

## EDITORIAL

### La genómica y la Tadeo

En 1977 el bioquímico inglés Frederick Sanger reportó un método para secuenciar moléculas de ADN, método que a la postre revolucionaría el área de la genómica y el entendimiento en general de la vida en nuestro planeta. Él demostró las bondades de su método al secuenciar completamente el genoma del fago Phi174 que contenía 5.836 pares de bases. Con esta técnica mejorada, se pudieron leer hasta 700 pares de bases en una sola reacción y fue utilizada masivamente para la secuenciación de genomas bacterianos, de levaduras, para finalmente, en 1990 desembocar en la propuesta de lectura de todo el genoma humano. Fueron muchos los que se opusieron al Proyecto Genoma Humano, sin embargo, contra todos los pronósticos se dio inicio bajo la dirección del premio nobel James D. Watson. Durante sus 13 años de desarrollo, el proyecto abrió muchos caminos, entre ellos, la bioinformática, ciencia que en 1990 era una empresa naciente, apenas en 1987 se había creado el GenBank en Estados Unidos, que sería a la postre el repositorio de todas las secuencias de ADN obtenidas hasta hoy día, teniendo copias en la base de datos japonesa (DDBJ) y europea (EMBL). Las tres diseminan libremente la información. Con el Proyecto Genoma Humano se desarrollaron a la par, las ómicas (proteómica, transcriptómica, metabolómica, farmacogenómica, epigenómica y lipidómica, etc.). El desarrollo de NGS (del inglés, Next Generation Sequencing) abrió un camino expedito para los proyectos ómicas. El método Sanger se utilizó automatizadamente con la posibilidad de hacer 96 o 384 lecturas en paralelo, lo que le imprimió al proyecto mayor rapidez en la obtención de secuencias, sin embargo, todavía resultaba un método demorado y costoso. En el proyecto se invirtieron 3 billones de dólares. Hoy día el costo de secuenciar 1 kb se estima en \$0,5 US. Con NGS, también llamada secuenciación masiva en paralelo, la secuenciación en paralelo ha mejorado la rapidez y bajado los costos exponencialmente. Tres tecnologías de NGS son utilizadas masivamente, aunque ya hay disponibles otros métodos que no son igualmente utilizados. 454 GSFlex de Roche, Genome Analyzer o HiSeq de Illumina y SOLiD de Life Technologies que con sus mejoras y su bajo costo han permitido en casi todo el planeta dar inicio a un número inusitado de proyectos que en últimas buscan inventariar todos los genes del mundo. Recientemente el mercado ofrece versiones de equipos NGS con características un poco limitadas en rendimiento y capacidad de secuenciación, pero más fácilmente utilizables por la comunidad de investigadores, y, además, orientados a un segmento de mercado diferente. Entre ellos tenemos: los equipos 454 GS Junior de Roche, MiSeq Personal Sequencer de Illumina e Ion Torrent de Life Technologies.

Algunos ejemplos de proyectos que han motivado el desarrollo tecnológico de la secuenciación son: el proyecto 1.000 Plant Genomes Project, que tiene como meta obtener el transcriptoma (genes expresados) de 1.000 especies de plantas en los próximos años. En Colombia el mismo, pero únicamente de 100 genomas, la segunda expedición botánica. Otro es el proyecto Genoma 10K, que tiene como meta determinar la secuencia de ADN de 10.000 especies de vertebrados, aproximadamente una por cada género de vertebrados. Y el iK5 que quiere secuenciar el genoma de 5.000 especies de insectos y artrópodos en los próximos 5 años. Estamos ya en la era del genoma personal humano y muy cerca de la medicina personalizada. En Colombia se está realizando el Proyecto Chocogén ([www.chocogen.com](http://www.chocogen.com)), en el que se han secuenciado los genomas de 100 personas de la región del Chocó. Esto demuestra el avance en la investigación genómica en nuestro país.

En la Universidad Jorge Tadeo Lozano hemos avanzado también en este campo. Hace año y medio se dio inicio al proyecto “Análisis transcriptómico de neonatos, juveniles y adultos de la tortuga *Caretta caretta* anidante del Caribe colombiano”. Este proyecto tiene como objetivo obtener el primer catálogo de genes de la tortuga cabezona, además de determinar la expresión diferencial de genes entre neonatos, juveniles y adultos de esta tortuga marina. En la Tadeo ya hemos iniciado nuestra historia en genómica y transcriptómica. Esperamos a corto plazo tener un liderazgo en temas marinos en Colombia.

Javier Hernández-Fernández  
Editor Ciencias Naturales  
Revista *Mutis*