

“Bioinformática y tecnologías de secuenciación de nueva generación: pasado, presente y futuro”

Dr. Daniel Ghiringhelli

Resumen: Las tecnologías de secuenciación de DNA tienen una historia no mayor a los 40 años. El tránsito tecnológico desde la secuenciación “manual en casa” hasta las tecnologías actuales ha incrementado su velocidad en las últimas dos décadas, llevando a la generación de la nube, tecnologías de big-data y la noción de Bio-Informática. Así, los casi 15 años de arduo trabajo que le llevó al consorcio público alcanzar el primer borrador de secuencia del genoma humano, actualmente se han reducido a un lapso entre 6 hs y 48 hs, dependiendo de la tecnología empleada. No solo el tiempo se ha reducido, los costos también: de U\$S 15.000.000 pasamos a menos de U\$S 7.000. Las tecnologías de secuenciación de próxima generación (NGS) permiten la secuenciación de genomas completos o el muestreo de transcritos completos de forma más eficiente, económica y con mayor profundidad que nunca. En lugar de secuenciar genomas individuales, ahora es posible secuenciar cientos o incluso miles de genomas relacionados para acceder al conocimiento de la diversidad genética. Esta ha derivado en profundos cambios en la manera de enfrentar nuevos proyectos y desarrollos relacionados no sólo con la academia sino también con las industrias en general, el agro y la medicina. En este último caso avanzamos hacia la “medicina personalizada”, destacando la necesidad de nuevos desarrollos tecnológicos, Bio-Informáticos y, sobre todo, el desarrollo de nuevos perfiles profesionales.