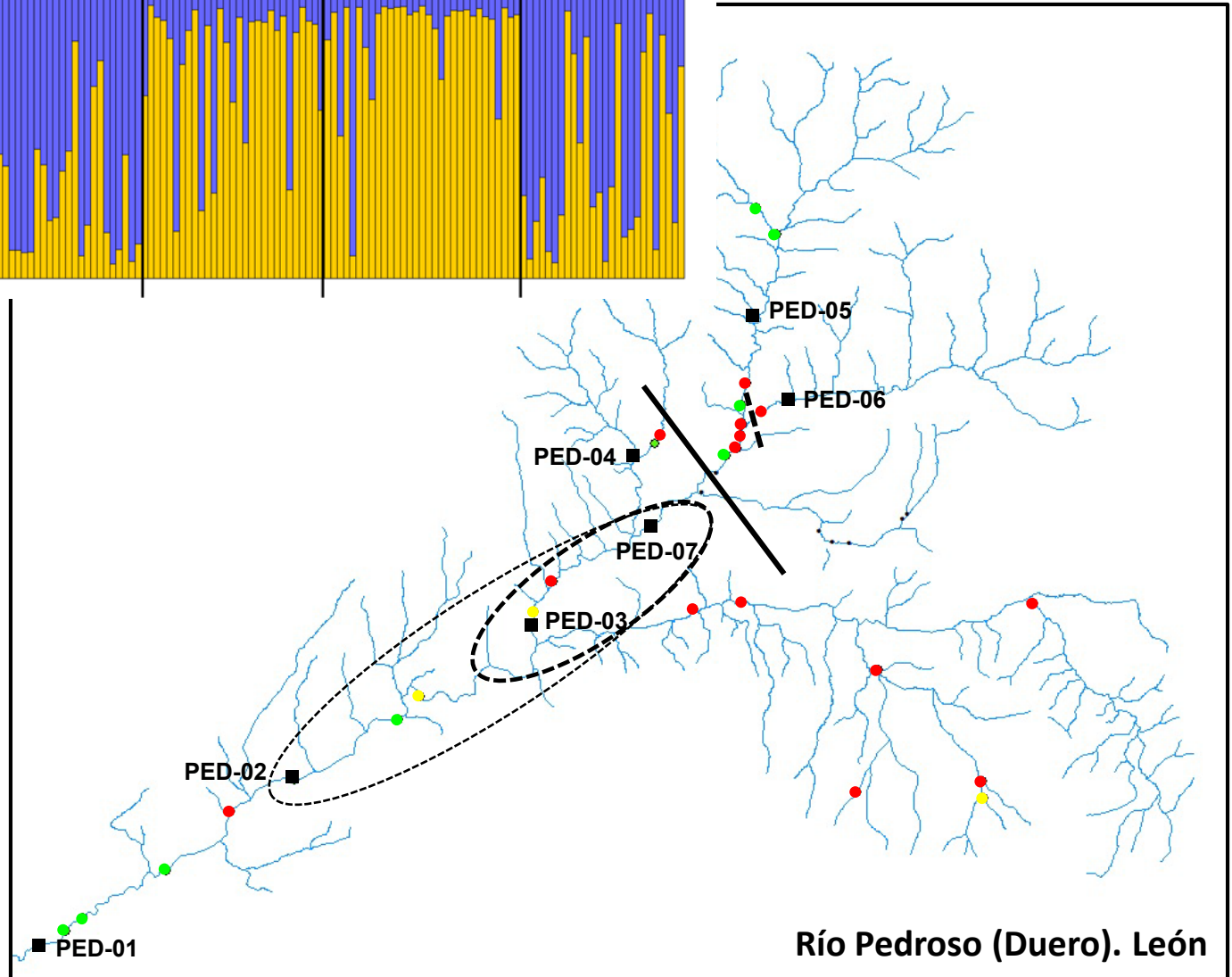
$P = 0,125$

IBD? No

...y algunas quedan aisladas

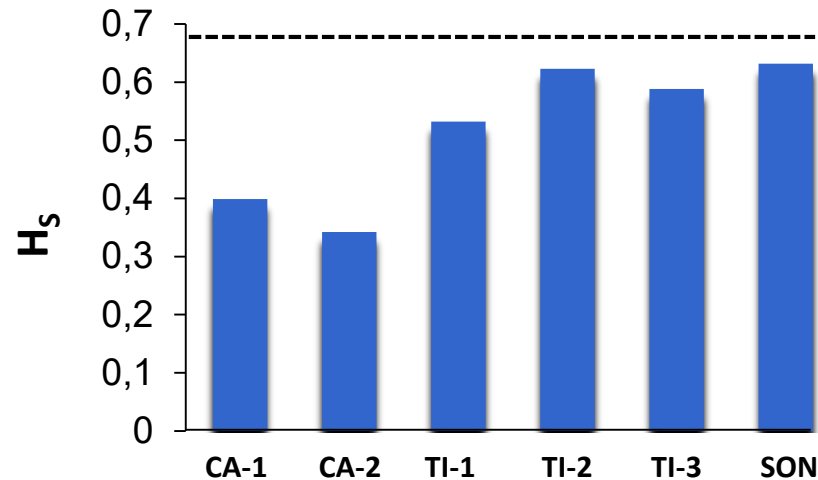


**Aislamiento de las
poblaciones de la
cabecera**



Río Pedroso (Duero). León

La diversidad genética y los tamaños efectivos son muy bajos en ríos de caudal reducido y condiciones ambientales extremas



