

CONSERVACIÓN

APLICACIÓN DE LA GENÉTICA A LA CONSERVACIÓN DEL LINCE IBÉRICO

Las técnicas genéticas, y desde hace poco las genómicas, están ayudando a diseñar estrategias para mejorar la viabilidad de la especie, que sufre un notable deterioro genético

Elena Marmesat, María Lucena-Pérez y José A. Godoy

COMO CONSECUENCIA DE LAS ACTIVIDADES HUMANAS, LA TIERRA SE HALLA INMERSA EN UNA dinámica de alteraciones drásticas que afectan al ambiente y al funcionamiento de sus ecosistemas, un fenómeno que es conocido como cambio global. Un componente importante de ese cambio es la pérdida de biodiversidad a causa de la extinción de especies. Ha aumentado tanto en los últimos decenios que numerosos expertos afirman que nuestro planeta está sufriendo el sexto período de extinción masiva de la historia.

Pero las especies no solo están desapareciendo. Algunas están perdiendo o reduciendo notablemente sus poblaciones, formadas por individuos que comparten un mismo espacio y ciertas características genéticas. Las poblaciones que se contraen experimentan una serie de problemas genéticos, como la pérdida de diversidad genética y la consanguinidad, que pueden hacer precipitar la extinción de la especie en poco tiempo. De ahí que en cualquier programa de conservación de una especie amenazada debería contemplarse y evaluarse su estado genético como parte integral del plan. Los estudios genéticos y genómicos pueden ayudar en esta empresa porque ofrecen herramientas para calibrar los riesgos a los que está sometida la especie y permiten diseñar estrategias de gestión que los minimicen.

El lince ibérico (*Lynx pardinus*) es uno de los felinos más amenazados del mundo y representa un símbolo de la conservación de la fauna ibérica. Aunque en el pasado se hallaba extendido por la mayor parte de la península, durante el siglo xx sufrió un pronunciado declive, principalmente a causa de la persecución

directa, los cambios en el uso del suelo, que redujeron la cantidad de hábitat favorable, y el declive del conejo, su presa principal.

En su momento más crítico, a principios de los 2000, la especie quedó restringida a dos únicas poblaciones situadas en dos pequeñas áreas aisladas entre sí al sur de la península ibérica: Doñana y Sierra Morena. En ese momento, los individuos no sumaban más de cien en total. Esta situación motivó su catalogación como especie en peligro crítico de extinción por la Unión Internacional para la Conservación de la Naturaleza (UICN). Ello dio el impulso definitivo a la adopción de medidas de conservación lideradas por cuatro proyectos Life consecutivos, desarrollados entre 1994 y 2016. Los últimos tres proyectos han sido liderados por la Consejería de Medio Ambiente de la Junta de Andalucía, y el último ha contado con la participación de Portugal y cuatro comunidades autónomas (Extremadura, Castilla-La Mancha, Región de Murcia y Andalucía).

Gracias a estas actuaciones, que inicialmente se centraron en reducir la mortalidad no natural del lince y aumentar la

SALIEGA, una hembra procedente de la población de lince de Doñana, dio a luz en 2005 a la primera camada nacida en un centro de cría en cautividad. Estas y otras actuaciones están contribuyendo a la conservación de la especie.



disponibilidad de conejo, se evitó primero la extinción de las dos poblaciones remanentes y después se consiguió invertir las tendencias demográficas negativas. Más recientemente, se iniciaron reintroducciones de individuos en algunas de las zonas ocupadas en el pasado por la especie. Todo ello llevó a que la UICN reclasificara el lince en una categoría de menor amenaza en 2015, en concreto, en la de especie «en peligro». No obstante, pese a estos resultados esperanzadores, su viabilidad a medio y largo plazo sigue dependiendo en gran medida de una gestión activa y de un seguimiento continuado de sus poblaciones.

En este contexto, nuestro grupo de investigación vio en el lince ibérico un buen modelo en el que estudiar cómo el declive de la especie se refleja en sus características genéticas actuales y hasta qué punto estas pueden llevarla a la extinción. Además, nos hemos esforzado en aportar herramientas científicas que mejoren la evaluación y la gestión de la especie, con el fin de minimizar los riesgos genéticos que pueda sufrir en el futuro.

Contamos con la ventaja de que el lince ha recibido la atención de muchos otros científicos en las últimas décadas, lo que nos ha dejado abundante y valiosa información sobre su demografía, biología, ecología y comportamiento, entre otros aspectos. Además, la gestión y el seguimiento recientes a los que ha estado sometido el felino suponen a la vez una incesante fuente de datos y muestras, y una oportunidad para orientar esta gestión desde el conocimiento científico.

En nuestro trabajo nos planteamos las siguientes preguntas: ¿cuál ha sido el estado genético de las poblaciones de lince ibérico antes y después de su declive a principios de los 2000?, ¿están afectadas la reproducción y la supervivencia?, ¿qué podemos hacer desde el área de la genética para mejorar la viabilidad de la especie a medio y largo plazo?

