

FERNANDO CRUZ ■ Descifrador del genoma del lince ibérico

“El cruce de especies para salvar al lince es arriesgado; un último recurso”

El biólogo vigués, que ha analizado por primera vez el ADN completo de esta especie, apuesta por “restaurar su hábitat y minimizar la consanguinidad” para lograr su rescate

AMAIA MAULEÓN ■ Vigo

Fernando Cruz vuelve a casa por Navidad y lo hace satisfecho por el trabajo realizado. El biólogo vigués, que desarrolla su trabajo en el Centro Nacional de Análisis Genómico de Barcelona, acaba de publicar en la prestigiosa revista *Genome Biology* la secuenciación del genoma del lince ibérico, un trabajo al que el científico vigués ha dedicado más de cinco años con la colaboración de un amplio equipo de investigadores de distintos centros españoles y extranjeros. Cruz es el primer firmante del trabajo junto con Federico Abascal y André Corvelo.

La secuenciación del genoma del lince es un ambicioso proyecto solicitado por la Estación Biológica de Doñana (CSIC), el Centro Nacional de Análisis Genómico y el Centro de Regulación Genómica que fue financiado por el Banco de Santander a finales de 2010. A lo largo de 2011, se fueron generando gran cantidad de datos de Candiles, uno de los lince ibéricos silvestres capturados para el programa de conservación en Jaén, y progresivamente de otros individuos.

—Ha sido un trabajo muy largo y laborioso, ¿en qué parte se centró en concreto su trabajo?

—Mi trabajo inicial se centró en la asignación de variantes genéticas usando datos de 11 lince ibéricos y un lince boreal. Con ellas, realicé estudios de genómica poblacional para determinar cómo se distribuye la diversidad genética a lo largo de los distintos cromosomas del lince ibérico e inferir, o sea, deducir a partir de dichos datos, el tamaño poblacional que teóricamente ha tenido la especie a lo largo de su historia. Colaboré estrechamente con Federico Abascal y José Antonio Godoy para cruzar los datos filogenéticos y los poblacionales.

—¿Por qué eligieron a Candiles para analizar su ADN?

—Candiles se eligió porque era macho y queríamos tener representado el cromosoma Y. Además, era un fundador de la población cautiva, lo que nos daba acceso a más muestras y a más información sobre el individuo, y porque a juzgar por los estudios genealógicos, tenía un nivel de consanguinidad intermedio al observado en ambas poblaciones (Doñana y Andújar), lo cual se vio confirmado con los datos de secuenciación.

—¿Le sorprendió de alguna manera la escasa diversidad genética de esta especie?

—En cierto modo era algo esperable dado el bajo número de individuos y el prolongado aislamiento de las dos poblaciones remanentes



El biólogo Fernando Cruz, ayer en Vigo. // Alba Villar

De los 10.000 ejemplares hace 300 años a los 400 actuales

El lince ibérico es la especie con menor diversidad genética que se conoce. Los científicos que han participado en la secuenciación completa de su genoma han logrado leer y ordenar 2.400 millones de letras del ADN del ejemplar en cautividad Candiles —un macho padre de de 11 crías de las que al menos ocho han sobrevivido— e identificado 21.257 genes que definen a la especie, un número similar al de los humanos y otros mamíferos.

Hace unos 300 años, la población pasó de unos 10.000 ejemplares a 1.500. En el siglo XX solo quedaron unos 150, que se redujeron hasta los 100 en los momentos más críticos, cuando la Unión Internacional para la Conservación de la Naturaleza incluyó al lince en el grupo de especies en peligro crítico de extinción. En 2015, gracias a la cría en cautividad, los lince escaparon

de esa lista negra con 404 individuos, un aumento esperanzador respecto a los 330 del año anterior.

Actualmente sobreviven dos poblaciones salvajes, una en Sierra Morena y otra en Doñana, la más afectada por la falta de riqueza en el ADN.

El estudio desvela además que el lince ibérico lleva cientos de años al límite de la desaparición. Los investigadores han comparado el genoma de referencia de Candiles con otros 10 lince ibéricos de las dos subpoblaciones peninsulares y con el de un lince europeo, un felino de mayor talla y más abundante que es considerado su especie “hermana”. Los resultados, publicados en *Genome Biology*, muestran que ambas especies se separaron hace unos 300.000 años, mucho menos del millón de años que se barajaba hasta ahora.

