

GENÉTICAS MOLECULARES Y CONSERVACION EN LAS GALAPAGOS

Por: Kornelia Rassmann

INTRODUCCION

Por más de un siglo las Galápagos han servido para los biólogos evolucionistas como un laboratorio natural para sus estudios. Un objetivo principal ha sido describir las adaptaciones morfológicas y de comportamiento únicas desarrolladas por las diversas formas de vida de los organismos de Galápagos en respuesta a su formidable medio ambiente y para entender cómo han sucedido estas especializaciones. Ya que el material básico de los cambios evolutivos son los genes, entender los mecanismos genéticos de estos procesos ha sido un paso importante. Los modelos derivados de la teoría sobre genética poblacional pueden ilustrar los procesos que influyen la composición genética de poblaciones o de especies y, por lo tanto, constituyen una parte importante de la actual investigación evolutiva. Estos modelos intentan describir el estado genético actual de los sistemas evolutivos, por ejemplo, la cantidad de variación genética dentro o entre poblaciones, y estimar las probabilidades futuras de poblaciones con respecto a sus composiciones genéticas. Al mismo tiempo, los genes y la composición de genes de una especie o población sirve como registro de un evento evolutivo que ocurrió en el pasado y por lo tanto nos provee de información sobre sus antecedentes históricos - o filogenética.

De manera mas bien triste, la teoría sobre la genética poblacional y filogenética se ha vuelto mucho más importante para los aspectos prácticos de la investigación en Galápagos. A lo largo de los últimos siglos, las poblaciones de varias especies endémicas o nativas han declinado, llevando a algunas a estar cercanas a la extinción y eliminando unas pocas. Las razones principales para estas disminuciones incluyen la depredación por animales ferales, la destrucción del hábitat y la competencia por recursos de las plantas y animales no indígenas introducidos a las islas por el hombre, y la explotación realizada por el hombre de las especies indígenas y sus hábitats naturales (Trillmich, 1992). Por supuesto, también existen causas no inducidas por el hombre que están amenazando la fauna y flora de las Galápagos. Eventos catastróficos repentinos tales como erupciones volcánicas o enfermedades epidémicas pueden poner en peligro poblaciones específicas. De naturaleza más global son los cambios ambientales como los recurrentes eventos El Niño - anomalías climatológicas que en ocasiones llevan a dramáticos aumentos de las temperaturas superficiales del mar en las Galápagos. En las Galápagos los eventos El

Niño influyen los taxones de diferente manera (Trillmich, 1991). Mientras algunas especies prosperan con la abundancia de alimento, otras son privadas de sus recursos naturales y experimentan bajas poblacionales notables. Así, las bajas densidades poblacionales pueden ocasionalmente ocurrir en forma natural en algunas especies de Galápagos. Sin embargo, el registro fósil sugiere que la mayor parte de las extinciones en las Galápagos tuvieron lugar luego de la llegada del hombre (Steadman et. al., 1991). Junto con las amenazas naturales para la biota insular, en la actualidad el creciente impacto humano en este ecosistema único convierte a la conservación biológica en un importante y apremiante campo de investigación en las Galápagos.

Ahora la diversidad del archipiélago se puede beneficiar de lo que nos enseñó en el pasado. Una nueva disciplina, genéticas de conservación, aplica los principios de genéticas poblacionales y filogenéticas a temas de conservación. Documenta la cantidad y el patrón de variación genética en especies amenazadas e intenta derivar sugerencias que ayuden a su preservación. Entre sus aplicaciones están los intentos para: i)

monitorear y manejar la variación genética en poblaciones naturales y cautivas; ii) predecir la demografía en las poblaciones salvajes (ejm., el tamaño poblacional o el grado de flujo de genes); iii) reconocer poblaciones o subpoblaciones evolutivas precisas, que pueden necesitar un manejo o conservación particular; iv) determinar el valor de la conservación de poblaciones o taxón en base a sus grados de derivación genética o sus distinciones filogenéticas; y v) identificar individuos o especímenes de origen desconocido o la afinidad de las especies (Awise, 1994; Hedrick & Miller, 1992; Moritz, 1994; Dobson et. al., 1992).

