

 reportaje

Se trata de uno de los grandes descubrimientos de la ciencia chilena en el último tiempo

# Descifran el genoma de la Araucaria araucana: un hito clave para su conservación



Este avance, 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.

**A**unque muchos no estén familiarizados con el término "genoma", su detección representa un avance crucial para la preservación y restauración de es-

pecies en peligro, como la emblemática Araucaria araucana. En esencia, el genoma es el conjunto completo de material genético que posee un organismo o especie, y su secuenciación permite descifrar su código genético (secuencia completa del ADN), facilitando así su estudio y conservación. Este avance cobra especial relevancia para la Araucaria, una especie nativa chilena actualmente en riesgo de extinción.

Recientemente, gracias a una colaboración entre CMPC y el Laboratorio de Epigenética Vegetal de la Universidad de Concepción, liderada por el Dr. Rodrigo Hasbún, junto al Instituto de Biología Inte-

grativa de Sistemas (I<sup>2</sup>SysBio) de la Universidad de Valencia, dirigido por el Dr. Tomás Matus, logró la secuenciación del genoma de la Araucaria araucana. Este esfuerzo conjunto abre nuevas oportunidades para la conservación genética de la especie.

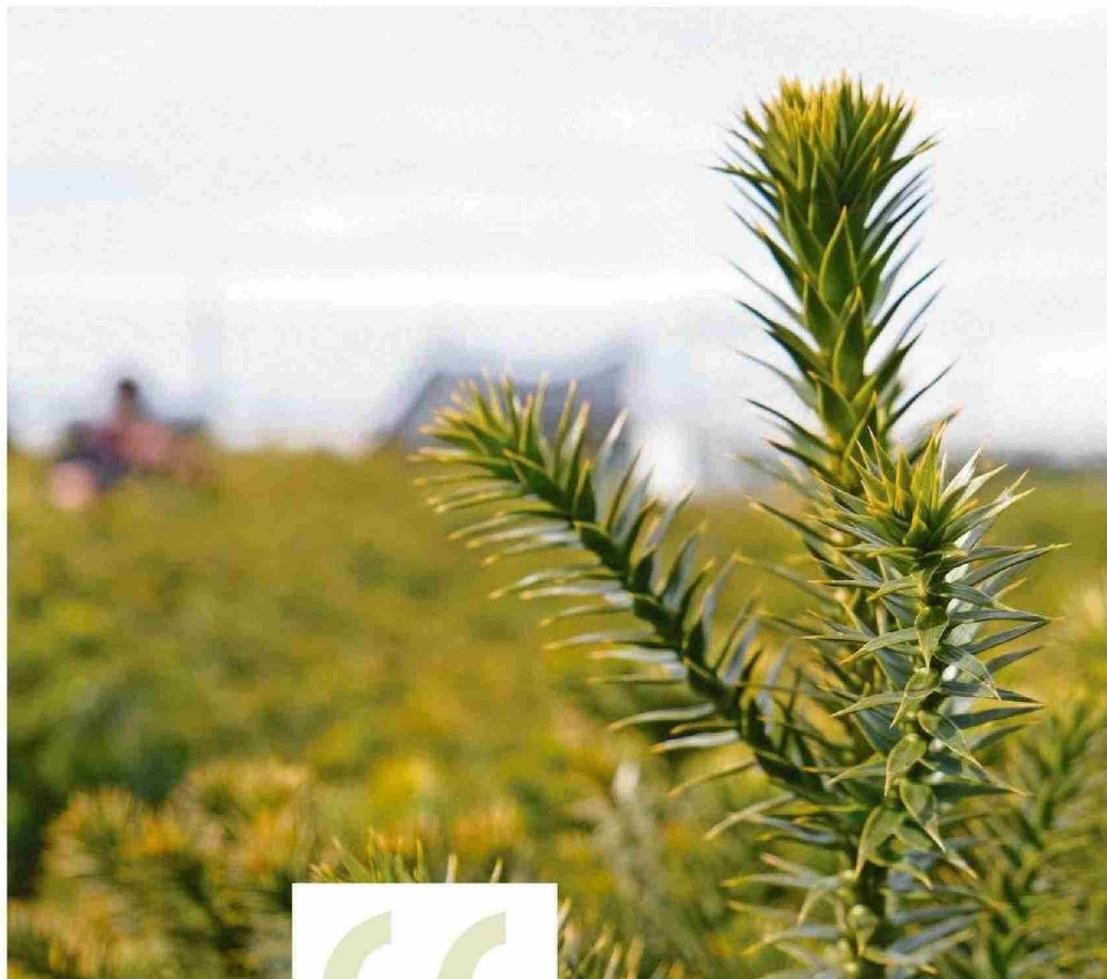
**IMPACTO**

Pero ¿qué significará esto 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.

