

GENÉTICA DE LA CONSERVACIÓN

LA APLICACIÓN DE LOS CONCEPTOS DE LA EVOLUCIÓN A LA CONSERVACIÓN DE LA DIVERSIDAD BIOLÓGICA

ARMANDO CABALLERO RÚA

La comprensión de las fuerzas de cambio evolutivo que actúan sobre las poblaciones, en conjunción con las técnicas más modernas de análisis genético, lleva aplicándose en los últimos veinte años al servicio de la conservación de la biodiversidad. Esta nueva aplicación de la genética ha recibido el nombre de genética de la conservación.

Palabras clave: deriva genética, consanguinidad, vórtices de extinción, censo efectivo de población.

El mantenimiento de la biodiversidad es uno de los problemas más acuciantes sobrevenidos del crecimiento demográfico humano y la utilización irresponsable de los recursos naturales. La desaparición de especies se sucede a ritmo vertiginoso y cada vez es mayor el número de estas que requieren de la intervención humana para optimizar la forma de gestionarlas y asegurarles la supervivencia. Las razones que sustentan la necesidad de establecer programas de conservación son muy variadas, desde las netamente ecológicas hasta las históricas, culturales, sociales e incluso económicas. Por ejemplo, ciertas razas locales de animales domésticos están asociadas a sistemas de producción característicos o son la fuente de algún producto de calidad. Tiene también gran interés social el mantenimiento de ciertas especies o razas que han estado históricamente ligadas a una región o etnia y forman parte de su acervo cultural. En los últimos veinte años el problema de la pérdida de diversidad biológica y la extinción masiva de especies como consecuencia de la actividad humana ha disparado el interés por buscar soluciones, tanto en el desarrollo de técnicas analíticas para poder identificar las causas del problema como en técnicas activas de manejo para poder proporcionar una solución a este. La genética de poblaciones y evolutiva clásica, desarrollada desde principios del siglo XX, proporciona las bases esenciales de la genética de la conservación. El estudio de la constitución genética de las poblaciones

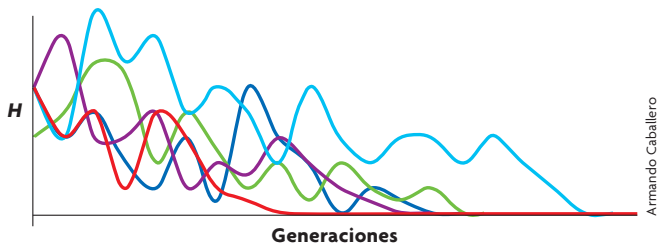
y de las fuerzas de cambio evolutivo que actúan sobre ellas (es decir, la selección natural, la deriva genética, la mutación y la migración; Benito y Espino, 2012) son los pilares que constituyen las herramientas de la genética de la conservación. La importancia de esta nueva aplicación de la genética poblacional y evolutiva se hace patente con la aparición en el año 2000 de la revista científica *Conservation Genetics*, específicamente dirigida a este campo, y más recientemente, en 2009, de la revista *Conservation Genetics Resources*.

■ VARIABILIDAD GENÉTICA: DIVERSIDAD GÉNICA Y ALÉLICA

La potencialidad de una población para evolucionar y adaptarse a los cambios del medio depende fundamentalmente de su variabilidad genética, en última instancia, del acervo de genes de los que la población es portadora. Esta variabilidad suele estimarse a partir de la frecuencia de individuos heterocigotos (heterocigosis o diversidad génica, figura 1), es decir, la frecuencia de individuos portadores de alelos diferentes para un gen dado, y de la diversidad alélica, es decir, el número de alelos distintos que están presentes en la población para un gen dado. Las diversidades génica y alélica suelen estimarse actualmente con regiones del ADN fácilmente identificables, que, en términos generales, se denominan

«LA DESAPARICIÓN DE
ESPECIES SE SUCEDE A
RITMO VERTIGINOSO Y CADA
VEZ ES MAYOR EL NÚMERO
DE ESTAS QUE REQUIEREN
DE LA INTERVENCIÓN
HUMANA PARA OPTIMIZAR LA
GESTIÓN Y ASEGURARLES
LA SUPERVIVENCIA»

A la izquierda, Tania Blanco. *Tejido epitelial III* (detalle), 2012-2013. Acrílico sobre tabla, 65 cm de diámetro.