Sin embargo es correcto preguntar, “¿Puede la investigación genética salvar efectivamente especies amenazadas?” Sin duda, la conservación genética no reduce los riesgos antes mencionados de cambios naturales o antropogénicos del ambiente y eventos catastróficos. Adicionalmente, existen dos categorías adicionales de amenazas potenciales para la supervivencia de poblaciones, descritas como causas genéticas y demográficas (Shaffer, 1981). En particular las poblaciones pequeñas pueden enfrentar una cantidad de problemas relacionados con estas categorías. Un resultado pronosticado de modelos de genéticas poblacionales es que las pequeñas poblaciones pierden la variación genética más rápido que las poblaciones grandes. Este proceso es conocido como arrastre genético. Generalmente se asume que la poca variación genética tiene efectos negativos en la viabilidad de una población. Por ejemplo, la falta de variación genética puede disminuir la habilidad de una población para responder rápidamente a cambios ambientales futuros. También, la endogamia pura (ejm., el apareamiento de animales relacionados genéticamente) es probable en poblaciones pequeñas, aumentando la probabilidad de que se revelen alelos recesivos nocivos, que pueden reducir la idoneidad de los individuos en una población. Debido a que existe una terminología confusa lo induzco a una discusión de los diferentes significados biológicos del término “endogamia”, el cual es necesario mantenerlo separado a fin de evitar serios errores en las recomendaciones de

manejo (Templeton y Read, 1994). No está claro si la reducción de la viabilidad y fecundidad observada en poblaciones endogámicas - llamadas comúnmente “depresión de la endogamia” - es siempre consecuencia de la endogamia pura (Caro & Laurenson, 1994; Laurenson et. al., 1995). Sin embargo, muchos autores consideran aún el manejo de la heterosigosidad un elemento importante en la preservación de especies amenazadas (Awise, 1994) que merece una mayor atención en todo plan de conservación (Hedrick & Miller, 1992).

El manejo de la conservación genética de una población que vive en libertad es un proceso a largo plazo, posiblemente demasiado lento para tratar con las necesidades de conservación de poblaciones a corto plazo. También, poblaciones con bajas densidades reproductivas pueden ser reducidas por varias razones no genéticas, ej., simplemente la menor frecuencia con la que se encuentran los sexos opuestos. Por tales razones se ha argumentado que las consideraciones demográficas (crecimiento poblacional y estructura por edades) son de gran importancia para el manejo directo de una especie en peligro que las preocupaciones genéticas a largo plazo (Lande, 1988). ¿Es entonces la ‘conservación genética’ de poco valor práctico? Por supuesto, en el caso de las Galápagos los pasos más urgentemente necesarios hacia su rescate deben ser las acciones ecológicas urgentes, al igual que las decisiones políticas y su ejecución. Sin embargo, siento que existe también potencial en la acumulación de datos de la creciente cantidad de estudios moleculares evolucionarios en el archipiélago.

LAS IGUANAS MARINAS DE GALAPAGOS

Lo siguiente sirve como ejemplo de cómo un proyecto de genética molecular puede ayudar a apoyar la conservación de las especies. El objetivo de un estudio de las iguanas marinas (Rassmann, datos no publicados) era analizar la diferenciación genética dentro y entre poblaciones a todo lo largo de las Galápagos. Se colectaron

muestras de sangre de las iguanas de 22 poblaciones, incluyendo casi todas las poblaciones de las islas grandes (Tabla 1). Durante los viajes de muestreo en la primavera de 1991 y 1993, se observó que las poblaciones de islas con depredadores introducidos son pequeñas y se caracterizan por la ausencia de juveniles, por ejemplo en las Islas Isabela y San Cristóbal (Cayot et.al., 1994). Anteriormente se había sugerido que la depredación por animales ferales era una causa probable para la conspicua falta de reclutamiento en algunas poblaciones de iguanas marinas y, que en casos extremos, como el de Isabela, ésto podría llevar potencialmente a su extirpación (Laurie, 1983).