Ne = 25,28-31,22

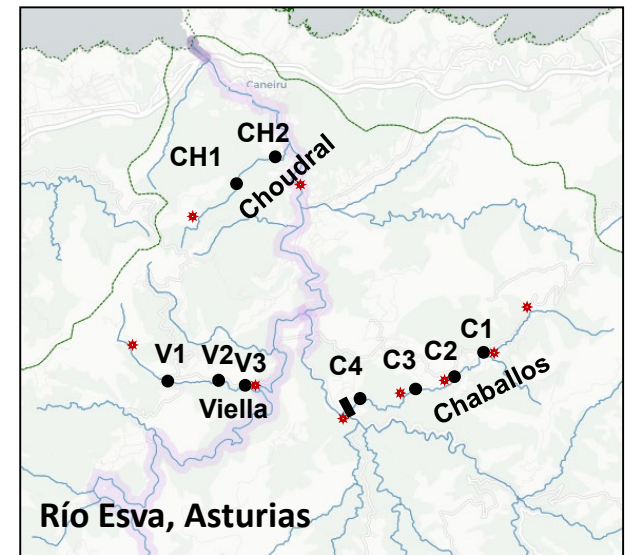
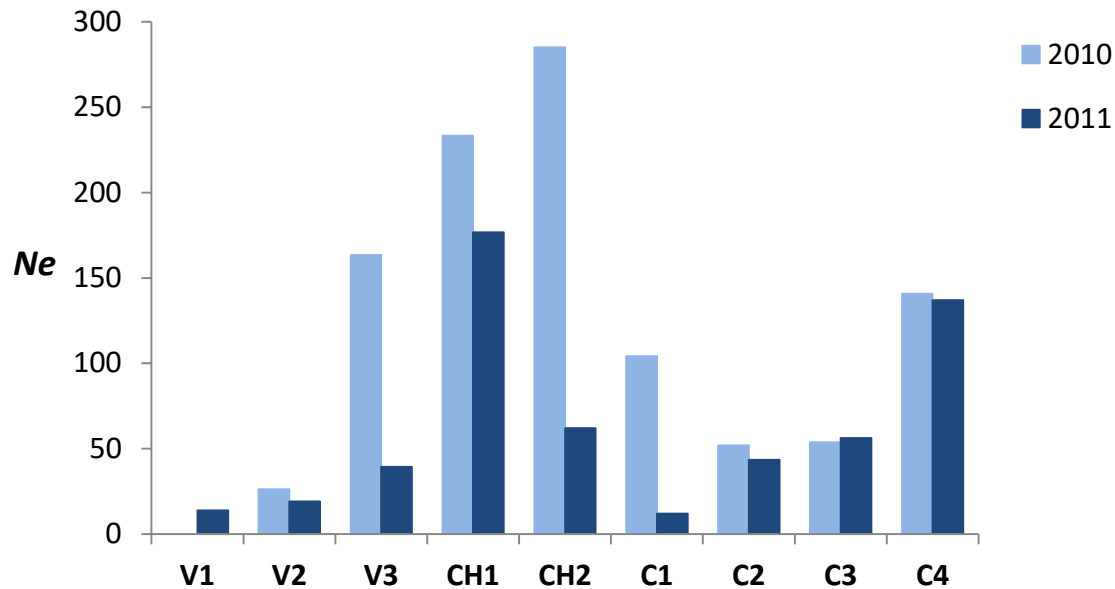
----- Hs de referencia en ríos atlánticos de la Península (Sanz et al. 2019)

Ne = 133-819 en poblaciones atlánticas (Hansen et al. 2009)

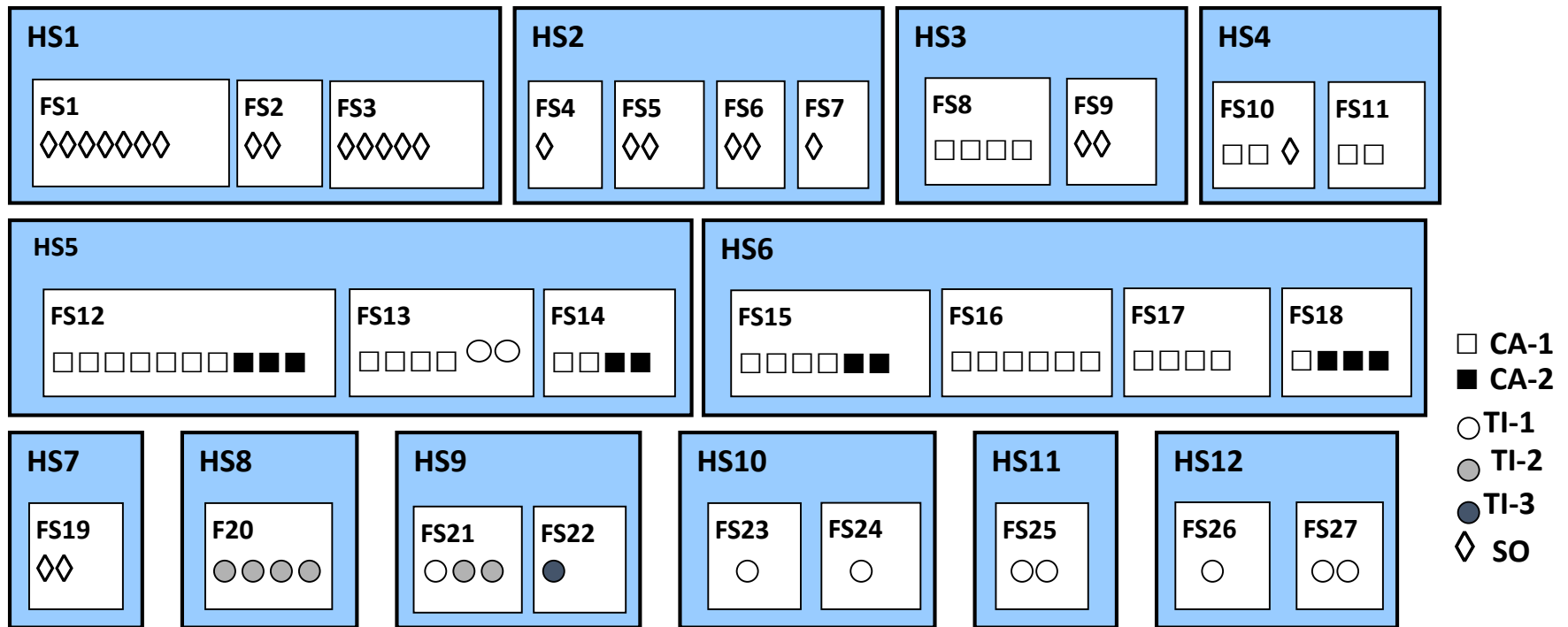


Río Son. Noguera Pallaresa (Ebro)

La diversidad y el tamaño efectivo son menores en las cabeceras

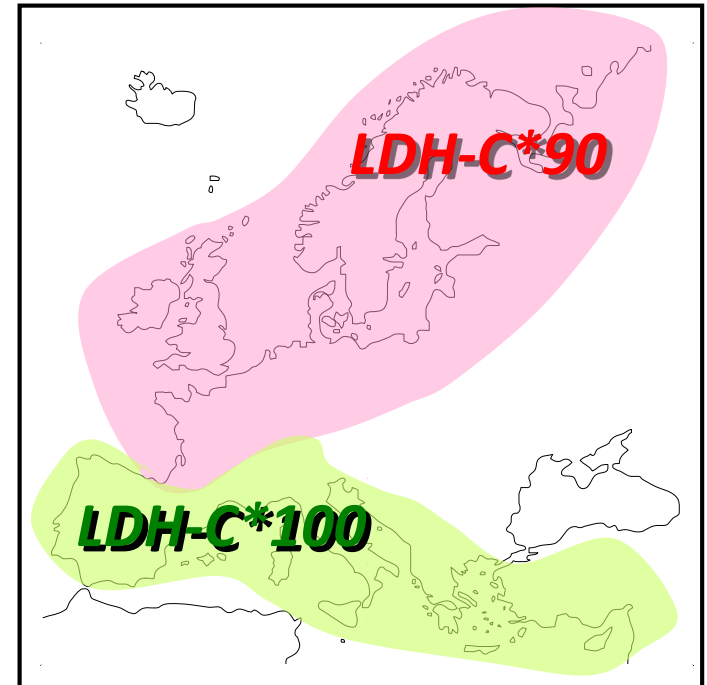
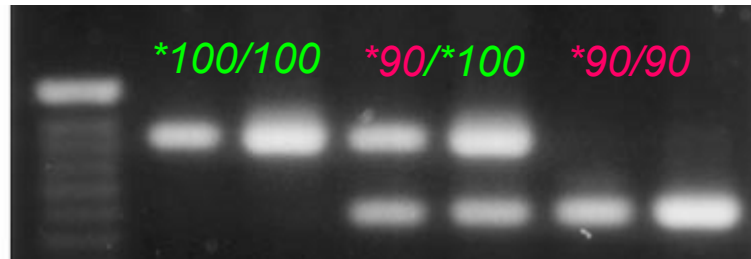


