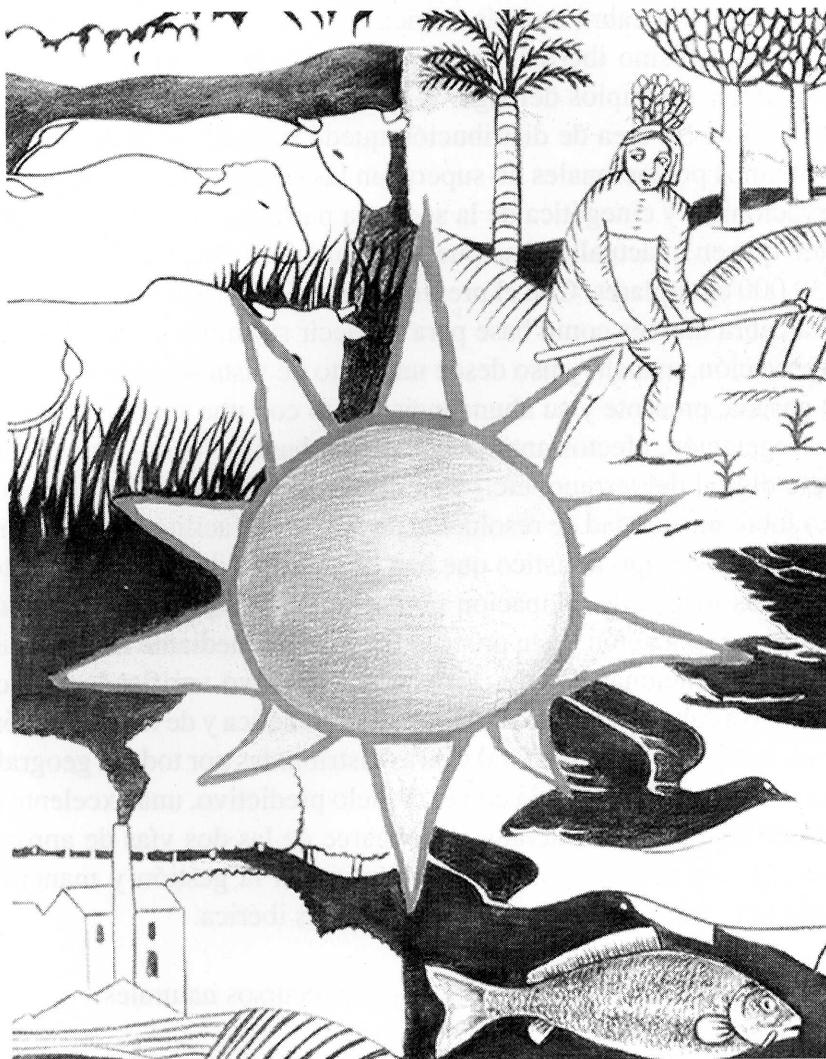


SISTEMAS DE INFORMACION GEOGRAFICA (SIG) Y GENETICA MOLECULAR COMO HERRAMIENTAS DE CONSERVACION DE UN RECURSO NATURAL RENOVABLE: LA CABRA MONTES IBERICA *

Soriguer RC¹, FJ Márquez^{1,3}, S Weykam¹, P Fandos²,
JE Granados^{3,5}, M Chiroso⁴, MC Pérez³ & JM Pérez³



¹Estación Biológica de Doñana. C.S.I.C., Apdo. 1056. Sevilla 41013. España. Correo electrónico: soriguer@ebd.csic.es ²Adecuación Ambiental, Madrid. España. ³Departamento de Biología Animal, Vegetal y Ecología. Universidad de Jaén. ⁴Agencia Medio Ambiente (Granada) y Universidad de Granada. España. ⁵Parque Nacional de Sierra Nevada, Granada. España

(*) Este trabajo y todos los resultados que se obtengan del Proyecto: Estudio de la Sarcoptosis en la Cabra Montés en Andalucía, se los dedicamos a la memoria de nuestro amigo, compañero y responsable del Proyecto, Dr. Isidoro Ruiz Martínez, Profesor del Departamento de Biología Animal de la Universidad de Jaén, fallecido en accidente de campo.

(*) Correspondencia: R.C. Soriguer.

RESUMEN

La utilización racional de un recurso natural renovable bajo una perspectiva sostenible es uno de los objetivos de gestión y manejo más pretendidos de las últimas décadas. Desgraciadamente, este objetivo queda con frecuencia en una mera declaración de intenciones. Las especies cinegéticas constituyen un conjunto en las que se ha pretendido aplicar el criterio de utilización sostenible. La múltiple vertiente utilitaria que ofrecen: e.g., deportiva, coleccionista (trofeos), alimentaria o incluso la ganadera, les ha facilitado su supervivencia e incluso su expansión. Dentro de este contexto, la cabra montés ibérica (*Capra pyrenaica hispanica* Schinz, 1838), además de ser un endemismo ibérico, reúne gran parte de los requisitos antes expuestos. A finales del siglo XIX y principios del siglo XX, su situación era crítica, encontrándose en el abismo de la extinción. Su área de distribución quedó relegada a cuatro núcleos montañosos aislados y sus tamaños poblacionales no superaban las decenas de individuos. El cambio en la política conservacionista y cinegética de la segunda parte del siglo XX cambió la tendencia y ha hecho posible que en la actualidad se puedan contabilizar más de 30 núcleos y una cabaña próxima a los 30.000 ejemplares. Con el presente trabajo, se ha pretendido integrar el pasado y el presente de la cabra montés como base para predecir su futuro y con ello diseñar unos programas de conservación, manejo y uso desde un punto de vista sostenible. El conocimiento de la distribución pasada, presente y su abundancia, junto con una serie de capas de información (uso de suelos, vegetación, efectos antropogénicos -urbanizaciones-, estado de conservación, litología, modelo digital del terreno, etc.) y su derivados (rugosidad, pendientes, densidad de habitantes, etc.) sobre una unidad de resolución de 50x50 m, facilitó la elaboración de una serie de modelos predictivos de tipo logístico que han permitido, además de su ajuste a la situación actual, elaborar unos mapas de ocupación potencial de la especie así como de los posibles corredores de intercomunicación. Este proceso fue posible mediante la aplicación conjunta de SIG y estadística convencional. Como componente objetivo verificador e independiente de este proceso, se llevó a cabo un estudio de variabilidad genética y de identificación de haplotipos en el genoma mitocondrial, de más de 360 cabras distribuidas por toda la geografía, mostrando, a la vez que una marcada convergencia con el modelo predictivo, una excelente capacidad para verificar y corregir las hipótesis iniciales. El engarce de las dos vías de aproximación, se ha mostrado como una herramienta potente y resolutive en la gestión y manejo de un recurso natural renovable tan carismático como la cabra montés ibérica.

Palabras claves: SIG, biología molecular, manejo de recursos naturales.

ABSTRACT

One of the main challenges of this millennium is to establish a rational budget between species conservation and their sustainable use. This approach must be supported by robust methodology, which allows us to design a proper management program. Two of these tools are the GIS and Molecular Genetics. The Spanish ibex (*Capra pyrenaica hispanica*) is an endemic species distributed over south and east Spain. Above 90% of the world population is located in the Andalusia County (Southern Spain). This is our study area. The species was near extinction at the beginning of last century. During the 1930 and 1940 decades, the distribution area was

restricted to 4 mountain nuclei. The total population size was estimated to be a few dozen. At present and, after application of a few national conservation programs (including a sustainable use as game species), the Spanish ibex population is now over 30.000 individuals, distributed in more than 30 nuclei. In this paper we have integrated information from the past and present (distribution area, geology, topography, geomorphology, vegetation, etc.). We have designed a logistic-GIS based prediction model, which accurately predicts over the 80% of the present distribution. Additionally, the models informs us about the potential areas which satisfy the basic ecological requirements (food, plant cover, refuges, etc.) of this species. Through molecular genetics studies from 360 ibex, at least 11 DNA mitochondrial haplotypes (on cyt b) were observed. Some haplotypes are shared among some nuclei but many others are spatially restricted to others. These results suggest the long time isolation of the historic nuclei and the efficiency of some ecological bridge/corridor areas for facilitating the colonisation of the new one. Both results are supporting the observed distribution patterns predicted by the logistic model. Finally we propose the beneficial effects of the ibex conservation program for other species (umbrella conservation effect).

