

BIOINFORMÁTICA Y GENÉTICA

José A. Serrano

josea91038@yahoo.com.mx

La bioinformática es el estudio de la información biológica, utilizando la teoría de la información, computación y matemáticas. La bioinformática ha acelerado su desarrollo y utilización ante la gran necesidad de descifrar la enorme cantidad de información, la cual ha ido emergiendo y siendo revelada por el proyecto del genoma humano, estudios los cuales se han extendido al estudio de otros genomas de animales o de plantas.

El ácido desoxirribonucleíco (ADN), es la molécula que encierra el código de la vida, controla directamente la biología fundamental de la vida y determina las particularidades de cada organismo, es por ello que en el caso particular del humano, las variaciones y las mutaciones presentes en el ADN genómico predisponen o condicionan el desarrollo de muchas de las enfermedades que afectan a nosotros los humanos.

Imaginémonos que un técnico en computación quiere reparar la unidad principal de una computadora, lo primero que ese profesional debe hacer, es consultar el diagrama o circuitos etc., que componen esa unidad de computación. El técnico necesita de esta información para entender como funciona dicha unidad y así poder repararla. Pues bien, de una manera algo semejante pasa con los seres vivos, vamos a verlo de una manera muy simple. Si queremos entender como funciona y como se puede modificar un ser viviente, es necesario que conozcamos sus planos maestros, es decir su **Genoma**, el cual está constituido por toda la información presente en sus moléculas de ADN.

Podemos afirmar que “si no hay codificación no hay información”. Esto quiere decir que la información implica el uso de un código. Un ser vivo, visto de una manera muy sintética, está conformado por dos grandes sistemas interdependientes, uno es el genético- que contiene y perpetúa la información y el otro el metabólico-estructural- que se ocupa de capturar la materia y la energía del medioambiente, así como de operar el sistema genético de información.

En general cuando mejor conocemos un sistema más rápido y de manera eficiente podemos modificarlo, y la bioinformática se ocupa de almacenar, analizar e interpretar la enorme cantidad de resultados que se están obteniendo en forma de secuencias de ADN. Este proceso se puede resumir en tres grandes etapas de trabajo, una de identificación de secuencias, otra de anotación de secuencias y otra de anotación funcional. Por medio del programa de computación BLAST se puede encontrar las secuencias que son parecidas.

Cuando se quiere conocer el genoma de un microorganismo, por ejemplo de una bacteria, se obtienen millones de pequeñas partes de su genoma, de alrededor de 700 pares de bases. Es necesario entonces armar o ensamblar el genoma, lo cual consiste en solucionar un enorme rompecabezas cuyas piezas son los pequeños fragmentos de ADN bacteriano y el cual podemos armar encontrando cuales segmentos se sobrelapan entre si.

Con estos estudios del genoma bacteriano utilizando la bioinformática se han analizados diversos géneros bacterianos, por ejemplo de las micobacterias y de las nocardias que son microorganismos que están presentes en el medioambiente, los cuales se encuentra agrupados dentro de los actinomicetos, algunos de gran utilidad para los humanos y animales, por la producción de sus metabolitos secundarios, por ejemplo de antibióticos entre otros y también patógenos que producen enfermedades tanto de tipo sistémico, como localizadas.

La bioinformática representa una nueva disciplina de la investigación científica, la cual de una manera emergente, se ha ido haciendo imprescindible para el mejor conociendo del funcionamiento de los seres vivos, con grandes potencialidades de aplicabilidad para el manejo y tratamiento de muchas enfermedades, que su estudio a futuro estará enmarcada dentro de la "medicina genética".