ESTUDIOS GENÉTICOS Y GENÓMICOS

Con el fin de contestar a estas preguntas, intentamos primero reconstruir la demografía y la genética de las poblaciones del lince en el pasado y su evolución con el tiempo. Para ello utilizamos un amplio conjunto de datos genéticos obtenidos a partir del análisis del ADN contenido en muestras biológicas, como pelos, sangre o excrementos del animal. Las muestras no solo pertenecían a lince actuales, sino también a individuos que vivieron en el pasado. Se estudiaron ejemplares que se conservan hoy en museos y colecciones privadas, correspondientes a los últimos siglos, así como restos descubiertos en excavaciones arqueológicas o paleontológicas, datados en varios milenios. Todos los datos juntos cubren la distribución presente y pasada de la especie en la península ibérica.

Los estudios genéticos consistieron en el análisis de 36 marcadores microsatélites (STR, de *short tandem repeats*). Estos corresponden a pequeños elementos repetitivos de ADN que contienen de uno a seis pares de bases. Se trata de elementos hipervariables, no funcionales (no codifican proteínas) y se distribuyen al azar en el genoma. Se utilizan para identificar indi-

Elena Marmesat está finalizando su tesis doctoral en la Estación Biológica de Doñana (EBD-CSIC) sobre la variación en los genes de la respuesta inmunitaria en el lince ibérico.



María Lucena-Pérez es doctoranda en la EBD-CSIC, donde estudia las variaciones en el genoma del lince ibérico y el papel de la selección natural en el mantenimiento de la diversidad genética.



José A. Godoy es investigador de la EBD-CSIC, donde lidera un grupo centrado en la aplicación de la genética y la genómica de poblaciones para entender la evolución de especies amenazadas y contribuir a su conservación. Ha coordinado el proyecto de secuenciación del genoma del lince ibérico.



viduos y asignar sus progenitores, y dan una idea, aunque algo imprecisa, del parentesco entre individuos en una población. Además, permiten cuantificar la diversidad genética actual y, en algunos casos, compararla con la de poblaciones antiguas.

Más recientemente, hemos recurrido a los análisis genómicos, que nos han permitido obtener datos más detallados de las características genéticas de la especie. Tales estudios fueron posibles gracias a la secuenciación del genoma del lince ibérico en 2016, un proyecto coordinado por nuestro grupo y en el que participaron, entre otros, el Centro Nacional de Análisis Genómico, el Centro de Regulación Genómica, el Instituto de Biología Evolutiva (del CSIC y la Universidad Pompeu Fabra) y el Centro de Investigaciones Biológicas (CSIC).

Con la secuenciación del genoma de 11 individuos identificamos más de 1,5 millones de posiciones variables, conocidas como SNP (de *single nucleotide polymorphisms*), esto es, sitios de la secuencia donde cambia un solo nucleótido. Posteriormente seleccionamos 1500 de estas posiciones de manera que fueran especialmente variables y estuvieran bien repartidas a lo largo del genoma. Con ellas caracterizamos una muestra de más de 300 individuos, representativa de la genética actual del lince ibérico. Con esta información hemos seleccionado subconjuntos de variantes que tienen un poder muy alto para la identificación individual y la asignación de paternidades, además de ofrecer estimaciones más precisas del grado de parentesco y de la ancestría poblacional (la proporción del genoma que procede de una de las poblaciones remanentes). Estos nuevos marcadores mejorarán, por lo tanto, la gestión genética en marcha y ofrecen una alternativa potente y económica al seguimiento de las poblaciones silvestres.

DETERIORO GENÉTICO DE LAS ESPECIES AMENAZADAS

Cuando las poblaciones de una especie reducen su tamaño, comienza a cobrar protagonismo la deriva genética, un proceso

EN SÍNTESIS

Durante el siglo xx, el lince sufrió un pronunciado declive demográfico que lo llevó al borde de la extinción. La adopción de medidas de conservación a principios de los años 2000 ha paliado en parte esa grave situación.

La gestión genética está contribuyendo a la recuperación de la especie. Esta se concibió inicialmente a partir del análisis de varios marcadores microsatélites en el ADN del lince, que indicaban una muy baja diversidad y una alta consanguinidad de las dos poblaciones remanentes en Doñana y Sierra Morena.

La reciente secuenciación del genoma del lince ibérico ha arrojado luz sobre la historia demográfica y evolutiva de la especie y ha permitido identificar marcadores genéticos más eficientes e informativos para el seguimiento y la gestión de las poblaciones actuales.

