

TRAS LA HUELLA DE OCELOTL: DESCIFRANDO EL PASADO Y VISLUMBRANDO EL PORVENIR DEL JAGUAR

Gustavo Lorenzana^{1,3*}, Yessica Rico¹ y Eduardo Eizirik²

¹Instituto de Ecología A.C. Pátzcuaro, Michoacán, México. lorenz.gp@gmail.com (GL), yessica.rico@inecol.mx (YR)

²Pontificia Universidad Católica de Río Grande del Sur. Porto Alegre, Rio Grande do Sul, Brasil. eduardo.eizirik@pucrs.br (EE)

³Adscripción actual: Independiente

* Autor de correspondencia

El jaguar, bestia majestuosa reverenciada por nuestros antepasados e icono de las selvas tropicales, es un animal con una historia fascinante. Los estudios científicos nos ayudan a develar los detalles de su épica travesía a través del tiempo y la geografía del continente americano.

El amo y señor de la región tropical de América es un felino que tiene tantos nombres como manchas estampadas en su bello pelaje: jaguar, otorongo, tigre americano, tigre real, yagouareté, entre los más conocidos. El *balam* de los mayas, el *ocelotl* para los mexicas. *Panthera onca*, su nombre científico formal. Cualquiera que sea su apelativo, el jaguar ocupa un lugar preponderante en la cosmovisión de las culturas originarias como símbolo de destreza y poderío.

Relevante también ha sido el papel que ésta especie ha tenido para la conservación de los ecosistemas tropicales desde finales del siglo pasado, ya que donde quiera que se adopten estrategias para preservar a los jaguares, indirectamente se protege a muchas otras especies con las que coexiste, generando beneficios para la naturaleza y la sociedad. Sin embargo, la conservación de animales estrictamente carnívoros como el jaguar no es algo fácil. Los grandes felinos son una rareza en el mundo natural, no solo por las características físicas que les permiten ser depredadores excepcionales, tales como afiladas garras, punzantes colmillos y aguzados sentidos, sino también porque sus poblaciones son típicamente muy pequeñas en comparación con otros organismos (como los herbívoros), ya que cada individuo requiere enormes extensiones de terreno para satisfacer sus necesidades de alimento, agua y reproducción. Dichas características colocan a los carnívoros en una situación de vulnerabilidad ante las actividades humanas como la agricultura y la ganadería, que propician la deforestación y degradación de los montes que les

serven de hábitat y porque además son cazados ilegalmente en represalia por la ocasional depredación que hacen de cabezas de ganado y aves de corral.

Entonces ¿qué podemos hacer para salvaguardar a los grandes felinos? No podemos conservar lo que no conocemos, así que el paso primordial estriba en estudiarlos. Pero al día de hoy ¿qué tanto sabemos sobre los jaguares? Se han documentado docenas de especies que le sirven de presa, entre las cuales encontramos pecaríes, venados, chachalacas, faisanes e inclusive tortugas marinas y caimanes, lo cual sitúa a los jaguares en la cima de la cadena alimenticia a lo largo y ancho de su distribución geográfica, que va desde Arizona, en el suroeste de Estados Unidos de América y Sonora, en el noroeste de México, hasta el sur de Brasil y el noreste de Argentina, donde habitan una gran variedad de ecosistemas, principalmente selvas, sabanas, pantanos y matorrales tropicales. En general, podemos encontrarlos en toda la porción continental de América Latina, con excepción de El Salvador, Chile y Uruguay. No obstante su amplia distribución, los jaguares son extremadamente sigilosos y en muchas ocasiones prefieren realizar sus actividades durante la noche por lo que es muy poco común tener la oportunidad de observarlos directamente en la naturaleza.

Por ello, los científicos han ideado estrategias para estudiarlos de forma indirecta, como la técnica de fototrampas, que permite detectar los movimientos de los animales en su hábitat gracias a fotografías obtenidas con equipamiento autónomo, conocido comúnmente como cámaras-trampa o foto-trampas. Gracias a que cada jaguar cuenta con un patrón único de manchas, llamadas rosetas por su forma y disposición, es posible estimar el número de individuos que viven en un área determinada. En México, los especialistas han calculado que el número de jaguares silvestres que actualmente habitan en territorio nacional es de alrededor de cinco mil ejemplares. Una cifra que parece muy pequeña si la comparamos con los más de 120 millones de mexicanos que actualmente estamos asentados en los antiguos dominios de *ocelotl*.