Armando Caballero

Figura 1. Simulación por ordenador de la evolución de la heterocigosis (H : frecuencia media de heterocigotos) a lo largo de las generaciones de cinco genes con frecuencia inicial 0,5 en una población con diez individuos reproductores.

«marcadores genéticos». Puesto que la variación es la base de la potencialidad evolutiva de las especies, la diversidad genética, en su sentido más amplio, resulta fundamental para la capacidad de éstas de responder a los retos ambientales y, con ello, garantizar su perdurabilidad, lo que las configura como el pilar esencial de la conservación genética.

■ MUTACIÓN, DERIVA GENÉTICA Y DEPRESIÓN CONSANGUÍNEA

El proceso de mutación (cualquier cambio que se produce en el ADN durante el proceso reproductivo), aunque muy lentamente, va generando nuevos alelos (y nuevos individuos heterocigóticos) que entran a formar parte del acervo génico de la población. Sin embargo, en las poblaciones de censo reducido, como es el caso de las poblaciones de especies en peligro de extinción, el cambio aleatorio en las frecuencias alélicas (proceso denominado «deriva genética») es responsable de la pérdida de muchos de estos alelos con el transcurso de las generaciones. La pérdida de alelos por deriva genética es uno de los problemas más acuciantes al que se enfrentan las especies en peligro de extinción. Otro, no de menor magnitud, es la consanguinidad, es decir, el resultado del apareamiento entre parientes que se produce inexorablemente cuando el número de reproductores es reducido. Una de las consecuencias más notorias de la consanguinidad, ampliamente reconocida por criadores de animales y plantas, es el deterioro de la capacidad reproductiva o vigor de los individuos, fenómeno denominado «depresión consanguínea». Cuando aumentan los niveles de consanguinidad, muchos caracteres, sobre todo los relacionados con la reproducción y la supervivencia (número de descendientes, número de frutos y semillas, viabilidad, fertilidad, etc.), sufren una reducción en mayor o menor medida, dependiendo

del carácter y la población considerados. La causa de la depresión consanguínea es la conjunción de dos circunstancias. Primero, que la mayoría de las mutaciones en genes funcionales son deletéreas, es decir, los alelos nuevos que se generan suelen presentar menor funcionalidad que el alelo silvestre más frecuente en la población. Segundo, que estos alelos deletéreas tienden a ser recesivos, es decir, solo manifiestan su efecto negativo en individuos homocigóticos. Los alelos deletéreas recesivos suelen estar presentes en individuos heterocigóticos portadores del alelo silvestre funcional, y la consanguinidad aumenta la probabilidad de que dichos alelos se presenten en homocigosis, con lo que manifiestan su efecto deletéreo.

Un caso ya clásico de la deriva genética y la consanguinidad sobre la variación genética es el del guepardo, cuyo hábitat se extendía hace 20.000 años por África, Europa y América del Norte, y hoy en día se reduce a entre 1.500 y 5.000 ejemplares, básicamente en África. La diversidad genética estimada en esta especie es extraordinariamente baja y esto tendría origen en varios cuellos de botella (reducciones drásticas del censo poblacional) que diezmaron las poblaciones y redujeron su variabilidad genética hasta en un 99% (Menotti-Raymond y O'Brien, 1995). La depresión consanguínea en el guepardo se manifiesta por el bajo número de espermatozoides y la elevada frecuencia de estos que son anormales, su baja fecundidad en cautividad, la alta incidencia de mortalidad juvenil (del orden del 30%) y la alta vulnerabilidad a enfermedades infecciosas, especialmente a la peritonitis felina.

■ EL CENSO EFECTIVO VIABLE DE UNA POBLACIÓN

Como ya se ha indicado anteriormente, la deriva genética, que implica la pérdida de alelos, y la consanguinidad, que implica el aumento en la frecuencia de homocigotos y, con ello, la depresión consanguínea, pueden generarse por varias razones. Las más importantes, aunque no las únicas, son la fluctuación temporal en el censo de reproductores, el sesgo en el número de individuos de cada sexo o la variación en las contribuciones de descendientes de los

individuos. Estas situaciones pueden cuantificarse mediante el concepto de «censo efectivo de población» (N_e), que puede definirse como el censo que tendría una población hipotética libre de las causas de deriva bajo consideración, que diera lugar a la consanguinidad o deriva observadas en la población real (véase, por ejemplo, Benito y Espino, 2012).