Las consecuencias del incremento artificial de los niveles de depredación en poblaciones naturales no se estiman fácilmente cuando se pierde la información detallada sobre la demografía y distribución de una población. Es posible, por ejemplo, que la migración entre las diferentes subpoblaciones de la misma isla o de islas vecinas sea lo suficientemente alta para compensar por el incremento de las pérdidas debidas a la depredación. Cuando los recursos para la conservación son limitados, es necesario que se dirijan hacia los casos más críticos. Estos deberían abarcar no solamente las poblaciones más amenazadas, sino también aquellas que estén más divergidas o sean únicas, a fin de prever tanta diversidad genética dentro de las especies como sea posible (Avice, 1989). Las herramientas genéticas pueden, hasta cierto punto, ayudar a encontrar respuestas para tales preguntas.

En el estudio molecular de las iguanas marinas, los datos genéticos se obtuvieron usando marcadores nucleares DNA (tres impresiones dactilares loci micro-satelitares) y marcadores mitocondriales DNA (secuencias de un fragmento de 450 nucleótidos del citocromo del gen b). La distancia genética calculada del dato nuclear reveló asombrosamente poca diferenciación entre varias de las poblaciones. Esto sugirió que el flujo de genes entre poblaciones vecinas de iguanas marinas era lo bastante alto para mantener una variación genética hasta en

varias de las subpoblaciones amenazadas, por ejemplo, la de la Isla Isabela. Sin embargo, debe recordarse que los modelos genéticos para medición del flujo o migración de genes hacen esto en una escala de tiempo evolutivo antes que en una ecológica y por tanto no deberían ser tan significativos para la demografía de la población actual (Moritz, 1994). En otras palabras, la migración entre poblaciones vecinas puede ser lo bastante alta para mantener similitudes en su estructura genética, mas aún podría ser demasiado baja para prevenir una disminución en el tamaño actual de una población en particular y por tanto ser posible su extirpación. Los datos moleculares de las poblaciones de iguanas marinas muestran que sí ocurre el flujo de genes - y donde. Ahora los estudios de campo pueden dirigirse a revelar el número actual de migración contemporánea entre poblaciones amenazadas y no amenazadas (ejem., entre la costa oeste de la Isla Isabela y Fernandina), y así determinar con más precisión sus estados de conservación.

Especialmente desconcertantes fueron los hallazgos para las iguanas marinas muestreadas en Punta Pitt en el extremo más oriental de San Cristóbal. Se encontraron sólo unos pocos animales y, como en el caso de Isabela, no se vieron eclosionados y eran obvias las huellas de depredadores. Los resultados revelaron que, considerando que las poblaciones de la Isla Isabela están todavía entre las más variables de todas las poblaciones muestreadas dentro del archipiélago, los animales de Punta Pitt mostraron el menor grado de variación genética nuclear (Tabla 1). A más de esto, los animales de Punta Pitt producen un tipo de secuencia mitocondrial único que no ocurre en otra parte del archipiélago, a pesar de que las poblaciones de muchas otras islas comparten tipos mitocondriales específicos. Sin duda la población de Punta Pitt merece nuestra atención. El reducido grado de variación nuclear DNA indica que en efecto puede consistir de solo pocos animales y que recibe poca inmigración de otras poblaciones. El tipo único de secuencia mitocondrial añade prioridad a la conservación de la población, si nuestro interés es preservar tanta diversidad

Tabla 1. Variación genética en y entre 22 poblaciones de iguanas marinas analizadas genéticamente.

