

# Vocabulario inglés-español de bioquímica y biología molecular (7.ª entrega)

María Verónica Saladrigas\*

**amorph:** alelo amorfo, alelo nulo.

→ NULL MUTATION

**amorphic mutation:** mutación amórfica, mutación anuladora.

→ NULL MUTATION

**array:** matriz.

Distribución ordenada de moléculas o de muestras biológicas sobre un soporte sólido.

**Observación:** según la naturaleza de las moléculas o las muestras biológicas inmovilizadas sobre el soporte en cuestión, destacan distintos tipos (p. ej.: *DNA arrays*, *protein arrays*, *tissue arrays*). Por lo general, si la matriz admite miniaturización o contiene una gran densidad de muestras de tamaño muy pequeño, se antepone el prefijo *micro-* (*microarray*, micromatriz), y si no la admite o contiene un menor número de muestras de tamaño mayor, se antepone el prefijo *macro-* (*macroarray*, macromatriz). Otras veces, el prefijo *micro-* se coloca de forma arbitraria para destacar el tamaño relativamente pequeño del soporte, sin que se haya establecido a partir de qué tamaño se debe hablar ya de micromatriz. Sin más especificación, la mayoría de las veces es una micromatriz (*microarray*). En México y la Argentina se traduce generalmente por «microarreglo» o «microordenamiento» (*microarray*). Es sinónimo de *biochip* o *chip* (en su primera acepción).

**biochip:** biochip.

1 Matriz. Véanse ARRAY y DNA ARRAY.

2 Circuito integrado (chip) cuyas funciones lógicas y electrónicas son realizadas por moléculas de proteína manipuladas convenientemente.

**Observación:** a mediados de 1980 esta palabra se utilizaba sobre todo en su segunda acepción, aunque por entonces también tenía el significado médico de microchip implantable («implantable solid-state devices used as neurological or physiological prostheses»). Desde finales de 1990 hasta la actualidad, en el ámbito de la biología molecular se utiliza casi siempre como sinónimo de *array* (matriz). Sin otro calificativo normalmente se refiere a una micromatriz de ADN.

**bioinformaticist:** bioinformático.

Persona con los conocimientos necesarios de biología e informática para comprender un problema de índole medicobiológica y luego diseñar, someter a prueba y poner en marcha estrategias basadas en técnicas informáticas para resolverlo. Véase BIOINFORMATICS.

**bioinformatics:** bioinformática.

Informática aplicada a la recolección, al almacenamiento y al análisis de datos biológicos. En su artículo «What is

bioinformatics?» Nicholas M. Luscombe define los principales objetivos de esta disciplina del modo siguiente: 1) organizar los datos biológicos de forma que los investigadores tengan acceso a la información existente y puedan a su vez enviar información a medida que obtienen datos experimentales nuevos (p. ej.: bancos de datos sobre estructuras tridimensionales de proteínas, como el Protein Data Bank); 2) crear las herramientas y los recursos necesarios para efectuar análisis específicos (p. ej.: programas, como FASTA y PSI-BLAST, que permiten comparar las secuencias de aminoácidos de proteínas desconocidas con las secuencias de aminoácidos de proteínas ya caracterizadas); 3) utilizar dichas herramientas para analizar los datos de forma global e interpretar los resultados a fin de extraer su significado biológico (p. ej.: análisis global de un sistema biológico en particular y su comparación con otros sistemas relacionados a efectos de revelar los principios comunes por los que se rigen y poner de manifiesto propiedades propias de alguno de ellos o nuevas).

**Observación:** varias fuentes coinciden en que el término *bioinformatics* se concibió, a mediados de 1980, para referirse únicamente al análisis de datos procedentes de secuenciaciones biológicas (la fecha de su entrada en circulación se puede constatar mediante una búsqueda en la base de datos HighWire Press, de la Universidad de Stanford). En la actualidad, como acabamos de ver, su significado es un poco más amplio, aunque hasta hoy todavía no existe una definición consensuada. Por una parte, según John M. Hancock (*Dictionary of bioinformatics and computational biology*, 2004), los términos *bioinformatics* y *computational biology* pueden considerarse sinónimos; el primero es más frecuente en el Reino Unido y Europa, y el segundo, más utilizado en los EE. UU. Por otra, también según Hancock, algunos atribuyen a la bioinformática un significado un poco más restringido: «[bioinformatics can be considered] the computational storage and manipulation (but not analysis) of biological information and computational biology as a more biology-oriented discipline aimed at learning new knowledge about biological systems». Incluso cuando se establece alguna diferencia entre ambas, los límites son muy difusos, y no hay concordancia estricta entre las definiciones que se ofrecen; véanse, por ejemplo, las que recogen Benfey y Protopapas en su libro *Essentials of Genomics*: «computational biology is a term to describe the development of algorithms to solve problems in biology. [...] Bioinformatics is the application of computational biology to real data for

\* Doctora en Ciencias Biológicas, con especialización en Biología Molecular, por la Facultad de Ciencias Exactas y Naturales de la Universidad de Buenos Aires (Argentina). Traductora y revisora. Novartis Pharma AG, Basilea (Suiza). Dirección para correspondencia: [mariaveronica@freesurf.ch](mailto:mariaveronica@freesurf.ch).

the purposes of analysis and data management.» o el catedrático David M. Glick en su *Glossary of Biochemistry and Molecular Biology*: «[Bioinformatics is t]he management, manipulation and use of DNA nucleotide sequences, and consequent protein amino acid sequences, that are known from sequencing of genomes and cDNA libraries» (esta definición es algo antigua; se basa en un artículo de Andrade y Sander publicado en 1997, y el glosario no incluye *computational biology* como entrada separada).

Por último, en el tesoro de la Biblioteca Nacional de Medicina de los Estados Unidos (MeSH, Medical Subject Headings), elaborado en colaboración con especialistas de las esferas respectivas, la expresión *computational biology* figura como sinónimo estricto de *bioinformatics*, con la siguiente definición: «A field of biology concerned with the development of techniques for the collection and manipulation of biological data, and the use of such data to make biological discoveries or predictions. This field encompasses all computational methods and theories applicable to Molecular Biology and areas of computer-based techniques for solving biological problems including manipulation of models and datasets».

**blueprint:** juego completo de genes (genoma), material hereditario (ADN o ARN), información genética (contenida en la secuencia nucleotídica del genoma), constitución genética (genotipo), según el contexto.

→ GENETIC BLUEPRINT

**chip:** chip.

1 Matriz. Véanse ARRAY y DNA ARRAY.

2 Circuito integrado que cumple numerosas funciones en ordenadores y otros dispositivos electrónicos.

**comprehensive biology:** biología de sistemas.

→ SYSTEMS BIOLOGY

**computational biologist:** bioinformático.

→ BIOINFORMATICS

**computational biology:** bioinformática.

→ BIOINFORMATICS

**CpG island:** isla de CpG.

**Observación:** a veces figura con la grafía *CG island*.

En este caso se omite la letra *pe* (*p*) que representa el grupo fosforilo de unión entre el 3'-OH de la desoxicitidina y el 5'-OH de la desoxiguanosina. En castellano también circula la opción «islotte de CpG», pero su equivalente inglés (*CpG islet*) apenas se utiliza en comparación con *CpG island*. Véase DOMAIN.

**data mining:** prospección de datos.

Descubrimiento de relaciones o pautas existentes dentro de un grupo de datos experimentales mediante el uso de técnicas analíticas semiautomatizadas o completamente automatizadas, y la consiguiente formulación de hipótesis.

**Observación:** es sinónimo de *pattern analysis*, *intelligent data analysis*, *knowledge discovery*, *pattern discovery* y *pattern recognition*. Por «pauta» (*pattern*) se entiende en este caso cualquier relación que pueda existir dentro de un conjunto específico de datos. Según Hiroaki Kitano (2002), constituye una de las dos ramas de la bio-

informática; la otra es el análisis basado en simulaciones (*simulation-based analysis*).

