



**UNIVERSIDAD NACIONAL  
SISTEMA DE ESTUDIOS DE POSGRADO  
FACULTAD DE FILOSOFÍA Y LETRAS  
ESCUELA DE LITERATURA Y CIENCIAS DEL LENGUAJE  
MAESTRÍA PROFESIONAL EN TRADUCCIÓN**

**EL USO DE NEONISMOS COMO APORTE ACADÉMICO EN UN  
TEXTO TÉCNICO-CIENTÍFICO NOVEDOSO DE FARMACOLOGÍA**

Trabajo de investigación para aspirar al grado de  
*Magíster en Traducción Inglés-Español*

Presentado por

**JOSÉ RODRIGO SOLÍS CALVO**

Cédula 206180361

**Nómina de participantes en la actividad final  
del Trabajo de Graduación**

**EL USO DE NEONISMOS COMO APORTE ACADÉMICO EN UN TEXTO TÉCNICO-  
CIENTÍFICO NOVEDOSO DE FARMACOLOGÍA**

Presentado por el sustentante  
**JOSÉ RODRIGO SOLÍS CALVO**

El día  
20 de octubre de 2018

*Personal académico calificador:*

M.A. Allan Pineda Rodríguez  
Profesor encargado  
Seminario de Traductología III

\_\_\_\_\_

M.A. Karen Vargas Mora  
Profesora Tutora

\_\_\_\_\_

M.A. Allan Pineda Rodríguez  
Coordinador  
Plan de Maestría en Traducción

\_\_\_\_\_

Sustentante:  
José Rodrigo Solís Calvo

\_\_\_\_\_

### **Nota Aclaratoria**

*La traducción que se presenta en este tomo se ha realizado para cumplir con el requisito curricular de obtener el grado académico de Maestría en Traducción Inglés-Español, de la Universidad Nacional.*

*Ni la Escuela de Literatura y Ciencias del Lenguaje de la Universidad Nacional, ni el traductor, tendrán ninguna responsabilidad en el uso posterior que de la versión traducida se haga, incluida su publicación.*

*Corresponderá a quien desee publicar esa versión gestionar ante las entidades pertinentes la autorización para su uso y comercialización, sin perjuicio del derecho de propiedad intelectual del que es depositario el traductor. En cualquiera de los casos, todo uso que se haga del texto y de su traducción deberá atenerse a los alcances de la Ley de Derechos de Autor y Derechos Conexos, vigentes en Costa Rica.*

## **Dedicatoria**

Dedico este trabajo final de graduación con especial cariño al señor M.Sc. José Manuel Fallas Ramírez por haber confiado en mí para realizar el presente encargo de traducción y a mi madre Yadira Calvo López por el apoyo brindado en todo momento.

## **Agradecimiento**

Agradezco en primer lugar a Dios por haberme dado la oportunidad de ingresar a este programa el cual ha sido por mucho tiempo una de mis aspiraciones más grandes en la vida. Seguidamente, aprecio mucho el esfuerzo y la dedicación de todos los profesores que he tenido desde que inicié este programa quienes han demostrado en todo momento con su carisma y profesionalismo, contar con la experiencia y la vocación necesarias para que este trabajo final de graduación sea una realidad.

## Índice

Resumen.....	vii
Abstract.....	viii
Traducción .....	1
El Informe de Investigación .....	72
Introducción.....	73
Justificación.....	74
Antecedentes .....	74
Objetivos .....	76
Descripción del problema: .....	76
Objetivo general:.....	77
Objetivos específicos:.....	78
Estructura del proyecto.....	78
Capítulo Uno Marco Teórico-Conceptual.....	79
1.1. Neologismo y Neología.....	79
1.2. Enfoque de Auger y Rousseau .....	84
1.3. Enfoque Gloria Guerrero .....	85
Capítulo Dos Marco Metodológico .....	87
2.1. Encargo de traducción.....	87
2.2. Reto.....	87
2.3. Procedimiento .....	88
2.4. Aplicación de la teoría propuesta .....	88
2.5. Evaluación de la metodología .....	91
2.6. Presentación del glosario .....	92
Capítulo Tres Análisis.....	94
3.1. Términos Seleccionados .....	94
3.2. Análisis de los criterios .....	94
3.3. Gráfico.....	110

Capítulo Cuatro Glosario .....	111
Conclusiones .....	136
Limitaciones .....	137
Recomendaciones .....	137
Bibliografía .....	140
Anexos .....	154

## Resumen

Este trabajo provee información acerca del uso de neologismos como técnica facilitadora de la asimilación y comprensión de datos científicos emergentes en el campo de la farmacia; específicamente en el texto *The Handbook of Metabonomics and Metabolomics*<sup>1</sup>, en relación con la metabonomía y la metabolómica. La audiencia principal serían instructores educativos y estudiantes que aspiran a ser los pioneros de este tema en Costa Rica. Por lo tanto, está dirigido a profesionales quienes podrían contribuir con la transmisión de los conceptos y términos nuevos de forma académica y en un ambiente propicio. Además, la traducción propuesta pretende servir como una versión de fácil comprensión para los docentes y estudiantes que desean incursionar en este campo.

**Palabras Clave:** neologismos, docentes, estudiantes, farmacia, metabolómica, metabonomía, legibilidad, transmisión de conocimiento, y adquisición de conocimiento.

---

<sup>1</sup> Nicholson, Jeremy y Holmes, Elaine. *The Handbook of Metabonomics and Metabolomics*. Londres, Elsevier B.V., 2007.

## **Abstract**

This paper provides information regarding the use of neologisms as a technique to facilitate the readability and acquisition of emergent scientific data in the field of pharmacy; specifically, “The Handbook of Metabonomics and Metabolomics,”<sup>2</sup> about metabonomics and metabolomics. The primary target is educational instructors and students who aspire to be the pioneers of this topic in Costa Rica. Therefore, it is addressed to professionals that might contribute with the transmission of the new concepts and terminology in an academic fashion and environment. In addition to that, the proposed translation serves an easy-to-understand version to professors and students who are dabbling in this field.

**Key Words:** neologisms, professors, students, pharmacy, metabolomics, metabonomics, readability, knowledge transmission, and knowledge acquisition.

---

<sup>2</sup> Nicholson, Jeremy y Holmes, Elaine. *The Handbook of Metabonomics and Metabolomics*. Londres, Elsevier B.V., 2007.

**Traducción**

El manual de metabonómica y metabolómica  
John C. Lindon, Jeremy K. Nicholson y Elaine Holmes (Editores)  
© 2007 publicado por Elsevier B.V.

## Capítulo 1

### **Técnicas de metabonómica y metabolómica así como sus aplicaciones en los sistemas orgánicos de los mamíferos**

**Jeremy K. Nicholson, Elaine Holmes y John C. Lindon**

Departamento de Medicina Biomolecular, Facultad de Medicina, Imperial College de Londres, Señor Alexander Fleming Building, South Kensington, Londres, SW7 2AZ UK

#### **1.1. La metabonómica y metabolómica en relación con otros enfoques de este tipo**

Desde la década de 1990, ha empezado una revolución en las técnicas y acercamientos en biología molecular. Esto se deriva de la decodificación de los genomas humanos y de otros seres; por consiguiente, el interés principal de los estudios biomédicos se ha desplazado en gran medida a una determinación simultánea de los cambios en la expresión genética entre sujetos. Esta investigación se llevó a cabo principalmente por medio de la tecnología de micromatrices [1]; a tal tipo de estudio se le denomina “transcriptómica”. Posteriormente emergió un interés similar en detectar todos los cambios de la expresión proteica en una célula o en un tejido al cual se le refiere como “proteómica”. En la actualidad hay unos doscientos términos afines, la mayoría de los cuales aparecen en lista en la tabla 1.1, indicando el número de entradas según el buscador de artículos científicos PubMed (a partir del 2006). Según se observa, un gran número de estos términos accidentalmente producen muchas entradas en Google ya que se relacionan con nombres de organizaciones comerciales, lo que no ocurre en las publicaciones científicas legítimas.

Por consiguiente, gran cantidad de estos términos no sobrevivirán debido a su aplicación tan especializada. De hecho, muchas de estas palabras no son necesarias ya que únicamente sirven para describir una metodología que ya cuenta con un nombre

perfectamente válido. La tabla 1.1 muestra que los términos “metabonómica” y “metabolómica” generan un número significativo de entradas; sin embargo, no tantas como las que producen “genómica” y “proteómica”.

**Tabla 1.1**

Una lista parcial de terminología que especifica el número de resultados en PubMed que usaron estos términos en títulos y en abstracts (febrero de 2006). Las palabras en cursiva no fueron detectadas en las publicaciones.

<b>Término</b>	<b>Entradas</b>	<b>Término</b>	<b>Entradas</b>	<b>Término</b>	<b>Entradas</b>
1.Acuigenómica	0	43.Fenómica	35	85.Oncofarmacogenómica	0
2.Agrigenómica	0	44.Filogenómica	43	86.Oncogenómica	0
3.Agronómica	5	45.Filoproteómica	1	87.Operómica	4
4.Antigenómica	0	46.Fisiogenómica	0	88.Orfómica*4	1
5.Bacteriómica	0	47.Fisiómica	5	89.Parasitómica	0
6.Bibliómica	1	48.Fitogenómica	0	90.Patogenómica	13
7.Biogenómica	0	49.Fitoproteómica	0	91.Peptidómica	64
8.Biómica	7	50.Flujómica	6	92.Postgenómica	0
9.Bionómica	16104	51.Fosfatómica	5	93.Predictómica	0
10.Cardiogenómica	0	52.Fosfoproteómica	35	94.Promotorómica	0
11.Cardiómica	0	53.Fragmentómica	0	95.Proteogenómica	5
12.Cardioproteómica	0	54.Funcionómica	0	96.Proteómica	6954
13.Celómica	37	55.Gastrogenómica	1	97.Pseudogenómica	0
14.Chómica*1	0	56.Genómica	13819	98.Quimiogenómica	38
15.Choómica*2	0	57.Glicómica	87	99.Quimioproteómica	3
16.Cinetómica	4	58.Glicoproteómica	17	100.Radonómica	19
17.Citómica	27	59.Hibridómica	0	101.Razonómica*5	0
18.Clinómica	1	60.Inmunómica	12	102.Regulómica	1
19.Complejómica	0	61.Inmunoproteómica	22	103.Resistómica	0
20.Comportamientómica	0	62.Incognitómica*3	0	104.Ribonucleómica	4

21. Condriómica	0	63. Inómica	0	105. Ribonucleoproteómica	2
22. Criptómica	0	64. Integrómica	12	106. Sacarómica	0
23. Cristalizómica	1	65. Interacciómica	7	107. Secretómica	1
24. Cristalómica	0	66. Ionómica	3	108. Señalómica	0
25. Cromonómica	1	67. Ligandómica	1	109. Separómica	1
26. Cronómica	32	68. Ligamómica	0	110. Sialómica	1
27. Degradómica	4	69. Lipidómica	61	111. Sisteómica	0
28. Diagnostómica	0	70. Lipoproteómica	2	112. Somatonómica	0
29. Económica	405228	71. Localizómica	0	113. Toponómica	1
30. Embriogenómica	3	72. Metabolómica	267	114. Toxicogenómica	256
31. Enlazómica	0	73. Metabonómica	123	115. Toxicómica	0
32. Enzimómica	0	74. Metalómica	4	116. Toxiconómica	0
33. Epigenómica	44	75. Metaloproteómica	6	117. Toxicoproteómica	9
34. Epitopómica	2	76. Metilómica	2	118. Transcriptómica	198
35. Estereómica	0	77. Microbiómica	1	119. Transductómica	1
36. Expresiómica	0	78. Microgenómica	5	120. Transgenómica	4
37. Farmacofilogenómica	1	79. Mitocondriómica	1	121. Transportómica	0
38. Farmacogenómica	3416	80. Neurofarmacogenómica	0	122. Vacunómica	0
39. Farmacometabolómica	96	81. Neuroproteómica	23	123. Variómica	0
40. Farmacometabonómica	30	82. Nucleómica	0	124. Virugenómica	3
41. Farmacometilómica	0	83. Nutragenómica	2	125. Virolómica	1
42. Farmacoproteómica	12	84. Nutrigenómica	61		

**Notas:** \*1 y \*2 provienen del estudio del cultivo de células de ovario de hámster chino (Chinese Hamster Ovary) conocidas como células CHO por sus siglas en inglés.

\*3 Se refiere a todos aquellos elementos no identificados.

\*4 Se refiere a los marcos de lectura abiertos conocidos como marcos ORF por sus siglas en inglés (*Open Reading Frames*)

\*5 Este término hace alusión a la razón de cambio.

Tanto la económica como la bionómica están relacionadas con la economía y no con otros términos (como se podría deducir) y sus valores son mayores que los del resto. Además, es evidente que muchas de estas disciplinas surgen a raíz de causas financieras en lugar de razones científicas. En la actualidad, el mundo está dominado por la biología de sistemas, por lo que se ha hecho necesario integrar las ciencias “ómicas” en vez de debilitar constantemente la biología molecular al crear una diversidad de subcampos de estudio cada vez más específicos; de manera que ha llegado el momento oportuno para un libro que resume lo más reciente en estas disciplinas.

Durante la década de 1980, antes de que varios de estas propuestas se desarrollaran, ya se estaba analizando un sinfín de metabolitos presentes en los fluidos biológicos. Este estudio se realizó por medio de espectrometría  $^1\text{H}$  NMR [2]. El objetivo fundamental consistía en determinar los múltiples analitos que surgieron simultáneamente. El concepto de metabonomía nació pese a que el nombre aún no había sido reconocido. Este complicado conjunto de datos se interpretó posteriormente empleando estadística multivariada [3,4] para clasificar las muestras según su composición biológica. De este modo, la metabonomía toma en cuenta todos los factores responsables del amplio perfil metabólico, así como los cambios sistemáticos y temporales causados por factores que influyen en organismos completos; factores tales como la dieta, el estilo de vida, el ambiente, los efectos genéticos y los efectos farmacológicos (deseables o adversos). Esto se logra al estudiar los fluidos biológicos y los tejidos e interpretar la información obtenida por medio de técnicas quimiométricas [5,6]. Un enfoque paralelo principalmente sobre botánica y sistemas tanto *in vitro* como microbiológicos utilizó técnicas cromatográficas de espectrometría de masas lo que condujo al término metabolómica el cual también ha sido incluido y definido [7]. Los métodos y enfoques a los que se acuden en ambas disciplinas son altamente

convergentes. De hecho, el segundo capítulo trata específicamente del enfoque conocido como metabolómica.

Este enfoque multivariado ofrece mucho en distintas áreas biológicas de aplicación ya que uno de los problemas específicos de la transcriptómica es que en algunos casos es difícil relacionar los cambios de la expresión genética observada con biomarcadores convencionales como los que se usan en el diagnóstico de enfermedades o en la evaluación farmacológica. Esto no corresponde en la misma medida para la proteómica; no obstante, esta técnica que generalmente se basa en la espectrometría de masas sigue siendo lenta y ardua por lo que se requiere de avances tecnológicos para poder convertirla en una técnica de alto rendimiento. Por su lado, el perfil metabolómico se concentra en los efectos bioquímicos de un organismo y como tal esto representa un enfoque más cercano a los biomarcadores existentes. En este libro, se propone un intento por describir los estudios generales denominados “metabolómica” y “metabonómica” así como las técnicas y tecnologías que se emplean. Se trató de abarcar tanto como fuera posible en el alcance de las aplicaciones; sin embargo, reconocemos que habrá omisiones debido a que es un tema que avanza rápidamente.

## **1.2. El concepto de biología sistémica global**

Las comunidades humanas enfrentan diversos retos biológicos en lo que respecta a la salud los cuales incluyen los nuevos agentes contagiosos, la resistencia a los antibióticos, el aumento en la incidencia de cáncer y las condiciones neurodegenerativas relacionadas con la edad, así como el rápido y frecuente aumento en la resistencia a la insulina y a la obesidad. Todos estos problemas implican interacciones entre una gran cantidad de procesos genéticos y factores ambientales; en muchos casos también interactúan otro tipo de genomas. En el esfuerzo por una mejor comprensión de tales mecanismos de

enfermedad se han aplicado avanzadas plataformas analíticas para generar nueva información molecular y de esta forma completar los datos suministrados por la genómica y la transcriptómica moderna. El auge que ha tenido el desarrollo de estas técnicas ha permitido la medición de múltiples variables de sistemas complejos a diferentes niveles de organización biomolecular que van desde una célula hasta un organismo complejo. Sin embargo, estas tecnologías producen ingentes datos; por lo que el reto principal consiste en analizar resultados de manera que posibiliten modelos predictivos para la clasificación de enfermedades.

Los sistemas de los mamíferos son muy complejos ya que tienen muchas matrices de distintos tipos de células y dichas matrices están esparcidas de forma heterogénea. Por consiguiente, es difícil detectar lo que se necesita medir e interpretar para poder describir el funcionamiento integrado del sistema de tal forma que se pueda usar para predecir con exactitud los factores responsables de la variabilidad existente. Es de esperar que mediante el uso apropiado del conocimiento genómico dentro del marco de la fisiología y el metabolismo sea posible mejorar la salud de las poblaciones a través de atención médica personalizada.

Además, el ambiente y el estilo de vida repercuten en todos los niveles de organización biomolecular. Los efectos de la expresión genética y proteica, así como la producción de metabolito pueden alterarse debido a dichos factores. Estas modificaciones deben incorporarse en todo análisis como parte de la variabilidad intrasujeto. Tanto los animales como los seres humanos sanos pueden ser considerados “superorganismos” ya que poseen una relación simbiótica con un ecosistema interno tan diverso como la microflora intestinal simbiótica. Estos superorganismos cuentan con procesos metabólicos que interactúan con el huésped; por lo tanto, en la mayoría de los casos, el genoma es desconocido. Recientemente se ha estudiado la complejidad de los sistemas biológicos de

los mamíferos y los distintos aspectos que se necesitan medir para así poder interpretar a cabalidad los datos provenientes de estas técnicas [8]. También se ha argumentado sobre la necesidad de estos enfoques para poder continuar con la medición y elucidación de los procesos metabólicos. Estos son procesos compartimentales de sistemas globales con diferentes tipos de células en interacción y con varios genomas conectados por procesos metabólicos [9]. La interpretación de los datos genómicos, en términos de biomarcadores reales, es un reto desafiante debido a las interacciones condicionantes de complementos genéticos específicos con factores ambientales que alteran de forma irregular los riesgos de enfermedad. “La Biología Sistémica Global” es un término consolidado [8] el cual trata de integrar la información sobre biología multivariante para poder entender mejor las interacciones entre los genes y el entorno. La medición y análisis de este conjunto de datos tan amplio plantea retos significativos en los procesos analíticos y bioinformáticos.

Es esencial medir las respuestas de los sistemas biológicos a través del tiempo ya que esto podría mostrar el desarrollo de una lesión con múltiples efectos que ocurren en los órganos en distintos momentos y a su vez revelar el proceso de curación [10]; particularmente, los que implican sistemas de células y tejidos que varían en la composición metabólica y en la actividad biosintética. Por ejemplo, cuando se produce un estímulo tóxico lo que acontece es una serie de efectos en sitios específicos de la célula y graves consecuencias con lo que respecta a las interacciones modificadas con otros sistemas orgánicos y tisulares. En el sistema de una sola célula como en el caso del cultivo de células bacterianas o vegetales o en una línea de células tisulares primarias, el desafío que afronta la biología de sistemas es entender las relaciones ascendentes y descendentes entre los transcritores, las proteínas y los metabolitos extracelulares e intracelulares. Las concentraciones de metabolitos se ven influenciadas por la disponibilidad de substratos en el ámbito extracelular, las actividades enzimáticas, la presencia de cofactores dentro de la

célula y las actividades de los transportadores de membranas. En organismos multicelulares el sistema está regulado en un nivel celular y en uno superior que se encuentra bajo control neurohormonal. En este caso es viable pensar en relaciones metabólicas de distinta naturaleza las cuales son dispersadas mediante los fluidos extracelulares tales como el plasma sanguíneo y la linfa, pero con mayores complicaciones debido a la existencia de pequeños drenajes secretores y excretores en el conjunto de metabolitos presentes en la orina, la bilis y el sudor. El muestreo de estos fluidos también proporciona indicios de lo que está sucediendo en el sistema integrado. No obstante, es muy difícil mapear una actividad específica dentro de una vía metabólica ya que los datos analíticos representan el promedio ponderado de todo un sistema.

### **1.3. Las interacciones entre el huésped y otros genomas**

#### *1.3.1. Microflora Intestinal*

Hay suficiente prueba que corrobora la tesis de que la mayoría de las principales clases de enfermedades presentan notables componentes ambientales y genéticos y que la prevalencia de problemas de salud en una población o en una persona es un resultado complejo de las probabilidades condicionales de ciertas combinaciones genéticas que interactúan con una diversificada gama de desencadenantes ambientales. Se sabe que tales interacciones provocan cáncer, entre otras enfermedades importantes tales como la obesidad y la diabetes tipo 2, que sin duda alguna se ven afectadas por los detonantes del entorno. Evidentemente la dieta influye en el desarrollo de muchas enfermedades.; además, modula la compleja comunidad interna de microorganismos intestinales [11,12] a la que se le suele llamar “microbioma” [13,14]. Estos microorganismos representan cerca del 2% del peso corporal. En un humano adulto normal se puede sumar un total de aproximadamente

cien trillones de células [15]. Lo que quiere decir que los simbiotes conocidos, los cuales son más de mil, posiblemente sobrepasan cien veces la cantidad de genes que existen en el huésped [16]. Se cree que estos genomas todos juntos y en interacción son capaces de operar como un “super organismo” con una considerable coordinación de respuestas metabólicas y fisiológicas; particularmente en la interacción del intestino con el hígado y el sistema inmune. Se ha debatido acerca de la relación entre el microbioma y el huésped en lo que concierne a la toxicidad y al metabolismo de un fármaco. También se ha propuesto un nuevo modelo probabilístico que se basa en el genoma condicionado de un mamífero. **Las interacciones de la microflora podrían explicar algunos aspectos de la variación individual en las reacciones a los medicamentos además de la toxicidad idiosincrática proveniente de ciertos compuestos** [8]. El microbiota intestinal influye en los niveles de citocromo P450 en el huésped y cuenta con capacidades intrínsecas para metabolizar los medicamentos [17,18]. Los microorganismos del intestino pueden tener efecto en el estado del sistema inmune y en factores como las proteínas nucleares citoplasmáticas PPAR- $\gamma$  en el huésped, la cual se creía que estaba estrictamente bajo el control del genoma de los mamíferos [19]. El hecho de que la modulación de las poblaciones microbianas del intestino provocara cambios reveladores a nivel microscópico del metabolismo puede ser fácilmente demostrable al observar la fluctuación en los niveles de sustrato co-metabolizados como el ácido hipúrico y los ácidos hidroxifenilpropiónicos así como sus combinaciones presentes en la orina en concentraciones milimolares [20-22].

### 1.3.2. *Parásitos*

La complejidad biológica de los sistemas mamíferos aumenta aún más ante las múltiples interacciones entre los parásitos y los microbios huéspedes en los mamíferos. Cada uno de estos organismos es capaz de metabolizar y modificar los sustratos de forma

interactiva. Muchas especies de parásitos incrementan la actividad del citocromo P450 del huésped y, por lo tanto, alteran las reacciones enzimáticas de fase I que metabolizan los fármacos en el hígado del huésped. A su vez, esto podría afectar la capacidad del hígado para activar o desintoxicar los componentes endógenos y xenobióticos [23-25]. Recientemente, se probó una interacción en un laboratorio con un modelo de ratón para la esquistosomiasis en la que la inserción del parásito en el huésped provocó un desgaste de los productos de la microflora tales como  $\eta$ -butirato, propionato e hipurato seguidos de una excreción de un 4-cresol junto con su éter de glucurónido y sulfato [26]. Se sabe que los metabolitos de los cresoles son productos antimicrobianos de *Clostridium difficile*, patógeno anaerobio que posee actividad 4-hidroxifenilacetato descarboxilasa [27]. De manera que la infección parasitaria produjo una perturbación del microbiota intestinal que permite la colonización de la bacteria *C. difficile*; lo que provoca un cambio en el metaboloma del huésped. El proceso involucrado en esta interacción es desconocido; pero probablemente intermedian secreciones bactericidas del parásito, lo que lleva a otro nivel de selección e interacción biológica que se produce en el microbioma intestinal. Por consiguiente, el entorno intestinal se debe visualizar como un ecosistema entero donde se llevan a cabo interacciones químicas en múltiples niveles organizacionales con intercomunicación entre los sistemas mamíferos, parásitos y microbianos.

### *1.3.3. El impacto de las interacciones multigenómicas en la terapia y en el futuro diseño de fármacos*

Tal como se ha indicado, existe un gran intercambio de información argumentable entre simbioses, parásitos y sus huéspedes a través del co-metabolismo de los substratos; algunos de estos substratos se mantienen farmacológicamente activos. Debido a la cualidad

de tales interacciones, la condición exacta de la interacción entre el huésped y el microbio del mamífero podría influir en ciertos aspectos del metabolismo y la toxicidad de los fármacos. Las posibles interacciones que son capaces de afectar la toxicidad y la eficacia de los fármacos se muestran en la figura 1.1. Se concluye que los estudios farmacogenómicos que dependen únicamente de la información genética de los mamíferos (polimorfismos o transcritores) son incapaces de proporcionar una solución general para la predicción de la actividad de los fármacos en las personas (lo cual es necesario para la atención personalizada) ya que se está midiendo solo una pequeña parte de las interacciones biológicas relevantes. Dicha conclusión puede ocasionar profundos cambios en la forma en la que se procederá este tipo de investigación básica sobre fármacos.

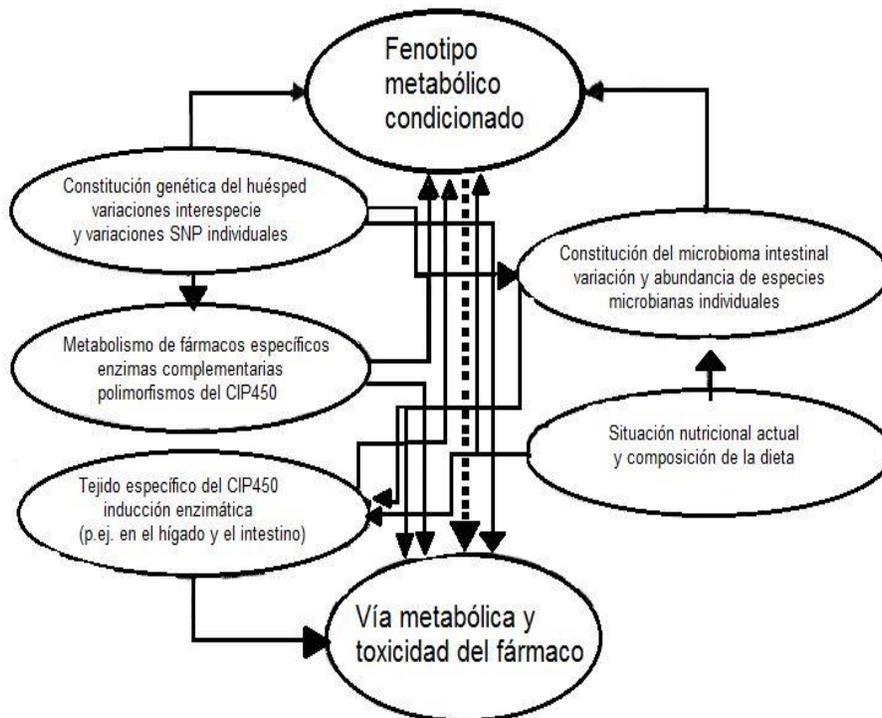


Figura 1.1. Interacciones entre microbios de los mamíferos que pueden impactar el metabolismo y la toxicidad de los fármacos.

#### **1.4. Escala de tiempo de los acontecimientos –ómicas**

Es esencial integrar la información proveniente de la transcriptómica, la proteómica y la metabolómica, pese a los distintos niveles de control biológico que presentan muy distintas escalas de tiempo de cambio.

Un serio impedimento al medir y comprender un sistema, incluso a nivel celular, son los desplazamientos en el tiempo entre fenómenos genéticos, proteicos, metabólicos y fisiológicos junto con sus biomarcadores [6]. Esta es una de las situaciones contradictorias por considerar cuando se relacionan, por ejemplo, los datos de la expresión génica con los datos proteómicos utilizando los clásicos métodos de correlación o la estadística multivariada. Los intentos por lograr –ómicas correspondientes han fracasado incluso en sistemas tan simples como los de la levadura [28]. Por consiguiente, las trayectorias pueden ser muy rápidas como en la activación de genes mientras que en otras ocasiones se requiere de periodos más prolongados; por ejemplo, en el caso de la síntesis proteínica o en los cambios metabólicos ya que estos involucran enormes intervalos de tiempo. Contra el sentido común, los cambios bioquímicos no siempre ocurren en el orden transcriptómica, proteómica, metabolómica, debido a que los efectos farmacológicos o toxicológicos en el nivel metabólico pueden inducir subsiguientes efectos de adaptación en los niveles de la proteómica o la transcriptómica. Una función potencial de los métodos en metabolómica de alto rendimiento es la de controlar el tiempo dedicado en los análisis más caros y laboriosos en proteómica y transcriptómica con el fin de maximizar la observación de cambios bioquímicos significativos y relevantes al emplear esas técnicas.

La figura 1.2 ilustra la visión teórica de los problemas latentes al emplear correlación cruzada en los niveles de proteína con aumentos en los productos genéticos.