Familias con un elevado número de descendientes provocan un aumento de la variancia en la progenie, y, en consecuencia, una disminución de los tamaños efectivos

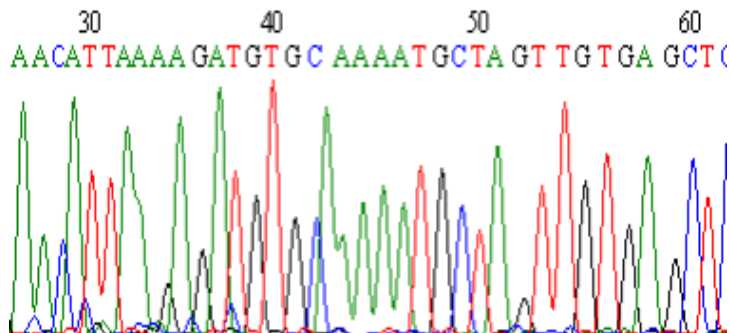


Estructura familiar en el río Son (Noguera Pallaresa, Ebro)

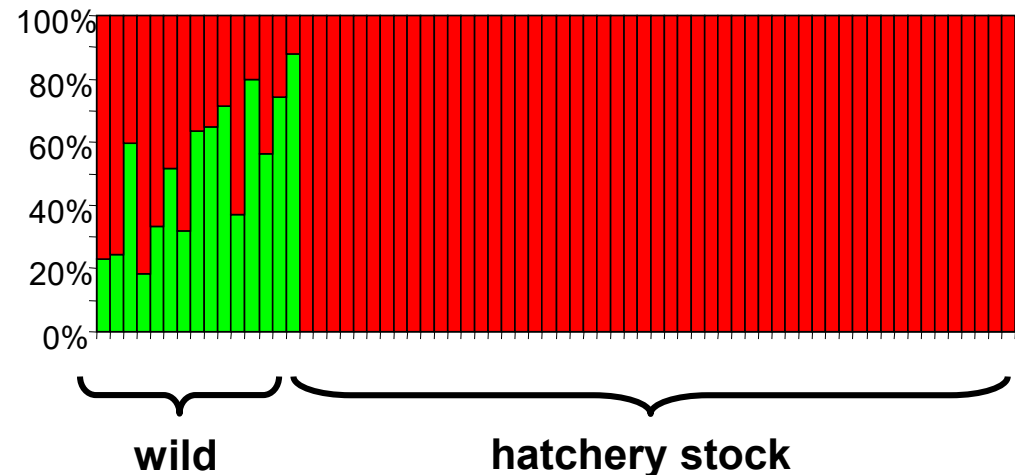
Genotipaje del locus *LDH-C** basado primero en alozimas, y, posteriormente, en PCR-RFLP (McMeel *et al.* 2001)