Key words: GIS, molecular biology, natural resources management.

INTRODUCCION

A nivel mundial, el 71% de los taxa de caprínidos silvestres tienen algún tipo de amenaza (cf. Shackleton 1997). En situación crítica se encuentran el 8% de las especies, el 23% están amenazadas, el 40% son vulnerables, un 28% tienen bajo riesgo de amenaza o peligro y un 1% se conocen insuficientemente. Las amenazas más frecuentemente identificadas son:

- Incremento de las poblaciones humanas y sus efectos secundarios (e.g., mayor demanda de recursos alimenticios, incremento de infraestructuras, etc.).

- Pérdida y deterioro de hábitat por la expansión de la agricultura, silvicultura y ganadería (e.g., sobrepastoreo y ramoneo).

- Epizootias: e.g., de sarna sarcóptica, queratoconjuntivitis, etc.

- Comercio desmedido (carne, piel, cuernos).

- Caza.

- Fragmentación de poblaciones (metapoblaciones).

El tamaño numérico no siempre es el criterio más importante para decidir el estado de amenaza de una población. La dispersión y el grado de aislamiento de las poblaciones de un taxón pueden ser críticos. E.g.: dos poblaciones, cada una con varios cientos de ejemplares con pequeños intercambios, están a menudo menos amenazadas que una metapoblación del mismo tamaño global pero distribuida en tres o más núcleos totalmente aislados (e.g., Beier 1993, Possingham et al. 1994, Akçakaya et al. 1995). Este fenómeno de aislamiento poblacional ha sido reconocido por la UICN como una nueva de categoría de amenaza (cf. Shackleton 1997).

Los restos fósiles y las pinturas rupestres, distribuidas ampliamente por toda la

geografía ibérica, evidencian que la especie era abundante y estaba extensamente distribuida por toda la Península durante el Paleolítico y el Neolítico. Después de la última glaciación, y sobre todo en el último milenio, la especie se hizo menos frecuente, quedando restringida a diferentes zonas o regiones montañosas (Alados 1985, Fandos 1989). Esta reducción del área de distribución coincidió con un incremento de la presión humana (bien directamente, o por sus actividades), siendo particularmente agresiva en los últimos 150 años.

En Andalucía, el resultado de esta etapa fue la reducción del área de distribución de la especie a núcleos montañosos aislados (Sierra de Cazorla, Sierra Nevada, Serranía de Ronda, Tejada y Almirajara) y a una disminución dramática del número de efectivos poblacionales. A partir de la segunda mitad del siglo XX, el cambio de actitud en la política de conservación, el estado de amenaza en que se encontraban las poblaciones y el alto interés cinegético de esta especie endémica, hicieron posible que en Andalucía, 40 años después, y a partir de escasas docenas de ejemplares localizados en 4 núcleos geográficos, hoy en día podamos hablar de más de 30.000 ejemplares dispersos por más de 30 núcleos diferentes. Sin embargo, dado que la expansión de la especie se produce a partir de un reducido número de ejemplares, ya que originalmente algunos núcleos contaban con no más de dos decenas de ejemplares, para hacer una gestión racional y de futuro resulta imprescindible incorporar información sobre su estructura genética.

La formulación de procedimientos

adecuados para la gestión de las poblaciones de animales silvestres depende en gran medida del conocimiento previo de su estructura genética (Travis & Keim 1995). Así por ejemplo, la transferencia de animales de unos territorios a otros puede ser inadecuada o incluso causar graves daños, especialmente si la población de origen es genéticamente distinta a la población en la que dichos animales son liberados. Los marcadores genéticos son además útiles en el seguimiento del tráfico migratorio de las poblaciones (Baker et al. 1990, Baker & Palumbi 1994), así como en el control del flujo de genes entre las distintas poblaciones de una especie determinada.

Ante esta nueva situación emergen tres preguntas de interés fundamental para conocer la futura viabilidad de la especie:

- Si en la segunda mitad del siglo XX y sobre todo en los últimos 20 años, se ha producido un aumento de los efectivos poblacionales y paralelamente una clara expansión de su área de distribución geográfica ¿cómo ha tenido lugar?. ¿Qué nuevas posibilidades de expansión tiene la especie en Andalucía?.

- Si las poblaciones actuales proceden de unos cuantos ejemplares ¿cómo afecta o podrá afectar este presumible “cuello de botella” genético a la viabilidad de la especie?. ¿Es posible identificar los núcleos donantes?. Si es así, ¿es posible seguir los flujos genéticos?.

- ¿Qué ventajas nos da la aplicación sinérgica de dos herramientas tan dispares como los SIG y la Genética Molecular?.

Para contestar estas preguntas nos hemos planteado dos grupos de objetivos ba-

sados en otros tantos tipos metodológicos:

Mediante la aplicación de SIG:

- Construcción y evaluación de un modelo predictivo de la capacidad de acogida de hábitat.

- Aplicación del modelo para la identificación de nuevas áreas susceptibles de ser colonizadas/habitadas por la cabra montés.

Mediante la aplicación de técnicas de Genética Molecular:

- Realizar una caracterización genética de las poblaciones y de los organismos que las componen.

- Establecer criterios que permitan la diferenciación de las distintas poblaciones que puedan identificarse sobre la base de sus características genéticas.

- Determinar, cuando ello sea posible, las corrientes de flujo genético entre las distintas poblaciones.

MATERIALES Y METODOS

El área de actuación de este estudio es toda la Comunidad Autónoma de Andalucía, situada en el sur de España y la especie a aplicar nuestra metodología: la cabra montés ibérica (*Capra pyrenaica hispanica* Schinz, 1838).

1.- Metodología seguida en el estudio de SIG.

a) La abundancia de la cabra montés como base del estudio

Para conseguir la información básica se planificó un muestreo sistemático de todas las áreas donde se tenía conocimien-

to de la presencia tradicional de la especie así como de todas aquellas que presumiblemente (bien por información previa, probabilidad o azar) presentaban cierta posibilidad de albergar la citada especie. También se llevó a cabo una encuesta sobre 5.000 cotos de caza o explotaciones cinegéticas para confirmar, de forma independiente, las observaciones.

En cada área o núcleo se llevó a cabo un muestreo de las poblaciones de cabras monteses mediante transectos lineales. Estos transectos estaban repartidos sistemáticamente en cada núcleo de distribución y diseñados con el objetivo de muestrear los principales tipos de hábitat.

La información recogida sobre la abundancia de la cabra montés, ha sido de tipo cuantitativo, salvo en los casos de baja densidad de cabras. Bajo estas circunstancias no era posible llevar a cabo una estima de la densidad. Como la densidad no fue posible estimarla en todos los núcleos (al haber muy pocos individuos observados), se consideró la densidad como un ítem más de la abundancia relativa y de esta forma se incorporó a la matriz de datos.

