

Biotecnología

EN MOVIMIENTO



REVISTA DE DIVULGACIÓN DEL INSTITUTO DE BIOTECNOLOGÍA DE LA UNAM



UN MODELO EXPERIMENTAL para estudiar la obesidad

EL ÁCIDO FÓLICO
y las plantas

EMPRENDER
con compuestos que *pican*

LA DESAPARICIÓN
de las abejas 2da. parte

LA ECONOMÍA en el
SIGLO XXI

LAS NUEVAS TECNOLOGÍAS
y los patógenos

DEL PULQUE Y LA SEQUÍA
en las plantas

LOS INICIOS
del IBt 2da. parte

**Unidad de Secuenciación
Masiva y Bioinformática**

Disponible en: www.ibt.unam.mx



Instituto de Biotecnología
UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO



Presentación

En este número de *Biotecnología en Movimiento* compartimos la experiencia del IBt en la secuenciación del genoma del agente infeccioso *Babesia divergens*, que transmitido por garrapatas causa síntomas similares a los de la malaria. Para los amantes del pulque que se preguntan ¿por qué es viscoso? incluimos un artículo sobre la microbiología del pulque de Huitzilac, Morelos. Los lectores conocerán la estrategia usada por las semillas, a través de las proteínas “desordenadas”, para favorecer la sobrevivencia de las plantas durante la sequía.

El Dr. Luis Covarrubias nos comparte sus aportaciones al entendimiento de algunas de las bases bioquímicas de la obesidad, que le llevaron a obtener el premio “Dr. Jorge Rosenkranz” 2014. Por otra parte, la Dra. Jazmín Reyes fue distinguida con el Premio AgroBIO 2014 a la mejor tesis de doctorado en biotecnología agrícola; en su trabajo, identificó la función que tiene el ácido fólico en el crecimiento de las raíces.

Tres estudiantes del IBt nos comparten sus resultados sobre el funcionamiento de enzimas que descontaminan agua; así como un vistazo al interior de los biorreactores y de cómo algunas veces no podemos imitar a la naturaleza cuando de evolución se trata. Presentamos asimismo el curso “Del gen al producto” en el que los estudiantes reciben un entrenamiento teórico-práctico para el desarrollo de bioprocesos.

El desarrollo de un producto y la creación de una empresa con base tecnológica puede ser un proceso difícil, de largo aprendizaje, aunque muy enriquecedor. Los interesados podrán conocer el camino recorrido por el Dr. Alejandro Torres, empresario y ex-alumno del IBt.

En nuestro primer número de *Biotecnología en Movimiento* el Dr. Miguel Corona, ex-alumno del IBt, nos contó sobre la desaparición de las abejas; ahora nos plantea soluciones a ese grave problema, resultado de su investigación en el Departamento de Agricultura de los E.E.U.U.

A aquellos que les guste la historia, les invitamos a visitar la parte final de la narrativa del Dr. Mario Zurita sobre sus experiencias como estudiante del entonces Centro de Investigación sobre Ingeniería Genética y Biotecnología, el antecesor del IBt.

En este número conoceremos las actividades y alcances de la Unidad de Secuenciación Masiva y Bioinformática del IBt.

Finalmente, se incluye la reseña de tres libros que hablan de la paradoja de la pobreza dentro de la abundancia de la sociedad actual, que invitan a reflexionar sobre la sociedad que queremos para nuestros hijos y nietos.

Esperamos que los lectores disfruten de este segundo número de *Biotecnología en Movimiento*, que da cuenta del enorme potencial de la biotecnología en diversos campos, así como el hecho de que el conocimiento básico involucrado, juega un papel fundamental en su desarrollo.

Agradecemos los comentarios, que nos motivan, entusiasman y que sin duda contribuyen a mejorar la calidad de *Biotecnología en Movimiento*.

El Comité Editorial
biotecmov@ibt.unam.mx

Sección a cargo de Adán Guerrero (adanog@ibt.unam.mx)

El IBt cuenta con seis unidades que dan las facilidades tecnológicas de avanzada, necesarias para el desarrollo de los proyectos de investigación. Asimismo, contamos con tres laboratorios, de carácter universitario o nacional, cuyos servicios de apoyo a la investigación y a la docencia son

cruciales para la comunidad universitaria y empresarial. En esta sección, los académicos adscritos a las Unidades/Laboratorios nos comparten sus experiencias en el trabajo cotidiano desde sus trincheras.



Unidad de Secuenciación Masiva y Bioinformática, a la vanguardia de la ciencia

Dr. Alejandro Sánchez Flores

Uno de los grandes problemas que ha afectado el desarrollo científico del país, ha sido el rezago a nivel tecnológico en diferentes áreas. Gracias al fenómeno de globalización que vivimos actualmente, los costos de la tecnología de vanguardia se han reducido considerablemente, permitiendo cerrar la brecha tecnológica que existía en la ciencia en México.

