

## Entrevista: Dra. Hebe Dionisi

Texto: Erina Petrera

Departamento de Química Biológica. Facultad de Ciencias Exactas y Naturales. Universidad de Buenos Aires

Contacto: Erina Petrera - epetrera@qb.fcen.uba.ar

Hebe Dionisi es investigadora independiente del CONICET y dirige el Laboratorio de Microbiología Ambiental del Centro para el estudio de sistemas marinos, CCT CONICET-CENPAT, Puerto Madryn.

fig1

### QV ¿Cuál es tu título de grado?

HD Soy Licenciada en Ciencias Biológicas.

### QV ¿Estudiaste biología en Mar del Plata por alguna razón en particular?

HD Viví allí con mi familia durante mis estudios de grado, así que estudié en la ciudad donde vivíamos. Comencé mi carrera de grado en la Universidad Nacional de Córdoba, donde estudié Biología durante dos años y medio. Luego, al mudarnos me inscribí en la Universidad Nacional de Mar del Plata (UNMdP), tramité equivalencias sobre lo que ya tenía aprobado, y continué hasta recibirme. Me llevó más tiempo recibirme porque los planes de estudio eran muy diferentes, pero fue un buen cambio porque el plan de estudios de la UNMdP era más moderno en ese momento.

### QV ¿Cómo decidiste o encontraste el tema de tu doctorado?

HD Me interesaba la microbiología, y en la Facultad de Ciencias Bioquímicas y Farmacéuticas de la Universidad Nacional de Rosario había grupos excelentes trabajando en esta disciplina, lo cual continúa actualmente. Hice mi tesis con Alejandro Viale, estudiando el plegado de proteínas asistido por chaperones moleculares. Durante mi doctorado se formó el Programa Multidisciplinario de Biología Experimental (PROMUBIE), que luego se transformó en el Instituto de Biología Molecular y Celular de Rosario (IBR) que acaba de cumplir 20 años.

### QV ¿Te parece importante realizar una pasantía en el exterior?

HD Si, me parece importante para la formación de un científico trabajar un tiempo en el exterior. Además de adquirir nuevos conocimientos, esta experiencia provee herramientas para la cooperación internacional más tarde en la carrera. Estas colaboraciones son esenciales para la ciencia, en particular en ciertas disciplinas en donde los recursos económicos y la infraestructura son a menudo limitantes en nuestro país.

En mi caso investigué cuatro años y medio en el Centro de Biotecnología Ambiental de la Universidad de Tennessee, en Knoxville, Tennessee, Estados Unidos, los dos primeros años con una beca postdoctoral de CONICET. Elegí este centro porque fue pionero en el uso de herramientas de la biología molecular en estudios de biotecnología ambiental, como el desarrollo de herramientas de monitoreo ambiental. En mi postdoctorado me centré en el estudio de las bacterias nitrificantes en plantas de tratamiento de efluentes, y tuve la oportunidad de colaborar en otros temas que se desarrollaban en ese momento.

### **QV ¿Siempre estuviste relacionada con la microbiología?**

HD Desde que comencé mi doctorado, en el año 1992, he estado trabajando en microbiología, y llevo más de 20 años estudiando comunidades microbianas utilizando métodos independientes del cultivo. En estos años las herramientas han cambiado radicalmente, desde la limitada información que nos proveen las bibliotecas de genes, hasta los análisis más abarcativos que permiten la metagenómica y otras ómicas. La primera etapa para la construcción de las bibliotecas de genes y sets de datos metagenómicos es la misma, la purificación de ADN a partir de una muestra ambiental. En el primer caso utilizamos este ADN para amplificar un fragmento de un gen a partir de los distintos miembros de la comunidad microbiana, los clonamos y analizamos los clones de forma individual. Estos estudios son muy laboriosos, por lo que hay un límite en el número de genes que podremos analizar. Las herramientas de secuenciación en gran escala han permitido analizar estos productos de la amplificación de una forma más profunda, secuenciando decenas o centenas de miles de fragmentos de una muestra. Si este análisis se basa en un gen presente en una gran parte de los microorganismos de la comunidad, como el gen que codifica para el ARN ribosomal 16S, podremos estudiar en detalle la estructura de las comunidades microbianas, es decir, quiénes están allí, al menos para el grupo de microorganismos para los cuales pudimos amplificar el gen. Esto depende de la cobertura que tengan los cebadores que estamos utilizando, y es una limitación que presenta esta metodología. Por otra parte, si secuenciamos al azar el ADN que purificamos de la muestra ambiental, sin una amplificación previa, tendremos un catálogo de genes que nos permite estudiar el potencial metabólico de la comunidad. Esta última estrategia se denomina metagenómica.