Las transformaciones de los datos, coberturas y análisis geográficos, que se detallan a continuación, se han realizado con el paquete de programas del Sistema de Información Geográfica IDRISI (Clark Labs, USA). Las delimitaciones de las áreas muestreadas entre 1995 - 98 fueron digitalizadas sobre los mapas del Servicio Geográfico del Ejército, escala 1: 200.000. A continuación, la cobertura vectorial de los polígonos digitalizados fue relacionada con la base de datos del

censo y se generaron los mapas de presencia y abundancia de la cabra montés en Andalucía (Fig. 1).

b) Adquisición y adecuación de la cartografía digital

Se han manejado, actualizado, modificado, reclasificado las siguientes coberturas digitales:

- Modelo Digital del Terreno (MDT), cedido en 1997 por el Sistema de Información Ambiental de la Agencia de Medio Ambiente (SinambA) en formato raster, resolución 50 m.
- Mapa de Ocupación del Suelo 1991, un derivado del proyecto CORINE-Land Cover, generado a través de imágenes del satélite Landsat TM y mejorado con información auxiliar por SinambA a 100 clases. Formato vectorial.
- Espacios Protegidos en Andalucía, SinambA (1997, escala original 1:50000), formato vectorial.
- Núcleos de Población en Andalucía, SinambA. Formato vectorial.
- Municipios de Andalucía, SinambA.
- Carreteras de Andalucía, Dirección General de Carreteras. Junta de Andalucía. 1997.
- Vías férreas, Dirección General de Carreteras. Junta de Andalucía. 1998.
- Red hidrológica, Dirección General de Carreteras. Junta de Andalucía. 1997.
- Litología, Universidad de Sevilla.
- Morfogénesis, Universidad de Sevilla.

Las coberturas fueron importadas y convertidas a formato raster, con una resolución de 50 m, para ser procesadas con el programa IDRISI.

c) Elaboración de la cartografía derivada y diseño del muestreo

Características del relieve

Los mapas “Pendiente” y “Rugosidad” del Terreno fueron generados a partir de la altitud (MDT). IDRISI permite el cálculo de la pendiente alrededor de cada pixel, considerando los 4 pixeles de encima, de abajo y de ambos lados, lo que se conoce como “rook’s case procedure”. La altitud y la pendiente no explican completamente por si mismas los cambios topográficos, por lo que es importante, sobre todo con respeto a la accesibilidad, contemplar la frecuencia de cambios de dirección en la pendiente. Este ha sido el motivo de la generación de la cobertura de la rugosidad del terreno. Se ha generado a través de un programa escrito en turbo PASCAL, que calcula la desviación estándar de los desniveles de un pixel con su vecino del Norte en un kernel de 5*5 pixeles sumando la desviación estándar de los desniveles con el vecino del Oeste en el mismo cuadro.

Ocupación del suelo

Las 100 clases de la cobertura básica fueron reducidas a 40 clases, manteniendo en gran parte la especificación de la vegetación natural y agrupando sobre todo las clases de superficie edificada y cuerpos de agua.

Además, y de acuerdo con la experiencia de las personas más involucradas en los censos de la cabra montés, se hizo una valoración de cada una de las 40 clases según su presunto valor bajo los aspectos de “capacidad de oferta de forrajeo”, “reproducción” y “refugio”. Se asignó a cada

clase un valor del rango entre -2 (=muy malo) y +2 (=muy bueno). Multiplicando los valores de las tres coberturas y dando más peso a los aspectos de reproducción (*2) y refugio (*3) se generó una nueva cobertura “valor” con valores en el rango entre -12 (=muy malo) y +12 (=muy bueno). De esta manera se convierte la cobertura categórica (40 clases) en una nueva (“valor de la vegetación”), que pretende sintetizar en un valor aspectos tan representativos de la historia natural de un animal como son la alimentación, refugio y reproducción.

Efectos antrópicos:

- Espacios protegidos: Las 5 clases (Parque Nacional, Parque Natural, Paraje Natural, Reserva y no protegido) han sido reclasificados para formar un mapa binario del estatus de protección (protegidos o desprotegidos).
- Edificaciones: Mediante un filtro (programa en turbo Pascal) se calculó la superficie poblada (%) en un radio de 5, 10 y 20 km alrededor de cada punto de muestreo.
- Densidad de población: Número de habitantes/km² en un municipio. La base de datos del mapa de municipios fue completada con la información publicada por el Instituto Nacional de Estadística (INE), Madrid: Población de derecho, patrón municipal rectificado, 1990.
- Carreteras y Ferrocarriles: Se generaron imágenes de distancia a estos objetos.
- Hidrología: Se generaron imágenes de distancia a ríos y a embalses y lagunas.

Morfogénesis y litología

Las clasificaciones originales se redujeron a 10 y 13 clases, para la morfogénesis y la litología, respectivamente. 1: Fluvio – Coluvial, 2: Fluvio - Mareal, 3: Eólica, 4: Denudativa, 5: Kárstica, 6: Estructural, 7: Periglaciario, 8: Volcánica, 9: Litoral, 10: Submarina, 0: No definida, 1: Arenas/Areniscas, 2: Calizas Margosas, 3: Calizas Dolomías, 4: Coluviales Conglomerados, 5: Margas, 6: Otros materiales sedimentarios, 7: Pizarras y Esquistos, 8: Calizas Metamórficas, 9: Filitas, 10: Rocas Intrusivas 1, 11: Rocas Intrusivas 2, 12: Rocas Intrusivas 3, 13: Rocas Volcánicas.

d) Diseño y tipo de muestreo

Puesto que uno de los objetivos fundamentales era poner de manifiesto la capacidad de selección de hábitat de la cabra montés, el primer paso fue diseñar un tipo de muestreo que permitiera comparar y, en su caso poner de manifiesto, las diferencias entre las zonas ocupadas y no ocupadas por las cabras. Para ello se distribuyeron aleatoriamente 1.000 puntos de muestreo dentro y otros tantos fuera de las zonas de presencia de la cabra. Con este diseño se hizo un análisis general de las características de los lugares en que se ha detectado la cabra montés frente a las características de toda Andalucía.

Como la distribución observada de la cabra montés en Andalucía está particularmente ubicada en el Centro y Este, la marcada ausencia en las provincias más occidentales recomendaba que el muestreo se hiciera menos extensivo en el espacio (para reducir heterogeneidad). Manteniendo el mismo diseño anterior-

mente descrito (1.000 dentro + 1.000 fuera de los núcleos de distribución), se redujo el área de análisis a la de la distribución de la cabra montés a final del siglo XIX. Esta área corresponde, aproximadamente, a la confinada al Este de una línea imaginaria Norte-Sur que pasa al Este del Estrecho de Gibraltar. De esta forma la matriz inicial de 2.000 puntos quedó reducida a 855. Es en estos puntos que se procedió a recuperar la información de cada cartografía digital en sus localidades correspondientes. De este modo, 471 puntos quedaron dentro de los núcleos y 384 fuera de ellos.

e) Proceso analítico

El diferente origen de las poblaciones, así como su historia de colonización/extinción determinan que, con la información actual, no sea posible establecer para todos los núcleos la dinámica poblacional histórica y actual. Para superar este problema, se ha considerado, inicialmente, la presencia/ausencia de cabra montés, y no su abundancia relativa o su densidad. Una vez establecida la presencia/ausencia de la cabra montés en los diferentes puntos de muestreo (dentro y fuera de los núcleos poblacionales), se procedió a relacionarla con la información procedente de la cartografía disponible. Como la información sobre la presencia de la cabra montés es de tipo categórico, el análisis más adecuado ha sido del tipo de regresión no lineal (regresión logística).

En primer lugar se llevó a cabo un análisis univariante de las variables descriptoras de los hábitat ocupados/preferidos por las cabras. En un primer paso se compararon, mediante la prueba «t» de

Student, los valores medios de las distintas variables (que no se desviaban de la distribución normal) en las áreas donde las cabras estaban presentes y ausentes. Del mismo modo se aplicó a las variables que no se ajustaban a la normalidad; en este caso se compararon sus distribuciones de frecuencia mediante pruebas no paramétricas (Prueba de Kolmogorov-Smirnov y Mann-Whitney, Siegel 1956).