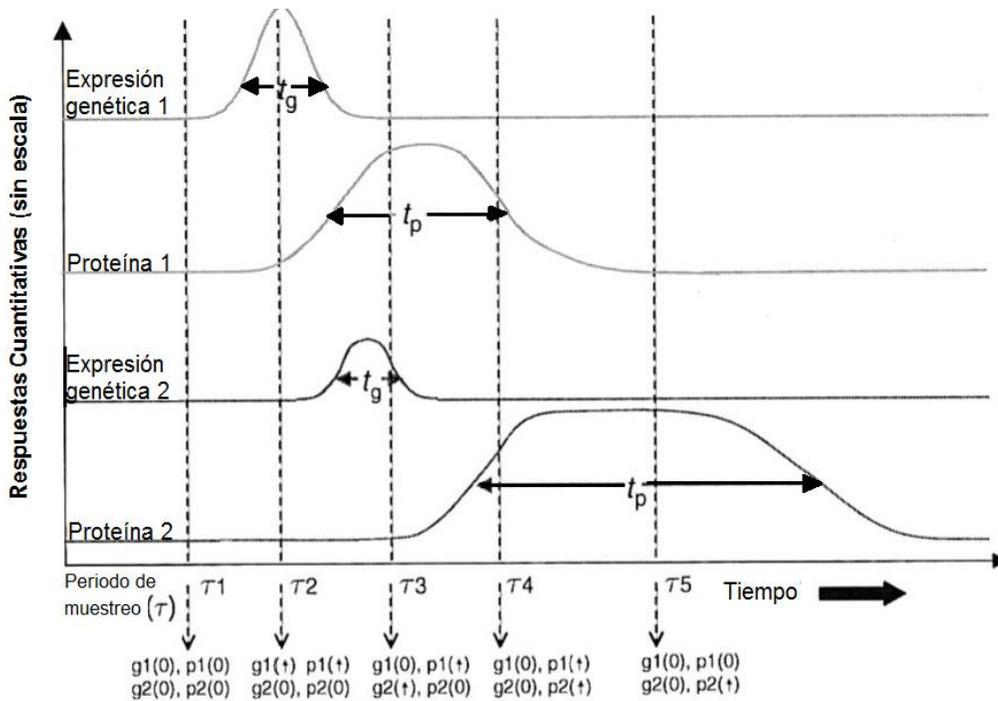


Figura 1.2. Trayectorias temporales para dos pares hipotéticos de gen-proteína relacionando actividad de transcripción con nivel proteico que está sobre-expresado siguiendo un sistema de estímulo sostenido como el de la intervención farmacológica. Se observa que si el estímulo se encuentra en el nivel genético en primera instancia requerirá una cantidad finita de tiempo en una célula por la síntesis de proteínas asociadas (o la modificación posterior a la transducción) a ocurrir y que la duración de los acontecimientos genéticos ( $t_g$ ) y los acontecimientos proteínicos ( $t_p$ ) podrían ser muy distintos. La consecuencia práctica de esto es que la covarianza de los acontecimientos genéticos y proteínicos contemplados depende principalmente del punto y frecuencia temporales de muestreo y en algunos casos de un único punto de muestreo. Es decir,  $T_3$  podría llevar a la hipótesis errónea que el gen 2 covaría con la proteína 1. El desplazamiento diferenciador de los momentos de máxima actividad o expresión no se puede considerar constante y la variación en posibles valores del  $t_p$  y los tiempos de rotación relacionados se conocen por ser duraderos. Nota:  $g_1(0), p_1(0)$  y así sucesivamente se describe la condición relativa con respecto a la regulación ascendente de cada gen y proteína en un determinado punto temporal (p.ej.  $T_1, T_2$ , etc.), donde (0) indica el nivel de partida y ( $\uparrow$ ) indica el ascenso. Por lo tanto, el análisis del estado relativo que se lleva a cabo después de la intervención se visualiza como dependiente del punto temporal de muestreo.

Además, debe tenerse en mente que los niveles de ARN mensajero (que tienen vidas medias muy variables) son mediciones indirectas de la actividad en el genoma que a su vez se relacionan con los acontecimientos de la activación genética que operan en otras escalas

de tiempo no determinadas. Al nivel de una única célula, los acontecimientos genéticos son restringidos (p.ej. están ya sea “activados” o “desactivados” en cualquier momento dado).

Entender la verdadera relación cuantitativa entre la variación en la actividad de cada uno de los miles de pares hipotéticos de gen-proteína en un sistema celular es complicado debido al desplazamiento de tiempo de los acontecimientos de síntesis y translocación de los genes y proteínas, sus distintas escalas de tiempo, y sus vidas medias. De manera que la frecuencia y los tiempos de medición de los transcritores y de las proteínas pueden alterar visiblemente el modelo de las relaciones estadísticas entre estas variables y, por lo tanto, las conclusiones que se pueden extraer. En vista de que la escala de tiempo de una activación de genes es corta y difícil de medir y que la vida media de una proteína citosólica puede variar desde unas cuantas hasta cientos de horas [29], es fácil comprender por qué los datos de la transcriptómica y de la proteómica provenientes de un mismo sistema no siempre concuerdan.

Otra debilidad al intentar correlacionar los datos extraídos de la proteómica con los de la metabólica es el hecho de que en la actualidad los conjuntos de datos de la proteómica no contienen información sobre la actividad de proteínas específicas, lo cual depende de su ubicación exacta en la célula y de la presencia de cofactores o inhibidores.

Un ejemplo de este problema surge al trabajar con los efectos del ácido orótico, un metabolito endógeno que cuando es administrado en mamíferos ocasiona cambios grasos en el hígado [30]. Tanto los niveles de metabolito como los de los transcritores han sido medidos y se estudió su correlación cruzada en animales tratados con ácido orótico. A nivel estadístico, se detectó poca concordancia entre la expresión genética y los metabolitos del hígado, la orina o el plasma. No obstante, se dieron evidentes conectividades y patrones de comportamiento en vías específicas del metabolismo lipídico como lo señalan los cambios en la regulación genética y los niveles de metabolito que se pudieron racionalizar en términos

bioquímicos. En sistemas más simples se ha demostrado que los datos metabolómicos pueden ser usados con eficacia para generar información genómica funcional y revelar el fenotipo de mutaciones silenciosas y así integrar con certeza las ciencias *-ómicas* involucradas [31]. Esto es bastante apropiado para sistemas relativamente estáticos como los de las células en cultivo (que adoptan una fase de crecimiento estacionaria). Sin embargo, en sistemas hipercomplejos como el de los mamíferos que funcionan con muchos tipos de células en interacción y espacialmente dispersas; que además muestran variaciones constantes en relación con el tiempo, necesitan de enfoques más sofisticados donde las respuestas temporales detalladas deben ser medidas.

Para los estudios metabólicos, conviene medir el tiempo de respuesta del sistema para obtener una imagen completa y desarrollada del daño metabólico que surge a partir de la exposición a un tóxico o durante un padecimiento [10, 32-35]. Por razones prácticas, en la actualidad no resulta económico el uso de la tecnología de chip genético ni la proteómica, sin embargo, puede que esto cambie en el futuro.

También emergen problemas significativos en cuanto a las comparaciones y los plazos pertinentes a los fenómenos metabólicos relacionados con el tiempo a causa de las diferencias en la magnitud de los efectos en los estudios en toxicología de especies comparables [35]; aunque estas contrariedades no se limitan a las investigaciones metabolómicas. En general, las técnicas *-ómicas* deberían dirigirse a la formulación de nuevas hipótesis acerca del control y disfunción en la vía metabólica, pero de hecho estas suposiciones no prueban que un modelo de datos determinado aporte una explicación biológica completa o correcta sobre la condición examinada. Las hipótesis generadas a partir de las ciencias *-ómicas* tienen que ponerse a prueba para poder asegurar que el entendimiento biológico está completo; sin embargo, esto se realiza con poca frecuencia. Cuando las hipótesis que surgen de las ciencias *-ómicas*, son puestas a prueba

correctamente, los resultados pueden ser gratificantes; por ejemplo, fue posible deducir el mecanismo de toxicidad de un fármaco reprobado por medio de una técnica metabonómica que identificó elementos clave en el metabolismo mitocondrial que fueron alterados *in vivo* por medio de un análisis de fluidos biológicos a través del tiempo después de la administración de una dosis [36]. Posteriormente esto fue comprobado *in vitro*; lo cual reafirma la veracidad de la hipótesis sobre el mecanismo tóxico originado por los estudios metabólicos experimentales.

En el futuro, las tecnologías en transcriptómica y proteómica serán más rápidas y más baratas. Será posible medir las fluctuaciones relacionadas con el tiempo con mucho más detalle lo que conducirá a nuevos niveles de comprensión. Por supuesto, desde ya se puede reflexionar sobre cómo se podrán observar los datos y acerca de cómo se analizarán. Por lo consiguiente, la forma geométrica de la respuesta en función del tiempo puede ser estimada como un descriptor (en lugar de ser solamente su magnitud o razón de cambio). El tiempo promedio de recuperación de la expresión genética en un sistema alterado, como por ejemplo después de la baja dosis de un medicamento, también presentaría nuevos parámetros que se podrían modelar. Este es un concepto interesante que introduce un nuevo conjunto de parámetros relacionados con el tiempo que podría describir la alteración total basándose no solamente en el nivel sino también en el período para alcanzar el equilibrio después de la intervención. Esto podría denominarse “el tiempo de relajación genético o proteómico” que podría tener valores individuales para cada gen o proteína además de valores globales para la recuperación del sistema. Los patrones de relajación relacionados con el tiempo (con valores en segundos u horas) facilitan una marca alternativa de respuesta a una intervención específica que no se basa en la medición de magnitudes de cambio.

Las distintas respuestas temporales geométricas se pueden notar en los datos metabólicos existentes ya que presentan reacciones a los tratamientos con fármacos y toxinas. Como en muchos casos, debe haber relaciones de desfase de tiempo entre los cambios de los niveles de metabolitos y los niveles de transcritores y proteínas; por consiguiente, es posible observar respuestas similares en los datos de la transcriptómica y la proteómica. Estos datos varían desde simples formas matemáticas donde un metabolito en particular sigue de cerca el comienzo y la recuperación de la lesión o puede tener formas tan complejas como las interacciones múltiples entre sistemas orgánicos para establecer un control homeostático postraumático.

### **1.5. Muestras para la metabonómica y la metabolómica**

Los estudios metabonómicos de relevancia bioquímica por lo general utilizan fluidos biológicos o extractos celulares y tisulares. Tales extractos a menudo son fáciles de conseguir y los fluidos biológicos de los mamíferos pueden proporcionar una perspectiva integrada de la biología de sistemas. La orina y el plasma se obtienen con técnicas no invasivas, y, por lo tanto, se pueden emplear con facilidad en el diagnóstico de enfermedades y en los ensayos clínicos establecidos para el seguimiento de la terapia farmacológica. Sin embargo, existe una extensa variedad de fluidos que se pueden estudiar los cuales incluyen seminal, amniótico, cefalorraquídeo, sinovial, y digestivos, así como fluidos de las ampollas o de los quistes, aspiraciones pulmonares y fluidos de diálisis [37]. Asimismo, un gran número de estudios en metabonómica han dispuesto de espectroscopía de RMN en muestras de biopsia de tejido junto con extractos lipídicos y acuosos, como los extraídos del tejido vascular en estudios de aterosclerosis [38]. La técnica también se puede aplicar para caracterizar sistemas celulares *in vitro* tales como las células Caco-2 que son de uso generalizado en los estudios de recaptura celular [39], en otros sistemas modelo

como el de la levadura [40], y en células tumorales [41]; así como los esferoides del tejido que son usados como sistemas modelo para investigaciones en hígado o tumores [42]. En otros campos de la biología como en la botánica, con frecuencia se utilizan extractos del tejido (ver capítulo 16 para una revisión detallada). En las ciencias ambientales (ver capítulo 18) tanto los tejidos completos como sus extractos se han estado analizando junto con los fluidos biológicos donde se pueden hallar.

## **1.6. Tecnologías analíticas**

### *1.6.1. Introducción*

Las principales técnicas de análisis aplicadas en investigaciones metabólicas parten de la espectroscopía de resonancia magnética nuclear (RMN) y en la espectrometría de masas (MS). Esta última técnica requiere una previa separación de los componentes metabólicos mediante el uso de cromatografía de gases (GC) después de la derivatización, o bien de cromatografía líquida (LC), con el nuevo método de ultra alta presión LC (UPLC), la cual se emplea cada vez más. El uso de electroforesis capilar (EC) sumado a la MS también es prometedora. En otros casos se han empleado técnicas aún más especializadas tales como la espectroscopía transformada de Fourier infrarroja (FTIR) y la detección electroquímica variada [43,44].

La mayor limitación de FTIR es el escaso alcance de identificación molecular detallada; de hecho, en el caso que se mencionó anteriormente, también se utilizó MS para la identificación de metabolitos. Además, a pesar de que una variedad de detectores colorimétricos acoplados a la separación de alta presión LC (HPLC) no identifican los compuestos directamente, el tiempo de retención y las propiedades de oxidorreducción pueden servir como base para la búsqueda en las bibliotecas de compuestos estándares y

en bases de datos. El resultado de la separación se podría dirigir a un espectrómetro de masas para realizar otros experimentos de identificación [44]. Todos los estudios en metabonomía arrojan datos multivariados que requieren de software de visualización, así como métodos quimiométricos y bioinformáticos para poder comprenderlos. El objetivo de estos procedimientos es generar bioquímicamente huellas dactilares con un valor diagnóstico o clasificativo. En este tipo de estudios es importante identificar las sustancias causantes del diagnóstico o la clasificación. Dichas sustancias corresponden a la combinación de biomarcadores que definen el contexto biológico o clínico.

#### *1.6.2. Espectroscopía de RMN*

La espectroscopía de RMN es una técnica no destructiva muy empleada en química; esta técnica suministra información detallada sobre la estructura molecular de compuestos puros o de mezclas complejas, así como información en concentraciones absolutas o relativas [45]. La RMN se puede utilizar para explorar la dinámica molecular de los metabolitos y su movilidad, así como determinar la concentración de sustancias ya sea a través de la interpretación de los tiempos de relajación spin o por determinación de los coeficientes de difusión molecular [46]. El capítulo 3 presenta la información práctica y teórica necesaria para efectuar un estudio metabolómico; por ahora, se trata solamente de una descripción no especializada.

Es posible la preparación automática de muestras con el uso de espectroscopía de RMN que implica amortiguación y adición de D<sub>2</sub>O que funciona como una señal de bloqueo del campo magnético para el espectrómetro. El espectro RMN estándar se adquiere en unos cuantos minutos a través de métodos de flujo de inyección robóticos. En los estudios a gran escala, se pueden emplear frascos con códigos de barra que contienen fluidos biológicos que se pueden preparar para el análisis al utilizar tecnologías de manejo robótico de líquidos

y transferirlas a placas de 96 pocillos bajo el sistema LIMS. Con la aplicación de tales técnicas, hoy día se logran medir más de cien muestras por día en un único espectrómetro; cada uno con un tiempo de adquisición de datos de aproximadamente cinco minutos. Alternativamente, para muestras valiosas o para aquellas de volumen limitado, por lo general se utilizan tubos capilares de RMN o bien tubos convencionales de 5mm ya sea individualmente o empleando cambiador de tubos de muestras comerciales y adquisición automática de datos.

Un típico espectro  $^1\text{H}$  RMN de la orina contiene miles de líneas agudas principalmente de los metabolitos de bajo peso molecular. La gran señal interferente de RMN derivada del agua en todos los fluidos biológicos se elimina fácilmente con el uso apropiado de métodos estándar de supresión de disolventes de RMN ya sea mediante irradiación RF secundaria en la desviación química del agua pico o mediante secuencia de pulsos RMN especializada que no excita la resonancia del agua. La posición de cada banda espectral (conocida por su desviación química y medida en términos de frecuencia, en ppm, proveniente de una sustancia de referencia estándar adicional) proporciona información sobre la identidad del grupo molecular y su entorno molecular. El compuesto de referencia que se usa en medios acuosos generalmente es la sal de sódica de ácido 3-trimetilsilil propiónico (TSP) con grupos metilenos deuterados para evitar picos en el espectro  $^1\text{H}$  RMN. La multiplicidad del patrón de división de cada banda de RMN y las magnitudes de las divisiones brindan conocimiento acerca de protones cercanos, sus conectividades a través del enlace, la orientación relativa de enlaces C-H cercanos y por lo tanto también conformaciones moleculares. Esas divisiones son causadas por las interacciones spin-spin nucleares también conocidas como J acoplamiento y son mediadas por los electrones de los enlaces químicos. Las áreas de la banda están directamente relacionadas con el número de protones, lo que da paso al pico y como consecuencia a las concentraciones relativas de las

sustancias en la muestra. Las concentraciones absolutas se pueden obtener si la muestra contiene un patrón interno añadido de alguna concentración conocida, o si una adición estándar del analito de interés se agrega a la muestra, o si la concentración de una sustancia es conocida por medios independientes (p.ej. la glucosa en el plasma se puede cuantificar mediante un ensayo bioquímico convencional).

El plasma sanguíneo y el suero contienen componentes de alto o bajo peso molecular que tienen un amplio rango de anchos de línea de señal. Las bandas anchas de las proteínas y de las señales de lipoproteínas contribuyen mucho con los espectros  $^1\text{H}$  RMN y con los picos agudos de las moléculas pequeñas superpuestos [47]. Las secuencias de pulsos RMN estándar, donde las intensidades de los picos que se visualizan son editadas basándose en los coeficientes de difusión molecular o en los tiempos de relajación de RMN, se pueden utilizar para seleccionar únicamente las contribuciones de las macromoléculas, o para elegir solamente las señales de los metabolitos de las moléculas pequeñas. También es posible usar estas técnicas para estudiar la movilidad y la flexibilidad molecular, así como las interacciones intermoleculares; por ejemplo, la unión reversible entre las moléculas pequeñas y las proteínas [46].

La identificación de biomarcadores puede involucrar la aplicación de varias técnicas, como los experimentos de RMN bidimensional [45] que se describen en el capítulo 3. Los espectros  $^1\text{H}$  RMN de la orina y de otros fluidos biológicos, incluso los que son muy complejos, permiten muchas resonancias que se pueden asignar directamente según sus desplazamientos químicos, multiplicidades de señales, y al adicionar material auténtico, se puede obtener más información por medio de edición espectral y técnicas bidimensionales.

La espectroscopía de RMN bidimensional podría ser útil para aumentar la dispersión de la señal y para elucidar las conectividades entre las señales, y de este modo mejorar el contenido informativo y ayudar con la identificación de sustancias bioquímicas. Se incluye el

experimento resuelto-J 2D  $^1\text{H}$ - $^1\text{H}$ , el cual debilita los picos de las macromoléculas y rinde información acerca de la multiplicidad y los patrones de acoplamiento de resonancias que es un buen aporte para la identificación molecular. La proyección adecuada de tal espectro sobre el eje del desplazamiento químico produce una huella dactilar de los picos de las moléculas pequeñas altamente móviles, con la ventaja de que las multiplicidades de los picos de acoplamiento spin han sido eliminadas. Otros experimentos 2D como la espectroscopía de correlación (COSY) y la espectroscopía total de correlación (TOCSY) proveen conectividades por acoplamiento spin-spin  $^1\text{H}$ - $^1\text{H}$  lo que proporciona información sobre cuales hidrógenos en una molécula están cerca según su enlace químico. El uso de otros tipos de núcleos, como los  $^{13}\text{C}$  y  $^{15}\text{N}$  de abundancia natural, o donde se encuentre  $^{31}\text{P}$ , pueden ser importantes para asignar los picos de RMN y así los experimentos de correlación heteronuclear de RNM son viables. Estos experimentos se benefician del uso de la denominada detección inversa donde el espectro RMN del núcleo de menor sensibilidad o menos abundante (como  $^{13}\text{C}$ ) es detectado indirectamente utilizando el núcleo más abundante y sensible ( $^1\text{H}$ ) al hacer uso de las interacciones spin-spin como la del acoplamiento spin-spin  $^{13}\text{C}$ - $^1\text{H}$  de un único enlace entre núcleos para efectuar la conexión. Estos producen desplazamientos químicos RMN de grupos CH, CH<sub>2</sub>, CH<sub>3</sub> tanto en  $^1\text{H}$  como en  $^{13}\text{C}$  que son útiles con fines de identificación. También existe una secuencia que permite la correlación de protones con carbonos cuaternarios basándose en acoplamiento spin-spin  $^{13}\text{C}$ - $^1\text{H}$  a largo plazo entre núcleos.

Un reciente avance útil en tecnología de RMN ha consistido en el desarrollo de sondas criogénicas donde la bobina del detector y preamplificador (pero no las muestras) se enfriaron cerca de 20K (-253 ° C). Esto representa una mejora en la espectral relación señal-ruido de hasta un factor de 5 al reducir el ruido térmico en la electrónica del espectrómetro. Por el contrario, debido a que la relación señal-ruido es proporcional a la raíz cuadrada del

número de exploraciones añadidas, es posible lograr tiempos de adquisición de datos más cortos de hasta un factor de 25 con la misma cantidad de muestra. Debido a la reducción del ruido en el espectrómetro, también es posible detectar los núcleos  $^{13}\text{C}$  mucho menos sensibles que sólo tienen una abundancia natural de 1.1% mediante espectroscopía de RMN de fluidos biológicos [48]. Además, esta tecnología hace más factible el uso de muestras de microdiálisis de tejidos específicos [49].

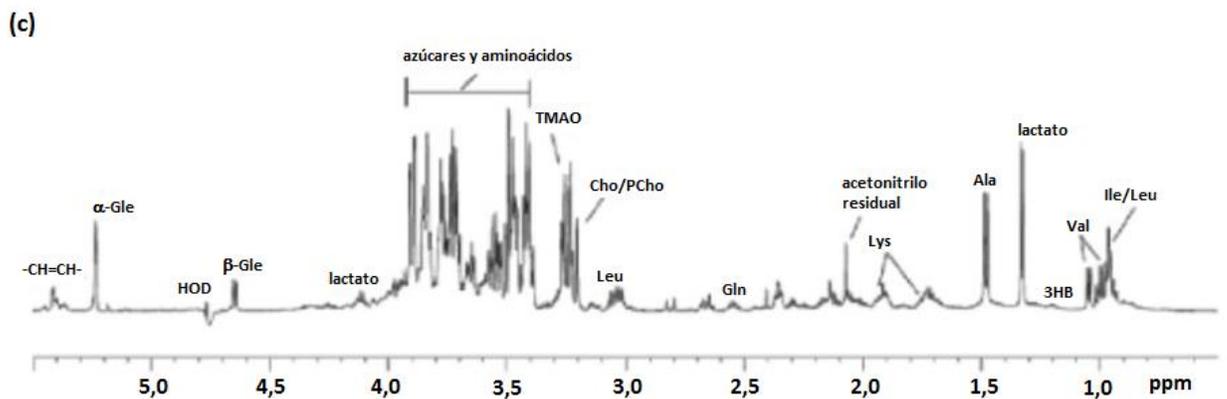
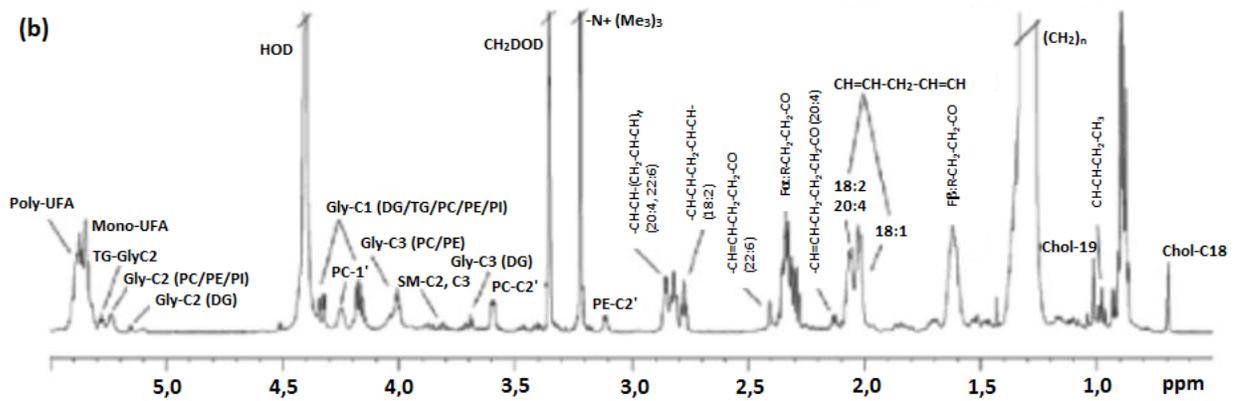
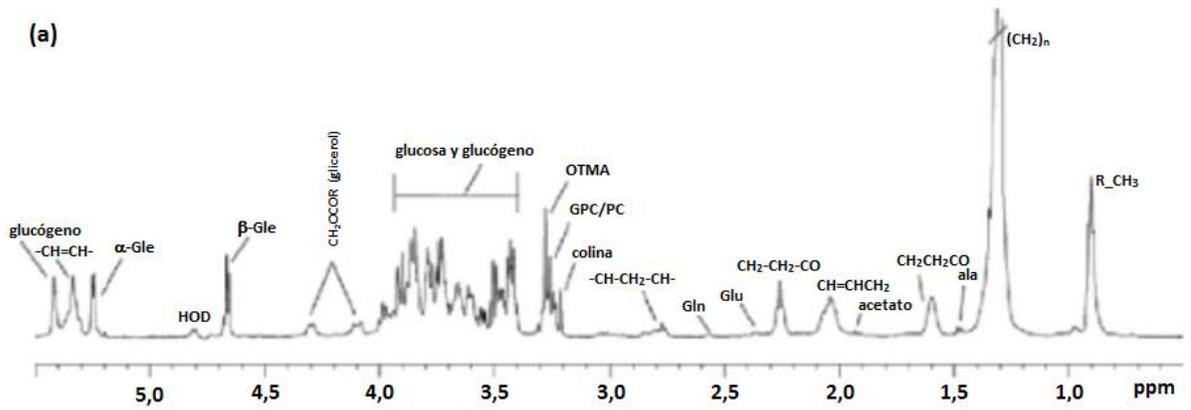
Recientemente, el desarrollo de una técnica denominada resonancia magnética nuclear con giro al ángulo mágico (RMN-MAS) de alta resolución  $^1\text{H}$ , ha hecho posible la adquisición de datos RMN de alta resolución en pequeñas partes de tejidos intactos sin pretratamiento [50-52]. El rápido giro de la muestra (normalmente a  $\sim 4\text{-}6$  kHz) en un ángulo de  $54,7^\circ$  en relación con el campo magnético aplicado sirve para reducir la pérdida de información provocada por los efectos de la línea de ampliación observados en las muestras no líquidas como los tejidos. Estas ampliaciones son causadas por muestras de heterogeneidad, parámetros anisotrópicos residuales de RMN que por lo general se promedian en solución libre donde las moléculas pueden caer isotrópicamente y con rapidez. La espectroscopía RMN-MAS cuenta con una sencilla, pero manual, preparación de muestras. La espectroscopía de RMN en la muestra de un tejido en un experimento de MAS es la misma que el estado de la solución RMN y todas las técnicas de pulso comunes se pueden emplear con el fin de estudiar los cambios metabólicos y desempeñar la elucidación de la estructura molecular y los estudios en dinámica molecular. Este tema es tratado con más detalle en el capítulo 4.

Algunos típicos espectros  $^1\text{H}$  RMN son proporcionados en la figura 1.3. que muestra la variedad de perfiles desde el tejido del hígado de un ratón, los extractos lipídicos y acuosos del tejido del hígado, hasta el plasma sanguíneo.

Finalmente, no se debe olvidar que la espectroscopía de RMN puede llevarse a cabo *in vivo* en sujetos vivos complejos; esta técnica ha sido utilizada de forma extensa para perfiles metabólicos, principalmente para realizar estudios de enfermedades humanas. Este tema se analiza en el capítulo 17.

### 1.6.3. La espectrometría de masas

La espectrometría de masas también se ha usado extensamente en la huella digital metabólica y en la identificación de metabolitos, además de ser una técnica fundamental en la industria farmacéutica para la identificación y cuantificación de los metabolitos de los fármacos. A pesar de que la mayoría de los estudios basados en MS se han hecho en extractos de plantas y del sistema celular modelo, su aplicación en estudios de los mamíferos está aumentando. En general, se requiere de una separación previa de la compleja muestra de mezcla por medio de cromatografía. La MS es mucho más sensible que la espectrometría de RMN, pero generalmente se necesita emplear distintas técnicas de separación (p.ej. diferentes envases de la columna de la LC) para diferentes tipos de sustancias. La espectrometría de masas es una técnica importante para la identificación molecular, especialmente al utilizar métodos de espectrometría de masas tándem para estudios de fragmentación o mediante MS transformada de Fourier para una muy precisa determinación de masas. La cuantificación de analitos a través de MS en mezclas complejas de composición muy variable puede verse afectada por ionización fluctuante y efectos de supresión de iones. En estudios metabólicos de plantas, la mayoría de las investigaciones han aplicado derivatización química para garantizar la volatilidad y reproducibilidad analítica acompañadas de análisis de cromatografía de gases acoplada a espectrometría de masas (GC-MS).



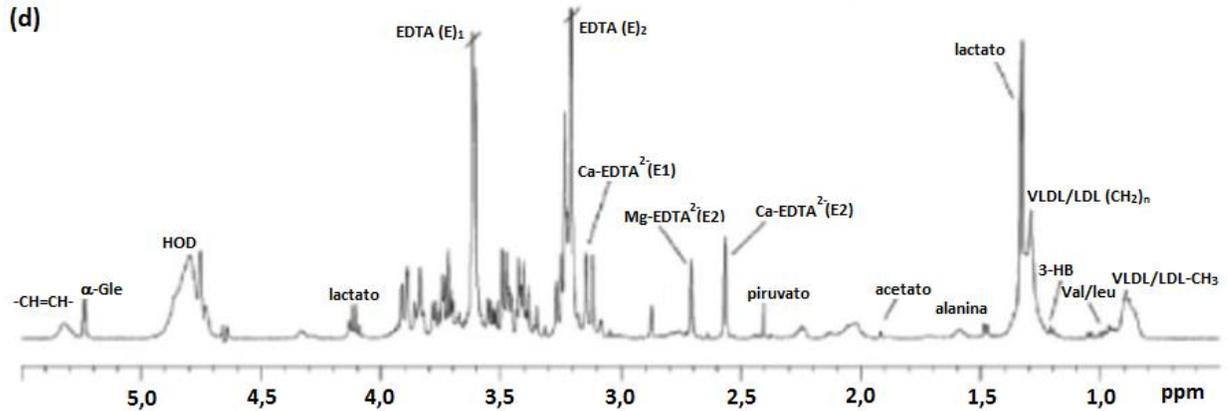


Figura 1.3. (a) espectro  $^1\text{H}$  RMN-MAS CPMG (600 MHz) del tejido hepático control intacto, (b) espectro  $^1\text{H}$  RMN (600 MHz) de un extracto de tejido hepático control liposoluble, (c) disolvente presaturación espectro  $^1\text{H}$  RMN (600 MHz) de un extracto de tejido hepático control soluble acuoso y (d) espectro  $^1\text{H}$  RMN-MAS CPMG (500 MHz) control plasma sanguíneo. Clave: 3HB, 3-D-hidroxibutirato; Cho, colina; Chol, colesterol; Glu, glucosa; GPC, glicerosfocolina; Gly, glicerol, LDL, lipoproteína de baja densidad; PCho, fosfocolina; OTMA, óxido de trimetilamina N (OTMA); LMBD, lipoproteína de muy baja densidad.

