



UNIVERSIDADE DA CORUÑA

# Grao en Bioloxía

## Memoria do Traballo de Fin de Grao

**Revisión bibliográfica: Análisis filogeográfico del género *Lynx* en la Península Ibérica**

**Revisión bibliográfica: Análise filoxeográfico do xénero *Lynx* na Península Ibérica**

**Literature review: Phylogeographic analysis of the genus *Lynx* in the Iberian Peninsula**



**Virginia Peñín Agra**

Julio, 2018

*Director(es) Académico: Ana García Vázquez  
Aurora Grandal d'Anglade*





UNIVERSIDADE DA CORUÑA

Facultad de Ciencias  
Departamento de Física y Ciencias de la Tierra  
Área de Paleontología

Dña. Aurora Grandal d'Anglade y Dña. Ana García Vázquez autorizan la presentación del trabajo de fin de grado "**Análisis filogeográfico del género *Lynx* en la Península Ibérica**" presentado por Virginia Peñín Agra para su defensa ante el tribunal calificador.

A Coruña, a 20 de Julio de 2018

Fdo: Aurora Grandal d'Anglade

Ana García Vázquez

Directoras del trabajo



## INDICE

RESUMEN/RESUMO/SUMMARY.....	1
PALABRAS CLAVE .....	2
1. INTRODUCCIÓN.....	3
1.1. Clasificación de los lince .....	3
1.1.1. Lince boreal .....	4
1.1.2. Lince ibérico .....	5
1.2. El lince ibérico en la actualidad .....	6
1.3. Los lince en el registro fósil.....	6
1.4. Estudios genéticos .....	8
1.5. Objetivo .....	10
2. MATERIAL Y METODOS.....	11
2.1. Materiales .....	11
2.2. Métodos .....	12
3. RESULTADOS.....	14
3.1. Lince boreal ( <i>Lynx lynx</i> ).....	14
3.2. Lince ibérico ( <i>Lynx pardinus</i> ).....	17
3.3. Análisis conjunto de <i>L. lynx</i> y <i>L. pardinus</i> .....	18
4. DISCUSIÓN.....	20
4.1. Longitud de las secuencias mitocondriales estudiadas y resolución del análisis .....	20
4.2. Distribución histórica del lince boreal y lince ibérico.....	20
5. CONCLUSIÓN .....	23
6. BIBLIOGRAFÍA.....	24
7. ANEXO.....	27



## RESUMEN

Mediante la recopilación de secuencias de ADN mitocondrial de lince ibérico y lince boreal, procedentes de diferentes artículos, se ha creado una base de datos, en la cual se han incluido individuos históricos, actuales y fósiles. Las secuencias obtenidas se comparan mediante herramientas bioinformáticas, tanto a nivel específico como incluyendo ambas especies de lince. Se observan las variaciones en su distribución en la Península Ibérica desde el Pleistoceno superior hasta la actualidad, teniendo también en cuenta su distribución en el resto del continente europeo. El lince boreal, ausente en la actualidad en el territorio peninsular, sí habitó el norte de la Península Ibérica en el Holoceno y hasta hace unos cientos de años. Por el contrario el lince ibérico, que en la actualidad se restringe al sur la Península Ibérica, se distribuía por todo el territorio peninsular e incluso, a través del corredor mediterráneo, hacia el sur de Francia y norte de Italia.

## RESUMO

Mediante a compilación das secuencias de ADN mitocondrial do lince ibérico e do lince boreal, a partir de diferentes artigos, creouse unha base de datos na que se incluíron individuos históricos, actuais e fósiles. As secuencias obtidas foron comparadas por medio do emprego de ferramentas bioinformáticas, tanto a nivel específico como incluíndo ambas especies de lince. As variacións na súa distribución na Península Ibérica dende o Pleistoceno Superior ata o presente foron observadas tendo en conta a súa distribución no resto do continente europeo. O lince boreal, ausente actualmente no territorio peninsular, sí habitou o norte da Península Ibérica no Holoceno e ata fai uns centos de anos. Doutra banda, o lince ibérico, actualmente restrinxido ao sur da Península Ibérica, distribuíuse por todo o territorio peninsular e mesmo, a través do corredor do mediterráneo, hacia o sur de Francia e o norte de Italia.

## SUMMARY

By compiling mitochondrial DNA sequences of Iberian Lynx and Eurasian Lynx from different papers, a database has been created, including historical, modern and fossil individuals. The sequences obtained are compared using bioinformatics tools, at a specific level and including both species of lynx. Variations in the distribution in the Iberian Peninsula from the Upper Pleistocene to the present day can be observed, also taking into account its distribution in the rest of the European continent. The Eurasian Lynx, currently absent from the Iberian Peninsula, did inhabit the northern Iberian Peninsula in the Holocene and until a few hundred years ago. On the other hand, the Iberian lynx, which is currently restricted to the south of the Iberian Peninsula, was distributed

throughout the Peninsula and even, through the Mediterranean corridor, towards the south of France and northern Italy.

### **PALABRAS CLAVE**

Lince boreal, lince ibérico, Península Ibérica, ADN mitocondrial, filogeografía.

# 1. INTRODUCCIÓN

## 1.1. Clasificación de los lince

El lince es un mamífero terrestre perteneciente a la familia Felidae. El género *Lynx* en la actualidad incluye las siguientes especies: el lince canadiense (*Lynx canadensis*; Kerr, 1792), el lince rojo (*Lynx rufus*; Schreber, 1777), el lince ibérico (*Lynx pardinus*; Temminck, 1827) y el lince euroasiático, boreal o común (*Lynx lynx*; Linnaeus, 1758).

Estas especies descienden de un antepasado común que divergió de otras especies de felinos hace 3,24 millones de años (Figura 1) (Johnson *et al.* 2006).

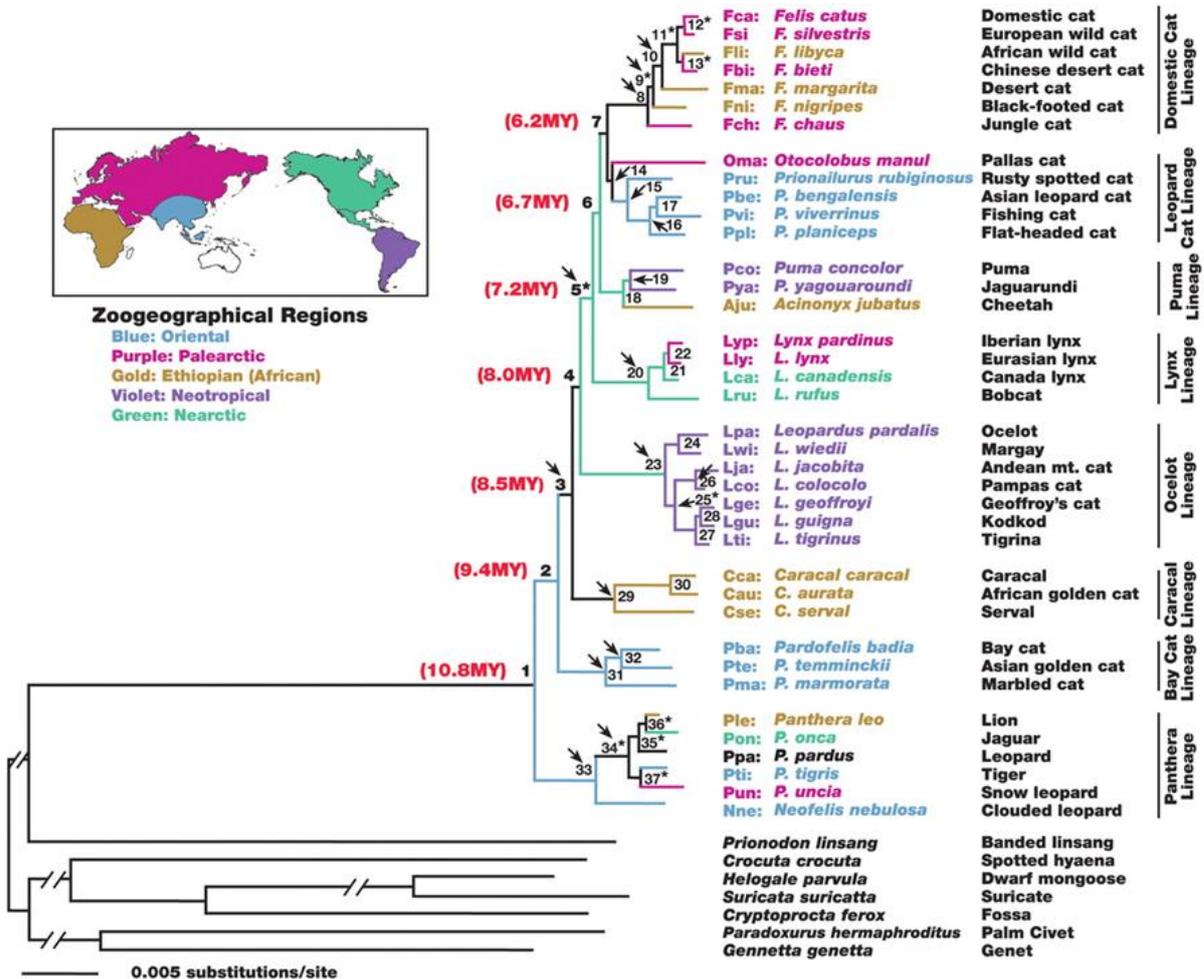


Figura 1: Situación de los lince dentro de la filogenia molecular basada en estudios del ADN autosómico X, Y y mitocondrial de la familia Felidae (Johnson *et al.* 2006)

Para la realización de este trabajo nos centraremos en las especies que habitaron la Península Ibérica desde el Pleistoceno Superior: el lince boreal y el lince ibérico.

### 1.1.1. Lince boreal

El lince boreal (Figura 3) habita principalmente en la región eurosiberiana (Figura 2), desde el bosque caducifolio hasta la tundra y la taiga (Breitenmoser *et al.*, 2017).



Figura 2: Distribución del lince boreal actual (Breitenmoser *et al.*, 2015).

Muestra características morfológicas que permiten diferenciarlos de otras especies. El margen superior del rinario es más convexo que en otros lince y las fosas nasales son más grandes, seguramente como una adaptación a la vida a grandes altitudes (Tumlison, 1987).



Figura 3: Lince boreal (*Lynx lynx*). Fuente: [http://es.reinoanimalia.wikia.com/wiki/Lince\\_Boreal](http://es.reinoanimalia.wikia.com/wiki/Lince_Boreal)

Muestran dimorfismo sexual: las hembras son más pequeñas que los machos, presentando pesos medios de 18,1kg, mientras que los machos presentan un peso medio de 21,6kg (Novak, 1999). Esta especie puede llegar a alcanzar una altura hasta la cruz de 60-75cm (Figura 4) (Novak, 1999), siendo una de las especies de lince mayor tamaño, por encima del lince ibérico (Figura 4).

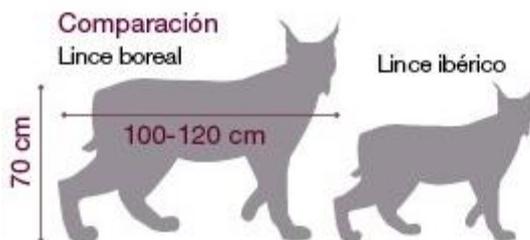


Figura 4: Comparación de tamaños entre el lince ibérico y el lince boreal. Fuente: <http://arannau.es/la-val-daran-recuperara-lince-boreal-despues-siglos-extinguido/>

En cuanto a su alimentación, esta especie se centra en la caza de mamíferos ungulados. Suelen cazar especies de tamaño medio como el corzo, la gamuza, el reno o el ciervo almizclero, pero se ha podido observar que también tienen presas de mayor tamaño como el ciervo macho adulto que puede llegar hasta los 220kg de peso. Ocasionalmente también pueden alimentarse de animales domésticos, zorros, conejos... (Breitenmoser *et al.*, 2017)

### 1.1.2. Lince ibérico

Esta especie (Figura 5) está mucho más restringida que el lince boreal. Es típico de ambientes de matorral mediterráneo, en donde se alimenta, principalmente de conejo (*Oryctolagus cuniculus*, Linnaeus, 1758) Otro de los elementos característicos de su hábitat son las cavidades naturales como cuevas, las cuales emplean como guaridas. No es común que aparezcan en terrenos abiertos, tierras de cultivo o paisajes forestales a menos que estén llevando a cabo la dispersión natal (Rodríguez y Calzada, 2015) (Figura 6).



Figura 5: Lince ibérico (*Lynx pardinus*). Fuente: <https://sites.google.com/site/animalesveronica/home/lince-iberico>

Los machos suelen presentar tamaños mayores a los de las hembras, llegando a alcanzar un peso medio de 12,9kg en los machos y un peso medio de 9,4kg en el caso de las hembras (Novak, 1999), con una altura media de 36-55 cm (Rodríguez, 2004).



Figura 6: Distribución del lince ibérico (Rodríguez y Calzada, 2015).