A continuación y, mediante una aproximación por modelos lineales generalizados (GLM) se elaboró un modelo predictivo de la capacidad de selección de hábitat de la cabra montés. GLM constituyen un amplio espectro de modelos en los cuales, la regresión lineal es sólo un caso particular. De esta forma GLM facilitan un conjunto más amplio de relaciones entre la variable dependiente (o variable respuesta) y la(s) variable(s) independiente(s) o explicativa(s). GLM además, permiten el empleo de funciones de error aplicables en casos en los que no lo es la distribución normal. En síntesis, un modelo GLM se define por tres componentes: un predictor lineal, una función de error y una función de enlace. Un predictor lineal (PL) se define como la suma de los efectos de las variables explicativas:

$PL = a + bx + cy + \dots$ en donde, a, b, c, \dots son parámetros o constantes estimados a partir de los datos observados, mientras que x, y, \dots son las variables explicativas o independientes. Estas últimas, pueden ser de tipo continuo o categóricas. La función de error depende de la naturaleza de las variables respuesta. Para datos categóricos, del tipo de presencia/ausencia (+/-) la función de error binomial es la más

adecuada y ésta ha sido la aplicada en nuestro caso. La función de enlace, el tercer componente de un modelo GLM es el encargado de trasladar los cambios del PL en la variable respuesta (dependiente). Entre las alternativas posibles (logit, probit, etc.), la función más aplicada es la logística, que tiene la particularidad de acotar los valores predictivos entre 0 y 1. Con este tipo de función de enlace, la probabilidad de encontrar una cabra (respuesta +) es una función logística (en forma de S) cuando el predictor lineal es un polinomio de primer orden. En su forma más simple la función logística se puede expresar como:

$$p = (e^{PL}) / (1 + e^{PL})$$

donde p es la probabilidad de obtener una respuesta positiva y e es la base de los logaritmos naturales.

f) Proceso de selección de variables, ajuste y evaluación del modelo

En primer lugar, fuimos incorporando variables paso a paso y ajustamos cada variable explicativa al modelo. Para ello utilizamos los programas de Regresión no Lineal (SYSTAT 7.0) y Logistic Regression (BMDP:LR, Dixon 1990). Cada variable probada y con contribución significativa (al menos del 5%) era incluida en el modelo. Procedimientos tradicionales como el análisis escalonado paso a paso (tanto en procedimiento "Forward" como "Backward", facilitaron la preselección de variables predictoras y permitió reducir su número inicial (27) a sólo 10. No se han probado todas las contribuciones de los términos cuadráticos o

cúbicos, aunque sí las de las variables más significativas.

Una de las suposiciones básicas de un análisis de regresión es la independencia de las observaciones y, la distribución de las observadas para la cabra montés, difícilmente puede soportar esta independencia, por lo que se han incluido la Latitud y la Longitud en el modelo (y/o sus interacciones) con el fin de analizar la autocorrelación espacial. A continuación, se evaluó si las restantes variables explicativas (excluidas Latitud y Longitud) permanecían significativas. Este procedimiento es equivalente a extraer el efecto del componente espacial (Bustamante 1997).

Para el modelo seleccionado se calculó el porcentaje de clasificaciones correctas y si esta clasificación era significativamente mejor que una al azar (Titus et al. 1984). En el ajuste definitivo se llevó a cabo un análisis de los residuos. Mediante «Leverage»¹ se midió la influencia de las observaciones más discordantes sobre el ajuste del modelo y el estadístico h (Hosmer & Lemeshow 1989).

2.- Metodología seguida en el estudio de Genética Molecular

Hemos utilizado distintos marcadores moleculares, con una capacidad intrínseca de discriminación suficiente para permitirnos reconocer la estructura genética de las distintas poblaciones sometidas a estudio, así como para poder desarrollar de forma adecuada aspectos relativos, entre otros, a la gestión de dichas poblaciones, la conservación de poblaciones

con características genéticas determinadas, el control de la retirada e introducción de individuos en las poblaciones silvestres, la catalogación de individuos y poblaciones, el control reproductivo y mejora genética de las poblaciones de la especie y la determinación del flujo genético natural entre poblaciones.

a) Los marcadores moleculares y el estudio de la variabilidad en las poblaciones de cabra montés

El estudio de los marcadores DNA con dominio de locus sencillo permite un elevado nivel de resolución en el análisis de la variación genética en las poblaciones, proporcionando una poderosa herramienta para la comprensión de los patrones y procesos microevolutivos. Sin embargo, la tasa de mutación de otros marcadores moleculares puede ser suficientemente elevada como para poder comparar poblaciones que no se encuentran en contacto genético frecuente. Así, también sería posible reconstruir la conectividad histórica entre las poblaciones de *Capra pyrenaica hispanica* consideradas, basándonos en la filogenia de su DNA mitocondrial (mtDNA) (Avice 1994).

La comparación de las distancias genéticas con las distancias geográficas (y las hipótesis de colonización de los distintos territorios) podría indicarnos la influencia relativa del flujo genético y la relación filogenética en la estructura genética de *Capra pyrenaica hispanica*, basada en este caso en una parte del genoma mitocondrial. De este modo a través del estudio desarrollado deberíamos estar en condiciones de responder a dos preguntas básicas: i) cuál es el nivel de relación

genética de las distintas poblaciones andaluzas de cabra montes, y ii) si esta relación está determinada por la propia historia evolutiva de la especie o es una consecuencia del flujo genético contemporáneo.

El análisis de los marcadores moleculares de un número elevado de individuos de una determinada especie rara o amenazada, frecuentemente expuesta a la extinción, puede ser un proceso costoso en tiempo y recursos, como consecuencia de la baja probabilidad de detección de nuevas formas mutantes en una población que se encuentra lejos de su estado de equilibrio.

Hemos apoyado nuestra investigación en la aplicación de un método rápido y eficiente destinado a la detección de variantes de los haplotipos mitocondriales raros, utilizando como marcador el gen mitocondrial que codifica para el citocromo b («cyt b») en las poblaciones de *Capra pyrenaica hispanica* que radican en el sur peninsular, que recientemente se han visto sometidas a sucesivos procesos de reducción y expansión tanto en su densidad como en el área geográfica ocupada por las mismas.

En la detección de mutaciones se han venido utilizando frecuentemente tres métodos que se basan respectivamente en las diferencias conformacionales existentes entre las secuencias normales y mutadas, la posibilidad de cortar porciones desapareadas en los híbridos «heteroduplex» o que simplemente utiliza la comparación directa de las secuencias nucleotídicas previamente obtenidas. A partir de este punto, se han propuesto en los últimos años una gran cantidad de técnicas destinadas a la detección de mu-

taciones puntuales, entre ellos destacaremos: «single strand conformation polymorphism» (SSCP), «thermogradient gel electrophoresis» (TGGE), «denaturing gradient gel electrophoresis» (DGGE), «chemical cleavage de mismatches», «mismatch repair detection», «heteroduplex analysis» (HA), etc. (Cotton et al. 1998).

Todos los métodos anteriormente enunciados presentan distintas limitaciones, principalmente en el tamaño de los fragmentos que pueden procesarse en la búsqueda de mutaciones puntuales sobre la secuencia o en el grado diferencial en la tasa de reconocimiento de las distintas mutaciones. Una de las principales limitaciones de los métodos anteriormente expuestos es el tamaño máximo del fragmento de DNA que podemos analizar adecuadamente, de menos de 200 pb (pares de bases) en el caso de la SSCP, entre 200 y 300 pb en el HA y de menos de 600 pb en DGGE. Además en SSCP y HA la sensibilidad frente a determinados desapareamientos («mismatches») depende de las condiciones del ensayo. Por su parte el análisis en DGGE requiere la presencia de una región oligonucleotídica de aproximadamente 60 pb constituida por G y C, para alcanzar un nivel de sensibilidad elevado. Las técnicas basadas en el corte químico pueden analizar fragmentos relativamente más largos, conteniendo más de 1 kb (kilobase).

b) Recolección de las muestras y extracción del DNA

Las cabras se muestrearon en diversas localidades de las provincias de Almería, Granada, Jaén, Málaga y Cádiz durante

1996 y 1998. Las muestras biológicas se tomaron de especímenes encontrados muertos o abatidos durante recechos. Ello determinó que la calidad de las muestras obtenidas fuese muy variada, desde aquellas que mostraban una elevada calidad y un alto rendimiento en su procesamiento en las distintas técnicas de biología molecular empleadas, y aquellas que finalmente no pudieron incluirse en este estudio al no haber podido obtener un resultado satisfactorio al final del protocolo de trabajo.