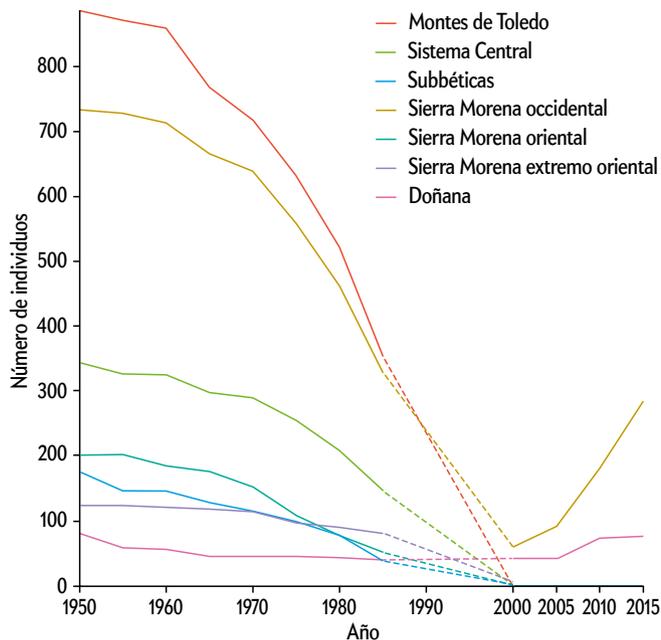
El declive del lince y su incipiente recuperación

La distribución del lince ibérico se redujo y se fragmentó enormemente en el siglo pasado. Ello provocó un grave deterioro genético de la especie, que estuvo a punto de desaparecer. Las medidas de conservación aplicadas desde inicios de los 2000, en las que se tienen en cuenta las características genéticas de las poblaciones, están logrando una paulatina recuperación.



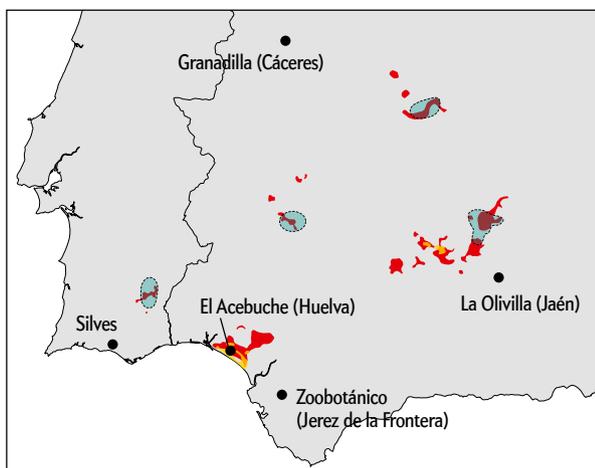
■ Distribución antigua ■ Distribución en 1980 ■ Distribución en 2002

Antes del siglo xx, el lince se distribuía por toda la región mediterránea de la península ibérica, llegando a ocupar el sudeste de Francia. Después sufrió un rápido declive, y en 1980 su distribución estaba limitada al cuadrante sudoccidental, fragmentada en ocho poblaciones aisladas entre sí que sumaban menos de 2000 individuos. En 2002 solo quedaban unos 100 individuos repartidos en dos poblaciones: Doñana y Sierra Morena oriental.



Gracias a los esfuerzos de conservación, se han recuperado en parte las dos poblaciones remanentes y se han vuelto a crear otras en zonas donde la especie había desaparecido (reintroducción). Se ha logrado así que en 2017 la cifra ascendiera a casi 550 individuos en total.

Las medidas actuales consisten en la cría en cautividad en cinco centros, que producen ejemplares destinados a la reintroducción. La gestión genética permite aumentar la diversidad y minimizar la consanguinidad de las poblaciones. En ella se contempla el diseño de esquemas de apareamiento óptimo en los centros de cría, así como la selección de individuos para la reproducción en cautividad, el traslado entre poblaciones y las liberaciones en los programas de reintroducción.



■ Distribución en 2002 ■ Reintroducción
■ Distribución en 2016 ● Centros de cría

evolutivo impulsado por el azar que en las poblaciones grandes apenas opera.

A corto plazo, se producen dos fenómenos principales. Uno de ellos es el aumento de las variantes genéticas nocivas. Ello se debe a que en las poblaciones pequeñas la selección natural resulta menos eficaz y empiezan a acumularse variantes genéticas perjudiciales que, en condiciones normales, serían eliminadas o se mantendrían con una baja frecuencia. El segundo hace referencia a la endogamia. Cuanto más pequeña es una población, más probable es que se apareen entre

sí individuos emparentados. Ello genera individuos cada vez menos diversos genéticamente, es decir, con un mayor número de genes cuyas copias (o alelos) heredadas de sus dos progenitores son idénticas. Si estas copias son además defectuosas, la función que desempeña el gen puede perderse y provocar enfermedades o malformaciones genéticas. Esta situación, conocida como depresión por endogamia o consanguinidad, actúa sinérgicamente con la acumulación de variantes perjudiciales y tiene como resultado una disminución de la eficacia biológica media de los individuos (esto es, su capacidad para