## 1.2. El lince ibérico en la actualidad

En los últimos siglos las poblaciones de lince ibérico han ido disminuyendo en la Península Ibérica. Por ejemplo a principios del siglo XX se volvió raro su distribución en la Península Ibérica, quedando limitado a poblaciones aisladas del suroeste (Johnson *et al.*, 2004).

Entre 1960 - 1988 se estima que el lince ibérico ha reducido su hábitat en un 80%. En los años 90, se estimaban unos 1000 lince los cuales estaban restringidos en 50 áreas reproductivas agrupadas en menos de 10 subpoblaciones. Sin embargo, los límites geográficos actuales y los tamaños poblacionales no son bien conocidos, además la pérdida de hábitat y la desaparición de lince de áreas previamente ocupadas sugieren que en 2004 quedaban menos de 500 individuos (Johnson *et al.* 2004). Según un estudio actual enmarcado el proyecto Life+IBERLINCE (LIFE10NAT/ES/570) a finales del año 2017 el número de individuos silvestres es de 589 (Simón Mata, 2017).

En la actualidad existen 2 poblaciones aisladas (Figura 6), una en Doñana y otra en Andújar-Cardena, situada al este de Sierra Morena. Según la Lista Roja de Especies Amenazadas hay un total de 156 adultos, con una tendencia actual de la población creciente. Aun así desde 2008 esta especie se considera en peligro crítico de extinción (Rodríguez y Calzada, 2015).

Se establecen como principales causas de la reducción de esta especie la caza, captura ilegal, la homogeneización de los paisajes en mosaico debido a la intensificación agrícola y silvícola, reducción potencial de hábitat por fragmentación y la disminución de conejo europeo, su principal fuente de alimento, como resultado de la enfermedad del RDH o enfermedad viral hemorrágica. Además la gran capacidad de desplazamiento de estos animales conlleva que en ocasiones abandonen sus hábitats siendo posible que mueran por atropellos en las carreteras. También hay que tener en cuenta que el pequeño tamaño poblacional persistente durante varias generaciones de lince, ha producido signos de deterioro demográfico y genético, endogamia, disminución de la edad de adquisición del territorio y tamaño de la camada y aumento de la mortalidad por enfermedad entre otras causas naturales (Rodríguez y Calzada, 2015).

Para intentar contrarrestar la pérdida de individuos se han llevado a cabo una serie de acciones de conservación como programas de reintroducción, aumento de la densidad de presas, áreas monitorizadas para la detección de trampas ilegales, traslado de adultos para evitar la endogamia, resultado del bajo número de individuos (Rodríguez y Calzada, 2015).

## 1.3. Los lince en el registro fósil

Atendiendo a rasgos morfológicos de la dentición, el ancestro directo del lince ibérico en Europa, como del resto de especies de lince, pudo haber sido el *Lynx issiodorensis* una forma del Plioceno final repartida por el hemisferio norte (Werdelin, 1981). Bininda-Emons *et al.* (1999), mediante el uso de combinaciones de varias filogenias en un “superárbol” filogenético de los carnívoros, establecen la divergencia del lince boreal y del lince ibérico hace

2,2 millones de años. Sin embargo un estudio posterior de Johnson *et al.* (2006) data la divergencia del lince boreal y el ibérico en 1,18 millones de años.

Durante el Pleistoceno Superior y el Holoceno temprano la distribución de la fauna y flora vino determinada por el atemperamiento climático después del último máximo glacial (LGM, last glacial maximum) que produjo una mejora de las condiciones climáticas (Sommer y Benecke, 2005). Tanto el lince ibérico como el boreal se han encontrado en Europa durante el Pleistoceno (Figura 7). Los fósiles de lince ibérico hallados en España muestran una reducción de la talla al compararlos con los especímenes actuales, mientras que en el caso del lince boreal presenta una talla actual bastante similar a la de individuos del Pleistoceno (Kurtén, 1968). Estos individuos fósiles suelen denominarse *spelaeus* (*Lynx lynx spelaeus* y *Lynx pardinus spelaeus*), haciendo referencia a la cronoespecie.

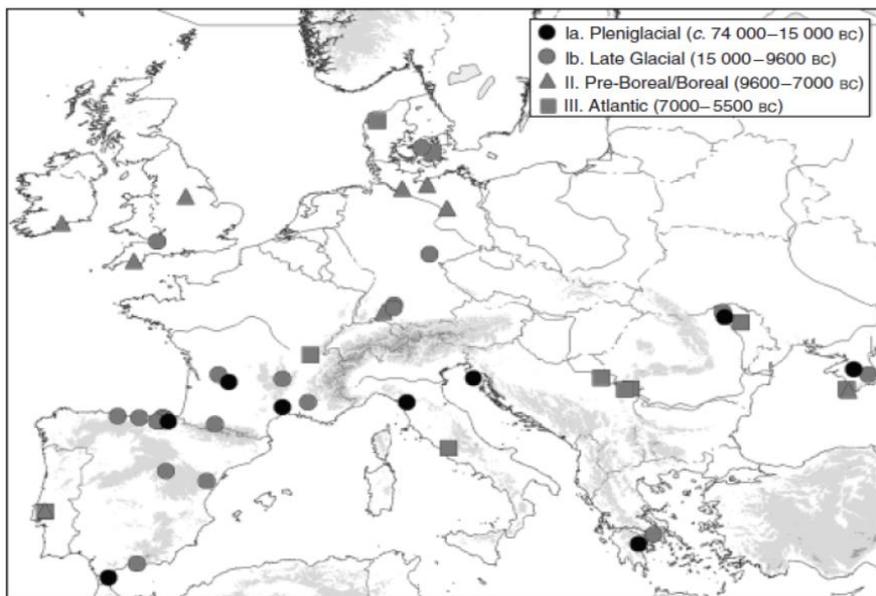


Figura 7: Distribución de *Lynx sp.* en el Pleistoceno Superior y Holoceno según Sommer y Benecke (2006)

Debido al deteriorado estado de conservación de los fósiles, la diferenciación de ambas especies a menudo se llevaba a cabo en base al tamaño de fragmentos del esqueleto post-craneal (Figura 8). Sin embargo, para una determinación de la especie se requiere un diagnóstico de las características del cráneo (Sommer y Benecke, 2005). Además, el dimorfismo sexual solo se aprecia en individuos adultos gracias al empleo de la biometría de restos craneales (Rodríguez, 2004).



Figura 8: Restos fósiles de lince boreal.  
Fuente:  
<http://www.agumnpa.es/2015/10/agentes-del-medio-natural-colaboran-en.html>

En el caso de la Península Ibérica se ha podido observar que la distribución biogeográfica de los felinos no es uniforme. Según los datos disponibles, Sommer y Benecke (2006) deducen que durante

LGM, el lince ibérico estaba restringido a la Península Ibérica. Esta especie, estuvo repartida por todo el territorio peninsular junto a otros felinos como el leopardo o el gato montés. Mientras que la distribución del lince boreal se restringe al Norte de la Península, cuyas condiciones fueron más similares al resto de Europa occidental (Villaluenga, 2016).

En la revisión de Villaluenga (2016) sobre los yacimientos de felinos de la Península Ibérica, encuentra que hay presencia de lince (*Lynx lynx*, *Lynx spelaea*, *Lynx pardinus* y *Lynx sp.*) en 80 cavidades. Molecularmente se ha conseguido atribuir el morfotipo *Lynx spelaea* a lince ibérico (Rodríguez-Varela *et al.*, 2015). Así se ha documentado la presencia de lince ibérico en 57 yacimientos, 16 situados en la zona Noroeste y 14 en la costa Mediterránea. Villaluenga (2016) destaca la ausencia de citas de Lince Ibérico o de las cavernas en el cuarto Noroeste de la Península. La presencia del lince boreal se limita al tercio norte peninsular con 21 yacimientos, siendo el valle del Ebro el límite sur de la presencia de este taxón.

#### 1.4. Estudios genéticos

En las dos últimas décadas se han llevado a cabo diversos estudios centrados en análisis del ADN del lince, tanto del ibérico como del boreal.

Hellborg *et al.* (2002) llevaron a cabo un estudio sobre la diferenciación y niveles de variación genética en poblaciones de lince boreales en el sur de Europa, mediante el análisis de microsatélites y ADN mitocondrial. Para este trabajo emplearon muestras de tejido de lince procedentes de Suecia y Noruega. Este estudio proporcionó evidencias sobre la estructura poblacional de los lince en el norte de Europa., observándose dos patrones importantes: diferenciación entre las poblaciones escandinavas y las orientales y estructuración poblacional consistente con aislamiento por distancia.

Gugolz *et al.* (2008) revelaron la posición filogenética del extinto lince alpino mediante el empleo de ADN de muestras históricas. Para ello emplearon secuencias de ADN mitocondrial de la región control y del citocromo b de 15 especímenes de museo representantes del lince alpino que completaron con 16 muestras modernas de lince boreal. Este estudio demostró que el empleo de ADN de poblaciones extintas puede ayudar a comprender las relaciones filogenéticas y la historia biogeográfica de los taxones con un número reducido de poblaciones. Este trabajo aporta evidencias moleculares de que el lince alpino es el lince boreal. Además, no se pudo observar ningún haplotipo único del lince alpino en la región control en los 15 especímenes, lo que sugiere una historia evolutiva compartida de la población de lince alpinos con otras poblaciones europeas.

En el 2012, se estudiaron los altos niveles de diferenciación poblacional en el lince boreal en Europa occidental, un estudio llevado a cabo por Ratkiewicz *et al.* (2011). Para este trabajo emplearon 210 ejemplares de lince boreal. De todas las muestras, solo 190 dieron resultados fiables. Las muestras fueron tejidos de individuos cazados legalmente, muestras de pelo o animales muertos o de museos. Usaron 630 pares de bases (pdb) de la región control del ADN mitocondrial. El mayor hallazgo de este estudio fue los altos niveles de diferenciación genética entre las poblaciones del norte y este de Europa. Por lo tanto sugirieron que el lince boreal tiene una capacidad bastante limitada para mantener un amplio flujo de genes, incluso en poblaciones geográficamente

próximas, siendo estas vulnerables a posibles eventos de extinción, con poco potencial de rescate.

Rodríguez-Varela *et al.* (2015) llevaron a cabo la publicación de un artículo basado en el uso del ADN antiguo como prueba de que el lince ibérico es una especie paleo-endémica de la Península Ibérica. Para la realización de dicho trabajo se emplearon 104 muestras, de huesos y dientes, recolectadas en diferentes localidades de España, Italia y Francia. Obtuvieron como resultados 20 muestras de 9 sitios diferentes, obteniendo la secuencias de 335 pb de ADN mitocondrial. Los resultados muestran una coincidencia temporal entre ambas especies de lince paleártico en al menos un yacimiento del Norte de Italia durante el Pleistoceno Superior. Se demostró, mediante ADN mitocondrial, la presencia de lince ibérico fuera de la Península Ibérica, de donde se consideraba endémico.

En Rodríguez-Varela *et al.* (2016) se revela la existencia del lince boreal en España en el pasado, mediante el empleo también de ADN antiguo. Se contaron con ocho restos de lince de cinco sitios diferentes del norte de España y ocho de Dinamarca junto con datos de lince modernos y antiguos de estudios previos. Consiguieron recuperar con éxito parte del ADN mitocondrial, de 16 restos de lince hallados en la Península Ibérica y Dinamarca. Estos resultados confirmaron la presencia del lince boreal en el norte de la Península Ibérica desde el límite del Pleistoceno / Holoceno hasta hace unos siglos.

Finalmente, el artículo más reciente sobre lince de la Península Ibérica es Casas-Marce *et al.* (2017) el cual se centra en el estudio de la dinámica espacio-temporal de la variación genética en el lince ibérico a lo largo de su camino hacia la extinción mediante ADN antiguo. Por primera vez se presentan mitogenomas de esta especie, es decir, el ADN mitocondrial completo. Para ello emplearon muestras actuales, históricas y antiguas, extraídas de 230 lince actuales, 296 de museos y 58 de muestras arqueológicas. Pudieron observar 23 haplotipos, con 40 sitios variables, de los cuales 39 eran transiciones y una transversión. Los resultados muestran que la reciente erosión genética del lince ibérico ha sido grave y ha afectado tanto a la diversidad de microsatélites como al ADN mitocondrial. Tal erosión tiene tres componentes principales: pérdida de diversidad a través del tiempo dentro de las poblaciones, una diferenciación creciente entre poblaciones, y extinción de poblaciones genéticamente diferenciadas en los bordes de la distribución histórica.

## 1.5. Objetivo

Los objetivos de este trabajo son:

- Recuperar información de secuencias genéticas de las especies europeas de lince (*Lynx lynx* y *Lynx pardinus*) a partir de las bases de datos habituales y su tratamiento con los programas específicos para obtener información filogeográfica.
- Interpretar los resultados obtenidos de la integración de las secuencias de individuos actuales, históricos y fósiles para identificar posibles pautas en la distribución de ambas especies en la península en relación a los cambios climáticos extremados del Pleistoceno final y el Holoceno hasta la actualidad.