Población	N ¹ mic	N ² mt	H ³	A ⁴	F ST ⁵	Phi ST ⁶
Española, Cevallos	12	6	0.69	3.25	0.159	0.729
Fernandina, Cabo Hammond	10	10	0.76	4.62	0.080	0.581
Floreana, Punta Montura	10	6	0.77	4.33	0.117	0.403
Fernandina, Punta Espinosa	10	6	0.77	5.44	0.067	0.553
Fernandina, Punta Mangle	13	6	0.77	5.44	0.074	0.468
Genovesa, Campamento	11	12	0.69	3.51	0.149	0.430
Isabela, Caleta Negra	10	6	0.81	5.42	0.060	0.466
Isabela, Caleta Webb	10	6	0.78	5.04	0.071	0.592
Isabela, Punta Albemarle	10	6	0.76	4.67	0.080	0.603
Marchena, Bahía Negra	10	6	0.64	3.97	0.087	0.470
Pinta, Cabo Ibetson	10	6	0.64	2.95	0.121	0.696
Pinzón, desembarco silencioso	10	6	0.73	3.69	0.093	0.687
Plaza Sur	10	6	0.74	4.59	0.089	0.483
Santa Cruz, Caamaño	12	6	0.77	4.55	0.072	0.667
Santa Cruz, Estación	10	6	0.78	4.84	0.064	0.667
Santa Cruz, Punta Estrada	10	6	0.78	4.67	0.063	0.536
Santa Fe, Norte	10	10	0.71	3.59	0.126	0.659
Santa Fe, Sur	10	10	0.76	4.33	0.093	0.553
Santiago, Bahía James	10	6	0.74	4.03	0.069	0.464
Santiago, Lobería	10	6	0.63	2.86	0.168	0.761
San Cristóbal, Punta Pitt ⁷	10	6	0.50	2.19	0.231	0.887
Seymour Norte	10	6	0.73	4.26	0.088	0.384

¹ Tamaño de la muestra por población para datos microsatelitares.

² Tamaño de la muestra por población para análisis DNA de secuencia mitocondrial.

³ Promedio de heterocigicidad H, ejm. la tasa de animales heterocigos para un sitio microsatelitar en particular, promediado sobre tres lugares analizados.

⁴ Número de alelos efectivos promediados sobre los tres lugares (Nei 1987).

⁵ Promedio de distancia genética nuclear entre una población específica y las demás poblaciones, calculado de datos de huellas microsatelitares como un promedio de los valores FST de todas las comparaciones *pairwise* (en base al programa de computación Fstat, Goudet 1994).

⁶ Promedio de distancia genética mitocondrial, calculado de los datos de secuencias mitocondriales como el promedio de los valores Phi ST de todas las comparaciones *pairwise* (en base al programa de computación AMOVA, Excoffier 1995).

⁷ La población de Punta Pitt en San Cristóbal no sólo tiene el porcentaje menor de heterocigicidad y el menor número de alelos efectivos, sino que también muestra el mayor grado de distinción evolucionaria con respecto a su DNA nuclear (promedio FST = 0.231) y, su DNA mitocondrial (promedio Phi ST = 0.887).

genética como sea posible. Por lo tanto los resultados de los datos moleculares requieren de acción inmediata. Se requiere un censo detallado del tamaño actual de la población de Punta Pitt, incluyendo todas las colonias vecinas (tales como iguanas en el islote cercano, Islote Pitt). Estudios genéticos adicionales pueden establecer el grado de relación entre los animales de tales colonias vecinas y de los de Punta Pitt, indicandocuáles poblaciones pueden servir como reproductor de poblaciones naturales (o cautivas). Sin embargo, más significativamente la planificación del manejo en el área de Punta Pitt debería incluir la protección inmediata del hábitat y la erradicación de todos los animales ferales de esta región.

Para volver a la pregunta original, acerca del papel de la genética molecular en la conservación - ¿pueden los datos genéticos salvar especies en peligro - Ayuda esto a rescatar a las iguanas marinas?. Finalmente, a falta de estudios ecológicos y de comportamiento, los datos genéticos pueden llevar a una importante información aunque sólo preliminar sobre el tamaño y demografía de la población. Además, las recomendaciones basadas en estudios moleculares relacionados con el manejo de la variación genética y por tanto del potencial evolutivo de una población son, por supuesto, muy relevantes para la conservación a largo plazo de una especie en peligro. Tal información puede por lo tanto llegar

demasiado tarde para la supervivencia de algunas poblaciones.

Por otra parte, la información genética provee una base sólida para la planificación de un manejo ecológico, y puede dar apoyo a decisiones políticas urgentes. Como lo resumido en el ejemplo de la iguana marina, los datos moleculares pueden llevar a un rango de poblaciones de acuerdo a sus prioridades de conservación, proporcionando una estructura que promueva el mejor uso de los limitados recursos para conservación. Sin duda, para muchas de las especies amenazadas de Galápagos se necesita con urgencia más información genética y su implementación. Por ejemplo, todavía faltan los datos detallados de las características evolutivas de muchas poblaciones, pero sería crucial enfocar nuestros esfuerzos actuales en un manejo ecológico a corto plazo y para reseñar planes para el manejo genético a largo plazo. A la larga, tal información puede ayudar a preservar tanto como sea posible de la diversidad biológica de Galápagos.