De la genética a la genómica

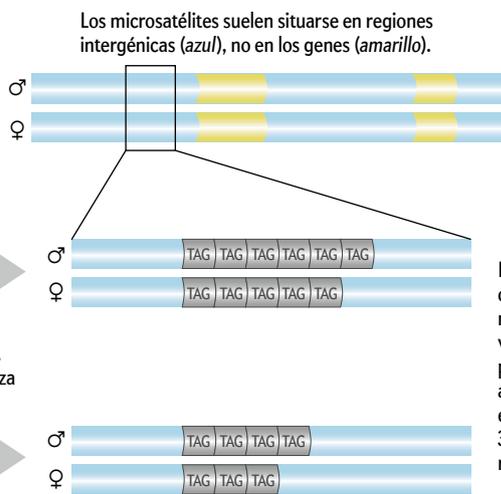
Para conocer la diversidad genética del lince ibérico se han llevado a cabo dos tipos de estudios: genéticos y genómicos. Los primeros han utilizado marcadores tradicionales, como los microsatélites, para diferenciar individuos de una población a partir de restos hallados en la naturaleza y para cuantificar de manera grosera la diversidad genética poblacional. Los genómicos, más novedosos, suponen un enorme salto cualitativo respecto a los genéticos, puesto que permiten conocer con mucho más detalle la variación genética funcional y valorar su efecto en la especie, además de aportar marcadores más eficientes y menos costosos. Ambos tipos de estudios pueden aplicarse a muestras antiguas para caracterizar la variación genética en el pasado y revelar los cambios que se han producido con el tiempo.

ESTUDIOS GENÉTICOS

Se analizan marcadores microsatélites (STR), que corresponden a secuencias de 1 a 6 pares de bases que se repiten un número variable de veces. Se desconoce su posición física en el genoma y son neutrales. En el lince se han estudiado 36 microsatélites. Aquí se muestran los resultados de uno de ellos para dos individuos.



Se extrae ADN de muestras biológicas (sangre, músculo, pelos, excrementos) y se analiza el microsatélite.



sobrevivir y reproducirse) y de la viabilidad de la población a corto o medio plazo.

Por otro lado, las reducciones más drásticas del tamaño poblacional dan lugar a cuellos de botella, en los que se produce una pérdida importante de la diversidad genética en un tiempo relativamente corto, con importantes consecuencias a largo plazo. En estas circunstancias, aunque la especie se hallara bien adaptada a su entorno actual, su baja diversidad genética no le permitiría ajustarse a los cambios ambientales futuros porque carecería de las variantes que podrían ayudarla a sobrevivir en el nuevo entorno. El riesgo de que se produzca esta situación es elevado para numerosas especies, sobre todo si tenemos en cuenta el contexto de cambio global al que se están enfrentando en nuestros días.

Estos procesos pueden continuar afectando de manera negativa a la dinámica poblacional de la especie, aunque llegaran a desaparecer los factores que originalmente la llevaron a estar amenazada. Es, por tanto, muy importante que los planes de recuperación de especies evalúen su estado genético actual y, en caso necesario, implementen medidas que ayuden a paliar estos problemas.

EL ESTADO GENÉTICO DEL LINCE

El lince ibérico posee en la actualidad una de las diversidades genéticas más bajas jamás registradas, inferior a la de otras especies amenazadas, como el demonio de Tasmania, el guepardo, el delfín del río Yangtze o el zorro de las islas del Canal. Medimos la diversidad como la densidad media de sitios variables (SNP) respecto al total de sitios en el genoma (el total de nucleótidos). Hemos observado que en el lince ibérico esa cifra corresponde