## 2. MATERIAL Y METODOS

### 2.1. Materiales

Para este trabajo hemos utilizado 273 secuencias de ADN mitocondrial de lince boreal y lince ibérico (Anexo. Tabla 1), de diferentes longitudes, recopiladas de GenBank y procedentes de 7 artículos: Gugold *et al.* (2008), Rodríguez-Varela *et al.* (2011), Ratkiewicz *et al.* (2012), Rueness *et al.* (2014), Rodríguez-Varela *et al.* (2015), Rodríguez-Varela *et al.* (2016) y Casas-Marce *et al.* (2017). En total el conjunto de datos o dataset resultante está constituido por 273 secuencias: 186 pertenecen a la especie *Lynx lynx* y 87 a *Lynx pardinus*.

Las secuencias fueron analizadas utilizando diversas herramientas bioinformáticas que se detallan a continuación:

- GenBank: base de datos pública que contiene secuencias de nucleótidos de más de 165000 organismos y bibliografía construida y distribuida por el Centro Nacional de Información Biotecnológica (NCBI), una división de la Biblioteca Nacional de Medicina (NLM), ubicada en el campus del Instituto Nacional de Salud de los EE. UU. (NIH) en Bethesda, MD. (Benson *et al.*, 2005).
- MEGA7: programa que permite realizar análisis moleculares relacionados con la filogenia, aportando herramientas para explorar y analizar secuencias de proteínas o nucleótidos (Kumar *et al.*, 2015).
  - Alineamiento muscle (Comparación de secuencia múltiple por Expectación de registro/ MULTiple Sequence Comparison by Log-Expectation): es un programa para generar múltiples alineamientos de secuencias de aminoácidos y nucleótidos, siendo uno de los programas más rápidos para el alineamiento de secuencias largas (Edgar, 2004).
  - Construct/Test Neighborg - Joining Tree: Este comando se usa para construir (o probar) un árbol Neighborg - Joining (NJ) (Saitou y Nei 1987). Este método no requiere la suposición de una tasa de evolución constante, por lo que produce un árbol sin raíz. Sin embargo, para facilitar la inspección, MEGA muestra los árboles NJ de una manera similar a los árboles enraizados (Nei y Kumar, 2000).
- Dnasp6 (DNA Sequence Polymorphism): paquete de software usado para el análisis de polimorfismos de ADN que emplea datos de un solo locus o de varios loci (Rozas *et al.*, 2017).
- Popart-1.7 (Análisis de población con árboles reticulados): software de genética de poblaciones gratuito que se desarrolló como parte de la Iniciativa de evolución de imágenes del Centro Allan Wilson. Este es un proyecto colaborativo que involucra a matemáticos y biólogos de cinco universidades e institutos de investigación de Nueva Zelanda para

desarrollar un software mejor para comprender las relaciones evolutivas entre las poblaciones (Leigh y Bryant, 2015).

- Median Joining Network: permite la construcción de una red que muestra los potenciales caminos evolutivos alternativos en forma de ciclos, mediante el empleo de datos poblacionales libres de recombinación (Bandelt, *et al.*, 1999).
- Epsilon ( $\epsilon$ ): es una medida de distancia genética ponderada. En el caso de tener valor 0 permite a creación de una red dispersa reduciendo el tiempo de ejecución para grandes conjuntos de datos, permitiendo una primera impresión aproximada de la red. La experiencia sugiere que los valores épsilon de 0 o 10 normalmente dan como resultado una buena red (Bandelt *et al.*, 1999).

## 2.2. Métodos

Para la realización de este trabajo, se comenzó creando una base de datos en Excel, en la cual recopiló la información necesaria sobre las secuencias que se emplearían. Las dataciones por carbono 14 presentes en los artículos se calibraron mediante el empleo del programa CalPal - Radiocarbon Calibration online (Danzeglocke *et al.*, 2009).

Mediante el uso de los “accesion number” se buscaron las secuencias en la página web del GenBank. Al encontrar las secuencias, se copiaron en formato FASTA y se almacenaron en la tabla anteriormente mencionada.

Una vez obtenidas las 273 secuencias, se crearon 2 archivos con formato FASTA, uno para cada especie, para que pudiera ser empleado por el programa MEGA7.

En el MEGA7, los archivos fueron alineados mediante el alineamiento muscle, y posteriormente las secuencias fueron recortadas, mediante la eliminación de espacios y nucleótidos indeterminados, además de la eliminación de secuencias innecesarias. De forma que al finalizar, se obtuvieron, en el caso del *L. Lynx* un archivo de 184 secuencias, cada una de ellas con 179 nucleótidos (nt); y otro archivo de la especie *L. pardinus* de 27 secuencias y 136 nucleótidos cada una. En ambos casos, se guardaron los archivos en formato FASTA y MEGA7. Posteriormente se juntaron las secuencias de 179 nt de *L. lynx* y 136 nt de *L. pardinus*, creando un nuevo dataset que se alineó y recortó quedando así secuencias de 131 nt.

El siguiente paso, se realizó mediante el uso del programa Dnasp6, donde se determinaron los haplotipos correspondientes a cada dataset: 22 en el caso de *L. lynx* (Anexo. Tabla 2.1.), 3 en el caso de *L. pardinus* (Anexo. Tabla 2.2.) y 19 en el caso del dataset con las 2 especies.

Una vez obtenida la lista de haplotipos, estos se renombraron a llh (nº de haplotipo) en el caso de *L. lynx*, lph (nº de haplotipo) en el caso de *L. pardinus*

y plh (nº de haplotipo), y solo se dejó una secuencias representante de cada haplotipo para simplificar el análisis posterior.

Posteriormente se generó en MEGA7 un árbol filogenético de tipo Neighbour - Joining para cada dataset.

Tras este paso, se volvió al Dnasp6 para transformar los archivos de haplotipos (llh (nº de haplotipo), lph (nº de haplotipo) y plh (nº de haplotipo)) a formato PHYLIP y NEXUS, tipos de archivos necesarios para el programa Popart-1.7.

Finalmente, se abrió el archivo NEXUS de haplotipos en el programa Popart-1.7 y se realizó un diagrama Network de tipo Median Joining Network, con una  $\epsilon$  igual a 0, creando así el diagrama. Este procedimiento se repitió para cada dataset.

### 3. RESULTADOS

#### 3.1. Lince boreal (*Lynx lynx*)

Tanto en el árbol filogenético (Figura 9) como en el network (Figura 10) resultantes de nuestro análisis se observan los 3 clados descritos con anterioridad por Rueness *et al.* (2014). En estos clados se encuentran repartidos 22 haplotipos de lince boreal, pudiendo diferenciar muestras fósiles, históricas y modernas. Considerando muestras modernas aquellas que presentan fechas desde el 2000 hasta la actualidad e históricas entre 1800 - 1999.

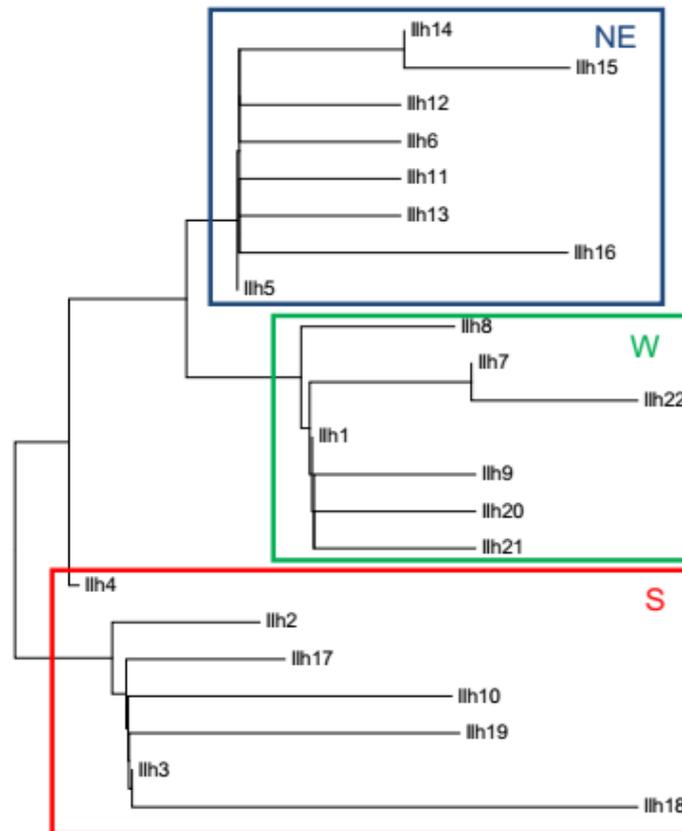


Figura 9: Árbol filogenético de la especie *Lynx lynx*. Tres clados en diferentes colores: Sur (S, rojo), Noreste (NE, verde) y Oeste (W, azul).

En el network de la Figura 10 se observa la relación existente entre todos los haplotipos. Los datos de individuos fósiles (un total de 25 individuos) se encuentran repartidos en los tres haplogrupos. Como se explica a continuación, los tres haplogrupos descritos denominados NE, W y S no corresponden exclusivamente a una región geográfica concreta. Por ejemplo, los tres clados cuentan con representantes entre los individuos fósiles de la Península Ibérica.

A continuación se describen con más detalle la localización de los haplotipos de cada clado.

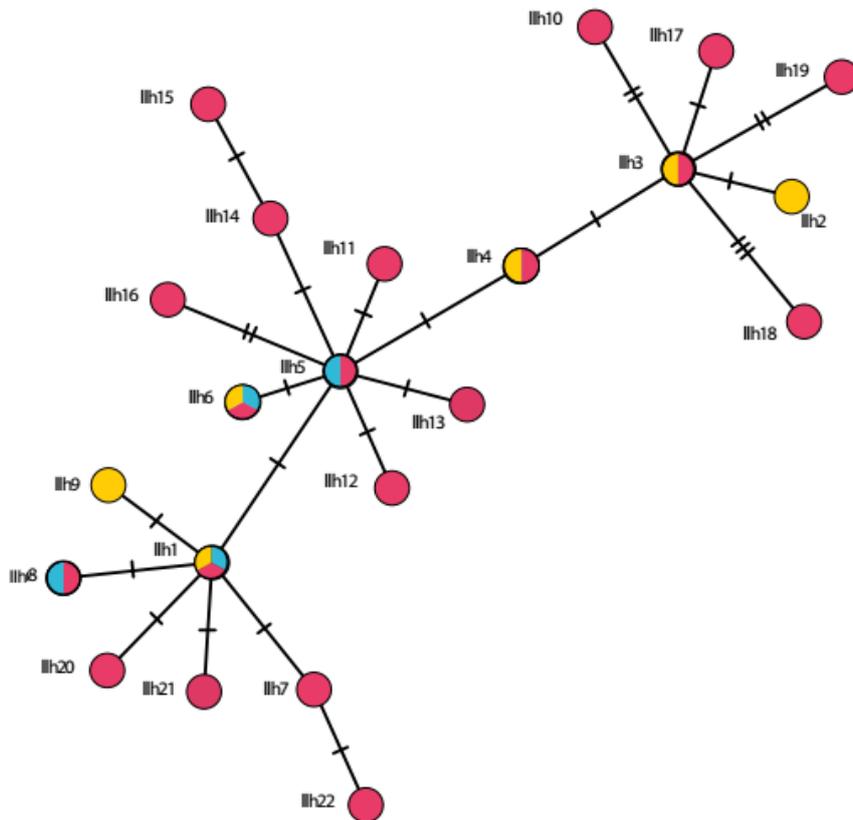


Figura 10: Diagrama network de la especie *Lynx lynx*.  
Fósil: amarillo, Histórico: rosa y Moderno: azul

### CLADO NE (NORESTE):

En este clado tenemos 8 haplotipos principales de los cuales tenemos muestras fósiles, históricas y modernas.

- lh14: haplotipo presente en muestras históricas del siglo XX. Se encuentra disperso por Asia Central.
- lh15: haplotipo presente en muestras históricas del siglo XX, que al igual que en el caso anterior, se encuentra disperso por Asia Central.
- lh6: este sería el haplotipo más variado dentro de este clado, ya que se encontraron muestras fósiles, históricas y actuales. Comenzando por los fósiles, se encontraron en Pozu'l Lince (Sierra de Sueve, Asturias, España) y están datados entre 4829 y 4581 años cal BP. En el caso de los históricos, tenemos restos del siglo XX, encontrados en diferentes lugares de Europa: Suiza (Grimsel en Bern; Zermatt, Lostchetal y Mayens en Valais; Bex en Valud), Italia (Valle d'Aosta y en Piemont), Polonia, Estonia, Letonia y Noruega. El resto de ejemplares históricos del siglo XX, se encontraron dispersos por toda Asia. En cuanto a los modernos de principios del siglo XXI, tendríamos en Estonia, Noruega y disperso por toda Asia.
- lh12: haplotipo presente en muestras históricas del s. XX. Disperso por toda Asia.
- lh11: haplotipo disperso por la región del Tíbet del siglo XX.
- lh13: haplotipo de muestras del siglo XX disperso por toda Asia.

