

El reto de analizar genomas en México. Entrevista con Andrés Moreno Estrada

Raúl Cuauhtémoc Baptista Rosas*

El doctor Andrés Moreno Estrada es investigador principal del Laboratorio Nacional de Genómica para la Biodiversidad (Langebio), que pertenece al Centro de Investigación y de Estudios Avanzados (Cinvestav) del Instituto Politécnico Nacional (IPN).

¿Cuál es su opinión personal sobre el estado del arte de la genética y genómica de poblaciones en México?

La genética de poblaciones es un campo de profunda tradición en México. La genética de poblaciones en México se desarrolla desde los años 60 del siglo XX, en gran parte por la trascendental obra del Dr. Rubén Lisker, que reconoció la importancia de la diversidad indígena de México en el estudio de la composición genética de la población. Medio siglo después estamos viviendo una transformación tecnológica con herramientas que nos permiten analizar la diversidad de genomas completos de un creciente rango de poblaciones y especies.

México ha hecho un gran esfuerzo por mantenerse a la vanguardia durante la vertiginosa era genómica. Esto se expresa en la creación de grandes centros de investigación en genómica en los últimos 15 años, como el Centro de Ciencias Genómicas (CCG) y el Laboratorio Internacional de Investigación sobre el Genoma Humano (LIIGH), de la Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM); el Instituto Nacional de Medicina Genómica (Inmegen); y el Laboratorio Nacional de Genómica para la Biodiversidad (Langebio), del Centro de Investigación y de Estudios Avanzados (Cinvestav), que pertenece al Instituto Politécnico Nacional (IPN).

Gracias a estas iniciativas, además del fortalecimiento de programas de enseñanza en ciencias genómicas, el estado del arte de la genómica poblacional en México tiene un nivel que en muchos casos es altamente competitivo y reconocido a nivel internacional. Sin embargo, seguimos careciendo de los recursos y la organización suficientes para hacer frente de manera colectiva al acelerado y competitivo ritmo de la genómica, que se ha convertido en una ciencia de grandes datos y que sigue fuera del alcance de una fracción importante de laboratorios de investigación en México y el resto de América Latina.

* Centro Universitario de Tonalá, Universidad de Guadalajara (raul.baptista@academicos.udg.mx).

¿Dónde estamos actualmente?

Creo que México goza de una posición excepcional en el desarrollo de las ciencias genómicas, se ha consolidado como uno de los líderes en este campo del conocimiento dentro de América Latina y está fuertemente vinculado a los avances científicos y tecnológicos en genómica que ocurren en Estados Unidos, Europa y el resto del mundo. De hecho, México es el único país que cuenta con una licenciatura en Ciencias Genómicas, que se imparte en la UNAM, y sus egresados son altamente competitivos y reconocidos a nivel internacional.

Por otra parte, en México estamos frente a una oportunidad única, dada la gran riqueza biológica, étnica y cultural que tenemos en nuestro país. Podemos estudiar esa gran riqueza biológica con nuestras propias herramientas genómicas y con nuestros propios recursos humanos, en vez de ser observadores de investigaciones extranjeras que utilizan nuestra diversidad biológica con escasa participación de los grupos de investigación locales. Dadas las fortalezas actuales de la genómica poblacional en México, podemos y tenemos la responsabilidad de revertir esta tendencia.

¿Hacia dónde nos dirigimos?

Creo que en los próximos años veremos una mayor popularización de los conceptos y herramientas utilizados en genómica poblacional, que hasta ahora siguen siendo considerados como algo limitado a un grupo selecto de especialistas. Incluso a nivel coloquial, términos como *genoma* y *ancestría* genética están permeando cada vez más en la sociedad. Esto, gracias al impacto mundial que han tenido los grandes proyectos de genética de poblaciones y, más recientemente, los atractivos estudios de ADN antiguo; y también por el impacto popular que han tenido los servicios comerciales de análisis genéticos —directos al consumidor—, como los que ofrecen las empresas 23andMe o Ancestry.com. Este sector de la industria, en el que convergen la genómica poblacional y la iniciativa privada, está presente en México y América Latina, y seguirá creciendo. Por ello, creo que veremos empresas similares dirigidas a poblaciones latinas en un futuro. A su vez, este proceso que vincula a la industria y a nuestra disciplina científica representará una alternativa laboral para especialistas en genómica, ya que creará empleos más allá de las siempre insuficientes plazas de investigación existentes en las instituciones académicas.

También creo que el campo de investigación y la tecnología para abordar el estudio de ADN antiguo avanzarán para hacer posible la recuperación de suficiente material genético de muestras provenientes de regiones templadas e incluso tropicales, con lo cual veremos más estudios de este tipo que aborden poblaciones de México y América Latina, así como de África y la región del Pacífico. Aquí el reto será evitar el saqueo de muestras por grupos extranjeros habituados a buscar acceso a especímenes exóticos, pero con poco interés en el entrenamiento y desarrollo de capacidades locales que favorezcan a los colaboradores que aportan las muestras.

¿Qué nos hace falta? ¿Cuáles son los principales retos a superar?

Hace falta que las autoridades gubernamentales apliquen políticas de desarrollo de la ciencia y la tecnología, que las consideren una verdadera prioridad y que destinen los recursos suficientes para aprovechar este potencial. Por ejemplo, a pesar del gran interés de México en sumarse a iniciativas poblacionales como HapMap, 1000 Genomas y, recientemente, a los biobancos de cohortes biomédicas de cientos de miles de individuos, sigue sin existir una iniciativa colectiva y coordinada para destinar recursos de gran volumen que permitan un estudio a nivel nacional de escala semejante.

Pero también hace falta considerar que con los recursos actuales, aun siendo insuficientes, se podría tener mayor impacto con una distribución diferente. Por ejemplo, dado el alto número de solicitudes y los bajos recursos, en gran parte de las convocatorias del CONACYT se acaban financiando cientos de proyectos con presupuestos para cada uno que rondan los 25 mil dólares al año. Con estos montos poco se puede hacer en estudios de genómica poblacional, ya que los costos de secuenciación siguen siendo elevados y la naturaleza poblacional de los estudios requiere secuenciar o genotipar un gran número de individuos, generalmente cientos o miles. Creo que una distribución de más recursos en menos proyectos aumentaría el impacto de las investigaciones apoyadas.

Por otro lado, también hace falta una regulación del acceso a muestras arqueológicas para estudios de ADN antiguo. Dada la riqueza precolombina de México y la desproporción de recursos entre grupos de investigación extranjeros y nacionales, creo que la falta de un marco regulatorio que favorezca la participación y entrenamiento de grupos locales pone al país en una posición vulnerable y favorece prácticas colonialistas en la ciencia. No se trata de aislarnos y negarnos a colaborar internacionalmente, sino de hacerlo a la par y en condiciones justas.