

La bacteria *Caulobacter ethensis-2.0* no existe ni ha existido nunca. No se puede hallar en la naturaleza ni dentro de ningún laboratorio. Y, sin embargo, su genoma ya está almacenado junto al del resto de organismos conocidos, al lado del mamut, el neandertal o el *Homo sapiens*. Científicos de la Escuela Politécnica Federal de Zúrich (ETH) han logrado por primera vez generar por ordenador el material genético necesario para desarrollar un organismo artificial, según describen en la revista *Proceedings of the National Academy of Sciences* (PNAS).

Para crear el conjunto de genes que formarían *C. ethensis-2.0* sus creadores se han basado en el genoma de otra bacteria, llamada *Caulobacter crescentus*. Este organismo sí existe de forma natural –se encuentra en aguas de manantiales, ríos y lagos de todo el mundo–, es totalmente inofensiva y se suele utilizar en los laboratorios de investigación para estudiar la biología las bacterias. Por eso los hermanos Matthias y Beat Christen, especialistas del ETH en química y biología, la

EL EQUIPO SUIZO HA LOGRADO SU OBJETIVO CON 100.000 EUROS, EN LUGAR DE LOS 40 MILLONES QUE LE COSTÓ A VENTER

escogieron como punto de partida para sintetizar y crear todo el material genético de la nueva bacteria y emular así el trabajo de Craig Venter, el padre del genoma humano.

Venter fue también el primero en crear una forma de vida sintética al

conseguir reproducir en su laboratorio el ADN completo de la bacteria *Mycoplasma mycoides*. «Lo que llevó 10 años con el método de Craig Venter, nuestro pequeño equipo lo ha logrado en año con unos costes de fabricación de 120.000 francos suizos (unos 107.000 euros)», señala Beat Christen, que

hace hincapié en la disparidad de medios: en 2010 Venter dirigió un equipo 20 científicos con un presupuesto estimado en 40 millones de dólares.

La bacteria *Caulobacter crescentus* contiene 4.000 genes (a título de comparación, el ser humano tiene unos 22.000), pero los científicos han conseguido *desnudarla* hasta quedarse con los 680 genes indispensables para su supervivencia en el laboratorio. «Aunque la versión actual del genoma aún no es perfecta, nuestro trabajo demuestra que los sistemas biológicos se construyen de una manera tan sencilla que en el futuro podremos diseñar las instrucciones por ordenador, en función de nuestros objetivos, y luego construirlos», dice Matthias Christen.

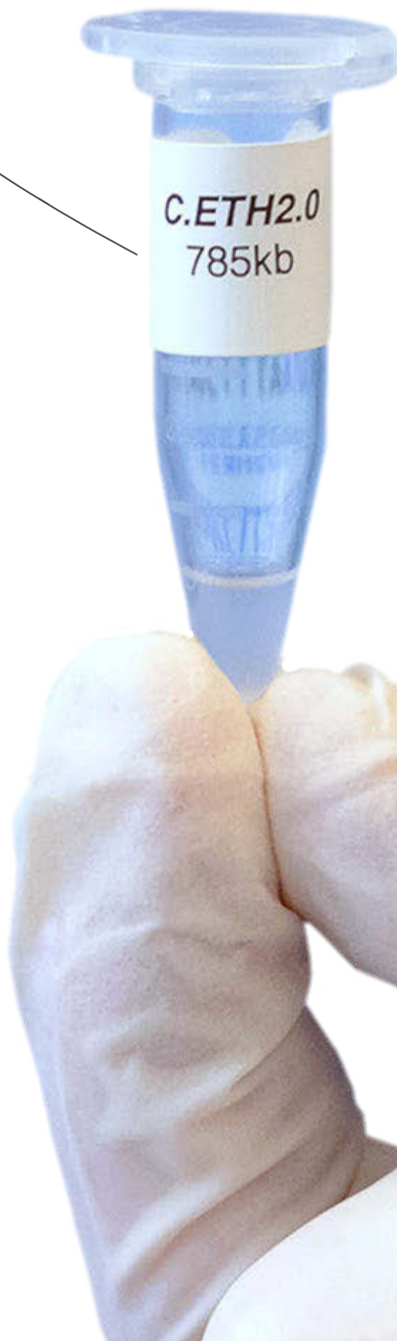
De momento, el genoma del *Caulobacter* ya se ha materializado en forma de gran molécula de ADN, pero todavía no se ha desarrollado el organismo vivo correspondiente. «Creemos que pronto será posible producir células bacterianas funcionales con este genoma», afirma Beat Christen. De materializarse, esas bacterias producirían las mismas proteínas y enzimas conocidas que una célula natural, pero sería diferente en todas las alteraciones introducidas en su ADN.

Una posibilidad que deja entrever múltiples aplicaciones –el mercado global del ADN artificial ya se estima en 1.500 millones de euros–, incluyendo la creación de microorganismos sintéticos

Se llama 'Caulobacter ethensis-2.0'. Crean el primer genoma de un organismo vivo generado al 100% por algoritmos de un sistema informático. Aunque su ADN ya se ha inscrito en la base de datos de seres vivos, el organismo aún no existe

EL PRIMER SER VIVO DISEÑADO POR UN ORDENADOR

POR AMADO HERRERO



para la producción de moléculas farmacéuticas, vacunas o vitaminas. Y, según los investigadores suizos, su método puede aplicarse a cualquier microorganismo, no sólo a *Caulobacter*. «Por muy prometedoras que sean sus posibles aplicaciones, también exigen una discusión profunda sobre los usos que se puede dar a esta tecnología y sobre cómo se van prevenir los abusos. Y todo esto, antes de que se materialice la primera bacteria con un genoma artificial», reflexiona Beat Christen.

Otra diferencia fundamental es que, mientras que el equipo de Venter reprodujo de forma fiel una copia exacta de un genoma natural, en este caso los investigadores del ETH lo han modificado radicalmente para crear algo diferente. Ahí es donde entra la informática: el algoritmo optimiza cualquier redundancia del código genético y permite a los investigadores calcular la secuencia ideal para la síntesis y construcción del genoma. Un sistema mucho más rápido que el método de ensayo y error que tuvo que llevar a cabo el equipo de Venter en 2010.

Poco antes de morir, el físico teórico Richard Feynman dejó escrita en la pizarra de su despacho la frase: «Lo que no puedo crear, no lo comprendo». Una máxima omnipresente en la investigación del

genoma y que da un valor añadido a la investigación de los hermanos Christen, más allá de sus posibles aplicaciones prácticas. «Nuestro método sirve para poner a prueba si los biólogos hemos comprendido correctamente la genética», explica Beat Christen. Y es que un genoma reescrito funcional sólo puede contener información que los investigadores comprendan realmente.

Para crear esa gran molécula de ADN, capaz de albergar todo el genoma bacteriano, los científicos han sintetizado 236 segmentos genéticos de manera individual, que

“PODREMOS MEJORAR NUESTRO ALGORITMO Y DESARROLLAR UNA VERSIÓN 3.0 DEL GENOMA 100% FUNCIONAL”

luego han unido en piezas. En sus experimentos, los investigadores descubrieron que sólo 580 de los 680 genes artificiales eran funcionales. «Podremos mejorar nuestro algoritmo y desarrollar una versión 3.0 del genoma totalmente funcional», dice Beat Christen.