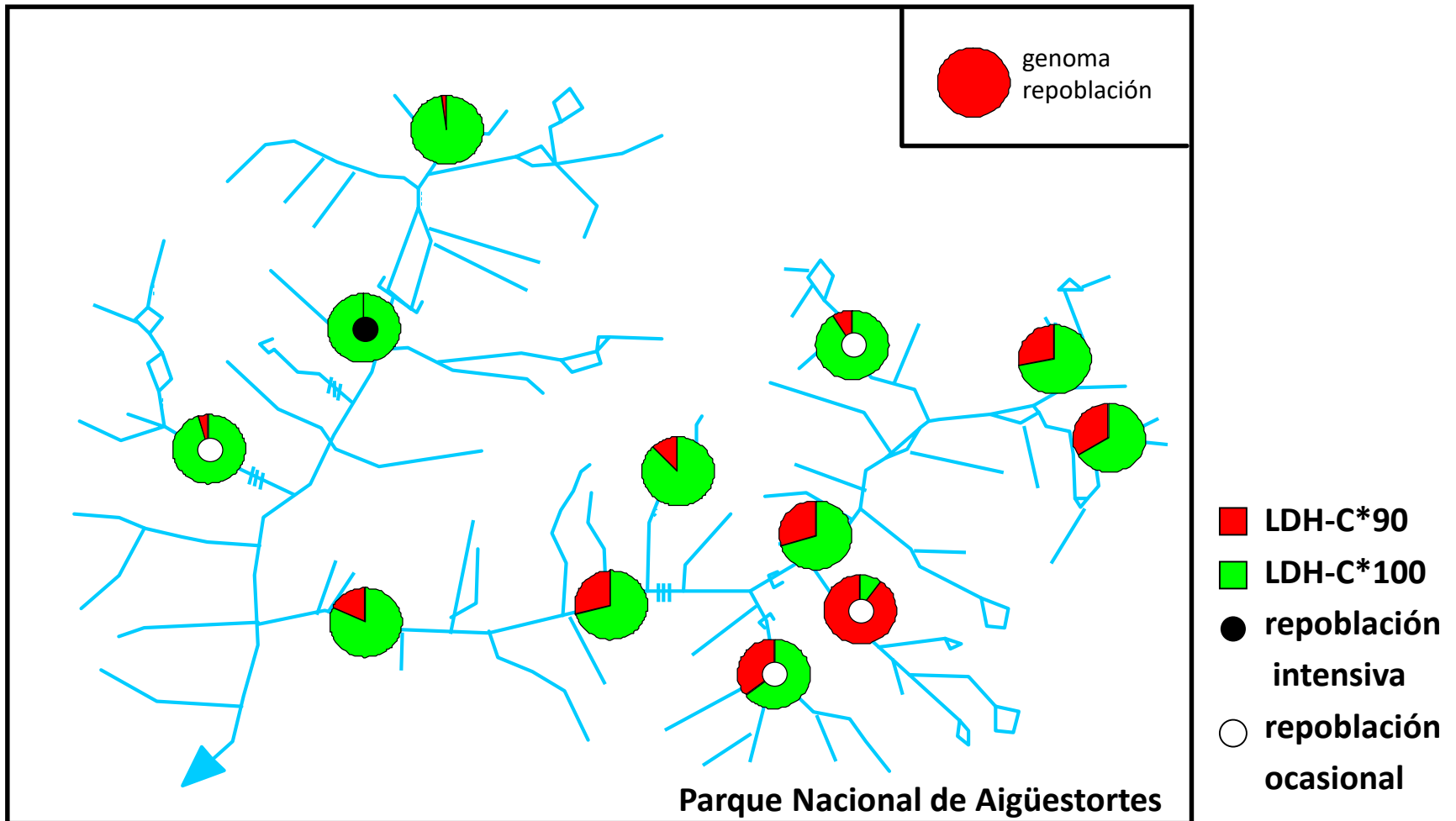


Secuenciación ADN mitocondrial



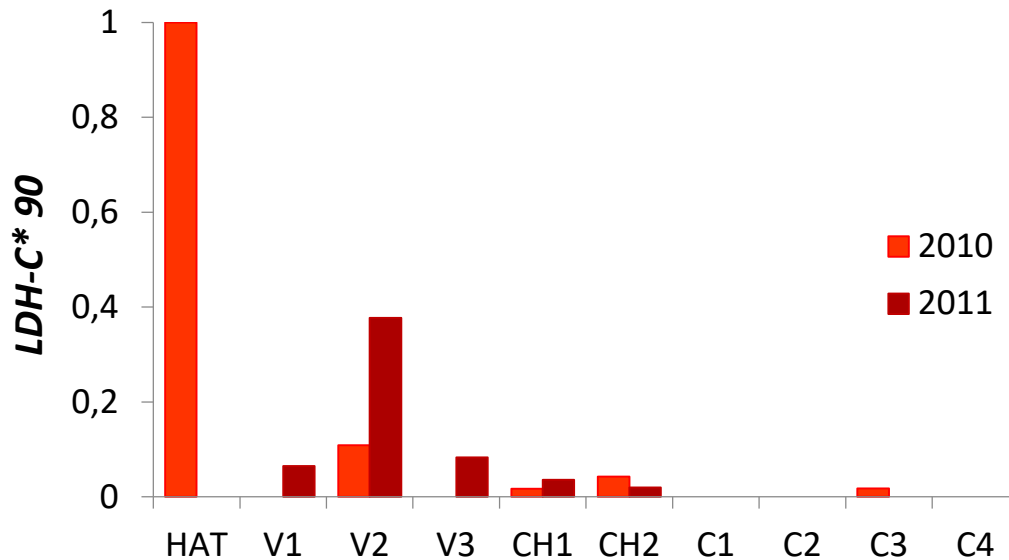
Microsatélites





Encontramos poblaciones enteramente formadas por ejemplares exógenos

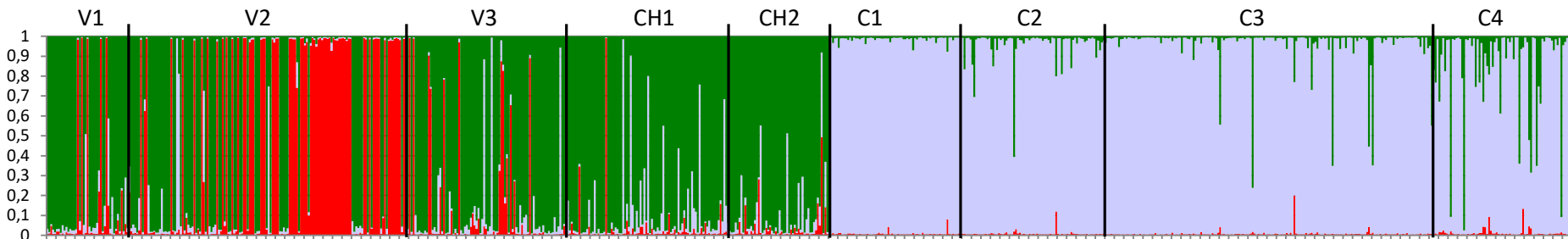
Introgresión en el río Esva (Asturias)

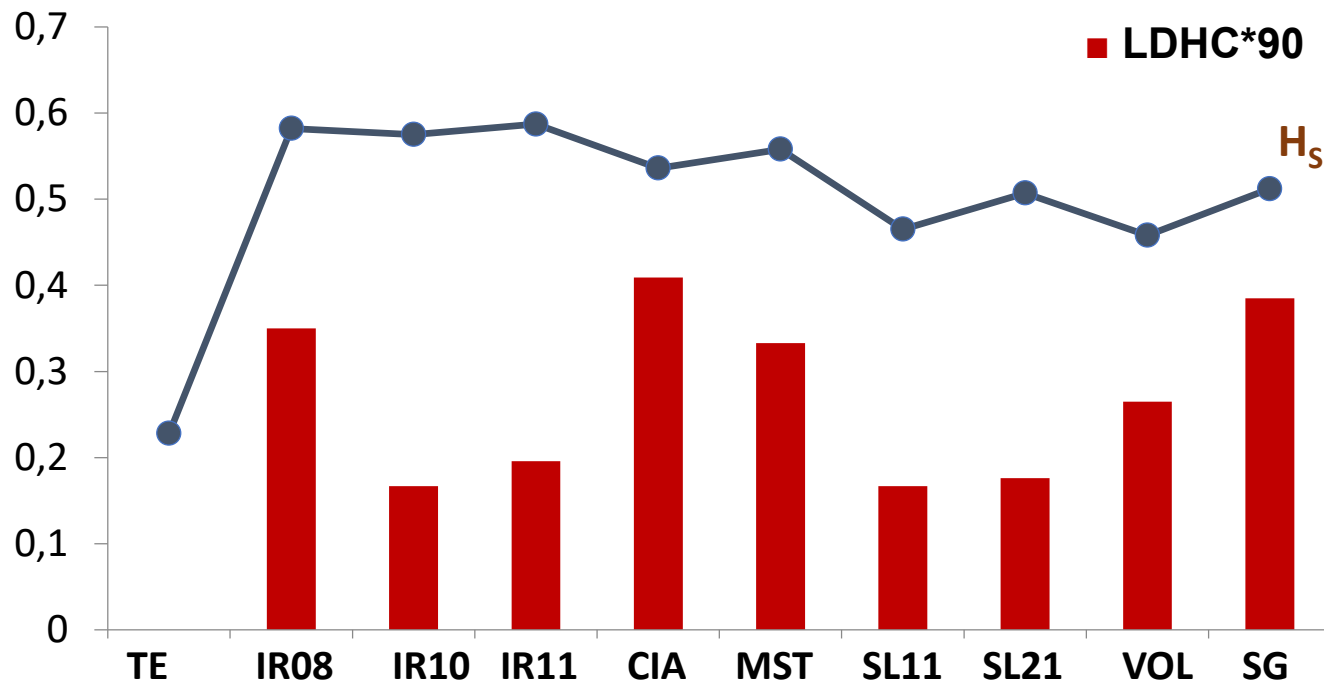


Aunque las repoblaciones con stocks exógenos están prohibidas desde 2007, los datos genéticos revelan prácticas ilegales de esta actividad en algunos ríos

