



Bioinformática, más que una herramienta de investigación

Camilo Medina
biohazard1916@gmail.com

Grupo de Investigación Gebimol
Semillero de Investigación GIGA

La Bioinformática inició con el análisis de secuencias de ADN, hoy en día maneja un océano de información; es muy probable que en ella esté la clave para entender más ampliamente los procesos evolutivos, las causas de las enfermedades, los procesos celulares, etc. De una forma general podemos ver a la Bioinformática como la tecnología de la información, la matemática y la estadística empleadas para organizar, analizar y distribuir información (Attwod,1999) (incluyendo secuencias de nucleótidos y aminoácidos, dominios de proteínas y estructura de proteínas), esto con el fin de dar solución a incógnitas de origen biológico.

Debido a la gran evolución de esta disciplina se han creado diferentes centros especializados en esta área, encontrando así: NCBI, DDBJ (DNA, Database of Japan), EMBL-EBI (Molecular Biology Laboratory); por dar un ejemplo en el NCBI1 (Centro Nacional de Información Biotecnológica) hallamos bases de datos específicas de ARN en donde permiten el análisis de secuencia transcritas organizadas (unigen), de tal forma que represente un gen; de proteínas, las cuales las muestran de una forma depurada o de forma tridimensional al igual que secuencias traductoras; de perfiles, la cual realiza generalmente alineamientos entre proteínas y perfiles de las familias de estas proteínas para encontrar patrones (Wheeler, ét al, 2006).

Una herramienta muy empleada en estas páginas, por su utilidad al comparar secuencias, es el Blast, el cual nos permite después de realizar una búsqueda de secuencias de ADN o proteínas compararlas con una secuencia de nuestro interés. De esta forma si uno quiere saber si el organismo con el que está trabajando es verdaderamente la especie requerida puede ampliar una secuencia de un fragmento corto y definido, y luego compararla con las secuencias almacenadas en las bases de datos, dándonos similitudes y diferencias en parámetros estadísticos.

Esto es de un uso práctico enorme, un ejemplo de esto lo demuestran las investigaciones en microbiología, en las cuales se han identificado los genes causantes de patogenicidad, al comparar cepas de una misma especie bacteriana diferenciadas una de otra por la capacidad patogénica.

Las áreas concretas de aplicación por medio de las cuales se despliega la bioinformática encontramos la genómica, la proteogenómica, la farmacogenética y la filogenia (Wheeler, ét al, 2006). Dentro de los usos investigativos de esta disciplina está el de comparar especies (o cualquier taxón) por medio de alineamientos múltiples, permitiéndonos saber qué funciones y estructuras presentan en común, además de descifrar qué tan relacionadas se encuentran estas especies, ver rasgos comunes, definir homologías, analogías, caracteres plesiomórficos, etc.; lo cual nos permite la construcción de filogenias, obteniendo así información sobre las relaciones evolutivas y en un contexto más amplio entender la historia de la vida de cada organismo.

Si llevamos este conocimiento al campo de la biogeografía y si la interpretamos bien se puede llegar a comprender procesos geológicos de gran escala, como lo son el tiempo de separación de continentes; de la misma forma es posible rastrear el origen de un genoma en tiempo y espacio probando así la distribución de una especie en una Era definida, lo cual, sumado a un conocimiento climático, nos da una visión amplia de la relación de esta especie con su medio. Un estudio de este tipo se hizo con el hombre por medio del ADN mitocondrial, llevando al surgimiento de nuestro linaje hasta las tierras africanas (Shreeve, 2006).

Referencias bibliográficas

Attwood, P., y Smith, J. (1999). *Introducción a la bioinformática*. (S.F): Prentice Hall.

Shreeve, J. (2006). The Greatest Journey. *National Geographic Magazine*. Extraído de <http://ngm.nationalgeographic.com/2006/03/human-journey/shreeve-text.html>

Wheeler, D., ét al. (2006). *Nucleic Acids*. Extraído de Resources of the National Center of Biotechnology Information Database.