El censo efectivo de las poblaciones naturales puede estimarse mediante varios procedimientos y

«PUES TO QUE LA VARIACIÓN ES LA BASE DE LA POTENCIALIDAD EVOLUTIVA DE LAS ESPECIES, LA DIVERSIDAD GENÉTICA RESULTA FUNDAMENTAL PARA LA CAPACIDAD DE ESTAS DE RESPONDER A LOS RETOS AMBIENTALES»

diversos estudios indican que su magnitud suele ser muy inferior al censo de reproductores (N), como media del orden del 10% de este último (Frankham *et al.*, 2010). Los programas de conservación suelen tener como objetivo el incrementar o mantener un elevado censo efectivo en la población, y la pregunta básica que se plantea es cuál es el censo efectivo mínimo que debe tener una población para considerarse razonablemente blindada contra la deriva genética, y por debajo del cual la viabilidad de la población está comprometida. Se han llevado a cabo diversos estudios en este sentido concluyendo que el censo efectivo mínimo que puede garantizar la perdurabilidad de una población debe ser del orden de $N_e = 500$ individuos. Teniendo en cuenta la relación empírica entre N y N_e , descrita anteriormente, el número de individuos reproductores debería ser diez veces mayor, es decir $N = 5.000$. Este número relativamente elevado pone de manifiesto la difícil situación en la que se pueden encontrar muchas poblaciones de animales y plantas en la naturaleza.

■ LOS VÓRTICES DE EXTINCIÓN

En la práctica, cuando una especie está en peligro de extinción y muestra una eficacia biológica media comprometida, resulta muy difícil discernir en qué medida esto se debe a un deterioro genético y evaluar hasta qué punto la causa de este es la acumulación de mutaciones deletéreas, la depresión consanguínea o la pérdida de variabilidad genética. Es probablemente la conjunción de estos factores, junto a otros demográficos, ecológicos, ambientales o estocásticos, lo que conlleva la extinción. El fenómeno se conoce como «vórtice», o «torbellino de extinción» (Frankham *et al.*, 2010), y se representa en la figura 2. El cambio ambiental fluctuante, la competencia entre especies, la lucha por los recursos y las catástrofes naturales se encuadran entre las causas naturales de reducción del censo poblacional. Por otra parte, la acción humana –materializada en la destrucción y fragmentación del hábitat, la degradación ambiental, la sobreexplotación y la introducción de especies exóticas que desplazan a las autóctonas– lleva también a una continua fragmentación y aislamiento de las poblaciones. Como ya



Figura 2. Esquema de los llamados «vórtices de extinción», que describen el refuerzo mutuo entre efectos demográficos, estocásticos y genéticos que propicia la extinción de las poblaciones de censo reducido. (Adaptado de Frankham *et al.*, 2010).

hemos resaltado, los censos reducidos generan mayores pérdidas de variabilidad genética por deriva, reducciones en la capacidad reproductiva de los individuos por depresión consanguínea y acumulación de mutaciones deletéreas, factores que, a su vez, contribuyen a reducir aún más los censos. El refuerzo mutuo entre efectos demográficos, estocásticos y genéticos propicia la extinción como último destino de una población de censo reducido.

■ UNIDADES DE CONSERVACIÓN

El primer paso cuando se diseña un programa de conservación es decidir qué población hay que mantener o cuál es la unidad de conservación. En este proceso hay que tener en cuenta razones ecológicas, culturales, económicas y del grado de amenaza de la población, así como de la probabilidad de éxito del programa (Oldenbroek, 1999).

Pero también es primordial definir criterios genéticos que permitan determinar las prioridades a la hora de mantener o desechar poblaciones de la misma especie. El establecimiento de las llamadas unidades significativamente evolutivas, como poblaciones a las que se da prioridad en la conservación, es un aspecto muy debatido en la actualidad, ya que es primordial definir cuál es la unidad de conservación antes de comenzar

«EL OBJETIVO DE UN PROGRAMA DE CONSERVACIÓN DE UNA ESPECIE AMENAZADA O EN PELIGRO DE EXTINCIÓN ES MANTENER EL NIVEL MÁS ALTO POSIBLE DE VARIABILIDAD GENÉTICA»

un programa de acciones (Allendorf *et al.*, 2013). La utilización de marcadores genéticos se ha convertido en una herramienta esencial para resolver problemas taxonómicos y determinar las diferencias genéticas entre grupos. Más recientemente se han incorporado métodos complementarios que clasifican a las poblaciones de acuerdo con sus relaciones ecológicas y genéticas. El agrupamiento de las poblaciones siguiendo ambos criterios simultáneamente permite establecer con cierta confianza las unidades evolutivamente significativas que serán la base de los programas de conservación.

