

sociedad



Ejemplares de lince ibérico en el centro de cría en cautividad El Acebuche, en Doñana (Huelva). / EFE

Genoma para salvar al lince

La información obtenida de la secuenciación del ADN empieza a aplicarse para mejorar la producción olivarera o lograr animales menos propensos a enfermar

DANIEL MEDIAVILLA
Madrid

Hace más de una década, se secuenció el primer genoma completo de un ser humano. La metáfora decía entonces que aquello era nuestro *libro de instrucciones* e incluso el lenguaje de Dios. Después de aquel hito, a partir de mitad de la década pasada, la mejora en las técnicas para extraer esa información facilitó que una gran variedad de especies de todos los reinos de la vida hayan visto secuenciado su ADN. Aunque el tiempo ha demostrado que utilizar esa información para manipular los mecanismos de la vida no es tan fácil como se pensó en un principio, ya están empezando a aparecer aplicaciones.

“La utilidad del genoma irá creciendo cuando sepamos qué genes son útiles para qué, pero aunque se tardará tiempo, ese conocimiento sería mucho más difícil de conseguir sin el genoma, que acelera el conocimiento de cualquier organismo”, afirma Toni Gabaldón, investigador del Centro de Regulación Genómica de Barcelona. Gabaldón ha participado en la secuenciación, entre otras especies, del lince ibérico y de un olivo milenario que perteneció al banquero, recientemente fallecido, Emilio Botín. El olivo es una especie que tarda mucho en alcanzar su producción máxima. Secuenciar el genoma permitirá ver qué cambios ha habido durante la domesticación, estudiar las variabilidades genéticas relacionadas con los tipos de aceite que ofrece cada variedad del árbol y definir estrategias para conseguir esas propiedades. Aunque esos cambios se busquen con sistemas de cruce tradicional, se pueden dirigir mejor y se conocen en mucho menos tiempo.

Con la secuenciación del geno-

ma del lince, “el objetivo era entender la dinámica poblacional de los animales para entender cuál es el riesgo de colapso de esa población y optimizar los cruces”, afirma Gabaldón. Gracias a la información que proporciona el genoma, es posible identificar qué regiones están relacionadas, por ejemplo, con problemas de resistencia a enfermedades víricas y

Estudiar los cromosomas abre vías de investigación en oncología

con esa información se puede evitar cruzar a individuos que vayan a producir crías proclives a esas dolencias.

Pero sin duda una de las aplicaciones más esperadas tiene que ver con las posibilidades que el conocimiento del genoma ofrece para la salud humana. En estos días se están celebrando reuniones para realizar un análisis sistemático de los datos obtenidos en



Un olivo centenario en un vivero de Cabanes (Girona).

el proyecto del Atlas del Genoma del Cáncer de EE UU y el consorcio internacional para secuenciar el genoma de más de 70 tipos de cáncer. Este último proyecto, en

el que España participa secuenciando el genoma de la leucemia linfática crónica, ha permitido detectar gran cantidad de variaciones genéticas relacionadas con la

enfermedad, pero también ha mostrado su complejidad y las dificultades para combatirla.

“Analizando todo el genoma de un tumor y comparándolo con muchos tumores de ese mismo tipo, hemos encontrado que no hay dos iguales. Las alteraciones que han generado un tumor son únicas para ese tumor y ese paciente, y aunque hay algunas comunes, otras son completamente distintas”, contaba en una entrevista con *Materia* Carlos López-Otin, uno de los directores del proyecto. Además, continuaba, “se ha aprendido que no solo cada tumor es diferente sino que dentro de un mismo tumor hay diferencias”. Interpretar toda esta información requerirá la generalización del uso de la computación para darle sentido y la aparición de más perfiles profesionales híbridos, que aúnen el conocimiento informático y el biológico.

“La práctica clínica está muy regulada e introducir nuevos protocolos y nuevos tratamientos no es tan fácil”, señala Alfonso Valencia, investigador del CNIO y uno de los grandes expertos en esa intersección de conocimientos en el que crece la bioinformática. Precisamente por la dificultad para gestionar esa cantidad de información, cuenta Valencia que muchas veces, para los médicos que tratan con pacientes a diario, es más práctico hacer análisis limitados a los genes mejor conocidos, como los BRCA1 y BRCA2, relacionados con el cáncer de ovario o mama, y no ahogarse en la inmensa información de un genoma completo. Sin embargo, las secuenciaciones más amplias sirven para que los investigadores puedan identificar las variaciones genéticas de interés sobre las que luego se actuará en los hospitales.

Otra de las aplicaciones de la secuenciación genómica del cáncer mencionada por Valencia tiene que ver con un cambio de enfoque para tratar la enfermedad. “Se trata de organizar ensayos clínicos para buscar tratamientos no centrándote en el tipo de cáncer, si es de pulmón o de páncreas, por ejemplo, sino por el perfil de mutaciones”, explica.

Hacer visible lo invisible

D. M., Madrid

Uno de los campos en los que la secuenciación masiva está produciendo cambios revolucionarios es el estudio de los microorganismos. Antes, observando a través de un microscopio era complicado clasificar la gran cantidad de microorganismos que habitan nuestro estómago o la superficie de una mesa. La secuenciación ha abierto

la posibilidad de estudiar todos esos ecosistemas microscópicos que tienen una gran influencia en todo tipo de procesos, desde la digestión a la producción de alimentos.

José Luis García, investigador del Centro de Investigaciones Biológicas del CSIC y socio fundador de la empresa Life Sequencing, explica cómo aplican las tecnologías de secuenciación a todo tipo de proce-

sos. “Nosotros empleamos esta información, por ejemplo, para conocer mejor algunos tipos de bacterias que se utilizan para producir antibióticos”, señala. “Utilizamos la biología de sistemas y creamos modelos para adaptar la bacteria de forma que se mejore la producción”, afirma. Según García, las grandes aplicaciones de esta tecnología llegarían en 10 años.