

ALEXIS IBARRA O.

Obtener el genoma de referencia de la araucaria es una tarea tan gigante como el majestuoso árbol que crece en el sur. Esto, porque su genoma es ocho veces más grande que el del ser humano.

Para obtenerlo, varios equipos de investigación no solo usaron tecnología de punta, sino que tuvieron que subirse a estos milenarios árboles para encontrar cuál era la mejor parte para obtener el material genético. Y lo lograron.

Mañana, en una ceremonia en Yumbel, se dará a conocer la secuenciación genética de este árbol, considerado un hito científico nacional. El proyecto, que comenzó en 2022, fue posible tras una alianza entre la Universidad de Concepción, CMPC y la Universidad de Valencia, en España.

Este es un paso importante para tener un genoma de referencia para la especie y con ello estudiar su genética, entender su evolución y adaptación, pero también para encontrar la forma de enfrentar sus plagas o establecer las mejores estrategias para su conservación.

“Los genomas de referencia y los datos genómicos ayudan a mejorar las estrategias de seguimiento, conservación y restauración de la biodiversidad, haciendo que estos proyectos sean más efectivos a largo plazo”, explica Verónica Emhart, subgerente de Genética y Biotecnología de Forestal Mininco de CMPC.

Antes de secuenciar, eso sí, tuvieron que conseguir una muestra que tuviera el material genético óptimo. Probaron con el fruto, el piñón. “Pensábamos que era el material ideal, pero no nos fue bien. Luego intentamos con las acículas (las hojas que pinchan), y tampoco. Hasta que sucedió algo mágico. Jaime Espejo, de CMPC, escaló con cuerda un árbol y encontró un brote epicórmico. Imagínate una rama de dos metros concentrada en un brote de un centímetro que está listo para crecer”, cuenta Hasbún. Eso fue el material que usaron y fue extraído de una especie de Villa Las Araucarias, en la cordillera de Nahuelbuta.

Tres pasos

“La publicación de un genoma de referencia tiene tres partes: la secuenciación, el ensamble y la anotación de ese genoma”, explica Rodrigo Hasbún, director del Laboratorio de Genética Vegetal de la U. de Concepción, quien lideró la parte científica de este proyecto.

Hasbún lo explica en sencillo: “Es como un gran libro en que las páginas salen volando y tienes que volver a armarlo”, dice.

La secuenciación es recopilar las hojas sueltas, leerlas y escanearlas. El segundo paso, el ensamble, equivale a rearmar el libro para que tenga un sentido. Y el tercer paso, la anotación, es similar a ponerle número a las pági-

Esfuerzo conjunto entre la academia y la empresa privada:

Secuencian el genoma de la araucaria, ocho veces más grande que el del ser humano

La U. de Concepción y CMPC encabezaron la tarea de conseguir el genoma de este monumento natural que convivió con los dinosaurios. Esta información servirá para ayudarla a ser más fuerte ante plagas o enfrentar el cambio climático.

nas a ese libro, hacerle un índice y dejarlo disponible para que cualquiera lo pueda hojear.

El trabajo de secuenciación fue contratado a especialistas de la Universidad de Wisconsin (EE.UU.), que tienen equipos de punta, pero por sobre todo experiencia en esta tarea.

La clave de la tecnología de secuenciación moderna es que puede conseguir trozos iniciales de 15.000 bases, lo que hace más fácil el proceso de ensamblaje. “Antes se podían lograr trozos de 500 bases, que es como si armaras un puzzle con muchas más piezas y más pequeñas, y, por lo tanto, te demoras muchísimo. Secuenciar el genoma humano tardó 13 años y ahora se puede hacer en un día”, aclara el científico de la U. de Concepción.

Siguiendo con la analogía del libro, en la secuenciación de la araucaria ya han logrado construir un libro que actualmente tiene 91 mil capítulos o partes.

“Al ensamblarlas, podemos llegar a determinar los cromosomas. Estimamos que en la araucaria vamos a encontrar 12 pares de cromosomas, y cada uno podría tener unos 2.000 millones de bases”, explica Hasbún.

“La araucaria posee un megagenoma, o sea, un genoma extremadamente grande, 8 veces más que el del humano”, precisa Tomás Matus, investigador chileno del Instituto de Biología Integrativa de Sistemas en Valencia (España), que se especializa en crear recursos genómicos para especies vegetales y que también formó parte de este proyecto.

Esto sucede porque la araucaria pertenece al grupo de las coníferas

El material genético que fue secuenciado fue extraído de brotes de araucarias de la cordillera de Nahuelbuta.

que están entre las especies que tienen los genomas más grandes y complejos del mundo. “Son organismos muy antiguos, verdaderos fósiles vivientes que han estado mucho tiempo en la Tierra y que convivieron con los dinosaurios. Su genoma ha sufrido muchos cambios y se ha hecho cada vez más complejo”, explica Hasbún.

El equipo que lidera Matus sigue en la tarea de ensamblar las secuencias —este gran rompecabezas—, así como de la anotación de los genes contenidos en este genoma.

Además, su equipo se encargó de proporcionar el sistema de almacenamiento de la información genómica de la araucaria y disponerla como una base de datos de acceso público a la comunidad científica (en la web http://plantaeviz.tombsbiolab.com:8001/easy_gdb/).

“La información del genoma y las herramientas que ofrece la genómica ayudan a comprender la diversidad de individuos de esta especie en base a su genética”, dice Matus, quien añade que programas de conservación pueden tomar decisiones basadas en esta información. Mientras que conocer la genética a nivel molecular “puede contribuir a comprender procesos del desarrollo como la reproducción, la resistencia al cambio climático o a las plagas”.

“Este es un ejemplo concreto en que se une una empresa privada y universidades para solucionar un problema relacionado con una especie emblemática”, dice Emhart. “Ya aprendimos el trabajo con la araucaria y ahora podemos pensar en trabajar en otras especies amenazadas, como el ruil o el pitao”, agrega.

