



EDITORIAL

NUEVOS DESAFÍOS PLANTEA LA BIOLOGÍA SINTÉTICA.

Sergio Orduz Biól. M.Sc., Ph.D. Profesor Asociado. Escuela de Biociencias, Facultad de Ciencias, Universidad Nacional de Colombia, sede Medellín. Calle 59A No. 63-20. Medellín, Colombia. Edificio 11-113-1. sorduzp@unal.edu.co.

En el siglo pasado se hicieron grandes avances para comprender los sistemas biológicos, desde interpretar el código genético hasta conocer la estructura del ADN. Algunos de ellos determinantes como los estudios en genómica que nos han permitido de manera cada vez más acelerada conocer los genomas de virus, bacterias, plantas, invertebrados y vertebrados. En este sentido, el proyecto de Craig Venter para secuenciar el genoma humano liderando sus empresas Diversa Corporation y Celera Genomics, después de 7 años de intenso trabajo, en el año 2.000 anunció que se había completado la secuencia del genoma humano conteniendo 3.000 millones de pares de bases (Venter et al. 2001), tres años antes que el proyecto público liderado por Francis Collins. En el 2004, Venter publicó parte de su trabajo realizado en el mar de los Sargazos colectando material biológico, secuenciando 1.045 millones de pares de bases con secuencias no redundantes, anotándolas y analizándolas para conocer el contenido de genes. Estiman en su publicación que estas secuencias provienen de al menos 1.800 especies genómicas, incluyendo 14 tipos de especies bacterianas no conocidas antes. Igualmente identificaron 1.2 millones de genes en estas muestras y unos 780 genes de fotorreceptores del tipo rodopsina (Venter et al. 2004).

Pero tal vez el trabajo más importante de éste científico y su equipo ha sido el desarrollo de una célula de *Mycoplasma capricolum* controlada por un genoma construido químicamente a partir del genoma de *M. mycoides*. Para ello, debieron resolver varios problemas tecnológicos, como el diseño del cromosoma artificial que incluyera marcadores que permitieran después reconocer el genoma artificial y eliminar algunos genes de patogenicidad, estrategias para ensamblar el cromosoma sintético de 1.077.947 pares de bases en tres etapas a partir de fragmentos de 1.080, 10.080 y 100.000 pares de bases, métodos para extraer el cromosoma entero de células de levadura y finalmente métodos para trasplantar el cromosoma aislado de levaduras a las células receptoras de *M. capricolum*. Después de superar estos inconvenientes se logró obtener algunas colonias que después de 30 generaciones mostraban características contenidas en el cromosoma artificial de *M. mycoides* (Gibson et al. 2010). No hay duda que éste logro se ha convertido en un hito científico en este siglo, en el que la Biología sintética busca diseñar y crear nuevas formas de vida o reprogramar formas de vida ya existentes con el objetivo de desarrollar herramientas que puedan tener aplicaciones en medicina, en la producción de energía sostenible y en biorremediación. Por ejemplo, bacterias que interactúen de manera específica con células tumorales o bacterias que puedan llevar fármacos a sitios específico. En el campo del medio ambiente, se espera poder desarrollar bacterias que puedan producir productos químicos o sustancias alimenticias o para limpiar agua o acelerar el proceso de fabricación de antibióticos.

En el campo energético, las empresas de Venter han recibido 600 millones de dólares de Exxon-Mobil para desarrollar biocombustibles utilizando algas.

Y como es lógico, cada avance de la ciencia genera implicaciones éticas, filosóficas y económicas. Arthur Kaplan, bioético de la Universidad de Pensilvania piensa que el desarrollo de ésta bacteria sintética pone fin a un debate milenario sobre qué es la vida y si ésta necesita una fuerza o poder especial. En términos de propiedad intelectual, la patente de este microorganismo no es lo importante, lo relevante son los métodos para desarrollarlo, pero hay que tener en cuenta que las patentes solamente duran 20 años y que también se pueden concebir otras estrategias para lograr desarrollar vida artificial.

Aunque este trabajo de Venter no implica la creación de vida desde cero, pues aún no sabemos diseñar genomas, la síntesis química de un genoma desde cero y su trasplante son consideradas como un gran logro. La comunidad científica no tiene dudas que en un futuro vamos a estar en capacidad crear genomas y se esperan grandes avances con el desarrollo de métodos como la evolución artificial.

Bibliografía

Gibson D.G., Glass J.I., Lartigue C., Noskov V.N., Chuang R.Y., Algire M.A., Benders G.A., Montague M.G., Ma L., Moodie M.M., Merryman C., Vashee S., Krishnakumar R., Assad-Garcia N., Andrews-Pfannkoch C., Denisova E.A., Young L., Qi Z.Q., Segall-Shapiro T.H.,

Calvey C.H., Parmar P.P., Hutchison C.A. 3rd, Smith H.O. and J.C. Venter. 2010. Creation of a bacterial cell controlled by a chemically synthesized genome. *Science*. 329(5987): 52-56.