El DNA celular total lo aislamos y purificamos utilizando el procedimiento estándar de digestión en tampón de lisis, extracción con fenol-cloroformo y precipitación con etanol, modificadas a partir de la descripción realizada por Sambrook et al. (1989). La concentración y calidad del DNA resultante se estimó mediante espectrofotometría y visualización en geles de agarosa al 0,7%.

c) Amplificación del DNA y procedimiento de digestión con ribonucleasas

El ensayo de corte no radiactivo de RNA (NIRCA: «Non-Isotopic RNA cleavage Assay») es un método destinado a la detección de diferencias entre la secuencia de bases de fragmentos de DNA fundamentado en la observación de que ciertas ribonucleasas (RNasa A, RNasa 1 y RNasa T1) son capaces de cortar eficazmente una doble cadena de RNA en el punto en el que una de las bases se encuentra desapareada («mismatch») compuesta por una sonda de RNA hibridada a una secuencia de RNA blanco equivalente conteniendo mutaciones puntuales con respecto a la primera. Este método fue

originalmente descrito para «duplex» DNA/RNA desarrollados al hibridar una sonda de RNA perteneciente al tipo silvestre marcado radiactivamente a moléculas diana de DNA de doble cadena.

En la actualidad este ensayo ha sido adaptado en un formato no-radiactivo, siendo la molécula sustrato para la digestión de RNasa un «duplex» RNA/RNA, desarrollado al hibridar transcritos RNA complementarios correspondientes al tipo silvestre con cada uno de los tipos experimentales. Dichos transcritos son generados mediante transcripción *in vitro* a través de la aplicación de PCR (Polimerase Chain Reaction) convencional o anidado, a partir de la utilización de cebadores de PCR que contienen los promotores de los fagos T7 o SP6, respectivamente, en condiciones que permiten la síntesis de μ g de RNA.

Hemos amplificado mediante PCR anidado un fragmento del gen que codifica para la citocromo b («cyt b») del género *Capra*. La primera ronda de amplificación la realizamos utilizando los cebadores «SP6-for1» y «T7 -rev2», que corresponden respectivamente a las secuencias 5'-ATT TAG GTG ACA CTA TAG GAT CCC TCC TAG GAA TTT GC y 5'-TAA TAC GAC TCA CTA TAG GGA TGT TCG ACT GGC TG de 38-mer y 35-mer respectivamente. En ella se genera un producto de 990 pb (pares de bases). A partir de éste, en la segunda ronda de amplificación se produce un fragmento de 950 pb, flanqueado por los cebadores Cytbcap-5 5'-ATG ACC AAC ATC CGA AAG AC y Cytbcap-3 5'-TTA GAA GGT TGT TTT CAA TGG, y que fue el utilizado en el proceso de análisis de corte de

los heteroduplex RNA/RNA mediante NIRCA. Dado que las RNA polimerasas que vamos a utilizar durante la transcripción precisan de un corto promotor específico para el inicio de la transcripción, las secuencias precisas se introdujeron con los cebadores durante el proceso de amplificación. De este modo, el cebador directo SP6-for1 contiene la secuencia promotora para la RNA polimerasa del fago SP6, de 20 pb de longitud, parcialmente superpuesta (en 3 bases) a la propia secuencia diana del cebador en la región 5' correspondiente del gen *cyt b*. Por su parte, el cebador reverso T7-rev1 contiene 20 pb del promotor de la RNA polimerasa del fago T7, también parcialmente superpuesta (5 bases) al extremo 3' de la región correspondiente en el gen *cyt b* de la cabra montés. El fragmento definitivo sobre el que aplicamos NIRCA es el producto de una amplificación por PCR de una porción de 910 pb, a la que se le incorporan durante el proceso de amplificación los promotores de transcripción correspondientes a las secuencias reconocidas por la RNA polimerasa de los fagos SP6 y T7 en las cadenas sentido y antisentido, respectivamente. Por ello, el producto final amplificado tiene una longitud de 941 pb, mientras que el RNA transcrito presenta una longitud de 925 bases.

RESULTADOS

1.- *El estudio del hábitat y de los modelos predictivos de ocupación*

a) *El hábitat de la cabra montés en Andalucía.* Una de las primeras interrogantes

que se nos plantearon fue: ¿ocupa la cabra montés cualquier tipo de hábitat? o por el contrario, dentro de la superficie de Andalucía, ¿prefiere unos lugares más que a otros?. Para responder a estas cuestiones se analizó separadamente la información de las áreas con y sin cabras.

La superficie total de Andalucía ocupada por la cabra montés es de unos 9.523 km² (10,8% de Andalucía) distribuidos en 50 núcleos. El tamaño medio de núcleo es de 180 km². De los 15.416 km² de Espacios Protegidos en Andalucía, cerca de la tercera parte (30,8%) está habitada por las cabras. El 49,8% de su hábitat son Espacios Protegidos, fundamentalmente Parques Naturales.

En cuanto a la densidad, el 59,1% del área de distribución actual de la cabra montés tiene una densidad superior o igual a 1 cabra/km². También se observa que ocupan los lugares menos habitados y con menor superficie de edificación.

Desde el punto de vista geofísico, prefieren las zonas montañosas (Altitud media = 1.271 msnm), con pendientes marcadas y bastante quebradas. Geomorfológicamente, las áreas habitadas por las cabras monteses son las estructuradas (55,23% de la superficie), seguidas por las kársticas (19,36%) y las denudativas (16,57%).

La vegetación que se asocia a estos núcleos es mayoritariamente de tipo arbustivo: Matorral (56,79% de la superficie), seguido de Matorral + Arbolado (25,82%) y Arbolados de coníferas (12,29%).

Los cultivos sólo ocupan el 17,86% del área de distribución, frente al 46,9% que ocupan éstos en el resto de Andalucía.

Si analizamos su distribución, respecto a la capacidad agrícola, observamos que las zonas con capacidad agrícola excelente, buena o moderada no son prácticamente ocupadas, quedando relegadas a las tierras Marginales y a las Protegidas.

Hasta aquí hemos visto algunos rasgos descriptivos del área de distribución actual de la cabra montés así como aquellos que los caracterizan y los diferencian del conjunto de los hábitats andaluces. En el siguiente apartado, analizaremos la contribución detallada de los diferentes componentes estructurales de sus hábitats y elaboraremos, a partir de ellos, un modelo predictivo de la distribución potencial de la cabra montés en Andalucía.

b) Modelo predictivo de la distribución geográfica. Una vez establecida la presencia/ausencia de la cabra montés en los diferentes puntos de muestreo (dentro y fuera de los núcleos poblacionales), se procedió a relacionarla con la información procedente de la cartografía disponible. Como la información sobre la presencia de la cabra montés es de tipo categórico, el análisis más adecuado ha sido del tipo de regresión no lineal (regresión logística). Mediante esta herramienta se han ajustado una serie de modelos. Entre éstos sólo describiremos el más simple y fácil de aplicación. Es menos robusto y con menor capacidad predictiva que otros más complejos y con mayor número de variables (e.g., hay otro modelo con seis variables que mejora el carácter clasificatorio en un 5%), pero es el modelo simplificado el de más fácil interpretación biológica y sobre todo que está constituido por un número mínimo de variables

(2) muy asequibles a los responsables de su gestión (Altitud y Pendiente). Por este motivo lo hemos llamado modelo simple o simplificado. El número de variables que participan en él se ha reducido a sólo dos y además son de fácil adquisición. El criterio seguido para la exclusión de variables ha sido que su contribución al modelo sea inferior al 2%.

La Tabla 1 muestra los resultados del análisis de regresión logística en la que se ha utilizado la presencia/ausencia de cabra montés como variable dependiente y la Altitud y Pendiente del terreno como variables independientes.

