

Secuenciado el genoma del lince ibérico

AUG. 8, 2012

[Seguir a @materia_ciencia](#)

Materia

Lee, piensa, comparte



Científicos españoles leen los genes del felino más amenazado del mundo. El análisis de su ADN puede revelar estrategias para la recuperación efectiva de la especie



Uno de los 122 lince del programa de cría en cautividad / [Lynx Ex-situ](#)

[LEERIMPRIMIR](#)

El 1 de febrero de 2011, *Coscoja* y *Candiles* empezaron a copular como si no hubiera mañana, completando 12 actos sexuales, ante la atenta mirada de los responsables del Centro de Cría de La Olivilla, en Jaén. Y poco más de dos meses después, nació su hija, *Hechicera*, uno de los

aproximadamente 450 lince ibéricos que quedan en el planeta, arrinconados en el sur de España y amenazados por los atropellos y los cepos de los cazadores furtivos . En 2012, la pareja ha repetido y ha tenido [otros tres cachorros](#) del felino más amenazado del mundo.

“ El libro de instrucciones del lince está escrito con 2.700 millones de pares de letras

Candiles puede salvar a su especie, sí, pero no por su efectividad como macho. Una [treintena de investigadores](#) de seis organismos españoles acaba de concluir la secuenciación del genoma de este ejemplar, elegido como [referencia para la especie](#), según confirma [Toni Gabaldón](#), director del grupo de Genómica Comparada del Centro de Regulación Genómica de Barcelona.

Los científicos creen que en los 2.700 millones de pares de letras que componen el libro de instrucciones de *Candiles*, su genoma, se puede encontrar la clave para conseguir la recuperación efectiva de la especie, amenazada también por la falta de diversidad genética, como las antiguas monarquías europeas.

Tras el oso panda gigante

El del lince ibérico es uno de los primeros genomas secuenciados de una especie en peligro de extinción, tras la publicación en 2009 del [borrador del genoma del oso panda gigante](#). El equipo de investigación, dirigido por [José Antonio Godoy](#), de la Estación Biológica de Doñana (CSIC), espera que el genoma sirva para optimizar los cruces en los centros de cría en cautividad, las fábricas de lince para su liberación, con el fin de mejorar la diversidad genética en sus últimos reductos en el sur de la península Ibérica. También esperan que en los genes de la especie estén escritas posibles claves de una enfermedad renal que ataca al lince tanto en libertad como en sus guarderías.

Pero para todo esto no basta con secuenciar el genoma. “Ahora hay que ensamblar los fragmentos leídos. Ya tenemos aproximadamente el 90% del genoma ensamblado”, explica Gabaldón. El biólogo, que participó recientemente [en el genoma del melón](#), utiliza una bella metáfora literaria para explicar el ensamblaje. Para secuenciar el genoma hay que llevar a cabo primero una fragmentación masiva del material genómico. Sería como romper *El Quijote* en palabras y volverlo a reconstruir.

“ Secuenciar el genoma es como romper ‘El Quijote’ en palabras y volverlo a reconstruir

Para ordenar este *quijote* genético, las máquinas de los científicos buscan solapamientos. Así, con los fragmentos “En un lugar de La Mancha”, “La Mancha de cuyo nombre” y “nombre no quiero acordarme” se podría reconstruir el célebre arranque de *El Quijote*. El problema es que el libro del lince está escrito con sólo cuatro letras, [ACGT](#), las cuatro bases que componen el ADN, lo que multiplica la complejidad del proceso.

Trozos de páginas arrancados

“Digamos que ya tenemos todas las páginas pero nos faltan algunos trozos arrancados y puede que alguna página esté cambiada de orden, pero es lo mismo que ocurre con el genoma humano”, matiza. La secuenciación se ha llevado a cabo en el [Centro Nacional de Análisis Genómico](#) de Barcelona.

Una vez que se logre ensamblar por completo el genoma, los autores todavía tendrán que identificar qué grupos de letras forma un gen y cuál es su función. Los investigadores españoles también han secuenciado el genoma de un lince euroasiático para comparar las dos especies y disponer de más pistas. Y además disponen de [la secuencia del genoma de un gato doméstico](#), un ejemplar de raza abisinio *leído* en 2007 dentro de un proyecto financiado por los Institutos Nacionales de la Salud de EEUU.

“ Es el primer genoma de un mamífero secuenciado en su totalidad en España

Gabaldón calcula que el genoma del lince ibérico estará totalmente ensamblado y con sus genes delimitados y con funciones asignadas “hacia final de año”. Entonces lo publicarán en una revista científica. Por el momento, Gabaldón se ha limitado a comentar la secuenciación del genoma [en la revista *Lychnos*](#), de la Fundación General CSIC. El proyecto ha sido financiado por el propio CSIC y el Banco Santander. Es el primer genoma de un mamífero secuenciado en su totalidad en España.

“Hace unos años una revista de prestigio, como *Nature*, hubiera publicado la secuenciación del genoma del lince ibérico. Pero ahora que hay tantos genomas secuenciados no basta con la secuencia, hay que añadir un análisis, contando por ejemplo qué dicen los genes sobre cómo dirigir la conservación de la especie”, señala el biólogo. La comunidad científica ha *leído* en los últimos años los genomas de unas 30 especies de plantas y 60 de animales vertebrados, como el chimpancé y el ornitorrinco.

Archivado en: [conservación](#), [fauna](#), [genética](#)

Manuel Ansede





Periodista y veterinario. Ha cubierto las tres últimas cumbres del clima de la ONU e informado sobre ciencia y medio ambiente desde Asia, África, América y Europa.

Síguenos

Recibe cada día nuestras noticias

COMENTARIOS



Quizás te interesen...

Origin □ **URL:**

<http://esmateria.com/2012/08/08/secuenciado-el-genoma-del-lince-iberico/>