Venter J.C., Adams M.D., Myers E.W., Li P.W., Mural R.J., Sutton G.G., Smith H.O., Yandell M., Evans C.A., Holt R.A., Gocayne J.D., Amanatides P., Ballew R.M., Huson D.H., Wortman J.R., Zhang Q., Kodira C.D., Zheng X.H., Chen L., Skupski M., Subramanian G., Thomas P.D., Zhang J., Gabor Miklos G.L., Nelson C., Broder S., Clark A.G., Nadeau J., McKusick V.A., Zinder N., Levine A.J., Roberts R.J., Simon M., Slayman C., Hunkapiller M., Bolanos R., Delcher A., Dew I., Fasulo D., Flanigan M., Florea L., Halpern A., Hannenhalli S., Kravitz S., Levy S., Mobarry C., Reinert K., Remington K., Abu-Threideh J., Beasley E., Biddick K., Bonazzi V., Brandon R., Cargill M., Chandramouliswaran I., Charlab R., Chaturvedi K., Deng Z., Di Francesco V., Dunn P., Eilbeck K., Evangelista C., Gabrielian A.E., Gan W., Ge W., Gong F., Gu Z., Guan P., Heiman T.J., Higgins M.E., Ji R.R., Ke Z., Ketchum K.A., Lai Z., Lei Y., Li Z., Li J., Liang Y., Lin X., Lu F., Merkulov G.V., Milshina N., Moore H.M., Naik A.K., Narayan V.A., Neelam B., Nusskern D., Rusch D.B., Salzberg S., Shao W., Shue B., Sun J., Wang Z., Wang A., Wang X., Wang J., Wei M., Wides R., Xiao C., Yan C., Yao A., Ye J., Zhan M., Zhang W., Zhang H., Zhao Q., Zheng L., Zhong F., Zhong W., Zhu S., Zhao S., Gilbert D., Baumhueter S., Spier G., Carter C., Cravchik A., Woodage T., Ali F., An H., Awe A., Baldwin D., Baden

H., Barnstead M., Barrow I., Beeson K., Busam D., Carver A., Center A., Cheng M.L., Curry L., Danaher S., Davenport L., Desilets R., Dietz S., Dodson K., Doup L., Ferriera S., Garg N., Gluecksmann A., Hart B., Haynes J., Haynes C., Heiner C., Hladun S., Hostin D., Houck J., Howland T., Ibegwam C., Johnson J., Kalush F., Kline L., Koduru S., Love A., Mann F., May D., McCawley S., McIntosh T., McMullen I., Moy M., Moy L., Murphy B., Nelson K., Pfannkoch C., Pratts E., Puri V., Qureshi H., Reardon M., Rodriguez R., Rogers Y.H., Romblad D., Ruhfel B., Scott R., Sitter C., Smallwood M., Stewart E., Strong R., Suh E., Thomas R., Tint N.N., Tse S., Vech C., Wang G., Wetter J., Williams S., Williams M., Windsor S., Winn-Deen E., Wolfe K., Zaveri J., Zaveri K., Abril J.F., Guigó R., Campbell M.J., Sjolander K.V., Karlak B., Kejariwal A., Mi H., Lazareva B., Hatton T., Narechania A., Diemer K., Muruganujan A., Guo N., Sato S., Bafna V., Istrail S., Lippert R., Schwartz R., Walenz B., Yooseph S., Allen D., Basu A., Baxendale J., Blick L., Caminha M., Carnes-Stine J., Caulk P., Chiang Y.H., Coyne M., Dahlke C., Mays A., Dombroski M., Donnelly M., Ely D., Esparham S., Fosler C., Gire H., Glanowski S., Glasser K., Glodek A., Gorokhov M., Graham K., Gropman B., Harris M., Heil J., Henderson S., Hoover J., Jennings D., Jordan C., Jordan J., Kasha J., Kagan L., Kraft C., Levitsky A., Lewis M., Liu X., Lopez J., Ma D., Majoros W., McDaniel J., Murphy S., Newman M., Nguyen T., Nguyen N., Nodell M., Pan S., Peck J., Peterson M., Rowe W., Sanders R., Scott J., Simpson M., Smith T., Sprague A., Stockwell T., Turner R., Venter E., Wang M., Wen M.,

Wu D., Wu M., Xia A., Zandieh A. and X. Zhu. 2001. The sequence of the human genome. 2001. Science. 291(5507): 1304-1351.

Venter J.C., Remington K., Heidelberg J.F., Halpern A.L., Rusch D., Eisen J.A., Wu D., Paulsen I., Nelson K.E., Nelson W., Fouts D.E., Levy S., Knap A.H., Lomas M.W., Nealson K., White O., Peterson J., Hoffman J., Parsons R., Baden-Tillson H., Pfannkoch C., Rogers Y.H. and H.O. Smith. 2004. Environmental genome shotgun sequencing of the Sargasso sea. Science. 304(5667): 66-74.