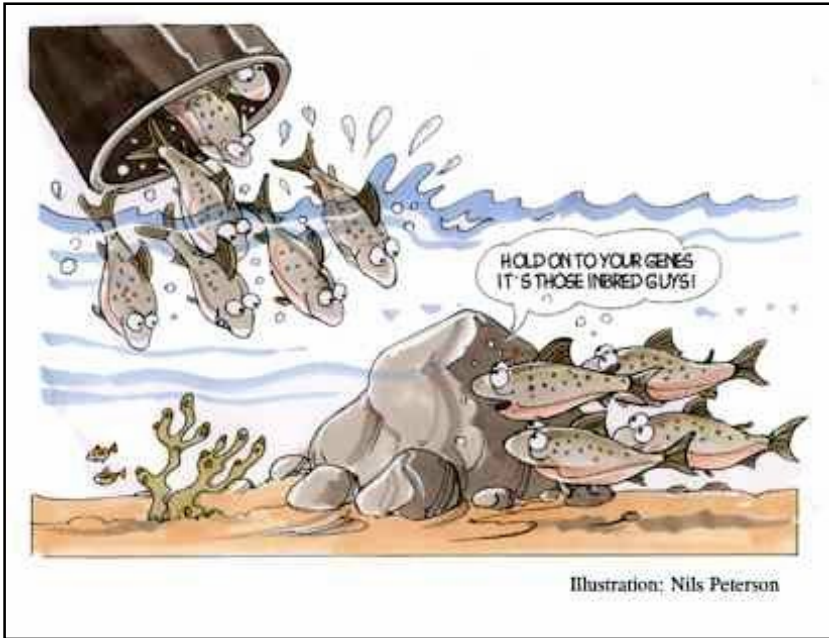
VIELLA-CHOUDRAL (2011)

CHABALLOS (2011)



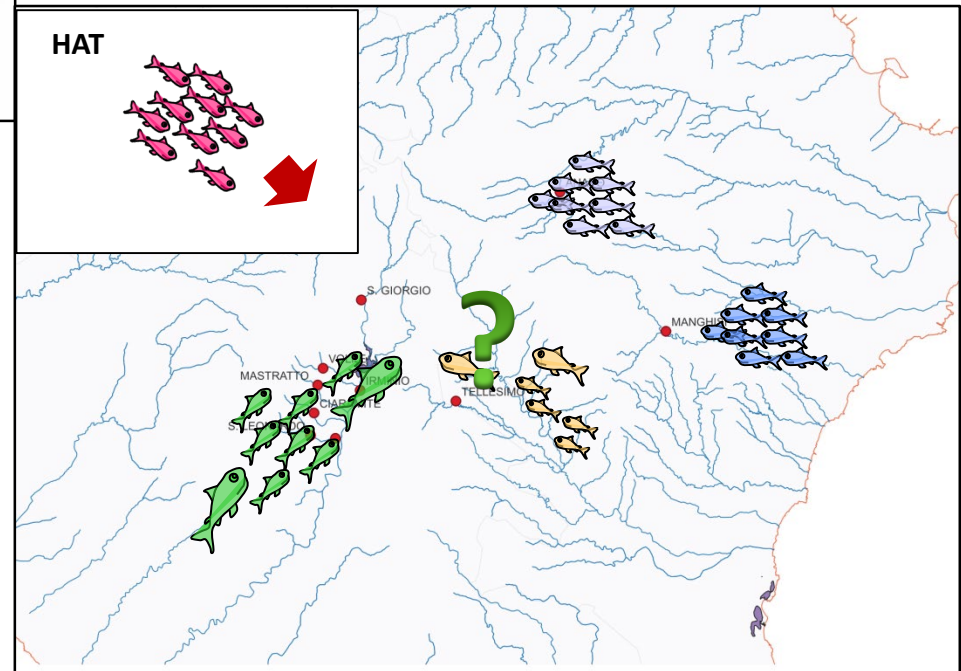


La introgresión de genes exógenos aumenta los niveles de diversidad en las poblaciones



Pero disminuye la diversidad total de la especie al homogeneizar los patrimonios genéticos de las distintas poblaciones

...en consecuencia, es difícil saber si existen endemismos ocultos bajo la introgresión...





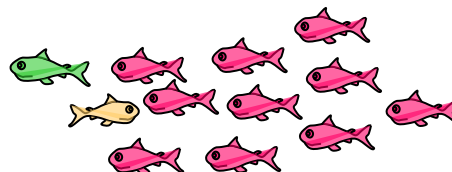
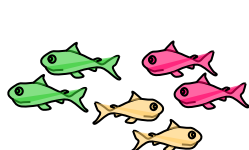
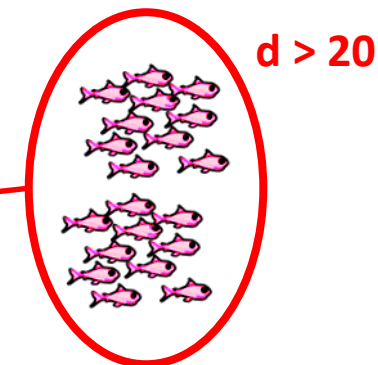
Actualmente prohibida, la repoblación con truchas de origen norte-europeo criadas en piscifactoría ha sido la principal herramienta de gestión durante muchos años...

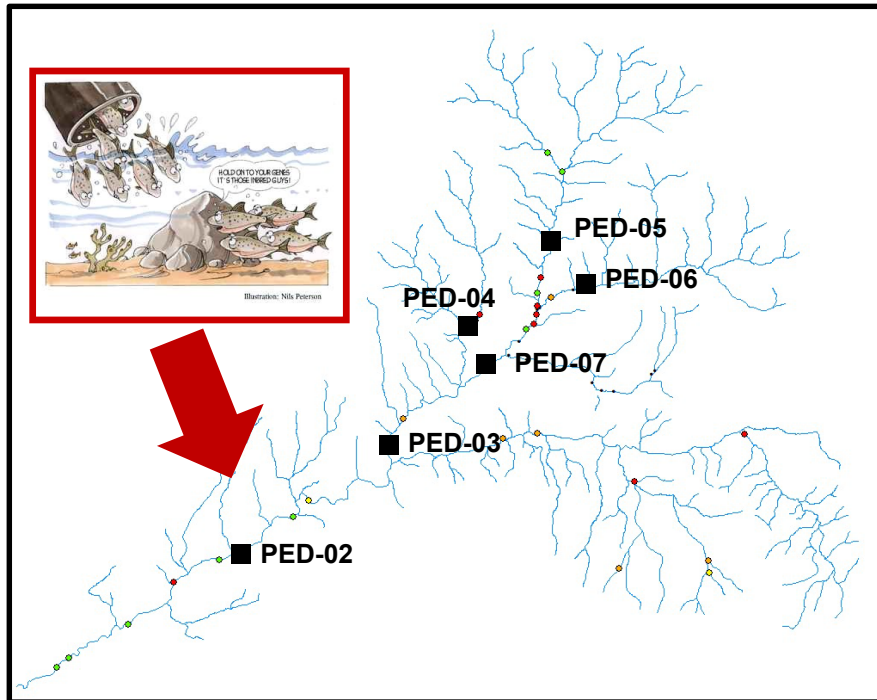
Esta introgresión se ha convertido en una de las principales amenazas para la conservación de las poblaciones nativas de trucha, por la pérdida de pureza genética y la expansión de alelos exógenos, pero también por la consanguinidad que provocan las repoblaciones