- lh16: haplotipo presente en muestras históricas del siglo XX. Disperso por toda Asia.
- lh5: en este caso tenemos muestras históricas del siglo XX, y muestras actuales de comienzos del siglo XXI dispersas por toda Asia.

### **CLADO W (OESTE):**

Este clado presenta 7 haplotipos, los cuales recogen muestras fósiles, históricas y modernas.

- lh8: haplotipo presente en muestras históricas del siglo XX, repartidas por el oeste de Asia / este Europa (Estonia, Letonia y Eslovaquia). Además, está presente en individuos reintroducidos en 1999 en los Alpes suizos. También hay muestras modernas de principios del siglo XXI, obtenidas de los Cárpatos (Polonia, Rumania y Eslovaquia).
- lh7: haplotipo presente en muestras históricas del siglo XX, distribuido por el este de Europa: Suiza (Axenberg en Schwyz; Grawbunden; Val de Hérens en Valaris), Finlandia, Estonia y Letonia.
- lh22: haplotipo hallado en restos históricos del siglo XX, distribuidos por el este de Europa (Finlandia y Región Báltica).
- lh1: las muestras fósiles se encontraron en diferentes yacimientos de Europa:
  - Coulet de Roches (Francia): se encontraron restos datados de 8089 ± 55 años cal BP y 7491 ± 33 años cal BP.
  - Sima Pagolusieta, Vizcaya (España): 3032 - 2878 años cal BP.
  - Serpenteko, Navarra (España): 3032 - 2855 años cal BP.
  - Hjer Nord y Ertebølle (Dinamarca): muestras del Atlántico tardío.
 En cuanto a los restos históricos, son del siglo XX, encontrados en Suiza (Wimmis en Bern), Austria (Nauders en Tirol), Finlandia, Letonia y Polonia. También hay muestras modernas de 2001, halladas en Letonia.
- lh9: restos fósiles datados en 1864 - 1639 años cal BP, hallados en la Cueva de los Cinchos (Asturias, España).
- lh20: haplotipo presente en restos históricos del siglo XX de Austria.
- lh21: haplotipo presente en restos históricos del siglo XX, distribuidos por el este de Europa (Finlandia, Región Báltica, Austria y Suiza).

### **CLADO S (SUR):**

Este clado contiene 7 haplotipos, para los cuales se han tenido en cuenta muestras fósiles, históricas y modernas.

- lh4: haplotipo presente en muestras fósiles halladas en Arene Candide (Italia), datadas de entre 27585 ± 437 y 27989 ± 202 años cal BP. Siendo estos, los restos fósiles más antiguos de esta especie en este trabajo. Este haplotipo también está presente en muestras históricas del siglo XX, procedentes del Tíbet.
- lh2: haplotipo perteneciente a una muestra fósil de periodo Epigravetiense (21000 - 10000 BP), hallada en Grotta della Madonna de Praia a Mare (Italia).
- lh17: haplotipo presente en restos históricos del siglo XX, hallados en el Cáucaso, Tíbet y Asia Central.

- lh18: haplotipo presente en restos del siglo XX encontrados en el Cáucaso, Tíbet y Asia Central.
- lh3: haplotipo presente en muestras fósiles e históricas. Comenzando por los fósiles, estos se encuentran distribuidos por diferentes países de Europa:
  - Grotta della Madonna de Praia a Mare (Italia): 12875 ± 82 años cal BP.
  - Arene Candice (Italia): 18351 - 17986 años cal BP.
  - Rascaño, Cantabria (España): 12082 - 11753 años cal BP.
  - Hjerk Nord (Dinamarca): muestras del Atlántico tardío.
 Las muestras históricas (siglo XX) pertenecientes a este haplotipo fueron halladas en el Tíbet, Cáucaso y Asia Central.
- lh19: haplotipo presente en muestras históricas del siglo XX, encontradas en el Tíbet, Cáucaso y Asia Central.

### 3.2. Lince ibérico (*Lynx pardinus*)

En nuestro análisis, el lince ibérico cuenta únicamente con 3 haplotipos, como se puede ver en el árbol filogenético (Figura 11) y en el network (Figura 12), en los cuales se encuentran recogidas las 87 secuencias empleadas en este trabajo. Estas secuencias se han obtenido de muestras fósiles, históricas y modernas.

Además de la escasa variabilidad, se observa una reducción importante en los haplotipos desde los fósiles del Pleistoceno hasta la actualidad.



Figura 11: Árbol filogenético de la especie *Lynx pardinus*.

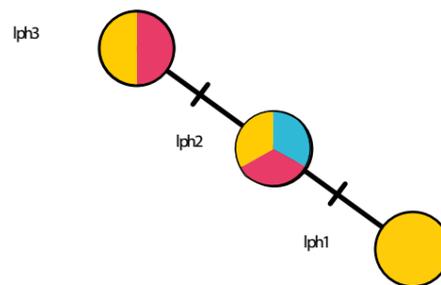


Figura 12: Diagrama network de la especie *Lynx pardinus*. Fósil: amarillo, Histórico: rosa y Moderno: azul.

A continuación se describen la localización y cronología de las muestras:

- lph2: haplotipo presentes en muestras fósiles encontradas en diferentes comunidades de la Península Ibérica:
  - Cova de les Cendres, Alicante: Magdalenense.
  - Balma de Gai, Barcelona: 12840 ± 78 años cal BP
  - Coves de Toll, Barcelona: 32600 ± 303 años cal BP y >43500 BP.
  - El Pelambre, León: Edad de Bronce.
  - Eras de Alcázar, Jaén: 4849 ± 9 años cal BP.
  - La Moleta del Remei, Tarragona: 2623 ± 88 cal BP.
  - Axlor, Vizcaya: Musteriense.
  - Chaves, Huesca: 6867 ± 55 y 6789 ± 54 años cal BP.



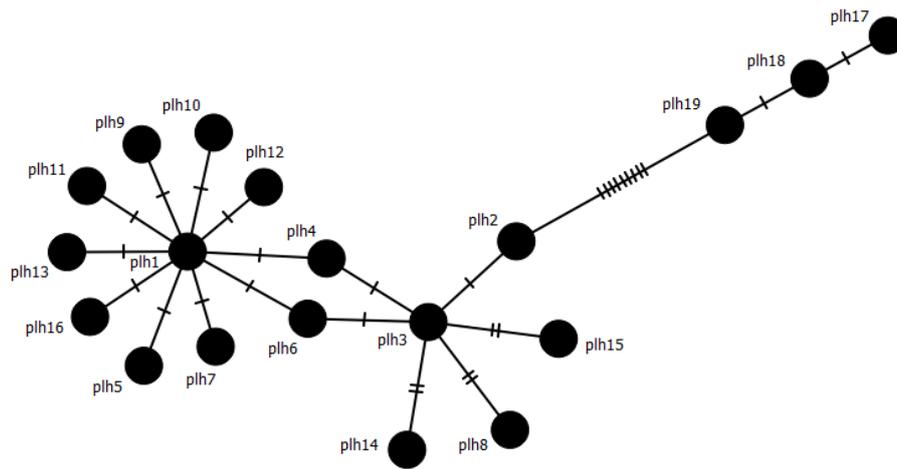


Figura 14: Diagrama network originado por la combinación de haplotipos de lince ibérico y lince boreal.

Se puede observar en el network (Figura 14) que al reducir la longitud de las secuencias se ha perdido la separación en 3 clados de lince boreal, quedando entremezclados los haplotipos de cada clado.

## 4. DISCUSIÓN

### 4.1. Longitud de las secuencias mitocondriales estudiadas y resolución del análisis

El lince ibérico (*Lynx pardinus*) cuenta con mitogenomas completos, constituidos por 16448 pdb, publicados a partir de individuos fósiles, históricos y actuales (Casas-Marce *et al.* 2017), mientras que las secuencias más largas del lince boreal (*Lynx lynx*) consisten en 724 pdb y proceden de individuos históricos y actuales (Rueness *et al.* 2014). Sin embargo, al añadir secuencias fósiles, generalmente más cortas, hubo que recortarlas para obtener coincidencias en la posición y tamaño de las secuencias a comparar.

En el caso del lince boreal, esto no supuso un cambio sustancial en la agrupación de los tres clados ya descritos por Rueness *et al.* (2014), pero en el caso del lince ibérico se reduce mucho la variabilidad, al quedar los 23 haplotipos identificados con mitogenomas completos (Casas-Marce *et al.* 2017) a sólo 3 haplotipos con secuencias de 136 pdb. La integración de datos de ambas especies obliga a recortar aún más las secuencias de forma que incluso en el caso del lince boreal los haplogrupos se reducen a dos.

Sin embargo, en el caso del lince ibérico preferimos perder resolución pero ampliar el número de fósiles en el estudio, pasando de 10 individuos analizados en Casas-Marce *et al.* (2017) a un total de 29, para poder ver la distribución de la especie a lo largo del tiempo.

### 4.2. Distribución histórica del lince boreal y lince ibérico

En la Figura 15 se presenta un mapa con la distribución de los fósiles de lince de ambas especies, que se comentarán a continuación.

Ratkiewicz *et al.* (2012) demostró en su estudio que el lince boreal presenta una variabilidad mucho mayor de lo que se esperaba, apreciable al comparar las poblaciones del norte y este de Europa. Esta variabilidad se debe al efecto directo de la distancia, entre otros factores. Al ser animales con una gran capacidad de dispersión, aprovechaban los periodos interglaciares en los cuales las temperaturas subían, para poder llegar a otras regiones del continente euroasiático.

Según los resultados de Rodríguez-Varela *et al.* (2016) el lince boreal habitó en la Península Ibérica desde finales del Pleistoceno y durante el Holoceno hasta hace unos cientos de años. Restos fósiles confirman que habitó al norte del territorio peninsular (Rodríguez-Varela *et al.* 2016), pero por el momento no se han encontrado restos de esta especie en el noroeste (Villaluenga, 2016).

Los restos más antiguos identificados genéticamente encontrados en la Península Ibérica son los de Rascaño (clado S), pero se encuentran ya en el límite Pleistoceno/Holoceno, es decir, tras el LGM. Dentro de este clado, los restos más antiguos son los encontrados en Arene Candide (Norte de Italia) con 27000 años BP. Esta población debió de permanecer durante el LGM en esta región, perdurando en el sur de Italia hasta finales del Pleistoceno.



Figura 15. Mapa de distribución de los yacimientos con fósiles de lince boreal (azul) e ibérico (rojo) incluidos en este trabajo. 1 - Cueva de los Cinchos; 2 - El Pelambre; 3 - Pozu'l Lince; 4 - Rascaño; 5 - Valdegoba; 6 - Atapuerca; 7 - Pagolusieta; 8 - Axlór; 9 - Serpenteko; 10 - Chaves; 11 - Coves del Toll; 12 - Balma de Gai; 13 - Peña del Moro; 14 - Marge del Moro; 15 - La Moleta del Remei; 16 - Cova de les Cendres; 17 - Eras de Alcázar; 18 - Cueva Pastora; 19 - Villaluenga; 20 - Monte Molião; 21 - Grotte Cabias; 22 - Coulet des Roches; 23 - Arene Candide; 24 - Grotta della Madonna.

Aparecen también representantes postglaciares de este clado en Dinamarca (Rodríguez-Varela *et al.* 2016). Esto podría sugerir que el lince boreal colonizó desde un refugio italiano tras el LGM, tanto el norte de la Península Ibérica como el resto de la Europa atlántica, llegando hasta Dinamarca. Este clado está presente hasta hace al menos 400 años en el norte de la Península Ibérica (cueva de Serpenteko).

Además de este clado S, encontramos representantes postglaciares en la Península Ibérica de los otros 2 clados. Del clado NE hay representantes en Pozu'l Lince (Sierra de Suevo, Asturias), de edad postglaciar. Este haplotipo también está presente en el extinto "lince alpino", que gracias al trabajo de Gugold *et al.* (2008) se pudo demostrar que es la misma especie que el lince boreal.

Del clado W también hay representantes fósiles en el norte de la Península Ibérica, de edad postglaciar. También se encuentran individuos postglaciares en Dinamarca y sur de Francia, donde se encuentra el representante más antiguo (8000 años BP aproximadamente). Según la distribución y cronología de este clado, se puede llegar a deducir que su historia es similar a la del clado S: permaneció en algún refugio no identificado durante la última etapa fría (LGM) y ya en época postglaciar colonizó tanto la península ibérica como los territorios del noroeste de Europa (Dinamarca). En la actualidad los representantes de este clado están en los Cárpatos y la Región Báltica.

El paralelismo existente en la expansión postglaciar de ambos clados S y W parece indicar que los lince boreales no tenían una estructura filogeográfica antes del LGM y que ambos clados estaban ya mezclados, pudiendo suceder lo mismo con el clado NE. Los datos existentes hasta el momento no permiten

considerar la península Ibérica como un refugio glacial para esta especie, al igual que ocurre con el oso pardo (*Ursus arctos*, Linnaeus 1758) (García Vázquez *et al.*, en prensa).