TABLA 1. COEFICIENTES (COEF), ERROR ESTANDAR (EE), ESTADISTICO (PRUEBA «t» DE STUDENT) Y SIGNIFICACION DE LA REGRESION LOGISTICA ENTRE LA VARIABLE DEPENDIENTE (PRESENCIA/AUSENCIA DE CABRAS MONTESES), LA PENDIENTE (GRADOS) Y LA ALTITUD (m). ESTOS RESULTADOS CORRESPONDEN AL MODELO LOGISTICO MAS SIMPLE (NUMERO MINIMO DE VARIABLES).

| VARIABLE | COEF | E.E. | «t» | p | Odds Ratio | Límite Super | Límite Inferior |
|-----------|--------|-------|---------|-------|------------|--------------|-----------------|
| CONSTANTE | -5.790 | 0.407 | -14.218 | 0.000 | - | - | - |
| PENDIENTE | 0.110 | 0.013 | 8.191 | 0.000 | 1.116 | 1.145 | 1.087 |
| ALTITUD | 0.005 | 0.000 | 13.618 | 0.000 | 1.005 | 1.006 | 1.005 |

El cociente de la variable independiente, Altitud con respecto a su E.E es muy grande, prueba «t» de Student = 13,618, mostrándose como buen predictor de la presencia/ausencia de cabra montés. La segunda variable considerada en el modelo, Pendiente del terreno (expresada en grados), también lo hace de una forma significativa (prueba «t» de Student = 8,191).

Los estrechos intervalos de confianza, con valores no incluyentes, aunque próximos de la unidad, también confirman la contribución significativa de estas variables al modelo reducido.

La mejora de este modelo con respecto a otro, en el que únicamente participara el término independiente (constante), es decir que todos los coeficientes menos la constante fueran cero, es altamente significativo ($2*[LL(N)-LL(0)] = 640.854$, con 2 gl Chi-sq, $p = 0,000$). La versión modificada de este Log Likelihood, el coeficiente de «McFadden's Rho-Squared» = 0.545, también lo confirma.

Al evaluar su capacidad predictiva, (ver la Tabla 2a), observamos que de los 471 puntos muestreados con presencia de cabras monteses, 386 son correctamente clasificados y 84 lo son incorrectamente. De los 383 puntos muestreados sin cabras monteses, 298 son correctamente clasificados y 84 incorrectos.

La proporción de aciertos o éxitos predichos por el modelo es superior al 80% (Tabla 2b). En cuanto a la ganancia que este modelo tiene sobre otro generado al azar, que asigne la probabilidad más baja del límite inferior de confianza a todas las observaciones, el modelo predice una ganancia de 0,270 para la presencia de cabras monteses y de 0,331 para la ausencia. De nuevo podemos ver que es un modelo bastante bueno. La sensibilidad para detectar la presencia de cabras es del 0,821 y la especificidad (capacidad para predecir la ausencia de cabras monteses) es de 0,805. La proporción de falsas referencias, o la fracción del conjunto de sitios de muestreo en lo que se observan cabras monteses y el modelo los clasifica

como ausencia es 0,179. La proporción de falsas respuestas, o las clasificaciones que el modelo predice con presencia de cabras monteses estando éstas ausentes, es 0,220.

TABLA 2. TABLA DE PREDICCIÓN (2 a) DE PRESENCIA/AUSENCIA DE CABRA MONTES SEGUN EL MODELO LOGISTICO AJUSTADO DE LA TABLA 1 Y PORCENTAJE DE CLASIFICACION POR EL MODELO (2b).

TABLA 2a

| CABRA +/- | C.M. (+) | C.M. (-) |
|-------------|----------|----------|
| CABRA (+) | 386,714 | 84,286 |
| CABRA (-) | 84,286 | 298,714 |
| PRED. TOTAL | 471,000 | 383,000 |

TABLA 2b

| CABRAS | + | - | TOTAL |
|-----------------|-------|-------|--------|
| Correctas | 0,821 | 0,780 | 0,8025 |
| Exito indiv. | 0,270 | 0,331 | |
| Total Correctos | 0,803 | | |
| Sensibilidad | 0,821 | | |
| Especificidad | | 0,780 | |
| Falsos CM (+) | 0,179 | | |
| Falsos CM (-) | | 0,220 | |

Al estudiar los deciles de riesgo, analizando el ajuste entre la distribución de las probabilidades de predicción del modelo y las observadas (Tabla 3), de nuevo se observó un buen ajuste (ver las pruebas de H-L, Pearson y «Deviance»). En ningún caso se encontraron diferencias significativas entre las distribuciones observadas y las esperadas pudiendo concluirse de nuevo sobre la bondad del modelo ajustado para su aplicación en la pre-

dicción de las áreas geográficas de interés ecológico potencial para la cabra montés en Andalucía.

TABLA 3. BONDAD DE AJUSTE, MEDIDA MEDIANTE DIFERENTES ESTADISTICOS, ENTRE LA DISTRIBUCION DE PROBABILIDADES PREDICHAS POR EL MODELO Y LAS OBSERVADAS.

| Prueba Estadística | Estadístico | p-val | df |
|--------------------|-------------|-------|-------|
| Hosmer-Lemeshow | 5,541 | 0,698 | 8,0 |
| Pearson | 646,581 | 1,000 | 851,0 |
| Deviance | 533,957 | 1,000 | 851,0 |

La bondad del modelo ajustado permite su aplicación en la predicción de las áreas geográficas de interés ecológico potencial para la cabra montés en Andalucía. Este modelo reducido, satisface con creces los niveles estadísticos de significación, tanto de ajuste del modelo como de la contribución de las variables.

Mediante este modelo predecimos con rigor tanto el área actual de distribución de las cabras monteses como también la potencial (Fig. 1). Dentro de estas predicciones están las zonas de conexión (pasillos o corredores) que irradian o conectan, no sólo los cuatro núcleos históricos relictos, sino también entre los 50 núcleos actuales. Este tipo de análisis predice las mejores zonas geográficas a ocupar y las zonas que pueden servir de corredores o pasillos ecológicos para llegar de unos núcleos a otros. Sin embargo, dentro de las numerosas vías alternativas de colonización/migración de las cabras no permite identificar las fuentes donantes. Este paso requiere de una nueva herramienta: la biología molecular.

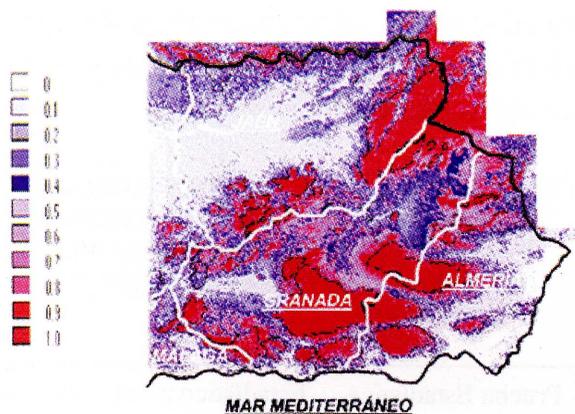


FIGURA 1. MAPA DE DISTRIBUCION DE LA CABRA MONTES SEGUN LAS PREDICIONES (MEDIDAS COMO PROBABILIDADES ENTRE 0-1) DEL MODELO LOGISTICO COMPUESTO POR LA ALTITUD Y PENDIENTE DEL TERRENO. En blanco la zona de probabilidad igual a cero. En azul, las Areas de probabilidad entre 0,1 y 0,5. En la gama de rojos, las Areas con probabilidad de ocupación mayor que 0,5.

2.- Diversidad genética y distribución geográfica de los haplotipos.

El estudio de la variabilidad de la porción del cyt b se ha realizado sobre 276 ejemplares de *Capra pyrenaica hispanica* en los que hemos podido amplificar el fragmento de mitDNA en estudio, si bien hemos partido de una muestra más amplia, constituida por 364 ejemplares. La submuestra considerada, procedente de distintos parajes de Andalucía, pone de manifiesto la existencia de al menos 10 tipos (haplotipos) diferenciados, que por otra parte indican una reducida divergencia de sus respectivas secuencias a lo largo del espacio geográfico andaluz. Estos haplotipos los hemos denominado utilizando las letras mayúsculas comprendidas entre A y J, ambas inclusive (Fig. 2).

