

NOTA DE PRENSA

La Estación Biológica de Doñana – CSIC participa en una iniciativa internacional para describir el genoma de toda la biodiversidad europea

- El European Reference Genome Atlas está constituido por más de 600 investigadores e investigadoras procedentes de 48 países de Europa.
- La investigación genómica generada servirá para avanzar en cuestiones fundamentales para la ciencia, la conservación de la biodiversidad y la la salud pública.



Un equipo de la Estación Biológica de Doñana - CSIC obtuvo el genoma del lince ibérico en 2016, el cual ha aportado importante información sobre los orígenes de la especie, su relación con otros lince y sobre su historia demográfica. Además, ha proporcionado herramientas que se utilizan en la actualidad para el seguimiento de la especie y para aplicar una gestión que minimice los problemas genéticos. // Foto: Héctor Garrido



Sevilla, 2 de febrero de 2022. Personal investigador de la Estación Biológica de Doñana – CSIC participa en la creación del European Reference Genome Atlas ([ERGA](#)), una iniciativa para generar genomas de referencia de alta calidad para toda la biodiversidad existente en el continente europeo, es decir, para al menos 200.000 especies. Entre ellas se encuentran especies amenazadas y endémicas, así como aquellas importantes para la agricultura o la pesca y para la estabilidad y funcionamiento de los ecosistemas. Actualmente, existen genomas de referencia para tan sólo una pequeña fracción de las especies europeas.

“Para proteger, restaurar y respetar la biodiversidad, necesitamos entenderla. El European Reference Genome Atlas ofrecerá datos importantes para avanzar en este conocimiento que tanto necesitamos”, explica Robert Waterhouse, vicepresidente de ERGA. El objetivo del proyecto es ambicioso pero los avances tecnológicos actuales, así como el esfuerzo coordinado de grupos de investigación de toda Europa, ayudarán en la consecución de este reto.

En un artículo científico publicado recientemente en la revista *Trends in Ecology and Evolution*, el equipo de ERGA destaca la necesidad y la importancia de los genomas de referencia en el contexto de la biología de la conservación. “El genoma de referencia es básicamente un genoma que está casi completo, con pocas zonas sin secuenciar, con pocos errores y con un alto porcentaje de las secuencias asignadas a cromosomas”, explica María José Ruiz, investigadora de la Estación Biológica de Doñana – CSIC y miembro de ERGA. Hasta ahora, los genomas se obtenían en muchos fragmentos, a veces de tamaños relativamente pequeños. El objetivo de esta iniciativa es tener tantas secuencias contiguas como cromosomas y delimitar bien las distintas regiones funcionales o estructurales.

La genómica, fundamental para la investigación en conservación

La investigación genómica -que utiliza material genético para estudiar organismos individuales, poblaciones y ecosistemas- permite generar información sobre la historia evolutiva, la composición genética y el potencial de adaptación de una especie y ofrece importantes datos para continuar investigando en muchos otros campos relacionados con la biología. Esta información será fundamental para avanzar en cuestiones fundamentales para la ciencia, la salud pública y la conservación. Especialmente para esta última, la descripción de los genomas ayudará a crear un sistema de alerta temprana para estimar la resiliencia de las especies, a predecir declives, así como a elaborar los planes de actuación para la conservación.

“Un ejemplo importante para nosotros de la utilidad de estos genomas de referencia lo encontramos en el lince ibérico”, afirma José A. Godoy, investigador de la Estación Biológica de Doñana – CSIC y también miembro de ERGA. El del lince fue uno de los primeros genomas en obtenerse de una especie amenazada. El equipo de Godoy lo publicó en 2016 y, aunque no es de tan buena calidad como los que se pueden hacer en la actualidad, ha aportado información interesante sobre los orígenes de la especie, su relación con otros linceos y sobre su historia demográfica. “El tener un genoma de referencia nos ha permitido comprobar que el lince es una de las especies con menor diversidad genética”, explica el investigador. “Además, gracias a disponer datos de variación a nivel de genoma completo, hemos podido generar herramientas muy eficientes que ahora se están usando para el seguimiento de la especie y para aplicar una



gestión que minimice los problemas genéticos”. En la actualidad, el equipo se encuentra generando una versión mejorada que se aproxima a los nuevos estándares.

Una iniciativa europea que se coordina con otras similares a nivel global

Actualmente la biodiversidad está amenazada a nivel global. De acuerdo con la Unión Internacional para la Conservación de la Naturaleza (IUCN), en Europa esta amenaza afecta a un 15% de los mamíferos, un 20% de los reptiles, un 25% de los anfibios, un 37% de los peces de agua dulce, un 7% de los de agua salada y a un 13% de las aves. También el mundo vegetal está amenazado. Un 48% de los arbustos están en peligro de extinción, así como un 20% de los helechos y un 42% de los árboles. “Esta iniciativa permite conectar instituciones e infraestructuras, ofreciendo disponibilidad de recursos para secuenciar y analizar los genomas que, de otra forma, algunos grupos o instituciones no podrían permitirse”, afirma la investigadora María José Ruiz. “Además, permite consolidar una red interdisciplinar y de colaboración entre investigadores de diferentes áreas a lo largo del continente”.

El equipo de ERGA afirma que los esfuerzos de conservación necesitan información genómica para optimizar las estrategias de gestión. La disponibilidad de los genomas de referencia proporcionará una base sólida para realizar evaluaciones de biodiversidad, gestionar la conservación e implantar medidas de restauración. Esta iniciativa se enmarca y coordina con otras a nivel global, como el [Earth BioGenome Project](#), para obtener los genomas de referencia de toda la biosfera, un proyecto que se ve factible a medio-largo plazo.

Referencia:

Giulio Formenti, Kathrin Theissinger, Carlos Fernandes, Iliana Bista, Aureliano Bombarely, Christoph Bleidorn, Ildario Ciofi, Angelica Crottini, José A. Godoy, Jacob Höglund, Joanna Malukiewicz, Alice Mouton, Rebekah A. Oomen, Sadye Paez, Per J. Palsbøll, Christophe Pampoulie, María J. Ruiz-López, Hannes Svardal, Gabrielle Zammit. *The era of reference genomes in conservation genomics*. Trends in Ecology and Evolution. <https://doi.org/10.1016/j.tree.2021.11.008>

Contacto

Comunicación y Divulgación
Estación Biológica de Doñana
Consejo Superior de Investigaciones Científicas

Av. Américo Vespucio 26
41092 Sevilla (Spain)
Tlf.: (+34) 955 14 93 40
outreach@ebd.csic.es