AGRADECIMIENTOS

Mi agradecimiento al Gobierno de Ecuador, al Parque Nacional Galápagos y a la Estación Científica Charles Darwin por el permiso para el muestreo y su continuo apoyo. Estoy especialmente en deuda con el Cap. Fermín Gutiérrez y la tripulación del *San Juan* por los viajes de muestreo seguros y su ayuda en mi trabajo. La Aerolínea TAME nos proporcionó tarifas reducidas en los viajes a y desde las Islas Galápagos.

LITERATURA CITADA

- Avise, J.C. 1989. A role for molecular genetics in the recognition and conservation of endangered species. *TREE* 4(9): 279-281.
- Avise, J.C. 1994. *Molecular Markers, Natural History and Evolution*. Chapman y Hall, New York.
- Caro, T.M. y M.K. Laurenson. 1994. Ecological and genetic factors in conservation: a cautionary tale. *Science* 263: 485-486.
- Cayot, L.J., K. Rassmann y F. Trillmich. 1994. Are marine iguanas endangered on islands with introduced predators? *Noticias de Galápagos* 53: 13-15.
- Dobson, A.P., G.M. Mace, J. Poole y R.A. Brett. 1992. Genes in the real world. *En: Genes in Ecology* (eds. Berry, R. J., T.J. Crawford y G.M. Hewitt). Publicaciones Científicas Blackwell, Oxford. pp. 405-431.
- Excoffier, L. 1995. AMOVA, Analysis of Molecular Variance, versión 1.55. Genetical Biometry Laboratory, University of Geneva.
- Goudet, J. 1994. FSTAT, a program for IBM PC compatibles to calculate Weir and Cockerman's (1984) estimators of F-statistics. Versión 1.2. Institut de Zoologie et d'Ecologie Animale, Université de Lausanne, and School of Biological Sciences, University of Bangor, Wales.
- Hedrick, P.W. y P.S. Miller. 1992. Conservation genetics: techniques and fundamentals. *Ecological Applications*, 2(1): 30-46.
- Lande, R. 1988. Genetics and demography in biological conservation. *Science* 241: 1455-1460.
- Laurenson, M.K., T.M. Caro, P. Gros y N. Wielebnowski. 1995. Controversial cheetahs? *Nature* 377:392.
- Laurie, A. 1983. Marine Iguanas in Galápagos. *Oryx* 17: 18-25.
- Mortiz, C. 1994. Applications of mitochondrial DNA analysis in conservation: a critical review. *Mol. Ecol.* 3: 401-411.
- Nei, M. 1987. *Molecular Evolutionary Genetics*. Columbia University Press, New York.
- Shaffer, M.L. 1981. Minimum population sizes for viable species conservation. *Bioscience* 31: 131-134.
- Steadman, D.W., T.W. Stafford, D.J. Donahue y A.J.T. Jul. 1991. Chronology of Holocene vertebrate extinction in the Galápagos Islands. *Quaternary Research* 36: 126-133.
- Templeton, A.R. y B. Read. 1984. Inbreeding: one word, several meanings, much confusion. *En: Conservation Genetics* (eds. Löschke, V.J. Tomiuk y S.K. Jain). pp. 91-105.
- Trillmich, F. 1991. El Niño in the Galápagos Islands: a natural experiment. *En: SCOPE 45* (eds. Mooney, H.A. y D. Schulze). Chichester, Wiley & Sons Ltd. pp 3-21.
- Trillmich, F. 1992. Conservation problems on Galápagos: the showcase of evolution in danger. *Naturwissenschaften* 79: 1-6.
- Kornelia Rassmann, School of Biological Sciences, University of Wales, Bangor, Gwynedd LL57 2UW, Great Britain. Email: k.rassmann@bangor.ac.uk.**