

Continúa en pág. 11

¿Qué es un genoma? ¿Por qué es relevante secuenciar? ¿Cómo se puede aplicar el conocimiento? Varias preguntas surgen a raíz del hito científico local en torno a nuestra Araucaria y sus respuestas son clave para dimensionar el gran potencial de impacto del resultado y los avances que sigan.

Genoma y complejidad

El genoma es la totalidad del material genético (ADN) de un organismo o especie, y se puede descifrar como código mediante la tecnología de secuenciación.

"Hoy la secuenciación de genoma no es tan compleja. El de una bacteria demora horas y del humano puede tardar días. Pero, el de la Araucaria es 8 veces más grande que el humano y no hay otra que tenga un buen genoma (decodificado). Entonces, secuenciar y armar el genoma toma tiempo por lo grande que es, y se requiere mucha capacidad de cómputo", aclaró Rodrigo Hasbún.

Y el investigador que integra el equipo Oscar Toro, académico del Departamento de Botánica de la Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas de la UdeC, profundizó que "la Araucaria araucana es representante de las gimnospermas, un grupo bastante ancestral en la clasificación de plantas y todas se caracterizan por tener un genoma excesivamente grande".

En números significa que "el genoma humano son cerca de 3,2 gigas base y en la Araucaria son 25 a 26 millones. Necesitas mucho tiempo de secuenciación y una fuerte inversión para tener la suficiente cantidad de lectura", expuso. Por ello que "éste podría ser el genoma más grande ensamblado en Chile hasta el momento".

Aplicación e impacto

Una magnitud que hace juicio al tamaño del simbólico árbol milenario. Y así de grande es también el potencial de impacto de lograr descifrar el genoma y que, de cara al futuro, debería saberse aprovechar por actores competentes.

Lo primordial está en comprender mucho más la evolución, adaptación y resiliencia para fortalecer su protección y preservación, de una especie cuyo estado de conservación está clasificado como "en peligro" según la Unión Internacional para la Conservación de la Naturaleza (IUCN) y el Ministerio de Medio Ambiente. Tala, pastoreo y merma a la cosecha de su semilla, cambio en el uso de suelo incendios forestales y cambio climático se consideran principales amenazas del gigante de crecimiento extre-

OSCAR TORO Y RODRIGO HASBÚN abordaron la complejidad y logros de la secuenciación del genoma de la Araucaria.



FOTO: CEDIDA POR GIRO

Hacia la secuenciación del genoma del pehuén: del reto al hito científico

madamente lento.

Ante ello es que conocer el genoma puede jugar un rol clave, desde la comprensión de los ancestros hasta la especie moderna.

"El linaje de las Araucarias es bastante antiguo, los ancestros directos de la Araucaria araucana estuvieron con los dinosaurios. La Araucaria tiene distribución gondwánica y las especies se encuentran desde Nueva Zelanda, parte de Argentina y Chile, y algunas zonas de Brasil, y no hay más. Por eso se conforma como fósil vivo, porque tiene la herencia de todos esos linajes que están representados en ese descendiente. Y desde ese punto de vista el genoma puede tener múltiples aplicaciones", sostuvo Toro.

Porque en el genoma van quedando huellas que pueden hablar del pasado e impactar al presente.

Ejemplificó la posibilidad de indagar cómo era la vida de la planta en la prehistoria y comparar con el tiempo actual; su exposición y adaptación y resiliencia ante eventos climáticos extremos como sequías y

otras presiones ambientales; la vulnerabilidad o resistencia ante patógenos u otras amenazas.

Son algunas posibilidades de investigaciones y conocimientos que se podrían generar y aplicar en la toma de decisiones y diseño de estrategias o políticas relacionadas al monitoreo, restauración y conservación con más efectividad en un largo plazo.

Del presente al futuro

El estado del genoma es lo que Hasbún denominó "versión 0.0", una base desde la que van avanzando a nuevas etapas hasta llegar a un genoma completo a escala de cromosomas en un futuro cercano.

"Tenemos que terminar de unir los fragmentos. Generamos 10 TB de información y para ensamblar el genoma usamos sólo 500 MG. Entonces, nos queda un montón de secuencia que podemos usar para mejorar lo que tenemos y pasar a una versión 1.0, donde además van a estar anotados los genes de Araucaria araucana. Después

viene la versión 2.0, que es tratar de ordenar los fragmentos y llegar a escala de cromosomas, la más visible que tenemos del ADN. En la Araucaria deberían ser 12 y ya tenemos secuenciado al cloroplasto y mitocondria", detalló.

Y mientras más completa la versión del genoma, más precisa la búsqueda de respuestas y diversas las investigaciones como las aplicaciones que se posibilitan: "da para décadas de trabajo a partir del genoma", afirmó.

Sobre esta base también se espera usar la tecnología y experiencia para abordar otras especies con problemas de conservación, pudiendo seguir sumando hitos en la ciencia local.

Hoy existen 22 genomas de referencia de especies de coníferas, sólo 1 está completamente ensamblado y 5 a nivel de cromosomas, y ninguno de referencia para una Araucaria.

OPINIONES

Twitter @DiarioConcepcion
 contacto@diarioconcepcion.cl