### **QV ¿Cuál es tu tema actual de investigación?**

HD En nuestro laboratorio estudiamos a las comunidades de microorganismos que habitan en los ambientes costeros de la Patagonia. Nos interesa conocer su diversidad, su potencial genético, los microorganismos que son claves para disminuir los impactos de las actividades humanas sobre el ambiente, y los mecanismos que éstos utilizan. Más recientemente, hemos comenzado a desarrollar una línea de investigación en la que estudiamos cómo las bacterias marinas degradan a los polisacáridos de las algas pardas, muy abundantes en los ambientes costeros de la Patagonia. En nuestro laboratorio estamos expresando y caracterizando enzimas que participarían de este proceso identificadas en bacterias marinas no cultivadas. Otra línea de investigación del laboratorio, liderada por la investigadora Mariana Lozada cuya especialidad es la ecología microbiana, estudia las relaciones que existen entre las grandes praderas del alga parda invasora *Undaria pinnatifida* y los microorganismos que habitan en estos ambientes.

fig1

*Hebe de Dionisi muestreando en Ushuaia.*

### **QV ¿Cuál es la relevancia del tema?**

HD Los microorganismos marinos constituyen la mayor parte de la biomasa de los océanos, cumplen roles claves para el funcionamiento de estos y para la salud de nuestro planeta, además de ser un reservorio de diversidad genética con múltiples aplicaciones biotecnológicas. Los procesos que estudiamos están relacionados con el ciclo del carbono en ambientes costeros impactados, y su capacidad de secuestrar el carbono fijado por las macroalgas. Además, las enzimas que estamos caracterizando tienen aplicaciones industriales, como por ejemplo para producir oligosacáridos con propiedades biológicas a partir de la biomasa de las macroalgas de la región, en particular de U. pinnatifida.

**QV Lo que están haciendo es muy interesante ya que estarían produciendo enzimas que permitirían explotar a una especie invasora. ¿Hay alguna empresa o industria que esté interesada en el tema y que subvencione la investigación?**

HD Esta línea de trabajo ha tenido financiación sólo en los últimos dos años, por medio de un proyecto PICT. Por lo tanto, el proyecto está en una etapa aún temprana. Nos interesa generar colaboraciones con las empresas, no sólo en esta línea de trabajo, pero además para la prospección de otras enzimas que puedan ser de interés para sus procesos. Además, en nuestro laboratorio tenemos un Servicio Tecnológico de Alto Nivel (STAN) de Microbiología Ambiental, en donde ofrecemos el análisis de la estructura de la comunidad microbiana utilizando herramientas moleculares, como método de diagnóstico.

**QV ¿Fuiste a Puerto Madryn para poder investigar sobre ese tema o viviendo allá se presentó la posibilidad de trabajar en la temática?**

HD Cuando volví a la Argentina fundé el Laboratorio de Microbiología Ambiental en el Centro Nacional Patagónico de la ciudad de Puerto Madryn, en ese momento un Centro Multidisciplinario de CONICET. Recientemente se transformó en un Centro Científico Tecnológico (CCT CONICET-CENPAT), que incluye a ocho unidades ejecutoras en Puerto Madryn, Comodoro Rivadavia y San Antonio Oeste. Los recursos humanos de nuestro laboratorio pertenecen a dos de estas unidades, CESIMAR-CONICET e IBIOMAR-CONICET, orientadas al estudio de sistemas y organismos marinos, respectivamente. En un principio la línea de investigación que elegí iniciar en el CENPAT era bastante más acotada, estudiar a los microorganismos claves para la degradación de hidrocarburos poliaromáticos en los sedimentos costeros, por su alta persistencia y peligrosidad. Luego diversificamos las líneas de investigación cuando comenzamos a utilizar herramientas metagenómicas, que nos aportan información más amplia sobre el potencial metabólico de estas comunidades.

**QV ¿Utilizas algún modelo?**

HD No utilizamos modelos de las comunidades microbianas porque las comunidades de los sedimentos marinos son extremadamente diversas y ocurren cambios a escalas muy pequeñas, por lo que aún no tenemos la información necesaria para ello. Además, se requerirían estudios de la expresión génica, y la síntesis de proteínas y metabolitos en estas comunidades. Una herramienta que utilizamos frecuentemente es el modelado de la estructura tridimensional de secuencias que podrían codificar para las enzimas de interés. Estos modelos son una herramienta más que nos permiten evaluar su posible función y novedad, y seleccionar secuencias para expresar en el laboratorio. Recientemente hemos obtenido un proyecto que presentamos al programa de biología sintética del Joint Genome Institute (JGI) de Estados Unidos, para la síntesis de más de 70 genes que está basado en la comparación de modelos tridimensionales de secuencias de enzimas que degradan alginatos de algas pardas, pertenecientes a un grupo de microorganismos poco estudiado, el superfilo PVC. El objetivo de este proyecto de investigación básica es

estudiar la relación que existe entre la estructura y la función de estas enzimas. Está basado en el análisis de sets de datos públicos y propios de genomas y metagenomas de microorganismos marinos de distintos sitios del mundo. La selección de las enzimas que expresaremos no sólo depende de sus características, sino además de los permisos necesarios para el uso de secuencias de bases de datos relacionados con el Protocolo de Nagoya, lo cual varía en cada país. También hay mucha información genética que fue generada en áreas marinas por fuera de las jurisdicciones nacionales, la mayoría generadas por el proyecto Tara Ocean.

