



La marta europea (*Martes martes*) en Euskadi: distribución geográfica, estructuración poblacional e influencia del paisaje sobre el flujo génico

texto Aritz Ruiz-González, Mikel Gurrutxaga, María José Madeira,
José María Fernández y Benjamín Gómez-Moliner
fotografías Peter Cairns

Se ha llevado a cabo una investigación entre 2005 y 2010 en Euskadi y zonas limítrofes cuyos resultados han permitido i) mejorar el conocimiento sobre la distribución de la marta y sobre sus relaciones de simpatria con su congénere la garduña, ii) identificar la existencia de diferentes núcleos poblacionales de marta y iii) validar empíricamente el modelo SIG de resistencias de los usos del suelo a la dispersión de la especie, con el que se diseñó la Red de Corredores Ecológicos de Euskadi. La investigación ha sido realizada en el marco de la Tesis Doctoral del ambientólogo A. Ruiz-González y del proyecto “*Estudio de la conectividad ecológica en la CAPV. Genética del Paisaje aplicada sobre una especie-objetivo de la Red de Corredores Ecológicos: la marta europea (Martes martes)*” (ref. UE07/02), financiado por la Universidad del País Vasco UPV/EHU y el Departamento de Medio Ambiente, Planificación Territorial, Agricultura y Pesca del Gobierno Vasco a través de IKT, S.A.

En el año 2005 se delimitó la Red de Corredores Ecológicos de Euskadi (RCEE) a escala regional (Gurrutxaga, 2005), por encargo del Departamento de Medio Ambiente, Planificación Territorial, Agricultura y Pesca del Gobierno Vasco, fruto de uno de los compromisos recogidos en el Programa Marco Ambiental 2002-2006 de la CAPV. En la RCEE se delimitaron aquellos sectores del territorio de especial relevancia para mantener la conectividad ecológica entre diferentes espacios naturales protegidos (Gurrutxaga, 2005). La marta había sido seleccionada como una de las especie-objetivo, dado su carácter bioindicador y sensibilidad a dinámicas territoriales relevantes, como la construcción de infraestructuras viarias, urbanización y procesos de fragmentación forestal.

La conectividad ecológica del territorio se define como la capacidad de éste para permitir los desplazamientos de las especies silvestres entre las teselas con recursos. Trasladado sobre la casuística de especies concretas, el término conectividad puede asimilarse al grado de comunicación y de intercambio de genes e individuos entre poblaciones. El mantenimiento de la conectividad es de vital importancia porque favorece la diversidad genética y reduce el riesgo de extinción de las poblaciones. Estudiando el flujo génico en relación con la estructura paisajística podemos proveernos de valiosa información sobre las variables que influyen en la estructuración genética de las poblaciones. Este tipo de estudios se enmarcan en el ámbito de una disciplina emergente: la Genética del Paisaje (*Landscape Genetics*), que combina la genética de poblaciones, la ecología del paisaje y la estadística espacial.

Entre 2005 y 2010 se ha efectuado una investigación con el objetivo de determinar la distribución geográfica de la marta y analizar la estructura genética de sus poblaciones en Euskadi y territorios limítrofes. Así mismo, mediante el uso de las distancias genéticas entre individuos y diferentes modelos de resis-

tencias de los usos del suelo a la dispersión configurados mediante SIG (Sistemas de Información Geográfica), se ha pretendido validar de forma empírica la adecuación entre el método de diseño de la RCEE y los patrones de dispersión y flujo génico de la marta en el territorio. Cabe destacar que el ámbito de estudio presenta una notable relevancia en relación a la conectividad ecológica a escala suprarregional por su potencial papel conector entre reservorios de biodiversidad como la Cordillera Cantábrica y Pirineos (Gurrutxaga *et al.*, 2011) y por ello se trata de una zona de especial relevancia para abordar estudios de conectividad territorial.

Tradicionalmente, la mayoría de los estudios moleculares sobre carnívoros silvestres se basaban en el análisis de tejido o sangre ya que eran necesarias grandes cantidades de ADN, sólo disponibles en este tipo de muestras. Sin embargo, la obtención de estas muestras resulta inviable en el caso de la mayoría de las especies de carnívoros, tanto desde un punto de vista metodológico como conservacionista. El desarrollo de técnicas moleculares para obtener ADN a partir de muestras degradadas -tales como pelos y heces, que pueden ser recolectadas sin necesidad de interferir con las poblaciones silvestres- ha permitido la realización de estudios genéticos “no invasivos”. Sin duda, la utilización rutinaria de este tipo de técnicas ha supuesto una auténtica revolución en el estudio de la fauna silvestre en general, y de los carnívoros en particular, ya que nos permite obtener una información difícilmente accesible con técnicas convencionales. Estos métodos suponen una importante ventaja en el estudio de especies elusivas, como es el caso de la marta.

Sin embargo, los excrementos de las especies simpátricas del género *Martes* (marta y garduña *M. foina*) son morfológicamente muy similares y no es posible distinguirlos con certeza por su apariencia externa, por lo que es necesario diferenciarlos mediante técnicas moleculares. Para ello, se desarrolló un método de identificación molecular que permitió determinar la distribución de ambas especies a partir del ADN de muestras fecales recolectadas en el campo (Ruiz-González *et al.*, 2008). Para localizar los excrementos se realizaron recorridos a pie, por pistas y senderos, dirigidos de forma preferencial hacia zonas forestales con presencia potencial de marta. Para el trabajo de campo se contó con la colaboración de diversos voluntarios y profesionales pertenecientes a distintos organismos, lo que permitió conseguir un elevado número de muestras. Complementariamente, se emplearon muestras de tejido procedentes de individuos atropellados y/o trampeados en otros estudios de seguimiento de mesocarnívoros promovidos por diferentes administraciones públicas.