En castellano, se halla muy difundido en la práctica el calco «minería de datos» para traducir este concepto, pero el gerundio *mining* del verbo *to mine* no tiene nada que ver con la minería en este caso. Más relación guarda con la acepción 2.b que recoge el diccionario *Merriam-Webster*: «**2.b:** to extract from a source <information mined from the files>». En cambio, nuestra «minería» tiene estos significados: «1. f. Arte de laborear las minas. | 2. f. Conjunto de los individuos que se dedican a este trabajo. | 3. f. Conjunto de los facultativos que entienden en cuanto concierne a ese trabajo. | 4. f. Conjunto de las minas y explotaciones mineras de una nación o comarca».

**dihemic:** dihémica.

Calificativo que se aplica a cualquier proteína constituida por dos grupos hemo. En el caso del citocromo *c-550*, también conocido como *citocromo c-549*, la proteína está formada por dos subunidades polipeptídicas y cada subunidad tiene su correspondiente grupo hemo (como grupo prostético). Véase HEME.

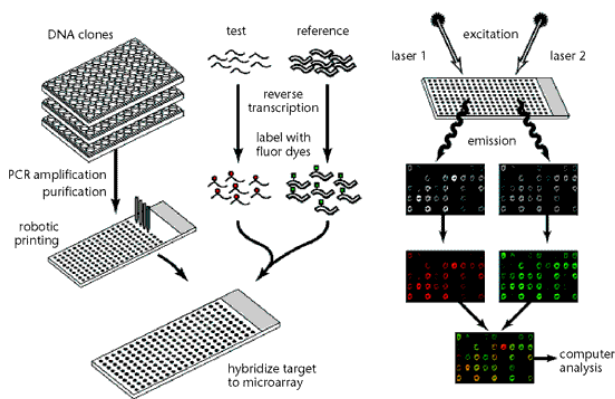
**DNA array:** matriz de ADN.

Distribución ordenada de cientos a miles de moléculas de ADN de secuencia conocida —las sondas o *probes*— sobre un soporte sólido. Estas sondas se hibridan con una solución de ácidos nucleicos desconocidos —las dianas o *targets*— que han sido marcados de antemano mediante algún procedimiento específico. Tras la hibridación y los lavados correspondientes, los híbridos retenidos en la matriz emiten una señal que puede de ser interpretada por instrumentos adaptados al tipo de señal en cuestión (por ejemplo, mediante microscopía confocal de barrido láser). Se obtiene así una imagen característica (véase la figura 1).

**Observación:** las sondas se pueden sintetizar directamente sobre una superficie rígida de vidrio (p. ej., en el caso de los oligonucleótidos) o se pueden preparar con anterioridad (p. ej.: oligonucleótidos, ADNc clonados, productos de PCR, etiquetas de secuencia expresada [EST], un fragmento génico), y en ese caso se ligan posteriormente al soporte de vidrio o a una membrana de nailon. Las dianas son, por lo general, ADNc obtenidos por transcripción inversa a partir de ARNm o ARN total. La matriz de nailon no se presta a miniaturización extrema debido a la naturaleza porosa de la membrana (por eso también se conoce con el nombre de *macromatriz* o *macroarray*, para diferenciarla de la que puede tener un tamaño más pequeño, conocida como *micromatriz* o *microarray*, normalmente de vidrio), pero puede servir para estudiar las pautas de expresión génica de organismos con genomas relativamente pequeños, como las bacterias, y es muy popular en los laboratorios, pues la determinación de las pautas de expresión génica mediante estas matrices se basa en protocolos convencionales de transferencia e hibridación de tipo Southern, muy familiares para el biólogo molecular. En cambio, las micromatrices no admiten estos protocolos de hibridación.

Las matrices de ADN permiten comparar la pauta de expresión génica (*gene expression profiling*) de dos poblaciones celulares distintas partiendo de muestras de ARNm o de ARN total, y también se usan con otros fines, por ejemplo, en el diagnóstico de enfermedades, el estudio de polimorfismos y el desarrollo de fármacos. El traductor debe estar atento, pues las palabras *probe* y *target* se utilizan a veces de forma intercambiable y no con el significado que hemos recogido aquí (el más difundido). Es sinónimo de *biochip*, *DNA chip*, *gene chip* y *gene array* (y variantes de los mismos). Véase ARRAY.

Figura 1: Esquema de un experimento de hibridación en micromatriz de ADN



Se obtienen sondas complementarias de los genes de interés, se amplifican por PCR, se purifican y se siembran en un portaobjetos de vidrio con ayuda de un robot. El ARN total extraído de las muestras de estudio o de referencia se convierte en ADNc fluorescente mediante una reacción catalizada por la transcriptasa inversa en presencia de fluoróforos específicos (conjugados Cy3-dUTP o Cy5-dUTP). Las dianas fluorescentes se juntan y luego se hibridan en condiciones rigurosas con las sondas de la matriz. Tras los lavados respectivos, los híbridos retenidos en la matriz producen una emisión característica al ser excitados por un rayo láser, y cada emisión característica es valorada de forma independiente por medio de un microscopio confocal de barrido láser. Luego, un programa informático se encarga de normalizar e integrar los resultados en una misma imagen coloreada, resaltando los niveles de expresión superiores o inferiores al de la muestra de referencia. (Imagen procedente de: Duggan DJ, Bittner M, Chen Y, Meltzer P, Trent JM. Expression profiling using cDNA microarrays. Nat Genet 1999; 21:10-14. Reproducida con permiso de Nature Publishing Group, <<http://www.nature.com/>>.)

**DNA chip:** matriz de ADN.

→ DNA ARRAY

**DNA macroarray:** macromatriz de ADN.

→ DNA ARRAY

Matriz de ADN sobre una membrana de nailon que, por su naturaleza porosa, no admite miniaturización y suele utilizarse con dianas radiactivas.

**DNA microarray:** micromatriz de ADN.

→ DNA ARRAY

Matriz de ADN sobre un soporte de vidrio que, debido a su tamaño pequeño o a la extrema densidad de muestras (puede contener miles de muestras de menos de 200 µm de diámetro por cm<sup>2</sup> de soporte matricial), normalmente no admite la utilización de dianas radiactivas, sino que se utiliza con dianas fluorescentes.

**expression array:** matriz de expresión.

Matriz de ADN que sirve para determinar la expresión de una serie de genes simultáneamente. Las sondas (*probes*), en este caso, son moléculas de ADNc o pequeños fragmentos de ADNc (conocidos con el nombre de «etiquetas de secuencia expresada» o EST), o fragmentos génicos inmovilizados sobre un soporte sólido, y las dianas (*targets*) consisten en ADNc obtenidos por transcripción inversa a partir de una muestra de ARN (usualmente ARNm), procedentes de un determinado tejido y marcados por medio de algún procedimiento específico.

**Observación:** es sinónimo de *RNA chip* y *RNA biochip*. Véase DNA ARRAY y EST.

**gene array:** matriz génica.

→ DNA ARRAY

**gene chip:** matriz génica.

→ DNA ARRAY

**Observación:** existen matrices de ADN de Affymetrix que llevan por nombre comercial GeneChip®.

**genetic blueprint:** juego completo de genes (genoma), material hereditario (ADN o ARN), información genética (contenida en la secuencia nucleotídica del genoma), constitución genética (genotipo), según el contexto.

La expresión *genetic blueprint* (o su forma abreviada *blueprint*) evoca de inmediato en el lector entendido la noción de genotipo (la constitución genética de una persona: «a detailed plan or program of action»). Sin embargo, en la práctica, se utiliza como sinónimo de al menos cuatro conceptos claramente diferenciables, aunque estrechamente emparentados entre sí, como demuestra la siguiente búsqueda en archivos de *Nature Genetics*:

1 Precedida de adjetivos como *entire* o *complete*, normalmente se refiere al juego completo de genes de un organismo (es decir, al genoma):

Hardly a month goes by without the publication of the **entire genetic blueprint** —the genome— of some organism or other. In almost all cases, the organisms concerned are simple [...].