La suelta de ejemplares de repoblación provoca un aumento de la variancia en el número de descendientes que implica una disminución del tamaño efectivo

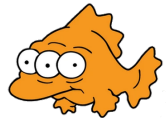
Tamaño familiar (d) y su variancia (Vd) en el río Esva (Asturias)

	Edad 0+	Edad 1+	Edad 2+
2010	d (Vd)	d (Vd)	d (Vd)
Choudral-Viella	1,833 (0,375)	2,232 (0,897)	1 (0)
Chaballos	2 (0,44)	2,974 (1,026)	2,19 (1,061)
2011			
Choudral-Viella	2,053 (4,223)	2,222 (4,152)	1,6 (0,267)
Chaballos	1,560 (0,945)	1,955 (3,225)	1,724 (0,849)



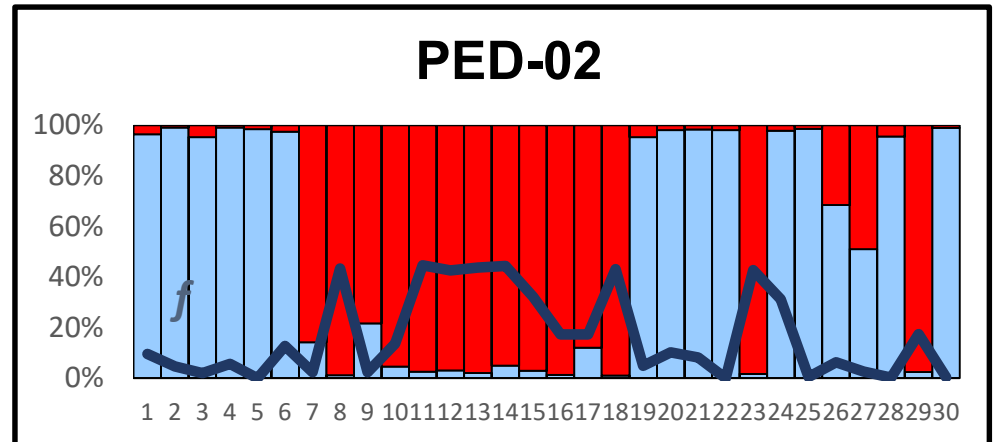


Río Pedroso (Duero). León

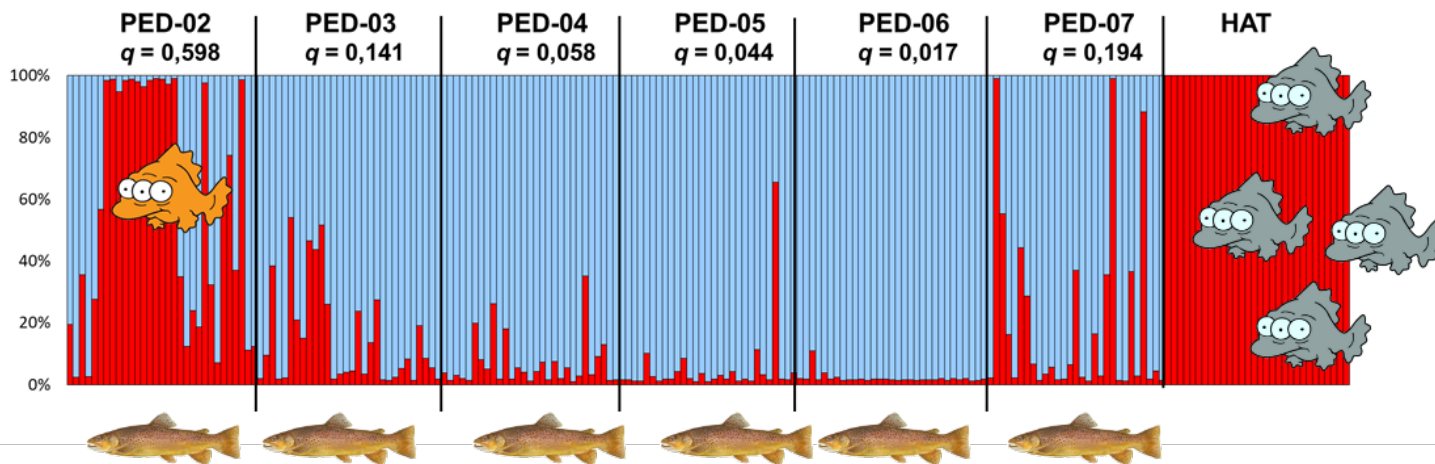
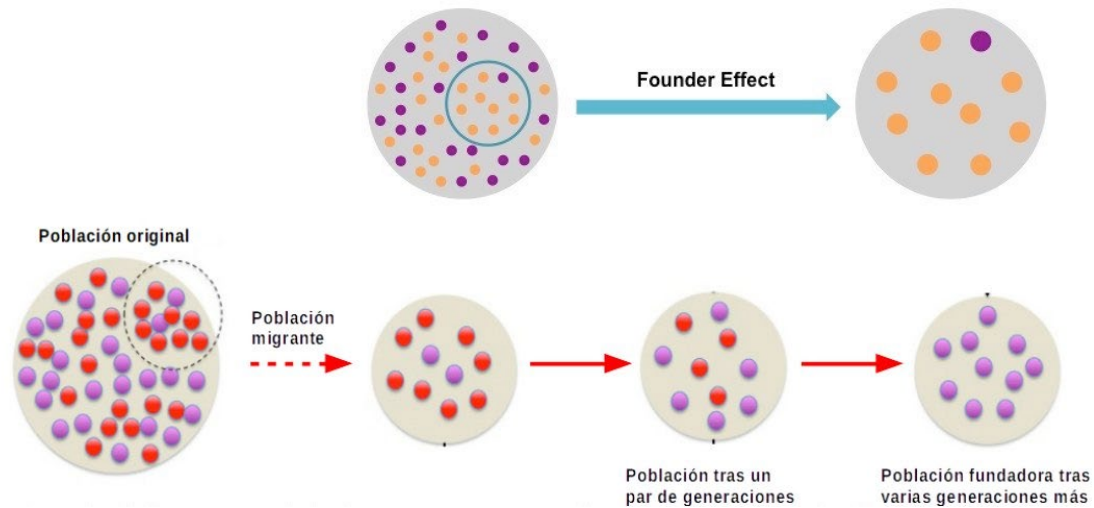
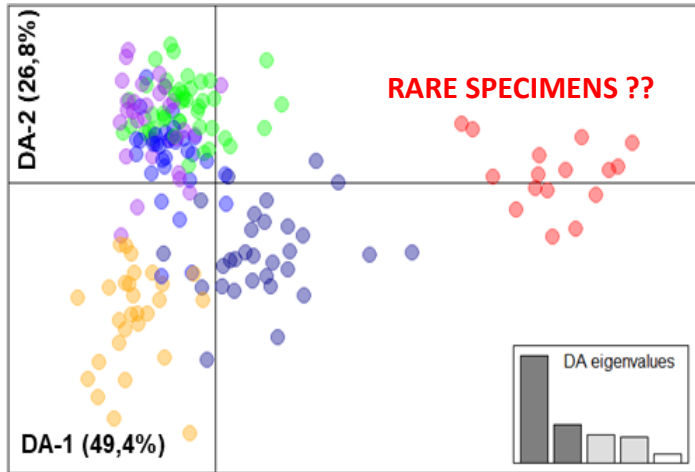