Recientemente, el uso de GC-MS y GC-GC-MS ha sido aprovechado para aplicaciones de metabonomía en mamíferos [53]. Algunas de las técnicas que emplean MS se basan en estudios más concretos; por ejemplo, el análisis detallado de los lípidos [54]. El capítulo 5 ofrece una explicación más completa respecto a las técnicas de separación acopladas a MS para la identificación de biomarcadores.

En el caso de las aplicaciones metabólicas en fluidos biológicos, como la orina, el cromatograma HPLC se genera con detección MS, normalmente por medio de la ionización por electrospray y se pueden medir los cromatogramas de iones positivos o negativos. En cada punto de muestreo en el cromatograma se halla un espectro de masas completo, por lo que la información es tridimensional; es decir, tiempo de retención, masa e intensidad. Debido a esta resolución tan alta, es posible eliminar cualquier pico de masa de las sustancias que interfieren tales como los metabolitos de los medicamentos, sin perjudicar la integridad de los datos.

Tal como se ha indicado, UPLC es una combinación de un material de embalaje de fase inversa de 1,7  $\mu\text{m}$  con un sistema cromatográfico que opera aproximadamente a 12,000 psi. Esto ha posibilitado una mejor resolución máxima en cromatografía y ha incrementado la velocidad y la sensibilidad que se logra de la separación de la mezcla compleja. La UPLC aporta un aumento décuplo en velocidad y un crecimiento de tres a cinco veces en la sensibilidad comparado con una fase estacionaria convencional. Gracias a la resolución cromatográfica de UPLC perfeccionada, se ha reducido bastante el problema por la supresión de iones de picos de co-elución. La UPLC-MS ya se ha usado en perfiles metabólicos de la orina de machos y hembras de dos grupos de cepas de ratones fenotípicamente normales y una cepa de ratón desnudo [55]. En la figura 1.4. se muestra una comparación de la MS detectada con HPLC y de los cromatogramas de UPLC obtenidos de una muestra de orina de ratón.

Recientemente, CE acoplada de la espectrometría de masas también se ha explorado como una tecnología adecuada para los estudios en metabonómica [56]. Los metabolitos primero se separan mediante CE basándose en la carga y el tamaño y luego son detectados selectivamente al utilizar monitoreo MS. Este método se emplea para medir 352 niveles metabólicos que posteriormente se han utilizado para analizar 1692 metabolitos de los extractos de *Bacillus subtilis* los cuales han revelado cambios en los niveles de los metabolitos durante el crecimiento bacterial.

Para la identificación de biomarcadores es posible separar las sustancias que interesan en grandes cantidades de una muestra de fluidos biológicos complejos a través de técnicas como la extracción en fase sólida o la HPLC. Se pueden aplicar métodos de espectroscopía para la identificación de metabolitos acoplados directamente a la cromatografía-RMN. La técnica más extendida es HPLC-RMN-MS [57] en la cual la elucidación del pico de HPLC se divide, con un análisis paralelo por medio de RMN acoplada

directamente y las técnicas de MS. Se puede operar con modos de flujo continuo, flujo detenido y almacenamiento de instrucciones lo que proporciona una amplia variedad de herramientas para la identificación molecular basadas en RMN Y MS. Dichas herramientas incluyen la espectroscopía RMN bidimensional así como MS-MS para la identificación de fragmentos y MS transformada de Fourier (FT-MS) o espectrometría de masas de tiempo de vuelo (TOF-MS) para la medición de la masa exacta y ,por consiguiente, la derivación de la fórmula empírica molecular.

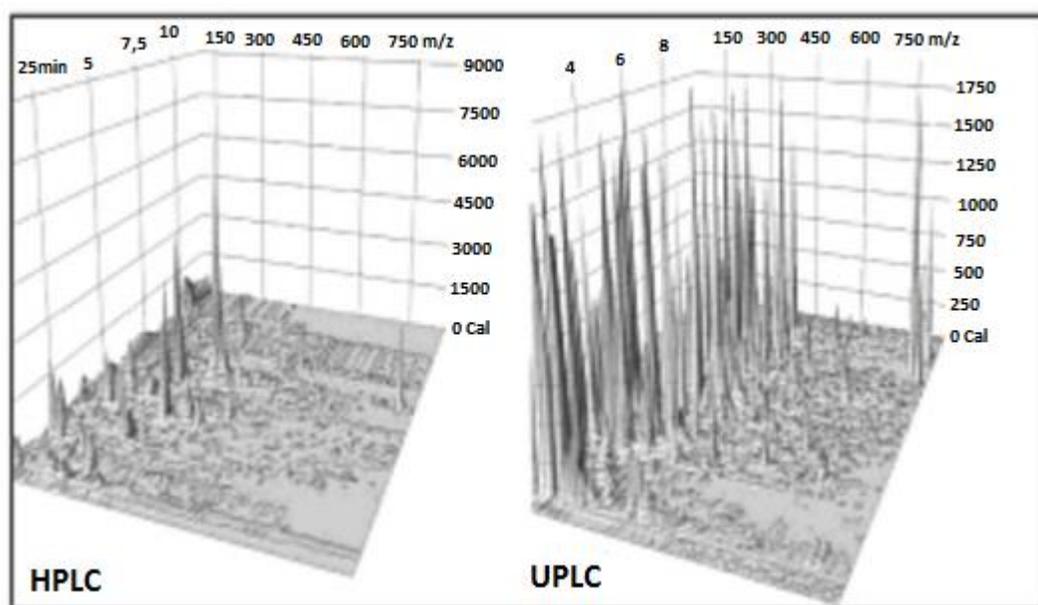


Figura 1.4. Gráficos tridimensionales del tiempo de retención, m/z e intensidad del control de la orina de ratón macho blanco (a la izquierda) HPLC-MS con 2,1 cm x 100 mm Simetría Waters 3,5  $\mu$ m columna C18, eluidos con 0-95% gradiente lineal de agua con 0,1% de ácido fórmico: acetonitrilo con 0,1% de ácido fórmico por más de 10 min sobre una velocidad de flujo de 0,6 mL/min y (a la derecha) UPLC-MS con 2,1 cm x 100 mm ACQUIRY Waters 1,7  $\mu$ m columna C18, eluidos con los mismos solventes a una velocidad de flujo de 0,5 mL/min. En ambos casos la columna eluyente fue monitoreada por ESI oa-TOF-MS desde 50 hasta 850 m/z en modo de ion positivo. Reproducido con permiso de Wilson *et al.* [55].

En resumen, la RMN y la MS son técnicas sumamente complementarias, y el uso de ambas es necesario para una caracterización molecular total. La MS podría ser más sensible y contar con límites de detección bajos dado que la sustancia de interés puede ser ionizada;

sin embargo, la espectroscopía de RMN es especialmente más útil para distinguir isómeros, obtener información sobre conformación molecular y estudiar la dinámica molecular y la compartimentación que debido al auge del uso de criosondas se ha vuelto más sensible.

### **1.7. Métodos quimiométricos**

Un espectro RMN o un espectro de masas de una muestra de fluidos biológicos se pueden considerar un objeto con un conjunto multidimensional de coordenadas metabólicas cuyos valores son las intensidades espectrales en cada punto de datos; por lo tanto, el espectro es un punto dentro de un hiperespacio metabólico multidimensional. El objetivo inicial de la metabonómica consiste en clasificar un espectro según los patrones de picos inherentes y en segundo lugar identificar las características espectrales responsables de la clasificación. La técnica se puede utilizar para reducir la dimensionalidad de los datos complejos; por ejemplo, los procedimientos de mapeo bidimensionales y tridimensionales para posibilitar una fácil visualización de cualquier agrupación o similitud en las diferentes muestras. En los denominados métodos “supervisados”, los datos multiparamétricos se pueden configurar de manera que la clase de muestras separadas (un conjunto de “validación”) se logre predecir con base en una serie de modelos matemáticos que se derivan de los datos originales o “conjunto de entrenamiento” [58]. Los capítulos 6 y 7 contienen explicaciones sobre las distintas técnicas quimiométricas.

Una de las técnicas más sencillas muy empleada en metabonómica es el análisis de componentes principales (ACP). Esta técnica expresa la mayor parte de la varianza dentro de un conjunto de datos mediante un menor número de factores o componentes principales (los CP). Cada CP es una combinación lineal de los parámetros de los datos originales por medio de la cual cada CP sucesivo explica la cantidad máxima de varianza posible, los componentes anteriores no la definen. Cada CP es ortogonal y por lo tanto independiente de

los otros CP; así la variación en el conjunto espectral es generalmente descrita por muy pocos CP que constituyen el número de los valores de los puntos de datos originales porque los CP menos importantes simplemente describen la variación del ruido en los espectros. La conversión de la matriz de datos en dos matrices conocidas como puntajes y cargas resultantes de los CP. Los puntajes, las combinaciones lineales de las variables originales, son las coordenadas para las muestras en el modelo establecido y se les puede considerar nuevas variables. En el gráfico de los puntajes, cada punto representa un único espectro de la muestra. Las cargas de los CP definen la forma en la que las viejas variables se combinan linealmente para formar las nuevas variables e indican las variables que llevan el mayor peso durante la transformación de la posición de las muestras originales de la matriz de datos en la nueva posición dentro de la matriz de puntajes. En el gráfico de las cargas, cada punto simboliza una intensidad espectral distinta. Por consiguiente, la causa de cualquier agrupación espectral que se aprecie en un gráfico de puntajes de CP es interpretada a través de la examinación de las cargas que ocasionan cualquier separación de agrupaciones. Además, existen muchos otros métodos de visualización (o no supervisados) tales como el mapeo no lineal y el análisis de agrupación jerárquica. Un método supervisado (es decir mediante un conjunto de entrenamiento de datos con resultados conocidos) muy difundido es el de mínimos cuadrados parciales (MCP) [59]. Este es un método que relaciona una matriz de datos que contiene variables independientes extraídas de las muestras; por ejemplo, los valores de intensidad espectrales (una matriz  $\mathbf{X}$ ), con una matriz que contiene variables dependientes (p.ej. mediciones de respuesta, tales como puntajes de toxicidad) para esas muestras (una matriz  $\mathbf{Y}$ ). El método MCP también se puede utilizar para examinar la influencia del tiempo en un conjunto de datos, lo cual es beneficioso para los datos de RMN de los fluidos biológicos recopilados a partir de muestras tomadas durante un transcurso de tiempo de progresión de un efecto patológico. Por otro lado, MCP se puede

unir con análisis de función discriminante (DA) para determinar la posición óptima para situar una superficie discriminante que separe las clases de la mejor manera. Es posible emplear tales modelos supervisados para crear probabilidades de clasificación y factores de respuesta cuantitativos para una extensa gama de tipos de muestras, pero dada la gran posibilidad de correlaciones casuales cuando el número de descriptores es grande, es importante crear y probar tales modelos quimiométricos por medio de los datos de entrenamiento independientes y los datos de validación. Una expansión de esta técnica facilita la evaluación de los descriptores que son completamente independientes (ortogonales) a la matriz Y de los datos de los biomarcadores. Esta corrección de señales ortogonales (OSC) se puede utilizar para suprimir los parámetros irrelevantes y confusos y ha sido integrada al algoritmo MCP para un uso ideal [60]. Lea el capítulo 6 para una explicación ampliada acerca de estas técnicas.

Aparte de los métodos descritos anteriormente que utilizan combinaciones lineales de parámetros para la reducción o clasificación de dimensiones, existen otros métodos que en este sentido no se limitan. Se incluyen métodos que dependen de la comparación de distancias en el punto de muestreo del hiperespacio metabólico, como el caso del análisis de agrupación jerárquica. Otras técnicas de uso generalizado incluyen las redes neuronales artificiales. Un conjunto de entrenamiento de datos se usa para desarrollar algoritmos que se “aprenden” la estructura de los datos y pueden lidiar con funciones complejas. La red de software básico consiste en tres o más capas incluido el nivel de entrada de las neuronas (descriptores espectrales u otras variables), una o más capas escondidas de las neuronas las cuales ajustan las funciones de ponderación para cada variable y una capa de salida que designa la categoría del objeto o de la muestra. Recientemente, las redes neuronales probabilísticas, que representan una extensión de la técnica, han demostrado ser prometedoras para las aplicaciones metabonómicas en toxicidad [61]. Otras técnicas que

actualmente están a prueba incluyen los algoritmos genéticos, el aprendizaje automático y el modelo Bayesiano [62]. El capítulo 7 describe estos métodos.

### **1.8. Nuevas técnicas para la identificación de biomarcadores mediante quimiometría**

Últimamente, se ha presentado un nuevo método para la identificación de múltiples picos de RMN de la misma molécula en una mezcla compleja, que por consiguiente proporciona una nueva técnica para la identificación molecular. Esto se basa en el concepto de espectroscopía total de correlación estadística que se ha denominado STOCSY [63]. Esto saca provecho de la multicolinealidad de las variables de intensidad en un conjunto de espectros (p.ej. los espectros  $^1\text{H}$  RMN) para generar un pseudoespectro RMN bidimensional que muestra la correlación entre las intensidades de los distintos picos a lo largo de toda la muestra. Este método no se limita a las conectividades habituales deducibles de los métodos espectroscópicos RMN bidimensionales más tradicionales, como TOCSY. Al examinar coeficientes de correlación más bajos o incluso correlaciones negativas se obtiene información adicional, puesto que esto conduce a una conexión entre dos o más moléculas involucradas en la misma vía bioquímica. En una extensión del método, el acoplamiento de STOCSY con métodos quimiométricos supervisados ofrece un nuevo marco para el análisis de datos metabonómicos.

En primer lugar, un análisis discriminante multivariante supervisado se puede utilizar para extraer las partes de los espectros RMN relacionados con la discriminación entre dos tipos de muestras. Posteriormente esta información se une con los resultados de STOCSY para contribuir con la identificación de moléculas responsables de la variación metabólica. Con el fin de ilustrar la aplicabilidad del método, se ha aplicado a los espectros  $^1\text{H}$  RMN de la orina obtenidos del estudio metabonómico de un modelo sobre la resistencia a la insulina basándose en la administración de una dieta de carbohidratos en tres distintas cepas de

ratones en las cuales una serie de metabolitos de importancia biológica pudieron ser asignados e identificados de forma concluyente a través de la técnica STOCSY [63]. Esto se demuestra en la figura 1.5. donde la técnica ha sido empleada para identificar el metabolito del ácido 3-hidroxifenilpropiónico.

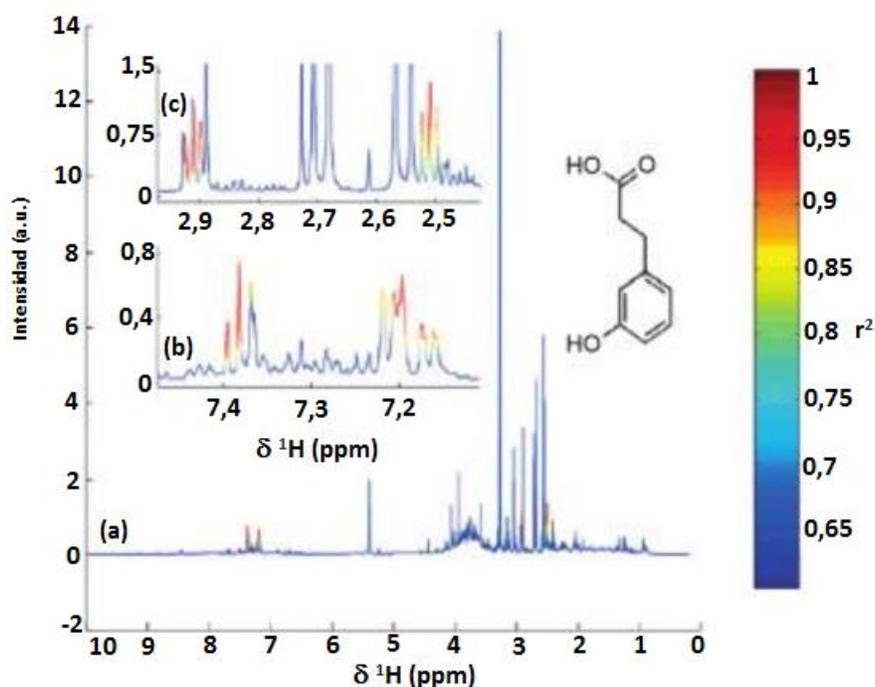


Figura 1.5. Análisis de STOCSY unidimensional para la identificación de picos correlacionados al desplazamiento químico,  $\delta$  2,51. El grado de correlación a lo largo del espectro ha sido representado con un código de colores y proyectado sobre el espectro. (a) espectro completo; (b) espectro parcial entre  $\delta$  7,1 y 7,5; (c) espectro parcial entre  $\delta$  2,4 y 3,0. El procedimiento de STOCSY posibilitó la asignación de este metabolito como ácido 3-hidroxifenilpropiónico. Reproducido con autorización de Cloarec *et al.* [63].

La técnica no se restringe a los espectros RMN, sino que se ha extendido a otras formas de datos. Actualmente, se aplica tanto a los espectros de RMN como a los espectros de masas provenientes de un estudio sobre toxicidad metabólica [64]. El método conocido como heteroespectroscopía estadística (SHY) da paso a una mejor asignación de

biomarcadores del efecto de la toxina por medio de la información correlacionada y complementaria disponible a partir de los espectros de RMN y de masas tomados de la muestra completa de una cohorte.

### **1.9. Sistematización de los experimentos metabólicos y los reportes**

Está en proceso de desarrollo una importante iniciativa para investigar las necesidades de presentación de informes y considerar recomendaciones sobre las medidas de informes sistematizados para los estudios en metabonomía. Para ello se integró el grupo Estructuras Estándar de Informes Metabólicos (SMRS) al cual se puede acceder en [www.smrsgroup.org](http://www.smrsgroup.org). Esto ha generado un proyecto de documento de políticas que contiene todos aquellos aspectos de un estudio metabólico que deben ser registrados partiendo del origen de una muestra biológica, el análisis del material de esa muestra y los enfoques quimiométricos y estadísticos para recuperar información de los datos de la muestra. También se publicó un resumen [65]. Además, se han abordado los distintos niveles y consecuentes detalles acerca de las necesidades de informes, incluyendo presentaciones de revistas, bases de datos públicas y presentaciones regulatorias. Al mismo tiempo, se ha desarrollado y propuesto un esquema denominado ArtMet para el acopio de datos y metadatos sobre estudios metabólicos [66]. A esto siguió un taller y una reunión de discusión patrocinados por los Institutos Nacionales de Salud de E.U., de los cuales han surgido sólidos planes para definir los estándares en muchas áreas que son vitales para la metabolómica y la metabonomía. Estas áreas incluyen caracterización de metadatos en relación con la muestra, estándares técnicos, parámetros sobre el control de calidad para la instrumentación analítica, metodologías para la transferencia de datos, esquemas para la implementación de las actividades, y el desarrollo de un vocabulario estándar que permita un transparente intercambio de datos [67].

## **1.10. Sinopsis de las aplicaciones de la metabonómica y la metabolómica en sistemas mamíferos**

### *1.10.1. Efectos fenotípicos y fisiológicos*

Con la finalidad de relacionar los efectos tóxicos o terapéuticos con la normalidad o para entender las alteraciones bioquímicas provocadas por la enfermedad, es preciso comprender bien lo que constituye un perfil bioquímico normal. Muchos estudios han empleado la metabonómica en animales de experimentación como los ratones y las ratas para identificar las diferencias metabólicas causadas por una serie de factores inherentes y externos [68]. Dichas diferencias podrían explicar la toxicidad diferencial de los medicamentos entre cepas y la variabilidad entre animales dentro de un estudio. Bastantes efectos se pueden distinguir por medio de la metabonómica basada en RMN, que incluye las diferencias entre macho y hembra, los cambios con respecto a la edad, los efectos del ciclo estral en las hembras, la dieta, efectos diurnos, y las diferencias y similitudes entre especies. Del mismo modo, se han obtenido resultados preliminares mediante el método UPLC-MS tanto en ratas Zucker obesas y normales como en ratones negros, blancos y desnudos [69]. Se ha desempeñado un gran esfuerzo en tratar de elucidar las interacciones complejas entre la dieta, la salud y la terapia [70]. El capítulo 11 menciona una gran cantidad de estos factores.

La metabonómica también se ha empleado para la fenotipificación de animales mutantes y transgénicos y en la investigación de las consecuencias de la transgénesis tales como el proceso de transfección utilizado para introducir un nuevo gen [71]. El desarrollo de un animal genéticamente modificado a menudo se realiza conforme a procedimientos de transfección; es importante diferenciar las consecuencias involuntarias del resultado previsto.

Las técnicas metabonómicas pueden aportar una idea de las semejanzas y diferencias metabólicas entre los procesos de enfermedad en los animales mutantes o transgénicos y en los humanos. Esto conduce a una mejor evaluación de la pertinencia de estas técnicas para emplearlas como modelos de enfermedad y para los estudios sobre la eficacia de los fármacos.

Es palpable la importancia de la relación simbiótica entre mamíferos y las poblaciones de la microflora intestinal [8] por medio de un estudio en el cual se permitió que las ratas axénicas (sin gérmenes) se adaptaran en un laboratorio bajo condiciones normales; los perfiles bioquímicos de la orina se monitorearon por veintiún días mediante espectroscopía  $^1\text{H}$  NMR [21]. Se ha señalado un interesante ejemplo de las diferencias fenotípicas ocasionadas por las variaciones en la microflora intestinal a través del estudio de la misma cepa de rata del mismo proveedor, pero alojados en colonias separadas en el proveedor [72]. Con respecto al metabolismo de los fármacos y a la evaluación de seguridad de los medicamentos, se ha comentado que aún se desconoce el efecto de tener diferentes poblaciones de microflora, que de lo contrario parecería una población homogénea. Además, la situación podría complicarse debido a infecciones o agentes patológicos y la influencia conjunta de la microflora intestinal y las infecciones parasitarias en los perfiles de los metabolitos urinarios [25].

#### *1.10.2. Evaluación de la seguridad preclínica del fármaco candidato*

La selección robusta de fármacos candidatos para el desarrollo basada en la minimización de la ocurrencia de los efectos adversos del fármaco es uno de los objetivos primordiales de la farmaceutica I+D, por lo que la industria farmaceutica hoy día acoge la metabonómica para evaluar los efectos adversos de los fármacos candidatos. El capítulo 9 explora este tema con más detalle.

La metabonomía se puede usar para la definición del hiperespacio metabólico ocupado por animales normales y la consiguiente clasificación rápida de una muestra de fluido biológico como normal o anormal. Si la muestra se considera anormal, se puede determinar la clasificación del órgano diana o la región de toxicidad, el mecanismo bioquímico de esa toxina, los biomarcadores de combinación del efecto tóxico y la evaluación de la trayectoria de tiempo del efecto; por ejemplo, el inicio, evolución y regresión de la toxicidad. Existen numerosos estudios con espectroscopía  $^1\text{H}$  NMR de fluidos biológicos para caracterizar la toxicidad del fármaco que se remonta a la década de 1980 [2], y el papel de la metabonomía en particular y de la resonancia magnética en general en la evaluación toxicológica de medicamentos se ha revisado de manera integral recientemente [73]. No obstante, el acoplamiento de espectroscopía de RMN con HPLC-MS se está empezando a emplear en estudios sobre toxicidad, lo cual ha sido ejemplificado en un estudio sobre la gentamicina nefrotóxica [74].

La utilidad de la metabonomía para la evaluación de los efectos de la toxicidad de xenobióticos ha sido explorada de forma exhaustiva por el exitoso Consorcio de Toxicología Metabonomía (COMET). Tal consorcio lo constituyeron cinco compañías farmacéuticas y el *Imperial College* de Londres, Reino Unido [75] con el propósito de desarrollar metodologías para la adquisición y evaluación de los datos metabonomía generados por medio de espectroscopía  $^1\text{H}$  NMR de la orina y del suero sanguíneo de ratas y ratones para el examen toxicológico preclínico de los fármacos candidatos.

Al principio, se llevó a cabo un estudio haciendo uso del mismo protocolo detallado y empleando el mismo modelo de toxina, en más de siete sitios en las empresas, así como en las organizaciones de investigación designadas en los contratos. El estudio sirvió para evaluar los niveles de variación analítica y biológica que podrían surgir a raíz de la utilización de la metabonomía en una base de múltiples sitios. La reproducibilidad analítica RMN entre

sitios reveló un alto grado de resistencia que se esperaba; las mismas muestras se analizaron en el *Imperial College* y en varias localidades de las compañías. Estos análisis suministraron un coeficiente de regresión multivariado entre las muestras acopladas de aproximadamente 1,6% [76]. Adicionalmente, se avaluó la variabilidad biológica por medio de una comparación detallada de la habilidad de las empresas para proporcionar muestras consistentes de orina y suero, con el fin de llevar a cabo un estudio en vida de la misma toxina, con todas las muestras que se midieron en el *Imperial College*. Se detectó un alto grado de consistencia entre las muestras de las distintas entidades y se logró distinguir los efectos relacionados con la dosis de la variación entre sitios.

Con el fin de alcanzar los objetivos del proyecto, se crearon nuevas metodologías para analizar y clasificar los complejos datos. Por ejemplo, desde que el sistema experto predictivo toma en cuenta la trayectoria metabólica a lo largo del tiempo (ver la sección 1.4), se produjo una nueva manera de comparar y medir las trayectorias multivariadas (denominada SMART) [77]. Por otro lado, ha surgido un novedoso método para la identificación del tipo de toxicidad que se basa en todos los datos de RMN; el cual se ha denominado “Clasificación de Elementos No Identificados mediante Superposición Densidad (CLOUDS)”. Este método es una práctica no neuronal de la técnica de clasificación creada a partir de redes neuronales probabilísticas [78].

Este consorcio demostró que es posible elaborar modelos de toxicidad predictivos e informativos mediante datos metabólicos basados en la RMN, al delinear todo el transcurso de tiempo de la toxicidad. El éxito lo comprueban las bases de datos de los espectros y por los resultados convencionales de una extensa variedad de modelos de toxina (147 en total) que han funcionado como base para los sistemas expertos informáticos para la predicción de la toxicidad. Se han alcanzado los objetivos del proyecto para generar amplias bases de datos metabonómicas (aproximadamente 35, 000 espectros hasta el momento) así como los

exitosos modelos de estadística multivariada (sistemas expertos) para la predicción de la toxicidad, inicialmente la toxicidad del hígado y del riñón en la rata y el ratón. Los sistemas predictivos y las bases de datos se han transferido a las empresas patrocinadoras [79]. Además, Se publicaron interesantes diferencias entre especies (rata y ratón) en la toxicidad de un compuesto [80]. El nuevo proyecto COMET-2 ya comenzó a operar con el fin de mejorar la comprensión de los mecanismos bioquímicos de la toxicidad, los cuales son fundamentales para el desarrollo farmacéutico.

### *1.10.3. Diagnóstico de enfermedad y efectividad terapéutica*

En la bibliografía existente sobre la elaboración de perfiles metabólicos que se basan en la RMN para contribuir al diagnóstico de enfermedades humanas se hallan muchos ejemplos tales como el uso del plasma para estudiar la diabetes, líquido cefalorraquídeo (LCR) para investigar acerca del Alzheimer, el fluido sinovial para el caso de la osteoartritis, el fluido seminal para tratar la infertilidad masculina, y la orina para la indagación con respecto a la sobredosis, el trasplante renal entre otras enfermedades de esta índole. Un alentador uso de la espectroscopía de RMN de la orina y el plasma, según publicaciones del tema, tiene que ver con los errores congénitos en el metabolismo de los niños [81]; el capítulo 14 discute este tema con mayor profundidad. Se han revisado la mayoría de los estudios previos que utilizaban espectroscopía de RMN [37]. El capítulo 10 informa sobre el creciente empleo de la matabonómica en estudios de I+D en farmacología clínica.

Recientemente se ha empleado el análisis de muestras de LCR que utiliza espectroscopía de RMN para distinguir los sujetos de control de aquellos con meningitis y también se han diferenciado los distintos tipos de infecciones (bacterianas, víricas y fúngicas) [82]. En otro estudio, el análisis de LCR sirvió para investigar la hemorragia

subaracnoidea por aneurisma (HSA) y mostró que los perfiles metabólicos derivados de la espectroscopía de RMN tienen correlación con el vasoespasmo y el resultado clínico [83].

Es posible analizar los mismos tejidos con la técnica del giro al ángulo mágico; algunos de los ejemplos publicados incluyen el cáncer de próstata [84], el carcinoma de células renales [85], el cáncer de mama [86], y varios tumores cerebrales [52, 87] como se muestra en el capítulo 13. Mediante espectroscopía RMN-MAS del tejido cardíaco se han investigado muchos modelos de ratón sobre la enfermedad cardíaca, incluyendo la distrofia muscular de Duchenne o distrofia muscular progresiva (DMD), arritmia cardíaca e hipertrofia cardíaca [88]. Se declaró que, aunque la cepa de ratón es un componente primordial del fenotipo de ratón, fue posible descubrir perfiles subyacentes característicos de cada anomalía.

Gracias a los estudios sobre los fluidos biológicos que se han realizado mediante metabonomía basada en la RMN se está progresando en el ámbito del cáncer. Una publicación sobre el diagnóstico del cáncer ovárico epitelial apoyado en un análisis del suero resalta este hecho [89].