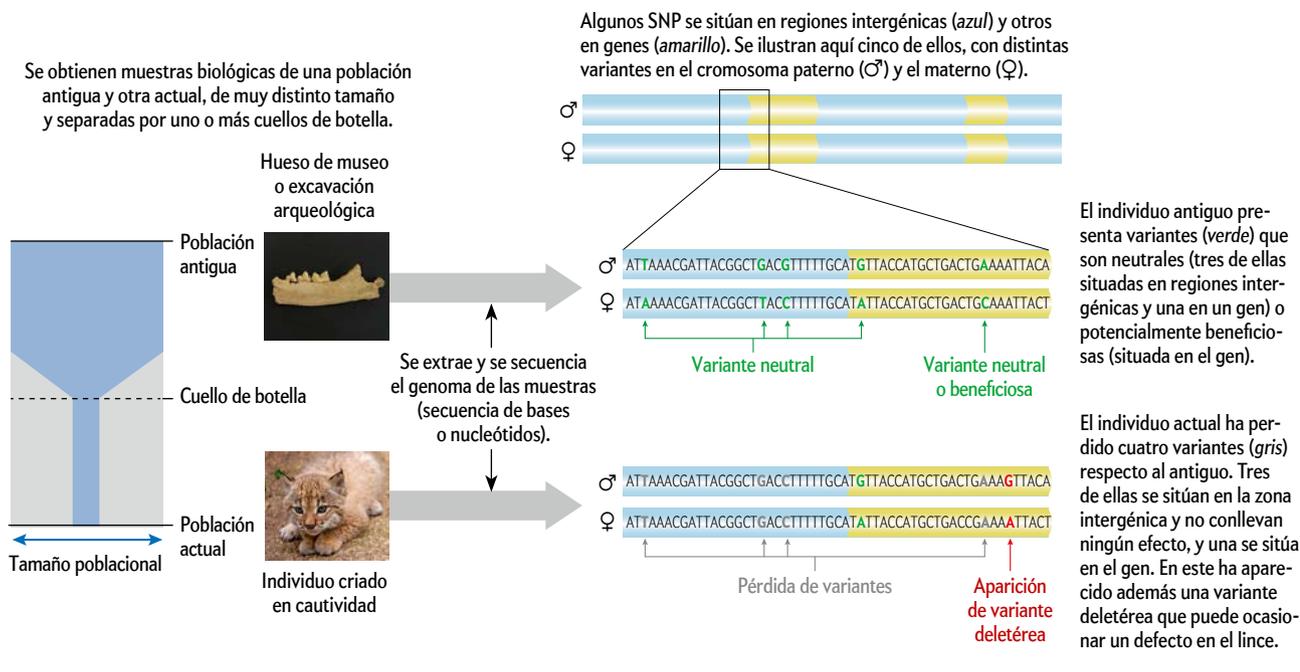
a unos cien por cada millón de sitios, mientras que en otros mamíferos, como el panda gigante y el gorila occidental, suele ser superior a mil. Especialmente acusada ha sido la pérdida de diversidad que ha sufrido la población de Doñana. Pero ¿cómo se ha llegado a esta situación? ¿Ha sucedido como consecuencia del declive que ha sufrido en los últimos tiempos la especie, o esta siempre ha presentado una baja diversidad?

A partir de los datos de marcadores STR y de secuencias del genoma mitocondrial completo obtenidos de las muestras fósiles y de museo, hemos explorado las dinámicas demográficas y genéticas del lince ibérico en los últimos siglos y hemos deducido que sus distintas poblaciones siguieron caminos diversos hacia su extinción. Mientras que las poblaciones periféricas de la península ibérica (Doñana, cordilleras subbéticas y Sistema Central en España, y valle del Sado en Portugal) fueron contrayéndose de forma progresiva durante la segunda mitad del siglo xx, las centrales (Montes de Toledo, Sierra Morena) permanecieron más grandes y mejor conectadas con las demás. Como consecuencia, las poblaciones periféricas se vieron más afectadas genéticamente, perdiendo diversidad y diferenciándose de otras por deriva genética, tanto más cuanto más tiempo permanecieron pequeñas y aisladas. En cambio, la población más grande y central (Montes de Toledo) no llegó a mostrar signos de erosión o deterioro genético (esto es, no disminuyó su diversidad genética ni sufrió deriva genética), probablemente porque se mantuvo grande y conectada casi todo el tiempo, para después desaparecer muy rápidamente.

Este conocimiento histórico nos ayuda a entender las causas de las diferencias genéticas actuales entre las poblaciones de Doñana y Sierra Morena. Las de Montes de Toledo y Sierra Morena

ESTUDIOS GENÓMICOS

Se analizan las secuencias de buena parte del genoma o una gran cantidad de marcadores, habitualmente SNP. Estos corresponden a nucleótidos individuales polimórficos (que presentan distintas variantes). Gracias a la disponibilidad de un genoma de referencia para la especie, podemos conocer si cambian la secuencia de una proteína y si estos cambios son deletéreos o no. Del millón y medio de SNP hallados en el lince, se han escogido unos 1500 que son muy informativos.



estuvieron fuertemente conectadas entre sí durante milenios, lo que hace que la última perdiese menos diversidad y sufriera menor deriva genética. Por el contrario, Doñana, que ha sido una población pequeña y aislada desde hace siglos, ha llegado a ser una de las poblaciones más afectadas genéticamente. La persistencia de la población de Doñana, a pesar de su extremado deterioro genético, es sin duda consecuencia de la protección conferida por el Parque Nacional y por los esfuerzos de conservación mantenidos durante décadas. Por otro lado, la extinción de la población de Montes de Toledo sin que la genética se hubiera visto afectada apunta a una rápida contracción por la presión de los factores externos ya conocidos, en este caso la destrucción de hábitat, la persecución directa y el declive de la presa.