The genome, representing the **complete blueprint** of the organism, is the natural bounded system in which to conduct this [...].

Véase GENOME.

2 Material hereditario o genético, molécula portadora de información genética, metafóricamente «hilo de la vida» (es decir, el ADN o el ARN, según cuál de los dos componga el genoma del organismo en cuestión):

DNA is the **genetic blueprint** and it is synonymous with life.

Although RNA is generally thought to be a passive **genetic blueprint**, some RNA molecules, called ribozymes, have intrinsic enzyme-like activity — they can catalyse.

Véase DNA y RNA.

### 3 Información genética (contenida en la secuencia nucleotídica del genoma):

The ultimate goal of the human genome project is to analyse the **genetic blueprint** of our genome and elucidate the mechanism of control of gene expression [...].

[...] as this discovery was a big leap then, the next step today is to discern the parasite's **blueprint**; the genomic sequence of *Plasmodium falciparum*.

Véase SEQUENCE.

### 4 Constitución genética de un individuo (es decir, su genotipo):

[...] characteristics of an organism, which result from the interaction of the organism's **genetic 'blueprint'** (its genotype) and the environment.

Véase GENOTYPE.

#### **genetic code:** código genético.

Clave que permite pasar de un lenguaje de cuatro letras (las bases nucleotídicas) a otro de 20 aminoácidos (número de aminoácidos naturales conocidos que componen las proteínas de los seres vivos).

**Observación:** el código genético está organizado en grupos de tres nucleótidos; cada grupo de tres nucleótidos se llama *triplete* o *codón*, y cada triplete o codón representa un aminoácido. Un gen incluye una serie de codones que se leen consecutivamente a partir de un punto de partida, el codón de iniciación (AUG o GUG), hasta otro de finalización, el codón de terminación (UAG, UGA y UAA). Los tripletes no son superponibles (cada codón consiste en tres nucleótidos, y el codón inmediatamente posterior está constituido por los tres nucleótidos siguientes), prueba de ello es que una mutación génica capaz de alterar un único nucleótido solo puede cambiar un aminoácido del polipéptido codificado por dicho gen. Se pueden formar 64 tripletes o codones diferentes a partir de los cuatro nucleótidos básicos que componen un ácido nucleico, y 61 de ellos codifican los 20 aminoácidos naturales, lo cual quiere decir que un mismo aminoácido puede estar codificado por más de un triplete (por eso se dice que el código es redundante, en inglés *degenerate*). Los tripletes equivalentes se conocen como *synonym codons* y suelen diferir en un solo nucleótido (el tercero en dirección 5' → 3'). Los tres tripletes restantes (64 - 61 = 3) sirven para señalar la

finalización del mensaje genético. El código es el mismo para casi todos los organismos vivos y por eso se considera universal, pero existen excepciones a la regla (por ejemplo, en la especie *Mycoplasma capricolum*, el codón UGA no es un codón de terminación, sino que codifica el aminoácido triptófano). En 1968, Robert W. Holley, Har Gobind Khorana y Marshall W. Nirenberg recibieron el Premio Nobel de Medicina y Fisiología por su interpretación del código genético y la función que éste desempeña en la síntesis de proteínas.

#### **genotype, to:** genotipar, genotipificar.

Caracterizar y analizar el genotipo (la constitución genética) de un organismo, en uno o más locus y por medios diversos (genéticos, moleculares, inmunológicos, etc.), utilizando células, tejidos u organismos enteros.

**Observación:** en castellano no existe el verbo *tipar*, pero sí *tipificar*, que la vigésima segunda edición del diccionario académico de la lengua española (DRAE 2001) registra con tres acepciones de uso distintas, una de las cuales, la que más se aproxima a la idea de caracterización, es la segunda: «dicho de una persona o de una cosa: Representar el tipo de la especie o clase a que pertenece» (en el sentido de que una persona o una cosa caracteriza o representa el tipo de la clase a la que pertenece). Si bien el verbo *genotipificar* no se utiliza en ese sentido, no resulta difícil imaginar cómo se ha popularizado en la práctica con el significado que aquí se indica (caracterización del genotipo).

#### **genotyping:** genotipado, genotipificación.

Acción y efecto de genotipar o genotipificar.

→ GENOTYPE, TO

**Observación:** en castellano, es muchísimo más frecuente «genotipado» que «genotipificación». Por lo común, el genotipado se basa en el análisis de polimorfismos (variaciones genéticas) presentes en una muestra de ADN (polimorfismos de la longitud de fragmentos de restricción o RFLP, microsátélites o minisátélites, polimorfismos de un solo nucleótido o SNP), pero el término tiene un significado más amplio, al aplicarse asimismo a cualquier prueba que permita revelar los alelos de locus específicos de un individuo (como en la determinación de los genotipos AO y AA, asociados al grupo sanguíneo A).

#### **haem:** hemo.

→ HEME

#### **hammerhead ribozyme:** ribozima «cabeza de martillo», ribozima en cabeza de martillo.

Pequeña ribozima capaz de hidrolizar enlaces fosfodiéster propios, cuya estructura secundaria recuerda la forma de la cabeza de un martillo (de allí su nombre: *hammerhead*). Está presente, como motivo de ARN, en viroides como el PLMVd, en ARN satélites o virusoides, en ARN de virus de plantas y animales y en algunos ARNm. Véanse MOTIF y RIBOZYME.

#### **heme:** hemo; derivado hémico.

**1 Hemo (heme).** Forma abreviada de ferrohemo (*ferroheme*, *ferrohaem*) o protohemo (*protoheme*), nombre común de la ferroporofirina (*ferroporphyrin*), otrora conocida como ferroporofirina IX (*ferroporphor-*

phyrin IX). Existe en forma libre o como grupo prostético de hemoproteínas (*heme proteins* o *hemoproteins*), p. ej.: hemoglobinas, eritrocruorinas, mioglobinas, algunas peroxidases, catalasas y citocromos.

**2** Derivado hémico (*heme* o *heme derivative*). En esta segunda acepción, *heme* es nombre genérico, sinónimo de *heme derivative*. Como nombre genérico designa cualquier complejo de coordinación formado por un ión de hierro (átomo central), una porfirina (ligando tetradentado) y uno o más ligandos axiales que ocupan la quinta y sexta posición de coordinación y difieren según el compuesto de que se trate, con independencia del estado de oxidación del átomo de hierro (ferroso +2 o férrico +3). La mioglobina (y cualquiera de las hemoproteínas mencionadas anteriormente) es un ejemplo de derivado hémico, donde un aminoácido de la proteína (la histidina) y una molécula de oxígeno ocupan la quinta y sexta posiciones de coordinación, respectivamente. Otro ejemplo es la hemina (*hemin*), el cloruro del hemo. Por ser los derivados hémicos un grupo específico de porfirinas (pigmentos naturales que tienen un anillo tetrapirrólico en común) también se conocen popularmente con el nombre de «porfirinas» o, más específicamente, de «ferroporfirinas», pero nunca como «hemos».

**Observación:** en castellano, la palabra «hemo» (sing.) se refiere siempre al grupo prostético hemo (primera acepción). Como nombre genérico, *heme* (*heme derivative*) nunca debe traducirse por «hemoderivado», especialmente en textos medicobiológicos, dado que en medicina tiene un significado distinto al aplicarse a cualquier derivado de la sangre (p. ej.: concentrado de inmunoglobulinas, albúmina humana, concentrado de fibrinógeno, factores de coagulación). Véase HEMO-.

**heme derivatives:** derivados hémicos.

→ HEME (2.ª acepc.)