La metabonomía que hace uso de la espectroscopía de RMN se ha empleado para desarrollar un método de diagnóstico no invasivo de la artereopatía coronaria a través del análisis de una muestra de suero sanguíneo [90]. Conforme a la angiografía, los pacientes se clasificaron en dos grupos, los que tienen arterias coronarias normales y los que padecen de la enfermedad vascular triple. Cerca del 80% de los espectros de RMN se usaron como conjunto de entrenamiento para suministrar un modelo de dos tipos después de que se aplicaran las técnicas de filtración de datos y que las muestras de los dos tipos se diferenciaron con facilidad. El 20% de las demás muestras se aprovecharon como conjunto de prueba y el tipo se predijo posteriormente con base en el modelo derivado con una sensibilidad del 92% y una especificidad del 93%. También fue factible diagnosticar la

severidad de la enfermedad que estaba presente al disponer de muestras de suero extraídas de los pacientes con estenosis de una, dos o tres de las arterias coronarias. Pese a que este es un indicador simplista acerca de la severidad de la enfermedad, la separación de estas tres clases de muestras fue evidente aun cuando ninguno de los factores de riesgo clínico habituales que habían sido medidos fue significativamente distinto entre las clases.

#### *1.10.4. Farmacometabonómica*

Uno de los objetivos a largo plazo de las perspectivas farmacogenómicas consiste en entender la composición genética de diferentes personas (los polimorfismos genéticos) y las distintas habilidades de manipular productos farmacéuticos para identificar los efectos deseables y adversos. Si la atención médica personalizada llega a ser realidad, los tratamientos farmacológicos de cada persona se tienen que adaptar se manera que se alcance la eficacia máxima y se eviten las reacciones adversas al medicamento. Más recientemente se ha elaborado un enfoque alternativo para entender la variabilidad intrasujeto en respuesta al tratamiento farmacológico mediante el acoplamiento de perfiles metabólicos multivariados y quimiometría para predecir el metabolismo y la toxicidad de una sustancia dosificada, basándose exclusivamente en el análisis y el modelado de un perfil metabólico previo a la dosis [91]. A diferencia de la farmacogenómica, esta técnica que se ha denominado “farmacometabonómica” es sensible a las influencias ambientales tanto genéticas como modificantes que determinan las huellas dactilares metabólicas basales de una persona, ya que estas también tendrán influencia en el resultado de la intervención química. Esta nueva técnica ha sido demostrada con estudios sobre la toxicidad y el metabolismo de compuestos con modos de acción muy distintos, alcohol alílico, galactosamina y acetaminofén (paracetamol) administrado en ratas.

#### *1.10.5. Otras aplicaciones*

Se dispone de una amplia variedad de actuales y emergentes aplicaciones de la metabolómica. Entre estas utilidades se incluye el estudio de los extractos tisulares y de los fluidos biológicos de seres invertebrados; dichos fluidos biológicos actúan como controladores de la toxicidad ambiental. En el capítulo 18 se detallan estos aprovechamientos y también se brindan ejemplos sobre la utilidad de los fluidos biológicos de roedores silvestres que fueron capturados en sitios de tierras contaminadas.

La botánica se ha estudiado durante años mediante la metabolómica empleando principalmente técnicas de GC-MS. Este campo de aplicación se trata en el capítulo 16.

El capítulo 2 expone un estudio importante sobre las funciones de los cambios en la expresión genética que se relacionan para alterar el proceso bioquímico (genómica funcional) que se ha observado en muchos estudios en organismos modelo como la levadura.

Por último, la disponibilidad de las grandes cohortes de las muestras de los fluidos biológicos provenientes de estudios epidemiológicos ha permitido las investigaciones metabonómicas sobre diferencias en el metabolismo de distintas poblaciones en todo el mundo. El capítulo 11 describe este tema.

#### **1.11. Observaciones finales**

La metabonómica y la metabolómica basada en la RMN y la MS son actualmente técnicas muy reconocidas en la evaluación de consecuencias bioquímicas de la acción de los fármacos. Por consiguiente, muchas compañías farmacéuticas han adoptado estas técnicas en los protocolos de elaboración de medicamentos. Para los estudios sobre la seguridad de los fármacos, es posible identificar el órgano diana de la toxicidad, derivar el mecanismo bioquímico de la toxicidad y determinar el acoplamiento de biomarcadores

bioquímicos al comienzo, progreso y regresión de la lesión. Además, las técnicas han demostrado ser capaces de proporcionar una huella dactilar metabólica de un organismo (“metabotipificación”) como un complemento a la genómica funcional y, por lo tanto, tienen aplicaciones en los ensayos clínicos de los medicamentos y en la evaluación de los animales modificados genéticamente como modelos de enfermedad.

Mediante tales técnicas, ha sido viable obtener nuevos ensayos con respecto a la bioquímica para el diagnóstico de enfermedades y la identificación del acoplamiento de biomarcadores de enfermedad, los cuales pueden emplearse posteriormente en el control de la eficacia de los medicamentos en ensayos clínicos. De este modo, según las diferencias observadas en las bases de datos metabonómicas de los animales de control y los modelos de enfermedad en animales, los métodos de diagnóstico y el acoplamiento de biomarcadores se podrían deducir en un entorno preclínico. De igual manera, la utilización de las bases de datos para obtener sistemas expertos predictivos para el diagnóstico de enfermedades humanas y los efectos de la terapia se requiere de recopilaciones tanto de humanos sanos como de pacientes antes, durante y después de la terapia.

En resumen, es evidente que la metabonómica tendrá un efecto en la farmacéutica I+D. La figura 1.6 recapitula un análisis de alcance sobre las fortalezas, debilidades, oportunidades y amenazas de la disciplina.

Los procedimientos analíticos empleados son estables y robustos y poseen un alto grado de reproductividad; pese a que obviamente habrá avances, la información actual siempre será leída e interpretada. En contraste con otras ciencias –ómicas, la metabonómica mantiene un buen nivel de reproductividad biológica y el costo por muestra y por analito es bajo. La metabonómica cuenta con la ventaja de que no tiene que preseleccionar analitos; mediante fluidos biológicos es mínimamente invasiva, lo que facilita los estudios que generan hipótesis al respecto. Los biomarcadores metabólicos se identifican de cerca con los

marcadores biológicos reales y proporcionan sistemas completos sobre la interpretación de efectos biológicos, incluidas las interacciones entre múltiples genomas como las que ocurren en la microflora intestinal de los humanos. Una potencial fortaleza de la metabonomía consiste en la posibilidad de que los biomarcadores metabólicos se empleen con más facilidad que los biomarcadores transcriptómicos o los proteómicos lo cual es un dato importante para los estudios farmacológicos.

<b>Fortalezas</b>	<b>Debilidades</b>
Plataformas analíticas sólidas y robustas	Múltiples plataformas analíticas
Excelente reproductividad analítica/biológica	Sensibilidad analítica
No preselección de analitos	Rango dinámico analítico
Mínimamente invasiva	Complejidad de conjuntos de datos
Posibilidad de estudios exploratorios	Posible sobreajuste de datos
Marcadores biológicos reales	Sin estandarización actual de métodos
Integración de un sistema completo	Necesidad de capacitación del organismo
Multigenómica	regulador
Biomarcadores entre especies	Alto costo de capital
Bajo costo por muestra/analito	

<b>Oportunidades</b>	<b>Amenazas</b>
Uso de especies de marcadores en estudios ambientales	Escepticismo de los estudios sin hipotétesis
Mucha experiencia por estudios sobre sistemas de los mamíferos (p.ej. las vías)	Conservadurismo (un analito significativo por enfoque de prueba)
Posibilidad de integración de multi-ómicas	Desventajas del enfoque de laboratorio central
Beneficios de un enfoque de laboratorio central	
Diagnóstico basado en la web.	

Figura 1.6. Fortalezas, debilidades, oportunidades, y amenazas (análisis de alcance) de la metabonómica

Además, la metabonómica sufre debido al uso de múltiples tecnologías analíticas; existen inquietudes sobre la sensibilidad y el rango dinámico de las tecnologías empleadas y los datos son complejos. Mediante la quimiometría es posible que los datos sean sobreinterpretados; sin embargo, esto es fácil de evitar a través de un rigor estadístico adecuado. En la actualidad, los grupos que emplean la metabonómica han avanzado en la normalización de datos y operaciones. No obstante, sigue siendo necesario capacitar a los organismos reguladores en la interpretación de datos para contar con más profesionales preparados.

Existe un conservadurismo inherente al que le gustaría utilizar un único biomarcador o analito para cada prueba diagnóstica. Sin embargo, la complejidad sobre los efectos de las

enfermedades y de los fármacos significa que las uniones de biomarcadores serán más comunes; por lo tanto, habrá muchas oportunidades para la metabonómica que hasta la fecha han sido poco exploradas con respecto al uso de la metabonómica en estudios sobre la toxicidad ambiental, en controlar la duración de los experimentos en transcriptómica y proteómica y en la obtención de biomarcadores teranósticos. Indudablemente, esto será una parte integral de cualquier estudio sobre las multi -ómicas en donde todos los datos se acoplan para conseguir un óptimo conjunto de biomarcadores.

El objetivo de la biología de sistemas consiste en la integración de datos adquiridos de los organismos vivos en los niveles genómicos de las proteínas y los metabolitos. En este sentido, la transcriptómica, la proteómica y la metabonómica cumplen con una función importante. Mediante la unión de estas ciencias y de las técnicas relacionadas, se logrará la comprensión de la biología total de un organismo y con esto, un mejor entendimiento de las causas y progreso de las enfermedades de los humanos. Debido al propósito del siglo XXI por alcanzar una atención médica personalizada, también se logrará un diseño mejorado y el desarrollo de nuevos y mejores medicamentos focalizados.

## Capítulo 6

### Técnicas quimiométricas para la metabonómica

Johan Trygg<sup>1</sup> y Torbjörn Lundstedt<sup>2, 3</sup>

<sup>1</sup>Grupo de investigación en quimiometría, Instituto de química, Universidad de Umeå, Suecia

<sup>2</sup>Departamento de química farmacéutica, Universidad de Upsala, Suecia

<sup>3</sup>Accure Pharma, Upsala, Suecia

#### 6.1. Introducción

En biología, así como en otras ramas de la ciencia y de la tecnología, hay una tendencia constante hacia la utilización de más variables (propiedades) para caracterizar observaciones (p.ej. muestras, experimentos, puntos de tiempo). Con frecuencia estas medidas se pueden organizar dentro de una tabla de datos, donde cada fila constituye una observación y las columnas representan las variables o factores que se han medido (p.ej. las intensidades en una longitud de onda específica, relación masa carga, desplazamiento químico de RMN). Este desarrollo genera cada vez más tablas de datos complejos, las cuales son difíciles de resumir y repasar sin las herramientas adecuadas. Por consiguiente, en este capítulo se guía al lector a través de una técnica quimiométrica para la extracción de información a partir de los datos.

La quimiometría es un campo establecido en el análisis de los datos [1-3] la cual ha demostrado su valor en el análisis de los datos -ómicos en muchas aplicaciones [4-10]. Esta técnica incluye métodos eficientes y robustos para la elaboración y análisis de tablas de datos químico/biológicas complicadas que producen modelos interpretables y confiables capaces de abordar estructuras de datos incompletos, ruidosos, y colineales. Estos métodos incluyen el análisis del

componente principal (ACP) [11] y mínimos cuadrados parciales (MCP) [12-15]. La quimiometría también proporciona una forma de recopilar información relevante por medio de un diseño experimental estadístico [16,18]. Por lo tanto, la quimiometría también se puede definir como la información sobre aspectos de sistemas biológicos y químicos complejos.

La quimiometría se ha consolidado como un procedimiento de análisis en áreas como la calibración multivariada [19,20], modelos de la relación cuantitativa estructura actividad [21,22], reconocimiento de patrones [23-25] y el proceso de monitoreo y control de la estadística multivariada [26-28]. Pese a que parecieran ser distintas disciplinas, el común denominador in estas áreas de aplicación es que generan tablas de datos de alta complejidad las cuales se pueden analizar e interpretar con métodos quimiométricos. No obstante, en biología, la metodología quimiométrica se ha pasado por alto a favor de las estadísticas tradicionales. No fue sino hasta hace poco que la contundente complejidad de las tecnologías –ómicas condujo a adopción de métodos quimiométricos en biología.

Existen dos principales categorías de estudios metabonómicos:

1. Estudios sobre tipos específicos; por ejemplo, el diagnóstico de enfermedades o la clasificación toxicológica.
2. Estudios dinámicos tales como la progresión temporal de un tratamiento.

El tema común es que el diseño de experimentos (DDE) se emplea en conjunto con el análisis multivariado (AMV). Más adelante se proporcionará una breve introducción de la técnica quimiométrica, el DDE y AMV se ilustrarán con un ejemplo.

### *6.1.1. Hacer que los datos contengan información- diseño de experimentos*

La metabonómica es demanda más en cuanto a la calidad, exactitud y riqueza de la información en los datos. Se recomienda emplear el DDE [16,17] durante todo el proceso, desde definir el objetivo del estudio hasta la extracción final de la información.

El objetivo del diseño experimental es planear y realizar experimentos con el fin de obtener la máxima cantidad de información en el menor número de experimentos. El propósito de fondo consiste en preparar un pequeño conjunto de experimentos, en los cuales todos los factores pertinentes están diferenciados sistemáticamente. Dicho conjunto normalmente incluye de diez a veinte experimentos como máximo. Al adicionar experimentos, se pueden investigar factores a cabalidad; por ejemplo, el tiempo de dependencia de dos a cinco puntos de tiempo. Además, el tiempo de ruido es reducido por medio de la ponderación, el espacio funcional es esquematizado de manera eficiente, y se observan las interacciones y sinergias.

### *6.1.2. Extraer información de los datos- informe y clasificación*

En los estudios metabonómicos, las observaciones y las muestras suelen caracterizarse mediante modernos instrumentos tales como la cromatografía de gases acoplada a la espectrometría de masas (GC-MS), la cromatografía líquida acoplada a la espectrometría de masas (LC-MS) y la espectroscopía de resonancia magnética nuclear (RMN). La plataforma analítica es importante y está determinada

en gran medida por el sistema biológico de la pregunta científica. Los análisis multivariados que se basan en los métodos de proyección representan una gran cantidad de métodos eficaces y útiles para el análisis y la elaboración de estos datos complejos. El ACP [11] es el caballo de batalla en quimiometría. Mediante el ACP es posible obtener y mostrar la variación sistemática en los datos. Un modelo de ACP brinda un resumen o un informe de todas las observaciones o muestras en la tabla de datos. Adicionalmente, se pueden encontrar agrupaciones, tendencias y valores inesperados. Así pues, tales métodos basados en la proyección figuran como base firme para el análisis metabonómico. La correlación canónica [29], el análisis de correspondencia [30], las redes neuronales [31,32], el modelo bayesiano [33] y los modelos escondidos de Markov son algunos métodos de modelado que se encuentran fuera del alcance de este capítulo.

### *1.6.3. Investigación de las relaciones complicadas- discriminación y predicción*

Por lo general, Los estudios metabonómicos constituyen un conjunto de controles y muestras tratadas, incluido el conocimiento adicional de las muestras; por ejemplo, dosis, edad, género, y dieta. En estas situaciones es factible una centrada evaluación y análisis de los datos. Esto significa que en lugar de preguntar “¿qué se puede hallar?” primero se debería cuestionar “¿con qué se relaciona?” o “¿cuál es la diferencia entre ellos?”. Este nuevo entendimiento fija una tabla de datos adicional, lo que sería una matriz  $Y$ . Los MCP [14] y los MCP ortogonales [35-38] representan dos métodos de modelado para relacionar dos tablas de datos. La tabla de datos  $Y$

puede ser cuantitativa (p.ej. la edad, la dosis, la concentración) o bien cualitativa (p.ej. datos controlados/tratados).

## **6.2. Técnicas quimiométricas para estudios metabonómicos**

La filosofía subyacente de la quimiometría en conjunto con las herramientas quimiométricas se pueden aplicar con eficacia durante un estudio metabonómico. Esta filosofía es útil al iniciar un estudio (definir el objetivo) a través de todo el proceso de interpretación biológica. Esta estrategia se describe paso a paso a continuación.

### *6.2.1. Paso 1 Definición del objetivo*

Es oportuno formular los objetivos y las metas del estudio metabonómico.

- ¿Qué se sabe anticipadamente?
- ¿Qué información adicional se necesita conocer?
- ¿Cómo se podría alcanzar los objetivos? ¿Qué experimentos son necesarios y cómo llevarlos a cabo?

### *6.2.2. Paso 2 Diseño del estudio*

#### *6.2.2.1. Estudios específicos de clases*

El enfoque tradicional del diagnóstico metabonómico de enfermedades consiste en identificar un grupo de observaciones de control y otro grupo de

observaciones que se conocen por tener una enfermedad específica. Lo que no se tomó en consideración es que podría haber otras enfermedades o condiciones sin diagnosticar. Por tanto, en el modelado, el diagnóstico de enfermedades se puede referir a un problema de dos clases o de una clase.

**Problema de dos clases:** Las observaciones de enfermedad y control definen dos clases separadas.

**Problema de una clase:** únicamente las observaciones de la enfermedad definen una clase, las muestras de control son demasiado heterogéneas; por ejemplo, debido a otras variaciones causadas por enfermedades, género, edad, dieta, estilo de vida, genes, factores desconocidos, entre otros.

#### 6.2.2.2. Estudios dinámicos

Los estudios metabonómicos que incluyen la cuantificación de la respuesta metabólica dinámica se evalúan mejor conforme a un muestreo secuencial durante un lapso de tiempo apropiado. La evaluación de las muestras de los fluidos biológicos de los humanos se ve agravada por un alto grado de variación fisiológica normal debido a diferencias genéticas y de estilo de vida. El muestreo dinámico hace posible evaluar y manipular los diferentes tipos de variaciones tales como las diferencias individuales en la cinética metabólica, el ritmo circadiano, y los respondedores tanto rápidos como lentos.

### 6.2.3. Paso 2a – Selección de objetos

La selección de los objetos (p.ej personas, ratas o plantas) necesita abarcar el ámbito experimental de forma balanceada y sistemática. Para poder realizar esta selección, se debe caracterizar los objetos mediante los descriptores medidos y observados. Con frecuencia esto incluye establecer los criterios específicos de inclusión y exclusión para el estudio, tales como el rango de edad (p.ej. 18-45 años), el índice de masa corporal (p.ej. 20-30), los perfiles de química médica (p.ej. lípidos, glucosa), el género, y hábitos respecto al consumo de tabaco o drogas. Aparte de esos criterios, la información adicional con relación a cada objeto se obtiene a través de cuestionarios que incorporan factores sobre el estilo de vida, hábitos de alimentación y bebida, situaciones sociales, etc. Esta información adquirida representa un perfil multivariado (con descriptores  $K$ ) para cada objeto; es decir, una huella dactilar de sus propiedades inherentes.

Geoméricamente, el perfil multivariado reproduce un punto en el espacio dimensional  $K$ , cuya posición (coordenadas) en este espacio se la otorgan los valores en cada descriptor. En perfiles múltiples, es viable crear una tabla de datos dimensional, una matriz  $X$ , al amontonar cada perfil multivariado por encima de los demás. Las filas  $N$  posteriormente producen un enjambre de puntos en el espacio dimensional  $K$ . Ver figura 6.1.

### 6.2.3.1. Métodos basados en la proyección

La premisa inicial implícita de los métodos basados en la proyección es que el sistema o el proceso por considerar están impulsados por un pequeño número de variables latentes (VL) [39]. De este modo, los métodos basados en la proyección se pueden considerar una herramienta de análisis de datos, con base en la observación indirecta de estas VL. Este tipo de modelos son conceptualmente muy distintos a los de regresión tradicionales que contienen variables de predicción independientes. Estos modelos son capaces de controlar muchas variables predictoras incompletas y correlacionadas de una forma simple y directa, de ahí su uso generalizado.

*Johan Trygg y Torbjörn Lundstedt*

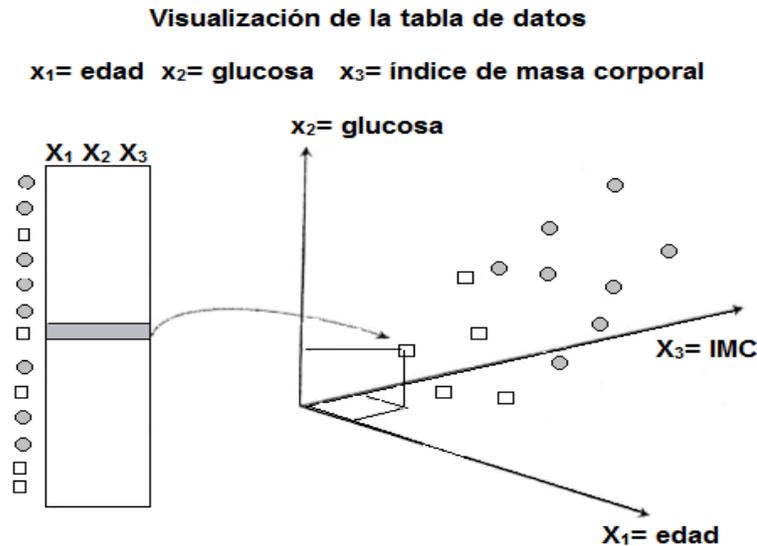


Figura 6.1. Cada fila (p.ej. objeto u observación) en una tabla de datos dimensional  $K$  (aquí  $K=3$  variables, designadas  $x_1, x_2, x_3$ ) se pueden representar como un punto en el espacio dimensional  $K$  (aquí un punto en un espacio tridimensional). Las coordenadas para cada objeto en este espacio multidimensional son proporcionadas por las tres variables; es decir por un perfil multivariado. Una tabla de datos con filas  $N$  corresponde a un enjambre de puntos. Los puntos que se encuentran cerca unos de otros muestran propiedades más similares que los puntos que yacen alejados.

Los métodos de proyección transforman la tabla de datos multidimensionales en un modelo de plano de bajas dimensiones que aproxima todas las filas (p.ej. objetos u observaciones) en  $X$ , representado por un enjambre de puntos. El primer modelo de componente ACP ( $t_1 p_1^T$ ) (Ver figura 6.2) describe la variación más grande en el enjambre de puntos. El segundo componente muestra la segunda variación mayor y así sucesivamente. Todos los componentes de ACP son linealmente ortogonales. Ver figura 6.2. Los puntajes ( $T$ ) demuestran un plano de bajas dimensiones que aproxima a  $X$ , lo que quiere decir al enjambre de puntos. Un diagrama de dispersión de los primeros dos vectores de puntuación ( $t_1$  y  $t_2$ ) resume todas las observaciones o muestras en la tabla de datos. Las agrupaciones, las tendencias y los valores inesperados se revelan. La posición de cada objeto en el modelo de plano para relacionar los objetos unos con otros. Por consiguiente, los objetos que se posicionan cerca unos de otros poseen un perfil multivariado similar, debido a los descriptores  $K$ . Por el contrario, los objetos que están alejados unos de otros muestran propiedades diferentes.

Con analogía en los puntajes, los vectores de carga ( $p_1, p_2$ ) definen la relación entre las variables medidas, es decir las columnas de la matriz  $X$ . Un diagrama de dispersión, también conocido como *el diagrama de carga*, exhibe la influencia (el peso) de las variables  $X$  individuales en el modelo. Un rasgo importante es que las direcciones en el diagrama de puntuación corresponden a las direcciones en el diagrama de carga; por ejemplo, para identificar cuáles variables (cargas) separan los distintos grupos de los objetos (los puntajes). Esto es una herramienta poderosa

para comprender los patrones subyacentes en los datos. Por tanto, los métodos basados en la proyección representan una base sólida para el análisis metabólico.

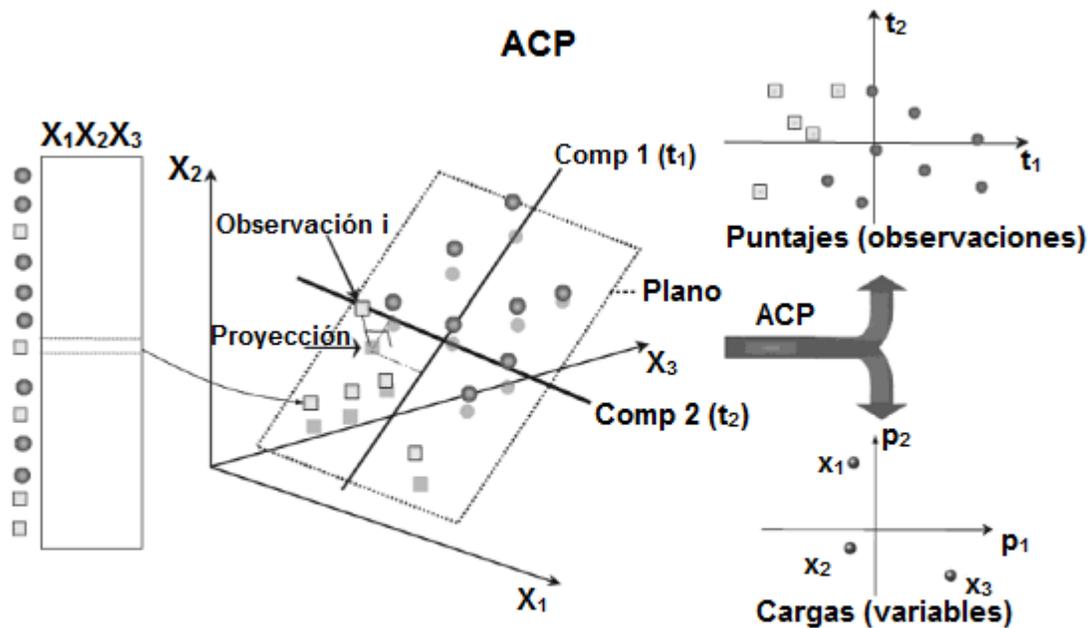


Figura 6.2. Un modelo de análisis del componente principal (ACP) se aproxima a la variación en la tabla de datos mediante un modelo de plano de bajas dimensiones. El modelo de plano representa una proyección bidimensional de los datos multidimensionales y proporciona un diagrama de puntajes, que visualiza la relación entre las observaciones o las muestras en la tabla de datos; por ejemplo, si existieran agrupaciones, tendencias o valores inesperados. El diagrama de las cargas describe la influencia de las variables y la relación entre ellas. Un importante distintivo es que las direcciones en el diagrama de los puntajes corresponden a las direcciones en el diagrama de cargas y viceversa.

La parte de  $X$  que este modelo no explica conforma los residuales ( $E$ ) y representa la distancia entre cada punto en el espacio  $K$  y la proyección en el plano. Los puntajes, las cargas y los residuales juntos describen toda la variación en  $X$ .

$$X = TP^T + E = t_1 p_1^T + t_2 p_2^T + E$$

### 6.2.3.2. Diseño multivariado

Conviene hacer hincapié en la necesidad y utilidad del diseño experimental en sistemas complejos porque esto crea un escenario controlado del ambiente a pesar de que la mayoría de la variación entre los diferentes objetos esté descontrolada. El diseño multivariado (DMV) [40,41] es una combinación de la caracterización multivariada (CMV) [42-44], del análisis del componente principal (ACP) y del diseño de experimentos (DDE) para seleccionar un conjunto diverso de objetos que representen todos los objetos; es decir, que abarque la variación. Existen muchos diseños experimentales que se pueden aplicar para cubrir la variación de forma sistemática y obtener datos bien balanceados. Los que se utilizan más comúnmente son los diseños factoriales [17] y el diseño D-óptimo [45] que cumplen los criterios de los datos balanceados y la ortogonalidad. En el DMV, los puntajes en el modelo del componente principal; por ejemplo,  $t_1$  y  $t_2$  sirven para seleccionar los objetos. Ver figura 6.3. La selección se basa en la diversidad entre los objetos.

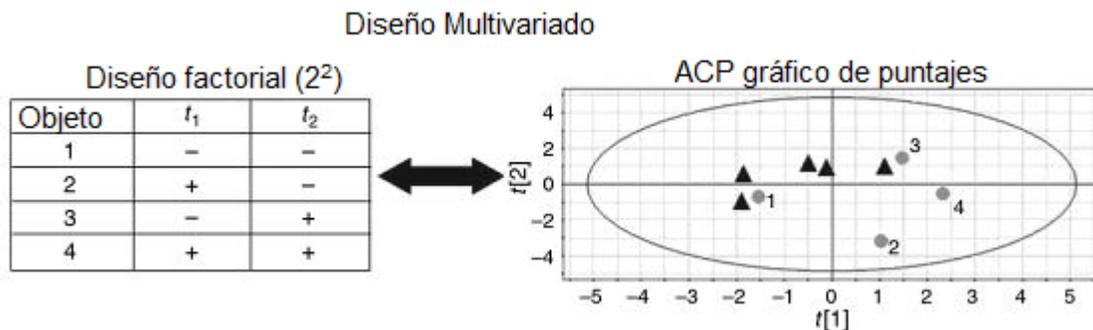


Figura 6.3. Cuatro objetos (círculos) fueron seleccionados con base en un diseño multivariado que incluye la variación modelada.

#### *6.2.4. Paso 2b muestreo dinámico*

Los procesos biológicos son dinámicos por naturaleza, lo que significa que ocurre una progresión temporal. Algunos problemas son ocasionados por los respondedores rápidos y lentos después de una intervención o un tratamiento. Por esta razón, el diseño de estudio se presenta como muestras secuenciales durante un transcurso de tiempo apropiado para capturar trayectorias individuales. El periodo de muestreo o el intervalo se basa en el lapso conocido del efecto esperado. En otras palabras, el diseño de experimentos se emplea para maximizar la información y aumentar las posibilidades de obtención de todas las variaciones de respuestas posibles. Esto permite la flexibilidad en el análisis subsecuente y una evaluación imparcial del perfil cinético de cada persona. Además, esto implica que el control asumido (antes de la dosis) y el enfoque de modelado tratado no es el mejor, ya que falla al no tomar en cuenta la dinámica de la persona, como los respondedores rápidos y lentos. Además, para los estudios de la dinámica no existe el grupo de control tradicional, sino que cada persona (u objeto) es en sí su propio control de referencia.

#### *6.2.5. Paso 3 Preparación y caracterización de la muestra*

En metabonomía es importante mantener la variación biológica y experimental al mínimo. Al mismo tiempo, el análisis metabólico debe ser general, cuantitativo, robusto, reproducible, preciso e interpretable. Por otro lado, la diversidad físico-química de los metabolitos (aminoácidos, ácidos grasos, carbohidratos y ácidos orgánicos) plantea problemas para la extracción y elaboración de

procedimientos con distintas técnicas de análisis. Por consiguiente, el diseño de experimentos simboliza una estrategia esencial para investigar factores de manera sistemática y perfeccionar los protocolos experimentales. Los procedimientos de elaboración tradicionales para la extracción de tejidos y fluidos biológicos mediante espectroscopía de RMN se encuentran en el anexo 4, en el documento sobre la política de las SMRS [46]. Para GC-MS, ver Referencias [4,5].

