

El objetivo es optimizar los proyectos de conservación

Equipo de investigadores secuencian el genoma de la araucaria chilena

El estudio, realizado por científicos locales y extranjeros, busca proteger y gestionar mejor la especie, que está bajo amenaza. Se tomaron muestras de Biobío y La Araucanía.

Por **Francisca Pacheco Pérez**
 cronica@diarioelsur.cl

Establecer una hoja de ruta para la óptima gestión de la araucaria chilena, que permanece bajo riesgo de extinción, es uno de los resultados clave de un estudio que nace a través de una alianza entre la Universidad de Concepción y la empresa forestal CMPC, en colaboración con la Universidad de Valencia, de España; y la Universidad de Wisconsin-Madison, de Estados Unidos.

El proyecto descifró cómo se codifica la información genética de esta especie –secuencia denominada genoma–, para lo cual se obtuvieron muestras de individuos de las regiones de Biobío y La Araucanía.

Esta labor, que inició hace alrededor de tres años, permite disponer de información clave para impulsar nuevas investigaciones, estudios e iniciativas de conservación de la especie, así como para diseñar estrategias más eficientes de diversidad y adaptación ante amenazas como el cambio climático, e incluso generar bioproductos.

SECUENCIACIÓN

Verónica Emhart, subgerente de mejoramiento forestal de CMPC, explicó que las muestras de material genético fueron extraídas de distintas poblaciones de la Cordillera de Nahuelbuta y Villa Las Araucarias, “desde donde se obtuvo un brote epizootico que se llevó a la UdeC y ahí se extrajo el ADN y ARN. También, de cultivos in vitro se sacó tejido llegando a una pure-

● Secuenciación

El director del proyecto indicó que para la etapa secuenciación del genoma se usó tecnología de segunda y tercera generación, permitiendo agilizar dicho proceso.



La información que reveló el estudio permitirá gestionar mejor la especie, a través de programas de conservación y monitorización, por ejemplo.

za muy alta, se envió a Wisconsin, ahí se realizó la secuenciación y luego esa gran cadena de ADN volvió a la UdeC, donde se ensambló el genoma”.

En esa misma línea, el doctor y

académico de la Facultad de Ciencias Forestales de la UdeC y director del proyecto, Rodrigo Hasbún, indicó que el proceso de secuenciación consta además de otras dos etapas, que contemplan el en-

samblado y anotación de este material genético.

“Para la primera parte se usó tecnología de segunda y tercera generación. Por ejemplo, la secuenciación del genoma humano se hizo con tecnología de primera y tardó diez años. Con la de segunda hoy tardan alrededor de un día, y con la de tercera algunas horas, y lo que se demora muy poco es el ensamblado. Es como tener un puzzle de un metro cuadrado; con la tercera generación estamos hablando de 50 piezas muy grandes, y con la segunda estamos hablan-

do de 2 mil piezas”, explicó.

RESGUARDAR LA ESPECIE

Tomás Matus, representante del Instituto de Biología Integrativa de Sistemas de la Universidad de Valencia, detalló que este trabajo “tiene un impacto profundo en lo que son los programas de conservación, en proporcionar evidencia que aporte a la toma de decisiones y la gestión de recursos nacionales. Se pueden desarrollar programas de monitorización de los individuos, incluso permite tener el

3

años suma la iniciativa que apunta a una mejor gestión de la araucaria chilena, en peligro de extinción.

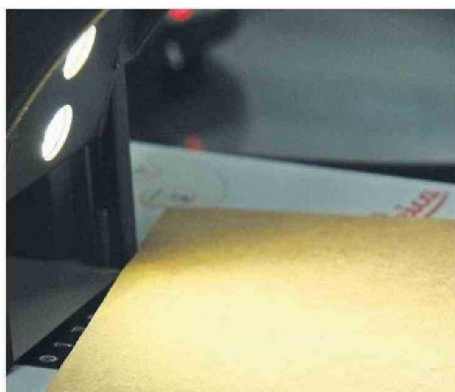
“Vamos a poder encontrar zonas del genoma que son diferentes entre los individuos de un territorio y otro, y con eso hacer pruebas de trazabilidad para temas de restauración”.

Rodrigo Hasbún, académico de la Cs. Forestales UdeC y director del proyecto.

catálogo de genes presentes, entonces se puede contribuir a comprender los procesos de desarrollo, como pueden ser la reproducción, resistencia al cambio climático o a las plagas”.

Porsu parte, el director del proyecto indicó que “la araucaria araucana que crece en la Cordillera de la Costa es distinta a la de Los Andes. Ahora, vamos a poder encontrar zonas del genoma que son diferentes entre los individuos de un territorio y otro, y con eso hacer pruebas de trazabilidad para temas de restauración. Por ejemplo, la autoridad en los puertos va a poder con un test genético rápido poder determinar si la araucaria que se está exportando viene de la costa –de donde está completamente prohibido sacar semillas–, o de Los Andes, donde sí está permitido”.

Los resultados fueron dispuestos en una plataforma pública, con la finalidad de que puedan ser aprovechados por la comunidad científica. “Tenemos una versión 1.0 del ensamble del genoma, que llegó a juntar 21 gigabases de ADN. Lo que tenemos que hacer ahora es mejorar el ensamble y llegar a una 2.0, más adecuada para futuras investigaciones”, señaló Verónica Emhart.



Las muestras utilizadas en el estudio fueron extraídas de individuos de araucaria en la Cordillera de Nahuelbuta y Villa Las Araucarias.

PRESENTACIÓN DE LOS RESULTADOS

El 10 de septiembre, la UdeC y la CMPC dieron a conocer a la comunidad científica y académica los hallazgos del estudio, en una instancia realizada en el vivero Carlos Douglas de Yumbel. En la jornada, la vicerrectora de Investigación y Desarrollo de la UdeC, Andrea Rodríguez, expresó que “no se ve sólo un objetivo económico de desarrollo, sino que también busca un estudio científico y tecnológico en torno al desarrollo de biodiversidad y en el análisis del país en un tema tan importante, y que es emblemático en términos culturales”.