Ejemplo de ello es la Unidad de Secuenciación Masiva y Bioinformática (USMB), que tiene como sede al IBt de la UNAM (www.uusmd.unam.mx). Esta unidad se encarga de brindar servicios a usuarios tanto dentro como fuera de la UNAM, incluyendo aquellos del extranjero. Los servicios que se brindan están enfocados a resolver problemas en diversas áreas de la ciencia y la tecnología como son la biología, la ecología, la medicina y la biotecnología, entre otras, relacionadas con la información que se puede obtener a partir del ADN y que gracias a las nuevas tecnologías, es posible caracterizar y estudiar en tiempos cortos a precios relativamente bajos.

El ADN es una cadena formada principalmente por 4 bloques (bases) que normalmente son representados por las letras A, T, G y C. Estas largas cadenas no sólo son las moléculas responsables de la herencia en los seres vivos, también contienen mensajes o instrucciones que definen a cada organismo. Por lo tanto, lo que se desea es determinar la secuencia -el orden- en el que se encuentran estos bloques en

la molécula del ADN y por esto el proceso se llama "secuenciación".

La cantidad de información a secuenciar dependerá de cada organismo. Por ejemplo, una bacteria puede tener toda la información genética en un millón de bases, mientras que el ser humano tiene 3 mil millones de estos bloques. Este compendio de información genética, es lo que se conoce como el genoma de un organismo y al estudio de los genomas se le denomina genómica. Analizar esta cantidad de información no es posible de manera manual. Sin embargo, la ventaja de poder representar los bloques o bases que conforman la molécula de ADN en letras de nuestro alfabeto, hace posible crear textos que contienen toda la información de un genoma.

Dichos textos pueden ser almacenados, procesados, filtrados, analizados e interpretados de manera digital, haciendo uso de herramientas computacionales. Esto es lo que se conoce como Bioinformática.

...gracias al fenómeno de globalización que vivimos actualmente, los costos de la tecnología de vanguardia se han reducido considerablemente, permitiendo cerrar la brecha tecnológica que existía en la ciencia en México..."

Cluster con capacidad de análisis de 280 computadoras trabajando simultáneamente



con enfermedades tales como la diabetes, donde se estudian las variantes genéticas de los miembros de una familia que presenta la patología. En otro proyecto, en colaboración con el Servicio Nacional de Sanidad Inocuidad y Calidad Agroalimentaria (SENASICA), se desarrolló un método para la detección de elementos transgénicos (ADN que no pertenece a una especie y que al ser introducido en otra especie le transfiere capacidades que favorecen su crecimiento o productividad) presentes en diferentes tipos de cultivo.

Como su nombre lo indica, la unidad se especializa en la secuenciación masiva de ADN y en la Bioinformática, áreas inseparables para poder analizar e interpretar la información generada. La secuenciación del genoma humano comenzó en el año de 1990.

...nuestros servicios están a disposición para contribuir a resolver, en medida de lo posible, problemas que afecten a la sociedad...

Diez años después, se logró determinar la secuencia del genoma con un costo aproximado de 1,000 millones de dólares americanos. Además, dicho genoma aún no se termina de analizar por completo; sin embargo, gracias a la bioinformática, no sólo fue posible reconstruir el genoma, sino estudiarlo en un periodo de tiempo razonable. Actualmente, gracias a la infraestructura con la que cuenta la USMB, es posible repetir la misma hazaña en cuestión de días y a un precio menor a los 10 mil dólares, debido a que contamos con tecnología de punta y la experiencia de un grupo de científicos con amplio conocimiento en las áreas de genómica y bioinformática.

La USMB, además de brindar los servicios de secuenciación de ADN y de bioinformática, asesora a sus usuarios para resolver las preguntas biológicas, médicas o biotecnológicas, detrás de sus proyectos. Por mencionar algunos ejemplos, realizamos análisis de ADN de poblaciones indígenas mayas

Esto es muy importante debido al control que se requiere para cumplir con las leyes de uso de organismos genéticamente modificados en nuestro país. También hemos participado en resolver problemas de acuicultura, como es la muerte de los cultivos de camarón blanco en el norte del país, el cual parece estar relacionado con el virus "de la mancha blanca" y con especies bacterianas del género *Vibrio*. Estos patógenos están siendo caracterizados actualmente en la USMD para posteriormente tratar de encontrar métodos de prevención, con el fin de reducir pérdidas de producción. Por lo tanto, la USMB tiene una fuerte participación en la resolución de problemas que afectan a distintos sectores de la sociedad.

Finalmente, la USMB, al ser un pionero y referente en las áreas de genómica y bioinformática, forma parte del Laboratorio Nacional de Respuesta a Enfermedades Emergentes, la cual tuvo una participación muy importante en la caracterización de la epidemia del virus de influenza que afectó a nuestro país en el 2009. Todo esto ha sido posible gracias al apoyo de nuestra máxima casa de estudios (UNAM), del IBT y del Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACyT), por lo cual tenemos un gran compromiso moral y social; nuestros servicios están disponibles para contribuir a resolver, en medida de lo posible, problemas que afecten a la sociedad.

Contacto: alexsf@ibt.unam.mx