**hemes:** derivados hémicos.

→ HEME (2.ª acepc.)

**hemo-:** hemo-

**1** Prefijo que expresa relación con la sangre.

**2** Prefijo que expresa relación con un grupo hemo. Véase HEME.

**Observación:** el *Oxford Dictionary of Biochemistry and Molecular Biology* también recoge las formas *hema-* y *hem-* y, en inglés británico, *haemo-*, *haema-* y *haem-*, además de *hemato-* (o *haemato-*). En castellano adopta asimismo las variantes *hemato-*, *hema-* y *hemat-*.

**high-throughput:** *adj.* de gran productividad, rápido.

Calificativo aplicado a cualquier técnica automatizada que permite obtener un gran número de resultados o efectuar un gran número de procesos por unidad de tiempo.

**Observación:** los métodos o técnicas *high-throughput*, debido a su gran productividad, se definen muchas veces como técnicas rápidas, por ejemplo: *high-throughput sequencing* («a fast method of determining the order of bases in DNA»), *high throughput structure determination* («the process of rapidly generating protein structures from genetic information»), *high-throughput screening* («proc-

ess for rapid assessment of the activity of samples from a combinatorial library or other compound collection, often by running parallel assays in plates of 96 or more wells» [IUPAC]). No obstante, no son exactamente equivalentes los conceptos de gran productividad y rapidez, aunque están estrechamente vinculados entre sí («to obtain rapid, high throughput genotyping of the angiotensin converting enzyme gene intron [...]», «the human genome project is driving the development of high-speed and high-throughput DNA sequencing and analysis methods.»). Otras veces, por *high-throughput* se entiende más específicamente la capacidad de analizar un gran número de muestras en paralelo en un solo experimento, como sucede en las matrices de ADN («Another important high-throughput genomic tool is the DNA or oligonucleotide array»). Véanse THROUGHPUT y ULTRA HIGH-THROUGHPUT.

**in silico:** *in silicio*.

Locución adverbial muy utilizada en biología molecular para calificar simulaciones, modelos, experimentos o análisis realizados en la computadora o el ordenador. P. ej.: «[...] This also witnessed the establishment of a new facet of the study of life, added to its study in vivo and in vitro: the study of living organisms with computers, in silico».

**Observación:** los archivos de HighWire Press y *Nature* registran su uso desde 1996, a veces como sinónimo de *in machina* y *virtual*. En los archivos de *Science* su aparición es posterior a 1999. Según Fernando Navarro, la locución latina correcta debe ser *in silicio* (como raramente se escribe) y no *in silico*, dado que el nombre latino del silicio no es *silicum*, sino *silicium*. Como adjetivo calificativo puede traducirse por «ficticio», «virtual», «aparente», «por ordenador» o «producido en el ordenador», en oposición a «real»: «these in silico polymorphisms still need to be validated».

**integrated biology:** biología de sistemas.

→ SYSTEMS BIOLOGY

**integrative biology:** biología de sistemas.

→ SYSTEMS BIOLOGY

**intelligent data analysis:** prospección de datos.

→ DATA MINING

**intron-specific splicing factor:** factor de corte y empalme codificado por intrón.

→ MATURASE

**isoschizomer:** isoesquizómero.

Endonucleasa de restricción que reconoce la misma secuencia de nucleótidos que otra enzima de restricción, con idéntica especificidad. Por extensión, el término también se aplica a las enzimas de restricción que escinden el ADN en distintos sitios dentro de la misma secuencia de reconocimiento.

**knowledge discovery:** prospección de datos.

→ DATA MINING

**loss-of-function mutation:** mutación amórfica, mutación anuladora.

→ NULL MUTATION

**maturase:** factor de maduración (del preARNm), factor de corte y empalme codificado por intrón.

Proteína codificada por intrones de los grupos I o II. Se une a su intrón codificante e induce el cambio de conformación necesario para que el intrón se escinda del preARNm respectivo y éste continúe su proceso de maduración —empalme de exones, poliadenilación y adquisición de la secuencia protectora de guanilatos en el extremo 5'— hasta convertirse en el ARNm correspondiente.

**Observación:** el NC-IUBMB, en su introducción a la *Classification and Nomenclature of Enzymes by the Reactions they Catalyse*, desaconseja vivamente el uso del sufijo *-ase* para formar nombres de proteínas carentes de la actividad catalítica que su nombre supuestamente indica: «The first general principle of these 'Recommendations' is that names purporting to be names of enzymes, especially those ending in *-ase*, should be used only for single enzymes, i.e. single catalytic entities. [...] In this context it is appropriate to express disapproval of a loose and misleading practice that is found in the biological literature. It consists in designation of a natural substance (or even of an hypothetical active principle), responsible for a physiological or biophysical phenomenon that cannot be described in terms of a definite chemical reaction, by the name of the phenomenon in conjugation with the suffix *-ase*, which implies an individual enzyme. Some examples of such phenomenon nomenclature, which should be discouraged even if there are reasons to suppose that the particular agent may have enzymic properties, are: permease, translocase, reparate, joinase, replicase, codase, etc.».

La situación de esta proteína es bastante peculiar; por un lado, tiene un dominio con actividad de endonucleasa y, en el caso de los intrones del grupo II, otro con actividad de transcriptasa inversa (el sufijo *-ase* en estos casos está bien aplicado, puesto que se trata de actividades enzimáticas), pero el dominio al que se le atribuye la actividad *maturase* carece de tal actividad (puesto que no convierte el preARNm en ARNm). Por ejemplo, una de las *maturases* mejor estudiadas es la proteína LtrA de *L. lactis*, cuyo nombre oficial completo es en realidad *group II intron-encoded protein ltrA* y no *maturase* (<[www.expasy.org/uniprot/P0A3U0](http://www.expasy.org/uniprot/P0A3U0)>). Se trata de una proteína multifuncional; en la base de datos Swiss-Prot (<[www.expasy.org](http://www.expasy.org)>) figura con las dos actividades de endonucleasa y transcriptasa inversa y con una tercera actividad (*RNA-maturase activity*), que en realidad corresponde a la de las enzimas de la clase EC 3.1 del NC-IUBMB (hidrolasas de enlaces éster).

Por consiguiente, la designación *maturase* (formada con el nombre de un fenómeno, la maduración del preARNm, más el sufijo *-ase*) contraviene de forma flagrante las normas del NC-IUBMB (de hecho, no hay ninguna enzima que se llame *maturase* en la clasificación enzimática de este comité).

Un significado muchísimo más claro trasmite un sinónimo de *maturase* que es *intron-specific splicing factor* (factor de corte y empalme codificado por intrón), aunque está claro que, luego, en la práctica, habrá quien siga pre-

firiendo, pese a todo, el calco «madurasa», por su brevedad y tradición, especialmente llegado el caso de que la proteína figure con el único nombre de *maturase* en la base de datos correspondiente.

**microchip:** microchip.

→ CHIP

**multidisciplinary biology:** biología de sistemas.

→ SYSTEMS BIOLOGY

**mutase:** mutasa.

Cualquier enzima de la clase de las isomerasas que cataliza el traslado intramolecular de un grupo químico.

**Observación:** no se trata de una proteína con actividad mutágena. Las isomerasas son enzimas de la Clase EC 5 en la nomenclatura enzimática del NC-IUBMB.

**network biology:** biología de sistemas.

→ SYSTEMS BIOLOGY

**new biology:** biología de sistemas.

→ SYSTEMS BIOLOGY

**null allele:** alelo nulo, alelo amorfo.

Alelo completamente inactivo o ausente como resultado de una mutación.

**Observación:** en todos los casos se pierde por completo la función asociada al alelo. Por lo tanto, un alelo nulo o amorfo se comporta en la práctica como un alelo recesivo (*recessive*) o «silencioso» (*silent*) —llamado así porque no se «expresa», es decir, no se traduce en un producto activo— y no influye en absoluto en el fenotipo general del individuo portador. Véase NULL MUTATION.