### **QV ¿Qué opinas sobre la relevancia que ha tomado la microbiología en general en estos últimos años?**

HD Gracias a los avances metodológicos de los últimos 15 años, la microbiología ambiental ha avanzado enormemente. Aún falta muchísimo por descubrir, en particular en la microbiología marina por la gran diversidad de microorganismos que habita en este gran ambiente que es el océano global, que conforman el microbioma marino. Hay muchos hábitats para estudiar, que no se limitan sólo al agua de mar o a los sedimentos. Estos hábitats también incluyen a los microorganismos que habitan en otros organismos marinos, el hielo y la nieve marinos, entre otros. La microbiología marina es una disciplina muy poco desarrollada en la Argentina.

### **QV ¿Cuáles serían las razones por las cuales no está más desarrollada?**

HD En general la microbiología ambiental está poco desarrollada en la Argentina, si bien ha habido grandes avances en este sentido en los últimos años. Requiere de una aproximación multidisciplinar y de metodologías a menudo costosas, y falta formar recursos humanos en bioinformática.

### **QV ¿Te consideras ecologista?**

HD Siempre me interesó la protección del medio ambiente, y veo con gran preocupación el estado actual de nuestro planeta. Me interesa abordar estas problemáticas no sólo en nuestras líneas de trabajo, sino también en las actividades de divulgación científica. En el CENPAT estamos desarrollando una herramienta educativa para una materia del último año de la educación secundaria, denominada Problemáticas Contextualizadas de las Ciencias Naturales. También, en nuestro laboratorio hemos escrito un libro de divulgación, disponible de forma gratuita en ResearchGate ([https://www.researchgate.net/publication/262288031\\_LA\\_BIORREMEDIAACION\\_DE\\_AMBIENTES\\_COSTEROS\\_C](https://www.researchgate.net/publication/262288031_LA_BIORREMEDIAACION_DE_AMBIENTES_COSTEROS_C)) y que ha sido utilizado en algunas materias del ciclo secundario.

He iniciado recientemente un nuevo proyecto de divulgación científica, a través de mi colaboración con la fundación ProyectoSub. Estamos publicando de forma gratuita una serie de fascículos que incluyen patrones de crochet de especies de los arrecifes rocosos de la Patagonia, e información científica sobre estos organismos y el ambiente en el que habitan. Hasta el momento hemos publicado siete fascículos que abarcaron a especies de cnidarios (organismos con células urticantes como las anémonas y las medusas), y a especies de algas rojas, verdes y pardas. El objetivo es dar a conocer a estas especies, y generar herramientas que puedan utilizarse para enseñar a los niños sobre la biodiversidad marina y la conservación través del juego. La cuenta de Instagram del proyecto es @crochetpatagonia, y los fascículos están disponibles en <http://www.proyectosub.org.ar/recursos-digitales>.

### **QV Teniendo en cuenta tu interés por el medio ambiente ¿cuál es tu opinión sobre esta pandemia en cuanto a su posible origen y a los cambios que se han observado debido a las**

## **cuarentenas?**

HD Aún no se conoce el origen del virus. Ciertas actividades humanas y el efecto que tienen sobre los ambientes naturales nos están exponiendo cada vez más a virus como el SARS-CoV-2. Además, estamos usando más recursos de los que nuestro planeta puede proveer anualmente, y estamos pasando esta deuda a las generaciones futuras. Los cambios que se han notado, como la disminución del nivel de contaminación en algunas ciudades, son sólo transitorios.

## **QV ¿Crees que es más complicado hacer ciencia siendo mujer?**

HD Creo que las dificultades que las mujeres enfrentamos en la ciencia se asemejan a las que encuentra cualquier mujer en el mundo laboral.

La página web de nuestro laboratorio es <https://labmicamb.wordpress.com/>

**Química Viva**

ISSN 1666-7948

[www.quimicaviva.qb.fcen.uba.ar](http://www.quimicaviva.qb.fcen.uba.ar)

Revista Química Viva

Volumen 19, Número 2, Agosto de 2020

ID artículo: E0183

DOI: no disponible

[Versión online](#)