■ LOS PROGRAMAS DE CONSERVACIÓN

Desde el punto de vista genético, el objetivo de un programa de conservación de una especie amenazada o en peligro de extinción es mantener el nivel más alto posible de variabilidad genética, así como garantizar la capacidad de pervivencia de sus individuos con el fin último de facilitarles la reintroducción en el medio natural. En los programas de conservación *in situ*, es decir, en la conservación de las poblaciones en su propio entorno natural, los principios de acción se centran, básicamente, en tomar las medidas necesarias para que los censos de las poblaciones aumenten. Entre las distintas acciones se pueden citar el control o prohibición de la caza y pesca, la designación de reservas naturales, la reducción de la contaminación y la degradación ambiental, la erradicación de depredadores y competidores, el establecimiento de corredores entre poblaciones aisladas, etc. Los aspectos genéticos también son esenciales para una correcta aplicación de estas acciones. Por ejemplo, el transporte de individuos de unas localidades a otras con objeto de paliar los efectos negativos de la consanguinidad debe llevarse a cabo bajo asesoramiento genético. El cruce entre individuos muy alejados genéticamente (que suele estar correlacionado con el alejamiento físico) puede dar lugar, más que al pretendido vigor híbrido, a la situación contraria, una menor capacidad reproductiva de los descendientes. Un ejemplo de los problemas surgidos por la mala gestión genética lo constituye la repoblación con salmones de origen escocés y noruego llevada a cabo en los ríos salmoneros del Cantábrico entre los años setenta y noventa. La escasa adaptación de los peces foráneos a los ríos españoles ha sido la principal razón de que la inmensa mayoría de los individuos reintroducidos no hayan tenido éxito reproductivo.

En los programas de conservación *ex situ* la población se mantiene en condiciones de cautividad, ya sea de forma indefinida o con el objetivo final de reintroducir las especies conservadas en su medio natural. Se ha estimado que, solo de vertebrados terrestres, unas 2.000 especies requieren cría en cautividad para salvaguardarlas de la



Ryan Taylor

El guepardo es una especie que presenta una baja variabilidad genética debido a los cuellos de botella que ha sufrido durante su historia evolutiva.

extinción (Frankham *et al.*, 2010). La cautividad se lleva a cabo en zoológicos, parques naturales, acuarios, jardines botánicos y arboretos, pero también en bancos de germoplasma vegetal y criopreservación de plantas y animales, cultivos celulares y gametos. El ejemplo más conocido de especie ibérica en peligro de extinción con la que se lleva a cabo un importante programa de conservación es el linco ibérico (Vargas, 2009). Los objetivos principales de los programas de conservación *ex situ* son (Toro *et al.*, 2009): en primer lugar, evitar la consanguinidad (excepto en especies autóгамas), ya que un aumento de esta disminuye la viabilidad de la especie; en segundo lugar, mantener la mayor variación genética posible, para salvaguardar así la capacidad de adaptación de la población ante los nuevos retos ambientales; y, por último, proteger a la población de una adaptación a la cautividad que perjudique el éxito de una posible reintroducción al estado silvestre.

Puesto que los recursos genéticos se mantienen generalmente con censos de población reducidos, tanto en el caso de los animales en cautividad como en el de los bancos de germoplasma vegetal, la deriva genética es la fuente principal de pérdida de variación genética. El criterio primario que hay que perseguir será, por tanto, mantener el máximo censo efectivo de las poblaciones criadas en cautividad, lo que puede alcanzarse mediante las siguientes directrices: primero, incrementar el censo hasta llegar al máximo posible según las disponibilidades y, a continuación, mantener este censo con el menor número posible de fluctuaciones temporales; segundo, evitar los apareamientos entre parientes; tercero, evitar

Agencia SINC / iLine-Obstuniter

CSIC



Los programas de repoblación de los ríos salmoneros del Cantábrico en los años setenta y noventa con salmones de origen escocés y noruego no tuvieron éxito debido a la falta de adaptación de los peces a las condiciones climáticas de los ríos españoles.



