

UNIVERSIDAD DEL SURESTE

Medicina Humana

Nombre del alumno: Yamili Lisbeth Jiménez Arguello.

Nombre del docente: Hugo Nájera Mijangos.

Nombre del trabajo: Ensayo “técnicas moleculares”.

Materia: Genética humana.

Grado: 3° Grupo: B.

TÉCNICAS MOLECULARES

INTRODUCCIÓN

Las técnicas molecular son una rama de la disciplina aplicada al estudio de enfermedades infecciosas, en la cual se implementan técnicas moleculares utilizadas para la identificación de agentes patógenos en los estudios epidemiológicos; tiene como objetivo describir la distribución de la enfermedad y sus factores de riesgo con el fin de intervenir en el curso de su desarrollo natural. Se basa en análisis estadístico mediante métodos geográficos que permite evaluar el desarrollo de la afección, y detectan y cuantifican material genético específico proveniente de muestras biológicas, estudio de brotes, caracterización de microorganismos, relaciones existentes entre genotipos y estudios de factores de virulencia.

El diagnóstico molecular es una área dinámica que está en constante desarrollo que ha revolucionado el diagnóstico clínico, mostrando un impacto en las áreas de salud, y obligado a la implementación de herramientas claves para el equipo clínico que generan un beneficio directo para el paciente.

El principio de la epidemiología molecular radica en el estudio de las enfermedades infecciosas a través del empleo de técnicas moleculares que permitan el estudio del genoma de bacterias, virus, viroides, hongos y parásitos, agentes etiológicos de dichas enfermedades.

DESARROLLO

La técnica de biología molecular funcionan para analizar ácidos nucleicos y detectar, e identificar tanto microorganismos, como los diferentes genotipos dentro de una misma especie y genes de resistencia a lo que es el tratamiento farmacológico. Estas técnicas adquiere un paso previo de extracción de ADN o ARN.

Se describen técnicas como la reacción de cadena de polimerasa, hibridación de sondas de ADN, secuenciación de genomas, secuenciación paralela, también conocida como masiva o de nueva generación (NGS), pirosecuenciación, Polimorfismo amplificado aleatorio ADN (RAPD) y Polimorfismo de Longitud de Fragmento de Restricción (RFLP) entre otras, donde buscan brindar apoyo en obtención de datos con resultados confiables.

La Reacción en Cadena de la Polimerasa (RCP) ha sido la principal herramienta diagnóstica que ha aprovechado las bondades de la biología molecular al punto de alcanzar gran versatilidad como técnica de análisis. La especificidad, el rendimiento y la fidelidad de la RCP se encuentra directamente influenciada por los diferentes componentes que la integran como la mezcla de reacción, régimen de ciclaje y la ADN polimerasa; la técnica permite la amplificación selectiva de cualquier segmento de ADN, conocer las secuencias que lo flanquean, obtener una secuencia de ADN concreta sin recurrir a la clonación en un organismo huésped. Sus aplicaciones son variables e ilimitadas, ejemplo de ello, es la posibilidad de realizar estudios de expresión genética, secuenciación directa de secuencias amplificadas, detección de mutaciones, seguimiento de la efectividad de tratamiento de enfermedades, diagnósticos de enfermedades genéticas e infecciosas y en ciencia forense en la identificación de restos biológicos, determinación de paternidad y pruebas periciales en criminalística.

La secuencia del ADN consiste en determinar el orden de las bases A, C, G y T en un fragmento de ADN, permite obtener la secuencia de un fragmento determinado de ADN, un gen o parte de este, y ser empleado en la actualidad. Este método ha ido evolucionando con el tiempo y en la actualidad se han implementado diferentes tipo de secuencias, destacándose la secuencia paralela, masiva o de nueva generación (NGS), que permite la exploración de genomas completos de humanos u otras especies; y la pirosecuencia, con la cual es posible determinar la secuencia de una molécula de ADN, identificando bases individuales, o secuencias cortas de ácidos nucleicos en posiciones determinadas. La hibridación, es un método que se basa en la unión de dos cadenas sencillas de ácidos nucleicos que producen estructuras de doble hebra, las cuales son híbridos de ADN, ARN-ARN o ADN- ARN. El método de hibridación se basa en el desarrollo de dos moléculas de ácidos nucleicos: una homogénea de secuencia distinguida como sonda y la otra heterogénea de secuencia desconocida, la cual contiene la secuencia diana que se quiere analizar. Los ácidos nucleicos de cadena sencilla, provienen de ADN clonado y fragmentado por enzimas de restricción, o de oligonucleótidos sintéticos.

CONCLUSIÓN

Las técnicas empleadas en la investigación con el fundamento molecular, pues han permitido un avance muy significativo en lo que es la investigación, y han aportado principalmente al desarrollo epidemiología molecular como una ciencia aplicada para el

conocimiento de características genóticas de comunidades bacterianas en diferentes ambientes como el ambiental, veterinario y humano, y generado conocimiento sobre el comportamiento epidemiológico y los cambios que las poblaciones principalmente bacterianas han desarrollado como mecanismo de defensa y/o adaptación a sus condiciones de hábitat.

Se dice que hoy el uso de técnicas moleculares como la NGS, pirosecuencia, RAPD y RFLP, permite el estudio de un genoma completo o secuencias específicas de ADN de secuencias largas o cortas con el fin de detectar y analizar secuencias de interés para la investigación en las ciencias agronómicas, forenses, diagnóstico clínico e investigación básica, traslacional y aplicada.

BIBLIOGRAFIA

- <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0716864015001546>
- http://scielo.sld.cu/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1729-519X2017000500012