Ejemplares distintos y altamente consanguíneos

Exactamente lo mismo puede ocurrir cuando los peces que se sueltan en el río son de un stock 'nativo', el tamaño reducido de los stocks conlleva a un aumento de la consanguinidad



Si los stocks nativos se fundan con pocos ejemplares y/o no se renuevan a menudo, éstos acaban siendo muy distintos a la población original

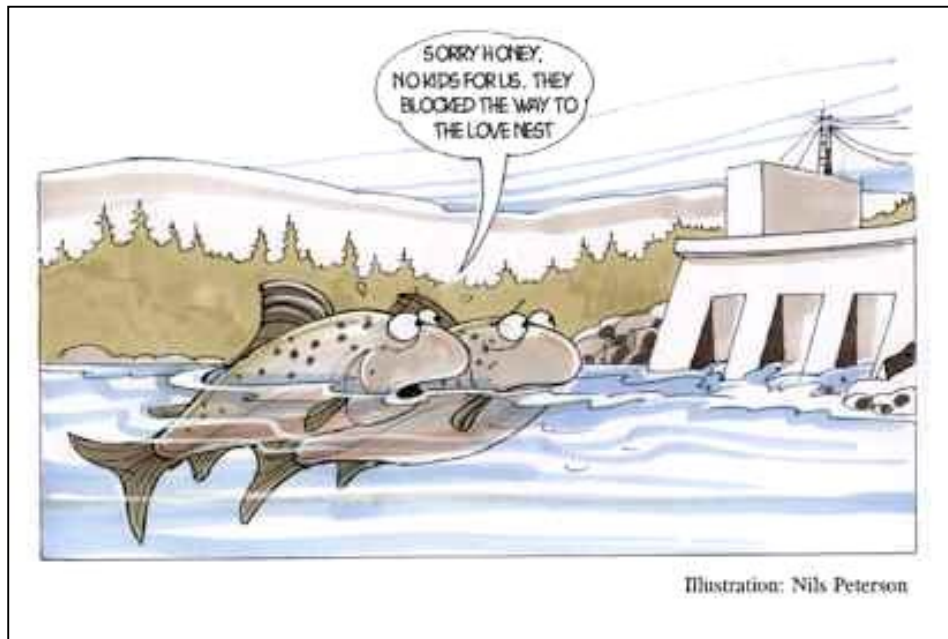


$$F_{ST} = 0,15$$

$$P < 0,001$$

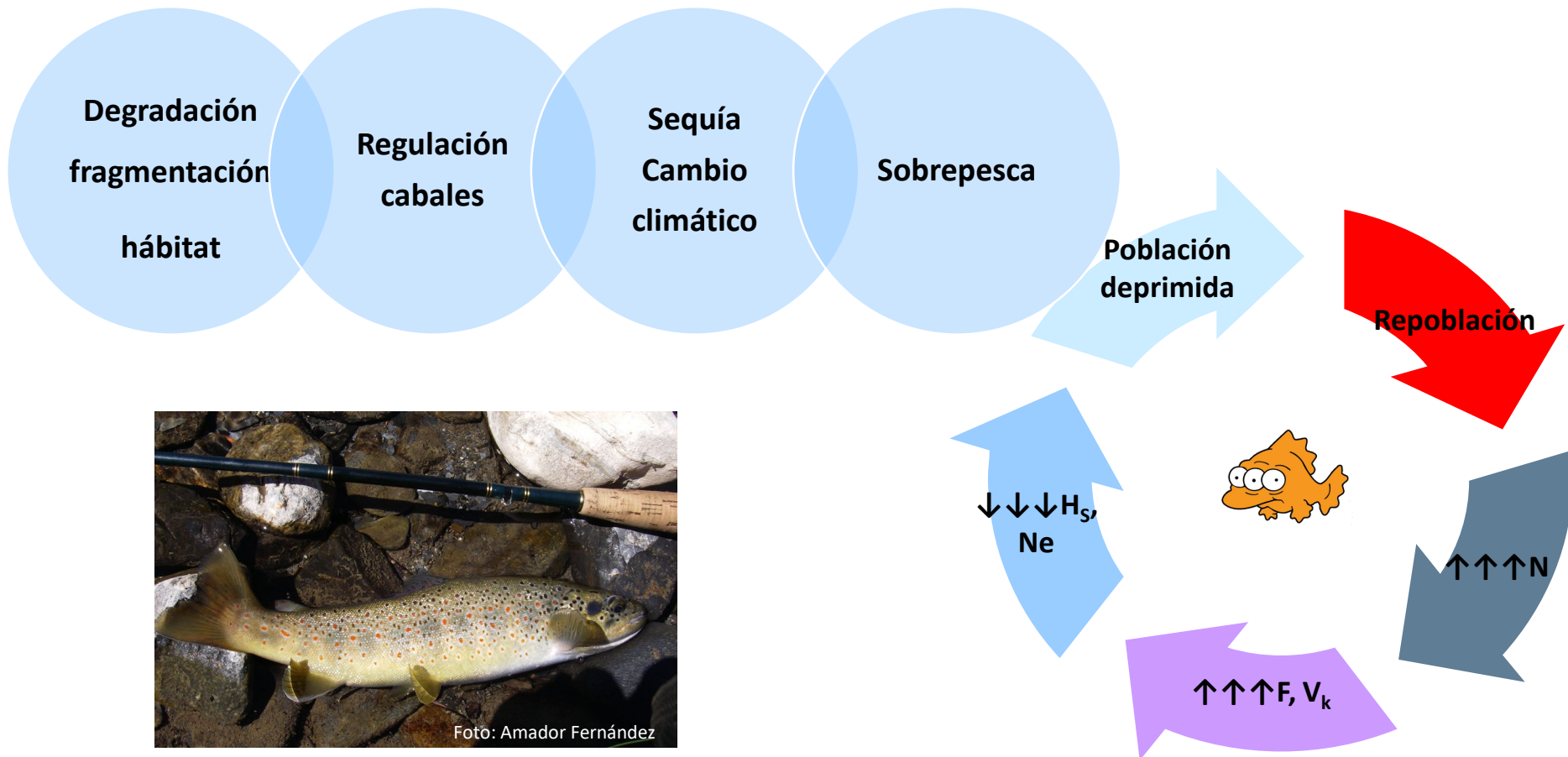
Consideraciones para la gestión de la trucha

