

NOTA DE PRENSA

El lince ibérico tendría menos mutaciones nocivas que otras especies de lince gracias al pequeño tamaño de sus poblaciones

- Un equipo liderado por la Estación Biológica de Doñana- CSIC han comparado las cargas de mutaciones nocivas de lince ibérico y lince boreal. El estudio muestra que las poblaciones que han sido pequeñas durante toda su historia, como la del lince ibérico, pueden ser más tolerantes a los efectos genéticos del incremento del grado de parentesco entre los progenitores tras una reducción poblacional brusca.
- El equipo ha elaborado, además, un catálogo de mutaciones nocivas en el lince ibérico que permitiría minimizar la incidencia de enfermedades en el futuro y que ayudaría a la gestión genética de la especie.



Lince ibérico. Foto: Antonio Rivas

Sevilla, 4 de marzo de 2022. Un equipo internacional liderado por la Estación Biológica de Doñana ha realizado análisis del genoma completo de lince ibérico y lince boreal para identificar las diferencias en las cargas de mutaciones nocivas en las dos especies. La población de lince ibérico llegó a tener menos de 100 individuos, pero actualmente cuenta con alrededor

de 1100 ejemplares viviendo en libertad, aunque sigue siendo considerado en peligro de extinción. Por el contrario, el lince boreal, cuya población se extiende desde Asia Oriental hasta Europa Central, no se encuentra amenazado en la actualidad. Sin embargo, recientemente ha sufrido un declive importante debido principalmente a presiones de origen humano.

Este estudio aborda un aspecto hasta ahora poco estudiado de la erosión genética que ocurre en poblaciones pequeñas y aisladas como las del lince ibérico. A diferencia de la pérdida de diversidad, que está muy bien documentada en muchas especies amenazadas, este nuevo trabajo aporta una de las primeras estimaciones de la acumulación de mutaciones nocivas en una especie en peligro de extinción. Esto ha sido posible gracias a la obtención de datos de variación genética a lo largo de todo el genoma y a la disponibilidad de un genoma de referencia para el lince ibérico. “Con esta información, hemos podido cuantificar la cantidad de mutaciones nocivas que porta cada individuo y comparar poblaciones y especies con distintas demografías para comprobar si las pequeñas acumulan más o menos que las grandes”, cuenta José Antonio Godoy, investigador de la Estación Biológica de Doñana-CSIC.

Los resultados del estudio indican que las distintas poblaciones de lince ibérico y lince boreal tienen una carga de mutaciones neutras y moderadamente nocivas muy similar. Sin embargo, en el caso de las mutaciones altamente nocivas, las poblaciones de lince ibérico presentan una carga menor, tal y como se esperaba de acuerdo a la teoría genética de las poblaciones. “La explicación reside en que aquellas mutaciones nocivas que son recesivas (esto es, que se requieren dos copias para que se exprese el defecto) tienen más oportunidades de expresarse en poblaciones pequeñas, ya que hay más consanguinidad. Esto favorece que la selección natural los elimine más rápido que en poblaciones grandes”, explica el investigador.

Estos resultados son muy relevantes para la conservación, no sólo del lince ibérico, sino de otras muchas especies. Ante una reducción poblacional brusca, los apareamientos se producen entre individuos más emparentados entre sí. Las especies con poblaciones que han sido pequeñas toda su historia serían más tolerantes a los efectos genéticos del aumento del grado de parentesco entre los progenitores que aquellas que fueron grandes en su momento y se han hecho pequeñas recientemente, como las del lince boreal. Para estas últimas sería más probable que las mutaciones nocivas se terminen expresando ante descensos importantes en sus poblaciones, ya que la “purga” genética no ha sido capaz de



Lince ibérico. Foto: Antonio Rivas



eliminarlas tan rápido como en el lince ibérico.

“Esto no quiere decir que el declive reciente en poblaciones que ya eran históricamente pequeñas, como las del lince ibérico, no tenga consecuencias genéticas que reduzcan su viabilidad futura. Una parte de sus mutaciones nocivas aumenta en frecuencia y puede llegar a fijarse, es decir, a reemplazar a la mutación beneficiosa en todos los individuos de la población”, aclara José Antonio Godoy.

Un catálogo de mutaciones nocivas para ayudar a la conservación del lince ibérico

El equipo también ha generado un catálogo de mutaciones nocivas en el lince ibérico, algunas de las cuales pueden ser las causantes de las pérdidas de fertilidad o de algunas enfermedades genéticas que son relativamente frecuentes en la especie, como la epilepsia juvenil y la criptorquidia. Se necesitarán nuevos estudios para poner a prueba estas asociaciones y, en caso de que se confirmen, tener las mutaciones responsables identificadas permitiría mejorar la gestión genética actual de la especie minimizando la incidencia de enfermedades sin que esto perjudique su ya limitada diversidad genética.

Este trabajo ilustra las enormes posibilidades que puede aportar la genómica para entender las consecuencias genéticas de los declives poblacionales y ayudar a la conservación de las especies. “Hay todavía muchos aspectos que desconocemos, como los posibles efectos de las mutaciones en regiones que no codifican proteínas o como el de los posibles cambios en las modificaciones del ADN y sus consecuencias”, concluye José Antonio Godoy. Se necesitará profundizar en esta línea de trabajo para seguir contribuyendo a la recuperación de esta especie protegida.

Referencia:

Kleinman-Ruiz, D., M. Lucena-Pérez, B. Villanueva, J. Fernández, A. Saveljev, M. Ratkiewicz, K. Schmidt, N. Galtier, A. García-Dorado and J. A. Godoy (2022). "Purging of deleterious burden in the endangered Iberian lynx." *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 119 (11) e2110614119. <https://doi.org/10.1073/pnas.2110614119>

Contacto:

Comunicación EBD

outreach@ebd.csic.es