

Científicos asturianos participan en la secuencia del genoma del orangután, como el humano en un 97%

● El equipo de Carlos López-Otín colaboró en el estudio, que publica hoy la revista «Nature»

● El estudio abre nuevas vías en relación con los sistemas inmunológico y reproductivo

Oviedo, Eduardo GARCÍA
El equipo de investigación del bioquímico Carlos López-Otín, del Instituto Universitario de Oncología del Principado de Asturias (IUOPA) participó en el proyecto que ha logrado descifrar el genoma del orangután, hecho relevante que abre la portada de «Nature», revista de máximo impacto científico, en su edición de hoy.

El estudio es fruto de la colaboración de más de treinta laboratorios de siete países coordinados por Devin Locke, de la Washington University, en los Estados Unidos. La aportación española fue coordinada por Arcadi Navarro, del Instituto de Biología Evolutiva; Tomás Marqués-Bonet, jefe del grupo de genómica de primates del mismo Instituto, y el referido Carlos López-Otín, catedrático de Bioquímica y Biología Molecular de la Universidad de Oviedo.

El equipo de Otín había participado en su día en la secuenciación del genoma del chimpancé, por lo que cuenta con experiencia suficiente en este ámbito de la investigación. La secuencia del orangután, con más de tres mil millones de pares de bases, número muy parecido al nuestro, y con quien los humanos compartimos el 97% de ese genoma, llevó dos años de trabajo a partir de datos extraídos de varios individuos procedentes de distintas poblaciones en el mundo.

Carlos López-Otín asegura que «el estudio comparativo detallado de múltiples familias de genes en los genomas humano, de chimpancé y de orangután nos indica ya que en la evolución humana ha habido una presión evolutiva importante sobre los sistemas inmune y reproductivo».

La secuenciación del genoma del orangután, el homínido más alejado del ser humano, con quien compartió un antepasado común hace más de 12 millones de años, permite, a juicio de los investigadores, obtener una visión más precisa del proceso evolutivo que dio lugar a la aparición del ser humano.

Uno de los integrantes del equipo asturiano, el bioquímico Víctor Quesada, confirmaba ayer la importancia de este tipo de estudios «para conocer mejor la evolución humana más reciente». Una evolución «marcada por los patógenos», que serviría para explicar esos cambios en el sistema inmunológico y el reproductivo a los que se refería López-Otín. «Es fácil suponer que el ser humano se tuvo que enfrentar a patógenos que incluso le pusieron en peligro de extinción» y que le dieron argumentos en su fuerza evolutiva.

Tenemos un genoma muy parecido (aunque no tanto como con el del chimpancé, el «primo» más cercano, similar en un 99% al de los humanos), pero nos separan diferentes presiones evolutivas. Asimismo, la comparación de las dos es-



Gonzalo Rodríguez Ordóñez, a la izquierda, y Víctor Quesada, ayer, en el IUOPA. En el recuadro, la portada de «Nature».

En el proyecto intervinieron treinta laboratorios de siete países durante dos años de trabajo

pecies de orangután existentes, de Borneo y de Sumatra, ha revelado la existencia de importantes cambios poblacionales entre ambas. Así, se ha determinado en el es-

Oviedo, E. G.

Tan iguales en los genomas, de los que apenas nos separa un escueto tres por ciento, y sin embargo con destinos tan distintos en el camino de la evolución. Al grupo de Carlos López-Otín —ausente ayer de Asturias— le ha tocado estudiar en detalle diversas familias de genes frecuentemente asociados con enfermedades y que muestran importantes diferencias entre humanos y orangutanes.

El investigador Víctor Quesada explicaba ayer a LA NUEVA ESPAÑA algunas singularidades genéticas que llamaron la atención al equipo asturiano. Una de ellas se refiere a un gen denominado TRE 2, «que nos interesa mucho desde hace algún tiempo». Es un gen específico de homínidos y que apareció muy recientemente. Ahora se sabe que este gen que en los humanos participa en el desarrollo de algunos tumores óseos, en los orangutanes está incompleto e inactivo, es decir, no produce proteína alguna. ¿Por qué? No se sabe aún.

tudio que durante los últimos 400.000 años los orangutanes de Sumatra tuvieron una gran expansión poblacional, mientras que los de Borneo experimentaron un declive. Sin embargo, el número actual de orangutanes de Sumatra es mucho menor que el de los de Borneo, debido fundamentalmente a factores derivados de la casi siempre traumática intervención humana.