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


**reportaje**

**MÁS REACCIONES:  
 HITO CIENTÍFICO EN  
 YUMBEL**

Este martes 10 de septiembre en el vivero Carlos Douglas de Yumbel se realizó un hito donde CMPC y UdeC compartieron con el mundo científico, académico y con los medios de comunicación este gran descubrimiento.

"Aquí es muy importante relevar el 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. Han liberado datos genómicos que nos van a servir también 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", indicó Gustavo Núñez, Seremi de Ciencias de la Macrozona Centro Sur.

"Le damos la importancia que tiene una colaboración con una empresa como CMPC, con la que mantenemos una alianza estratégica en distintos ámbitos y este es un ámbito en el cual no se ve solamente un objetivo económico de desarrollo, sino que también busca un estudio científico y tecnológico en torno al desarrollo de biodiversidad y en el análisis de sustentabilidad del país en una temática tan importante como es un genoma para la araucaria, el primero de genoma en araucaria que se hace en el país y que es emblemática para Chile en términos culturales", puntualizó Andrea Rodríguez, vicerrectora de Investigación y Desarrollo de la Universidad de Concepción.

"Es quehacer de CMPC trabajar por la conservación de la naturaleza, y así lo hemos venido haciendo desde hace bastante tiempo, con el trabajo con el Toromiro (*Sophora toromiro*) que es este árbol de la isla de Pascua, con el cual hemos trabajado en su recuperación; como ha sido también con el Pitao para generar este corredor biológico en la comuna de Nacimiento, y ahora sumamos la Araucaria. Hace ya un par de años lanzamos nuestra estrategia de naturaleza, conservación y diversidad y este evento se enmarca en ese trabajo", señaló Ignacio Lira, gerente de Asuntos Corporativos de CMPC.

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.

**DESDE LAS CORDILLERAS DE NAHUELBUTA Y LOS ANDES A EE.UU.**

El estudio en terreno contempló la visita periódica a dos localidades de distribución de Araucaria araucana que CMPC posee en la Cordillera de Nahuelbuta: Trongol y Villa Las Araucarias, y adicionalmente ejemplares en la Cordillera de los Andes en los sectores de Malalcahuello y Lonquimay. El material fue colectado con el escalamiento de los árboles mediante una técnica no invasiva utilizando cuerda con la técnica SRT. Se hicieron varios ensayos para definir el material de origen para extraer

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".

*Verónica Emhart,*  
 subgerente de Mejoramiento Forestal de CMPC.

ADN y ARN más idóneo para la secuenciación, tanto de terreno como de material invitro.

Luego, el material fue almacenado en un cooler para evitar la deshidratación de los tejidos hasta su destino final en laboratorios en Concepción. Allí se extrajo el ADN y ARN de cantidad y pureza suficiente para la secuenciación.

Posteriormente, estas muestras fueron enviadas por un servicio de mensajería expresa al Biotechnology Center y a la Universidad de Wisconsin-Madison en Estados Unidos, para su secuenciación. Dado que las muestras estaban altamente concentradas, fueron menos susceptibles a degradarse y viajaron por casi una semana sin sufrir mayor daño.

**LO QUE VIENE**

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.

Sobre por qué CMPC se involucró en este desafío, Emhart detalló que "lo principal fue contar con

una primera versión de ensamble más completo, como una gran cadena y que estuviera disponible en una plataforma de uso público para la comunidad científica. Como empresa destinamos un porcentaje importante de nuestro patrimonio a la conservación de especies nativas, y como líderes de la actividad forestal sentimos que era una contribución necesaria para nuestro ecosistema y país".

La meta es unir estos fragmentos para alcanzar una escala de cromosomas, lo que requiere más secuenciación y análisis bioinformático. También se está trabajando en la anotación del genoma para identificar elementos funcionales como genes y secuencias de ARN no codificante. Actualmente, existen 22 genomas de referencia de especies de coníferas, pero solo uno está completamente ensamblado y cinco están a nivel de cromosomas.

"No hay genoma de referencia para ninguna especie de araucaria", cierra Verónica Emhart.