Según los datos obtenidos del registro fósil, se ha llegado a sugerir que las regiones biogeográficas y la presencia de presas determinan la distribución del lince europeo en Iberia. Lo más probable es que la presión humana, la falta de alimento, la fragmentación o pérdida del hábitat entre otros factores, sean las causas de la desaparición del lince boreal en la Península Ibérica (Rodríguez-Varela *et al.* 2016).

En cuanto al lince ibérico, el representante fósil más antiguo procede de la Cueva del Toll, provincia de Barcelona (>43000 años cal BP) y de edad similar en Valdegoba (Burgos) y Axlor (Vizcaya). Además está presente en el yacimiento italiano de Arene Candide ya mencionado, donde habitó en épocas cercanas al LGM. Se puede deducir que la distribución de esta especie fue más amplia en el pasado, para contraerse hacia el sur de la península en tiempos muy recientes: en la Francia mediterránea permanece hasta hace al menos  $3785 \pm 48$  años cal BP (Rodríguez Varela *et al.*, 2015); en el Pelambre (León) hasta la Edad del Bronce (unos 3000 años BP) y en Barcelona (Peña del Moro) hace  $2237 \pm 60$  años cal BP. La contracción de su distribución, por tanto, ocurrió aproximadamente con el aumento de la población humana tras la romanización.

El lince ibérico habitó zonas mediterráneas y submediterráneas coincidiendo con el hábitat de su principal alimento, el conejo (Rodríguez-Varela *et al.*, 2016). Pudiendo apreciar una coevolución del lince con el conejo, en la cual la especialización es tal que el declive en la población de conejos ha puesto al lince ibérico al borde de la extinción (Lozano *et al.*, 2014). La relación entre el lince y el conejo se observó incluso en el yacimiento italiano de Arene Candide, donde hace unos 25000 años ya se encuentra la asociación de lince ibérico y conejo (Cassoli y Tagliacozzo, 1994).

El área de distribución geográfica y el tamaño de la población han colapsado en las últimas décadas, y hoy en día el lince ibérico sólo persiste en algunas áreas pequeñas del centro y sur de España (Rodríguez-Varela *et al.*, 2016). Estas áreas serían Doñana y Sierra Morena, a partir de las cuales, mediante programas de reintroducción, el lince ibérico se iría distribuyendo por el resto del territorio peninsular. El carácter territorial de estos animales hace que al alcanzar el punto de saturación, los adultos expulsen a los individuos jóvenes del territorio, un ejemplo sería en el Parque Nacional de Doñana.

## 5. CONCLUSIÓN

Mediante los datos obtenidos en los artículos de Gugold *et al.* (2008), Rodríguez-Varela *et al.* (2011), Ratkiewicz *et al.* (2012), Rueness *et al.* (2014), Rodríguez-Varela *et al.* (2015), Rodríguez-Varela *et al.* (2016) y Casas-Marce *et al.* (2017) y con ayuda del GenBank hemos recuperado 186 secuencias de ADN mitocondrial de lince boreal y 87 secuencias de lince ibérico, aunque de diferente cobertura. De ellas, 6 pertenecen a muestras de lince boreal tomadas en la Península Ibérica y 80 al lince ibérico. El lince ibérico se conoce como fósil en algunos yacimientos fuera de la Península Ibérica, mientras que se encontraron fósiles de lince boreal en algunos yacimientos de la cordillera cantábrica con edades de entre 12082 y 319 años cal BP. Se pudo observar que aunque el lince boreal y el ibérico llegaron a habitar al mismo tiempo el territorio peninsular, no compartían las mismas regiones biogeográficas.

El lince boreal no presenta una estructura filogeográfica definida ni en la actualidad ni en el pasado. En las épocas más frías del LGM debió de habitar algún refugio glacial, desde donde se expandió posteriormente, llegando a colonizar la península Ibérica en la época postglacial. Por lo tanto, la península no actuó como refugio para esta especie. Su desaparición del territorio peninsular ocurre en época histórica, probablemente debido a la presión humana.

Se ha podido observar que el lince ibérico, llegó a alcanzar en las épocas más templadas (antes y después del LGM) el norte de la Península Ibérica e incluso se expandió a través del corredor mediterráneo, llegando hasta la Francia mediterránea, donde perduró al menos hasta hace 3800 años, y hasta el norte de Italia, en Arene Candide. Posteriormente quedó restringido al sur de la península donde en la actualidad se trabaja por su conservación y expansión.

## 6. BIBLIOGRAFÍA

- Bandelt, H., Forster, P. & Röhl, A. (1999). Median - joining networks for inferring intraspecific phylogenies. *Molecular Biology and Evolution*. 16 (1): 37- 48. Doi: <https://doi.org/10.1093/oxfordjournals.molbev.a026036>
- Benson, D. A., Karsch-Mizrachi, I., Lipman, D. J., Ostell, J. & Wheeler D. L. (2005). GenBank. *Nucleic Acids Research*. 33 (1,1): 34 - 38. Doi: <https://doi.org/10.1093/nar/gki063>
- Breitenmoser, U., Breitenmoser-Würsten, C., Lanz, T., Von Arx, M., Antonevich, A., Bao, W. & Avgan, B. (2015). *Lynx lynx* (errata version published in 2017). The IUCN Red List of Threatened Species 2015: e.T12519A121707666. Downloaded on 03 July 2018.
- Casas-Marce, M., Marmesat, E., Soriano L., Martínez-Cruz, B., Lucena-Pérez M., Nocete, F., Rodríguez-Hidalgo, A., Canals, A., Nadal, J., Detry, C., Bernáldez-Sánchez, E., Fernández-Rodríguez, C., Pérez-Ripoll, M., Stiller, M., Hofreiter, M., Rodríguez, A., Revilla, E., Delibes, M. & Godoy, J. A. (2017). Spatiotemporal Dynamics of Genetic Variation in the Iberian Lynx along Its Path to Extinction Reconstructed with Ancient DNA. *Molecular Biology and Evolution*. 34 (11): 2893 - 2907. Doi: <https://doi.org/10.1093/molbev/msx222>
- Cassoli, P.F. & Tagliacozzo, A. (1994). I macromammiferi dei livelli tardopleistoceni delle Arene Candide (Savona, Italia): considerazioni paleontologiche e archeozoologiche. *Quaternaria Nova*. 4: 101- 262.
- Danzeglocke, U., Jöris, O., & Weninger, B. (2009). CalPal – 2007online. <http://www.calpal-online.de/>, accedido el 2018 - 06 - 12.
- Edgar, Robert C. (2004). MUSCLE: multiple sequence alignment with high accuracy and high throughput. *Nucleic Acids Research*. 32 (5): 1792 - 1797. Doi: <https://doi.org/10.1093/nar/gkh340>
- García-Vázquez, A., Pinto Llona, A. & Grandal d'Anglade, A. (2018). Post-glacial colonization of Western Europe brown bears from a cryptic Atlantic refugium out of the Iberian Peninsula. *Historical Biology* (en prensa) Doi: <https://doi.org/10.1080/08912963.2017.1384473>
- Gugolz, D., Bernasconi, M. V., Breitenmoser-Würsten, C. & Wandeler, P. (2008). Historical DNA reveals the phylogenetic position of the extinct Alpine lynx. *Journal of Zoology*. 275 (2): 201 - 208. Doi: <https://doi.org/10.1111/j.1469-7998.2008.00428.x>
- Hellborg, L. & Spong, G. (2002). A near-extinction event in lynx: do microsatellite data tell the tale? *Conservation Ecology*. 6 (1): 15. Doi: <https://www.jstor.org/stable/26271857>
- Johnson, W. E., Godoy, J. A., Palomares, F., Delibes, M., Fernández, M., Revilla, E. & O'Brien, S. J. (2004). Phylogenetic and phylogeographic analysis of Iberian lynx populations. *Journal of Heredity*. 95 (1): 19 - 28. Doi: <https://doi.org/10.1093/jhered/esh006>

- Johnson, W.E., Eizirik, E., Pecon-Slattery, J., Murphy, W.J., Antunes, A., Teeling, E. & O'Brien, S.J. (2006). The late Miocene radiation of modern Felidae: a genetic assessment. *Science*. 311(5757): 73 - 77.
- Kumar, S., Stecher, G., & Tamura K. (2015). MEGA7: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 7.0. *Molecular Biology and Evolution* (submitted).
- Kurten, B. (1968). *Pleistocene mammals of Europe*. Aldine Press, pp 317 Chicago..
- Kurten, B. & Granqvist, E. (1987). Fossil parden lynx (*Lynx pardina spelaea* Boule) from a cave in southern France. *Annales Zoologici Fennici*. 24 (1): 39 - 43. Doi: <https://www.jstor.org/stable/23734466>
- Leigh, J. W. & Bryant, D. (2015). PopArt: Full-feature software for haplotype network construction. *Methods in Ecology and Evolution*. 6 (9): 1110 - 1116. Doi: <https://doi.org/10.1111/2041-210X.12410>
- Lozano, J., Cabezas-Díaz, S. & Virgós, E. (2014). The Population Trajectories Both of the Wild Rabbit (*Oryctolagus cuniculus*) and the Iberian Lynx (*Lynx pardinus*) in Spain: Implications for Conservation. En: Henry C. Schroder (editor), *Trends in Environmental Science*, pp. 105 - 132. Nova Science Publishers, New York.
- Nei, M. & Kumar, S. (2000). *Molecular Evolution and Phylogenetics*. Oxford University Press, New York.
- Novak, R. M., (1999). *Walkers Mammals of the World*. Vol I (6ª edición). John Hopkins, pp. 836 Baltimore.
- Ratkiewicz, M., Matosiuk, M., Kowalczyk, R., Konopinski, M. K., Okarma, H., Ozolins, J., Männli, P., Ornicans, A., & Schmidt, K. (2012). High level of population differentiation in Eurasian lynx at the edge of the species western range in Europe revealed by mitochondrial DNA analysis. *Animal Conservation*. 15 (6): 603 - 612. Doi: <https://doi.org/10.1111/j.1469-1795.2012.00556.x>
- Rodríguez-Varela, R., García, N., Nores, C., Álvarez-Lao, D., Barnett, R., Arsuaga J. L., & Valdiosera C. (2016). Ancient DNA reveals past existence of Eurasian lynx in Spain. *Journal of Zoology*. 298 (2): 94 - 102. Doi: <https://doi.org/10.1111/jzo.12289>
- Rodríguez-Varela, R., Tagliacozzo, A., Ureña, I., García, N., Crégut-Bonnoure, E., Mannino, M. A., Arsuaga, J. L. and Valdiosera, C. (2015). Ancient DNA evidence of Iberian lynx palaeoendemism. *Quaternary Science Reviews*. 112: 172 - 180. Doi: <https://doi.org/10.1016/j.quascirev.2015.01.009>
- Rodríguez, A. (2004). Lince ibérico - *Lynx pardinus*. *Enciclopedia Virtual de los Vertebrados Españoles*. Carrascal, L. M., Salvador, A. (Eds.).