#### *6.2.6. Paso 4 Evaluación de los datos recopilados*

En contraste con el espectro  $^1\text{H}$  NMR, los datos recopilados mediante instrumentos como GC-MS, LC-MS y UPLC-RMN tienen que ser procesados de forma extensa antes del análisis multivariado. El motivo se debe a la naturaleza bidimensional (p.ej. cromatograma/ espectros de masas) de los datos en cada muestra. Los métodos de la resolución de la curva o deconvolución se aplican principalmente para el procesamiento de datos [47-50] que resulta en un perfil multivariado para cada muestra. Puesto que una variable en una tabla de datos debe definir la misma propiedad en todas las muestras, la variabilidad en los picos de cambio de RMN también provocan dificultades en los modelos estadísticos. Debido a esto, se han desarrollado diferentes métodos de alineación de picos [51,52]. Comúnmente, los métodos de alineación se apoyan en un perfil principal o de referencia.

Los métodos basados en la proyección son sensibles al escalado de las variables. El escalado de las variables cambia la longitud de cada eje en el espacio dimensional  $K$ . El objetivo primordial del escalado es reducir el ruido en el modelo y

de este modo mejorar el contenido y la calidad de la información. El centrado de las columnas, en la cual la trayectoria media se elimina de los datos es seguida ya sea de no escalado o escalado de Pareto de las variables. El escalado de Pareto se recomienda para los datos metabonómicos y se lleva a cabo al dividir cada variable por la raíz cuadrada de la desviación estándar.

El análisis del componente principal se emplea para obtener un panorama de los perfiles multivariados. El análisis del gráfico de dispersión de los dos primeros vectores de puntuación ( $t_1$  y  $t_2$ ) revela la homogeneidad de los datos, en cualquier agrupación, en los valores inesperados y en las tendencias. Los marcados valores inesperados se encuentran como puntos de desvío en el gráfico de dispersión. La región  $T_2$  del modelo *Hotelling* que aparece como una elipse en la figura 6.4. (izquierda), delimita el 95% del intervalo de confianza de la variación modelada [53]. Los valores inesperados también se podrían detectar en el modelo de residuales: la distancia hacia el gráfico modelo [3] (DModX) se puede utilizar y es una prueba estadística para descubrir valores inesperados basados en el modelo de varianza residual, ver figura 6.4. (derecha).

Mediante el gráfico de contribución se pueden examinar e interpretar interesantes observaciones individuales tales como los valores inesperados [54]. El gráfico muestra la diferencia de medias ponderadas entre la observación y el centro del modelo. Por lo tanto, se puede identificar lo que es único (desviación) en una observación comparada con la "normalidad". Asimismo, el gráfico de contribución también se puede usar para comparar distintas observaciones.

En el gráfico de puntajes, figura 6.5., se visualizan dos agrupaciones (cuadros y círculos). Al inspeccionar el gráfico de dispersión de los dos primeros vectores de carga ( $p_1$  y  $p_2$ ) se evidencian las relaciones entre las variables.

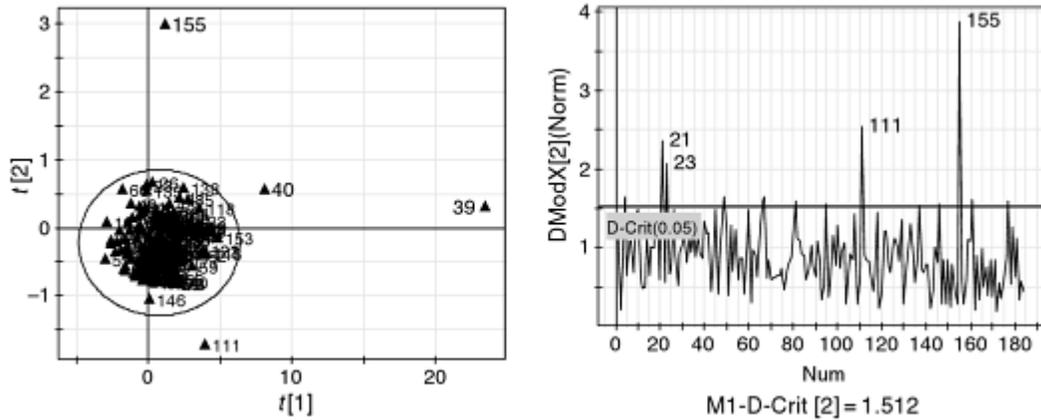


Figura 6.4. En el gráfico de puntajes (izquierda), el modelo se define mediante la elipse  $T^2$  de Hotelling (95% intervalo de confianza) y las observaciones que quedan por fuera del elipse de confianza se consideran valores inesperados. Los valores inesperados también se podrían detectar por medio de la distancia al modelo del parámetro,  $DModX$ , el cual se basa en el modelo de los residuales (derecha).

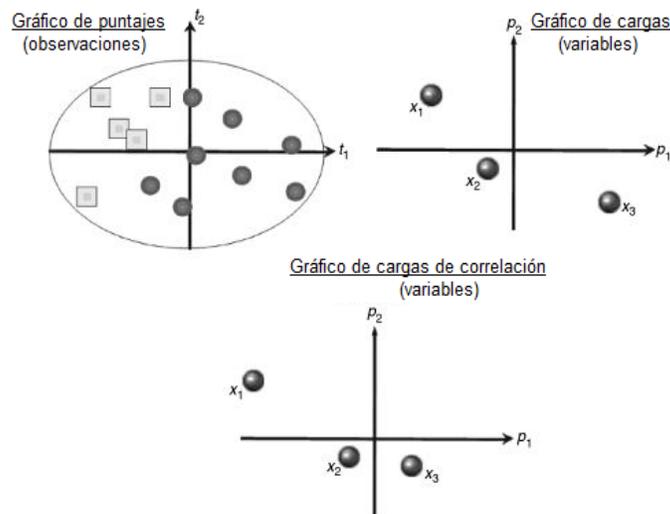


Figura 6.5. El gráfico de puntajes, el gráfico de cargas y el gráfico de cargas de correlación se muestran para los dos primeros componentes del modelo. El gráfico de puntajes exhibe un vistazo de la relación entre las observaciones (p.ej. las muestras). El gráfico de cargas presenta la covariación entre cada variable individual y los componentes de puntaje. El gráfico de cargas de correlación expone la correlación entre cada variable y los componentes de puntaje.

Además, las direcciones en el gráfico de puntajes corresponden a las direcciones en el gráfico de cargas. Esto proporciona la habilidad de interpretar la forma en que las variables se relacionan con un patrón o con las observaciones que resultaron del gráfico de puntajes. Esto es una poderosa herramienta para entender las estructuras subyacentes en los datos.

En la figura 6.5. el gráfico de cargas evidencia que la variable  $x_1$  es covariante positiva al grupo señalado con cuadros, y covariante negativa al grupo indicado con círculos azules. Por el contrario, la variante  $x_3$  es covariante positiva del grupo con círculos y covariante negativa del grupo marcado con cuadros. Un gráfico complementario al gráfico de cargas es el gráfico de cargas de correlación en la figura 6.5. el cual detalla la correlación de cada variable con los componentes de puntaje en el modelo. El gráfico de cargas de correlación no depende del tamaño o de la escala de la variable al contrario del gráfico de cargas que exhibe la covariación.

El gráfico de cargas en la figura 6.5. presenta que tanto la variable  $x_1$  como la variable  $x_3$  poseen una distancia parecida partiendo del origen. Sin embargo, en el gráfico de cargas de correlación la variable  $x_1$  cuenta con una correlación más fuerte que la de la variable  $x_3$ . Esto significa que la variable  $x_1$  no solo tiene una covariación fuerte (proporcionada por el gráfico de cargas) sino que también posee una correlación fuerte (concedida por el gráfico de cargas de correlación) con los dos primeros componentes de puntaje del modelo, en comparación con la variable  $x_3$ .

En contraste con el gráfico de cargas, el gráfico de cargas de correlación es de escala independiente. El conocimiento previo adquirido en el Paso 2 (Diseño de estudio) hace posible separar las observaciones en al menos dos clases. Por ejemplo, las observaciones diagnosticadas con enfermedad versus las observaciones sin enfermedad. No obstante, el conocimiento de los distintos tipos de variaciones en los datos recopilados se puede manejar ya sea de forma separada o en conjunto.

#### *6.2.7. Modelado suave independiente de analogía de clases*

El método de modelado suave independiente de analogía de clases (SIMCA) [25] es un método de clasificación supervisada basado en el ACP. El objetivo consiste en crear un modelo de ACP separado para cada clase de observaciones conocida. Estos modelos de ACP son empleados posteriormente para asignar la clase perteneciente a las observaciones de origen de clase desconocida mediante la predicción de estas observaciones dentro de cada modelo de clase de APC donde los límites han sido definidos por el 95% del intervalo de confianza. Las observaciones que son escasamente predichas por el modelo de clase de ACP, que por lo tanto contienen grandes residuales, se clasifican por encontrarse fuera del modelo de ACP y no pertenecen a la clase.

Un modelo SIMCA, como el que se muestra en la figura 6.6. (izquierda), ilustra solamente una clase de observaciones con una marcada homogeneidad y está bien modelado por el ACP. Se han pronosticado nuevas observaciones en cada modelo, y

se han asignado como pertenecientes a algunas de las clases, a ninguna de las clases, o a ambas clases.

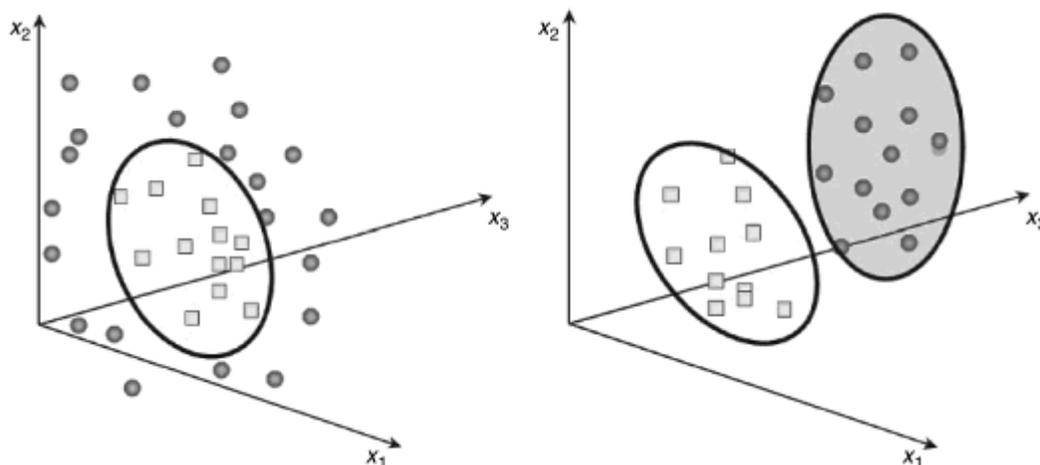


Figura 6.6. Ilustración de la clasificación SIMCA. En la figura de la izquierda, se muestra un clasificador de una sola clase, que se conoce como el proceso asimétrico. En la figura de la derecha, la clasificación SIMCA se manifiesta con dos clases, modeladas por separado por medio del ACP.

#### 6.2.8. Método de mínimos cuadrados parciales (MCP) mediante proyecciones a estructuras latentes

El método de MCP [12-15] suele emplearse al buscar una relación cuantitativa entre dos tablas de datos  $X$  y  $Y$  en una matriz,  $X$ , usualmente constituye datos espectrales o cromatográficos de un conjunto de muestras de calibración, y otra matriz,  $Y$ , que consta de valores cuantitativos; por ejemplo, las concentraciones de metabolitos endógenos (figura 6.7.) Los MCP también se pueden emplear en un análisis discriminante, lo que corresponde a MCP-AD. Entonces la matriz  $Y$  contiene valores cualitativos como la clase de pertenencia, el género, y el tratamiento de las muestras. El modelo de MCP se puede expresar de la siguiente manera:

**Modelo de X:  $X=TP^T + E$**

**Modelo de Y:  $Y= TC^T + F$**

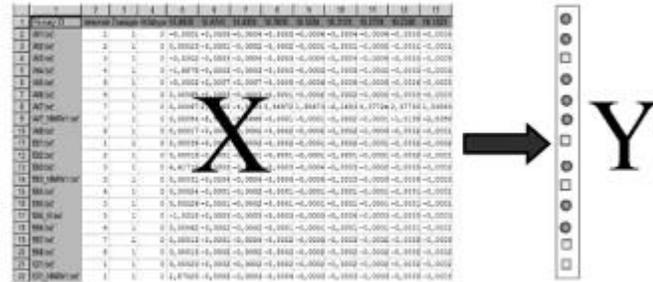


Figura 6.7. La información de clases también se podría utilizar para crear una matriz adicional, de aquí en adelante denominada la matriz Y, que consiste de una discreta variable ficticia donde [1]/[0] indica la clase de pertenencia.

Los modelos de MCP se ven perjudicados por la variación sistemática en la matriz X la cual no tiene relación con la matriz Y; es decir, ninguna parte de la estructura de correlación conjunta entre X y Y. Esto nos conduce hacia algunos escollos respecto a la interpretación y tiene serias implicaciones en la selección de los biomarcadores de los metabolitos; por ejemplo, los patrones de correlación positivos se podrían interpretar como inapreciables o incluso negativos.

**6.2.9. EL método de MCP ortogonales**

El método de MCPO [35] es una modificación reciente al método de MCP [14]. El objetivo principal del MCPO consiste en separar la variación sistemática de X en dos partes, una que se relacione se forme lineal con Y y otra que no tenga ninguna relación con Y (ortogonal). Esta división de los datos X facilita el modelo de

interpretación y el modelo de ejecución en muestras nuevas [35]. Un modelo de MCPO comprende dos variaciones modeladas, los componentes Y-predictivos ( $T_p P^T_p$ ) y los Y-ortogonales ( $T_o P^T_o$ ). Únicamente la variación Y-predictiva se emplea para el modelado de Y ( $T_p C^T_p$ ).

$$\text{Modelo de X: } X = T_p P^T_p + T_o P^T_o + E$$

$$\text{Modelo de Y: } Y = T_p C^T_p + F$$

E y F son las matrices residuales de X y Y respectivamente. Los MCPO pueden, al igual que MCP-AD, ser usados para la discriminación (MCPO-AD), ver por ejemplo, Referencia [55]. En la figura 6.8. expone cómo el conocimiento adicional, la matriz Y (p.ej. el género), se emplea en el modelado para la identificar direcciones en el modelo X que relacionen X con Y.

**Ejemplo de estudio:** Un estudio sobre suplemento alimenticio con muestreo dinámico.

### **Paso 1 Definición del objetivo**

Investigar los efectos de un suplemento alimenticio en los humanos por medio de metabonómica basada en RMN en muestras de plasma.

### **Paso 2 Diseño de estudio**

Los potenciales objetos de estudio se proyectaron dos semanas antes de iniciar el estudio con numerosos criterios de inclusión y exclusión (p.ej.género, IMC, edad, química clínica) y un cuestionario para suministrar información más detallada acerca de los hábitos. La información fue recopilada como un perfil multivariado de

cada persona. Un ACP se realizó con los datos recogidos, seguidos de un diseño experimental para seleccionar un diverso conjunto de objetos. Se eligieron cuatro objetos, de acuerdo con un diseño multivariado; ver figura 6.3., para un análisis más profundo de unos cuantos metabolitos engógenos en específico.

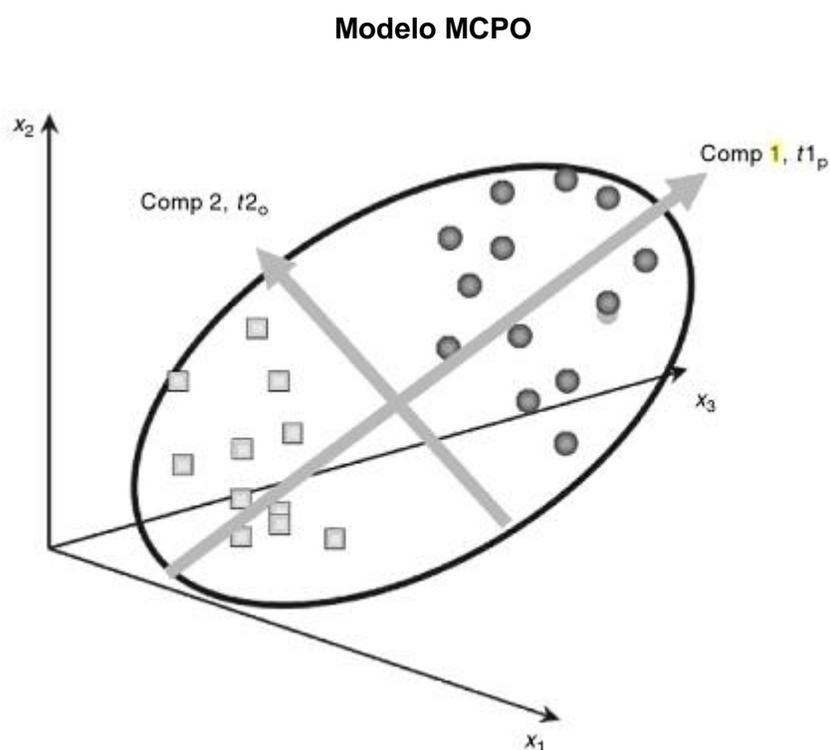


Figura 6.8. Una ilustración geométrica del modelo MCPO. El componente 1 ( $t_{1p}$ ) es el componente predictivo que presenta la variación de las muestras entre clases ([círculos], [cuadros]). El perfil de carga correspondiente sirve en la identificación de variables importantes para la separación de clases. El componente 2 ( $t_{2o}$ ) es el componente ortogonal Y que modela la variación dentro del grupo (intraclase).

Un diseño de estudio dinámico fue dispuesto para todos los objetos en el cual se extrajo una muestra de sangre en cada visita y se preparó el plasma, ver figura 6.9.

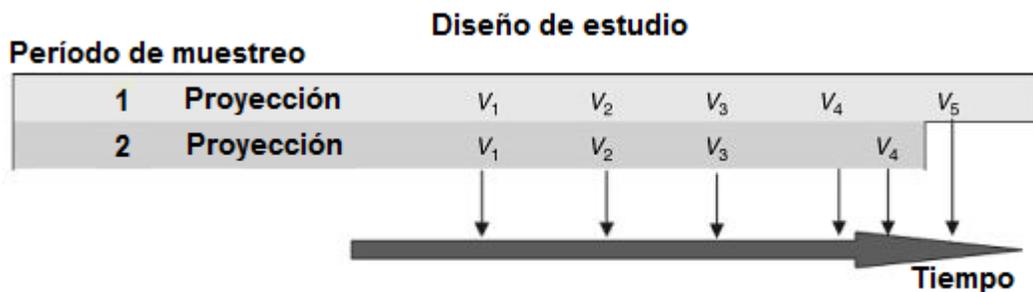


Figura 6.9. Se establecieron cuatro o cinco tiempos de muestreo para los dos distintos periodos de muestreo. El muestreo dinámico aumenta la detección del efecto y de las diferencias de metabocinética en cuanto a los objetos; por ejemplo, las provenientes de los respondedores rápidos y lentos.

### **Paso 3 La preparación y caracterización de la muestra**

La elaboración y preparación de la muestra se hicieron de acuerdo con el procedimiento operativo estándar (POE), ver referencias [4,5, 46].

### **Paso 4 Evaluación de los datos recopilados**

Previo a todo modelado, el centrado de las columnas se aplicó a los datos espectrales de RMN. Seguidamente, se calculó un modelo de ACP para obtener un panorama de los datos. El gráfico de puntajes presenta un resumen de todas las muestras lo que claramente distingue los dos diferentes periodos de muestreo  $t_1$  y  $t_2$ , ver figura 6.10.

El gráfico de cargas correspondiente ( $p_1$  y  $p_2$ ) indicó que se suscitó un problema con la alineación del pico entre los dos periodos de muestreo. Un gráfico de líneas de todos los espectros de RMN confirma que ciertamente ese era el caso. Además del problema con la alineación, existen notables diferencias de amplitud, ver

figura 6.11. Los métodos de alineación se pueden utilizar para corregir los cambios químicos diferenciales observados. En este caso, se dispuso de un método de alineación de covarianza.

Siguiendo la alineación, un nuevo modelo de ACP mostró que aún había una separación entre cada uno de los periodos de muestreo, aunque con menor interferencia. Al substraer la proyección del espectro de RMN de cada persona se podría reducir las diferencias de amplitud entre los periodos de muestreo. Esto se debe a que lo que interesa es modelar el efecto del tratamiento de cada persona con el tiempo. Una vez más, se calculó un modelo de ACP y el gráfico de puntajes correspondiente se encuentra en la figura 6.12.

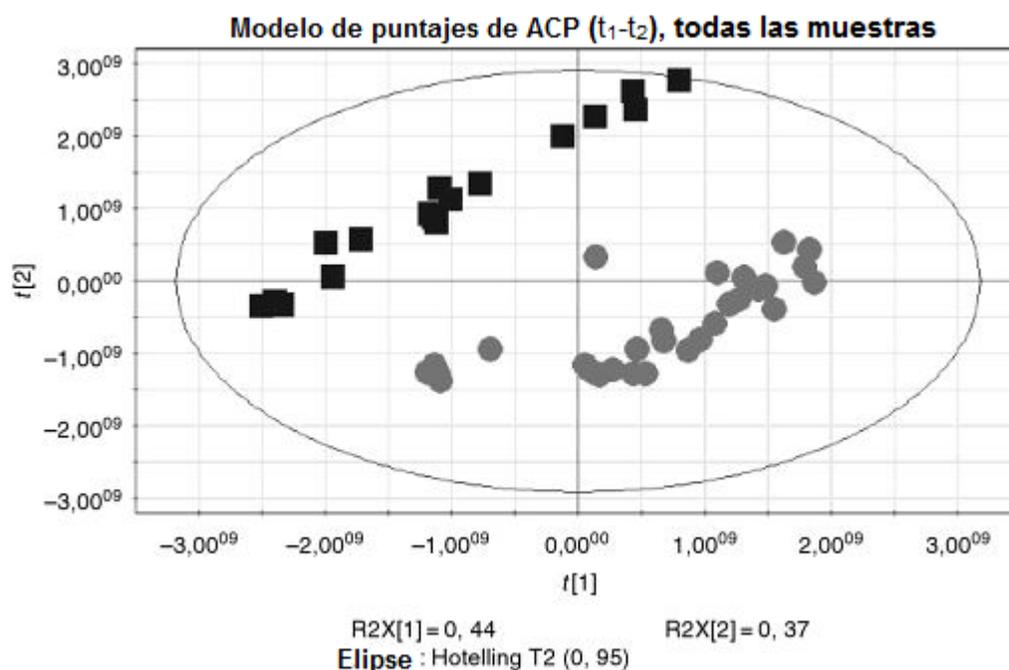


Figura 6.10. El gráfico de puntajes de ACP ( $t_1-t_2$ ) de los espectros de RMN evidencia una clara separación entre los periodos de muestreo donde los cuadros representan el primer periodo de muestreo, y los círculos el segundo periodo.

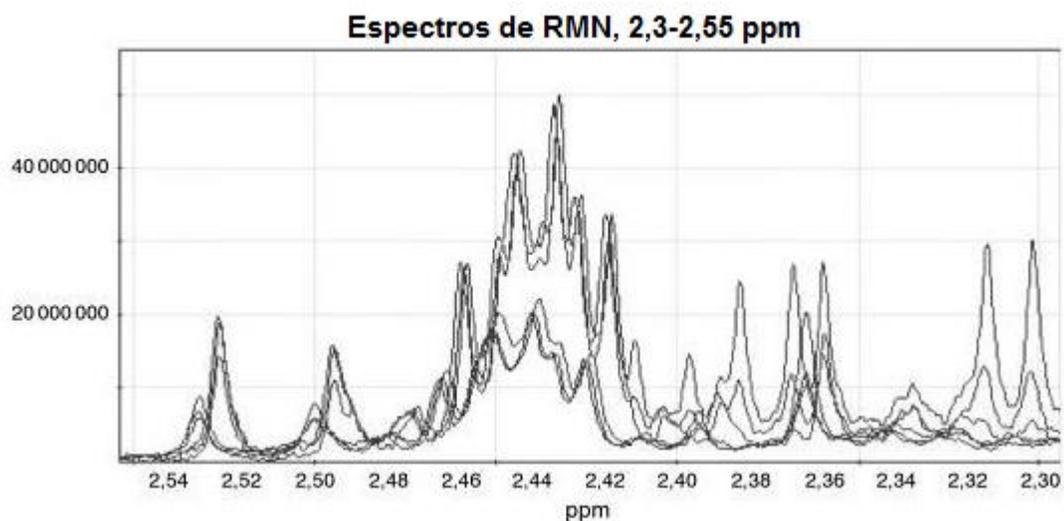


Figura 6.11. Espectros de RMN de ambos periodos de muestreo que muestra con claridad la razón de la separación que se encuentra en el gráfico de dispersión de los puntajes.

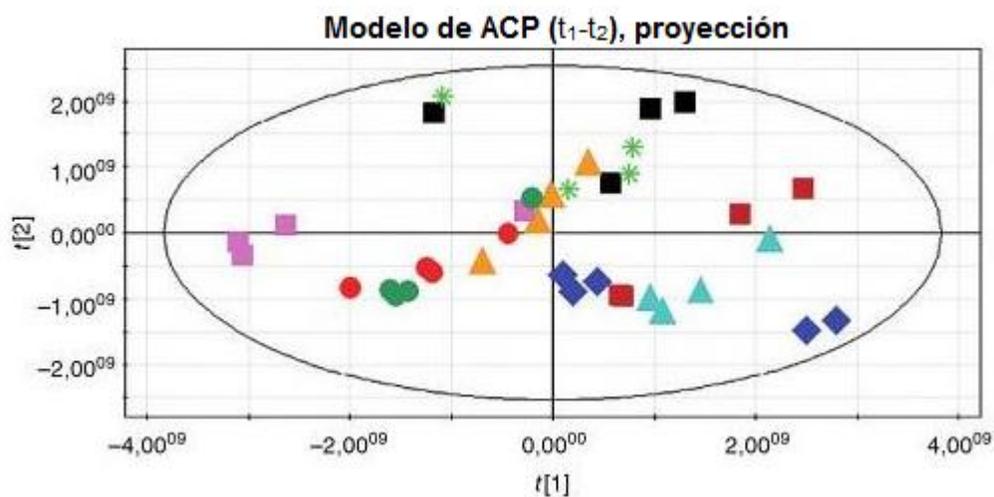


Figura 6.12. El gráfico de puntajes de ACP ( $t_1-t_2$ ) después de la substracción de la muestra de proyección de RMN de cada persona. Según lo muestra este gráfico, ya se ha corregido esto para las agrupaciones debido a los diferentes estudios.

## **El Informe de Investigación**

## Introducción

Se lleva a cabo una traducción del inglés al español con su correspondiente informe de investigación. Se traducen los capítulos primero y sexto del libro *The Handbook of Metabonomics and Metabolomics* de Jeremy K Nicholson, Elaine Holmes y John C Lindon. El primer capítulo se titula *Metabonomics and Metabolomics Techniques and Their Applications in Mammalian Systems* y el sexto se titula *Chemometrics Techniques for Metabonomics*. El libro fue publicado en 2007. Es de naturaleza técnico-científico y describe las técnicas recientes en farmacología en relación con las ciencias conocidas como ómicas. Está escrito por expertos y dirigido a expertos; por consiguiente, quienes leen esto conocen del tema y no requieren de ninguna explicación adicional. Nace como un encargo de traducción por parte del actual coordinador académico de la facultad de farmacia de la UCR, el señor José Manuel Fallas Ramírez quien se especializó en estos temas en el extranjero y está interesado en transmitir sus conocimientos. El señor Fallas indica que el producto final está dirigido a docentes y estudiantes de farmacia en la UCR quienes no han tenido aún la oportunidad de familiarizarse con estos acercamientos, por lo tanto, se busca un tono académico que facilite la lectura y por ende su comprensión. Se especifica la necesidad de incluir un glosario que defina o explique a que se refiere cada una de estas ciencias exactamente. Por medio de la traducción se espera que los lectores logren internalizar todos estos nuevos campos de estudio de forma práctica y natural al presentarles los términos en su lengua materna y proveerlos de un glosario que les brinda una descripción detallada de los conceptos a estudiar. Adicionalmente, la traducción representa un gran valor lingüístico ya que enriquece el español al evitar el abuso de anglicismos en este tipo de textos.

## **Justificación**

Se escogió este texto debido a su importancia para el ámbito de la educación costarricense. Los temas que trata son desconocidos en nuestro país. El experto en el campo ha estudiado estas tendencias en México y Francia. Con su traducción se procura ofrecer una herramienta accesible tanto para profesores como estudiantes de farmacia en nuestro país. El proyecto consiste en empezar a impartir lecciones sobre este tema en la Universidad de Costa Rica. En la actualidad no existen libros sobre las ciencias ómicas escritos en español ni tampoco se han traducido al español las obras existentes en inglés. Por consiguiente, la traducción favorece la difusión del conocimiento. En el caso de los textos técnico-científicos, muchos de los términos novedosos provenientes del inglés no se traducen, sino que por lo general se copian. Por lo tanto, la traducción de este texto permite que muchas de estas palabras nuevas tengan su equivalente en español, lo que enriquece el idioma al ofrecer a los receptores la oportunidad de leer palabras en su idioma natal. Por otro lado, esto evita que los términos emergentes se sigan utilizando en inglés y de este modo evitar la interferencia lingüística que generan los anglicismos.

Al analizar esta propuesta se pretende que los futuros traductores consideren la creación de un glosario de neologismos como estrategia para ofrecer una versión académica de los textos emergentes que se centran en la discusión científica y que dejan de lado a quienes desconocen tanto el tema como el idioma de partida.

## **Antecedentes**

Se consultaron las tesis que se han presentado hasta el momento en la Universidad Nacional de Costa Rica, así como los artículos publicados en el sitio oficial de BITRA. Se han tratado varios aspectos sobre textos técnico-científicos. No obstante, no se han hecho proyectos que traten sobre técnicas para incorporar neologismos en textos técnico-científicos

novedosos de farmacia como mecanismo para facilitar tanto el estudio como la enseñanza de estos acercamientos.