Un resultado llamativo de la comparación de la secuencia del genoma mitocondrial completo de individuos de distintas épocas es que a principios del siglo pasado la diversidad de la especie ya era moderadamente baja. La reconstrucción de la historia demográfica da una pista del porqué: el lince ibérico no ha sido muy abundante en ningún momento y ha pasado desde su origen (que se sitúa en hace unos 300.000 años, cuando divergió del lince boreal) por sucesivos cuellos de botella que han reducido aproximadamente a la décima parte su tamaño de población. En particular, el cuello de botella documentado durante el siglo XX fue precedido por otro de similar magnitud hace unos 300 años.

Con el análisis de genomas completos han quedado al descubierto otros componentes importantes de la erosión genética. Hemos observado así que las zonas del genoma que codifican las proteínas presentan en el lince ibérico un exceso de variantes que cambian la secuencia de las proteínas y que, por lo tanto,

son muy probablemente deletéreas. Estas variantes deletéreas se habrían acumulado como resultado de la menor eficacia de la selección natural «purificadora» en poblaciones pequeñas. Los análisis bioinformáticos en marcha permitirán predecir la severidad del efecto sobre la función de los genes e, idealmente, inferir las consecuencias para el fenotipo.

PÉRDIDA DE EFICACIA BIOLÓGICA

Parece claro que el lince ha sufrido erosión genética a lo largo de su historia. Lo que debemos preguntarnos ahora es si esa erosión está teniendo consecuencias en la reproducción o la supervivencia de sus individuos, es decir, si ha disminuido su eficacia biológica. Una forma habitual de evaluarlo consiste en comparar la capacidad reproductora o la supervivencia de individuos con muy distintos grados de consanguinidad. Analizar estos datos en especies amenazadas suele revestir especial dificultad, ya que todos los individuos actuales presentan cierto grado de parentesco, por lo que la variación de la consanguinidad en ellos es reducida. Además, se necesita una muestra de gran tamaño para hacer este tipo de inferencias, lo cual también resulta complicado en especies amenazadas. Pese a todo, hemos podido demostrar una correlación significativa directa entre homocigosidad (porcentaje de marcadores homocigotos en un individuo determinado; representa una medida de la consanguinidad individual) y la calidad seminal: los lince más consanguíneos tienden a tener una peor calidad del semen, lo que probablemente afecta a su capacidad reproductora.

Aunque no hayamos podido demostrarlo de forma directa, pensamos que los efectos perniciosos de la erosión genética podrían estar detrás de ciertas anomalías observadas. Por ejemplo,



EL CENTRO DE CRÍA de Zarza de Granadilla, en Cáceres, se inauguró en marzo de 2011 (arriba). Este y otros centros están aportando los lince que se reintroducirán en zonas de donde la especie había desaparecido. Hispano fue un ejemplar liberado en 2012 en la zona de Gaudalmellato (Córdoba) en el marco del proyecto Life Iberlynce (derecha).



la vulnerabilidad a cepas víricas poco agresivas (como la que causó el brote de leucemia felina que provocó una alta mortalidad en Doñana en 2006) y la elevada tasa de mortalidad no traumática parecen indicar que los lince presentan una baja competencia inmunitaria. También muestran una incidencia especialmente alta de otros trastornos que podrían tener una base genética aún sin identificar, como el criptorquidismo (cuando uno o ambos testículos no descienden), la depleción linfocítica (déficit de linfocitos en la sangre) y la epilepsia juvenil.

Asimismo, en la población más endogámica (Doñana) observamos una tendencia hacia una disminución del tamaño de la camada (el número de crías que nacen en un parto) y un incremento de la mortalidad no traumática (por enfermedades de distinto tipo) en el período 2002-2008 respecto a los del período 1983-1998, coincidiendo con una pérdida de diversidad genética y pese a la aplicación de medidas de conservación intensivas, incluida la alimentación suplementaria. La concurrencia del deterioro genético, por un lado, y de la reducción de la capacidad reproductora y la supervivencia, por otro, hace pensar que la especie, y en particular la población de Doñana, se hallaba a inicios de los 2000 en una dinámica que la estaba abocando a la extinción.

Las repercusiones de la erosión genética analizadas hasta aquí hacen referencia a la pérdida de eficacia biológica (capacidad reproductora y supervivencia) de los individuos y, por tanto, tienen lugar a corto o medio plazo. Por el contrario, el efecto de la pérdida de adaptabilidad de la especie al entorno como consecuencia de su escasa diversidad genética es mucho más difícil de predecir, puesto que este tipo de procesos se dan a largo plazo. No obstante, cabe pensar que la diversidad genética tendrá un papel crucial en la supervivencia de la especie en los próximos siglos, en los que se verá si tiene o no la capacidad de adaptarse a los cambios ambientales que se hallan hoy en marcha.

¿QUÉ PODEMOS HACER?