Otra técnica usada es la telemetría, la cual requiere de la captura y contención de los animales para colocarles collares con aditamentos electrónicos que permiten darles seguimiento mediante señales de radio o unidades de rastreo satelital de tipo GPS, las cuales utilizan el mismo principio que nuestros teléfonos celulares para determinar nuestra ubicación geográfica en tiempo real. Con ello, ahora sabemos que los jaguares son animales solitarios la mayor parte del año y solo forman parejas temporales durante la época de reproducción que generalmente ocurre poco antes de que comience la estación lluviosa. El territorio de un macho es enorme, pudiendo alcanzar una extensión de alrededor de 10 mil hectáreas, dependiendo de la abundancia local de sus presas naturales. En perspectiva ¡eso sería equivalente al tamaño combinado de 10 mil campos de fútbol! Las hembras utilizan áreas un poco más pequeñas, de tal forma que los territorios de entre 3 a 4 hembras (y sus cachorros de hasta 2 años de edad) se superponen con el territorio de un macho residente.

Capturar a un jaguar con fines de estudio científico conlleva una operación logística delicada, la cual requiere la participación de un equipo de biólogos y veterinarios especializados, una preparación cuidadosa y detallada, así como contar con el aval de las autoridades federales en la materia. Es por ello que cuando se realiza una captura se aprovecha la oportunidad para recabar toda clase de datos sobre la condición física del animal, como su peso, sexo y edad estimada y se obtienen muestras biológicas, principalmente sangre y pequeñas porciones de tejido, las cuales son esenciales para analizar si los animales padecen alguna enfermedad y que además constituyen la base fundamental para la realización de investigaciones a partir de la molécula de la vida, el ADN.

El ácido desoxirribonucleico (ADN) es la molécula que acciona y controla los procesos que distinguen a los seres vivos de la materia inerte, como las rocas o los gases. El metabolismo, el crecimiento, la reproducción y la capacidad para adaptarse a los cambios ambientales son solo algunos de estos importantísimos procesos biológicos que dependen de ésta molécula. El ADN contenido en el núcleo de las células se conoce como genoma, el cual se encuentra en largas espirales densamente empacadas en estructuras llamadas cromosomas. Si desarrolláramos totalmente el ADN presente en una única célula de nuestro cuerpo alcanzaría una longitud de 2 metros, pero si pudiéramos desarrollar y unir el ADN de todas las células de nuestro cuerpo ¡cubriríamos 2 veces el diámetro del Sistema Solar!

En esencia, todas las células de un individuo contienen la misma información genética pero no todas las células desarrollan las mismas funciones. Es como si todas las células almacenaran el plano arquitectónico general para construir y mantener funcionando una casa, pero cada tipo de célula especializada solamente reconociera y ejecutara las instrucciones para edificar y operar componentes específicos, por ejemplo, la cocina o la instalación eléctrica. Desde el punto de vista celular, las instrucciones específicas reciben el nombre de genes, los cuales son transmitidos conjuntamente de generación a generación a través del genoma. Éste se encuentra codificado mediante un alfabeto de cuatro caracteres derivados de la inicial de cada una de las moléculas primordiales del ADN: adenina (A), timina (T), citosina (C) y guanina (G), conocidas colectivamente como nucleótidos.

