

Charla

Aplicaciones de la genómica a la conservación del lince ibérico (*Lynx pardinus*).

López-Farfán, R.^{1,2}, Pérez-Pulido, A.J.¹, Godoy, J.A.² y Cruz, F.²¹ Centro Andaluz de Biología del Desarrollo (CABD-CSIC) Universidad Pablo de Olavide Ctra. Utrera, Km. 1 41013 Sevilla² Departamento Ecología Integrativa. Estación Biológica Doñana, CSIC. C/ Américo Vespucio, s/n. E-41092 Sevilla**Palabras clave:** Lince; biología de la conservación; bioinformática

RESUMEN

Antecedentes y objetivos: El lince ibérico (*Lynx pardinus*) es la especie de felino más amenazada del mundo. Es por eso que se desarrollan programas de conservación y estudios relacionados con la subsistencia de esta especie.

Con la participación de la Estación Biológica de Doñana (EBD), en este proyecto se pretende analizar la información disponible sobre polimorfismos de secuencias genómicas de lince, cuyos resultados podrían ser útiles para un mejor manejo para la conservación de la especie. Para ello, se ha desarrollado un programa informático (Reportador), usando el lenguaje de programación Perl, que permite la anotación de las variantes alélicas encontradas en los individuos de estudio de la EBD.

Métodos: El sistema básico usado para la consecución del objetivo principal se basa en la comparación de cada uno de los alelos de lince contra la base de datos de cromosomas de una especie de referencia, mediante la herramienta BLAST, que permite localizar secuencias homólogas para cada variante. Como genoma de referencia se ha usado el del perro (*Canis familiaris*), debido a la calidad del ensamblaje y anotación de su genoma.

El uso de un genoma de referencia alternativo, es necesario debido a la ausencia de una anotación para el ensamblaje actual del genoma del lince y, por consiguiente, de información referente a la posición de sus genes.

Asimismo, gracias al procesamiento del documento de salida generado por la herramienta BLAST, se podrán localizar los polimorfismos en el genoma de referencia gracias a diversos algoritmos de lectura y comparación con ficheros GTF (*General Transfer Format*), donde se recoge la información relativa a la localización de las diversas regiones de elementos genéticos. A su vez, se generan dos documentos de salida: el primero, recoge la información relativa a cada alineamiento encontrado y el segundo, presenta una tabla donde figura la información sobre las anotaciones.

Discusión y conclusiones: El proyecto, que involucra bioinformática y biología de la conservación, permite no solo la anotación y estudio de las posibles mutaciones deletéreas en el lince, sino que facilita los estudios biológicos que incluyen estas tareas como objetivo, ya que proporciona una herramienta que muestra de forma directa los resultados que se pretenden conseguir y además reduce drásticamente el tiempo empleado en la consecución de estos objetivos.

De manera adicional, el proyecto seguirá su curso centrándose en aquellos genes de interés que sean importantes para la supervivencia del lince, es decir, aquellos en los que el polimorfismo encontrado influya en procesos de vital importancia y un mínimo cambio pueda producir consecuencias fatales para el individuo.

BIBLIOGRAFIA

- Dormand, J.R. and Prince, P.J. (1980) A family of embedded Runge–Kutta formulae. *J. Comp. Appl. Math.*, **6**, 19–26.
- Yoo, M.S. et al. (2003) Oxidative stress regulated genes in nigral dopaminergic neuron cell: correlation with the known pathology in Parkinson's disease. *Brain Res. Mol. Brain Res.*, **110**(Suppl. 1), 76–84.
- Lehmann, E.L. (1986) *Testing Statistical Hypotheses*. Springer Texts in Statistics. Vol. 1, 2nd edn. Springer-Verlag, New York.
- Crenshaw, B., III, and Jones, W.B., Jr (2003) The future of clinical cancer management: one tumor, one chip. *Bioinformatics*, doi:10.1093/bioinformatics/btn000.
- Auhtor, A.B. et al. (2000) Chapter title. In Smith, A.C. (ed.), *Book Title*, 2nd edn. Publisher, Location, Vol. 1, pp. ???–???
- Bardet, G. (1920) Sur un syndrome d'obésité infantile avec polydactylie et retinite pigmentaire (contribution à l'étude des formes cliniques de l'obésité hypophysaire). PhD Thesis, name of institution, Paris, France.