El lince ibérico es una de las especies en peligro de extinción más representativas de nuestro país, para cuya conservación se lleva a cabo un ambicioso programa de recuperación.

sesgos en la razón de sexos y minimizar la variación en las contribuciones de descendencia de los progenitores; y finalmente, conectar mediante migración controlada los núcleos reproductivos que se mantienen por separado por razones logísticas o naturales. Actualmente se dispone de algoritmos y procedimientos computacionales de optimización que permiten mantener la máxima diversidad genética posible en poblaciones en cautividad si se dispone de un cierto control en los apareamientos. Estos métodos cada vez son más sofisticados e incorporan, cuando es posible, información de marcadores genéticos de alta densidad, obtenidos con las nuevas tecnologías de secuenciación del ADN.

■ PERSPECTIVAS

El mantenimiento de la biodiversidad es uno de los problemas más acuciantes sobrevenidos por el crecimiento demográfico humano y la utilización irresponsable de los recursos naturales. La genética y, particularmente, la genética de poblaciones, desarrollada desde principios del siglo XX, da respuesta a muchas de las cuestiones planteadas en la recuperación *in situ* de especies en peligro de extinción y el manejo de especies en cautividad. La aplicación de los conceptos genéticos a la conservación de la diversidad biológica ha tenido, sin embargo, el desarrollo más dinámico en las dos últimas décadas, durante las cuales se ha convertido en uno de los campos más activos de investigación. La gestión de programas de conservación *ex situ* se verá mejorada en el futuro por el desarrollo de nuevas tecnologías reproductivas y de crioconservación combinadas con el incesante desarrollo de nuevas técnicas moleculares de monitorización de la diversidad genética, y el desarrollo de aplicaciones informáticas que sean capaces de incorporar eficientemente toda la información disponible al servicio del conservador. En los programas de conservación *in situ* el papel clave puede residir en mejorar la coordinación de la información procedente de diversas vías (genética, ecológica, demográfica, ambiental), mediante el desarrollo de plataformas informáticas más globales que permitan combinar una gran cantidad de información sobre los individuos y las poblaciones amenazadas, y los hábitats en donde viven. Sin embargo, los factores genéticos representan solo un componente de los riesgos de extinción. Las amenazas fundamentales residen en la pérdida de hábitat, la degradación del medio, el calentamiento del globo y la sobreexplotación, entre otros factores. Es en este aspecto fundamental en el que los gobiernos deben colaborar más activamente para frenar la pérdida de biodiversidad. ☺

BIBLIOGRAFÍA

- ALLENBROEK, F. W.; LUIKART, G. y S. N. AITKEN, 2013. *Conservation and the Genetics of Populations*. 2ª edición. Wiley-Blackwell Publishing. Malden, EE UU.
- BENITO, C. y F. J. ESPINO, 2012. *Genética, conceptos esenciales*. Editorial Médica Panamericana. Madrid.
- FRANKHAM, R.; BALLOU, J. D. y D. A. BRISCOE, 2010. *Introduction to Conservation Genetics*. 2ª edición. Cambridge University Press. Cambridge.
- MENOTTI-RAYMOND M. y S. J. O'BRIEN, 1995. «Evolutionary Conservation of Ten Microsatellite Loci in Four Species of Felidae». *Journal of Heredity*, 86(4): 319-322.
- OLDENBROEK, J. K., 1999. *Genebanks and the Conservation of Farm Animal Genetic Resources*. DLO Institute for Animal Sciences and Health. Lelystad, Holanda.
- TORO, M. A.; FERNÁNDEZ, J. y A. CABALLERO, 2009. «Molecular Characterization of Breeds and Its Use in Conservation». *Livestock Science*, 120: 174-195. DOI: <10.1016/j.livsci.2008.07.003>.
- VARGAS, A., 2009. *Conservación ex-situ del lince ibérico: un enfoque multidisciplinario*. Fundación Biodiversidad. Madrid. Disponible en: <http://www.lynxexsitu.es/ficheros/documentos_pdf/37/bookexsituvargas2009_3.pdf>.

Armando Caballero Rúa. Catedrático de Genética de la Universidad de Vigo.