El tamaño del genoma de las especies tiene una amplia variabilidad y no guarda una relación directa con el tamaño corporal de los organismos. Así, el genoma del ajolote mexicano cuenta con la increíble cantidad de 32 mil millones de nucleótidos, mientras que la secuoya gigante y la ballena azul tienen genomas de 9 mil millones y 2 mil 500 millones de nucleótidos, respectivamente. Ballenas, humanos y jaguares

pertenecemos al grupo taxonómico de los mamíferos, cuyos genomas habitualmente oscilan alrededor de los 3 mil millones de nucleótidos. Pero lo que importa no es el tamaño sino el contenido y organización de los genomas. Entre las especies hay diferencias en la forma en que los genes se intercalan tanto con regiones genómicas que regulan su actividad, como con fragmentos genómicos simples y/o repetitivos que no tienen una utilidad aparente. Sin embargo, también se ha observado que especies estrechamente relacionadas comparten un elevado porcentaje de su información genética. Por ejemplo, la similitud entre el genoma de los humanos y el de los chimpancés (nuestros parientes más cercanos en el reino animal) oscila alrededor del 95%. Tal parecido es asombroso considerando que humanos y chimpancés somos primos desde el punto de vista evolutivo.

Para determinar las diferencias (o semejanzas) genéticas los científicos utilizan los llamados marcadores moleculares, los cuales se definen como secuencias de ADN que muestran variación entre los individuos de una misma especie o entre individuos de especies distintas. Aunque existen varios tipos de marcadores, actualmente los más comúnmente utilizados se conocen como polimorfismos (literalmente “muchas formas”) de nucleótido simple o SNP, por su acrónimo en inglés. Los SNP (se pronuncia “esnip”) son mutaciones de tipo puntual, es decir, ocurren en un sitio específico en el genoma y consisten en la sustitución de un nucleótido por otro, por ejemplo, una molécula de adenina por otra de timina. En esos casos, hablamos de dos alelos (o formas distintas) en la población. Las mutaciones se presentan porque en ocasiones ocurren errores en la maquinaria celular que copia la información genética, lo cual puede deberse simplemente al azar o ser desencadenado por algún elemento externo que dañe el ADN de las células.

Cuando pensamos en mutaciones generalmente las asociamos con deformaciones anatómicas o inclusive con súper-poderes como los de los personajes de la historieta “Hombres-X”. Sin embargo, una mutación de tipo SNP generalmente tiene un efecto nulo sobre el organismo portador, aunque en algunas ocasiones puede derivar en un daño sobre las funciones vitales del organismo que la porta, o por el contrario, producir efectos benéficos. Los efectos adversos generalmente se presentan cuando se heredan dos copias de un alelo raro (en cuyo caso nos encontramos ante un homocigoto recesivo), en lugar de una (heterocigoto) o ambas copias (homocigoto dominante) del alelo más común en la población. Pero ¿por qué dos copias? Ello se debe a que los seres vivos con reproducción sexual heredamos el ADN de nuestros ancestros, esencialmente el de nuestros progenitores directos (madre y padre), de los cuales adquirimos la mitad de la información genética, respectivamente.

El linaje de los grandes felinos, al que pertenecen tigres, leones, leopardos y, por supuesto, jaguares, se originó en Asia, hace alrededor de 6 millones de años, a finales de la época geológica conocida como Mioceno. Así que aunque actualmente el jaguar es una de las especies más representativas de las selvas tropicales de América, en realidad llegó como un inmigrante a estas tierras. Aunque los detalles aún no se conocen con exactitud, se piensa que su épica travesía inició cuando el clima del planeta era mucho más frío que en la actualidad, lo cual permitió que jaguares ancestrales ingresaran al continente americano a través de la región actualmente ocupada por el estrecho marítimo de Bering, que durante esa época constituía una amplia franja de terreno emergido gracias al descenso del nivel del mar a consecuencia del aumento en la cantidad de agua congelada en los casquetes polares. Ello permitió que los felinos colonizaran una buena parte de Norteamérica y prosperaran en bosques y sabanas de tipo subtropical a medida que el clima se tornaba gradualmente más cálido.

Posteriormente, las poblaciones de estos animales continuaron marchando hacia el sur hasta alcanzar Sudamérica como parte de un evento conocido como el “Gran Intercambio Americano”, el cual inició hace alrededor de 2.8 millones de años, cuando una intensa actividad volcánica ocasionó que el Istmo de Panamá emergiera sobre las aguas oceánicas. Este gran puente intercontinental no solo fue aprovechado por los jaguares, sino por una amplia variedad de mamíferos de origen norteamericano, incluyendo osos, zorros, caballos, venados y, por supuesto, otros felinos, quienes invadieron el subcontinente sudamericano. En sentido contrario avanzaron tlacuaches, armadillos y perezosos gigantes.

