



[Portada](#) | [Archivo](#) | [Búsqueda](#) | [Agenda](#) | [Enlaces](#) | [Créditos](#) | [Suscripciones](#)

Un atlas biológico de mapas funcionales

[Cristina Junyent](#)

30/03/01

Biomedica (Barcelona). Después de la era posgenómica, la que sigue a la secuenciación del genoma humano, y que empieza ahora, se supone que va a cambiar la forma en que los científicos formulan y encaran las cuestiones biológicas, según un artículo publicado en el mes de febrero en la revista [Cell \(2001; 104: 333-339\)](#) por el profesor Marc Vidal, del [Dana Farber Cancer Institute](#) y el [Departamento de Genética de la Escuela de Medicina de la Universidad de Harvard](#).

Con casi todos los genes en la mano, la aproximación reduccionista convencional, que supone estudiar un solo gen por vez, ahora puede ser complementada con otras aproximaciones más globales o interactivas que consideren todos los genes a la vez y, por tanto, sus posibles interacciones. Debido a que las redes interactivas entre las diferentes proteínas* (y las moléculas de RNA*) parecen regular los procesos biológicos, este tipo de aproximación global nos ayudará a mejorar la comprensión de muchos mecanismos moleculares, incluidos los relacionados con enfermedades humanas.

Los proyectos de secuenciación genómica, generalmente, suelen conllevar el reto de comprender la función supuesta; pero, habitualmente, los científicos están acostumbrados a diseñar experimentos basándolos en el estudio específico de la función de un gen o de una proteína por la vez, con el racionamiento subyacente de que, una vez seamos capaces de entender las unidades de la vida en particular, podremos conocer qué tipo de interacciones pueden llevar a cabo entre ellas. Pero la comprensión de la vida en el nivel molecular requerirá no solamente este estudio individual de cada proteína, sino el de todas las proteínas complementarias que intervienen en los procesos de vida de las células, los tejidos y los organismos.

A pesar de que las aproximaciones reduccionistas han podido ayudar a comprender mecanismos de acción fundamentales de la biología, éstas presentan una limitación: en muchos casos no permiten darnos una visión integrada de la vida de las células, los tejidos y los organismos. Es necesario, pues, imaginar aproximaciones más globales para comprender la biología en su nivel más fundamental.

La complejidad inherente a tener que considerar decenas (o centenares) de proteínas es tal que, para poder formular las preguntas biológicas integradoras vamos a necesitar varios mapas que nos ofrezcan, aunque sea de una manera burda, una pista de la función que esas proteínas pueden llevar a cabo.

El autor reflexiona que, en biología molecular, se van a tener que dibujar diversos mapas de funciones biológicas que se integren en atlas, de la misma manera que se utilizan mapas temáticos en viajes especializados, como los de catadores de vinos u observadores de la naturaleza.

Los mapas que configurarían los diferentes atlas estarían estructurados como matrices bidimensionales. En el eje de abscisas (X) se representaría el genoma o el proteoma. En el eje de ordenadas (Y), las condiciones, la base genética o los fenotipos* asociados. El eje de las Z correspondería a la secuencia del atlas, su índice. La preparación gráfica de los distintos mapas debería estar estructurada para su posible superposición. Y, naturalmente, cada atlas estaría referido al tejido o al tipo celular que representara.

Así pues, según Vidal, con la información contenida en estos atlas, y el conocimiento de su elaboración, el trabajo de investigación se distribuiría y aumentaría el detalle del conocimiento, lo que

permitiría formular nuevas hipótesis biológicas cada vez más significativas. De todos modos, no se deberá olvidar que las hipótesis van a tener que ser contrastadas en el entorno biológico requerido, seguramente con aproximaciones más refinadas.

* [Glosario de Biomedica](#)

Más información en Biomedica:

[¿Son hereditarias las enfermedades?](#) Cristina Junyent (23/03/01)

Dossier: [Biología celular](#)

Dossier: [Biología del desarrollo](#)

Dossier: [Proteómica](#)

Dossier: [Genética](#)

[Arriba](#)

[Portada](#)



[Archivo](#) | [Búsqueda](#) | [Agenda](#) | [Enlaces](#) | [Créditos](#) | [Suscripciones](#)

(C) BIOMEDIA es una publicación del OCC (UPF) y RUBES EDITORIAL