



# ESCRUTAR LOS GENES

**MILLONES DE AÑOS.** Una nueva tecnología permite escrutar los genes de hace millones de años, lo que abre la puerta a investigar la evolución de la vida a lo largo de los últimos siglos, y es un avance para comprender el código de la vida

DL | LEÓN  
■ Investigadores del Centro de Regulación Genómica (CRG) de Barcelona han descrito una nueva tecnología que permite comparar simultáneamente 1,4 millones de secuencias genéticas y clasificar cómo se relacionan entre ellas, lo que posibilita escrutar la genética de millones de años atrás.

«Es como si hubiésemos construido un 'Telescopio Espacial Hubble' para estudiar la evolución de la vida a través de secuencias del genoma», explican los científicos, que describen su nueva herramienta en la revista 'Nature Biotechnology'.

Según los científicos, esta tecnología puede reconstruir cómo ha evolucionado la vida a lo largo de cientos de millones de años y supone un importante avance para comprender el código de la vida para cada especie viva de la Tierra.

Cédric Notredame, investigador del CRG y autor principal del estudio, señala que la secuenciación del genoma de la vida en la



## Plantas más resistentes

Los investigadores pueden utilizar el MSA para entender cómo han evolucionado algunas especies de plantas para ser más resistentes a la crisis climática o de qué modo mutaciones genéticas de una especie las hace vulnerables a la extinción.

## Reconstrucción de la evolución de la vida

La técnica permite reconstruir la evolución de la vida a lo largo de cientos de millones de años, y comprender los principales hitos de la evolución que hasta ahora no podían ser calculados.

Tierra puede develar secretos hasta ahora desconocidos que aporten nuevas visiones sobre la evolución y aporten nuevos alimentos, fármacos o materiales.

«Actualmente utilizamos alineamiento múltiple de secuencias (MSA) para comprender el árbol genealógico de la evolución de las especies. Cuanto mayor sea tu MSA, mayor será el árbol y más profundamente podremos escarbar en el pasado, y podremos descubrir cómo aparecieron y se separaron las especies entre sí», ha puesto como ejemplo Notredame.

«Lo que hemos hecho nos permite excavar diez veces más profundamente y nos ayudará a escrutar cientos de millones de años atrás», según resume el científico.

Según Notredame, la nueva tecnología «es una máquina del tiempo que nos explica de qué forma las antiguas limitaciones influyeron en los genes para dar lugar a la vida tal como la conocemos hoy, pareciendo a cómo el Telescopio Espacial Hubble observa cosas que ocurrieron hace millones de años para ayudar a comprender el universo en el que vivimos».

Los avances tecnológicos han hecho que la secuenciación sea más barata que nunca y algunos proyectos, como el Earth BioGenome Project, pueden llegar a decenas de millones de secuenciaciones, pero los investigadores no han podido sacar el máximo provecho de esos inmensos conjuntos de datos porque los MSA actuales no pueden analizar con exactitud más de 100 000 secuencias.

«Hemos dedicado cientos de miles de horas de cálculo para

«CON ESTAS  
TÉCNICAS LA  
CIENCIA ENTRA EN  
UNA ÉPOCA DE  
COMPRESIÓN  
BIOLÓGICA  
ENORMEMENTE  
MEJORADA»

probar la eficacia de nuestro algoritmo», confesó Evan Flodin, investigador del CRG.

«Mi esperanza es que, al combinar lecturas de instrumentación de gran rendimiento con computación de alto rendimiento, la ciencia entre en una época de comprensión biológica enormemente mejorada, que aporte finalmente mejores resultados para los consumidores, los pacientes y nuestro planeta en general», concluyó Flodin.

En la investigación también han participado la Universidad Pompeu Fabra, la escuela de estudios internacionales ESCI y el Instituto de Ciencia y Tecnología de Austria.



El descubrimiento permite estudiar la evolución de la vida a través de secuencias de genoma. CHEMA MOYA