



Bibliotecas de ADN: herramienta del pasado para el futuro

DNA libraries: a tool of the past for the future

Por Carina Hinojosa González

Resumen: Las bibliotecas de ADN son acervos genéticos de cualquier organismo, cuyos genes preservados pueden ser clonados o modificados para entender su evolución y mejorar su calidad de vida. Este texto muestra los beneficios de las bibliotecas génicas en el área médica, con el estudio de enfermedades y la creación de vacunas y medicamentos, pero también expone cómo estos acervos abren un amplio panorama a la investigación genética.

Palabras clave: vector, biblioteca genómica, información genética, cromosomas.

Abstract: DNA libraries are gene pools of any organism, whose preserved genes cloned or modified help to understand its evolution and improve its quality of life. This text shows the benefits of gene libraries in the medical area, with the study of diseases and the creation of vaccines and drugs, but also shows how these collections open a wide panorama to genetic research.

Keywords: vector, genomic library, genetic information, chromosomes.

Recibido: 11/11/22 • Aprobado: 25/11/22

Una biblioteca de ADN (ácido desoxirribonucleico) es una representación del grupo de clones de vectores que contiene partes de material genético e información específica del genoma. Según Alberts *et al.* (1994), es la colección de fragmentos de ADN en la que se espera esté incluido el mayor número posible de secuencias de un genoma o las secuencias contenidas en un cromosoma.

Según su funcionalidad, hay librerías genómicas, es decir, que ocupan todo el ADN de una especie para obtener fragmentos clonados de vectores mediante sondas, y librerías de cromosomas específicos, parciales o minigenotecas, las cuales se caracterizan por utilizar cromosomas puri-

ficados. El National Human Genome Research Institute (Estados Unidos) (2022) explica que el método consiste en romper el genoma en una colección de pequeñas partes que se ordenan de forma individual. Mediante un programa de computadora, se buscan coincidencias en las secuencias de ADN y se ordenan para reconstruir el genoma. Riquelme y Pinto (2013) afirman que para tener una biblioteca genómica es necesario conocer:

- los genes que se transcriben en un momento determinado,
- en qué tejido se transcribe el gen a estudiar,
- los genes o confirmar posibles genes en un proyecto genoma,
- los límites de un gen y sus intrones,

- así como secuenciar genes de especies de las que no se tiene el genoma completo.

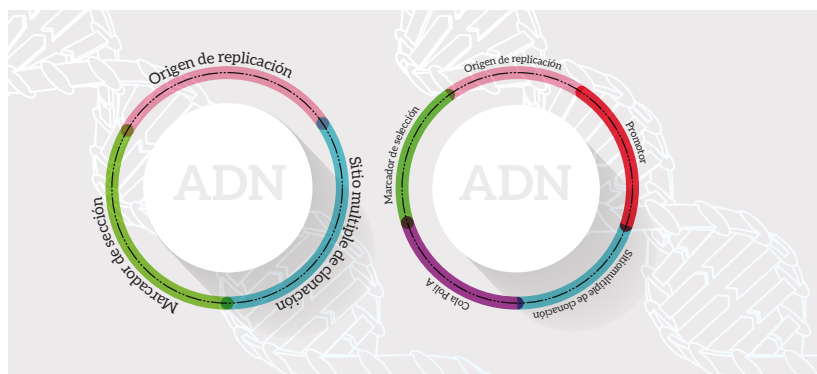
El principio fundamental para crear una librería es aislar el genoma del organismo y luego cortar segmentos con enzimas de restricción para la obtención del inserto del ADN, por lo tanto, se tendrá una muestra aislada en una región codificante.

En cuanto a los vectores, estos son moléculas de ADN de doble cadena con capacidad de almacenar un fragmento de ADN exógeno. Según IBIAN Technologies (2015), los vectores de clonación son plásmidos –moléculas de ADN circular extracromosómico que se replican independientemente del ADN nuclear– con fragmentos de

ADN de un gen que se va a introducir o expresar en el hospedador. Para cortar el vector, son necesarias enzimas de restricción. Existen, además, tipos de vectores entre los que pueden encontrarse plásmidos, fagémidos y cromosomas artificiales bacterianos o de levadura.

La diferencia entre un vector de clonación y uno de expresión está en las localizaciones de unión y de clonación; en el vector de replicación puede observarse el sitio de entrada al ribosoma y un promotor, además de la secuencia de poliadenilación (Figura 1).

Figura 1. Diferencias entre vectores



Fuente: Elaboración propia.

“Los cromosomas artificiales de levadura (YAC) constan de una molécula de ADN humano obtenido por ingeniería genética que son utilizados para clonar secuencias de ADN en células de levadura. A menudo se utilizan para el mapeo y la secuenciación de genomas” (NIH, 2022).

Otra de las aplicaciones se centra en los bacteriófagos, que tienen un proceso lítico y lisogénico en el ciclo de vida, y que pueden copiarse con el ADN de la célula cada vez que esta se divide. “Un bacteriófago, o de manera breve, fago, es un virus que infecta a las bacterias” (OAS, 1980), por ello son usados para generar vacunas.

Debido a la variedad de organismos y sus beneficios, conocer la secuencia genética tiene aplicaciones en muchas áreas, como la biología, para la caracterización filogenética, la diferenciación celular de poblaciones subcelulares y la epigenética, o para comprender algunas enfermedades, como el cáncer, en el análisis de la replicación de tumores, y del tamaño y el lugar de las células

mutadas. La clonación para obtener genes específicos ha sido de gran utilidad para producir vacunas y nuevos medicamentos.

Por todo lo anterior, saber cómo funciona la biblioteca genómica de cada organismo posibilita entender su complejidad, así como las causas que han llevado a la preservación de tales genes y no de otros a lo largo de la evolución y adaptación. Las librerías de ADN generan esperanza respecto a especies que se catalogan en peligro de extinción, y son la base de infinidad de investigaciones que pueden llevarse a cabo en cualquier rama científica para el bienestar común entre ecosistemas y poblaciones.

Referencias

- Alberts, Bruce et al. (1994). *Biología molecular de la célula*. Reino Unido: Garland Publishing.
- IBIAN Technologies. (2015). “Vectores de clonación”. <<https://www.ibian-tech.com/vectores-de-clonacion/>>
- NIH (National Human Genome Research Institute) (2022). “Cromosoma artificial de levadura (YAC)”. <<https://www.genome.gov/es/genetics-glossary/Cromosoma-artificial-de-levadura>>.
- OAS (Organization of American States) (1980). *Bacteriophages* (2ª. ed.).
- Riquelme, Alejandro y Manuel Pinto (2013). “Introducción a la genómica en vid”. Universidad de Chile. <<http://file:///C:/Users/asus/Downloads/Introducci%25F3n%2520a%2520la%2520gen%25F3mica%2520en%2520vid.pdf>>.



Carina Hinojosa González es alumna de Biotecnología en la Facultad de Ciencias de la UAEMéx. Actualmente desarrolla estudios en genética y secuenciación de microorganismos para evitar su extinción, así como sus posibles aplicaciones en la industria alimentaria, y mejoramiento de especies vegetales.

