

En Yumbel presentan hito científico que permitió secuenciar el genoma de la araucaria araucana

Se trata de un trabajo conjunto entre la academia y la empresa privada que en los últimos dos años permitió descubrir buena parte de su código genético de esta emblemática especie, en una alianza que también involucró a centros estadounidenses.

El vivero Carlos Douglas de Yumbel, se presentó a principios de la semana un gran descubrimiento de la ciencia chilena: la secuenciación del genoma de la araucaria araucana, que ayudará a gestionar su riesgo de extinción.

El hito - que fue socializado entre el mundo científico, académico y los medios de comunicación -, contó con la presencia del seremi de las Ciencias de la Macrozona Centro Sur, Gustavo Núñez, quien resaltó el "muy importante aporte del mundo privado a la ciencia, a la obtención de datos de alta calidad, que van a seguir para la comunidad su conjunto, para el país y el mundo".

A su juicio, la liberación de los datos genómicos "nos servirán para el manejo de esta especie, para su conservación y para enfrentar la triple crisis que involucra el cambio climático, la pérdida de biodiversidad y la contaminación".

Este descubrimiento fue un trabajo conjunto entre la Universidad de Concepción y Empresas CMPC, que durante los últimos dos años permitió

descubrir buena parte de su código genético, alianza que también involucró a centros estadounidenses.

"Le damos la importancia a la colaboración con una empresa como CMPC, con la que mantenemos una alianza estratégica en distintos ámbitos y este es uno en el cual no se ve solamente un objetivo económico de desarrollo, sino que también busca un estudio científico y tecnológico en torno la biodiversidad", puntualizó Andrea Rodríguez, vicerrectora de Investigación y Desarrollo de la Universidad de Concepción.

En ese marco, la docente destacó "el análisis de sustentabilidad del país en una temática tan importante como es un genoma para la araucaria, que es el primero que se hace en el país y que es emblemática para Chile en términos culturales".

Ignacio Lira, gerente de Asuntos Corporativos de CMPC manifestó que es hacer de la empresa "trabajar por la conservación de la naturaleza, y así lo hemos venido



"DEL PUNTO DE VISTA GENÉTICO, es el estudio más importante en los últimos años en una especie nativa chilena", indicó Verónica Emhart, subgerente de Mejoramiento Forestal de CMPC.

haciendo hace bastante tiempo", citando los trabajos para recuperar el toromiro (*Sophora toromiro*), árbol endémico de Rapa Nui, y el pitao o canelillo, especie en peligro de extinción que está siendo plantada en un corredor biológico en la zona de Nacimiento.

HITO CIENTIFICO

Quizás no muchos sepan qué es un genoma, pero más allá del tecnicismo, es clave saber que su detección supone un gran avance para preservar y restaurar especies, sobre todo aquellas más comprometidas.

En específico, el genoma es la totalidad del material genético que posee un organismo o una especie en particular, y

la secuenciación es una tecnología que permite conocer y descifrar el código genético (secuencia completa del ADN) que tienen todos los organismos. En este contexto, es que recientemente la ciencia chilena registró un relevante hito en cuanto a una especie nativa chilena como es la araucaria araucana, en riesgo de extinción.

Y es que, producto de una alianza entre CMPC y el Laboratorio de Epigenética Vegetal, liderado por el Dr. en Biología Rodrigo Hasbún (Universidad de Concepción, Chile) y el Instituto de Biología Integrativa de Sistemas (I²SysBio), representado por el Dr. Matus Matus (Universidad de Valencia), se secuenció el genoma de esta especie.

¿Qué significará en la práctica? "Los genomas de referencia y los datos genómicos de las poblaciones pueden ayudar a mejorar las estrategias de seguimiento, conservación y restauración de la biodiversidad, haciendo que estos proyectos sean más efectivos a largo plazo", explicó Verónica Emhart, subgerente de Mejoramiento Forestal de CMPC.

"Del punto de vista genético, es el estudio más importante en los últimos años porque permite tener el código genético, en una plataforma, completo, no parcializado y público", remarcó.

APLICACIÓN PRÁCTICA

En lo práctico, ayudará a estandarizar protocolos para detectar y monitorear la diversidad genética de las especies y su potencial adaptativo; y, como segundo punto esencial, servirá para integrar el conocimiento genético y evolutivo en la planificación de la conservación.

"Si bien aún estamos trabajando en una versión mejorada del ensamblaje, la secuencia del genoma y la posición de una parte importante de sus genes podrá visualizarse en una base de datos que estamos creando en colaboración con el Instituto de Biología Integrativa de Sistemas, en España", señaló, en tanto, el Dr. en Biología de la U. de Oviedo e ingeniero forestal UdeC, Rodrigo Hasbún.

Tras este descubrimiento, el equipo involucrado buscará seguir mejorando y lograr una versión 2.0 del genoma de araucaria en el futuro cercano. "Contamos con una primera versión del genoma de la Araucaria araucana de aproximadamente 21 G bases (21 mil millones de pares de bases de ADN), denominada v01 y ensamblada en 91.326 grandes fragmentos de ADN", especifica Verónica Emhart. La meta es unir estos fragmentos para alcanzar una escala de cromosomas, lo que requiere más secuenciación y análisis bioinformático.