**null mutation:** mutación anuladora, mutación amórfica.

Mutación de un alelo que redundante en la pérdida completa de su función, ya sea porque no se transcribe ni se traduce o porque sintetiza un producto carente de actividad biológica.

**Observación:** no se trata de una mutación completa, sino de la pérdida completa de la función del alelo afectado, que es muy distinto: una mutación puede ser completa, entendiéndose por ello la transformación completa de un alelo  $A_1$  en otro  $A_2$  y, sin embargo, no redundar en un alelo amorfo. Tampoco puede decirse que sea nula (falta de fuerza, ninguna), sino todo lo contrario: su efecto es la anulación completa de la función asociada al gen afectado. Por otro lado, el lector debe tener presente que la palabra *mutation* designa a veces al individuo portador de una mutación, es decir, al mutante mismo y no a la mutación propiamente dicha. Véase MUTATION.

**omics:** ómicas.

Forma abreviada de referirse coloquialmente a diversas esferas emergentes de la biología molecular dedicadas al estudio de todos los componentes de una determinada clase dentro de un sistema biológico dado, con ayuda de herramientas automatizadas de análisis a gran escala. Por ejemplo: *genomics* (genómica, estudio cuantitativo de la totalidad de genes y secuencias reguladoras y no codificantes contenidas en el genoma), *transcriptomics* (transcriptómica, estudio de la población total de ARN transcritos), *proteomics* (proteómica o proteómica, estudio de todas las proteínas sintetizadas y de sus posibles modifica-

ciones postraduccionales), *metabolomics* (metabolómica, estudio del complemento de metabolitos de bajo peso molecular), *glycomics* (glucómica, estudio de todos los hidratos de carbono), *pharmacogenomics* (farmacogenómica, estudio cuantitativo de la forma en que el genotipo afecta a la respuesta del individuo a un determinado fármaco). (La lista anterior no es exhaustiva.)

**Observación:** según Günter Kahl (catedrático de Plant Molecular Biology en la Universidad Johann Wolfgang Goethe, en Frankfurt [Alemania], y autor de *The Dictionary of Gene Technology*), el término fue acuñado por John N. Weinstein (Head, Genomics & Bioinformatics Group del National Cancer Institute, Bethesda, Maryland [EE. UU.]).

**pathway:** vía; red o sistema.

**1** Vía. Serie lineal de reacciones químicas de la que es objeto una determinada entidad molecular o clase de entidades moleculares dentro de un sistema. Por ejemplo, cualquier vía metabólica (*metabolic pathway*) o serie de reacciones conectadas que tienen lugar en una célula u organismo biológico:

We have cloned and sequenced the *dit* gene cluster encoding enzymes of the catabolic pathway for abietane diterpenoid degradation by *Pseudomonas abietaniphila* BKME-9.

**2** Red o sistema. Conjunto de interacciones o de relaciones funcionales entre componentes físicos o genéticos de una célula, que operan de forma concertada para llevar a cabo un proceso biológico.

One abstraction that biologists have found extremely useful in their efforts to describe and understand the inner workings of cellular biology is the notion of a **biomolecular network, often called a pathway**. A pathway is a set of interactions, or functional relationships, between the physical and/or genetic [2] components of the cell which operate in concert to carry out a biological process.

A cell is built up of molecules, as a house is with stones. But a soup of molecules is no more a cell Than a heap of stones is a house. To support an understanding of the functioning and function of cells, in our view systems biology ought to focus on mathematical modelling and simulation of the dynamics associated with **biochemical reaction networks (pathways)**.

**Observación:** la segunda acepción, la más nueva y popular en biología de sistemas, hace hincapié en el carácter interactivo de los componentes de un *pathway* biológico, tal como ocurre, por ejemplo, en los *signaling pathways* (sistemas de transducción de señales): «Signaling events within or between cells are not restricted to linear pathways, but are well-known to be complex and dynamic networks».

**pathway biology:** biología de sistemas.

→ SYSTEMS BIOLOGY

**pattern analysis:** prospección de datos.

→ DATA MINING

**pattern discovery:** prospección de datos.

→ DATA MINING

**pattern recognition:** prospección de datos.

→ DATA MINING

**postgenomic biology:** biología de sistemas.

→ SYSTEMS BIOLOGY

**protein array:** matriz de proteínas.

Distribución ordenada de miles de moléculas de proteína, o de péptidos sintetizados in situ, sobre un soporte sólido.

**Observación:** las matrices proteínicas difieren en la naturaleza del soporte físico y el protocolo de obtención e inmovilización de moléculas, tal como ocurre con las matrices de ADN. En proteómica y genómica funcional permiten analizar en paralelo miles de interacciones entre proteínas (p. ej.: antígenos con anticuerpos) o de proteínas con ligandos específicos (enzimas con sustratos, proteínas con fármacos, etc.). También se utilizan en pruebas diagnósticas. Véase DNA ARRAY.

**protein microarray:** micromatriz de proteínas.

→ PROTEIN ARRAY

**quantitative biology:** biología de sistemas.

→ SYSTEMS BIOLOGY

**replisome:** replisoma; complejo de replicación.

Complejo formado por el conjunto de las proteínas presentes en la horquilla de replicación del ADN. No hay consenso en cuanto a su composición (pues parece depender de que el complejo no se disocie durante la purificación). Entre sus componentes se han citado la primasa, la ADN-helicasa, la proteína de unión a ADN monocatenario o proteína SSB, la topoisomerasa y la ADN-polimerasa III (en *E. coli*). Existe únicamente como unidad asociada a la estructura peculiar que el ADN adopta en la horquilla de replicación, y no como unidad independiente (como en el caso del ribosoma).

**Observación:** el nombre se atribuye a Kornberg (1974), quien lo utilizó por primera vez para designar el complejo de proteínas responsable de la replicación del ADN en *E. coli*. Para Günter Kahl es sinónimo de *primosome* o *primosome complex* y excluye la ADN-polimerasa. Véase PRIMOSOME.

**RNA biochip:** matriz de expresión.

→ EXPRESSION ARRAY

**RNA chip:** matriz de expresión.

→ EXPRESSION ARRAY

**simulation-based analysis:** análisis basado en simulaciones.

Prueba de hipótesis basada en experimentos ficticios realizados en la computadora o el ordenador (es decir, *in silicio*) con miras a formular predicciones que luego puedan comprobarse en estudios realizados in vitro o in vivo.

**Observación:** según Hiroaki Kitano, constituye una de las dos ramas de la bioinformática; la otra es la prospección de datos (*data mining*). Véase DATA MINING.

**system:** sistema.

1 *Biol. y med.* Conjunto de órganos que intervienen en alguna función vegetativa (p. ej.: sistema nervioso, sistema inmunitario, sistema digestivo).

2 *Biol. de sistemas.* Grupo de partes o de elementos biológicos interconectados, interactuantes e interdependientes que conforman una unidad coherente con propiedades intrínsecas nuevas (*emergent properties*), resultantes de la interacción de los elementos que lo componen y no de la simple suma de sus partes. Presenta gran estabilidad fenotípica (*robustness*) frente a determinadas perturbaciones internas y externas debido a: 1) la existencia de mecanismos de regulación; 2) su estructura modular (*modularity*) o, lo que es lo mismo, la existencia de subunidades funcionales o de subsistemas más sencillos (*modules*) dentro del sistema, que pueden estudiarse de forma independiente (p. ej.: los orgánulos forman células que son las unidades constituyentes de los tejidos, y éstos de los órganos, y éstos de los organismos, y éstos a su vez de una población); 3) la multiplicidad de módulos o subsistemas que cumplen la misma función (*redundancy*) de suerte que su eliminación o deterioro no afecta al resto de las partes; 4) su estabilidad estructural (*structural stability*), con independencia de que tenga una estructura física concreta. Así, la utilización de glucosa en las levaduras, la fijación simbiótica de nitrógeno o la quimiotaxia bacteriana, al igual que un orgánulo, un tipo celular, un tejido, un órgano, un organismo o una población constituyen ejemplos de sistemas biológicos.