La distribución geográfica de los diferentes haplotipos de las distintas pobla-

ciones y grupos poblacionales considerados en el análisis de varianza molecular aparece recogida en la Tabla 4.

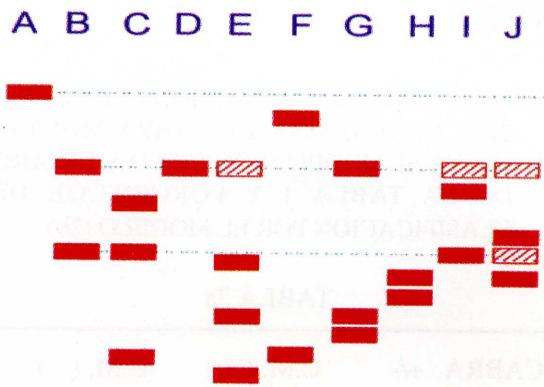


FIGURA 2. PATRON DE CORTE DE LOS 11 HAPLOTIPOS (A-J) DE CABRA MONTES IDENTIFICADOS EN TODA LA ZONA DE ESTUDIO.

En la Fig. 3 se describe el patrón de distribución espacial de haplotipos en una de las zonas de mayor interés biogeográfico: zona de contacto entre Sierra Nevada y las Sierras de Tejeda-Almijara.

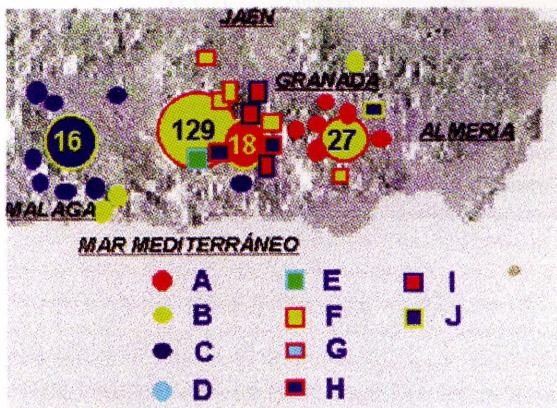


FIGURA 3. MAPA DE DISTRIBUCION GEOGRAFICA DE LOS DIFERENTES HAPLOTIPOS IDENTIFICADOS. Se ha representado una ventana correspondiente al SE del área de distribución en la que se observan la zona de contacto entre el núcleo histórico de Sierra de Tejeda y Almijara (puntos azules) y el de Sierra Nevada (círculos y cuadrados amarillos). Dentro de este núcleo (Sierra Nevada, Granada) se puede observar el patrón de distribución geográfico de las líneas maternas representadas por los diferentes haplotipos.

TABLA 4. PORCENTAJE DE PARTICIPACION DE CADA UNO DE LOS HAPLOTIPOS IDENTIFICADOS EN LAS 5 POBLACIONES CONSIDERADOS EN EL ANALISIS MOLECULAR (NO RECOGIDO EN ESTE TRABAJO).

| Población Haplotipo | Sierra Nevada granadina | Sierras almerienses | Sierras Occidentales de Granada y Sierras de Málaga | Sierras Cádiz | Sierras Jaén | Total por Haplotipos |
|---------------------|-------------------------|---------------------|---|---------------|--------------|----------------------|
| A | 11,4 | 16,6 | - | - | - | 8,7 |
| B | 81,7 | 77,8 | 3,8 | - | 95,6 | 65,5 |
| C | 0,6 | - | 79,2 | 33,3 | - | 16,3 |
| D | - | - | 17,0 | 66,7 | - | 4,7 |
| E | 0,6 | - | - | - | - | 0,4 |
| F | 2,5 | 2,8 | - | - | - | 1,8 |
| G | - | - | - | - | 4,4 | 0,4 |
| H | 1,3 | - | - | - | - | 0,7 |
| I | 1,9 | - | - | - | - | 1,1 |
| J | - | 2,8 | - | - | - | 0,4 |
| Respecto al total | 57,3 | 13,0 | 19,2 | 2,2 | 8,3 | 100,0 |

Mientras que la divergencia de secuencia entre los 10 haplotipos identificados es baja, su distribución geográfica en las sierras andaluzas está altamente estructurada. Podemos definir un núcleo de Sierra Nevada y las sierras periféricas almerienses, en el que la diversidad es relativamente más alta, conteniendo 7 de los 10 haplotipos identificados (haplotipos A, B, E, F, H, I y J). Ninguno de los linajes correspondientes al núcleo oriental se detecta en la porción occidental del área de distribución de la subespecie (serranías occidentales de la provincia de Granada y sierras de las provincias de Málaga y de Cádiz), que a su vez presentan dos

haplotipos (C y D) que le son exclusivos. Por otra parte, la población de la Sierra de Cazorla, en la provincia de Jaén, muestra una baja diversidad, habiéndose encontrado exclusivamente dos haplotipos, de los cuales, el mayoritario tiene su equivalente en el haplotipo mayoritario de Sierra Nevada (haplotipo B), mientras que otro le es exclusivo (haplotipo G).

Mediante SIG podíamos predecir las nuevas áreas de colonización/expansión y los pasillos o corredores ecológicos mediante los cuales podrían las cabras monteses llegar de un núcleo a otro. A través del estudio de la estructura genética de los distintos núcleos poblacionales,

podemos inferir cuáles han sido los linajes colonizadores, así como su origen probable, permitiendo complementar y confirmar la información sobre la fuente donante.

IMPLICACIONES PARA LA CONSERVACION Y GESTION

1.- La utilidad de los estudios ecológicos y genéticos por separado

La distribución geográfica y los modelos predictivos

- La cabra montés se caracteriza por ocupar las zonas montañosas con marcadas pendientes y bastante quebradas. Geomorfológicamente estas áreas son estructuradas, kársticas o denudativas, rechazando las zonas cultivadas. Prefieren las tierras marginales y las protegidas.

- Buena capacidad predictiva, mejorable con la inclusión de otras variables.

El modelo predictivo es eficiente, a pesar de su simplicidad. La incorporación de nuevas variables con efectos antrópicos y de la vegetación robustece el modelo y permite delimitar con mayor precisión las zonas actuales y potenciales de distribución, así como adicionalmente identificar con más detalle las zonas aptas entre núcleos: pasillos o corredores.

El estudio de la genética poblacional

El fragmento del gen «cyt b» utilizado muestra una reducida divergencia de secuencia a lo largo de Andalucía. Esto podría sorprendernos si tenemos en cuenta la diversidad observada dentro de otros miembros de la familia, sin embargo, si consideramos la historia reciente de la es-

pecie en la Península y la enorme variación, registrada tanto en el área de distribución y sobre todo en su densidad relativa, podemos llegar a comprender la situación que actualmente se registra.

La previsión es encontrar tan sólo sustituciones del tipo de las transiciones. No podemos determinar cuáles de los haplotipos actualmente presentes se corresponden con aquellos que en su momento iniciaron la colonización del área y se vieron implicados en el proceso de especiación alopátrida de la (sub)especie, y por tanto, tampoco cuáles derivaron secundariamente a partir de la reserva inicialmente introducida. Una reconstrucción comparada de los lugares de corte en el ensayo NIRCA pone de manifiesto que la mayor parte de los tipos podrían derivar directamente del haplotipo B, asumiendo una sola mutación (haplotipos A, C, E, J, G e I), mientras que para explicar los haplotipos D, F y H se requieren de dos mutaciones. Cabe señalar que el nexo de unión de los haplotipos H y D no ha sido todavía localizado. Por otra parte, del haplotipo A, coincidente con el tipo silvestre que de forma arbitraria hemos venido utilizando, derivaría el haplotipo B y daría origen al haplotipo F.

