

En la era de la explosión de la construcción de genomas, investigadores combinan los avances de las ciencias genómicas y la maquinaria de cómputo para crear bases de datos de información biológica, a la manera de un libro electrónico.

Nos referimos a los integrantes del Grupo de Genómica Computacional del Centro de Ciencias Genómicas de la UNAM, quienes guían a otros científicos hacia las profundidades de la naturaleza de un organismo, con sus virtudes y defectos. Y es que su misión es auxiliar a los científicos en los estudios de genes y genomas, además de modelar y predecir conceptos de la biología, como por ejemplo, el comportamiento de una célula.

Uno de los mayores logros del equipo, encabezado por el doctor Julio Collado Vides, fue la secuencia completa del genoma de la bacteria *Escherichia coli*. Este aporte fue publicado en 1997 en la revista *Science*, una de las más reconocidas en el medio científico. A la fecha, el producto central del Grupo de Genómica Computacional es la edición del libro electrónico de la fisiología de ésta y otras bacterias.

“Los libros electrónicos llegaron para quedarse —considera Collado Vides—. Es notable recordar que este 2012 se editó por última vez la Enciclopedia Británica, una institución del conocimiento escrito derivada de la invención de la imprenta. Para mí el que esa empresa haya terminado, nos señala que el futuro de la representación para la eternidad del conocimiento humano es en forma electrónica.”

Constructores de genomas

LA GENÓMICA se refiere al estudio de la totalidad de las propiedades del genoma: estructura, interacción y funciones de sus componentes. El genoma es el material genético de un organismo, o sea los genes y toda la información que permite la formación de ese ser y transferir sus características de generación en generación. Más información en: www.ccg.unam.mx y <http://regulondb.ccg.unam.mx/>



Director General: Dr. José Franco, Coordinador de Medios: Ángel Figueroa,
Edición: Juan Tonda, Asistente: Mariana Fuentes, Investigación: Xavier Criou,
Soporte Web: Aram Pichardo © 2012 DGDC - UNAM

TRASCENDENCIAS

GENES A LA COMPUTADORA

El conocimiento derivado de las ciencias genómicas crece día a día. Tan sólo alrededor de *Escherichia coli* se generan aproximadamente 500 artículos científicos al año. “Es el organismo mejor conocido a nivel molecular —afirma el investigador—. No es más que una célula, una bacteria, pero a partir de ella nació la biología molecular, con los conceptos de la regulación genética puestos en el mapa del genoma; es decir, en los términos de cómo funciona el swich que tiene asociado cada gen para prenderse o apagarse.”

Parte de la labor del Grupo de Genómica Computacional consiste en revisar y conservar los datos plasmados en la literatura científica, que luego serán interpretados por otros investigadores.

“Somos curadores, gente que está leyendo todo el tiempo artículos, extrayendo de ahí las evidencias y los descubrimientos, y codificando toda esta información en el libro electrónico. Dicho libro no es como una guía telefónica, en donde uno tiene una lista de elementos, sino que requiere una estructura computacional que nos permite representar las piezas de la célula y sus interacciones.”

Otros científicos se encargan de entender el significado de esos datos biológicos y obtener conclusiones, como sería explicar el por qué los humanos y las moscas son tan diferentes si su genoma coincide en un 60%; o el por qué varios integrantes de una familia desarrollan ciertos tipos de cánceres.

Frente a ese panorama, el investigador Julio Collado Vides se pregunta cuál es el destino de la bacteria *Escherichia coli*, como un subconjunto del conocimiento biológico que pueda contribuir a la genómica del futuro. “Se sabe tanto de un solo organismo que el reto es cómo integrar todo el conocimiento que los científicos han generado para representar la complejidad biológica.”

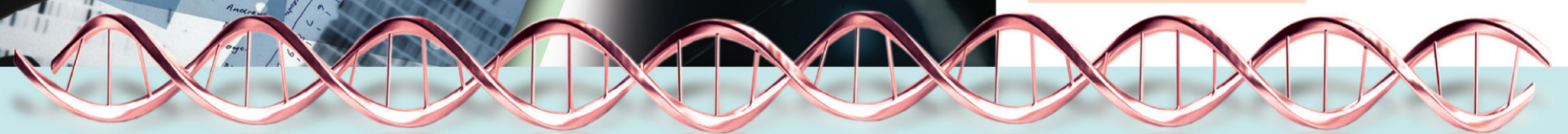
Con la infraestructura de primer nivel con que cuenta el Grupo de Genómica Computacional, sus miembros desarrollan métodos de predicción de redes de regulación, factores de transcripción y asociaciones funcionales entre los genes.

Entre sus aspiraciones destaca la secuencia total del genoma de otras bacterias como *Rhizobium etli*, asociada al crecimiento del frijol, y su contribución al de *Salmonella typhimurium*, causante de diarreas y vómitos en humanos. Además está a cargo del Nodo Nacional de Bioinformática UNAM, el cual forma parte de la Red Europea de Biología Molecular.

En palabras del doctor Collado, uno de los retos de la genómica computacional es descifrar y hacer accesible el conocimiento del genoma humano, es decir, cuando cada quien pueda beneficiarse de la bioinformática para interpretar su información genética. Confía en que “en un futuro próximo, la humanidad tendrá lecturas actualizadas del propio genoma conforme avance la investigación, para descifrar y entender la información que viene generación tras generación, desde los orígenes de la vida y que determina nuestro ser biológico.”

Escribenos a cienciaunam@unam.mx o llámanos en el D.F. al 5622-7303

Texto: Claudia Juárez
Diseño: Adolfo González



1953

JAMES WATSON Y FRANCIS CRICK PRESENTAN LA ESTRUCTURA EN DOBLE HÉLICE DE LA MOLÉCULA DEL ÁCIDO DESOXIRIBONUCLEICO -ADN-.

1956

ALBERT LEVAN Y JOE HIN TJO DESCUBREN EL NÚMERO TOTAL Y EXACTO DE CROMOSOMAS DEL SER HUMANO.

1962

JAMES WATSON Y FRANCIS CRICK RECIBIERON EN EL PREMIO NOBEL DE MEDICINA.

1973

STANLEY NORMAN COHEN Y HERBERT BOYER LOGRAN CORTAR EL GEN DE UN VIRUS Y PEGARLO EN UNA BACTERIA. CUANDO LA BACTERIA SE REPRODUJO, GENERÓ COPIAS DEL GEN DEL VIRUS.

2000

CIENTÍFICOS DEL INSTITUTO MÉDICO HOWARD HUGHES Y DE CELERA GENOMICS CORPORATION PUBLICAN LA SECUENCIA DEL GENOMA COMPLETO DE *DROSOPHILA MELANOGASTER*, LA MOSCA DE LA FRUTA.

EL CONSORCIO INTERNACIONAL PROYECTO GENOMA HUMANO Y CELERA GENOMICS ANUNCIAN EL TÉRMINO DEL PRIMER BORRADOR DEL GENOMA HUMANO, QUE MARCARÍA UNA NUEVA ERA EN LAS CIENCIAS DE LA VIDA.