**systems biology:** biología de sistemas.

Estudio de la totalidad de elementos que componen un sistema biológico y de sus interrelaciones en respuesta a perturbaciones biológicas, genéticas o químicas realizadas de forma sistemática, con objeto de predecir con la mayor exactitud posible el comportamiento de dicho sistema ante una determinada perturbación mediante herramientas informáticas que ayuden a interpretar los datos obtenidos, crear modelos y efectuar simulaciones.

**Observación:** la biología de sistemas es el resultado de la aplicación de la teoría de sistemas a la biología, pero esta idea no es nueva, sino que data al menos de la década de 1940, época de la cibernética de Norbert Wiener, en que la biología molecular se encontraba aún en pañales. La razón principal de su renovado interés hoy día es que el progreso realizado en biología molecular, especialmente tras la secuenciación del genoma humano y de otros genomas y la disponibilidad de herramientas de análisis a gran escala informatizadas y automatizadas, permite ahora contar con una gran cantidad de datos experimentales acerca de la estructura y función de los componentes esenciales de los organismos vivos (genes, proteínas, ARN, etc.) e integrarlos en modelos matemáticos que ayuden a comprender las propiedades estructurales y dinámicas de los sistemas biológicos de los que forman parte.

En la actualidad (2005), todavía no hay consenso sobre lo que es la biología de sistemas, y su definición depende en gran medida de la experiencia del investigador. La que recogemos aquí se basa en artículos publicados

entre 2001 y 2002 por dos autoridades en la materia: el presidente y director del Institute for Systems Biology (Seattle [EE. UU.]), Leroy Hood, muy citado en la literatura específica como uno de los primeros en abordar el estudio de dos sistemas biológicos desde la perspectiva que ofrece la biología de sistemas, y Hiroaki Kitano, autor del libro *Foundations of Systems Biology*.

Desde entonces se han propuesto definiciones más sucintas (2005), por ejemplo: «Systems Biology can mostly simply be defined as the search for the syntax of biological information, that is, the study of the dynamic networks of interacting biological elements.» (R. Aebersold, Institute for Molecular Systems Biology, Zúrich [Suiza]), o: «Systems Biology integrates experimental and modeling approaches to explain the structure and dynamical properties of biological systems as networks of its molecular components.» (comunicación electrónica de Eduardo R. Mendoza, LMU Physics Department and Center for NanoScience, Múnich [Alemania]). Por último, este nuevo enfoque del estudio de la biología ha recibido por parte de los especialistas muchísimas otras denominaciones, a saber: *integrative biology*, *integrated biology*, *pathway biology*, *network biology*, *new big biology* o *new biology*, *comprehensive biology*, *postgenomic biology*, *quantitative biology*, *mathematical modeling of biological processes*, *multidisciplinary biology*, *molecular physiology* (que no es sinónimo estricto de biología de sistemas) y *the convergence of biology and computer science*.

**throughput:** productividad.

Capacidad de producción (número de resultados obtenidos o de procesos realizados) por unidad de tiempo. Por ejemplo:

In 1986, we developed the first automated DNA sequencer (Smith et al., 1986). From that time until today, there has been approximately a 2000-fold increase in throughput of DNA sequencing (today's instruments may sequence about 1.5 million base pairs per day). My prediction is that over the next 7-10 years, the development of single molecule DNA sequencing will increase the rate of sequencing by another 2000 - 4000 fold. [Secuenciación automática de ADN.]

With automation, high throughput is possible. At present, we can process 1200 ligation reactions per day with a single operator and robotic workstation, and, in the near future, further automation with a robotic arm will permit processing of 600 reactions per day. [Detección de secuencias específicas de ADN por PCR y discriminación alélica mediante ligado de oligonucleótidos.]

The method has a high throughput rate, one technician can assay 200 samples in duplicate in a working week. [Método de radioinmunoanálisis específico para detectar clomipramina.]

**Observación:** en la Argentina se conoce asimismo como «procesividad».

**tissue array:** matriz de tejidos.

→ TISSUE MICROARRAY

**tissue microarray:** micromatriz de tejidos.

Distribución ordenada de cientos de muestras de tejido cilíndricas y minúsculas en un bloque de parafina (uno de los formatos preferidos es el de 400 muestras históricas de 0,6 mm de diámetro por bloque). Luego, se cortan secciones del bloque de parafina con un microtomo especial y cada sección se coloca sobre un portaobjetos y se somete a una técnica de análisis específica. El resultado se visualiza e interpreta al microscopio, normalmente con ayuda de aparatos y programas especiales. También se pueden utilizar líneas celulares, en vez de muestras de tejido.

**Observación:** la micromatriz de tejidos, además de suponer un ahorro en la cantidad de muestra requerida para el análisis al microscopio mediante técnicas convencionales de laboratorio (hematoxilina-eosina, inmunohistoquímicas e hibridación in situ), así como de reactivos, facilita la tinción homogénea de todos los especímenes inmovilizados en el mismo portaobjetos. Su gran utilidad explica que, desde el año 1998, el número de artículos científicos sobre micromatrices de tejidos no haya dejado de crecer de forma exponencial. Véase ARRAY.

**translation:** traducción; traslación.

1 (trad. usual) Traducción. Síntesis de un polipéptido dirigida por ARNm.

2 (mucho menos frec.) Traslación. Movimiento o desplazamiento lateral en el espacio, sin rotación ni cambio de orientación.

**Observación:** la información hereditaria contenida en ácidos nucleicos como el ADN y el ARN se basa en un mismo «lenguaje», esto es, la secuencia de nucleótidos. En la síntesis de ARN a partir de ADN la información simplemente se copia o se transcribe de un ácido nucleico a otro (por ese motivo el proceso se llama «transcripción»). En la síntesis de un polipéptido a partir de ARNm, en cambio, la información no se copia, sino que se traduce a un «lenguaje» completamente distinto, que es el orden de aminoácidos; por eso la síntesis de polipéptidos o de proteínas (que están constituidas por uno o más polipéptidos) recibe el nombre de «traducción».

**ultra high-throughput:** *adj.* de extrema productividad, ultrarrápido.

→ HIGH-THROUGHPUT y THROUGHPUT.

**Observación:** la IUPAC establece la siguiente diferencia entre *high-throughput screening* y *ultra high-throughput screening*: «High-Throughput Screening (HTS): Process for rapid assessment of the activity of samples from a combinatorial library or other compound collection, often by running parallel assays in plates of 96 or more wells. A screening rate of 100 000 assays per day has been termed 'Ultra High Throughput Screening'».

(UHTS)». Así pues, al menos en el ámbito de la química combinatoria, sólo a partir de una velocidad de cribado equivalente a 100 000 ensayos por día se considera ultrarrápido el proceso.

### Agradecimientos

Agradezco a los doctores Eduardo R. Mendoza, Fernando Navarro y Horacio E. Hopp, y, muy especialmente, a Diego González-Halphen, Laura Munoa y Gonzalo Claros los comentarios y sugerencias recibidos en relación con los temas que aquí se abordan. Sus pertinentes observaciones han permitido mejorar sensiblemente el contenido de esta séptima entrega del «Vocabulario de bioquímica y biología molecular».

