



Harris Lewin: ¿por qué este biólogo está secuenciando el ADN de todas las especies del planeta?

► El biólogo estadounidense Harris Lewin lidera el Proyecto BioGenoma de la Tierra, una especie de Arca de Noé en la vida actual.

El científico de EE.UU. y líder del Proyecto BioGenoma de la Tierra estuvo en Chile para hablar de un gigante y ambicioso plan de almacenar el ADN de casi dos millones de especies en el mundo.

Francisco Corvalán

Como un profeta en tiempos contemporáneos, el biólogo estadounidense, Harris Lewin, ha liderado el Proyecto BioGenoma de la Tierra (EBP por sus siglas en inglés), que busca secuenciar el ADN de todas las especies eucariotas conocidas. Una especie de Noé en la vida actual.

No hay arca, eso sí, pero sí cuenta con una red de colaboración científica que trabaja para recolectar, clasificar y almacenar la información genética de 1,8 millones de especies animales y vegetales. En Chile, por ejemplo, está el proyecto "1000 genomas", donde un grupo de instituciones científicas locales buscan realizar esta secuenciación de las especies endémicas que habitan en el país.

Según reconoce Lewin, todo esto es un proyecto muy grande y ambicioso, sobre todo porque la gran biodiversidad que hay en algunas zonas, y donde incluso existe una gran cantidad de especies endémicas, o que solamente se encuentran allí. Ya llevan un avance de esta recolección, pero se enfrentan a desafíos en su ejecución, principalmente debido a la gran escala y magnitud que implica este ambicioso proyecto.

En entrevista con Qué Pasa, Harris Lewin habla sobre los próximos pasos a seguir

sobre este proyecto. Además, cuenta cómo esto podría ayudar a conocer sobre los orígenes del cáncer, y cuáles son las diferencias con otras iniciativas que buscan resguardar material genético, como la Bóveda del fin del Mundo en Noruega. Asimismo, el biólogo entrega sus apreciaciones de qué se podría hacer en el futuro si se llegara a necesitar usar el genoma almacenado en esta incursión.

Recientemente un grupo de científicos utilizó material genético de un lobo extinto para insertarlo a especies actuales y darle características de sus antecesores desaparecidos ¿Será que aún no está bien delimitado el poder y las consecuencias que puede tener el ADN?

¿Cuáles han sido los mayores desafíos en la secuenciación de los genomas de tantas especies?

El gran reto al que nos enfrentamos ahora es recoger y nombrar las especies, conseguir el nombre propio y los metadatos

asociados a cada muestra. Así que la secuenciación ya no es la parte difícil. Esa tecnología existe. Podemos hacerlo para 1,8 millones de especies, pero no tenemos los 1,8 millones de especies con nombre y es muy difícil conseguir esas especies que pueden estar ubicadas en partes remotas del mundo o en las profundidades de los océanos.

Por lo tanto, la recolección de muestras se está convirtiendo en el mayor desafío después del establecimiento de los estándares para el proyecto. Obtener las muestras, identificarlas taxonómicamente correctamente y almacenarlas adecuadamente para que puedan secuenciarse, ha sido nuestro mayor desafío en este momento.

¿Cuántas especies han secuenciado en lo que llevan de proyecto?

Más de 3.500 especies hasta ahora.

¿Y cuánto depende esto de la colaboración de otros científicos en el mundo?

Muchísimo, porque hay especies endémicas, como el 50% de las especies en Chile. Entonces, ¿cómo vamos a ejecutar este proyecto si no tenemos capacidad local, gente que pueda identificar las especies aquí? Son las mejores personas.

Sus biólogos chilenos conocen la especie. Así que sí, es extremadamente importante que desarrollemos la capacidad local para que la biodiversidad pueda ser recolectada y secuenciada en su lugar de origen. No podríamos ejecutar esto, a menos que seamos un proyecto global.

¿Es este proceso diferente de, por ejemplo, la Bóveda del Fin del Mundo, que almacena semillas y tubérculos en Noruega?

Somos muy diferentes en la forma en que se pensó un banco de semillas, que es que lo recoger y congelar. Nosotros tenemos que recolectar las muestras, congelarlas, luego secuenciarlas, bioalmacenarlas, empaquetarlas, para que podamos volver a ese espécimen nuevamente si necesitamos recolectar tejidos o resecuenciar si algo falla.

Si la secuenciación falla, hay que volver a la muestra original. Por lo tanto, tenemos una construcción muy diferente a la de un ejemplo de Svalbard.

¿Y cuáles son las consideraciones éticas más importantes que los científicos deben tener en cuenta?

Nosotros no estamos editando, lo que creamos es la secuencia que se puede editar. Por lo tanto, no estamos preocupados por el uso malicioso. Las mayores preocupaciones éticas que tenemos es cuando trabajamos con especies en peligro de extinción. Entonces, si solo queda una de esta planta sobre la faz de la tierra, ¿necesito matar esa última planta para obtener su secuencia de ADN antes de que desaparezca para siempre? Esa es una cuestión ética muy fuerte.

¿Cree que los científicos de Colossal Biosciences hicieron bien en “desextinguir” (por así decirlo) al lobo gigante?