Al conocer que el lince sufría una elevada erosión genética y que esta podía estar perjudicando la eficacia biológica de los individuos, nos planteamos si existirían medidas que pudieran aliviar la situación. El comienzo de las actuaciones de gestión

a principios de este siglo, incluidos los programas de cría en cautividad y de conservación de las poblaciones silvestres, nos ofrecieron una oportunidad única de aplicar estrategias de gestión genética para tratar de mejorar las oportunidades de persistencia del lince ibérico a medio y largo plazo.

Las dos poblaciones que aún sobrevivían en el año 2000 (Doñana y Sierra Morena) presentaban no solo un patrón genético muy acusado de baja diversidad y alta consanguinidad, como ya hemos comentado, sino también una elevada diferenciación genética entre una y otra. La primera decisión importante que había que tomar era si las dos poblaciones debían gestionarse de manera independiente o debían mezclarse y tratarse como una única unidad. Básicamente, ello significaba estimar si los riesgos de depresión por exogamia (pérdida de eficacia por mezcla de poblaciones genéticamente diferenciadas) en la gestión conjunta resultarían superiores a los de depresión por endogamia derivadas de la gestión independiente. Dicho de otro modo, había que sopesar si era más arriesgado cruzar que no cruzar individuos de las distintas poblaciones. Ambas son opciones legítimas y tienen sus pros y contras, pero en la decisión debimos tener en cuenta la dinámica evolutiva que había dado lugar a la diferenciación genética actual. Si esta se había producido como resultado de la acumulación de diferencias a lo largo de un período prolongado de aislamiento, quizás las poblaciones habían desarrollado sendas adaptaciones al entorno local. De ser así, la hibridación podría eliminar tales adaptaciones y disminuir la viabilidad de ambas poblaciones. Por el contrario, podía suceder que las diferencias se debieran a la contracción demográfica y a la fluctuación azarosa de las frecuencias alélicas que esta conlleva, con una eventual pérdida aleatoria de variantes y una acumulación de variantes deletéreas distintas en cada población generadas por la deriva genética. En este otro caso, cruzar las dos poblaciones ayudaría a reducir la consanguinidad y a aumentar la diversidad, puesto que los individuos híbridos serían muy poco homocigotos (consanguíneos) y la población mezcla reuniría las variantes potencialmente adaptativas que persistieron en cada una de ellas.

En el caso del lince ibérico, los análisis de la variación histórica demostraban que la pérdida de diversidad y la diferenciación

entre las dos poblaciones era reciente y se debían predominantemente a la acción de la deriva genética, lo que respaldaba la gestión conjunta de ambas. Ello se concretó, por un lado, con la cría en cautividad de una población mixta generada a partir de las dos poblaciones y, por otro, con el traslado de individuos de una población a la otra. Esta última medida se inició en 2007, con la liberación en Doñana de un macho nacido en Sierra Morena. A partir de 2009 se realizaron reintroducciones de individuos criados en cautividad en cuatro zonas de donde el lince había desaparecido: inicialmente, en Guadalmellato y Guarrizas (Andalucía), en el marco del proyecto Life 2006-2011; y después, en el valle del Matachel (Extremadura), Montes de Toledo y Sierra Morena oriental (Castilla-La Mancha) y el Parque Natural del Valle del Guadiana (Portugal), como parte del proyecto Life 2011-2016.

La gestión implementada hasta la fecha ha conseguido aumentar la diversidad genética de las poblaciones cautivas, reintroducidas y remanentes, lo que parece estar teniendo consecuencias positivas sobre la reproducción y la supervivencia de los individuos. Así lo sugiere el aparente éxito de los individuos mixtos, tanto en Doñana, actualmente compuesta en una alta proporción por los descendientes del primer macho trasladado desde Sierra Morena, como en cautividad, donde los individuos mixtos parecen tener una reproducción y supervivencia algo mayor, y en ningún caso menor, que los puros.

Una vez aplicadas estas medidas, debería evitarse que se produjeran nuevas pérdidas de diversidad y la acumulación de consanguinidad. La mejor forma de prevenirlo consistiría en dejar que las poblaciones crecieran rápidamente hasta que alcanzaran un tamaño «seguro», en el que la deriva genética ya no representara un peligro ni a corto ni a largo plazo. Estos tamaños se han estimado en unos 50 y 500 individuos, respectivamente, para el corto y el largo plazo.

