

Especializada

Eficaz, sencilla y barata: la edición genética entra en una nueva era

Un software facilita la edición del ADN no codificante para investigadores sin experiencia en programación

JOSÉ A. RODRÍGUEZ
Barcelona

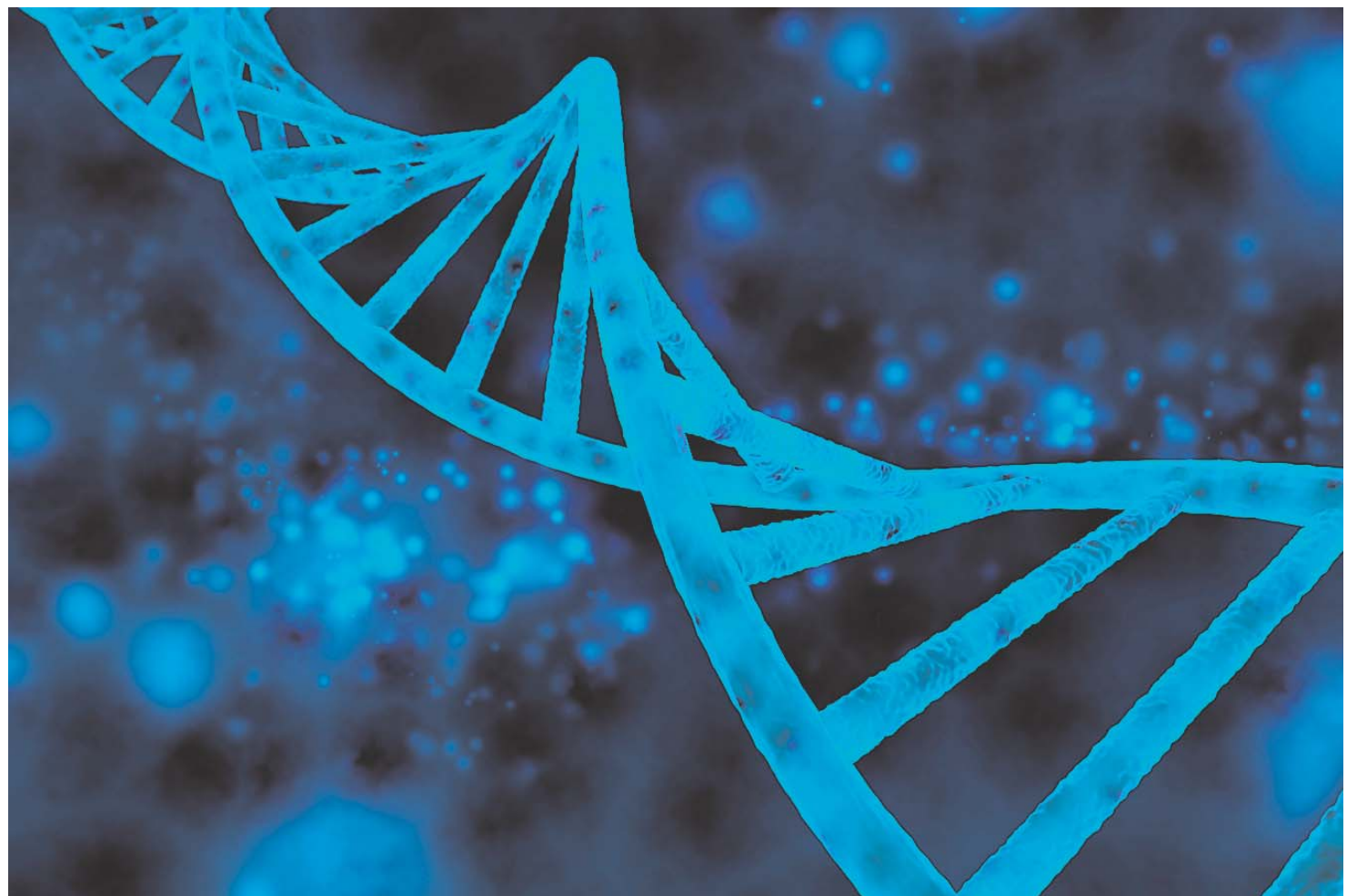
En abril de 2003, el desciframiento completo del genoma humano inauguraba una nueva era de la medicina. Los responsables del Proyecto Genoma anunciaban, después de trece años de recorrido de una iniciativa internacional en la que se habían invertido 3.000 millones de euros, que el libro de instrucciones del organismo humano, toda la cadena del ADN, estaba ya disponible para su lectura.