FICHA PERSONAL

■ Nacido en Vigo hace 43 años, Fernando Cruz estudió Biología y realizó su tesis en la Universidad de Vigo. Investigó el genoma del salmón atlántico en el Trinity College de Dublín y más tarde se trasladó al Centro de Biología Evolutiva de la Universidad de Uppsala. Actualmente trabaja en el Centro Nacional de Análisis Genómico de Barcelona. Este año participó en la secuenciación del genoma del olivo y el almendro y ahora investiga el del mejillón.

de lince Ibérico. Menos de 100, repartidos en dos poblaciones, según el censo de 2002. Fue interesante observar que los largos bloques de ligamiento, áreas de baja diversidad genética, en el lince eran similares a los del gato birmano, una raza de gato doméstico altamente consanguínea.

—Esa menor diversidad le aboca directamente a la extinción? ¿De qué forma vuestra investigación puede ayudar a su conservación?

—La situación del lince es bastante peliaguda ya que con su baja diversidad genética tiene una menor capacidad de adaptarse a cambios en su entorno. Sin embargo, su rescate pasa precisamente por conservar y restaurar su hábitat, el matorral bajo, que asegure la disponibilidad de su presa favorita, el conejo. Desde un punto de vista genético el objetivo es minimizar la consanguinidad y aumentar la diversidad mediante la mezcla de las poblaciones para que se maximicen las posibilidades de supervivencia.

—¿Le parece adecuado cruzar al lince ibérico con otras especies de lince para lograr una mayor riqueza genética?

—Es cierto el cruce entre las dos especies aumentaría la diversidad genética. Sin embargo, existen riesgos como la esterilidad o la pérdida de características esenciales para sobrevivir en la Península. Por así decirlo, los individuos tendrían una mayor diversidad de genes pero perderían combinaciones útiles frente a ciertas enfermedades. Nuestro trabajo sugiere que las dos especies se han separado más recientemente de lo que se creía y que además han intercambiado genes de manera natural a lo largo de su historia. Consideramos que esta estrategia sería un último recurso, a considerar quizás en el futuro, y tendría que ser cuidadosamente evaluada y, de ser el caso, realizada de manera muy controlada.

El invierno será “más cálido” de lo normal en Galicia y no lloverá durante las navidades

Vigo rozó en octubre los 30 grados, pero 2016 fue menos caluroso que los dos años anteriores

REDACCIÓN ■ A Coruña

La Agencia Estatal de Meteorología (Aemet) prevé, tras un otoño “cálido” pero no excepcional, un invierno “más cálido” de lo normal en Galicia y con precipitaciones “normales” para esta época del año. En cuanto a la Navidad, no se esperan lluvias.

El delegado de la Aemet en Galicia, Francisco Infante, presentó ayer el balance del otoño en Galicia y avanzó las previsiones meteorológicas para el invierno y las próximas fiestas navideñas.

Infante ha señalado que el otoño ha sido “cálido” en Galicia, con temperaturas superiores a los valores normales, destacando los cerca de 30 grados que se alcanzaron en el mes de octubre en Ourense y Vigo. A pesar de estas altas temperaturas, no ha resultado “excepcional”, asegura.

La estación ha sido “muy seca” en Galicia en cuanto a precipitación, al registrar el 60% del valor normal de precipitaciones para esta época. No obstante, ha apuntado que, pese a la escasez de lluvia, el balance total del año puede terminar en “húmedo” gracias al excedente de precipitación de los primeros meses del año.

En cuanto a temperaturas, 2016 ha resultado cálido pero sin llegar a superar a los años anteriores, puesto que tanto 2014 como 2015 fueron más cálidos que este año que termina. Sin embargo, en España el 2016 ha sido el “sexto año más cálido” desde 1965; y a nivel global, este año es el más cálido de la historia.

En cuanto a las previsiones para los próximos días, la Aemet pronostica unas navidades sin precipitaciones y con temperaturas máximas “más altas” de lo habitual para esta época del año.

La empresa PharmaMar comercializará un antitumoral en Japón

La empresa PharmaMar ha firmado con Chugai Pharmaceutical un acuerdo exclusivo de licencia, desarrollo y comercialización de su tercer antitumoral de origen marino (PM1183) en Japón. En virtud de este acuerdo, PharmaMar recibirá un pago inicial de 30 millones de euros y ‘royalties’ de dos dígitos, y podrá percibir otros pagos, potencialmente por encima de los 100 millones de euros.