

## NOTA DE PRENSA

---

### Secuencian el genoma del sapo de espuelas ibérico, una especie clave para investigar cómo responden los organismos al cambio global

- El sapo de espuelas ibérico (*Pelobates cultripes*) presenta una gran capacidad para ajustar su comportamiento, morfología y fisiología a cambios ambientales. La secuenciación del genoma de esta especie permitirá entender cómo las variaciones ambientales pueden producir cambios en los niveles de expresión de sus genes.
- El trabajo ha sido liderado por la Estación Biológica de Doñana-CSIC, en colaboración con el Centro Nacional de Análisis Genómico (CNAG-CRG) y el Centro Nacional de Supercomputación (BSC-CNS).



Sapo de espuelas ibérico (*Pelobates cultripes*)

**Sevilla, 1 de junio de 2022.** Un grupo liderado por la Estación Biológica de Doñana – CSIC ha secuenciado con alta resolución el genoma del sapo de espuelas ibérico (*Pelobates cultripes*), un

anfibio que habita mayoritariamente en la Península Ibérica y en algunos lugares del suroeste de Francia y que se ha convertido en los últimos diez años en un modelo de estudio en ecología debido a su enorme capacidad para responder a los desafíos ambientales. Este trabajo se ha realizado en colaboración con el Centro Nacional de Análisis Genómico (CNAG-CRG) y el Centro Nacional de Supercomputación (BSC-CNS).

Los anfibios, el grupo de vertebrados más amenazado del planeta, tienen un papel fundamental en los ecosistemas y sirven de conexión entre sistemas acuáticos y el medio terrestre que los rodea. Sin embargo, suelen presentar por lo general genomas grandes y complejos, por lo que el número de genomas conocidos a nivel de resolución de cromosomas es muy pequeño: el genoma de tan sólo 12 especies de anfibios ha sido descrito -según el Centro Nacional para la Información Biotecnológica de Estados Unidos- lo que supone menos del 0,5% del total de anfibios. Esto contrasta con otros grupos como el de las aves, de las que se ha descrito el genoma de más de 500 especies, alrededor del 5% del total, o de los mamíferos, que cuentan con más de 460 especies con sus genomas secuenciados, lo que supone alrededor del 7% del total.

“Los anfibios son un grupo de estudio perfecto para realizar estudios genómicos”, explica Iván Gómez-Mestre, investigador de la Estación Biológica de Doñana. “Representan a menudo linajes muy antiguos que han logrado ocupar la mayor parte de las regiones del mundo y se han diversificado tanto que han evolucionado hacia un gran número de modos reproductivos diferentes y han variado enormemente en el tamaño y estructura de sus genomas”.

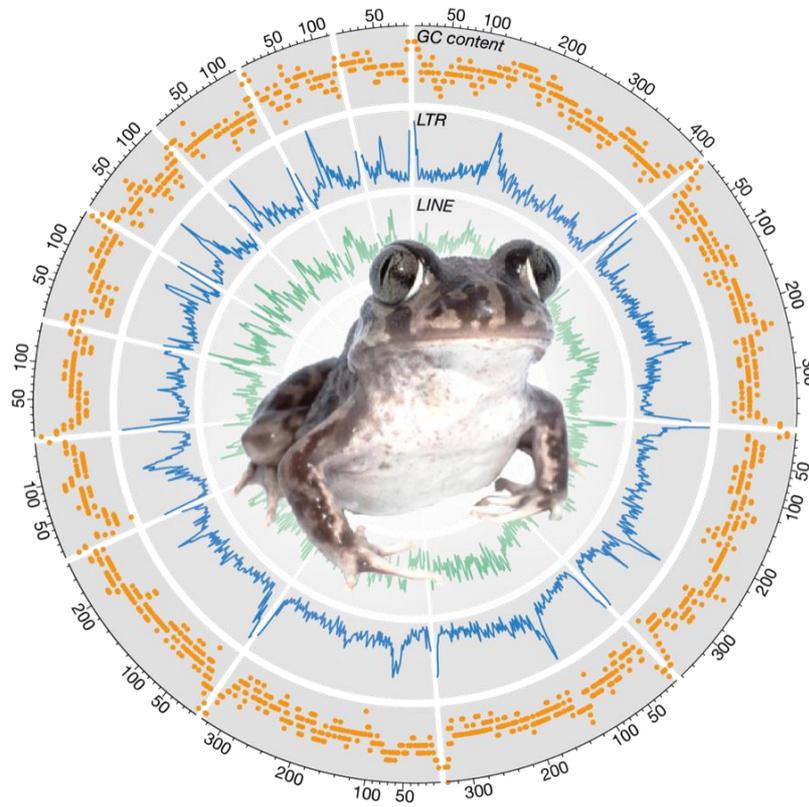
El sapo de espuelas ibérico, protagonista de este trabajo, es, además, una especie de estudio interesante para entender cómo los organismos pueden responder al cambio global. Su capacidad para ajustar su comportamiento, morfología y fisiología ante cambios en su entorno es enorme. Por ejemplo, el mismo grupo de investigación que acaba de secuenciar su genoma ha descubierto que esta especie es capaz de acelerar su desarrollo hasta un 30% cuando percibe riesgo de desecación del medio acuático en el que se desarrolla. Este riesgo se está agudizando cada vez más dado que el cambio global resulta en menores precipitaciones y periodos de inundación más cortos para las lagunas temporales donde habita esta especie.

“La secuenciación del genoma de este anfibio nos permitirá comprender la estructura genética de las poblaciones naturales, entender cómo las variaciones ambientales inducen cambios en los niveles de expresión de sus genes, o cómo se relaciona el tamaño con la complejidad de los genomas”, concluye Christoph Liedtke, investigador de la Estación Biológica de Doñana.

#### Referencia:

H. Christoph Liedtke<sup>1</sup>, Fernando Cruz<sup>1</sup>, Jéssica Gómez-Garrido, Diego Fuentes Palacios, Marina Marcet-Houben, Marta Gut, Tyler Alioto, Toni Gabaldón, Ivan Gomez-Mestre. **Chromosome-level assembly, annotation and phylome of *Pelobates cultripes*, the Western Spadefoot toad.** DNA Resarch. <https://doi.org/10.1093/dnares/dsac013>

<sup>1</sup> Estos autores contribuyeron por igual



Visualización circular de las características genómicas del sapo de espuelas ibérico.