### Bibliografía

- A Glossary for Systems Biology. < <http://sysbio.ist.uni-stuttgart.de/projects/glossary/Contents.shtml> > [consulta 9.9.2005].
- Aderem A. Systems Biology, its practice and challenges. *Cell* 2005; 121: 511-513.
- Archivos de HighWire Press. Universidad de Stanford. <<http://intl.highwire.org/>> [consultas entre junio y noviembre de 2005].
- Baldi P, Hatfield GW. DNA microarrays and gene expression. Cambridge: Cambridge University; 2002.
- Bard JBL, Rhee SY. Ontologies in biology: design, applications and future challenges. *Nat Rev Genet* 2004; 5: 213-222.
- Benfey PN, Protopapas AD. Essentials of Genomics. Nueva Jersey: Pearson Prentice Hall; 2005.
- Berg JM, Tymoczko JL, Stryer L. Biochemistry. 5.ª ed. Nueva York: WH Freeman and Company; 2002.
- Berg JM, Tymoczko JL, Stryer L. Bioquímica. 5.ª ed. Barcelona: Reverté; 2003.
- Brown PO, Botstein D. Exploring the new world of the genome with DNA microarrays. *Nat Genet* 1999; 21: 33-37.
- Cary MP, Bader GD, Sander C. Pathway information for systems biology, *FEBS Lett* 2005; 579: 1815-1820.
- Chitty M. Cambridge Health Institute: Sequencing glossary. <[http://www.genomicglossaries.com/content/sequencing\\_gloss.asp](http://www.genomicglossaries.com/content/sequencing_gloss.asp)> [consulta 27.7.2005].
- Chitty M. Cambridge Healthcare Institute: Algorithms & data management glossary. <[http://www.genomicglossaries.com/content/algorithms\\_glossary.asp](http://www.genomicglossaries.com/content/algorithms_glossary.asp)> [consulta 9.9.2005].
- Chitty M. Cambridge Healthcare Institute: -Omes and -omics glossary. <<http://www.genomicglossaries.com/content/omes.asp>> [consulta 22.9.2005].
- Clish CB, Davidov E, Oresic M, Plasterer TN, Lavine G, Londo T y cols. Integrative biological analysis of the APOE\*3-Leiden transgenic mouse. *OMICS* 2004; 8 (1): 3-13.
- Cohen J. Bioinformatics. An introduction for computer scientists. *ACM Computing Surveys* 2004; 96(2): 122-158.
- College of Staten Island (The City University of New York). Bioinformatics Glossary. <[http://scholar.library.csi.cuny.edu/~davis/Bio\\_326/bioinfo\\_glossary.html](http://scholar.library.csi.cuny.edu/~davis/Bio_326/bioinfo_glossary.html)> [consulta 2.8.2005].
- Davidov EJ, Holland JM., Marple EW, Naylor S. Advancing drug discovery through systems biology. *Drug Discov Today* 2003; 8 (4): 175-83.

- Doudna JA, Cech TR. The chemical repertoire of natural ribozymes. *Nature* 2002; 418: 222-228.
- Duggan DJ, Bittner M, Chen Y, Meltzer P, Trent JM. Expression profiling using cDNA microarrays. *Nat Genet* 1999; 21: 10-14.
- Elliot WH, Elliot DC. *Biochemistry and Molecular Biology*. 2.<sup>a</sup> ed. Nueva York: Oxford University; 2001.
- Federación Internacional de Química Clínica. Grupo de trabajo sobre terminología y nomenclatura en química clínica en lengua española. IFCC – Diccionario inglés-español de ciencias de laboratorio clínico. <<http://www.ifcc.org/divisions/CPD/dict/spandict.htm>> [consulta: 2.11.2005].
- Fixe F, Chu V, Prazeres DMF, Conde JP. An on-chip thin film photodetector for the quantification of DNA probes and targets in microarrays. *Nucleic Acids Res* 2004; 32(9): e70.
- Food and Agriculture Organization. Glossary of biotechnology and genetic engineering. <<ftp://ftp.fao.org/docrep/fao/003/X3910E/X3910E00.pdf>> [consulta 11.10.2005].
- Friboulet A, Thomas D. Systems Biology – an interdisciplinary approach, review. *Biosens Bioelectron* 2005; 20: 2404-2407.
- Garner HR, Pertsemliadis A. *Computational Biology: biological insight from 1s and 0s*. BIOSILICO 2003; 1 (1): 27-35.
- Glick DM. *Glossary of Biochemistry and Molecular Biology*. <<http://www.portlandpress.com/pp/books/online/glick/search.htm>> [consulta 3.11.2005].
- Griffiths A, Wessler SR, Lewontin RC, Gelbart WM, Suzuki DT, Miller JH. *Introduction to genetics analysis*. 8.<sup>a</sup> ed. Nueva York: W. H. Freeman and Company; 2005.
- Gundogdu O, Elmi A. Genome Resources Facility website at the London School of Hygiene & Tropical Medicine: Microarray Overview. <<http://www.lshmt.ac.uk/itd/grf/microarrayoverview.htm>> [consulta 8.10.2005].
- Gwynne P, Heebner G. DNA chips and microarrays, Part I. *Science Magazine, Product Articles*, May 2001. <<http://www.sciencemag.org/products/dnamicro.dtl>> [consulta 5.10.2005].
- Haddon RC, Lamola AA. The molecular electronic device and the biochip computer: Present status. *PNAS* 1985; 82: 1874-1878.
- Hancock JM, Zvelebil MJ. *Dictionary of bioinformatics and computational biology*. Nueva Jersey: Wiley-Liss; 2004.
- Hine R. *The Facts on File Dictionary of Cell and Molecular Biology*. Nueva York: Checkmark Books; 2003.
- Hood L. A personal view of molecular technology and how it has changed biology. *J Proteome Res* 2002; 1 (5): 399-409.
- Human Genome Project Information. *Genome Glossary*. <[http://www.ornl.gov/sci/techresources/Human\\_Genome/glossary/glossary\\_h.shtml](http://www.ornl.gov/sci/techresources/Human_Genome/glossary/glossary_h.shtml)> [consulta 11.10.2005].
- Ideker T, Galitski T, Hood L. A new approach to decoding life: systems biology. *Annu Rev Genomics Hum Genet* 2001; 2:343-372.
- International Union of Pure and Applied Chemistry (IUPAC). *Compendium of Chemical Terminology ('The Gold Book')*. Versión en línea actualizada desde el 2003. <<http://www.iupac.org/publications/compendium/index.html>> [consulta 5.10.2005].
- Kahl G. *The dictionary of gene technology. Genomics, Transcriptomics, Proteomics*. 3.<sup>a</sup> ed., vols. 1, 2. Weinheim: Wiley-VCH; 2004.
- Kahn CE (ed.). *Bioinformatics Glossary*. Department of Radiology and Human and Molecular Genetics Center. Medical College of Wisconsin. <<http://big.mcw.edu/about.php>> [consulta 14.11.2005].
- Kell DB, Brown M, Davey HM, Dunn WB, Spasic I, Oliver SG. *Metabolic footprinting and systems biology: the medium is the message*. *Nature Rev Microbiol* 2005; 3: 557-565.
- King RC, Stansfield WD. *A Dictionary of Genetics*. 6.<sup>a</sup> ed. Nueva York: Oxford University Press; 2002.
- Kitano H. *Computational systems biology*. *Nature* 2002; 420: 206-210.
- Kitano H. *Systems Biology: A brief overview*. *Science* 2002; 295: 1662-1664.
- Kononen J, Bubendorf L, Kallioniemi A, Barlund M, Schraml P, Leighton S y cols. Tissue microarrays for high-throughput molecular profiling of tumor specimens. *Nat Med* 1998; 4: 844-847.
- Lacadena JR. *Genética general. Conceptos fundamentales*. Madrid: Síntesis; 1999.
- Lewin B. *Genes VIII*. Nueva York: Oxford University Press; 2004.
- Luscombe NM, Greenbaum D, Gerstein M. What is bioinformatics? *Methods Inform Med* 2001; 4: 346-358.
- Macleán D, Baldwin JJ, Ivanov VT, Kato Y, Shaw A, Schneider P, Gordon EM. *Glossary of terms used in combinatorial chemistry*. *Pure Appl Chem* 1999; 71 (12): 2349-2365. En línea: <<http://www.iupac.org/reports/1999/7112maclean/h-k.html>> [consulta 5.10.2005].
- Martin VJJ, Mohn WW. Genetic investigation of the catabolic pathway for degradation of abietane diterpenoids by *Pseudomonas abietaniphila* BKME-9. *J Bacteriol* 2000; 182 (13): 3784-3793.
- Nature.com. <<http://www.nature.com/index.html>> [consultas de junio a diciembre de 2005].
- Navarro FA. *Diccionario crítico de dudas inglés-español de medicina*. 2.<sup>a</sup> ed. Madrid: McGraw Hill-Interamericana; 2005.
- Ng JH, Ilag LL. *Biochips beyond DNA: technologies and applications*. *Biotechnol Annu Rev* 2003; 9: 1-149.
- Nobel prize.org. <<http://nobelprize.org/>> [consulta 8.10.2005].
- Nomenclature Committee of the International Union of Biochemistry and Molecular Biology. *Enzyme Nomenclature. Recommendations of the Nomenclature Committee of the International Union of Biochemistry and Molecular Biology on the Nomenclature and Classification of Enzymes by the Reactions they Catalyze*. <<http://www.chem.qmul.ac.uk/iubmb/enzyme/>> [consulta 2.8.2005].
- Okubo K, Hori N, Matoba R, Niiyama T, Fukushima A, Kojima Y, Matsubara K. Large scale cDNA sequencing for analysis of quantitative and qualitative aspects of gene expression. *Nat Genet* 1992; 2: 173-179.
- Oxford Dictionary of Biochemistry and Molecular Biology. Revised edition. Nueva York: Oxford University Press; 2000.
- Pisetsky DS. Immunostimulatory DNA: A clear and present danger. *Nat Med* 1997; 3: 829-831.
- Rat Genome Database glossary. <[http://rgd.mcg.edu/tu/cnt\\_glossary.shtml#a](http://rgd.mcg.edu/tu/cnt_glossary.shtml#a)> [consulta 23.9.2005].
- Rédei GP. *Encyclopedic dictionary of genetics, genomics and proteomics*. 2.<sup>a</sup> ed. Nueva Jersey: Wiley-Liss; 2003.
- Saraiva LM, Besson S, Fauque G, Moura I. Characterization of the dihemic cytochrome c549 from the marine denitrifying bacterium *Pseudomonas nautica* 617. *Biochem Biophys Res Commun* 1994; 199(3): 1289-1296.
- Science Magazine. <<http://www.sciencemag.org/magazine.dtl>> [consultas de junio a diciembre de 2005].
- Simon R, Mirlacher M, Sauter G. *Tissue microarrays. Biotechniques* 2004; 36 (1): 98-105.