Los trabajos de la UNA elaborados por Sofía Fernández Machado, Susan Montero Castro, Heizel Viviana Hernández Murillo y Karen Vargas Mora comparten el hecho de que las traducciones se hicieron del inglés al español. Tanto Sofía Fernández Machado como Karen Vargas Mora trabajaron aspectos relacionados con abreviaturas, acrónimos y nomenclatura científica. Adicionalmente, Susan Montero Castro creó una propuesta metodológica con el fin de tomar decisiones sobre tecnicismos existentes que cuentan con referencias culturales y que tienen un trasfondo histórico, político, social y económico. Se realizó un análisis histórico con el propósito de contextualizar los términos dependiendo de la época y el lugar. Se han estudiado aspectos sobre elementos extratextuales e intratextuales y sus respectivos cambios a la hora de hacer una traducción técnico-científica, así como la superestructura, macroestructura y microestructura y su correspondiente orden según su relevancia dentro del texto. Por otra parte, Heizel Hernández analizó las adaptaciones pragmáticas que se enriquecen con elementos supra oracionales especialmente con relación al comportamiento de los signos lingüísticos y la interferencia lingüística que ocasiona la terminología en textos técnico-científicos. Laura Coto Álvarez llevó a cabo una investigación sobre el cambio en el significado que se genera a la hora de traducir algunas palabras al español.

Una de las investigaciones en BITRA busca analizar y probar que muchos de los anglicismos en artículos científicos de salud mental son en realidad innecesarios (Acosta, Artilles et al.). Esperanza Alarcón explica que la consulta con expertos funciona como una herramienta de formación para los traductores de textos técnico-científicos. María de los Ángeles Alcatraz Ariza afirma que debido al hecho de que Estados Unidos representa el mayor número de investigadores científicos, el discurso médico en español está cargado de

anglicismos que empobrecen el idioma. Según su investigación, existe la posibilidad de que se forme una lengua híbrida si no se defiende el uso correcto del español. De forma muy similar, Sofía Álvarez señala que los traductores de textos técnico-científicos suelen usar préstamos y calcos como una solución rápida debido a la falta de equivalentes morfosintácticos, semánticos o pragmáticos y se reafirma que el uso de extranjerismos afecta el contexto negativamente. De acuerdo con su investigación, es responsabilidad del traductor intentar realizar una adaptación correcta. En su trabajo se presentan ejemplos tomados de distintas disciplinas tales como la química, la farmacia, la informática, y la medicina. Finalmente, Christian Balliu hace hincapié en que los traductores necesitamos una preparación más extensa y profunda en cuanto a cursos de formación técnica científica.

Sin lugar a duda, los estudios previos distan mucho del presente proyecto ya que el enfoque de esta propuesta se centra en el uso de neologismos cultos como un aporte académico.

## **Objetivos**

### **Descripción del problema:**

Algunos expertos muy respetados y reconocidos internacionalmente consideran que muchos de los términos nuevos son innecesarios porque de acuerdo con ellos ya existen unos cuantos términos generales que son suficientes y perfectamente válidos. Por ejemplo, David Colquhoun quien es un reconocido farmacólogo británico y profesor en UCL (*University College London*), explica en su artículo *Too Many Omics* que los expertos crean estas palabras nuevas para ganar reconocimientos o méritos pero que en realidad se refieren a áreas de estudio que siempre han existido, por lo que a su parecer es absurdo. Según Colquhoun:

Este hábito de acuñar palabras elegantes para las viejas ideas podría considerarse inofensivo, simplemente una fuente de diversión interminable para los científicos pensantes. Aunque no estoy tan seguro. Además de reforzar la visión de los científicos como analfabetos filisteos (al menos en lo que respecta a la etimología), se hace daño real a la ciencia cuando el público toma conciencia de que algunos de nosotros preferimos las palabras largas a la claridad del pensamiento (pár.01, 2005).

De hecho, de acuerdo con un artículo publicado en la revista científica *Journal of Clinical Microbiology and Biochemical Technology* el uso de tantos términos es confuso; por lo tanto, es necesario describir algunos conceptos relevantes para poder distinguir los principales tipos de paradigmas. Según este artículo, conforme van surgiendo nuevos enfoques, se vuelve aún más caótico su asimilación y comprensión, como lo es el caso de las ciencias ómicas en medicina (Clemente, Noelia et al.).

Por otro lado, los investigadores quienes proponen estos términos novedosos sostienen que cuanto más específico sea el término más fácil es el estudio de sus relaciones. Entre tanto argumento, se ha descuidado la importancia de difundir este conocimiento entre profesores y estudiantes. De ahí la necesidad de un glosario de neologismos que facilite el aprendizaje y la asimilación de todos estos conceptos. En la actualidad, no existe material sobre este tema publicado en español. Por lo tanto, los profesionales en farmacia que deseen investigar acerca de este tema en Costa Rica no cuentan con el material necesario para su estudio.

### **Objetivo general:**

Proponer un glosario de neologismos para un texto técnico-científico novedoso dentro del campo de la farmacia con el fin de facilitar la comprensión de este tema por parte de profesores y estudiantes en Costa Rica.

### **Objetivos específicos:**

1. Identificar los términos cuyos respectivos equivalentes son inexistentes para proponer términos alternativos.
2. Crear un glosario de neologismos con el propósito de satisfacer la necesidad del lector.
3. Explicar el proceso neológico del léxico científico.

### **Estructura del proyecto**

Este trabajo está conformado por cuatro capítulos. En el primero se detalla información sobre el marco teórico-conceptual; en este capítulo se encuentra información sobre conceptos básicos como neologismo y neología de acuerdo con diversos especialistas y diccionarios. En este primer capítulo también se explica la teoría de los criterios de aceptabilidad propuesta por Auger y Rousseau y finalmente se hace referencia al aporte de la señora Gloria Guerrero Ramos.

El segundo capítulo describe el encargo de traducción por parte del señor José Manuel Fallas Ramírez, el reto principal que la traducción presentó, la forma en que se abordó este problema en primera instancia, la forma en que se adaptó y se aplicó la teoría seleccionada para evaluar la aceptabilidad de los términos propuestos y por último el proceso que se llevó a cabo para la realización del glosario.

En el tercer capítulo se expone el formato que se utilizó para analizar los términos seleccionados bajo la teoría de los criterios de aceptabilidad lingüística y terminológica y se ofrece un razonamiento sobre aquellos términos que revelaron resultados negativos.

En el último capítulo se encuentra el glosario con sus respectivas definiciones o explicaciones.

## Capítulo Uno Marco Teórico-Conceptual

En este capítulo se otorga información relevante sobre la diferencia que existe entre neología y neologismo según algunos de los diccionarios más conocidos y los aportes de especialistas del lenguaje contemporáneos que clasifican los neologismos en distintos tipos según su función, necesidad, importancia, formación, etc. Adicionalmente, se explica en qué consiste la teoría que se escogió para analizar los términos, así como la importancia de fomentar su uso sin imponerse a la libertad de escogencia que tiene el lector.

### 1.1. Neologismo y Neología

De acuerdo con Gloria Guerrero Ramos en su obra *Neologismos en el español actual*, en el diccionario de lingüística de Jean Dubois y otros el término neología aparece como «el proceso de formación de nuevas unidades léxicas» y neologismo como «toda palabra de creación reciente o recientemente tomada de otra lengua o toda acepción nueva de una palabra ya antigua» (10). Por otro lado, el diccionario de la lengua española de la Academia (DRAE) define neología como «proceso de formación de neologismos o estudio de los neologismos» y neologismo como «vocablo, acepción o giro nuevo en una lengua», el diccionario actual de la lengua española (DALE) define neologismo como «vocablo, giro o modo de expresión nuevo en una lengua» (Guerrero 9) y el diccionario de uso del español de María Moliner (DUE) define neologismo como «palabra o expresión recién introducida en una lengua» (Guerrero 9). Con base en estas definiciones la autora asegura que:

Ante las nuevas realidades de cada día, la lengua sólo tiene una salida: incorporar un elemento léxico en su sistema que dé cuenta de cada concepto, bien mediante la creación de un nuevo término (neologismo formal), bien mediante la adopción o adaptación de una forma extranjera (préstamo), o bien mediante la aplicación

significativa de dicho concepto o una forma ya existente (neologismo semántico) (Guerrero 7).

Adicionalmente a estos tipos de neologismos, el diccionario de lingüística de Pottier menciona el término *neologismo de sentido* como «palabra existente en la lengua pero que se utiliza con una significación diferente» (10). En este entendido, el presente trabajo trata específicamente sobre una propuesta de neologismos formales como un aporte académico. La escritora concluye que de acuerdo con J. Bastuji «los neologismos son simples unidades léxicas nuevas mientras que la neología postula un sistema, un conjunto de reglas y condiciones que contemplen su creación, marcación y empleo» (Guerrero 10).

Por su parte, María Tadea Díaz Hormigo de la Universidad de Cádiz cita en su artículo *Neología aplicada y lexicografía: para la (necesaria) actualización de las entradas de los elementos de formación de palabras en diccionarios generales* la definición de neología que aparece en el diccionario de lingüística de Cardona (1988) la cual la define como «el conjunto de los procedimientos con los que se forman nuevos elementos de la lengua» (Cardona 1988: 193) (Díaz 15). Sumado a esta definición nos brinda la suya:

Las innovaciones que se producen en la lengua en niveles que no son el estrictamente léxico, siendo para nosotros de especial interés las que se observan en el nivel morfológico, y más concretamente, en las nuevas acepciones o significados que pueden presentar las unidades de este nivel que intervienen en la formación de palabras (Díaz 16).

Por lo tanto, podemos observar que son varios los aspectos a tomar en cuenta cuando se trata de los factores que los lingüistas, lexicógrafos o traductores deben analizar para poder concluir si las unidades léxicas formadas podrían llegar a ser entradas validas en un diccionario general o especializado.

Siguiendo la línea de los denominados neologismos formales, podemos encontrar en la publicación *La clasificación de neologismos: una tarea compleja*, que de acuerdo con Teresa Cabré existen once posibles maneras de crear este tipo de neologismos: por sufijación (FSUF), por prefijación (FPRE), por prefijación o sufijación (FPRSU), por composición (FCOM), por composición culta (FCULT), por lexicalización (FLEX), por conversión sintáctica (FCONV), por sintagmación (FSINT), por siglación (FSIG), por acronimia (FTACR), y por abreviación (FTABR). (Cabré 232). De todas estas posibles clasificaciones, se hace énfasis en la composición culta ya que es la forma utilizada para crear palabras técnicas y científicas (especialmente sustantivos) por medio de raíces griegas y latinas. Dentro de FCULT se pueden observar tres procesos: una forma prefijada culta y una forma sufijada culta, una forma prefijada culta y un radical, o un radical (propio de la lengua o bien prestado de otra lengua) y una forma sufijada culta. (Cabré 232). La mayoría de los términos sugeridos encajan en el primer proceso debido a que tanto la prefijación como la sufijación de las palabras son cultas.

La reconocida terminóloga María Cabré, hace una distinción entre los «neologismos léxicos» que forman parte del lenguaje general y los «neonismos» o «neologismos terminológicos» que se refieren a aquellas unidades léxicas nuevas que forman parte de lenguajes especiales. Las principales diferencias que la autora nos presenta son las siguientes:

1. Los neologismos léxicos son usualmente más espontáneos, es decir, surgen sin razón aparente, parecieran ser más frívolos y generalmente su existencia es corta; los neonismos, por lo contrario, surgen debido a una necesidad de designación y suelen ser más estables.

2. Los neologismos léxicos no se ven afectados por sinónimos, pero normalmente coexisten con sinónimos y adquieren un cierto valor estilístico como una característica contrastiva. Los neologismos, por otro lado, rechazan los sinónimos ya que estos podrían distorsionar la eficiencia comunicativa.
3. Los neologismos léxicos tienen tendencia a la concisión formal mientras que muchos neologismos son frases.
4. Los neologismos léxicos a menudo apelan a formas antiguas y dialectales del idioma y a préstamos, en lugar de compuestos basados en los idiomas neoclásicos.
5. Normalmente, los neologismos léxicos no se expanden más allá del idioma en el que han sido creados; los neologismos son el caso contrario ya que estos son diseñados para ser internacionales (206).

Respetando las diferencias enunciadas, se puede concluir que este análisis se centra en los neologismos ya que estos términos tienen una razón de ser; es decir, existe la necesidad de designar unidades terminológicas que guíen al lector a la comprensión de estos nuevos conceptos emergentes. Además, se pretende, por medio de la aceptación de estos términos, evitar la ambigüedad, de manera que estos sean los únicos términos existentes para dichas concepciones. Se busca la estandarización característica de los textos técnico-científicos. Contrario a lo que menciona Cabré en el punto tres, los neologismos propuestos no constituyen frases, pero sí encierran un enorme valor informativo. Adicionalmente, cabe recapitular que los neologismos que aquí se presentan son en efecto palabras compuestas de una prefijación y una sufijación cultas (provenientes de lenguas neoclásicas). De hecho, por medio de la creación de estos neologismos, se espera evitar el tener que acudir a préstamos, con la finalidad de enriquecer el idioma, evitar la interferencia lingüística que genera el abuso de anglicismos y verificar que se trate de neologismos y no de

neologismos léxicos. Finalmente, la autora menciona la capacidad de alcance internacional que tienen los neologismos lo que se visualiza en este trabajo de forma positiva, con aras de impactar a los farmacéuticos hispanohablantes.

María Cabré termina su explicación recordando que los neologismos estarán siempre vinculados a sus particularidades: falta de ambigüedad, referencia única, pertenencia a un campo en específico, estabilidad, y conformidad con los patrones de formación de términos existentes (206).

Por último, la autora hace una nueva especificación de tipos de neologismos según su función. Esta división trata sobre los *neologismos referenciales*, es decir aquellos que existen debido a un vacío que se debe llenar en un campo de especialidad específico y los *neologismos expresivos* que son aquellos que simplemente introducen nuevas formas de expresión en el discurso (Cabré 206). Queda claro entonces que desde el punto de vista del lenguaje general es factible hacer la distinción entre «neologismos léxicos» y «neologismos» y desde una perspectiva funcional, entre «neologismos referenciales» y «neologismos expresivos».

Este párrafo hace referencia a las características lingüísticas, pragmáticas y sociolingüísticas de los neologismos según María Teresa Cabré. Como ya se ha descrito anteriormente, los neologismos tienen la particularidad de ser monoreferenciales; lo que cual significa que han sido creados para referirse a un único concepto y, consecuentemente, no son ambiguos. Otra de las características lingüísticas es el hecho de que suelen ser términos descriptivos y por ende también son generalmente largos. En los campos técnicos, las frases tienden a ser más comunes que en los campos científicos. Los términos científicos se basan morfológicamente en el griego y el latín. Dentro de las características pragmáticas, se dice que la neología también se encarga de analizar aspectos culturales y políticos con el propósito de determinar en qué medida estos términos fortalecen o debilitan al idioma. A

pesar de que los neologismos suelen ser descriptivos se apunta a que, dentro de lo posible, sean lo más cortos y precisos posible. Siguiendo la línea de lo referente a lo sociolingüístico se señala que debe forzosamente haber una necesidad de creación, que no pueden tener connotaciones negativas y que además deben ser fáciles de recordar. A pesar de la necesaria planificación que esto conlleva, la autora nos recuerda que siempre existirá la libertad de escogencia por parte de los hablantes (208).

Un fenómeno muy interesante ocurre con los idiomas germánicos o eslavos, ya que en estos idiomas los términos originales y los creados en su lengua natal son considerados sinónimos uno del otro. A los términos en su idioma natal se les atribuye un estatus oficial mientras que el término original es más adecuado para la comunicación con extranjeros (Cabré 213). Sin embargo, en este caso en particular, esta decisión podría dificultar aún más la asimilación de estos conceptos, lejos de facilitar su comprensión que es lo que realmente se pretende.

## **1.2. Enfoque de Auger y Rousseau**

Con el fin de anticipar que los neologismos serán bien recibidos por la cultura costarricense y muy especialmente por los especialistas en el campo, se hace referencia a los criterios de aceptabilidad lingüística y terminológica propuestos por Auger y Rousseau. Los criterios de aceptabilidad lingüística son los siguientes: la conformidad al sistema de la lengua, la amplitud semántica, el valor de integración en la lengua, el criterio onomasiológico, y el valor sociolingüístico. Por su lado, los criterios de aceptabilidad terminológica son: comité de referencia, posibilidades de aceptabilidad, consenso, formación culta, contenido informativo, uso del término, y comité de normalización (Guerrero 15).

A modo de material complementario, María Teresa Cabré menciona algunas características importantes acerca de los neologismos y de lo que para ella serían

neologismos en el sexto capítulo de su obra *Terminology Theory, Methods and Applications*. Lo primero que vale la pena resaltar son los parámetros para determinar si una unidad constituye un neologismo o no. Estos parámetros son:

- a. Diacronía: una unidad es un neologismo si ha surgido recientemente.
- b. Lexicografía: una unidad es un neologismo si no está en los diccionarios.
- c. Inestabilidad sistemática: una unidad es un neologismo si exhibe signos de inestabilidad formal (tales como morfológicos, gráficos, fonéticos) o inestabilidad semántica.
- d. Psicología: una unidad es un neologismo si los hablantes la perciben como una unidad nueva (205).

Estos parámetros coinciden en gran medida con los estipulados por Auger y Rousseau. Con base en ellos, se puede afirmar que las unidades novedosas propuestas para este trabajo son en efecto neologismos. La autora menciona estos cuatro parámetros ya que para ella una clasificación de neologismos no podría ser viable si se tomara en cuenta un único criterio, sino que debe ser multidimensional. Una vez más se reafirma la importancia de analizar varios filtros con el fin de tener mayor certeza de que los neologismos creados en la traducción puedan eventualmente llegar a formar parte de la jerga de dichos especialistas.

### **1.3. Enfoque Gloria Guerrero**

De acuerdo con Gloria Guerrero, si bien es cierto que los neologismos propuestos necesariamente deben ser creados con cautela bajo un sistema que nos permita argumentar su buen uso, no se debe perder de vista que la causa principal que motiva a crear estas unidades léxicas novedosas y en ocasiones creativas es la necesidad de expresarnos y hacernos entender. Consecuentemente, todos creamos palabras nuevas en determinados

momentos. Como bien lo dice la reconocida filóloga y profesora Guerrero «el neologismo constituye una necesidad imperiosa y todo el mundo crea palabras nuevas, tanto el sabio como el ignorante, el teórico como el pragmático. Y las oímos todos los días, sin darnos cuenta, entendiéndolas y haciéndonos entender» (11). Esto conduce a la reflexión acerca de la importancia de un sistema; ya que lo primero será la aceptación y el uso por parte de un grupo de personas dentro de un contexto específico. Por lo tanto, un neologismo reconocido oficialmente no es precisamente el más usado. De la misma forma que un neologismo no oficial puede llegar a tener gran aceptación. No obstante, en cuanto a los neologismos de carácter técnico-científico lo ideal es respetar sus raíces cultas del griego o el latín con el objetivo de lograr su inclusión y aceptación en diccionarios especializados y en ámbitos profesionales puesto que los textos científicos se identifican en gran medida por la internacionalidad de sus tecnicismos.

A diario surgen nuevos conceptos a raíz de la investigación científica y el avance tecnológico. Por consiguiente, se podría caer en el error de asumir que en la actualidad la lengua evoluciona mucho más rápido que en el pasado. Pero la autora nos dice que «existe una autodefensa de las lenguas, debido a la necesidad de mantener la comprensión entre las distintas generaciones, lo cual impide que la lengua se modifique demasiado rápidamente o demasiado lentamente» (Guerrero 11). El fragmento citado anteriormente explica que las lenguas se mantienen vivas gracias al surgimiento de nuevos léxicos los cuales evolucionan a un ritmo controlado. De no ser así, la comunicación entre generaciones se vería afectada.

En el siguiente capítulo se explica en detalle la forma en que se aborda el problema en un primer momento, la adaptación que se hace de la teoría escogida, así como el método que se emplea para poner en práctica dicha teoría.

## **Capítulo Dos Marco Metodológico**

En este capítulo se detalla información acerca de las características del encargo de traducción, el reto principal que se presenta al traducir este texto, la forma en que se procede para poder dar una posible respuesta al problema, la manera en que se adapta y se pone en práctica la teoría que se estudió, la forma en que se evalúa la metodología, el significado de las siglas creadas por motivos de espacio, y la explicación de cómo se presenta el glosario.

### **2.1. Encargo de traducción**

El señor José Manuel Fallas Ramírez, actual coordinador académico de la escuela de farmacia de la UCR, hace un encargo de traducción debido a su interés personal y compromiso adquirido por transmitir los nuevos hallazgos en el campo de las ciencias ómicas. El encargo requiere que la versión final cuente con un tono académico; es decir que facilite la comprensión del tema por parte de los estudiantes y docentes de farmacia de la UCR. El señor Fallas señala que este requisito debe a que los lectores a quienes está dirigido este material desconocen el tema.

### **2.2. Reto**

Al traducir el texto, se presenta la dificultad de cómo traducir los términos novedosos debido a que estos no cuentan con sus respectivos equivalentes en español. Por lo tanto, se hace una lista de todos estos términos y se procede a investigar en textos paralelos, diccionarios especializados, glosarios técnicos, artículos científicos, entre otros y se concluye que efectivamente no hay material disponible en español que dé luz acerca de cómo poder traducir estos términos adecuadamente. Al ser tantos términos, se considera que el dejarlos

en inglés sobrecargaría el texto de anglicismos. Es entonces cuando se concluye que la mejor de las opciones sería proponer neologismos que puedan llenar ese vacío.

### **2.3. Procedimiento**

Se procede a realizar una lista preliminar que corresponde a los términos propuestos tentativamente. Es decir, fue un procedimiento visual/manual en que los términos se iban incluyendo en una tabla conforme se iban identificando. Seguidamente, se consulta al especialista sobre los términos propuestos; y la mayoría de ellos obtienen el visto bueno. Se indica que todos los términos deben terminar con el sufijo -ómica para hacer referencia a las ciencias ómicas y que se deben respetar los radicales de las palabras incluso en aquellos casos en los que los términos resulten muy extensos, puesto que cada de uno de estos radicales hace referencia directa a algún campo de estudio, técnica, o procedimiento que dió origen a dichos términos. En cuanto a los términos que resultaban ambiguos o poco claros, la recomendación general fue hacer investigación detallada sobre el origen de esos radicales para que de esta forma los términos propuestos fueran lo más claros y concisos posible. Tras una segunda propuesta, se concluye que algunos de los términos requerían al menos una pequeña explicación; de lo contrario, el mensaje seguiría siendo poco claro. Finalmente, se decide que para poder esclarecer todo tipo de dudas es necesario escribir notas al pie para algunos de los términos y agregar un glosario donde se incluya una descripción de cada uno de ellos.

### **2.4. Aplicación de la teoría propuesta**

Para analizar la validez y aceptación de estos términos se escogió la teoría propuesta por Auger y Rousseau que estudia los criterios de aceptabilidad lingüística y terminológica. Los criterios de aceptabilidad lingüística son:

**1. La conformidad al sistema de la lengua:** Este criterio estipula que se debe respetar el sistema fonológico y ortográfico de la lengua terminal.

**2. La amplitud semántica:** Este criterio trata de evitar cualquier tipo de malentendido o disconformidad por razones peyorativas que podrían interferir en lo que realmente se trata de comunicar.

**3. El valor de integración en la lengua:** Este criterio hace referencia a tres aspectos fundamentales (sintagmático, paradigmático y transformacional). En el plano sintagmático el neologismo ha de ser flexible a la hora de establecer relaciones entre las distintas unidades de una oración. En el plano paradigmático, el término debe ser fiel no solamente a las reglas internas de la lengua terminal sino también a las reglas propias de la terminología de cada ciencia y de cada técnica. Por último, en el plano transformacional, el término habrá de ser apto para producir derivados y compuestos.

**4. El criterio onomasiológico:** Este hace hincapié en el hecho de que el término propuesto debe ser el único existente para expresar esa realidad. No debe representar competencia ante otro término propuesto previamente.

**5. El valor sociolingüístico:** Este criterio sugiere que el traductor debe reflexionar acerca de la necesidad de que el término propuesto sea creado. Sin embargo, para poder responder a esta inquietud, es esencial que el traductor observe los resultados; es decir, la frecuencia del uso del término, su disponibilidad, el juicio positivo o negativo por parte del usuario, su difusión en el interior y el exterior del campo al cual hace referencia. Tiene que ver especialmente con la percepción del gremio que lo acoge, puesto que son los usuarios quienes realmente determinan su relevancia y su éxito dentro de los ámbitos en los que se mueven estos términos (Guerrero 15).

Los criterios de aceptabilidad terminológica son:

**1.Comité de referencia:** Se enfatiza en que la decisión de aceptar un neologismo sea tomada por un comité de referencia.

**2.Posibilidades de aceptabilidad:** Se deben medir las posibilidades de aceptabilidad basándose en modelos que ya han sido probados y comparándolos con acciones anteriores y contemporáneas.

**3.Consenso:** Se trata de conseguir el consenso por parte de todos aquellos quienes participan en el proyecto léxico.

**4.Formación culta:** Se considera que los tecnicismos presenten ventaja con lo que respecta a su eventual traducción a otras lenguas al respetar sus raíces cultas.

**5.Contenido informativo:** Ha de satisfacer las necesidades de denominar y facilitar la elaboración de la definición. Además, estos términos nuevos deben generar en el lector una noción acerca de a qué se refieren.

**6. Uso del término:** Verificar que un organismo oficial, un grupo de industrias o autoridades competentes usen el término ya que eso es una motivación y una incitación a la aceptabilidad.

**7. Comité de normalización:** El neologismo será propuesto a los hablantes y el uso lo fijará; una vez aceptado, será normalizado (Guerrero 16).

Para los efectos de este trabajo, se propone una adaptación de esta teoría; primero se decide fragmentar el criterio del valor de integración en la lengua del cual se desprenden tres criterios: el valor de integración sintagmático, el valor de integración paradigmático y el valor de integración transformacional. Adicionalmente, se deja por fuera el quinto criterio de aceptabilidad lingüística que tiene que ver con el valor sociolingüístico, debido a que para poder determinar si el neologismo fue bien recibido, se requiere de un estudio de observación prolongado posterior a la traducción. Además, la percepción y la libertad de

escogencia de la cual gozan los usuarios va más allá de lo que el traductor puede evaluar al momento de entregar la propuesta final. En cuanto a los criterios de aceptabilidad terminológica, se excluyen todos aquellos criterios que pretenden medir la aceptabilidad por medio de comités y consensos debido a que esto no aplica en nuestra realidad. En nuestro país, no existen organismos oficiales que se encarguen de determinar si los términos cumplen con las estructuras internas propias de su jerga. A la fecha, no se han llevado a cabo modelos similares para poder comparar sus resultados. Se toma en cuenta el criterio que tiene que ver con la formación culta puesto que es de suma importancia comprobar que todos los términos propuestos sean efectivamente neologismos. Además, se mantiene el criterio que hace referencia al contenido informativo ya que es indispensable verificar que los neologismos propuestos den a entender a lo que se refieren y facilitan su definición.

## **2.5. Evaluación de la metodología**

Para evaluar estos criterios se crea una tabla en Excel donde se utiliza el número 1 para cuando el resultado es positivo, y el número 0 para aquellos casos en los que el resultado es negativo. Posteriormente, por medio de la opción de filtrar se logran contabilizar los resultados. Por último, se expone una tabla donde se pueden visualizar el término original, el término propuesto y los resultados. Por motivos de espacio, se crean las siguientes siglas:

**TO:** término original

**TP:** término propuesto

**CS:** conformidad al sistema

**AS:** amplitud semántica

**VIS:** valor de integración sintagmático

**VIP:** valor de integración paradigmático

**VIT:** valor de integración transformacional

**CO:** criterio onomasiológico

**FC:** formación culta

**CI:** contenido informativo

**Ejemplo:**

1.TO	TP	CS	AS	VIS	VIP	VIT	CO	FC	CI

**2.6. Presentación del glosario**

El glosario incluirá el término original con el fin de no limitar la curiosidad del lector por investigar más a fondo sobre estos conceptos. Debido a que los términos propuestos deben pasar por un periodo de prueba antes de llegar a ser entradas válidas en glosarios o diccionarios especializados, quien desee profundizar, deberá buscar los términos originales. Luego, se incluirá el equivalente propuesto para cada uno de los términos. Finalmente, se brindará una definición o explicación que incluya datos tales como el campo de estudio en el que se desarrollan, cómo pueden aplicarse, los resultados que se podrían obtener, y los beneficios que podrían ofrecer en el futuro. Las definiciones se extraerán de artículos publicados en revistas científicas; de no ser posible, se investigará en otros sitios y se harán consultas al especialista.

Para poder realizar el glosario es necesario hacer una investigación minuciosa. Se utilizará principalmente el portal *PubMed Central* donde se publican un gran número de revistas científicas. El primer paso consistirá en ver cuántos resultados aparecen en el buscador por cada término. Luego se procederá a leer los artículos para poder así determinar cuál brinda información más clara y concisa. Una vez que se selecciona el artículo más idóneo, se procederá a extraer todos los fragmentos que brinden información sobre el término por definir. Seguidamente, se ordenará la información obtenida, se parafrasearán los datos más esenciales, se resumirán los resultados que se han obtenido a través de esos estudios, se darán a conocer los beneficios que se pueden lograr al utilizar

estas técnicas y finalmente se traducirá toda la información. Se procurará presentar la información en formato de definición. De no ser posible, se brindará una explicación. Los datos que no se puedan encontrar en PubMed Central, se investigarán en otras fuentes tales como distintos sitios web, libros o enciclopedias. En el caso de que los términos no se logren encontrar, se optará por consultar al experto.

En el siguiente capítulo se detallan cuántos y cuáles fueron los términos seleccionados. Luego se presenta el análisis de los resultados y finalmente se ofrece una explicación sobre los resultados obtenidos; tanto los positivos como los negativos.

## Capítulo Tres Análisis

En este capítulo se detallan los términos seleccionados con sus correspondientes equivalentes en español y se analizan los resultados obtenidos en los ocho criterios seleccionados para esta investigación. También se explican las razones por las cuales fueron descartados algunos de los criterios y el motivo principal por el que uno de los criterios requería de una segregación más detallada. Adicionalmente, se explican las siglas que fueron creadas por razones de espacio.

