



Almería/Madrid, jueves 10 de junio de 2021

Analizan por primera vez la estructura genética y los linajes maternos de poblaciones de arrui en Europa

- Un estudio con participación del CSIC determina que la población de este bóvido introducida en Murcia hace 50 años posee hasta tres linajes maternos diferentes
- El trabajo analiza ejemplares de este ungulado en países como España, Italia, República Checa y Croacia



Grupo familiar de arruis (*Ammotragus lervia*) en libertad en el sureste español. / Ximo Albors.

Un equipo internacional con participación del Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC) ha caracterizado la diversidad y la estructura genéticas de las principales poblaciones exóticas de arruis (*Ammotragus lervia*) presentes en Europa. El trabajo, que se publica en la revista [Scientific Reports](https://www.nature.com/scientificreports/), estudia la diversidad de este

ungulado originario de las sierras del norte de África e introducido con éxito en la segunda mitad del siglo XX en países europeos como España, Italia, República Checa y Croacia, principalmente con fines cinegéticos.

Por medio de marcadores genéticos, como ADN mitocondrial (ADNmt) y microsátelites (secuencias cortas repetitivas de ADN), se ha caracterizado y comparado la diversidad genética y el patrón espacial de la estructura genética de las poblaciones estudiadas, y se ha obtenido información sobre el número de linajes maternos. “Hemos encontrado cuatro haplotipos (combinación de alelos -cada una de las dos o más versiones de un gen- de un cromosoma que tienden a ser heredados juntos) distintos. Esto indica que el arruí ha sido introducido en Europa a partir de múltiples fuentes genéticas. La población de Sierra Espuña, en Murcia, es la única en la que se ha detectado más de un haplotipo, se han identificado hasta tres distintos”, indica **Jorge Cassinello**, investigador del CSIC en la [Estación Experimental de Zonas Áridas](#) (EEZA-CSIC),

“El número de alelos de microsátelites y la proporción media que comparten dentro de todas las poblaciones analizadas indica una variabilidad genética relativamente baja, como es de esperar en nuevas poblaciones formadas a partir de un pequeño número de individuos fundadores”, explica el científico. Según el estudio, los ejemplares de Croacia y República Checa se agrupan en el mismo grupo genético, lo que indicaría un mismo origen. Ocurre lo mismo con las poblaciones de Sierra Espuña y la isla canaria de La Palma. Por su parte, los datos muestran que los arrúis presentes en las instalaciones de la Finca Experimental La Hoya, de la EEZA-CSIC, en Almería se diferencian genéticamente del resto.

“Las implicaciones de este trabajo son limitadas porque desconocemos aún la distribución de haplotipos maternos de las poblaciones originales africanas. Sin embargo, podemos destacar la baja variabilidad genética que caracteriza a la mayoría de las poblaciones exóticas de arruí europeas. Existe una salvedad, la que se introdujo en 1970 en la Sierra de Espuña, que está conformada por ejemplares procedentes de dos zoológicos: el de Casablanca (Marruecos) y el de Frankfurt (Alemania). Dos décadas después fue enriquecida con la incorporación de individuos procedentes del zoo de Jerez”, concluye Cassinello.

Este estudio multidisciplinar, ha sido liderado por el investigador Toni Safner, de la Universidad de Zagreb (Croacia) y ha contado con la participación de investigadores de la Universidad de Sassari (Italia) y de la EEZA-CSIC.

Sunčica Stipoljev, Toni Safner, Pavao Gančević, Ana Galov, Tina Stuhne, Ida Svetličić, Stefano Grignolio, Jorge Cassinello y Nikica Šprem. **Population structure and genetic diversity of non-native aoudad populations.** [Scientific Reports](#). DOI: [10.1038/s41598-021-91678-2](https://doi.org/10.1038/s41598-021-91678-2)

Almudena Delgado-EEZA Comunicación / CSIC Comunicación