



# Camila Mazzoni, reconocida investigadora del Instituto Leibniz (Alemania) y líder de gran iniciativa europea: “Proyecto 1.000 genomas pone a Chile en una posición clave en genómica y biodiversidad”

La iniciativa, que será relanzada hoy, busca determinar la secuencia completa del ADN de especies nativas. Esto permitirá que el país esté más preparado para proteger una variedad de seres vivos ante el cambio climático.

JANINA MARCANO

La reconocida investigadora en genómica y biodiversidad Camila Mazzoni define al genoma como la mezcla entre “un libro de recetas y uno de historia”.

Sonriendo y con una pasión por el tema que se deja ver en el movimiento de sus manos al hablar, Mazzoni explica: “El genoma (la secuencia que constituye el ADN de un individuo o de una especie) te dice cómo funciona un organismo y cómo interactúa con el ambiente, pero también te entrega datos sobre cómo evolucionó, cómo cambiaron sus poblaciones y cómo se adaptaron a cambios climáticos anteriores”.

Por eso, afirma: “Conocer muy bien el genoma completo de nuestras especies nos puede ayudar a entender su historia evolutiva y cómo se podrían comportar ante el cambio climático actual, si tienen diversidad suficiente para adaptarse a ello, por ejemplo”.

La especialista se encuentra de visita en Chile para presentar hoy una charla magistral en el relanzamiento del programa “1.000 genomas. Chile secuencia a Chile”, un proyecto nacional que reúne a destacados centros de investigación y que busca secuenciar el genoma de mil especies chilenas (ver recuadro).

La secuenciación es un proceso que

determina el orden de los componentes básicos del ADN y que son característicos de cada especie. Así, “1.000 genomas” tiene como objetivo principal generar información genómica de la biodiversidad del país para mejorar su conservación.

Es un tema en el que Mazzoni tiene una vasta experiencia. De origen brasileño, la especialista lleva más de una década investigando al respecto y actualmente se desempeña como científica líder en genómica evolutiva y conservación en el Instituto Leibniz (Alemania).

Además, es subdirectora del proyecto “Biodiversity Genomics Europe (BGE)”, un ambicioso plan que busca revertir la pérdida de biodiversidad en ese continente a través de la investigación genómica.

En conversación con “El Mercurio”, la científica expresa su mirada positiva sobre la iniciativa chilena. “El proyecto 1.000 genomas pone a Chile en una posición clave en genómica y biodiversidad, básicamente en la misma posición que países de Europa y del resto del mundo que ya trabajan en ello”, afirma Mazzoni.

Y agrega: “Es el primer proyecto que conozco de este tamaño en América Latina, con una característica clave, su objetivo grande, pero alcanzable, el de secuenciar a mil especies”.

Para Mazzoni, la propuesta es relevante, porque conecta al país con otros proyectos internacionales. “Como el nuestro en Europa, pero siendo Chile el principal actor de la secuenciación de sus especies, decidiendo cómo esa información puede ser utilizada por el



La secuenciación del genoma de especies nativas es esencial para su conservación. En la foto, un pudú del sur. Para extraer el ADN de un ejemplar se puede tomar una muestra de sangre o de tejido.

resto del mundo, no solo para la ciencia, sino que también para la bioeconomía”.

Este último punto, señala la investigadora, es clave si se considera que múltiples países están trabajando en la secuenciación del genoma de sus especies, pero también de las de otros territorios.

“Y Chile tiene especies endémicas que son muy interesantes para todo el mundo, y hay especies nativas que tienen potencial interés económico. En ese aspecto, es muy relevante que tengan autonomía, produciendo información propia”, añade.

Por otro lado, secuenciar el genoma de las especies nativas es “urgente y

## Nuevo foco

“1.000 genomas” nació en 2018, cuando fue lanzado por primera vez e incluía secuenciación de población humana. Sin embargo, la iniciativa cambió de foco y hoy será relanzada por el Instituto Milenio Centro de Regulación del Genoma (CRG) con nuevo objetivo, centrado solo en biodiversidad de especies no humanas. El proyecto, que reúne a múltiples centros de investigación y cuenta con la colaboración de la U. de Chile y la UC, elegirá las especies según criterios como su estado de conservación y el nivel de amenaza de su hábitat, además de votación ciudadana. Los centros involucrados ya han estado trabajando en la secuenciación de especies de manera individual durante los últimos años. Ahora, esperan iniciar las primeras secuenciaciones bajo el nuevo programa durante el primer semestre y finalizar en 10 años.

necesario para los países en el contexto del cambio climático”, plantea Mazzoni. “Es clave entender la diversidad de los genes y la salud genómica de las especies para saber cómo podrían responder al clima extremo que estamos viviendo y al cual sabemos que Chile es vulnerable. Hay poblaciones enteras que pueden morir y otras sobrevivir”, comenta.

Y puntualiza: “Además, si comprendemos cómo podría ser esta adaptación al cambio climático, quizás en un futuro podamos hacer modificaciones en las especies con ayuda de la biotecnología para ayudarlas a sobrevivir. Pero para eso necesitamos información y comprender mucho más de lo que sabemos ahora”.



**Camila Mazzoni** también es jefa de bioinformática en el Centro de Genómica en Investigación de la Biodiversidad de Berlín (Alemania).

La secuenciación es un proceso que