2.- Efecto sinérgico de los SIG y la Genética Molecular

Es evidente el salto histórico de crecimiento y expansión de la especie en Andalucía en los últimos 40 años, en los que se ha pasado de sólo 4 núcleos a más de 50. La aplicación de modelos logísticos de regresión ha permitido predecir con robustez (alta especificidad y sensibilidad) las áreas

actuales de distribución de la especie, así como su área potencial y los pasillos-corredores ecológicos por los que han tenido lugar estos movimientos colonizadores. Los estudios moleculares han permitido confirmar no sólo la utilidad de estos pasillos sino además identificar el origen o procedencia de los núcleos donantes a través del estudio e identificación de las líneas maternas.

Adicionalmente tiene una serie de contribuciones:

En el ámbito de especie. La distribución de la diversidad observada en el gen «cyt b» en y entre las distintas poblaciones de *Capra* consideradas en este estudio tiene implicaciones directas en la demografía, y por ende en la conservación de esta especie, como ha sido expuesto en términos generales por Avise (1995).

El análisis del «mtDNA» de *Capra* indica que una población diezmada por la acción humana (junto a la concurrencia de otros procesos más o menos naturales) no puede estructurarse adecuadamente por inmigración a partir de las poblaciones adyacentes. Bajas tasas de dispersión-recolonización y tiempos de generación relativamente largos determinan el mantenimiento de las actuales condiciones. Por ello, para asegurar la supervivencia futura de *Capra pyrenaica hispanica* se requerirá en el futuro más próximo de la aplicación de estrategias razonables, orientadas en particular a la protección de las poblaciones que mantienen los mayores grados de diversidad genética, y, muy especialmente, aquellas que presentan rasgos diferenciales particulares.

En el ámbito poblacional. Conserva-

ción de sus hábitats. La marcada diferencia que se ha observado entre las áreas ocupadas y las no ocupadas por las cabras monteses recomienda encarecidamente la conservación de sus hábitat y, por tanto, de aquellos rasgos que satisfacen los requerimientos ecológicos de la especie. No habría sido posible la expansión/recolonización de nuevos núcleos si sus hábitat hubieran sido destruidos o alterados por completo. El efecto de infranqueable barrera geográfica (de tipo agrícola) del Valle del Guadalquivir, y/o áreas de similares características, así lo confirman. Como alternativa para romper este tipo (u otro) de barreras se recomienda la consolidación de una red de pasillos o corredores ecológicos que tan buenos resultados han dado en los últimos 40 años.

En relación con el ecosistema. Los exigentes requerimientos ecológicos de la cabra montés obligan a mantener los hábitat en un considerable estado de conservación. La necesidad de los pasillos para una gestión, manejo y conservación integral nos facilita la presencia y establecimiento de otras especies, pudiendo considerarse la gestión de estos recursos dentro de un contexto más amplio, con capacidad para “proteger” a otras especies, como un efecto de “sombra de protección”. En este sentido, la gestión y conservación de una especie sería algo más....

AGRADECIMIENTOS

Este trabajo es una contribución a un proyecto de investigación entre la Consejería de Medio Ambiente (CMA) de la Junta de Andalucía y la Universidad de Jaén sobre el Estudio de la sarcoptidosis en la

Cabra Montés. El SinambA, (C.M.A.), la Universidad de Sevilla, Aurenza y la Consejería de Obras Públicas (Junta de Andalucía) nos facilitaron gentilmente coberturas digitales y/o información relevante. Enrique Collado, como siempre, nos solucionó con inteligencia, ingenio y premura, los problemas informáticos y de todo tipo que se plantearon al manejar y analizar grandes volúmenes de información. Los análisis genéticos se hicieron en el Laboratorio de Ecología Molecular de la Estación Biológica de Doñana. A Karen Howarth por sus acertadas correcciones lingüísticas. Este trabajo se ha beneficiado de una ayuda del Plan Andaluz de Investigación (PAI) al grupo de investigación RNM118. Los revisores anónimos mejoraron sensiblemente el manuscrito con sus sugerencias y correcciones.

LITERATURA CITADA

- AKÇAKAYA HR, MA MCCARTHY & JL PEARCE (1995) Linking landscape data with population viability analysis: management options for the helmeted honeyeater *Lichenostomus melanops cassidix*. *Biological Conservation* 73: 169-176.
- ALADOS C (1985) Distribution and status of the Spanish ibex (*Capra pyrenaica*, Schinz). In: Lovari S (ed): *The biology and management of mountain ungulates*: 204-211. Croom-Helm, London.
- AVISE JC (1994) *Molecular markers, natural history and evolution*. Chapman and Hall, New York. 511 pp.
- AVISE JC (1995) Mitochondrial DNA polymorphism and a genetics-demography connection of conservation relevance. *Conservation Biology* 9: 686-690.
- BAKER CS & SR PALUMBI (1994) Which whales are hunted? A molecular genetic approach to monitoring whaling. *Nature* 265: 1538-1539.
- BAKER CS, SR PALUMBI, RH LAMBERTSEN, MT WEINRICH, J CALAMBOKIDIS & SJ O'BRIEN (1990) Influence of seasonal migration on geographic distribution of mitochondrial DNA haplotypes in humpback whales. *Nature* 344: 238-240.
- BEIER P (1993) Determining minimum habitat areas and habitat corridors for cougars. *Conservation Biology* 7: 94-108.
- BUSTAMANTE J (1997) Predictive model for Lesser Kestrel, *Falco naumanni* distribution, abundance and extinction in southern Spain. *Biological Conservation* 80: 153-160.
- COTTON RGH, E EDKINS & S FORREST S, eds (1998) *Mutation detection. A practical approach*. IRL Press, Oxford. 242 pp.
- DIXON WJ, ed (1990) *BMDP Statistical Software*. University of California Press, Berkeley: 1335 pp.
- FANDOS P (1989a) Reproductive strategies in female Spanish ibex (*Capra pyrenaica*). *Journal of Zoology, London* 218: 339-343.
- FANDOS P (1989b) Distribución de la cabra montés en España. *Quercus* 36: 20-26.
- FANDOS P (1991) La cabra montés (*Capra pyrenaica*) en el Parque Natural de Cazorla, Segura y Las Villas. Colección Técnica, Icona. Madrid. 176 pp.
- GRANADOS JE, M CHIROSA, MC PEREZ, JM PEREZ, I RUIZ-MARTINEZ, RC SORIGUER & P FANDOS (1998) Distribution and status of the Spanish ibex *Capra pyrenaica* in Andalusia, southern Spain. *Proceedings of the 2nd World Conference on Mountain Ungulates*: 129-133.
- HOSMER DW & S LEMESHOW (1989) *Applied logistic regression*. John Wiley & Sons, Inc. New York. 307 pp.
- POSSINGHAN HP, DB LINDENMAYER, TW NORTON & I DAVIES (1994) Metapopulation viability analysis of the greater glider *Petauroides volans* in a wood production area. *Biological Conservation* 70: 227-236.

- SAMBROOK J, EF FRITSCH & T MANIATIS
(1989) Molecular cloning: a laboratory manual, 2nd ed. Cold Spring Harbor Laboratory Press. New York.
- SHACKLETON DM, ed (1997) Wild sheep and goats and their relatives. Status survey and conservation action plan for Caprinae. IUCN/SSC Caprinae Specialist Group. Gland. 390 pp.
- SIEGEL S (1956) Nonparametric statistics for the behavioral sciences. McGraw-Hill. New York. 339 pp.
- SYSTAT 7.0. (1997) Systat 7.0. New Statistics. Chicago, 303 pp.
- TRAVIS SE & P KEIM (1995) Differentiating individuals and populations of mule deer using DNA. *Journal of Wildlife Management* 59: 824-831.
- TITUS K, JA MOSHER & BK WILLIAMS
(1984) Chance-correlated classification for use in discriminant analysis: ecological applications. *American Midland Naturalist* 111: 1-7.