Museo Nacional de Ciencias Naturales, Madrid.  
<http://www.vertebradosibericos.org/>

- Rodríguez, A. & Calzada, J. (2015). *Lynx pardinus*. The IUCN Red List of Threatened Species 2015: e.T12520A50655794. Doi: <http://dx.doi.org/10.2305/IUCN.UK.2015-2.RLTS.T12520A50655794.en>. Downloaded on 03 July 2018.
- Rodríguez, R., Ramírez, O., Valdiosera, C. E., García, N., Alda, F., Madurell-Malapeira, J., Marmi, J., Doadrio, I., Willerslev, E., Gotherström, A., Arsuaga, J. L., Thomas, M. G., Lalueza-Fox, C. & Dalen, L. (2011). 50,000 years of genetic uniformity in the critically endangered Iberian lynx. *Molecular Ecology*. 20 (18): 3785 - 3795. Doi: <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2011.05231.x>
- Rozas, J., Ferrer-Mata, A., Sánchez del Barrio, J. C., Guirao-Rico, S., Librado, P., Ramos-Onsins, S. & Sánchez-Gracia, A. (2017). *DnaSP 6: Análisis de Polimorfismo de Secuencia de ADN de Grandes Conjuntos de Datos*. Universitat de Barcelona. Versión beta actual: 6.11.01.
- Rueness, E. K., Naidenko, S., Trosvik, P. & Stenseth, N. C. (2014). Large-Scale Genetic Structuring of a Widely Distributed Carnivore - The Eurasian Lynx (*Lynx lynx*). *PLoS ONE*. 9 (4): e93675. Doi: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0093675>
- Saitou, N. & Nei, M. (1987). The neighbor - joining method: A new method for reconstructing phylogenetic trees. *Molecular Biology and Evolution*. 4 (4): 406 - 425. Doi: <https://doi.org/10.1093/oxfordjournals.molbev.a040454>
- Simón Mata, M. A. (2017). Censo de las poblaciones de lince ibérico, año 2017. Informe del proyecto "Recuperación de la distribución histórica del lince ibérico (*Lynx pardinus*) en España y Portugal" (LIFE10NAT/ES/570). Informe inédito. Descargado de: [www.lberlince.eu/images/docs/3\\_InformesLIFE/Informe\\_Censo\\_2017.pdf](http://www.lberlince.eu/images/docs/3_InformesLIFE/Informe_Censo_2017.pdf)
- Sommer, R.S. & Benecke, N. (2006). Late Pleistocene and Holocene development of the felid fauna (Felidae) of Europe: a review. *Journal of Zoology*. 269 (1): 7 - 19. Doi: <https://doi.org/10.1111/j.1469-7998.2005.00040.x>
- Tumilson, R. (1987). *Felis lynx*. *Mammalian Species*. (269): 1 - 8. Doi: <https://doi.org/10.2307/3503985>
- Villaluenga, A. (2016). Presencia de felinos (*Felis*, *Lynx* y *Panthera*) en el registro arqueológico de la Península Ibérica durante el Pleistoceno Superior. *Archaeofauna*. (25): 185 - 204.
- Werdelin, L. (1981). The evolution of lynxes. *Annales Zoologici Fennici*. 18 (1): 37 - 71. Doi: <https://www.jstor.org/stable/23734102>

## 7. ANEXO

Tabla 1. Datos de las secuencias empleadas. Referencias: 1. Rodríguez- Varela *et al.* (2015), 2. Gugold *et al.* (2008), 3. Rodríguez-Varela *et al.* (2011), 4. Casas-Marce *et al.* (2017), 5. Rodríguez-Varela *et al.* (2016), 6. Rueness *et al.* (2014), 7. Ratkiewicz *et al.* (2012).

Código	Especie	Sigla	Yacimiento	Datación	Accesion Number	Ref.
>lynx1	<i>Lynx lynx</i>	CdR8501	Coulet des Roches (Francia)	8089 ± 55 años cal BP	KJ210010	1
>lynx2	<i>Lynx lynx</i>	CdR5548	Coulet des Roches (Francia)	7491 ± 33 años cal BP	KJ210010	1
>lynx3	<i>Lynx lynx</i>	GMP6	Grotta della Madonna de Praia a Mare (Italia)	Epigravetiense	KJ210012	1
>lynx4	<i>Lynx lynx</i>	GMP7	Grotta della Madonna de Praia a Mare (Italia)	12857 ± 82 años cal BP	KJ210011	1
>lynx5	<i>Lynx lynx</i>	AC6	Arene Candide (Italia)	18235 ± 237 años cal BP	KJ210011	1
>lynx6	<i>Lynx lynx</i>	AC19	Arene Candide (Italia)	27989 ± 202 años cal BP	KJ210013	1
>lynx7	<i>Lynx lynx</i>	AC14	Arene Candide (Italia)	27649 ± 432 años cal BP	KJ210013	1
>lynx8	<i>Lynx lynx</i>	Arene 10484	Arene Candide (Italia)	27585 ± 437 años cal BP	KJ210013	1
>lynx9	<i>Lynx pardinus</i>	Arene 10485	Arene Candide (Italia)	24597 ± 262 años cal BP	JN122007	1
>lynx10	<i>Lynx pardinus</i>	AC17	Arene Candide (Italia)	24395 ± 302 años cal BP	JN122007	1
>lynx11	<i>Lynx pardinus</i>	AC18	Arene Candide (Italia)	24622 ± 254 años cal BP	JN122007	1
>lynx12	<i>Lynx pardinus</i>	Axlulna	Axlor (Vizcaya, España)	Musteriense	JN122007	1
>lynx13	<i>Lynx pardinus</i>	AC12	Arene Candide (Italia)	Gravetiense	KJ210009	1
>lynx14	<i>Lynx pardinus</i>	AC4	Arene Candide (Italia)	18426 ± 300 años cal BP	KJ210009	1
>lynx15	<i>Lynx pardinus</i>	Cabias	Grotte Cabias Lirac (Gard, Francia)	3785 ± 48 años cal BP	JN122007	1
>lynx16	<i>Lynx pardinus</i>	Yebenes3A R	Los Yebenes (Toledo, España)	1860 – 2000	JN122007	1
>lynx17	<i>Lynx pardinus</i>	Doñana4A R	Doñana (Sevilla, España)	1860 – 2001	JN122007	1
>lynx18	<i>Lynx pardinus</i>	Chaves	Chaves (Huesca, España)	6867 ± 55 años cal BP	JN122007	1

>lynx19	<i>Lynx pardinus</i>	Valdegoba 87	Valdegoba (Burgos, España)	Pleistoceno Superior	JN122007	1
>lynx20	<i>Lynx pardinus</i>	Valdegoba 89	Valdegoba (Burgos, España)	Pleistoceno Superior	JN122008	1
>lynx21	<i>Lynx pardinus</i>	Casas-Marce et al. (2013)	Doñana y Sierra Morena (España)	Moderno	KF561247	1
>lynx22	<i>Lynx pardinus</i>	Rodriguez et al. (2011)	Península Ibérica (España)	Antiguo	JN122007, JN122008	1
>lynx23	<i>Lynx lynx</i>	Rueness et al. (2014)	Asia Central	Moderno	EU818842	1
>lynx24	<i>Lynx lynx</i>	NA	Grimsel, Bern (Suiza)	1804	AY034813	2
>lynx25	<i>Lynx lynx</i>	NA	Wimmis, Bern (Suiza)	1804	AY034814	2
>lynx26	<i>Lynx lynx</i>	NA	Axenbergl, Schwyz (Suiza)	1813	AY034815	2
>lynx27	<i>Lynx lynx</i>	NA	Zermatt, Valais (Suiza)	1835	AY034813	2
>lynx28	<i>Lynx lynx</i>	NA	Graubunde (Suiza)	<1837	AY034815	2
>lynx29	<i>Lynx lynx</i>	NA	Lotschental, Valais (Suiza)	1850	AY034813	2
>lynx30	<i>Lynx lynx</i>	NA	Piemont (Italia)	<1865	AY034813	2
>lynx31	<i>Lynx lynx</i>	NA	Mayens, Valais (Suiza)	1867	AY034813	2
>lynx32	<i>Lynx lynx</i>	NA	Nauders, Tirol (Austria)	1872	AY034814	2
>lynx33	<i>Lynx lynx</i>	NA	Valle d'Aosta (Italia)	1872	AY034813	2
>lynx34	<i>Lynx lynx</i>	NA	Cuneo, Piemont (Italia)	1881	AY034813	2
>lynx35	<i>Lynx lynx</i>	NA	Val d'Hérens, Valais (Suiza)	1899	AY034815	2
>lynx36	<i>Lynx lynx</i>	NA	Bex, Vaud (Suiza)	<1850	AY034813	2
>lynx37	<i>Lynx lynx</i>	NA	Wimmis, Bern (Suiza)	<1923	AY034814	2
>lynx38	<i>Lynx lynx</i>	NA	Los Cárpatos (Polonia)	2000	AY034816	2
>lynx39	<i>Lynx lynx</i>	NA	Los Cárpatos (Rumania)	2000	AY034816	2
>lynx40	<i>Lynx lynx</i>	NA	Los Cárpatos (Eslovaquia)	2001	AY034816	2
>lynx41	<i>Lynx lynx</i>	NA	Los Alpes (Suiza) (reintroducidos)	1999	AY034816	2
>lynx42	<i>Lynx lynx</i>	NA	Los Alpes (Suiza) (reintroducidos)	1999	AY034816	2
>lynx43	<i>Lynx lynx</i>	NA	Los Alpes (Suiza) (reintroducidos)	1999	AY034816	2

>lynx44	<i>Lynx lynx</i>	NA	Noruega	2000	AY034813	2
>lynx45	<i>Lynx lynx</i>	NA	Noruega	2000	AY034813	2
>lynx46	<i>Lynx lynx</i>	NA	Letonia	2001	AY034814	2
>lynx47	<i>Lynx pardinus</i>	Peña del Moro V13	Peña del Moro (Barcelona, España)	2237 ± 64 años cal BP	JN122007	3
>lynx48	<i>Lynx pardinus</i>	Cove del Toll 9276	Cove del Toll (Barcelona, España)	13322 ± 142 años cal BP	JN122007	3
>lynx49	<i>Lynx pardinus</i>	Marge del Moro 42	Marge del Moro (Barcelona, España)	21063 ± 320 años cal BP	JN122007	3
>lynx50	<i>Lynx pardinus</i>	Doñana22	Doñana (Sevilla, España)	1856	JN122007	3
>lynx51	<i>Lynx pardinus</i>	Quilamas26	Las Quilamas (Salamanca, España)	1955	JN122007	3
>lynx52	<i>Lynx pardinus</i>	Portalon46	Portalón (Atapuerca, España)	5411 ± 62 años cal BP	JN122007	3
>lynx53	<i>Lynx pardinus</i>	Yebeles53	Los Yébenes (Toledo, España)	1860 - 1950	JN122007	3
>lynx54	<i>Lynx pardinus</i>	Sierra Morena 54	Sierra Morena (Jaén, España)	1842	JN122007	3
>lynx55	<i>Lynx pardinus</i>	Doñana55	Doñana (Sevilla, España)	1872	JN122007	3
>lynx56	<i>Lynx pardinus</i>	Sierra Morena56	Sierra Morena (Jaén, España)	1889	JN122007	3
>lynx57	<i>Lynx pardinus</i>	Yebeles57	Los Yébenes (Toledo, España)	1894	JN122007	3
>lynx58	<i>Lynx pardinus</i>	Doñana58	Doñana (Sevilla, España)	1895	JN122007	3
>lynx59	<i>Lynx pardinus</i>	Yebeles3A R	Los Yébenes (Toledo, España)	1860 - 2000	JN122007	3
>lynx60	<i>Lynx pardinus</i>	Doñana4A R	Doñana (Sevilla, España)	1860 - 2000	JN122007	3
>lynx61	<i>Lynx pardinus</i>	Doñana5A R	Doñana (Sevilla, España)	1860 - 2000	JN122007	3
>lynx62	<i>Lynx pardinus</i>	Valdegoba 87	Valdegoba (Burgos, España)	53633 ± 4991 años cal BP	JN122007	3
>lynx63	<i>Lynx pardinus</i>	Valdegoba 89	Valdegoba (Burgos, España)	53633± 4991 años cal BP	JN122008	3
>lynx64	<i>Lynx pardinus</i>	Chaves	Chaves (Chaves, España)	6867 ± 55 años cal BP	JN122008	3
>lynx65	<i>Lynx pardinus</i>	Villaluenga	Villaluenga (Cádiz, España)	6789 ± 54 años cal BP	JN122008	3
>lynx66	<i>Lynx pardinus</i>	EBD-1373	Este de Sierra Morena (España)	1960 - 1990	JN122008	3
>lynx67	<i>Lynx pardinus</i>	EBD-1376	Sierra de Gata (España)	1977	JN122008	3

>lynx68	<i>Lynx pardinus</i>	EBD-1377	Este de Sierra Morena (España)	1960 - 1990	JN122008	3
>lynx69	<i>Lynx pardinus</i>	EBD-1387	Este de Sierra Morena (España)	1963	JN122008	3
>lynx70	<i>Lynx pardinus</i>	EBD-19299	Este de Sierra Morena (España)	1990	JN122008	3
>lynx71	<i>Lynx pardinus</i>	EBD-22650	Este de Sierra Morena (España)	1994	JN122008	3
>lynx72	<i>Lynx pardinus</i>	EBD-23122	Doñana (Sevilla, España)	1995	JN122008	3
>lynx73	<i>Lynx pardinus</i>	EBD-23127	Doñana (Sevilla, España)	1996	JN122008	3
>lynx74	<i>Lynx pardinus</i>	EBD-23223	Este de Sierra Morena (España)	1997	JN122008	3
>lynx75	<i>Lynx pardinus</i>	EBD-23531	Este de Sierra Morena	1950 - 2000	JN122008	3
>lynx76	<i>Lynx pardinus</i>	EBD-23731	Doñana (Sevilla, España)	1997	JN122008	3
>lynx77	<i>Lynx pardinus</i>	EBD-846	Gredos (España)	1968	JN122008	3
>lynx78	<i>Lynx pardinus</i>	MNCN-5446	Montes de Toledo (España)	1950 - 2000	JN122008	3
>lynx79	<i>Lynx pardinus</i>	MNCN-5449	Montes de Toledo (España)	1951 - 2000	JN122008	3
>lynx80	<i>Lynx pardinus</i>	MNCN-5450	Montes de Toledo (España)	1989	JN122008	3
>lynx81	<i>Lynx pardinus</i>	MNCN-5451	Montes de Toledo (España)	1974	JN122008	3
>lynx82	<i>Lynx pardinus</i>	MNCN-5452	Este de Sierra Morena (España)	1979	JN122008	3
>lynx83	<i>Lynx pardinus</i>	MNCN-5454	Montes de Toledo (España)	1975	JN122008	3
>lynx84	<i>Lynx pardinus</i>	MNCN-5456	Montes de Toledo (España)	1950 - 2000	JN122008	3
>lynx85	<i>Lynx pardinus</i>	MNCN-5462	Montes de Toledo (España)	1950 - 2000	JN122008	3
>lynx86	<i>Lynx pardinus</i>	MNCN-5463	Este de Sierra Morena (España)	1976	JN122008	3
>lynx87	<i>Lynx pardinus</i>	MNCN-5466	Montes de Toledo (España)	1975	JN122008	3
>lynx88	<i>Lynx pardinus</i>	MNCN-5467	Montes de Toledo (España)	1970 - 1974	JN122008	3
>lynx89	<i>Lynx pardinus</i>	MNCN-5468	Montes de Toledo (España)	1950 - 2000	JN122008	3
>lynx90	<i>Lynx pardinus</i>	MNCN-5469	Montes de Toledo (España)	1951 - 2000	JN122008	3
>lynx91	<i>Lynx pardinus</i>	MNCN-5470	Montes de Toledo (España)	1952 - 2000	JN122008	3

