



OTRI

Universidad Complutense de Madrid

OFICINA DE TRANSFERENCIA DE RESULTADOS DE INVESTIGACIÓN

Unidad de Información Científica y Divulgación de la Investigación

Los cangrejos de río de la península se dividen en dos grupos genéticos



El estudio genético de 240 cangrejos de río de la península ibérica revela que su presencia en nuestros ríos se remonta al Pleistoceno Superior, hace entre unos 25.000 y 50.000 años. La investigación, realizada por científicas de la Universidad Complutense de Madrid, muestra que en la península existen dos grupos genéticos diferenciados, uno en la zona norte y otro en el centro.



Ejemplar de cangrejo de río. / [David Gerke](#).

Hace entre 25.000 y 50.000 años, el cangrejo de río (*Austropotamobius pallipes*) ya vivía en los ríos de lo que hoy es la península ibérica. El estudio del ADN de 240 ejemplares llevado a cabo por científicas del [departamento de Genética](#) de la Universidad Complutense de Madrid (UCM) ha conseguido estimar el tiempo transcurrido desde la última expansión de esta especie, considerada vulnerable por el [Catálogo Español de Especies Amenazadas](#).

“El estudio ha puesto de manifiesto una diversidad genética superior a la encontrada en trabajos previos sobre esta especie en España”, afirma Carmen Callejas, investigadora de la UCM y coautora del artículo, publicado en *Organisms Diversity and Evolution*.

Las científicas obtuvieron 240 cangrejos de las cuencas de los principales ríos españoles y diez crustáceos del río Arno (Italia), como referencia externa, para averiguar si existen lazos genéticos entre las poblaciones de ambos países. El ADN



TRI

Universidad Complutense de Madrid

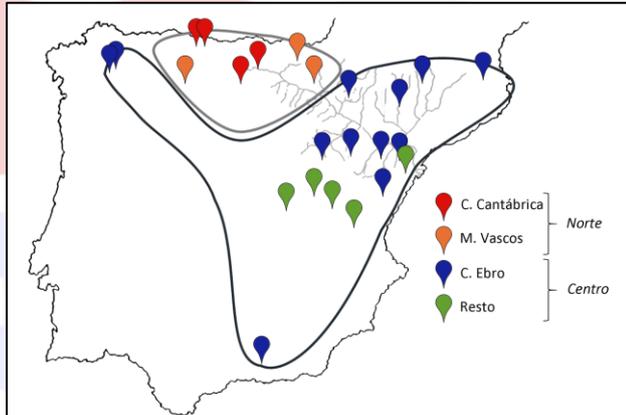
OFICINA DE TRANSFERENCIA DE RESULTADOS DE INVESTIGACIÓN

Unidad de Información Científica y Divulgación de la Investigación

se extrajo de una de sus pinzas (que los cangrejos regeneran) y, una vez conseguido, fueron devueltos vivos a sus ríos de origen.

A diferencia de estudios previos, en los que se analizaba un único marcador molecular, las investigadoras han estudiado dos situados en el genoma mitocondrial –un fragmento del gen que codifica la proteína citocromo oxidasa subunidad I y otro del RNA ribosómico 16S–.

“La distribución de las variantes genéticas descubiertas no es homogénea sino que refleja un marcado patrón geográfico, con dos grupos genéticos, cada uno de ellos, a su vez, con subestructura genética”, afirma Beatriz Matallanas, investigadora de la UCM y coautora del trabajo.



Principales haplotipos y grupos genéticos identificados con el estudio de dos genes mitocondriales en las poblaciones españolas de cangrejo de río. / UCM.

Las científicas han identificado el grupo norte, donde, a su vez, se diferencian las poblaciones de los Montes Vascos y las de la Cordillera Cantábrica, y el grupo centro, en el que las poblaciones de la cuenca del Ebro se distinguen del resto.

Poblaciones consanguíneas

El trabajo también revela que la mayoría de las poblaciones ibéricas tienen un pequeño tamaño y son consanguíneas, “probablemente, como consecuencia de múltiples y sucesivos cuellos de botella, y en definitiva, de los efectos de la deriva genética”, baraja Dolores Ochando, investigadora de la UCM y coautora del estudio.

Las científicas recuerdan que hay que mantener la protección de la especie, puesto que solo existen mil pequeñas poblaciones en la península. Hasta los años 70, los crustáceos se extendían por toda la España caliza, llegando hasta la provincia de Granada.

“Como garantía de su futuro en aguas continentales ibéricas, es indispensable incluir información genética en los planes de recuperación”, recalca Callejas.

En el estudio, llevado a cabo por el Grupo de Investigación [Marcadores Moleculares en Estudios Poblacionales de Especies de Interés Agronómico y Conservacionista](#), también ha participado el Servicio de Montes y Espacios Naturales de Castilla-La Mancha.



Referencia bibliográfica: B. Matallanas, M. D. Ochando, F. Alonso y C. Callejas. “Update of genetic information for the white-clawed crayfish in Spain, with new insights into its population genetics and origin”, *Organisms Diversity & Evolution*, febrero 2016. [DOI: 10.1007/s13127-016-0268-4](https://doi.org/10.1007/s13127-016-0268-4).