



**Universidad del
Sureste**

Escuela de Medicina Humana

SEMESTRE:

4^o A

MATERIA:

BIOLOGIA MOLECULAR

TRABAJO:

CUADRO COMPARATIVO

DOCENTE:

QFB. HUGO NAJERA MIJANGOS

ALUMNO (A):

YANIETH ORTIZ ALFARO

COMITAN DE DOMINGUEZ, CHIAPAS, 18 DE DICIEMBRE DE 2020.

HIBIRDACION IN SITU EN PATOLOGIA MOLECULAR	MICROARREGLOS EN PATOLOGIA MOLECULAR	SECUENCIACION EN PATOLOGIA MOLECULAR	ANALISIS DE PROTEINAS TRUNCADAS
Método histoquímico que emplea a la biología molecular de la misma manera que la inmunohistoquímica utiliza los métodos de la inmunología.	Los microarreglos constituyen una distribución ordenada de más de 10 mil genes por cm ² en una pequeña superficie, del tamaño de un portaobjetos, se estudia mediante hibridación y puede obtenerse una interpretación instantánea de la expresión de múltiples genes en un solo análisis	La secuenciación química tiene ventajas específicas. En primer lugar, los tratamientos químicos son sencillos de controlar; el ataque químico ideal, una base eliminada por hebra, produce una buena distribución de materiales marcados a través de la secuencia.	Se basa ciertamente en el empleo de un análisis a nivel de ARN (en forma de ADNc_o ADN genómico) y a nivel de proteína a partir de ADN genómico o ARNm
La inmunohistoquímica se basa en la unión antígeno/anticuerpo, mientras que la especificidad de la hibridación in situ se basa en la unión de una sonda con una secuencia complementaria de ADN o ARN dentro de un tejido.	La técnica de microarreglos se basa en la hibridación de ácidos nucleicos y su detección por fluorescencia mediante análisis de imagen	La secuenciación por terminación fluorescente es un método para el análisis de la secuencia del ADN mediante automatización parcial.	La aparición de mutaciones en la secuencia de ADN de los organismos puede dar lugar al desarrollo de patologías, bien asociadas a algún tipo de deficiencia, a una expresión exacerbada de algún componente molecular, o al incorrecto funcionamiento de cierto sistema biológico, aún solo a causa de uno de sus eslabones.
Hibridación in situ no requiere de la extracción de ácidos nucleicos	Se obtendrá señal fluorescente en los puntos (genes) donde haya habido hibridación; la intensidad de fluorescencia será directamente proporcional al nivel de expresión del gen.	La secuencia de nucleótidos de los genes humanos ha sido y continúa siendo de gran importancia como herramienta de investigación para el entendimiento de las bases de los procesos celulares que definen la fisiología y el desarrollo.	PTT está basado en la transcripción y traducción in vitro de una región amplificada de un gen o mRNA alvo mediante PCR de transcripción reversa (RT-PCR).
Hibridación in situ tiene un alto grado de resolución, que permite la localización de secuencias génicas	se utilizan gran des porciones de ADN genómico en las que se incluyen regiones conocidas de	Secuenciación Sanger análisis de fragmentos amplificación múltiple de sondas dependientes de	PTT está compuesto por 4 pasos. Separación de ácidos nucleicos.

<p>a nivel cromosómico, con lo que se pueden detectar translocaciones y otras alteraciones cromosómicas</p>	<p>cromosomas, a fin de estudiar anomalías cromosómicas.</p>	<p>Ligación análisis de metilación diagnóstico molecular genómico secuenciación masiva paneles de genes exoma genoma arrays de hibridación genómica comparada.</p>	<p>Amplificación de una región específica del gen de interés. Transcripción y traducción in vitro del producto de reacción de amplificación. Detección de los productos traducidos.</p>
<p>Principales aplicaciones son la identificación de infecciones virales en tejidos, así como el mapeo cromosómico</p>	<p>Se utiliza para la detección de tumores, defectos congénitos, presencia o ausencia de genes predisponentes o número de copias de genes involucrados en la evolución de la enfermedad. Campos de la biología básica, estudio del cáncer, diagnósticos de enfermedades, guías de tratamiento e investigación de nuevos fármacos.</p>	<p>Alcanzar hitos tan relevantes para la Genética Humana como la secuenciación del primer genoma humano en el año 2001, o la caracterización del primer haplotipo humano por el consorcio HapMap.</p>	<p>Las proteínas constituyen, en muchos casos, el origen de las enfermedades, sencillamente porque están involucradas en numerosos y diversos procesos, muy específicos en la mayoría de las ocasiones</p>
	<p>Preparar el soporte con los ADN elegidos, incubar e hibridar con el ADNc y las marcas fluorescentes, detectar la unión de ADNc mediante tecnología láser, almacenar los datos y analizar las imágenes con métodos estadísticos adecuados.</p>	<p>Han permitido la rápida expansión de su uso en la comunidad científica ofreciendo nuevas alternativas para la secuenciación de genomas completos 11, 12, 13, resecuenciación dirigida de zonas concretas del genoma 14, 15, 16, 17, secuenciación de transcriptomas completo (RNA-Seq), identificación de microRNAs, estudios de interacción proteína-DNA (ChIP-seq) o estudios de metilación entre otros.</p>	<p>PTT facilitó la detección de nuevos tipos de mutación, debido a que un cambio en la secuencia genera una región altamente mutable y detectable en la superficie del ARN.</p>

FUENTES DE INFORMACIÓN

A; Salazar Montes, A, Sandoval Rodríguez, J; Armendáriz Borunda (2013). *BIOLOGÍA MOLECULAR Fundamentos y aplicaciones en las ciencias de la salud*. McGRAW-HILL INTERAMERICANA EDITORES, México

MV; Dominguez, (2009). Métodos de investigación molecular en la detección de mutaciones germinativas en cáncer colorrectal hereditario. Recuperado de http://www.scielo.org.pe/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1022-51292009000300007

S; SANTILLÁN, (2015). DIAGNÓSTICO MOLECULAR DE ENFERMEDADES GENÉTICAS: DEL DIAGNÓSTICO GENÉTICO AL DIAGNÓSTICO GENÓMICO CON LA SECUENCIACIÓN MASIVA. Recuperado de <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0716864015000942>