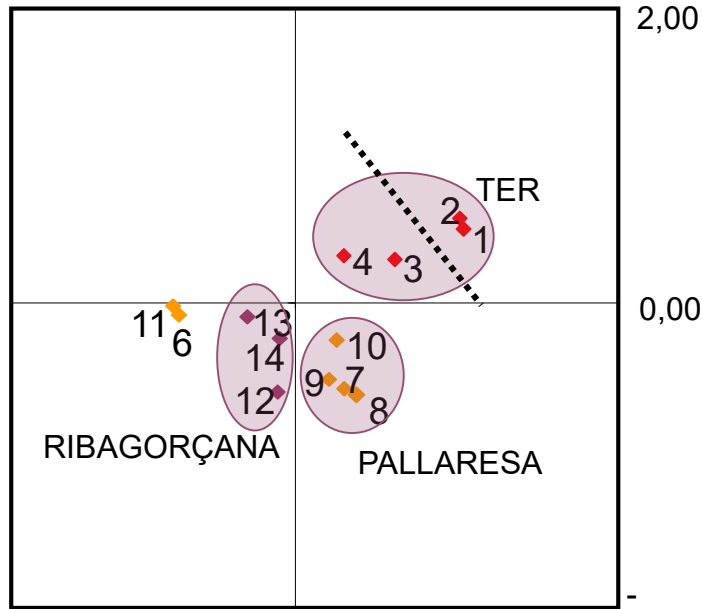
✓ Recuperar la conectividad de los ríos



Los datos genéticos sobre la diferenciación entre poblaciones nos permiten decidir actuaciones prioritarias. La genética nos dirá si los peces que se mueven son suficientes para evitar el aislamiento

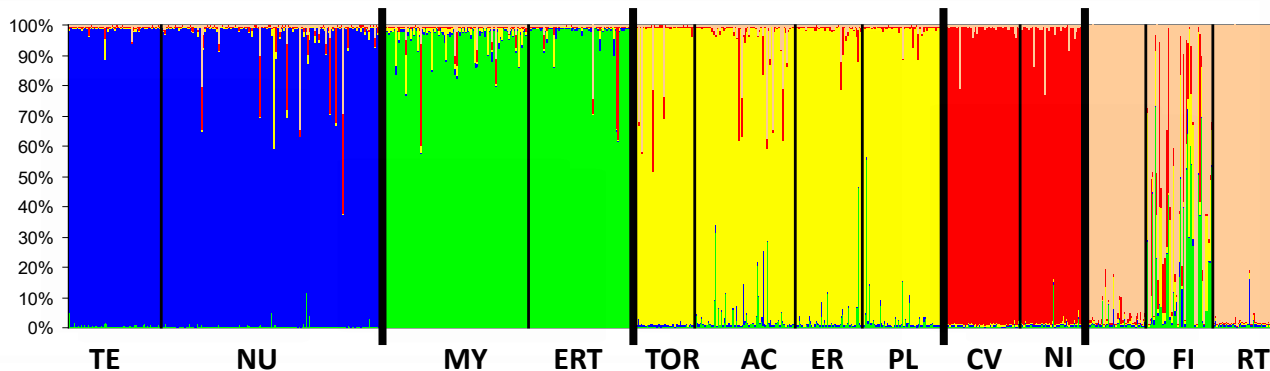
- ✓ Evitar la repoblación y repoblar con stocks nativos controlados (consanguinidad, renovación del stock, selección de ejemplares) cuando sea imprescindible





Determinar el nº de stocks locales

CUENCA	DENTRO RÍOS	ENTRE RÍOS
Ter	27.64 %	3.54 %
Noguera Pallaresa	6.43 %	7.23 %
Noguera Ribagorçana	1.85 %	30.66 %



Proportions of Native and Introduced Brown Trout in Adjacent Fished and Unfished Spanish Rivers

J. L. GARCÍA-MARÍN,* N. SANZ, AND C. PLA

Laboratori d'Ictiologia Genètica, Universitat de Girona, Campus de Montilivi s/n, E-17071, Girona, Spain

Freshwater Biology (1999) 41, 707–717

Allozyme diversity in brown trout (*Salmo trutta*) from Central Spain: Genetic consequences of restocking

Divergence of brown trout (*Salmo trutta*) within glacial refugia

Núria Sanz, José-Luis G

Can. J. Fish. Aquat. Sci. 57: 2201–2210 (2000)



Conservation Genetics 3: 385–400, 2002.
© 2002 Kluwer Academic Publishers. Printed in the Netherlands.

Managing fish populations under mosaic relationships. The case of brown trout (*Salmo trutta*) in peripheral Mediterranean populations

N. Sanz Ball-llosera*, J.L. García-Marín & C. Pla

Laboratori d'Ictiologia genètica, Facultat de Ciències, UdG. Campus de Montilivi s/n, E-17071-Girona, Spain

(*Author for correspondence: E-mail: nuria.sanz@udg.es; Fax: +34. 972418277)

Breakdown of the brown trout evolution to hybridization between native and

R. M. ARAGUAS*, N. SANZ, C. PLA AND J

Laboratori d'Ictiologia Genètica, Universitat de Girona, E-17071 Girona, Spain

Printed in Malaysia · All rights reserved

Genetic refuges for a self-sustaining experience in wild brown trout in the eastern Pyrenees

Article

Native Population Structure beyond Hatchery Introgression in the Endemic Sicilian Trout

Nuria Sanz ^{1,*}, Rosa-Maria Araguas ¹, Monica Giampiccolo ² and Antonino Duchi ³



ELSEVIER

SCIENCE @ DIRECT®

journal homepage: www.elsevier.com/locate/biocon

Hatchery introgression blurs ancient hybridization between brown trout (*Salmo trutta*) lineages as indicated by complementary allozymes and mtDNA markers

Conserv. Genet. (2009) 10:225–236

DOI 10.1007/s10592-008-9550-0

RESEARCH ARTICLE

Efficiency of markers and methods for detecting hybrids and introgression in stocked populations

Nuria Sanz · Rosa M. Araguas · Raquel Fernández · Manuel Vera · José-Luis García-Marín

Copyright © 2009 Society for Conservation Biology

ECOLOGY OF
FRESHWATER FISH
ISSN 0906-6691

The native genetic resources of brown trout in Spain

Conservation Biology

Role of Genetic Refuges in the Restoration of Native Gene Pools of Brown Trout

ROSA M. ARAGUAS,* NÚRIA SANZ,*† RAQUEL FERNÁNDEZ,* FRED M. UTTER,† CARLES PLA,* AND JOSÉ-LUIS GARCÍA-MARÍN*

*Laboratori d'Ictiologia Genètica, University of Girona, Campus Montilivi s/n, E-17071 Girona, Spain

†School of Aquatic and Fishery Sciences, University of Washington, Seattle, WA 98195, U.S.A.

GRACIAS!



PO FEAMP