### 3.1. Términos Seleccionados

Se encontraron 125 términos que no cuentan con sus respectivos equivalentes en español. Algunos de estos términos aparecen una única vez y otros aparecen en repetidas ocasiones. No obstante, es importante aclarar a qué se refiere cada uno de ellos. Todos estos términos aparecen en una tabla en el primer capítulo. Tras varios intentos, se logra una versión definitiva para todos ellos.

### 3.2. Análisis de los criterios

Una vez que ya tenemos los términos analizados, se procede a tabularlos y finalmente, se desprende un gráfico de dicha tabla donde se visualiza el grado de aceptabilidad de estos neologismos. Se tomaron en cuenta los siguientes aspectos:

**1. Conformidad al sistema:** Se otorga calificación afirmativa cuando el neonismo no representa dificultad a la hora de pronunciarlo o escribirlo. Lo que quiere decir que también se consideró la grafía propia del español.

**2. Amplitud semántica:** Se otorga calificación afirmativa cuando el neologismo no implica ningún tipo de malentendido por razones discriminatorias. Para determinar esto, se hacen consultas a profesionales en farmacia.

**3. Valor de integración sintagmático:** Se otorga calificación afirmativa cuando el neologismo se puede usar para construir relaciones entre otros elementos oracionales. Es decir, siempre que el neologismo se pueda usar en una oración.

**4. Valor de integración paradigmático:** Se otorga una calificación afirmativa cuando el neologismo termina con el sufijo -ómica, lo que especifica que se refiere a una ciencia ómica. Adicionalmente, se verifica que el término no contenga ningún interfijo innecesario ya que se busca que los términos sean concisos y lo más cortos posible.

**5. Valor de integración transformacional:** Se otorga calificación afirmativa cuando los adjetivos correspondientes a cada término sean posibles. Esto debido a que en ocasiones es necesario el uso de sus respectivos adjetivos. A la vez se verifica que el término propuesto sea efectivamente un sustantivo.

**6. Criterio onomasiológico:** Se otorga calificación afirmativa si se comprueba que no existe ningún otro término alternativo que represente competencia ante el término propuesto. Es decir, siempre que el neologismo sea el primero y el único existente en español para representar dicha ciencia.

**7. Formación culta:** Para determinar que el término es culto, se extrae la raíz (es decir lo que nos queda al eliminar el sufijo *-omics*) y posteriormente se analiza el origen de dicha raíz con el fin de comprobar que tenga un origen neoclásico. La mayoría de estos radicales provienen del griego; algunos provienen del latín. Muchos hacen referencia directa a un sustantivo. Hay casos en los que la raíz hace referencia a un verbo. Por otro lado, se otorga calificación negativa cuando el término hace referencia a un estudio reciente en específico del cual se desprende una siglación que posteriormente se utiliza como radical. En estos

casos, no sólo afecta la formación culta de la palabra, sino que también resulta en una especie de concepto híbrido.

**8. Contenido informativo:** Se otorga calificación afirmativa cuando el neologismo provee al lector meta de una noción clara y concisa acerca de lo que el término pretende transmitir. Se otorga calificación negativa en aquellos casos en los que el lector requiere de una explicación para poder entender a qué se refiere el término. De la misma forma, se califica como negativo en aquellos casos en los que no se encontró información que haga referencia directa al término; puesto que al no haber publicaciones al respecto se considera que es posible que el lector meta desconozca esos términos. Además, no se podría asumir que el lector conoce el origen de los radicales.

Por consiguiente, se califica como negativo a todo aquel término que incumpla con lo estipulado anteriormente.

1.TO	TP	CS	AS	VIS	VIP	VIT	CO	FC	CI
Agrigenomics	Agrigenómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí

2.TO	TP	CS	AS	VIS	VIP	VIT	CO	FC	CI
Agronomics	Agronómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí

3.TO	TP	CS	AS	VIS	VIP	VIT	CO	FC	CI
Antigenomics	Antigenómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí

4.TO	TP	CS	AS	VIS	VIP	VIT	CO	FC	CI
Aquagenomics	Acuigenómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí

5.TO	TP	CS	AS	VIS	VIP	VIT	CO	FC	CI
Bacteriomics	Bacteriómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí

<b>6.TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Behaviuromics	Comportamientómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí
<b>7.TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Bibliomics	Bibliómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí
<b>8.TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Biogenomics	Biogenómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí
<b>9.TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Biomics	Biómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí
<b>10.TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Bionomics	Bionómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí
<b>11. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Cardiomics	Cardiómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí
<b>12. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Cardioproteomics	Cardioproteómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí
<b>13. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Chemoproteomics	Quimioproteómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí
<b>14. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Chomics	Chómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	No	No
<b>15. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Choomics	Choómica	No	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	No	No
<b>16. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Cardiogenomics	Cardiogenómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí
<b>17. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Cellomics	Celómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí

<b>18. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Chemogenomics	Quimiogenómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí
<b>19. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Chromonomics	Cromonómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí
<b>20. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Chondriomics	Condriómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí
<b>21. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Chronomics	Cronómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí
<b>22. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Clinomics	Clinómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí
<b>23. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Complexomics	Complejómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí
<b>24. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Cryptomics	Criptómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	No
<b>25. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Crystallomics	Cristalizómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	No
<b>26. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Crystalomics	Cristalómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí
<b>27. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Cytomics	Citómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí
<b>28. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Degradomics	Degradómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí
<b>29. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Diagnomics	Diagnostómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí

<b>30. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Embryogenomics	Embriogenómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí
<b>31. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Economics	Económica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí
<b>32. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Enzymomics	Enzimómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí
<b>33. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Epigenomics	Epigenómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí
<b>34. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Epitomics	Epitopómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí
<b>35. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Expressomics	Expresiónómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí
<b>36. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Fluxomics	Flujómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí
<b>37. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Foldomics	Razonómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	No
<b>38. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Fragmentomics	Fragmentómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí
<b>39. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Functomics	Funcionómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí
<b>40. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Gastrogenomics	Gastrogenómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí
<b>41. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Genomics	Genómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí

<b>42. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Glycomics	Glicómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí
<b>43. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Glycoproteomics	Glicoproteómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí
<b>44. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Hybridomics	Hibridómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí
<b>45. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Immunomics	Inmunómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí
<b>46. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Immunoproteomics	Inmunoproteómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí
<b>47. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Inomics	Inómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	No
<b>48. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Integromics	Integrómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí
<b>49. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Ionomics	Ionómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí
<b>50. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Interactomics	Interacciómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí
<b>51. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Kinomics	Cinetómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí
<b>52. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Ligandomics	Ligandómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí
<b>53. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Ligamomics	Ligamómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	No

<b>54. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Linkomics	Enlazómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí
<b>55. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Lipidomics	Lipidómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí
<b>56. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Lipoproteomics	Lipoproteómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí
<b>57. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Localizomics	Localizómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí
<b>58. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Metabolomics	Metabolómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí
<b>59. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Metabonomics	Metabonómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí
<b>60. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Metallomics	Metalómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí
<b>61. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Metalloproteomics	Metaloproteómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí
<b>62. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Methylomics	Metilómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí
<b>63. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Microbiomics	Microbiómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí
<b>64. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Microgenomics	Microgenómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí
<b>65. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Mitochondriomics	Mitocondriómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí

<b>66. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Neuropharmacogenomics	Neurofarmacogenómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí
<b>67. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Neuroproteomics	Neuroproteómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí
<b>68. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Nucleomics	Nucleómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	No
<b>69. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Nutragenomics	Nutragenómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí
<b>70. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Nutrigenomics	Nutrigenómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí
<b>71. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Oncogenomics	Oncogenómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí
<b>72. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Oncopharmacogenomics	Oncofarmacogenómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí
<b>73. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Operomics	Operómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí
<b>74. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Orfeomics	Orfómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	No	No
<b>75. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Parasitomics	Parasitómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí
<b>76. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Pathogenomics	Patogenómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí
<b>77. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Peptidomics	Peptidómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí

<b>78. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Pharmacogenomics	Farmacogenómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí
<b>79. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Pharmacometabolomics	Farmacometabolómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí
<b>80. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Pharmacometabonomics	Farmacometabonómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí
<b>81. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Pharmacomethylomics	Farmacometilómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí
<b>82. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Pharmacophylogenomics	Farmacofilogenómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí
<b>83. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Pharmacoproteomics	Farmacoproteómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí
<b>84. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Phenomics	Fenómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí
<b>85. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Phosphatomics	Fosfatómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí
<b>86. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Phosphoproteomics	Fosfoproteómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí
<b>87. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Phylogenomics	Filogenómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí
<b>88. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Phyloproteomics	Filoproteómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí
<b>89. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Physiogenomics	Fisiogenómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí

<b>90. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Physiomics	Fisiómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí
<b>91. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Phytogenomics	Fitogenómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	No
<b>92. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Phytoproteomics	Fitoproteómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	No
<b>93. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Postgenomics	Postgenómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí
<b>94. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Predictomics	Predictómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí
<b>95. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Promoteromics	Promotorómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí
<b>96. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Proteogenomics	Proteogenómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí
<b>97. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Proteomics	Proteómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí
<b>98. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Pseudogenomics	Pseudogenómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí
<b>99. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Regulomics	Regulómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí
<b>100. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Resistomics	Resistómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí
<b>101. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Ribonomics	Ribonucleómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí

<b>102. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Riboproteomics	Ribonucleoproteómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí
<b>103. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Rnomics	Radonómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí
<b>104. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Saccharomics	Sacarómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	No
<b>105. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Secretomics	Secretómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí
<b>106. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Separomics	Separómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí
<b>107. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Sialomics	Sialómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	No
<b>108. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Signalomics	Señalómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí
<b>109. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Somatomomics	Somatonómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	No
<b>110. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Stereomics	Estereómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	No
<b>111. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Systeomics	Sisteómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	No
<b>112. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Toponomics	Toponómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí

<b>113. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Toxicogenomics	Toxicogenómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí
<b>114. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Toxicomics	Toxicómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí
<b>115. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Toxiconomics	Toxiconómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí
<b>116. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Toxicoproteomics	Toxicoproteómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí
<b>117. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Transcriptomics	Transcriptómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí
<b>118. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Transgenomics	Transgenómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí
<b>119. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Translatomics	Transductómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí
<b>120. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Transportomics	Transportómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí
<b>121. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Unknomics	Incognitómica*3	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	No
<b>122. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Vaccinomics	Vacunómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí
<b>123. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Variomics	Variómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí

<b>124. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Virogenomics	Virugenómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí

<b>125. TO</b>	<b>TP</b>	<b>CS</b>	<b>AS</b>	<b>VIS</b>	<b>VIP</b>	<b>VIT</b>	<b>CO</b>	<b>FC</b>	<b>CI</b>
Viromics	Virolómica	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí

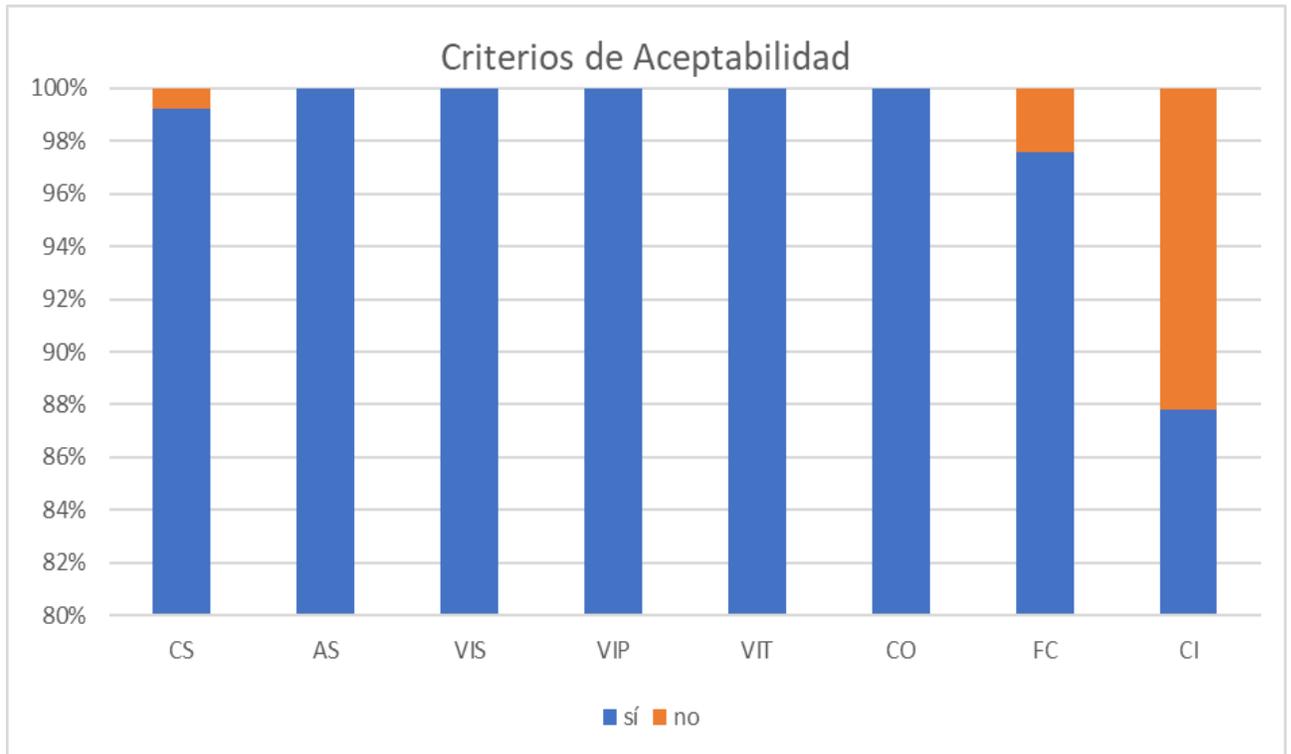
Como se puede visualizar en las tablas anteriores, la gran mayoría de los resultados son afirmativos. El criterio de conformidad al sistema reveló un único resultado negativo. Esto significa que los términos respetan casi en un 100% de los casos el sistema morfológico y fonético del español. El resultado negativo corresponde al término choómica debido a que en español la repetición de una misma vocal marcando el acento en una suena cacofónico. El criterio de amplitud al sistema arroja un resultado 100% positivo puesto que ninguno de los neónimos sugeridos tiene connotaciones peyorativas ni alusiones molestas de acuerdo con los expertos. El criterio del valor de integración sintagmático también proporcionó un resultado positivo al 100% ya que todos los términos demuestran ser aptos para formar diferentes construcciones oracionales. El criterio del valor de integración paradigmático es otro caso de resultados 100% positivos ya que todos estos neologismos respetan las reglas de las ciencias y las técnicas a las que pertenecen. Hacen referencia a las ciencias ómicas por medio de la terminación. El criterio del valor de integración transformacional produjo un resultado positivo al 100% porque de todos los neologismos propuestos, que corresponden a sustantivos, se pueden derivar sus respectivos adjetivos. No obstante, algunas otras partes del discurso como lo son verbos y adverbios no podrían desprenderse de estos términos, pero demuestran que sí se pueden producir los derivados y compuestos necesarios. Como este es el primer intento que se ha llevado a cabo por ofrecer equivalentes a estos términos, el criterio onomasiológico refleja un resultado positivo en todos los casos. Esto quiere decir

que, al no existir ninguna otra propuesta, estos neologismos no representan competencia ante otros términos. El criterio de formación culta arrojó resultados negativos en tres ocasiones: chómica, choómica y orfómica ya que estos se desprenden de estudios muy específicos que se han llevado a cabo recientemente. Por consiguiente, las raíces de estos términos no provienen de idiomas neoclásicos. En el resto de los casos se demuestra que los neologismos propuestos respetan los radicales y sufijos cultos propios de estas ciencias, lo que favorece la traducción a otras lenguas. Finalmente, el criterio del contenido informativo arroja un resultado negativo en diecisiete términos. Estos resultados corresponden a diversos factores: seis de estos términos dieron un resultado negativo debido a que para poder entender a que se refieren con exactitud, el lector necesita una explicación. Estos términos son chómica, choómica, incognitómica, orfómica, razonómica, y sacarómica. En cuanto a chómica y choómica es preciso que el lector comprenda que el prefijo CHO en estos términos se desprende de un estudio que se lleva a cabo en los ovarios de hámster chino (*Chinese Hamster Ovary*) y estas células se conocen como células CHO debido a sus siglas en inglés; consiguientemente, quien desconozca este estudio no podría deducir a qué se refieren estos términos. El término incognitómica se refiere a todos aquellos descubrimientos que no encajan en ninguna de las ciencias ómicas conocidas pero que su hallazgo y relevancia no se pueden pasar por alto; todos estos datos se agrupan en esta categoría que en inglés se conoce como *unknown*. Sin embargo, el lector que ignore este término podría interpretarlo como todo aquello que aún no ha sido descubierto o que aún no ha sido estudiado puesto que el origen de la palabra se puede confundir con *unknown* que significa desconocido. El término orfómica proviene de los marcos de lectura abiertos de codificación de proteínas; conocidos como marcos ORF por sus siglas en inglés (*Open Reading Frames*). El término razonómica se refiere a la razón de cambio que es la magnitud que compara dos variables a partir de sus unidades de cambio; el término original es *foldomics* por lo que el lector no

podría deducir su significado si no cuenta con al menos una breve explicación que le detalle que el radical *fold* hace referencia a cambio, y más específicamente a la razón de cambio. El término sacarómica proviene de un estudio realizado con el hongo de la levadura de la cerveza cuyo nombre científico es *saccharomyces cerevisiae*; pero quien no cuente con este dato tan crucial, podría fácilmente confundir el origen del término con estudios en sacarina o en sacarosa o bien no entender del todo a que se refiere este término. Los restantes once términos dieron resultados negativos debido a que no fue posible encontrar información que explique a qué se refieren. Al no haber material disponible, el lector no podría haberse informado sobre estos términos. Dichos términos son: criptómica, cristalizómica, estereómica, fitogenómica, fitoproteómica, inómica, ligamómica, nucleómica, sialómica, sisteómica, y somatonómica.

### 3.3. Gráfico

Se adjunta un gráfico en el cual se visualizan estos resultados:



El siguiente capítulo muestra el glosario y explica la forma en que se realizó. Se brindan definiciones o explicaciones para los términos escogidos.

## Capítulo Cuatro Glosario

En este apartado se detalla la información más sobresaliente con respecto a las ciencias ómicas que aparecen en la traducción. Con el propósito de facilitar la lectura y optimizar el espacio, se visualiza el término original a la derecha y la alternativa que se ofrece a la izquierda.

<b>Término Original</b>	<b>Término Propuesto</b>
<b>1.Agrigenomics</b>	<b>Agrigenómica</b>
Aplicación de la genómica en la agricultura para mejorar la productividad y la sostenibilidad en la producción agrícola y ganadera (Christian-Albrechts-Universidad de Kiel).	
<b>2.Agronomics</b>	<b>Agronómica</b>
Ciencia sobre el manejo de suelos y la producción de cultivos (Oxford University Press).	
<b>3.Antigenomics</b>	<b>Antigenómica</b>
Cadena de ARN positiva en la cual se forma la cadena negativa de los virus (Farlex Partner Medical Dictionary).	
<b>4.Aquagenomics</b>	<b>Acuigenómica</b>
Genómica en acuicultura para acelerar el progreso genético (Yáñez, José M. et al.).	
<b>5.Bacteriomics</b>	<b>Bacteriómica</b>
Ciencia encargada de transformar la salud humana al alterar las bacterias en el cuerpo humano para tratar enfermedades como la hipertensión y condiciones crónicas de la piel (tales como el acné) resaltando el hecho de que el microbioma del cuerpo está fragmentado en composiciones que difieren de persona a persona y de comunidad a comunidad en el mundo (Ciriello Pothier, Kristin).	
<b>6.Behaviuomics</b>	<b>Comportamientómica</b>
Ciencia que se preocupa por la necesidad de comprender el comportamiento estadístico de cada -ómica de forma independiente antes de poder integrarlas y toma en cuenta las relaciones entre las capas específicas de biología que se comparan en un estudio integrado; y finalmente contempla las diferencias de tiempo dentro y entre los dominios -ómicos (Buescher, Joerg Martin and Driggers, Edward M.).	
<b>7.Bibliomics</b>	<b>Bibliómica</b>
Tecnología que se utiliza para minar y analizar la base de datos de literatura biomédica por medio del procesamiento del lenguaje natural lo cual proporciona genes candidatos relacionados con seis procesos reproductivos principales, que incluyen la espermatogénesis, la ovogénesis, la fertilización, desarrollo preimplantación, implantación embrionaria y desarrollo placentario (Yang, Lun et al.).	
<b>8.Biogenomics</b>	<b>Biogenómica</b>
Rama de la biotecnología relacionada con la aplicación de las técnicas de genética y biología molecular al mapeo genético y la secuenciación de ADN de conjuntos de genes o genomas completos con la organización de los resultados en bases de datos y con aplicaciones de los datos en biología (Merriam- Webster Dictionary).	

<b>9.Biomics</b>	<b>Biómica</b>
Fusión de las tecnologías de "biología" y la investigación nutricional (biología de los sistemas nutricionales) incluyendo la modulación de la expresión génica por carbohidratos y ácidos grasos y los polimorfismos génicos que subyacen a las diferencias individuales en la utilización de nutrientes, dando como resultado, por ejemplo, diferente susceptibilidad para desarrollar obesidad (Corthésy-Theulaz, Irene. et al.).	
<b>10.Bionomics</b>	<b>Bionómica</b>
Ciencia que se encarga del estudio y registro de las especies recolectadas para verificar y cuantificar las mismas o bien para clasificarlas según sus características (Linton, Yvonne-Marie et al.).	
<b>11.Cardionomics</b>	<b>Cardiómica</b>
Sistema computarizado portátil que se utiliza para el rendimiento paso a paso de varias pruebas cardiovasculares para la neuropatía autonómica (Portincasa, Piero et al.).	
<b>12.Cardioproteomics</b>	<b>Cardioproteómica</b>
Técnica también conocida como proteómica cardiovascular. Es indispensable para descifrar los cambios en las vías de señalización que ocurren en las enfermedades cardiovasculares (ECV). El corazón y la aorta son tejidos especializados que presentan desafíos únicos para investigar. Actualmente, la diversa gama de técnicas proteómicas y sus aplicaciones han avanzado en la comprensión de los mecanismos de señalización implicados en las ECV en los niveles de interacción proteína-complejo / proteína-proteína, modificaciones postraduccionales y cambios proteínicos inducidos por señalización (Cui, Ziyu et al.).	
<b>13.Chemoproteomics</b>	<b>Quimioproteómica</b>
Estrategia utilizada para caracterizar la selectividad del inhibidor en proteomas complejos. La clave del éxito de este enfoque es el uso de perfiles de proteoma comparativos y competitivos basados en la actividad, en los que se combinan sondas de amplio espectro para informar sobre la inhibición de una familia de proteínas en su ambiente nativo (Baggelaar, Marc P. et al.).	
<b>14.Chomics</b>	<b>Chómica</b>
Nace a raíz de estudios realizados por medio del cultivo de células CHO. En uno de los estudios los resultados mostraron una menor producción de biomasa y anticuerpo IgG en los clones en comparación al control de células CHO de hámster de tipo silvestre, debido a un aumento inesperado en la producción de este último y fue posible demostrar una mayor eficiencia metabólica de los clones debido a la disminución en la producción de lactato, en el caso del clon CHO MDH II (malato deshidrogenasa 2) y a una menor diferencia entre las tasas de producción de lactato y consumo de glucosa en el otro clon CHO (Baldecchi, Alessandra.).	
<b>15.Choomics</b>	<b>Choómica</b>
Los ensayos con células de mamíferos han desempeñado un importante papel en la determinación de la mutagenicidad potencial de los agentes químicos y físicos que rodean al hombre. Los métodos que emplean líneas permanentes son los más generalizados en la actualidad para la rutina de las evaluaciones genotóxicas. Entre ellos la línea obtenida a partir de ovario de hámster chino (CHO), en 1973, por Puck y colaboradores, ha sido la de mayor difusión en el estudio de daño genético al nivel cromosómico (Sánchez, Ángel).	

<b>16.Cardio-genomics</b>	<b>Cardiogenómica</b>
Ciencia encargada de investigar los cambios en la expresión génica cardíaca a nivel de genes individuales, así como las vías biológicas que contienen grupos de genes funcionalmente relacionados. Utilizando una combinación de técnicas computacionales se logra identificar un subconjunto de nuevos genes transformadores del regulador principal de la transcripción mitocondrial (Sihag, Smita et al.).	
<b>17.Cellomics</b>	<b>Celómica</b>
Ciencia que estudia las relaciones entre los comportamientos y las redes neuronales para lo cual propone un enfoque novedoso de la tecnología celular que permite un alto rendimiento y una exploración exhaustiva de las funciones de una neurona única o un subconjunto de neuronas en una red neuronal compleja en un comportamiento particular (Aoki, Wataru et al.).	
<b>18.Chemogenomics</b>	<b>Quimiogenómica</b>
Ciencia que explora completamente las redes de interacción molecular que subyacen al abuso de drogas y modula eficazmente los receptores acoplados a proteínas G en estas redes con moléculas pequeñas para tratar el abuso de drogas (Xie, Xiang-Qun et al.).	
<b>19.Chromonomics</b>	<b>Cromonómica</b>
Ciencia que estudia la química que controla la regulación genérica del ADN funcional dentro de una célula (Shmaefsky, Brian).	
<b>20.Chondriomics</b>	<b>Condriómica</b>
Ciencia que estudia la importancia de la estructura del óvulo de los mamíferos durante todas las etapas de la ovogénesis, la morfología de la yema característica de cada especie y la disposición peculiar de los condriomas (Van Der Stricht, O).	
<b>21.Chronomics</b>	<b>Cronómica</b>
Ciencia que se encarga de trazar un paralelo entre el mapeo del genoma, la genómica generada por la genética, y la cronología, una rama de la cronobiología (Halberg, F. et al.).	
<b>22.Clinomics</b>	<b>Clinómica</b>
Enfoque para estudios clínicos que analiza la deconvolución del rendimiento citorreparativo en ensayos clínicos con la finalidad de ofrecer una oportunidad sin precedentes para mapear vías que segregan estados regenerativos de estados no regenerativos y que informan la evolución de los sistemas de calidad cardioregenerativos. Un primer ejemplo de este enfoque es la especificación del linaje mediada por cardiopoesis desarrollada para garantizar el rendimiento regenerativo (Terzic, Andre y Behfar).	
<b>23.Complexomics</b>	<b>Complejómica</b>
Técnica que se encarga de separar complejos proteicos intactos o proteínas interaccionales sin disociación o desnaturalización a partir de muestras biológicas complejas y caracterizar subunidades estructurales de complejos proteicos (Wang, Xiaodong et al.).	
<b>24.Cryptomics</b>	<b>Criptómica</b>
Herramienta que ayuda a descubrir los criptopéptidos ocultos para su correspondiente identificación y caracterización. El criptoma de un mamífero consiste en péptidos bioactivos generados por la proteólisis de las proteínas precursoras. Se especula que el repertorio del criptoma aumenta la complejidad del proteoma en un orden de magnitud. Se ha encontrado que los criptopéptidos funcionan en una amplia gama de procesos que incluyen la señalización neuronal, la presentación de antígenos y la respuesta inflamatoria y que son agentes terapéuticos potenciales (Samir, Parimal y Link).	

<b>25.Crystallomics</b>	<b>Cristalizómica</b>
Las moléculas biológicamente importantes deben cristalizarse de la solución antes de que se puedan determinar sus estructuras atómicas. Una vez que se han determinado sus estructuras, se pueden obtener detalles estructurales confiables y finos, que son cruciales para el diseño de fármacos basados en estructuras. La cristalización es un proceso importante pero muy poco conocido. La incapacidad de producir cristales de buena calidad es una limitación severa de la cristalografía de proteínas (Sedzik, Jan y Riccio).	
<b>26.Crystalomics</b>	<b>Cristalómica</b>
Terapias basadas en proteínas, específicamente los anticuerpos monoclonales, que se han convertido en el foco de la I + D farmacéutica en la última década. Estos productos biológicos ofrecen muchas posibilidades para tratar diversas enfermedades, pero también presentan desafíos considerables durante el desarrollo. Esto se debe a que, tradicionalmente, las terapias basadas en proteínas se administran a altas concentraciones debido a su tamaño, complejidad bioquímica y baja biodisponibilidad. Estas concentraciones más altas pueden aumentar las viscosidades de la solución, dando como resultado la posible formación de agregados, que están asociados con una actividad biológica alterada y un aumento de la inmunogenicidad (Ajinomoto Althea, Inc).	
<b>27.Cytomics</b>	<b>Citómica</b>
Estudio que tiene como objetivo determinar el fenotipo molecular de las células individuales. Dentro del contexto de la -ómica, la citómica permite la investigación de múltiples características bioquímicas de los sistemas celulares heterogéneos conocidos como los citomas. La ciencia cíclica se puede considerar como la ciencia del análisis basado en células individuales que vincula la genómica y la proteómica con la dinámica de la función celular y tisular, modulada por influencias externas. La capacidad multiparamétrica de la citómica es muy útil para la identificación, caracterización y aislamiento de poblaciones de células madre (Herrera, Guadalupe et al.).	
<b>28.Degradomics</b>	<b>Degradómica</b>
Estudio de proteasas en todo el sistema y su regulación de sustratos posteriores. La clave para entender la función de una proteasa dada es definir cómo, cuándo y qué sustratos procesa. Esto proporciona información valiosa que se puede utilizar para ayudar a guiar la selección de posibles sustratos según las secuencias de reconocimiento previstas. La atención se ha dirigido recientemente a los métodos que permiten identificar directamente los sustratos de proteasas nativas. Se deben separar los fragmentos de proteínas que se producen por la acción de una proteasa de la miríada de otras proteínas y péptidos que existen dentro de las células. La clave es encontrar formas de enriquecer estos fragmentos de proteína elusivos (Bogyo Matthew).	
<b>29.Diagnomics</b>	<b>Diagnostómica</b>
Pruebas de diagnóstico molecular que proporcionan información específica del paciente para su uso en la toma de decisiones; Los diagnósticos también se definen como marcadores de diagnóstico molecular con impacto pronóstico y económico (Segen's Medical Dictionary).	
<b>30.Embryogenomics</b>	<b>Embriogenómica</b>
Ciencia que sugiere que las enzimas metabólicas tienen roles específicos del tejido durante el desarrollo embrionario. Los órganos y sus tejidos constituyentes tienen propiedades químicas y físicas características acordes con sus funciones. La mayoría de estas propiedades son impartidas por macromoléculas de lípidos y carbohidratos, por sí mismas o como conjugados de proteínas, sintetizadas por estos tejidos (Priti, Roy et al.).	