Eventualmente, el clima volvió a cambiar drásticamente, tornándose más frío y seco, lo cual contribuyó a la desaparición de las poblaciones de jaguares asentadas en el norte (aunque hay evidencia que indica que los primeros humanos asentados en América practicaron una cacería desmedida que también desencadenó la desaparición de diversas especies de grandes mamíferos), al tiempo que las poblaciones del sur se afianzaron en la cuenca del Río Amazonas y las regiones circundantes, principalmente en el Pantanal y en la sabana tropical del Cerrado. Tiempo después, América Central, México y el suroeste de los Estados Unidos de América fueron recolonizados por jaguares que migraron al norte a partir de Sudamérica. Todos estos acontecimientos ocurrieron a lo largo de muchísimas generaciones de estos extraordinarios felinos, lo cual se ha podido reconstruir gracias a la evidencia fósil y las señales que podemos observar y analizar en los genomas de los jaguares silvestres que viven en la actualidad.

Los estudios muestran que las poblaciones genéticamente más diversas se encuentran en la porción central de América del Sur, esencialmente en la enorme cuenca amazónica, donde históricamente ha existido una alta conectividad del paisaje que ha permitido la reproducción y, por consiguiente, el flujo de información genética a lo largo de grandes distancias. Como regla general, la diversidad genética se relaciona directamente con el tamaño de las poblaciones. Así, las poblaciones grandes tienden a ser genéticamente más diversas que las pequeñas. Esto es muy importante para evaluar las perspectivas de conservación de las especies porque las poblaciones de tamaño reducido son más vulnerables, tanto en términos demográficos como genéticos, ante fenómenos naturales poco frecuentes pero potencialmente devastadores, como explosiones volcánicas, huracanes o incendios forestales, pero sobre todo ante las actividades humanas que propician la pérdida y fragmentación de hábitat, la introducción de especies exóticas y el cambio climático global.

En cualquier caso, mientras menor sea la cantidad de individuos en una población o especie determinada, mayor será su susceptibilidad a perder diversidad genética, y por lo tanto, mayor será la probabilidad de que no consiga adaptarse a los cambios ambientales y acabe por extinguirse. En este sentido, las investigaciones genéticas han permitido identificar algunas regiones en las que los jaguares se encuentran severamente amenazados por la interferencia humana, por ejemplo en el Bosque Atlántico, anteriormente un extenso bloque de selva tropical a lo largo del litoral oriental de Brasil que ha sido severamente fragmentado por la expansión urbana, ya que en ella se asientan las principales metrópolis de ese país, incluyendo Río de Janeiro y São Paulo. No obstante, la situación actual de muchas de las poblaciones de jaguares existentes en México y el resto de Latinoamérica aún no se conoce a profundidad por lo que es indispensable redoblar los esfuerzos para su estudio y monitoreo. La utilización de novedosas técnicas de secuenciación genómica constituye una eficaz herramienta para tal fin.

La secuencia del primer genoma completo de jaguar fue publicada en 2017 y contempló un abordaje comparativo con los genomas de los otros grandes felinos que actualmente habitan el planeta (tigre, león, leopardo y leopardo de las nieves). Ello reveló una historia evolutiva compleja y hasta cierto punto insospechada, con episodios de hibridación extremadamente antiguos que, al permitir el intercambio genético entre especies, por ejemplo entre leones y jaguares, favoreció el surgimiento y diseminación de adaptaciones biológicas relacionadas con la anatomía y el comportamiento de caza, que contribuyeron a la sobrevivencia de este linaje de depredadores hasta nuestros días.

