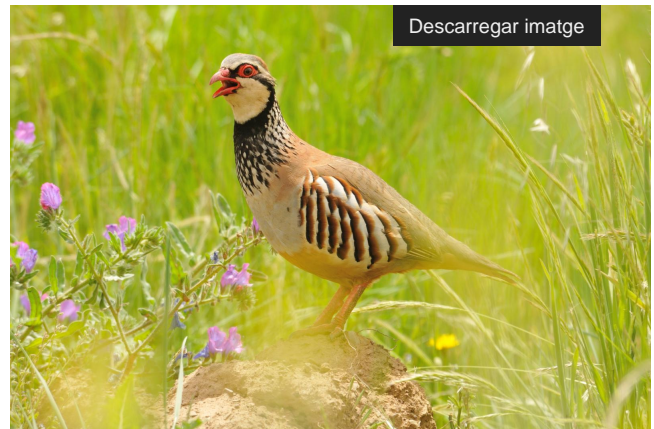


La UdL seqüencia el genoma de la perdiu roja

La recerca, publicada a 'Scientific Reports', pot ajudar a la gestió i conservació

Una recerca liderada per la Universitat de Lleida (UdL) ha permès seqüenciar el genoma de la perdiu roja (*Alectoris rufa* [https://es.wikipedia.org/wiki/Alectoris_rufa]), una espècie clau en els ecosistemes del sud-oest d'Europa, on juga un paper crucial en l'equilibri ecològic. L'estudi, en col·laboració amb la Universitat Rovira i Virgili (URV), l'han publicat a la revista *Scientific Reports* [<https://www.nature.com/srep/>], del grup Nature. Els resultats de la investigació, en què han acoblat el 96,9% dels gens, incloent-hi codificadors d'ARN i proteïnes, poden ajudar a l'hora de desenvolupar estratègies efectives de gestió i conservació d'aquestes aus.



Descarregar imatge

Exemplar d'aquesta au / Foto: Patricia Maldonado

Combinant paquets informàtics i processos d'anàlisi d'última generació, l'equip ha estudiat el material genètic de 60 exemplars de perdiu, 30 salvatges i 30 de granja. "De totes les aus amb genoma seqüenciat fins ara, hi ha aproximadament 9.000 gens que són comuns. D'aquests, hem pogut trobar la seqüència per a la gran majoria en la perdiu", explica el professor de la UdL i investigador del grup [Biologia de sistemes i mètodes estadístics per a la recerca](#) [

<https://www.irblleida.org/ca/recerca/14/biologia-de-sistemes-i-metodes-estadistics-per-a-la-recerca>] de l'IRBLleida, Rui Alves. "Els restants no hi són perquè s'han perdut amb la evolució o tenen una seqüència d'ADN molt diferent dels corresponents en altres aus i per això no els hem pogut identificar", afegeix.

El personal investigador també ha comparat el genoma de la perdiu roja amb la guatlla japonesa (*Coturnix japonica* [https://ca.wikipedia.org/wiki/Guatlla_del_Jap%C3%B3]) i el gall (*Gallus gallus* [https://ca.wikipedia.org/wiki/Gall_bankiva]). Els tres ocells estan estretament relacionats i presenten un [cariotip](#) [<https://ca.wikipedia.org/wiki/Cariotip>] compartit de 39 cromosomes. Una anàlisi filogenètica comparativa d'aquests genomes suggereix que els genomes de la perdiu comuna i la guatlla japonesa es van separar fa aproximadament 20 milions d'anys, mentre que l'ancestre comú de totes dos espècies va divergir del gall fa uns 35 milions d'anys.

Els resultats també assenyalen que el 13% dels gens anotats estan associats a funcions metabòliques, mentre que un 11% estan implicats en el processament d'informació ambiental, inclòs el 9% dedicat a tasques de transducció de senyals. El conjunt de gens exclusius de la perdiu roja està significativament enriquit en gens relacionats amb processos virals (5 gens), regulació de la resposta immune (8 gens) i despolimerització de [microtúbuls](#) (16 gens), relacionada amb l'eliminació de cèl·lules en divisió.

"La nostra anàlisi d'enriquiment gènic suggereix que la perdiu roja va desenvolupar un conjunt diferent de gens reguladors i proteïnes de resposta viral, probablement modelats per infeccions i pressions específiques de l'espècie", subratlla Alves. Aquesta recerca "representa un avanç significatiu cap a la creació d'un genoma de referència complet per a aquesta espècie", assegura el catedràtic de Ciència Animal de la UdL, Jesús Nadal.

"Aquest recurs genòmic es converteix en una eina inestimable per a la identificació, gestió, protecció i conservació de la perdiu comuna silvestre, facilitant la implementació de mesures de gestió més precises i fonamentades. I proporciona una base sòlida per a futures recerques sobre l'evolució i adaptació de les espècies, tant en els seus hàbitats naturals com en captivitat", sosté Nadal.

MÉS INFORMACIÓ:

Article *Hybrid assembly and comparative genomics unveil insights into the evolution and biology of the red-legged partridge* [<https://www.nature.com/articles/s41598-024-70018-0>]