CP5

**El desafío de la Edición Genómica en Argentina y la Región**

Sergio E. Feingold.

Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA). Centro Regional Buenos Aires Sur, Estación Experimental Agropecuaria Balcarce. Laboratorio de Agrobiotecnología.

La selección de genotipos superiores -plantas o animales- siempre ha dependido de la existencia de diversidad genética. Desde la domesticación de especies, la variabilidad genética natural causada por mutaciones, poliploidización y cruzamientos a lo largo de la evolución, se ha ido reduciendo como consecuencia inevitable de la selección de individuos con características favorables. Distintas tecnologías han posibilitado la re-introducción de variabilidad a partir de cruzamientos (intra- o inter-específicos) realizados por el hombre, la inducción de mutaciones, y más recientemente la ingeniería genética. Estas técnicas son herramientas básicas en el mejoramiento.

Hace unos 20 años la ingeniería genética abrió la posibilidad de superar la incompatibilidad sexual de cualquier organismo vivo, para incorporar genes provenientes de cualquier organismo, incluso de diferentes reinos, generando organismos genéticamente modificados (OGM) también denominados transgénicos. Desafortunadamente, esta técnica no ha rendido todo su potencial. Probablemente, los principales factores que pueden explicar este hecho son i) una percepción pública negativa –e inesperada- , ii) la existencia de genotipos o especies recalcitrantes para ser transformados o regenerados y iii) el estricto y costoso proceso de desregulación para poder comercializar genotipos mejorados. Este tercer factor ha contribuido a que los denominados “desarrollos biotecnológicos” hayan estado concentrados en unas pocas empresas de presencia mundial con poca participación relativa de entidades de investigación pública (Universidades, INIAs).

La Edición Genómica (EG) constituye un avance significativo en las tecnologías de modificación genética con su consecuente impacto en la introducción de la variabilidad. Posee el potencial de realizar modificaciones en la secuencia de ADN dirigidas a genes específicos para alterar su expresión (apagarlos o sobre-expresarlos), reemplazar alelos e introducir transgenes en sitios específicos en el genoma. Se estima que esta técnica puede reducir drásticamente los tiempos del mejoramiento y puede producir una modificación radical en los programas de mejoramiento tanto en animales como en plantas de reproducción agámica (como la papa, el banano, la yuca, la caña de azúcar o la vid, entre otros, todos cultivos de importancia para la región).

La EG presenta desafíos técnicos, especialmente si se requiere la expresión transitoria de la maquinaria de la edición. La ausencia de secuencias genéticas foráneas puede determinar que los organismos mejorados no presenten requisitos reglamentarios especiales como los OGMs para su comercialización. La ausencia de marcadores de selección, plantea tanto una ventaja desde la percepción pública de los alimentos mejorados por esta técnica como un cuello de botella que implicará un esfuerzo significativo en la identificación de la descendencia "editada".

Los avances en la secuenciación de genomas de importancia agropecuaria, la identificación acabada de los genes -sus funciones y regulaciones- se presenta como un requisito previo para la identificación las secuencias objetivo y de qué manera la edición cambiará su expresión. Además, las secuencias de genomas completos de buena calidad permiten minimizar la posibilidad de que la maquinaria de edición génica realice cambios en la regiones no deseadas ("*off target*"). Asimismo, se revaloriza el conocimiento de las variantes alélicas de origen natural y su impacto en el fenotipo, ya que a partir de esta información se puede dirigir el reemplazo alélico en variedades y razas ya mejoradas, con el objetivo de eliminar de las poblaciones de mejoramiento genes deletéreos y enriquecerlas en alelos deseados.