



Acta Bioquímica Clínica Latinoamericana

ISSN: 0325-2957

actabioq@fbpba.org.ar

Federación Bioquímica de la Provincia de
Buenos Aires
Argentina

Discovering Genomics, Proteomics and Bioinformatics
Acta Bioquímica Clínica Latinoamericana, vol. 43, núm. 1, marzo, 2009, p. 111
Federación Bioquímica de la Provincia de Buenos Aires
Buenos Aires, Argentina

Available in: <http://www.redalyc.org/articulo.oa?id=53516745014>

- ▶ How to cite
- ▶ Complete issue
- ▶ More information about this article
- ▶ Journal's homepage in redalyc.org

Comentarios bibliográficos

✓ Discovering Genomics, Proteomics and Bioinformatics

A. Malcolm Campbell and Laurie J. Meyer (2nd ed). San Francisco: CSHL Press; 2007 (447 páginas, tapa blanda)

El mundo de la Biología ha experimentado una profunda transformación en los últimos años. Como consecuencia de la secuenciación del genoma humano y debido a la creación de bases de datos llenas de información sobre ácidos nucleicos, proteínas y sus propiedades, la Biología, después de mucho tiempo, se ha transformado en una ciencia verdaderamente cuantitativa, como la química y la física.

Son muchos los desafíos. Recién se ha comenzado a conocer el potencial de la genómica y la proteómica para expandir la comprensión de la Biología y así poder contribuir a mejorar la salud humana. Para que esta verdadera revolución produzca todos los beneficios que promete, los científicos deberán contar con los conocimientos necesarios para interpretar creativamente semejante cantidad de datos, de manera de poder descubrir así las claves de los más grandes misterios de la vida.

Este libro ha sido pensado para proporcionar a los estudiantes un sólido marco conceptual que les permita explorar las complejas genómica y proteómica, a través de sus principios básicos, al mismo tiempo que pone énfasis en el rol integral de la bioinformática en el análisis de las complejas bases de datos generadas por estas disciplinas.

Esta nueva edición presenta a la Biología a través de un enfoque interactivo, basado en problemas, enfatizando la genómica comparativa y la genómica de procariotes. Este texto, actualizado y ampliado, contiene muchos "Maths Minutes", que son ejercicios para estudiantes que exigen el uso de cálculos estadísticos y probabilísticos a los efectos de agregar rigor cuantitativo a la interpretación de complejos conjuntos de datos.

Este libro multidisciplinario refleja la dinámica, cada vez más compleja, de la investigación biológica en el Siglo XXI, donde va a ser indispensable la experiencia en informática, física, matemáticas, investigación clínica, bioética y muchas otras disciplinas. Tales interacciones serán necesarias a nivel individual, colaborativo y también a nivel interdisciplinario en la medida en que surjan nuevas disciplinas en las interfaces entre las fronteras tradicionales de la investigación.

Otro componente novedoso de este libro son las "Discovery Questions", que alientan a los estudiantes a profundizar en los aspectos éticos, legales y sociales puestos de manifiesto ante los avances en genómica y proteómica.

El término "genómica" hace referencia a la disciplina que estudia el contenido completo de ADN de un organismo; tal como es presentada en este libro incluye la interacción de moléculas intracelulares que incluyen ADN, proteínas, lípidos e hidratos de carbono.

Con espíritu de descubrimiento, en este texto se exploran las herramientas y preguntas que encierra la revolución que está cambiando la manera de estudiar la Biología.

Este libro se basa en dos principios pedagógicos que ya han sido aplicados exitosamente: enseñar en el contexto de una pregunta interesante y sobre la base de la "necesidad de saber": es la manera de llegar a la información nueva, ayudando así a los estudiantes en su motivación, que de esta manera permitirá retener mejor los conocimientos.

El libro está armado sobre la base de estudios de casos tomados de publicaciones científicas. Para responder a la gran cantidad de preguntas que surgen, se recurre a la bioinformática en la exploración de los contenidos científicos y los procesos. Los primeros incluyen áreas como: secuencias (genomas enteros y sus variaciones), microarreglos, proteómica y sistemas biológicos. Este texto está planteado como un recurso interactivo para explorar tópicos de genómica y proteómica. Los números proporcionan datos reales a partir de los cuales puede extraerse más información que la inicialmente aparente. Las bases de datos *online* permiten realizar descubrimientos de la misma forma que lo hacen los investigadores en el tema.

Las "Discovery Questions" permiten focalizar la atención en información crítica, donde se potencializa la deducción personal en base a las herramientas y a la información presentada en textos y en figuras.

Los libros tradicionales proporcionan hechos y detalles que deben ser memorizados. La genómica requiere analizar, plantear hipótesis, pensar y formular modelos y este texto permite desarrollar al pensamiento crítico.

Este libro es de fácil lectura y comprensión. Los términos nuevos se definen en un glosario. La sección Discovering Questions se focaliza en conceptos clave, así como en diseños experimentales, interpretación de datos y en la necesidad de basar la opinión en dichos datos. Para responder algunas de estas preguntas deberá recurrirse a las bases de datos *online*, regularmente actualizadas, disponibles en el sitio Web de la compañía (www.geneticsplace.com.)

El texto consta de tres unidades, cada una dividida en varios capítulos. La primera se refiere a las secuencias genómicas en modelos animales, a las formas de secuencias, a la genómica comparativa en evolución y a su relación con la Medicina y, finalmente, a las variaciones genómicas.

La segunda unidad se refiere a la expresión genómica, abarcando desde la investigación básica y aplicada, con microarreglos de ADN, hasta la proteómica (estructuras tridimensionales de proteínas, interacción de redes, electroforesis bidimensional, cuantificación de proteomas en cultivos celulares).

Finalmente, la tercera unidad trata de la perspectiva genómica total: desarrollo de nuevas medicaciones, circuitos genómicos en genes simples, circuitos genómicos integrados, biología de sistemas e integración de los subconjuntos de genomas y proteomas en modelos predictivos.