>lynx92	<i>Lynx pardinus</i>	Cova de les Cendres	Alicante (España)	Magdaleniense Superior (15950 BP)	KX911412	4
>lynx93	<i>Lynx pardinus</i>	Monte Moliao	Algarve, Vale do Sado (Portugal)	Romano (2070 BP)	KX911411	4
>lynx94	<i>Lynx pardinus</i>	Balma de Gai	Barcelona (España)	12840 ± 78 años cal BP	KX911410	4
>lynx95	<i>Lynx pardinus</i>	El Pelambre	León (España)	Edad de Bronce (3010 BP)	KX911407	4
>lynx96	<i>Lynx pardinus</i>	Eras de Alcázar	Jaén (España)	Edad de cobre (4700 BP)	KX911404	4
>lynx97	<i>Lynx pardinus</i>	Eras de Alcázar	Jaén (España)	4849 ± 9 años cal BP	KX911405	4
>lynx98	<i>Lynx pardinus</i>	Coves del Toll	Barcelona (España)	>43500 BP	KX911409	4
>lynx99	<i>Lynx pardinus</i>	La Moleta del Remei	Tarragona (España)	2623 ± 88 años cal BP	KX911403	4
>lynx100	<i>Lynx pardinus</i>	Cueva Pastora	Granada (España)	7071 ± 66 años cal BP	KX911406	4
>lynx101	<i>Lynx pardinus</i>	Coves del Toll	Barcelona (España)	12840 ± 78 años cal BP	KX911408	4
>lynx102	<i>Lynx pardinus</i>	NA	Doñana (Sevilla, España)	1991 - 2007	KX911402	4
>lynx103	<i>Lynx pardinus</i>	NA	Este de Sierra Morena (España)	1991 - 2010	KX911375	4
>lynx104	<i>Lynx pardinus</i>	NA	Este de Sierra Morena (España)	1991 - 2010	KX911366	4
>lynx105	<i>Lynx pardinus</i>	NA	Vale do Sado (Portugal)	1881 - 1956	KX911328	4
>lynx106	<i>Lynx pardinus</i>	NA	Vale do Sado (Portugal)	1881 - 1957	KX911337	4
>lynx107	<i>Lynx pardinus</i>	NA	Vale do Sado (Portugal)	1881 - 1958	KX911332	4
>lynx108	<i>Lynx pardinus</i>	NA	Doñana (Sevilla, España)	1856 - 1982	KX911406	4
>lynx109	<i>Lynx pardinus</i>	NA	Rango Central	1881 - 1974	KX911304	4
>lynx110	<i>Lynx pardinus</i>	NA	Rango Central	1881 - 1975	KX911303	4
>lynx111	<i>Lynx pardinus</i>	NA	Montes de Toledo (España)	1939 - 1985	KX911272	4
>lynx112	<i>Lynx pardinus</i>	NA	Montes de Toledo (España)	1939 - 1986	KX911276	4
>lynx113	<i>Lynx pardinus</i>	NA	Montes de Toledo (España)	1939 - 1987	KX911270	4
>lynx114	<i>Lynx pardinus</i>	NA	Montes de Toledo (España)	1939 - 1988	KX911287	4
>lynx115	<i>Lynx pardinus</i>	NA	Este de Sierra Morena (España)	1910 - 1972	KX911290	4
>lynx116	<i>Lynx pardinus</i>	NA	Este de Sierra Morena (España)	1960 - 1972	KX911264	4
>lynx117	<i>Lynx pardinus</i>	NA	El más al este de Sierra Morena	1964 - 1971	KX911312	4

			(España)			
>lynx118	<i>Lynx pardinus</i>	NA	Subbéticas (España)	1874 - 1880	KX911266	4
>lynx119	<i>Lynx pardinus</i>	NA	Desconocido	NA	KX911259	4
>lynx120	<i>Lynx lynx</i>	LLAR1	Sima Pagolusieta (Vizcaya, España)	3067 - 2878 años cal BP	KP748522	5
>lynx121	<i>Lynx lynx</i>	SerpCoxal3p	Serpenteko (Navarra, España)	3032 - 2855 años cal BP	KP748522	5
>lynx122	<i>Lynx lynx</i>	LynxARA	Serpenteko (Navarra, España)	3032 - 2855 años cal BP	KP748522	5
>lynx123	<i>Lynx lynx</i>	111/1945-1	Hjerk Nord (Dinamarca)	Atlántico tardío	KP748522	5
>lynx124	<i>Lynx lynx</i>	111/1945-2	Hjerk Nord (Dinamarca)	Atlántico tardío	KP748522	5
>lynx125	<i>Lynx lynx</i>	111/1945-4	Hjerk Nord (Dinamarca)	Atlántico tardío	KP748522	5
>lynx126	<i>Lynx lynx</i>	111/1945-5	Hjerk Nord (Dinamarca)	Atlántico tardío	KP748522	5
>lynx127	<i>Lynx lynx</i>	111/1945-6	Hjerk Nord (Dinamarca)	Atlántico tardío	KP748522	5
>lynx128	<i>Lynx lynx</i>	111/1945-7	Hjerk Nord (Dinamarca)	Atlántico tardío	KP748522	5
>lynx129	<i>Lynx lynx</i>	5/1893B	Ertebølle (Dinamarca)	Atlántico tardío	KP748522	5
>lynx130	<i>Lynx lynx</i>	Cueva de los Cinchos	Cueva de los Cinchos (Asturias, España)	1864 - 1639 años cal BP	KP748523	5
>lynx131	<i>Lynx lynx</i>	Ra105	Rascaño (Cantabria, España)	12082 - 11753 años cal BP	KP748524	5
>lynx132	<i>Lynx lynx</i>	111/1945-3	Hjerk Nord (Dinamarca)	Atlántico tardío	KP748524	5
>lynx133	<i>Lynx lynx</i>	AC6	Arene Candide (Italia)	18351 - 17986 años cal BP	KJ210011	5
>lynx134	<i>Lynx lynx</i>	Sueve	Pozu'l Lince, Sierra de Sueve (Asturias, España)	4829 - 4581 años cal BP	KP748525	5
>lynx135	<i>Lynx lynx</i>	SerpCoxal2m	Serpenteko (Navarra, España)	505 - 319 años cal BP	KP748526	5
>lynx136	<i>Lynx lynx</i>	SerpCoxal1g	Serpenteko (Navarra, España)	10696 - 10443 años cal BP	NA	5
>lynx137	<i>Lynx lynx</i>	R62	Este de Europa	1951	EU818876	6
>lynx138	<i>Lynx lynx</i>	R88	Este de Europa	1951	EU818876	6
>lynx139	<i>Lynx lynx</i>	R125	Este de Europa	1977	EU818876	6
>lynx140	<i>Lynx lynx</i>	R135	Este de Europa	1993	EU818876	6

>lynx141	<i>Lynx lynx</i>	R146	Este de Europa	2001	EU818876	6
>lynx142	<i>Lynx lynx</i>	BM2	Este de Europa	NA	EU818876	6
>lynx143	<i>Lynx lynx</i>	R72	Este de Europa	1948	EU818877	6
>lynx144	<i>Lynx lynx</i>	R87	Este de Europa	1950	EU818877	6
>lynx145	<i>Lynx lynx</i>	R74	Este de Europa	1951	EU818878	6
>lynx146	<i>Lynx lynx</i>	R63	Este de Europa	1951	EU818880	6
>lynx147	<i>Lynx lynx</i>	R64	Este de Europa	1952	EU818880	6
>lynx148	<i>Lynx lynx</i>	R68	Este de Europa	1951	EU818880	6
>lynx149	<i>Lynx lynx</i>	R69	Este de Europa	1951	EU818880	6
>lynx150	<i>Lynx lynx</i>	R70	Este de Europa	1951	EU818880	6
>lynx151	<i>Lynx lynx</i>	R71	Este de Europa	1949	EU818880	6
>lynx152	<i>Lynx lynx</i>	R90	Este de Europa	1951	EU818880	6
>lynx153	<i>Lynx lynx</i>	R91	Este de Europa	1952	EU818880	6
>lynx154	<i>Lynx lynx</i>	R92	Este de Europa	1951	EU818880	6
>lynx155	<i>Lynx lynx</i>	R93	Este de Europa	1951	EU818880	6
>lynx156	<i>Lynx lynx</i>	R148	Este de Europa	1969	EU818880	6
>lynx157	<i>Lynx lynx</i>	R128	Este de Europa	1929	EU818883	6
>lynx158	<i>Lynx lynx</i>	R17	Tíbet, Cáucaso y Asia Central	1936	EU818858	6
>lynx159	<i>Lynx lynx</i>	R57	Tíbet, Cáucaso y Asia Central	1911	EU818858	6
>lynx160	<i>Lynx lynx</i>	R112	Tíbet, Cáucaso y Asia Central	1929	EU818858	6
>lynx161	<i>Lynx lynx</i>	R4	Este Europa y Asia Central	1975	EU818863	6
>lynx162	<i>Lynx lynx</i>	R6	Este Europa y Asia Central	1975	EU818863	6
>lynx163	<i>Lynx lynx</i>	R21	Este Europa y Asia Central	1968	EU818863	6
>lynx164	<i>Lynx lynx</i>	R41	Este Europa y Asia Central	1973	EU818863	6
>lynx165	<i>Lynx lynx</i>	R47	Este Europa y Asia Central	NA	EU818863	6
>lynx166	<i>Lynx lynx</i>	R54	Este Europa y Asia Central	NA	EU818863	6
>lynx167	<i>Lynx lynx</i>	R66	Este Europa y Asia Central	2002	EU818863	6
>lynx168	<i>Lynx lynx</i>	R76	Este Europa y Asia Central	1932	EU818863	6
>lynx169	<i>Lynx lynx</i>	R78	Este Europa y Asia Central	1945	EU818863	6
>lynx170	<i>Lynx lynx</i>	R104	Este Europa y Asia Central	1929	EU818863	6
>lynx171	<i>Lynx lynx</i>	R105	Este Europa y Asia Central	1929	EU818863	6
>lynx172	<i>Lynx lynx</i>	R106	Este Europa y Asia Central	1929	EU818863	6
>lynx173	<i>Lynx lynx</i>	R107	Este Europa y Asia Central	1929	EU818863	6
>lynx174	<i>Lynx lynx</i>	R118	Este Europa y Asia Central	1985	EU818863	6

