

# La ciencia catalana brilla en el desciframiento del genoma



Roderic Guigó, a la izquierda, junto a otros miembros del programa de bioinformática del CRG.

Veinte investigadores del CRG han participado en el macroproyecto internacional Encode

El equipo, coordinado por Roderic Guigó, es joven y de orígenes muy diversos

ANTONIO MADRIDEJOS  
BARCELONA

Participar en un proyecto tan ambicioso como Encode, dedicado al análisis en profundidad del genoma humano, y además desempeñar un papel más que relevante ha sido «un reto y una oportunidad» para los miembros del programa de bioinformática del Centro de Regulación Genómica (CRG) de Barcelona, como ellos mismos lo definen. Habría que añadir que también ha sido un recordatorio.

De los 442 científicos de seis paí-

ses que firman los trabajos de Encode, 20 son del CRG o bien lo fueron en años recientes (y ahora se encuentran en otros centros), una cifra más que notable teniendo en cuenta que en la nómina de institutos y universidades participantes está la crema de la genómica de EEUU y Gran Bretaña. Por algo será. Por parte española solo hay otros dos investigadores participantes, concretamente del Centro Nacional de Investigaciones Oncológicas (CNIO), de Madrid.

La ciencia es cada vez más un trabajo en equipo, pero es indudable que en el éxito ha tenido mucho que

ver el trabajo pionero de Roderic Guigó, desde el 2005 jefe del programa de bioinformática del CRG, que ya fue el único firmante español, junto a su colega Josep Francesc Abril, entre los centenares de todo el mundo que participaron en el primer borrador del genoma humano (2000) y luego en el primer análisis completo (2003). «Que nuestra participación, bien modesta por cierto, tuviera tanto eco mediático evidencia la situación de la ciencia en España», escribió por aquel entonces. Guigó, muy preocupado por la ciencia, se ha manifestado últimamente en público contra Eurovegas por considerarlo un proyecto negativo para la economía del I+D.

Guigó, nacido en 1959, hizo la tesis doctoral en la facultad de Biología de la Universitat de Barcelona sobre modelos computacionales en te-



**Roderic Guigó**  
INVESTIGADOR CRG Y UPF

«Si investigadores extranjeros vienen al CRG es porque somos competitivos»

«Estos trabajos contribuirán a crear fármacos, pero no será inmediato»

mas de ecología evolutiva y genética de poblaciones. Cuando terminó se fue a trabajar a la Universidad de Boston con el grupo del profesor Temple Smith, especializado en métodos para el análisis de la secuencia del genoma. «Eso fue a finales de los años 80 -cuenta el investigador-. Desde entonces siempre he trabajado con problemas en el análisis del genoma». Con posterioridad estuvo en el Centro Nacional Los Álamos en investigaciones del mismo ámbito.

Cuando Guigó regresó a Barcelona se incorporó al IMIM y al grupo de informática biomédica de la UPF, dirigido por Ferran Sanz, que por entonces era una disciplina balbuciente. Con el paso de los años, el grupo fue creciendo hasta que el flamante CRG le ofreció a Guigó la posibilidad de dirigir un programa.

«Los grupos que nos dedicamos a esto nunca hemos dejado de estar en contacto», recuerda Guigó. Cuanto más trabajo, más calidad y más prestigio. Así, los investigadores catalanes participaron con posterioridad en la secuenciación del genoma del ratón, la rata, la gallina y la vaca, entre otros animales. Forman parte de la élite en el procesamiento de datos biológicos. El grupo del CRG en Encode se reunía semanalmente por teleconferencia con el resto de equipos para comentar los progresos.

ENTRE 25 Y 40 AÑOS // Fiel al espíritu y funcionamiento del CRG, el programa de bioinformática está formado por unas 70 personas muy jóvenes, la mayoría de entre 25 y 40 años, de ámbitos variados (biólogos, informáticos, químicos, matemáticos, físicos) y muy internacional, como puede comprobarse al observar los apellidos de tres de los cinco jefes de grupo, al margen de Guigó: Cedric Notredame, Fyodor Kondrashov y Gian Gaetano Tartaglia. El que falta es el valenciano Toni Gabaldón. «Que investigadores jóvenes de prestigio quieran venir al CRG es para nosotros un honor, pero al mismo tiempo significa que somos un centro competitivo a nivel internacional. Luchamos para conseguir gente y lo logramos», asegura Guigó.

El investigador considera que los resultados de Encode cambiarán la concepción tradicional de gen y enfermedad. «No será inmediato, ni mucho menos, pero estos avances contribuirán a desarrollar fármacos y futuras terapias génicas», concluye convencido. ≡

## el descubrimiento

### 1 ¿Qué es el programa Encode?

Encode, acrónimo en inglés de Enciclopedia de Elementos del ADN, es una iniciativa puesta en marcha en el 2003, con financiación mayoritaria de EEUU, destinada a descifrar el funcionamiento del genoma humano. Se trataba de ir un poco más lejos que hitos anteriores, como el famoso borrador del año 2000, que era esencialmente un trabajo descriptivo del genoma.

### 2 ¿Qué es el 'ADN basura'?

El término tan poco afortunado de *ADN basura* se empezó a utilizar en los años 80 del pasado siglo, mucho antes de que existieran las técnicas de secuenciación masiva, para aludir a aquellas partes del genoma que no tenían genes y no codificaban (producían) proteínas. Este ADN no codificante, un término mucho más preciso, ocupa un 98% del genoma humano.

### 3 ¿Cuál ha sido el hallazgo principal?

Aunque diversos estudios previos ya habían incidido en el mismo sentido, el análisis realizado por Encode en los últimos cinco años ha detectado que en el 80% del *ADN basura* (o no codificante) hay actividad biológica relevante, es decir, no tiene nada de inútil. Se han descubierto al menos cuatro millones de interruptores implicados en la activación o desactivación de genes.

### 4 ¿Cómo funcionan estos interruptores?

Si estos fragmentos hasta ahora denostados se averiaran, los genes podrían descontrolarse. En todas las células está el ADN completo, pero un gen no debe manifestarse siempre. Por ejemplo, estos interruptores le dicen a un gen relacionado con el desarrollo neuronal que se active solo en células del cerebro (y en un momento concreto). Si lo hiciera en el páncreas habría un problema.

### 5 ¿Están implicados en enfermedades?

Encode ha detectado interruptores implicados en el surgimiento de al menos 400 enfermedades, como la artritis reumatoide, el lupus o el Crohn, así como en algunas características morfológicas como la altura o el color de los ojos. La concepción de que uno o varios genes mutantes son los responsables de una enfermedad parece ahora demasiado simplista.