Esas cifras resultarían válidas para una situación ideal en la que existiera un número igual de hembras y machos y todos los individuos se reprodujeran por igual, lo que los genetistas denominamos «tamaño poblacional efectivo». Pero en el mundo real no sucede así, por lo que se necesitan más individuos para alcanzar un tamaño de población seguro. El tamaño total (censal) de una población en un momento dado suele corresponder a un valor entre 5 y 10 veces superior al que es su tamaño efectivo (aunque esta proporción varía mucho entre especies). De este modo, cuando, a inicios de los años 2000, los tamaños censales de las poblaciones remanentes de Doñana y Sierra Morena eran de unos 50 y 100 individuos, respectivamente, los tamaños efectivos estimados correspondían a 10 y 20 individuos, unas cifras muy bajas e insuficientes para garantizar la viabilidad de las poblaciones. Según esto, el tamaño censal para el lince ibérico debería ser entre 250 y 500 individuos para evitar problemas a corto plazo, y entre 2500 y 5000 para mantener potencial adaptativo a largo plazo.

Sin embargo, en teoría podríamos obtener un mayor tamaño efectivo para un tamaño censal dado si gestionáramos la reproducción de manera que todos los individuos se reprodujeran por igual y, aún mejor, lo hicieran en función de lo singular que fuera su composición genética. Con esta estrategia se priorizaría la reproducción de los individuos menos emparentados genéticamente con el resto de la población, lo que llevaría a minimizar la consanguinidad promedio y a maximizar la diversidad genética. Por supuesto, la selección de emparejamientos solo es posible en cautividad, pero el mismo principio puede aplicarse a la gestión de los traslados de individuos de una población a otra y las

reintroducciones (en zonas donde la especie había desaparecido) a partir de individuos en cautividad. Ello puede conseguirse si los animales que se van a trasladar o liberar se seleccionan en función de su parentesco con los residentes. Estas medidas de gestión genética las venimos implementando sistemáticamente en la población cautiva y para dirigir las liberaciones realizadas hasta la fecha, sobre la base de la información aportada por los marcadores moleculares y por la genealogía cuando esta se conoce.

RETOS PENDIENTES

A pesar del éxito de las medidas llevadas a cabo, la aplicación de la genómica a la gestión podría ir un paso más allá si conseguimos identificar y controlar aquellas variantes genéticas deletéreas que más están limitando la reproducción y la supervivencia. La actual gestión, orientada a maximizar la diversidad genética, tiende a homogeneizar las frecuencias de todas las variantes existentes en la población. Tal estrategia favorece también a las variantes deletéreas, puesto que en las poblaciones pequeñas no han sido purgadas eficientemente por la selección natural. La disponibilidad de marcadores asociados a defectos genéticos, como la criptorquidia o la epilepsia juvenil, posibilitaría una gestión que conciliara el mantenimiento de la máxima diversidad con la disminución de la incidencia de estas enfermedades.

Los planes de conservación de especies amenazadas requieren un enfoque multidisciplinar que integre todos los aspectos que pueden limitar la viabilidad tanto a corto como a largo plazo. El lince ibérico es un caso paradigmático que ilustra no solo los problemas genéticos, sino también sus posibles soluciones. Las medidas aplicadas han aumentado la diversidad genética de las poblaciones en libertad, especialmente en la población de Doñana. Pero todavía debe hacerse frente a varios retos para garantizar la persistencia del lince. Desde el punto de vista genético, estos consisten en extender el seguimiento y la gestión genética a las nuevas poblaciones para llegar a una gestión integral de la especie, y dar el salto al uso de herramientas genómicas, las ya disponibles y las que puedan desarrollarse en el futuro. En este proceso, el lince ibérico servirá también como una piedra de toque para evaluar el impacto real de la genómica en la conservación de las especies. 

PARA SABER MÁS

Genetics at the verge of extinction: insights from the Iberian lynx. M. Casas-Marce et al. en *Molecular Ecology*, vol. 22, n.º 22, págs. 5503-5515, 2013.

Extreme genomic erosion after recurrent demographic bottlenecks in the highly endangered Iberian lynx. F. Abascal et al. en *Genome Biology*, vol. 17, n.º 1, pág. 251, 2016.

Novel efficient genome-wide SNP panels for the conservation of the highly endangered Iberian lynx. D. Kleinman-Ruiz et al. en *BMC Genomics*, vol. 18, n.º 1, pág. 556, 2017.

Spatiotemporal dynamics of genetic variation in the Iberian lynx along its path to extinction reconstructed with ancient DNA. M. Casas-Marce et al. en *Molecular Biology and Evolution*, vol. 34, n.º 11, págs. 2893-2907, 2017.

Proyecto Life+Iberlynce. «Recuperación de la distribución histórica de lince ibérico (*Lynx pardinus*) en España y Portugal». iberlynce.eu/index.php/esp/ Programa de conservación ex-situ del lince ibérico. lynxexsitu.es/index.php

EN NUESTRO ARCHIVO

El lince ibérico. Progenie molecular. Juan F. Beltrán, John E. Rice y Rodney L. Honeycutt en *lyC*, mayo de 1996.

Lince ibérico. Genética y distribución. Francisco Palomares en *lyC*, agosto de 2004.

El jaguar: genes y conservación. Manuel Ruiz García en *lyC*, junio de 2013.