Un estudio recién publicado agregó una docena de genomas completos al análisis de la diversidad genómica de los jaguares a nivel continental, con lo cual se corroboraron las inferencias previas que sitúan a las poblaciones de la Amazonia y el Pantanal como las más grandes y diversas. Además, se encontró que la magnitud de la diversidad presente en los jaguares que habitan Sudamérica es similar a la de los leones africanos, mientras que los niveles de diversidad de jaguares originarios de la Selva Maya y la región fronteriza entre México y los Estados Unidos de América son equiparables con la de los tigres del sureste asiático y los tigres de Bengala, respectivamente. Asimismo, se encontraron diferencias en el grado de homocigosidad entre jaguares. La homocigosidad cromosómica se presenta cuando dos alelos son idénticos por descendencia, es decir, que provienen de un mismo ancestro en común, lo cual ocurre cuando se aparean dos individuos con un vínculo familiar muy cercano, por ejemplo una pareja de hermanos. Como consecuencia directa, esto implica una mayor probabilidad de que se manifiesten enfermedades congénitas en la descendencia. Es importante mencionar que los mamíferos generalmente poseen conductas instintivas que tienden a evitar las relaciones incestuosas. Sin embargo, la deforestación ocasiona una reducción paulatina en la integridad ecológica de los paisajes naturales que constituyen el hábitat de los animales, hasta que llega un momento en que el grado de aislamiento y perturbación de los fragmentos de vegetación nativa apenas consiguen sustentar unos pocos individuos estrechamente emparentados.

Utilizando secuencias de genomas completos fue posible identificar extensos segmentos de homocigosidad en jaguares del Bosque Atlántico, particularmente en un individuo oriundo de la región donde confluyen las majestuosas cataratas de Iguazú en Brasil. Señales de homocigosidad ligeramente menores también fueron detectadas en las poblaciones transfronterizas de México con Guatemala y los Estados Unidos de América. En resumen, la información genética y ecológica que está siendo recabada aprovechando los adelantos tecnológicos tiene una enorme importancia para incrementar la confiabilidad de las estimaciones sobre el estatus de vulnerabilidad de las diferentes poblaciones de jaguares y proponer estrategias adecuadas para su conservación.

La tarea no es nada sencilla, pero es nuestro deber continuar tras los pasos de *ocelotl*, y así, tratar de asegurar que su potente rugido continúe resonando desde lo más profundo de sus dominios.

AGRADECIMIENTOS

GL agradece al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACYT) por la beca otorgada para la realización de una estancia posdoctoral durante la cual se concibió y redactó el presente escrito. Agradecemos la cortesía de Daniel Kantek por haber facilitado la fotografía que acompaña al texto del artículo.

LITERATURA CONSULTADA

- De la Torre, J. A., *et al.* 2018. The jaguar's spots are darker than they appear: assessing the global conservation status of the jaguar *Panthera onca*. *Oryx* 52:300-315.
- Eizirik, E., *et al.* 2001. Phylogeography, population history and conservation genetics of jaguars (*Panthera onca*, Mammalia, Felidae). *Molecular Ecology* 10:65-79.
- Figureiró, H. V., *et al.* 2017. Genome-wide signatures of complex introgression and adaptive evolution in the big cats. *Science Advances* 3: e1700299.
- Jędrzejewski, W., *et al.* 2018. Estimating large carnivore populations at global scale based on spatial predictions of density and distribution—Application to the jaguar (*Panthera onca*). *PLoS One* 13: e0194719.
- Lorenzana, G., *et al.* 2020. Large-scale assessment of genetic diversity and population connectivity of Amazonian jaguars (*Panthera onca*) provides a baseline for their conservation and monitoring in fragmented landscapes. *Biological Conservation* 242:108417.
- Lorenzana, G. P., *et al.* 2022. Whole-genome sequences shed light on the demographic history and contemporary genetic erosion of free-ranging jaguar (*Panthera onca*) populations. *Journal of Genetics and Genomics* 49:77-80.



Jaguar (*Panthera onca*) internándose en un río. Fotografía: Daniel Kantek.

Sometido: 18/ene/2022.

Revisado: 03/feb/2022.

Aceptado: 09/feb/2022.

Publicado: 09/feb/2022.

Editor asociado: Dra. Natalia Martín-Regalado