Los resultados de distribución obtenidos a partir del análisis de ADN de muestras fecales han dado lugar a la detección, en el ámbito del País Vasco y zonas limítrofes, de 13 nuevas cuadrículas UTM de 10x10 km donde previamente no se encontraba citada la marta, y de 11 cuadrículas en el caso de la garduña. Se ha aportado de este modo valiosa información de cara al



análisis de las relaciones de simpatria y de los diferentes factores explicativos del uso del hábitat por ambas especies. Es preciso señalar que el 94% de las muestras de marta recolectadas en el País Vasco se encontraron dentro del marco geográfico de la RCEE (un 41% en espacios protegidos Natura 2000, un 27% en enlaces y un 26% en áreas de amortiguación).

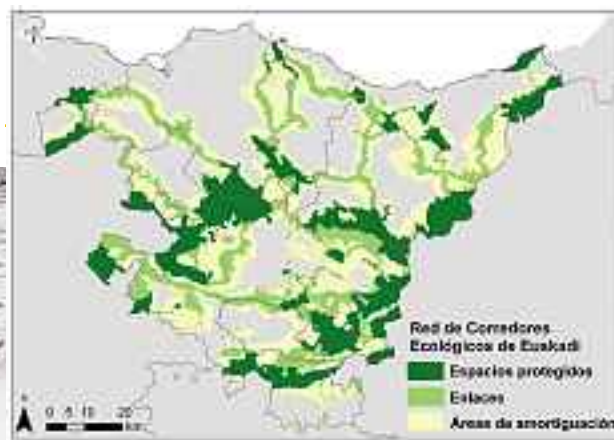
Una vez aisladas las muestras de marta, la aplicación de marcadores genéticos hipervariables (microsatélites) permitió la identificación individual de cada una de ellas. Posteriormente, el conjunto de individuos fueron agrupados en diferentes poblaciones en función de su composición genética. Las discontinuidades genéticas entre estas poblaciones aparecieron asociadas a transformaciones y barreras paisajísticas de carácter antropogénico (áreas urbanas, infraestructuras viarias, embalses y procesos de fragmentación forestal). La conclusión es que las dinámicas de uso del territorio han podido actuar de forma sinérgica con procesos históricos de regresión demográfica, causados por factores como la persecución de la especie para la obtención de pieles en el pasado, provocando la diferenciación de las poblaciones.

Por último, se analizó si el modelo de resistencias de los usos del suelo a la dispersión, con el que se diseñó la RCEE mediante SIG, se adecuaba a los resultados de flujo génico de la marta. Nuestros resultados confirmaron la validez de los citados corredores ecológicos y, por tanto, la necesidad de seguir considerándolos como herramientas útiles en la planificación territorial, tal y como viene realizándose desde 2005 (Gurrutxaga *et al.*, 2010). Además, corroboramos empíricamente que los usos del suelo que limitan el flujo génico de la marta son las áreas de agricultura intensiva, las principales infraestructuras viarias y las zonas urbanizadas, así como los grandes embalses. Este trabajo es pionero en la evaluación de una Red de Corredores Ecológicos modelizada mediante SIG a través de un estudio basado en Genética del Paisaje.

Referencias

- Gurrutxaga, M. (IKT, S.A.) 2005. *Red de Corredores Ecológicos de la Comunidad Autónoma de Euskadi*. Dpto. de Medio Ambiente, Planificación Territorial, Agricultura y Pesca del Gobierno Vasco. 150 páginas. [URL: http://www.euskadi.net/r33-2288/es/contenidos/informe_estudio/corredores_ecologicos/es_doc/djuntos/memoria.pdf]
- Gurrutxaga, M., Lozano, P.J. y del Barrio, G. 2010. GIS-based approach for incorporating the connectivity of ecological networks into regional planning. *Journal for Nature Conservation* 18: 318-326.
- Gurrutxaga, M., Rubio, L. y Saura, S. 2011. Key connectors in protected forest area networks and the impact of highways: a transnational case study from the Cantabrian Range to the Western Alps (SW Europe). *Landscape and Urban Planning* (en prensa).
- Ruiz-González, A., Rubines, J., Berdión, O., Gómez-Moliner, B.J. 2008. A non-invasive genetic method to identify the sympatric mustelids pine marten (*Martes martes*) and stone marten (*Martes foina*): preliminary distribution survey on the northern Iberian Peninsula. *European Journal of Wildlife Research* 54: 253-261.

Memoria completa disponible en: http://www.ingurumena.ejgv.euskadi.net/r49-u95/es/contenidos/informe_estudio/genetica_paisaje_m_martes/es_doc/indice.html



Mapa de la Red de Corredores Ecológicos de Euskadi. fuente Gurrutxaga (2005)

A. Ruiz-González realizando labores de muestreo en la Sierra de Kuartango. fotografía B. Gómez-Moliner