Pero, más allá de leer el libro del ADN, los expertos han querido editarlo para estudiar las causas genéticas de las enfermedades y desarrollar nuevas terapias. Un proceso que, hasta la aparición de la técnica Crispr-Cas9, era complejo y costoso. Esta técnica permite modificar lugares específicos del ADN que codifica para proteínas. Posteriormente surgió Decko, que puede usarse para eliminar cualquier fragmento de ADN no codificante. Ahora, expertos del Centro de Regulación Genómica (CRG) liderados por Rory Johnson (creador de Decko), han dado un nuevo paso al diseñar un software (Crispeta) que facilita y abarata todavía más esta técnica.

Como explica Estel Aparicio, del CRG, Decko utiliza dos secuencias guía (sgRNAs) que actúan como dos tijeras moleculares y cortan un fragmento de ADN de forma efectiva y sencilla. Las secuencias guía son, como señala esta experta, “veinte nucleótidos que son específicos de la zona del ADN en la que se quiere cortar, son iguales que esa zona”. En la técnica Decko, se añade una secuencia algo más larga que es siempre la misma, a la que va unida la proteína Cas9, “que es la que corta el ADN”, añade Aparicio.

Esta experta señala que, las técnicas de edición genética anteriores a Crispr-Cas9 y Decko, eran útiles, “pero muy complejas y caras y, por tanto, poco accesibles”. En cambio, las nuevas herramientas, al ser más sencillas de emplear y más baratas, “están disponibles para cualquier investigador”. Crispeta está pensado para que lo utilicen investigadores sin experiencia en programación. Los usuarios podrán, por ejemplo, eliminar una región que se sospecha que puede ser funcional de ADN no codificante y comprobar el resultado experimentalmente a nivel celular o molecular.

Asimismo, cabe destacar que Crispr-Cas9 permite la edición genética del ADN



Actualmente hay en marcha numerosas investigaciones para simplificar y abaratar todavía más las técnicas de corta y pega genético.

CORTA Y PEGA



Las secuencias guía (sgRNAs) —representadas por las cintas de color naranja— indican a las proteínas Cas9 (tijeras) el fragmento de ADN a eliminar. Crispeta diseña pares de secuencias guía (sgRNAs) óptimas para la eliminación de fragmentos. El usuario informa a Crispeta sobre qué **región es la que le gustaría eliminar** y el software propone un conjunto de pares de secuencias guía (sgRNAs) que los investigadores ya pueden usar a nivel experimental incluso a gran escala.

que codifica para proteínas, y, en cambio, con Decko se puede modificar el ADN no codificante. Este era el conocido como “ADN basura”, hasta no hace muchos años, porque se creía que no tenía una función concreta. Pero en los últimos años han aparecido investigaciones que resaltan la gran relevancia de este tipo de ADN, que, en realidad, regula la activi-

dad de los genes que sí codifican proteínas. Aparicio señala que es fundamental contar una herramienta de edición tan accesible para experimentar con el ADN no codificante, que supone el 99 por ciento de todo el genoma.

Este tipo de herramientas de edición genética está arrojando ya importantes resultados en investigación. Reciente-

EL PIONERO



Francis Mojica, investigador de la Universidad de Alicante (UA), descubrió que las bacterias tienen su propio sistema inmune y fue el primero en estudiar las **secuencias Crispr**, que dio lugar a Crispr-Cas9.

mente, científicos del Centro de Investigación del Cáncer de Salamanca (CIC) han empleado la técnica Crispr-Cas9 para suprimir el oncogén que produce la leucemia mieloide crónica. En un artículo publicado por la revista *Oncotarget* demuestran que de esta forma las células de ratón tumorales revierten a su estado normal.