Aquí no hay nada correcto o incorrecto. Hay algunas preguntas científicas muy buenas, y cuando miras realmente lo que han hecho, no des extinguieron a un lobo huargo. Lo que hicieron fue hacer 20 cambios en un lobo gris con genes o alelos, variantes de esos genes que coinciden con el lobo huargo que están en el lobo gris. Que coincidan con el lobo huargo y los pongan en el otro lobo.

Así que no es un lobo huargo, a menos que reconstruyas todo el genoma. Puede parecer, puede tener pelo como el de un lobo huargo, pero en realidad no es un lobo huargo. Es un proceso que eventualmente conducirá a organismos que son muy parecidos a esos organismos extintos, pero no son idénticos.



► “Es muy difícil volver atrás y secuenciar al animal después de que se ha extinguido, el ADN se degrada”, dice Lewin.

¿Pero podría esto escalar y avanzar a “revivir” especies que estén extintas, u otras que estén en peligro grave de desaparecer?

Es muy difícil volver atrás y secuenciar al animal después de que se ha extinguido. El ADN se degrada. Y por eso queremos secuenciarlo mientras aún está vivo, para que podamos obtener un genoma muy completo, de modo que en algún momento posterior, cuando las biotecnologías reproductivas se pongan al día, se pueda usar esa secuencia para des extinguirse realmente.

Si eso tiene sentido, ética, moral y científicamente, o por razones económicas. Esto tiene que tener una motivación muy fuerte, y que no sea como Jurassic Park.

¿En qué circunstancias los científicos podrán utilizar el material de esta biblioteca de ADN?

Una política del Proyecto Biogenoma de la Tierra es hacerlo abierto y estar disponible gratuitamente para cualquier persona y para cualquier uso.

Ahora, más adelante, si quieres desarrollar un producto a partir de esa secuencia, eres libre de hacerlo, pero debes asegurarte de atribuir la muestra a las personas que la recolectaron y, a veces, a las personas que hicieron la secuenciación.

¿Y qué próxima investigación será posible realizar una vez que se hayan completado todas las especies?

Bueno, hay tantas cosas. Sabemos que sus aplicaciones en la agricultura, que pueden ser las más tempranas, resolviendo gran-

des problemas relacionados con la productividad, el rendimiento o la resistencia a enfermedades, la tolerancia a la sequía, a la sal en plantas que a medida que sube el nivel del mar, vas a tener más agua salobre y tienes que tener plantas que son resistentes a las altas concentraciones de sal en el agua. Y vas a las áreas que se están calentando, las regiones se están calentando. Por lo tanto, debe tener plantas y animales que puedan resistir las temperaturas más altas. Y eso es un rasgo genético. Eso ya lo sabemos. Esas son algunas de las cosas importantes en la agricultura, pero hay medicinas de la naturaleza, tratamientos para el cáncer, la diabetes y las enfermedades cardíacas, las enfermedades crónicas que afectan a los humanos. La respuesta a estas preguntas probablemente ya esté en algún lugar de la naturaleza. Solo hemos secuenciado el 1% del organismo. Así que la naturaleza ha encontrado una solución para casi todo. Y así, en algún lugar va a haber una cura para el cáncer.

¿Han calculado cuánto tiempo necesitan para secuenciar todas las especies que planean resguardar?

Sí, si tuviéramos todo el dinero a nivel mundial para recoger todas las muestras en el mundo, se puede hacer en 10 años.

¿Y cómo ha sido esta intención de colaboración de otras instituciones científicas, por ejemplo, acá en Chile?

Bueno, tenemos 58 proyectos a nivel internacional, y el Proyecto 1000 Genomas de Chile es un proyecto que involucra a múltiples instituciones. Por lo tanto, no

solo tiene su sede en la Universidad de Chile o en la Universidad Católica. Personas de todas las universidades del país están participando en esta iniciativa.

¿Cómo ha contribuido su investigación sobre la comprensión de los orígenes del cáncer?

Cuando se desarrolla cáncer, el genoma de la célula cancerosa se reorganiza. Los cromosomas tienen inversiones, translocaciones, deleciones, por lo que los genomas no son normales en una célula cancerosa.

Y lo que hemos descubierto es que los lugares donde los genomas se reorganizan en el genoma, los sitios de ruptura y unión, son los mismos sitios que se rompen en la evolución. Así que hay una superposición en esos sitios. Son regiones frágiles del genoma que se romperán bajo condiciones ambientales, condiciones ambientales diferentes.

Y así, comprender los procesos naturales de la evolución del genoma nos brinda información profunda sobre cómo evolucionan los genomas del cáncer para evadir el sistema inmunológico del huésped, por ejemplo.

Porque el cáncer, cuando le das quimioterapia a un paciente con cáncer, es una presión de selección muy fuerte. Realmente estás tratando de matar esa célula sin matar a las células huésped. Y lo que eso obliga a hacer a la célula cancerosa es mutar, evitar que el agente quimioterapéutico ya no funcione. Amplificará los genes. Hará todo lo posible para sobrevivir. Es una especie de evolución en acción. ●