>lynx175	<i>Lynx lynx</i>	R127	Este Europa y Asia Central	1929	EU818863	6
>lynx176	<i>Lynx lynx</i>	R143	Este Europa y Asia Central	1932	EU818863	6
>lynx177	<i>Lynx lynx</i>	R147	Este Europa y Asia Central	1930	EU818863	6
>lynx178	<i>Lynx lynx</i>	R162	Este Europa y Asia Central	1983	EU818863	6
>lynx179	<i>Lynx lynx</i>	R163	Este Europa y Asia Central	1983	EU818863	6
>lynx180	<i>Lynx lynx</i>	R179	Este Europa y Asia Central	1978	EU818863	6
>lynx181	<i>Lynx lynx</i>	R184	Este Europa y Asia Central	1977	EU818863	6
>lynx182	<i>Lynx lynx</i>	R185	Este Europa y Asia Central	1959	EU818863	6
>lynx183	<i>Lynx lynx</i>	R190	Este Europa y Asia Central	1952	EU818863	6
>lynx184	<i>Lynx lynx</i>	R191	Este Europa y Asia Central	1942	EU818863	6
>lynx185	<i>Lynx lynx</i>	R192	Este Europa y Asia Central	1984	EU818863	6
>lynx186	<i>Lynx lynx</i>	R193	Este Europa y Asia Central	1984	EU818863	6
>lynx187	<i>Lynx lynx</i>	R195	Este Europa y Asia Central	1959	EU818863	6
>lynx188	<i>Lynx lynx</i>	BM4	Este Europa y Asia Central	1924	EU818863	6
>lynx189	<i>Lynx lynx</i>	BM5	Este Europa y Asia Central	1919	EU818863	6
>lynx190	<i>Lynx lynx</i>	BM7	Este Europa y Asia Central	1919	EU818863	6
>lynx191	<i>Lynx lynx</i>	BM10	Este Europa y Asia Central	1922	EU818863	6
>lynx192	<i>Lynx lynx</i>	BM11	Este Europa y Asia Central	1912	EU818863	6
>lynx193	<i>Lynx lynx</i>	KZ3	Este Europa y Asia Central	2000	EU818863	6
>lynx194	<i>Lynx lynx</i>	R81	Este Europa y Asia Central	1941	EU818865	6
>lynx195	<i>Lynx lynx</i>	R96	Este Europa y Asia Central	1910	EU818867	6
>lynx196	<i>Lynx lynx</i>	R178	Este Europa y Asia Central	1981	EU818868	6
>lynx197	<i>Lynx lynx</i>	R3	Este Europa	1974	EU818870	6
>lynx198	<i>Lynx lynx</i>	R67	Este Europa	1935	EU818870	6
>lynx199	<i>Lynx lynx</i>	R98	Este Europa	1935	EU818870	6
>lynx200	<i>Lynx lynx</i>	R129	Este Europa	1929	EU818870	6
>lynx201	<i>Lynx lynx</i>	R65	Este Europa	1940	EU818871	6
>lynx202	<i>Lynx lynx</i>	R103	Este Europa y Asia Central	1929	EU818873	6
>lynx203	<i>Lynx lynx</i>	R108	Este Europa y Asia Central	1929	EU818873	6
>lynx204	<i>Lynx lynx</i>	R116	Este Europa y Asia Central	1916	EU818873	6

>lynx205	<i>Lynx lynx</i>	R126	Este Europa y Asia Central	1929	EU818873	6
>lynx206	<i>Lynx lynx</i>	R124	Este Europa y Asia Central	1961	EU818874	6
>lynx207	<i>Lynx lynx</i>	R84	Este Europa y Asia Central	1977	EU818875	6
>lynx208	<i>Lynx lynx</i>	R174	Tíbet	1913	EU818856	6
>lynx209	<i>Lynx lynx</i>	R172	Tíbet	1936	EU818857	6
>lynx210	<i>Lynx lynx</i>	R23	Toda Asia	1974	EU818842	6
>lynx211	<i>Lynx lynx</i>	R25	Toda Asia	1974	EU818842	6
>lynx212	<i>Lynx lynx</i>	R26	Toda Asia	1974	EU818842	6
>lynx213	<i>Lynx lynx</i>	R27	Toda Asia	1973	EU818842	6
>lynx214	<i>Lynx lynx</i>	R28	Toda Asia	1971	EU818842	6
>lynx215	<i>Lynx lynx</i>	R29	Toda Asia	1974	EU818842	6
>lynx216	<i>Lynx lynx</i>	R40	Toda Asia	1970	EU818842	6
>lynx217	<i>Lynx lynx</i>	R42	Toda Asia	1932	EU818842	6
>lynx218	<i>Lynx lynx</i>	R44	Toda Asia	1944	EU818842	6
>lynx219	<i>Lynx lynx</i>	R45	Toda Asia	1970	EU818842	6
>lynx220	<i>Lynx lynx</i>	R49	Toda Asia	1970	EU818842	6
>lynx221	<i>Lynx lynx</i>	R51	Toda Asia	1965	EU818842	6
>lynx222	<i>Lynx lynx</i>	R60	Toda Asia	1973	EU818842	6
>lynx223	<i>Lynx lynx</i>	R61	Toda Asia	1934	EU818842	6
>lynx224	<i>Lynx lynx</i>	R83	Toda Asia	1971	EU818842	6
>lynx225	<i>Lynx lynx</i>	R85	Toda Asia	1972	EU818842	6
>lynx226	<i>Lynx lynx</i>	R101	Toda Asia	1930	EU818842	6
>lynx227	<i>Lynx lynx</i>	R111	Toda Asia	1844	EU818842	6
>lynx228	<i>Lynx lynx</i>	R134	Toda Asia	1948	EU818842	6
>lynx229	<i>Lynx lynx</i>	R161	Toda Asia	1981	EU818842	6
>lynx230	<i>Lynx lynx</i>	R171	Toda Asia	1913	EU818842	6
>lynx231	<i>Lynx lynx</i>	R180	Toda Asia	1976	EU818842	6
>lynx232	<i>Lynx lynx</i>	KZ4	Toda Asia	2000	EU818842	6
>lynx233	<i>Lynx lynx</i>	KZ5	Toda Asia	2000	EU818842	6
>lynx234	<i>Lynx lynx</i>	R50	Toda Asia	1949	EU818852	6
>lynx235	<i>Lynx lynx</i>	R33	Toda Asia	1973	EU818853	6
>lynx236	<i>Lynx lynx</i>	R13	Toda Asia	1934	EU818855	6
>lynx237	<i>Lynx lynx</i>	R38	Toda Asia	1932	EU818844	6
>lynx238	<i>Lynx lynx</i>	R59	Toda Asia	1967	EU818845	6
>lynx239	<i>Lynx lynx</i>	R75	Toda Asia	1934	EU818846	6
>lynx240	<i>Lynx lynx</i>	R86	Asia Central	1971	EU818848	6
>lynx241	<i>Lynx lynx</i>	R139	Asia Central	1929	EU818848	6
>lynx242	<i>Lynx lynx</i>	R43	Asia Central	NA	EU818848	6
>lynx243	<i>Lynx lynx</i>	R37	Asia Central	1978	EU818849	6
>lynx244	<i>Lynx lynx</i>	R24	Asia Central	1968	EU818851	6

>lynx245	<i>Lynx lynx</i>	R36	Asia Central	1936	EU818850	6
>lynx246	<i>Lynx lynx</i>	R30	Toda Asia	1974	EU818854	6
>lynx247	<i>Lynx lynx</i>	R15	Cáucaso, Tíbet y Asia Central	1936	EU818859	6
>lynx248	<i>Lynx lynx</i>	R32	Cáucaso, Tíbet y Asia Central	NA	EU818860	6
>lynx249	<i>Lynx lynx</i>	R170	Cáucaso, Tíbet y Asia Central	1908	EU818861	6
>lynx250	<i>Lynx lynx</i>	R176	Cáucaso, Tíbet y Asia Central	1932	EU818862	6
>lynx251	<i>Lynx lynx</i>	R99	Este Europa y Asia Central	1910	EU818864	6
>lynx252	<i>Lynx lynx</i>	R73	Austria	1951	EU818881	6
>lynx253	<i>Lynx lynx</i>	R80	Austria	1967	EU818882	6
>lynx254	<i>Lynx lynx</i>	R100	Oeste de Asia y Este de Europa	1977	EU818884	6
>lynx255	<i>Lynx lynx</i>	CZ13	Oeste de Asia y Este de Europa	NA	EU818884	6
>lynx256	<i>Lynx lynx</i>	CZ14	Oeste de Asia y Este de Europa	1994	EU818884	6
>lynx257	<i>Lynx lynx</i>	CZ15	Oeste de Asia y Este de Europa	2001	EU818884	6
>lynx258	<i>Lynx lynx</i>	CZ16	Oeste de Asia y Este de Europa	2001	EU818884	6
>lynx259	<i>Lynx lynx</i>	R58	Oeste de Asia y Este de Europa	NA	EU818885	6
>lynx260	<i>Lynx lynx</i>	R82	Oeste de Asia y Este de Europa	1977	EU818885	6
>lynx261	<i>Lynx lynx</i>	R53	Oeste de Asia y Este de Europa	1940	EU818886	6
>lynx262	<i>Lynx lynx</i>	R187	Oeste de Asia	1976	EU818887	6
>lynx263	<i>Lynx lynx</i>	R97	Este de Europa	1993	EU818888	6
>lynx264	<i>Lynx lynx</i>	R95	Este de Europa	1976	EU818889	6
>lynx265	<i>Lynx lynx</i>	NA	Finlandia, Noruega y Polonia	NA	JQ928871	7
>lynx266	<i>Lynx lynx</i>	NA	Finlandia, Letonia y Polonia	NA	JQ928872	7
>lynx267	<i>Lynx lynx</i>	NA	Estonia y Letonia	NA	JQ928873	7
>lynx268	<i>Lynx lynx</i>	NA	Estonia, Letonia y Eslovaquia	NA	JQ928874	7
>lynx269	<i>Lynx lynx</i>	NA	Finlandia	NA	JQ928875	7
>lynx270	<i>Lynx lynx</i>	NA	Estonia	NA	JQ928876	7
>lynx271	<i>Lynx lynx</i>	NA	Polonia	NA	JQ928877	7
>lynx272	<i>Lynx lynx</i>	NA	Polonia	NA	JQ928878	7
>lynx273	<i>Lynx lynx</i>	NA	Letonia	NA	JQ928879	7

Tabla 2. Tabla de haplotipos con sus secuencias correspondientes.

- Tabla 2.1. Haplotipos lince boreal.

Haplotipo	Secuencia
IIh1	lynx1 lynx2 lynx25 lynx32 lynx37 lynx46 lynx120 lynx121 lynx122 lynx123 lynx124 lynx125 lynx126 lynx127 lynx128 lynx129 lynx137 lynx138 lynx139 lynx140 lynx141 lynx142 lynx143 lynx144 lynx145 lynx146 lynx147 lynx148 lynx149 lynx150 lynx151 lynx152 lynx153 lynx154 lynx155 lynx156 lynx157 lynx266 lynx271
IIh2	lynx3
IIh3	lynx4 lynx5 lynx131 lynx132 lynx133 lynx158 lynx159 lynx160 lynx249
IIh4	lynx6 lynx7 lynx8 lynx208 lynx209
IIh5	lynx23 lynx210 lynx211 lynx212 lynx213 lynx214 lynx215 lynx216 lynx217 lynx218 lynx219 lynx220 lynx221 lynx222 lynx223 lynx224 lynx225 lynx226 lynx227 lynx228 lynx229 lynx230 lynx231 lynx232 lynx233 lynx234 lynx235 lynx236
IIh6	lynx24 lynx27 lynx29 lynx30 lynx31 lynx33 lynx34 lynx36 lynx44 lynx45 lynx134 lynx161 lynx162 lynx163 lynx164 lynx165 lynx166 lynx167 lynx168 lynx169 lynx170 lynx171 lynx172 lynx173 lynx174 lynx175 lynx176 lynx177 lynx178 lynx179 lynx180 lynx181 lynx182 lynx183 lynx184 lynx185 lynx186 lynx187 lynx188 lynx189 lynx190 lynx191 lynx192 lynx193 lynx194 lynx195 lynx196 lynx197 lynx198 lynx199 lynx200 lynx201 lynx202 lynx203 lynx204 lynx205 lynx206 lynx207 lynx251 lynx265 lynx269 lynx270 lynx273
IIh7	lynx26 lynx28 lynx35 lynx263 lynx267
IIh8	lynx38 lynx39 lynx40 lynx41 lynx42 lynx43 lynx254 lynx255 lynx256 lynx257 lynx258 lynx259 lynx260 lynx261 lynx262 lynx268
IIh9	lynx130
IIh10	lynx135
IIh11	lynx237
IIh12	lynx238
IIh13	lynx239
IIh14	lynx240 lynx241 lynx242 lynx243 lynx244
IIh15	lynx245
IIh16	lynx246
IIh17	lynx247
IIh18	lynx248
IIh19	lynx250
IIh20	Lynx252
IIh21	lynx253
IIh22	lynx264

- Tabla 2.2. Haplotipos lince ibérico

Haplotipos	Secuencias
<b>lph1</b>	lynx13
<b>lph2</b>	lynx9 lynx10 lynx11 lynx12 lynx13lynx14 lynx15 lynx16 lynx17 lynx18 lynx19 lynx20 lynx21 lynx22 lynx47 lynx48 lynx49 lynx50lynx51 lynx52 lynx53 lynx54 lynx55 lynx56 lynx57 lynx58 lynx59 lynx60 lynx61 lynx62 lynx63 lynx64 lynx65 lynx66 lynx67 lynx68 lynx69 lynx70 lynx71 lynx72 lynx73 lynx74 lynx75 lynx76 lynx77 lynx78 lynx79 lynx80 lynx81 lynx82 lynx83 lynx84 lynx85 lynx86 lynxlynx8 lynx88 lynx89 lynx90 lynx91 lyncllynx92 lynx93 lynx94 lynx95 lynx97 lynx98 lynx99 lynx100 lynx101 lynx102 lynx103 lynx104 lynx105 lynx106 lynx108 lynx109 lynx110 lynx111 lynx112 lynx113 lynx116 lynx118 lynx119
<b>lph3</b>	lynx96 lynx107 lynx114 lynx115 lynx117