El conocimiento de sus diferencias genéticas podría ayudar en los esfuerzos de conservación de am-

bas especies de orangutanes, que se encuentran en grave peligro de extinción.

Por su parte, Arcadi Navarro ha señalado que «los estudios sobre la organización genómica del orangután permitirán obtener información valiosa sobre los mecanismos de reorganizaciones cromosómicas que tienen lugar en enfermedades como el cáncer».

Además de Otín y Víctor Quesada, el equipo asturiano incluía a los investigadores Xose S. Puente y Gonzalo R. Ordóñez.

El TRE 2, un gen relacionado con tumores óseos y el sida, pero inactivo en los primates

Una mutación causa pancreatitis hereditaria en humanos, pero no afecta al orangután

El TRE 2 resulta también necesario para que el virus del sida infecte. «Conocemos sus desventajas —explica Quesada—, pero seguro que tiene igualmente alguna función beneficiosa». Todos los organismos superiores cuentan con genes incompletos e inactivos, los llamados pseudogenes.

Otra de las novedades del estudio es un gen de una proteasa que compartimos ambas especies. «La secuencia de este gen en el orangután contiene una mutación que en los humanos causa una pancreatitis he-

reditaria, pero en los orangutanes no», lo que abre nuevas preguntas y la posibilidad de responderlas a corto plazo.

La barrera de la especie

Genética tan parecida influye a la hora de compartir enfermedades. «Cuanto más similares son dos especies, más parecido hay a nivel bioquímico y, por tanto, más fácil es superar lo que se llama la barrera de la especie», dice Quesada. De siempre se ha especulado con la teoría de que el virus del sida fuera origina-

Del chimpancé al ornitorrinco, pasando por la rata y el ratón, y el pinzón cebrado

Oviedo, E. G.

López-Otín y los suyos no han dejado de dar noticias en los últimos años, comenzando por su participación en la secuenciación del genoma humano en 2001 («proporcionó muchas claves, pero también muchas sorpresas»). En los años 2003 y 2004 se publicaron los genomas del ratón y de la rata, y ahí estaba también el trabajo del Instituto Universitario de Oncología del Principado de Asturias (IUOPA). «Se confirmó que tenían funciones comunes con los humanos y que, por tanto, servían de modelo, pero también se vieron algunas diferencias importantes».

En 2005 un consorcio internacional, con participación del equipo asturiano, publicaba en «Nature» el genoma del chimpancé, casi idéntico al nuestro. «Es evidente que pese a ese 99% de identidades, somos distintos: nosotros somos capaces de secuenciar nuestro genoma y el suyo, y ellos (los chimpancés) siguen viendo cómo pasa la vida».

En 2008 el equipo de Otín participa en un proyecto internacional en la secuenciación del genoma del ornitorrinco, un mamífero sorprendente, que pone huevos y que pasa por el ser el mamífero genéticamente más alejado de los seres humanos. Y aun así tiene el 82% de identidad genética con el hombre.

En 2010 el equipo de Otín colaboró a desvelar el genoma del pinzón cebrado.

riamente un virus que afectaba a los simios y que logró saltar esa barrera de la especie. Mucho más complicado es que un virus o una bacteria salte entre especies menos parecidas genéticamente, pero la realidad demuestra que a veces se logra, como prueba el ejemplo de la gripe aviar, que mantuvo al planeta en estado de alerta.

La publicación de un trabajo en la revista «Nature» es todo un acontecimiento, aunque para el equipo de Carlos López-Otín ya no sea exactamente una novedad. De las aproximadamente 24.000 revistas científicas que hay en el mundo, «Nature», que es británica, y «Science», publicación estadounidense, son las generalistas con mayor impacto, es decir, nivel de visibilidad y repercusión en futuros trabajos. Publicar en ellas es muy complicado. «Science» lo hace con el 8 por ciento de los más de 12.000 originales que reciben al año. En 2007 ambas revistas fueron galardonadas con el premio «Príncipe de Asturias» de Comunicación y Humanidades.