- Tissue Microarray Core Facility. Department of Pathology. School of Medicine. Johns Hopkins University. <<http://tmalab.jhmi.edu/index.html>> [consulta 23.11.2005].
- United States National Library of Medicine. Medical Subject Headings (MeSH), 2005. <<http://www.nlm.nih.gov/mesh/meshhome.html>> [consulta 1.12.2005].
- Wahlgren M, Bejarano MT. Malaria A blueprint of 'bad air'. *Nature* 1999; 400: 506-507.
- Wang J. From DNA biosensors to gene chips. *Nucleic Acids Res* 2000; 28 (16): 3011-3016.
- Watson JD, Baker TA, Bell SP, Gann A, Levine M, Losick R. *Molecular biology of the gene*, 5.<sup>a</sup> ed. San Francisco: Benjamin Cummings & Cold Spring Harbor Laboratory; 2004.
- Wolkenhauer O, Ullah M, Wellstead P, Cho KH. The dynamic systems approach to control and regulation of intracellular networks. *FEBS Lett* 2005; 579: 1846-1853.

## Don Quijote y el basilisco

Guzmán Urrero Peña

Crítico y periodista (España)

Una de las más gratas sensaciones que experimenta el amante de la materia pastoril es la de encontrarse en la primera parte del *Quijote* con la historia de Grisóstomo y Marcela. El gozo aumenta en el capítulo XIV, *donde se ponen los versos desesperados del difunto pastor, con otros no esperados sucesos*. Tras leer la canción de Grisóstomo, asistimos a la aparición de la pastora Marcela. Es acá donde el pasaje adquiere tintes dramáticos por boca de otro personaje, Ambrosio, quien, con muestras de ánimo indignado, le dice a Marcela: «¿Vienes a ver, por ventura, ¡oh fiero basilisco destas montañas!, si con tu presencia vierten sangre las heridas deste miserable a quien tu crueldad quitó la vida?». El lector ya intuye algo que la crítica explica, y es que la alusión metafórica al basilisco tiene un doble fundamento: dicha bestia era capaz de matar con su sola mirada y la sangre podía brotar de las heridas de un muerto si a él se acercaba su matador. El recurso literario, eficaz a más no poder, fue usado por Cervantes y por otros literatos de fuste, como Shakespeare o Chaucer. Pero conviene saber que el basilisco no era tenido por un ser mitológico. Más bien al contrario: en tiempos del *Quijote*, esa criatura formaba parte de la familia zoológica reconocida por los sabios.

Las primeras noticias en torno a la citada alimaña proceden de la *Historia natural* de Plinio, en cuyo octavo libro se describe la mortífera mirada del Catoblepas, y se equipara el poder destructivo de ese monstruo con el de un ofidio formidable al que el historiador llama *basilisco*. Gracias a esta descripción, podemos imaginarlo como una descomunal serpiente, una cobra digna de odio y temor, soberbiamente tocada con una corona. En adelante, su ferocidad legendaria fue pregonada por autores como Lucano. Muchos llegaron a creer que el propio Alejandro Magno dio muerte a un basilisco, armado con su espada y protegiéndose con un bruñido escudo, que, por cierto, espejeaba como aquel otro que usó Perseo contra la Medusa.

A lo largo del Medievo, el barroquismo simbólico dio por buena otra descripción del basilisco. Así, los bestiarios recogen la imagen de una robusta serpiente con garras de águila, alas de reptil y cabeza de gallo. En algunos frontispicios figura bajo los pies del arcángel San Miguel, cual si la bestia fuera un aliado del Maligno. Por esa época, se extendió asimismo la creencia de que era posible cazarlo con ayuda de hurones o armiños. La constatación de su poderío fue aún más notable entre los alquimistas, avariciosos de ese *polvo de basilisco* que enriquecía pócimas y emulsiones. Los grabados de la época preservan su espantoso gesto de víbora. Ésta es la clave que manejaron, por citar dos casos, Edward Topsell en su *Historiae of Four-Footed Beasts* (1607) y Georg Wedel en sus *Ephemerides* (1672).

Pero la creencia en la vida real del basilisco se debe a otro gremio: el de los falsarios. Los mismos que vendían huevos y ejemplares disecados a los coleccionistas de maravillas. Taxidermistas con oficio, hábiles a la hora de deformar el cuerpo de un pez, la manta raya, que admitía el sesgo monstruoso. A la vista de estos basiliscos disecados, no sorprende que certificaran su autenticidad Ulises Aldrovandi en la *Historiae Serpentum et Draconum Libri Duo* (1640) y Athanasius Kircher en su *Mundus Subterraneus* (1664).

Paradojas de la lectura: mientras que los admiradores actuales del *Quijote* ignoran al basilisco o lo degradan por su estatus legendario, los contemporáneos de Cervantes engastaban aquella venenosa presencia en los textos de historia natural. Sobre insistir en ello: el capricho y la irrealidad, como virtudes quijotescas, hallan en este punto un nuevo cauce de reflexión.

Reproducido con autorización del *Rinconete*, del Centro Virtual Cervantes (<[http://cvc.cervantes.es/el\\_rinconete/](http://cvc.cervantes.es/el_rinconete/)>).