<b>31.Economics</b>	<b>Económica</b>
La econofísica que es una nueva palabra, utilizada para describir el trabajo que realizan los físicos en el que los sistemas financieros y económicos se tratan como sistemas complejos. Todos se ven afectados por las fluctuaciones económicas, y cuantificar las fluctuaciones es un tema al que muchos físicos han contribuido en los últimos años. Además, es posible que los métodos y conceptos desarrollados en el estudio de sistemas de fluctuación fuerte puedan arrojar nuevos resultados en economía (Stanley, H et al.).	
<b>32.Enzymomics</b>	<b>Enzimómica</b>
Ciencia que estudia las funciones enzimáticas con el fin de tratar enfermedades de este tipo. Las funciones enzimáticas a menudo se alteran durante el inicio y la progresión de la enfermedad, y, por lo tanto, los estudios químico-biológicos, que utilizan conocimiento químico para descubrir nuevas funciones proteínicas, a menudo se emplean para encontrar proteínas con funciones estrechamente relacionadas con los fenotipos de la enfermedad. Dichos estudios se conocen como enfoques químicos biológicos avanzados y forman parte del campo emergente de la enzimómica. (Komatsu, T.).	
<b>33.Epigonomics</b>	<b>Epigenómica</b>
Ciencia encargada de investigar cómo los mecanismos epigenéticos contribuyen a la salud humana y a la enfermedad. Se toman en cuenta varias áreas relevantes, incluido el desarrollo de tecnología en epigenética e imágenes epigenéticas, el descubrimiento y la caracterización de nuevas marcas epigenéticas, y la investigación de cómo las firmas epigenéticas se alteran en la enfermedad humana. El objetivo es obtener una mejor comprensión del patrón normal de modificación epigenética, lo que permitirá realizar comparaciones entre diferentes tejidos y tipos de células, y servirá como referencia para comparar con muestras enfermas (Helbling, Lisa).	
<b>34.Epitomics</b>	<b>Epitopómica</b>
El sistema inmunitario conserva la memoria de las infecciones actuales y pasadas y puede detectar la presencia de cáncer mediante la elaboración de autoanticuerpos contra proteínas tumorales. En presencia de una enfermedad autoinmune, el sistema inmune es un biosensor natural y eficiente. Por lo tanto, esta ciencia explora el sistema inmune a través de un proceso de alto rendimiento para aislar epítomos específicos de la enfermedad con fines diagnósticos y terapéuticos. Estos antígenos clonados específicos de la enfermedad se detectan robóticamente en micromatrices de proteínas y se interrogan con suero de los sujetos analizados. Estas matrices ofrecen perfiles personalizados de exposiciones antigénicas y dianas terapéuticas para la inmunoterapia personalizada. El sistema inmune es el último biosensor, superior a cualquier cosa que un humano pueda crear y esté listo para ser explotado para la biotecnología y la biomedicina (Chatterjee, M. et al.).	
<b>35.Expressomics</b>	<b>Expresiómica</b>
Al maniobrar con técnicas de cultivo de tejidos / células, la ciencia ha logrado un éxito considerable en el área de la micropropagación, la embriogénesis somática y la transformación genética. Además, por medio del uso de marcadores moleculares, ha facilitado la identificación de loci de caracteres cuantitativos y el descubrimiento de genes asociados con abióticos o tolerancia al estrés biótico y rasgos agronómicos (Mukhopadhyay, M. et al.).	

<b>36.Fluxomics</b>	<b>Flujómica</b>
<p>Las tasas de reacción metabólica (flujos) contribuyen fundamentalmente a nuestra comprensión de los fenotipos metabólicos y los mecanismos de regulación celular. La flujómica estable basada en isótopos integra datos experimentales con redes bioquímicas y modelos matemáticos para "medir" los flujos in vivo dentro de un organismo que no son directamente observables. En los últimos años, esta ciencia se ha convertido en una tecnología con gran diversidad experimental, analítica y matemática (Niederfuhr, S.).</p>	
<b>37.Foldomics</b>	<b>Razonómica</b>
<p>Medida en la cual una variable se modifica con relación a otra. Se trata de la magnitud que compara dos variables a partir de sus unidades de cambio. En caso de que las variables no estén relacionadas, tendrán una razón de cambio igual a cero. La razón de cambio más frecuente es la velocidad, que se calcula dividiendo un trayecto recorrido por una unidad de tiempo. La velocidad se entiende a partir del vínculo que se establece entre la distancia y el tiempo. Dependiendo de cómo se modifica la distancia recorrida en el tiempo por el movimiento de un cuerpo se puede saber cuál es su velocidad (Pérez, Julián y Ana Gardey).</p>	
<b>38.Fragmentomics</b>	<b>Fragmentómica</b>
<p>Se dan las bases y la determinación de la noción del "fragmento" como un conjunto de todos los fragmentos de una sola sustancia, así como para el fragmento global de todos los componentes químicos de los organismos vivos. Se describe cómo se forman los fragmentos de proteína-péptido en la naturaleza, qué métodos experimentales y teóricos se utilizan para su investigación, así como las características matemáticas de los fragmentos. Se señala la posible importancia práctica del uso de fragmentos naturales en dietología, terapia, así como en higiene sanitaria y cosméticos (Zamyatnin, AA.).</p>	
<b>39.Functomics</b>	<b>Funcionómica</b>
<p>La aplicación de las tecnologías ómicas en la ciencia de los alimentos tiene como objetivo definir la composición (bio) química completa y detallada de los alimentos y su modificación durante el proceso de producción para evaluar correctamente sus propiedades. La funcionómica evalúa específicamente las propiedades funcionales. El proteoma se refleja muy de cerca en el proceso (bio) químico que sufre un sistema. Las proteínas de los alimentos son al mismo tiempo, una fuente pasiva de aminoácidos, pero también un componente alimenticio activo que da a los alimentos su textura. La funcionómica analiza sus características funcionales y sensoriales (Picariello, Gianluca et al.)</p>	
<b>40.Gastrogenomics</b>	<b>Gastrogenómica</b>
<p>Ciencia que estudia las secuencias genómicas. Existen numerosas razones para tomarse la molestia de determinar secuencias genómicas completas y precisas de microorganismos. En aquellos microbios con propiedades patogénicas, el conjunto total de instrucciones proporciona una base potencialmente poderosa para el desarrollo de vacunas y otros agentes terapéuticos. Las secuencias genómicas ofrecen información sobre el rango de funciones que posee un organismo, la importancia relativa que la selección natural concede a cada función y la historia evolutiva del organismo. Además, la disponibilidad de secuencias genómicas completas ha engendrado una enorme variedad de enfoques creativos para el análisis funcional global de genes y redes de genes. Hay una virtud particular en tener una secuencia contigua de un genoma completo; no sólo es posible predecir todas o casi todas las proteínas que están presentes en el organismo, sino que lo que está ausente también se vuelve significativo (Eisen, Jonathan).</p>	

<b>41.Genomics</b>	<b>Genómica</b>
Política genómica como planes de acción formales o principios para guiar la toma de decisiones y las mejores prácticas en investigación, salud pública y atención clínica. Las políticas de genómica a nivel federal, estatal, organizacional e institucional abordan un amplio espectro de cuestiones desde cómo se almacenan y comparten las muestras de investigación genómica hasta si se utilizan nuevas tecnologías genómicas en la práctica clínica y cómo se utilizan (Lemke, Amy y Julie Harris-Wai).	
<b>42.Glycomics</b>	<b>Glicómica</b>
Disciplina científica centrada en la definición de las estructuras y roles funcionales de los glucanos en los sistemas biológicos. La asombrosa complejidad del glicoma, definida mínimamente como el repertorio de glicanos expresados en una célula u organismo, ha resultado en muchos desafíos que deben superarse; estos se están abordando mediante nuevos avances en la espectrometría de masas, así como la expansión de los estudios genéticos y de biología celular. Se ha proporcionado información sobre cómo funcionan los glucanos en el reconocimiento y la señalización dentro de un organismo y con microbios y patógenos (Cummings, Richard y Pierce J. Michael).	
<b>43.Glycoproteomics</b>	<b>Glicoproteómica</b>
Análisis específico del sitio del glicoproteoma a nivel del sistema. Los flujos de trabajo experimentales de glicoproteómica típicamente se inician con la extracción de proteínas de muestras biológicas, desnaturalización y digestión con proteasas. En este paso, pueden introducirse marcadores isotópicos que ayudan en la cuantificación de glucopéptidos (por ejemplo, ionización y fragmentación). Las mezclas de péptidos resultantes a menudo son extremadamente complejas y, por consiguiente, los glucopéptidos típicamente se enriquecen y / o se prefraccionan antes de la detección, habitualmente mediante espectrometría de masas. Los experimentos de glicoproteómica se basan comúnmente en la identificación, y con menor frecuencia, también la cuantificación de glucopéptidos intactos. La glicoproteómica proporciona información de todo el sistema sobre los portadores de glicoproteínas, los sitios de unión al glicano, las ocupaciones de glicosilación en cada sitio y la estructura y heterogeneidad de los glicanos unidos (Taysen-Andersen, Morten et al.).	
<b>44.Hybridomics</b>	<b>Hibridómica</b>
Ciencia que se encarga de estudiar las hibridomas de células T, las cuales son herramientas útiles para estudiar eventos celulares, moleculares y funcionales específicos de antígeno a nivel monoclonal. A diferencia de los clones primarios de células T, que eventualmente pueden perder su especificidad antigénica durante un período de tiempo si no se estimulan, las hibridomas de células T pueden mantener la especificidad del antígeno durante períodos prolongados debido a su capacidad inherente para crecer continuamente en cultivos (Krishnan, Bharathi et al.).	
<b>45.Immunomics</b>	<b>Inmunómica</b>
Tecnología a gran escala direccionable espacialmente para medir la respuesta inmunológica específica. Los datos inmunológicos se utilizan con éxito para identificar marcadores biológicos implicados en enfermedades autoinmunes, alergias, infecciones virales como el virus de inmunodeficiencia humana (VIH), gripe, diabetes y respuestas a vacunas contra el cáncer. Se contempla el uso de micro matrices inmunológicas como una herramienta para los avances en la biología de sistemas de respuestas inmunes celulares, por medio de modelos de redes reguladoras inmunológicas (Braga-Neto, Ulisses y Ernesto Marques).	

<b>46.Immunoproteomics</b>	<b>Inmunoproteómica</b>
<p>Técnica que se ha utilizado para identificar posibles candidatos a vacunas para proteger contra las bacterias patógenas. La combinación de proteómica con la detección de antígenos inmunorreactivos utilizando suero resalta proteínas inmunogénicas que se expresan durante la infección. Esto es particularmente útil cuando se usa suero del paciente ya que se identifican los antígenos que promueven una respuesta humoral durante la infección humana. Se han logrado vacunas candidatas que se han identificado mediante inmunoproteómica y que han protegido con éxito a los animales frente a la exposición cuando se prueban en estudios de inmunización. Muchas proteínas inmunorreactivas son comunes a varios patógenos no relacionados, sin embargo, algunos de estos no son siempre protectores en la inmunización animal y los estudios de provocación. La inmunoproteómica es una tecnología importante en la identificación de nuevos antígenos vacunales (Dennehey, Ruth y Siobhán McClean).</p>	
<b>47.Inomics</b>	<b>Inómica</b>
<p>Método de acoplamiento de dos tablas (análisis de co-inercia) para examinar covariantes. Los patrones de expresión génica entre conjuntos de datos de micromatrices de dos plataformas diferentes proporcionan funciones para el análisis de inercia múltiple y la representación gráfica de modo que la similitud general de los diferentes conjuntos de datos podría interpretarse fácilmente. El método podría aplicarse cuando varios conjuntos de variables (genes, transcripciones, proteínas) se miden en el mismo conjunto de individuos (líneas celulares). Por lo que el término también hace referencia a la integración de estudios ómicos para llevar a cabo investigaciones específicas (Meng, Chen y Amin Moghaddas).</p>	
<b>48.Integromics</b>	<b>Integrómica</b>
<p>Técnica que se utiliza para el desciframiento de los mecanismos de envejecimiento de entidades moleculares. Se explotan mecanismos de envejecimiento cardíaco que es un factor de riesgo para múltiples enfermedades cardiovasculares capturando la sinergia de los micronomas y detectando las firmas de longevidad en forma de comunidades (módulos). Este mecanismo puede promover la terapia contra las enfermedades cardiovasculares relacionadas con la edad desde la prevención hasta la detección, el diagnóstico, el tratamiento y el resultado (Dimitrakopoulou, Konstantina et al.).</p>	
<b>49.Ionomics</b>	<b>Ionómica</b>
<p>Estrategia para mejorar la tolerancia de las plantas a la toxicidad de metales pesados. Es de suma importancia ya que la contaminación por metales pesados del suelo y el agua que causa toxicidad / estrés se ha convertido en una limitación importante para la productividad y la calidad de los cultivos. Esta situación se ha agravado aún más por el crecimiento de la población y la demanda inherente de alimentos. Contrarrestar la toxicidad debida al metal pesado requiere de mecanismos complejos a nivel molecular, bioquímico, fisiológico, celular, tisular y de toda la planta, lo que podría manifestarse en términos de una mejor productividad de los cultivos (Malinouski, Mikalai et al.).</p>	

<b>50. Interactomics</b>	<b>Interacciómica</b>
<p>Ciencia que se utiliza para proporcionar una mayor comprensión de los mecanismos patogénicos subyacentes a enfermedades tales como la esclerosis lateral amiotrófica (ELA) y determinar en qué medida las proteínas asociadas comparten parejas de unión. Se realizan análisis interacciómicos de las proteínas asociadas a la enfermedad en células neuronales. Debido a que las mutaciones genéticas pueden conducir a fenotipos de ganancia o pérdida de función y cambios en la localización subcelular de la proteína afectada, se determinan interacciomas para proteínas de tipo salvaje o proteínas que portan una mutación asociada a la enfermedad (Blokhuys, Anna et al.).</p>	
<b>51. Kinomics</b>	<b>Cinetómica</b>
<p>Estudio de quinasas y fosfatasa, así como sus objetivos, y se ha utilizado para estudiar los cambios funcionales en numerosas enfermedades infecciosas con el objetivo de delinear las funciones celulares afectadas. La identificación de las vías de señalización del fosfato modificadas por ciertas enfermedades o infecciones puede conducir a nuevas dianas terapéuticas. Todas las funciones celulares, que van desde mantenimiento celular regular y homeostasis, funciones especializadas específicas para tipos celulares o generación de respuestas debido a estímulos externos, están mediadas por proteínas dentro de la célula. La regulación de estas proteínas permite a la célula alterar su comportamiento en diferentes circunstancias. Un mecanismo importante de regulación de proteínas es utilizar proteínas quinasas y fosfatasa; enzimas que catalizan la transferencia de fosfatos entre sustratos (Berard, Alicia et al.).</p>	
<b>52. Ligandomics</b>	<b>Ligandómica</b>
<p>Ciencia que se encarga de la identificación de dianas fisiológicamente relevantes para guiar las respuestas inmunes específicas de un tumor, por ejemplo, mediante la vacunación con péptidos. Se propone un enfoque que combine ligandos de antígenos leucocitarios humanos con análisis de inmunogenicidad asociados a tumores. Por medio de inhibidores se logra demostrar la efectividad clínica de la inmunoterapia del cáncer (Kerstin, Janet et al.).</p>	
<b>53. Ligamomics</b>	<b>Ligamómica</b>
<p>Ciencia que se utiliza para realizar estudios de los ligamentos. Por ejemplo, se realizó un estudio para la identificación de los ligamentos de soporte de la articulación carpometacarpiana del pulgar. El ancho, la longitud y el grosor del ligamento se registraron para el análisis morfométrico. Se analizaron los ligamentos dorsales y volares. Se identificaron siete ligamentos principales de la articulación carpometacarpiana del pulgar: tres ligamentos dorsales deltoides (dorsal radial, dorsal central, posterior oblicuo), dos ligamentos volantes (oblicuo anterior y colateral cubital), y dos ligamentos cubitales (trapeziometacarpiano dorsal e intermetacarpal). Los ligamentos dorsales eran significativamente más gruesos que los ligamentos volares, con una celularidad significativamente mayor y una mayor inervación sensorial en comparación con el ligamento oblicuo anterior (Ladd, Amy et al.).</p>	
<b>54. Linkomics</b>	<b>Enlazómica</b>
<p>Técnica que se enfoca en vincular cuantitativamente los genes y las vías con los eventos clave, y en la interpretación de los cambios inducidos químicamente a nivel molecular. Es valiosa para la evaluación de vínculos biológicamente plausibles y con apoyo empírico entre diferentes niveles de organización biológica, incluidas las mediciones moleculares y bioquímicas. Representa el enlace entre una perturbación química, lo que conduce a un evento de inicio molecular (Brockmeier, Erica et al.).</p>	

<b>55.Lipidomics</b>	<b>Lipidómica</b>
<p>Campo de estudio que incluye los nuevos métodos de extracción de lípidos, nuevas estrategias lipidómicas para la identificación y cuantificación de clases de lípidos previamente accesibles y especies moleculares, tales como los isómeros, y nuevas herramientas para el procesamiento y la interpretación de datos lipidómicos. Se centra en el análisis de las estructuras lipídicas, niveles de masa, funciones celulares e interacciones de forma espacial y temporal para determinar los cambios dinámicos de los lípidos durante las perturbaciones fisiológicas o patológicas y los ciclos de vida. Los estudios recientes en lipidómica se han centrado principalmente en cinco áreas. Estas incluyen (1) identificación de nuevas clases de lípidos y especies moleculares; (2) desarrollo de métodos cuantitativos para el análisis de lípidos en células, tejidos o fluidos biológicos a nivel de atomoles a femtomoles por mg de proteína; (3) análisis de vías que aclaran la adaptación metabólica en la salud y el análisis de enfermedades y biomarcadores que facilitan el diagnóstico de los estados de enfermedad y la determinación de la eficacia del tratamiento; (4) mapeo del tejido de distribución alterada de lípidos presente en órganos complejos; y (5) enfoques bioinformáticos para el procesamiento automatizado de alto rendimiento (Wang, Miao et al.).</p>	
<b>56.Lipoproteomics</b>	<b>Lipoproteómica</b>
<p>Análisis proteómico de las lipoproteínas. Las lipoproteínas son centralmente importantes en el transporte de lípidos, el metabolismo y las enfermedades cardiovasculares. La lipoproteína prototípica tiene una cubierta externa de lípidos anfipáticos y proteínas que solubilizan un núcleo lipídico hidrofóbico. Las proteínas asociadas a las lipoproteínas se han visto clásicamente como elementos estructurales y factores importantes en el metabolismo de los lípidos. Recientes análisis de espectrometría de masas revelan que la carga de proteínas de las lipoproteínas es mucho más diversa de lo que se creía previamente, lo que aumenta la posibilidad de que las lipoproteínas desempeñen papeles previamente insospechados en los mecanismos de defensa del hospedador y en la inflamación. Además, las proteínas asociadas a las lipoproteínas pueden identificar riesgo de enfermedad cardiovascular (Hoofnagle, Andrew y Jay Heinecke).</p>	
<b>57.Localizomics</b>	<b>Localizómica</b>
<p>Ciencia que se encarga de la localización de proteínas. Los análisis de proteoma generalmente comprenden la separación, cuantificación e identificación de proteínas por medio de métodos tales como la electroforesis en gel bidimensional en la que las proteínas separadas se visualizan y cuantifican después de la tinción con reactivos, la separación sin gel que generalmente se basa en la cromatografía, la espectrometría de masas que es la más ampliamente utilizada para la identificación de proteínas con la evaporación de péptidos y proteínas mediante desorción / ionización láser (Kato, Hisanori et al.).</p>	
<b>58.Metabolomics</b>	<b>Metabolómica</b>
<p>Ciencia que cuantifica simultáneamente múltiples tipos de moléculas pequeñas, como aminoácidos, ácidos grasos, carbohidratos u otros productos de funciones metabólicas celulares. Los niveles de metabolitos y las proporciones relativas reflejan la función metabólica, y las perturbaciones fuera de rango normal a menudo son indicativas de enfermedad. Las medidas cuantitativas de los niveles de metabolitos han hecho posible el descubrimiento de nuevos loci genéticos que regulan moléculas pequeñas, o sus proporciones relativas, en plasma y otros tejidos (Ghazalpour, Anatole et al.).</p>	

<b>59. Metabonomics</b>	<b>Metabonomía</b>
Estudio de la respuesta metabólica de los organismos a la enfermedad, cambio ambiental o modificación genética y se ha convertido en una tecnología líder en una serie de campos, incluida la biología y la medicina, con nuevas áreas emergentes (Everett, Jeremy).	
<b>60. Metallomics</b>	<b>Metalómica</b>
Campo emergente de la metalómica que tiene como objetivo estudiar la totalidad de los oligoelementos en un material dado. Con respecto al progreso reciente en este campo, se han reunido científicos de las ciencias biológicas, químicas, ambientales, clínicas y de medición para crear una mayor comprensión del papel de los metales y compuestos metálicos en estos sistemas. Debido a que los metales como el zinc, hierro y cobre juegan un papel importante en los procesos celulares y moleculares en biología, el objetivo principal de la metalómica en biología y medicina es facilitar la disección de las funciones biológicas específicas asociadas con estos oligoelementos (Easter, Renee et al.).	
<b>61. Metalloproteomics</b>	<b>Metaloproteómica</b>
Ciencia que implica el análisis exhaustivo de todas las proteínas que contienen metales o que se unen a metales en una muestra biológica. Esta ciencia está ganando importancia en la investigación de enfermedades humanas. La metaloproteómica puede elucidar con precisión el papel de los metales en la enfermedad de Alzheimer a nivel molecular. Otro ejemplo tiene que ver con la inmunidad nutricional (proceso por el cual el huésped secuestra los nutrientes que son esenciales para el crecimiento bacteriano en respuesta a una infección bacteriana). El hierro es quizás el ejemplo mejor caracterizado de la inmunidad nutricional, ya que el huésped usa varios mecanismos para limitar la disponibilidad de hierro para invadir patógenos. Los organismos patógenos, sin embargo, han evolucionado para evitar este problema. La metaloprotección de estos organismos patógenos puede resolver estas vías y ofrecer nuevas pistas para el tratamiento (Hagedoorn, Peter).	
<b>62. Methyloomics</b>	<b>Metilómica</b>
Estrategia para estudiar la dinámica de la variación epigenómica interindividual en una variedad de enfermedades humanas comunes. Una forma de abordar este problema es identificando los orígenes temporales de las variantes epigenéticas a través de análisis longitudinales. Sin embargo, los estudios prospectivos de cohortes de nacimiento son costosos y lentos. Por medio de muestreos de seguimiento, se logra identificar la variación de la metilación del ADN interindividual que está presente tanto al nacer como tres años después. Estos hallazgos sugieren que la variación epigenética relevante para la enfermedad podría detectarse en el momento del nacimiento, es decir, antes de que se manifieste la enfermedad clínica (Beyan, Huriya et al.).	

<b>63.Microbiomics</b>	<b>Microbiómica</b>
<p>Ciencia en la que todos los microorganismos de una comunidad determinada (microbiota) se investigan juntos. Podría ser la microbiota de una muestra ambiental (por ejemplo, tierra o agua), un sitio particular del cuerpo (por ejemplo, el intestino o la boca) o de un organismo particular (por ejemplo, animales de granja o de zoológico). La investigación de comunidades microbianas ambientales puede ser de particular interés en el descubrimiento de organismos novedosos con propiedades interesantes, como la producción de productos naturales antimicrobianos. La investigación sobre la microbiota intestinal de animales de granja tiene el potencial microbiológico de ayudar a la industria agrícola a mejorar el crecimiento de los animales y reducir el exceso de antibióticos (un importante factor de resistencia a los antimicrobianos). Grupos de investigación de la microbiota comensal humana (la microflora normal asociada a nuestros cuerpos) están explorando los muchos roles potenciales que estos organismos juegan en la salud y la enfermedad, y cómo la alteración de estas comunidades microbianas puede afectar nuestro bienestar (Leeds Omics).</p>	
<b>64.Microgenomics</b>	<b>Microgenómica</b>
<p>Estudio que proporciona una forma precisa de seleccionar una población específica de células tumorales lo que reduce la varianza introducida por la inclusión de tejido estromal que confunde el análisis de expresión génica. Esto es particularmente valioso en el estudio de tumores que no tienen un patrón de crecimiento sólido, sino que se caracterizan por un componente infiltrante y quístico que impide la adquisición de tejido tumoral no contaminado por análisis convencional de tejido a granel (DeVilliers, P. et al.).</p>	
<b>65.Mitochondriomics</b>	<b>Mitocondriómica</b>
<p>Estudio de las mitocondrias (pequeños orgánulos que conservan su propio ADN) y que por lo tanto desempeñan un papel importante en los procesos de enfermedad, dado que cada célula de nuestro cuerpo depende del metabolismo energético. En la actualidad este tipo de estudios incluyen factores ambientales ya que las células pueden responder a los factores estresantes del medio ambiente de muchas maneras tales como inducir el estrés, la inflamación oxidativa, cambios en la producción de energía y alteraciones epigenéticas. Las mitocondrias son muy sensibles a los insultos ambientales. Por consiguiente, las exposiciones ambientales afectan los mecanismos mitocondriales que pueden conducir a un mayor riesgo de enfermedad (Brunst, Kelly et al.).</p>	
<b>66.Neuropharmacogenomics</b>	<b>Neurofarmacogenómica</b>
<p>En neurología, como en cualquier otra especialidad clínica, existe la necesidad de desarrollar estrategias de tratamiento que permitan la estratificación de terapias para optimizar la eficacia y minimizar la toxicidad. La farmacogenómica es uno de esos métodos para la optimización de la terapia: su objetivo es dilucidar la relación entre la variación de la secuencia del genoma humano y las respuestas diferenciales de los fármacos. Los enfoques se han centrado en los genes relacionados con la absorción, la distribución, el metabolismo y la eliminación, así como en las vías farmacocinéticas y los potenciales objetivos farmacológicos o vías farmacodinámicas (Chan, A. et al.).</p>	

<b>67.Neuroproteomics</b>	<b>Neuroproteómica</b>
<p>La proteómica ha logrado mejoras en las plataformas de espectrometría de masas, algoritmos de identificación de péptidos y bioinformática. Esto no sólo permite una identificación y modificación de péptidos y proteínas en profundidad y precisas, sino también la medición sensible de la cuantificación relativa o absoluta. Estos métodos se aplican al área de la neuroproteómica (proteómica enfocada en el sistema nervioso central). El sistema nervioso central plantea muchos desafíos específicos en términos de proteómica cuantitativa, dada la gran cantidad de tipos de células neuronales diferentes que se entremezclan y que exhiben patrones distintos de expresión de genes y proteínas. Los avances en neuroproteómica cuantitativa, abarcan la función cerebral normal, así como a diversos trastornos neuropsiquiátricos tales como la esquizofrenia y la adicción a las drogas y enfermedades neurodegenerativas que incluyen la enfermedad de Parkinson y la enfermedad de Alzheimer (Craft, George et al.).</p>	
<b>68.Nucleomics</b>	<b>Nucleómica</b>
<p>Ciencia que se utiliza para cuantificar eventos asociados con tumores malignos relacionados con tejidos con el fin de evaluar la progresión y el manejo de la enfermedad. Estos estudios se llevan a cabo cuando se encuentran alteraciones significativas en el tamaño nuclear, la forma y la organización de la heterocromatina (transcripción de ADN), y las proteínas estructurales y transcripcionales nucleares clave, así como los cuerpos nucleares múltiples que pueden conducir a cambios precancerosos y malignos. Estos procedimientos incluyen varias alteraciones genéticas y epigenéticas, así como alteraciones en la estructura de la cromatina, que ocurren en respuesta a eventos relacionados con el estrés carcinogénico que sostienen la señalización proliferativa. Estos eventos incluyen el evadir los supresores del crecimiento, resistir la muerte celular, permitir la inmortalidad replicativa, inducir la angiogénesis y activar la invasión y la metástasis (Veltri, Robert et al.).</p>	
<b>69.Nutragenomics</b>	<b>Nutragenómica</b>
<p>Disciplina que intenta explicar cómo los nutrientes o sustancias químicas comunes en la dieta afectan la salud de una persona, alterando la expresión génica. Los principios básicos de esta disciplina son los siguientes:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Los químicos comunes de la dieta actúan sobre el genoma humano, directa o indirectamente, para alterar la expresión o estructura génica.</li> <li>• Bajo ciertas circunstancias y en algunos individuos, la dieta puede ser un factor de riesgo grave para una serie de enfermedades.</li> <li>• Algunos genes regulados por la dieta son genes de susceptibilidad y probablemente desempeñan un papel en el inicio, incidencia, progresión y / o severidad de enfermedades crónicas.</li> <li>• El grado en que la dieta influye en el equilibrio entre los estados saludables y de enfermedad puede depender del maquillaje genético.</li> <li>• La intervención dietética basada en el conocimiento de la nutrición, se puede utilizar para prevenir, mitigar o curar enfermedades crónicas.</li> </ul> <p>La nutragenómica examina la relación entre los genes y la comida, y promete explicar por qué algunas personas que comen hamburguesas con papas fritas se mantienen delgadas mientras otros luchan por adelgazar (McKinney, Jeffrey).</p>	

<b>70.Nutrigenomics</b>	<b>Nutrigenómica</b>
<p>Ciencia del efecto de la variación genética en la respuesta dietética y el papel de los nutrientes y los compuestos de alimentos bioactivos en la expresión génica. Esto permite obtener una mejor comprensión de las interacciones nutriente-gen en función del genotipo con el objetivo final de desarrollar estrategias nutricionales personalizadas para una salud óptima y la prevención de enfermedades. Hay tres factores centrales que sustentan la importancia de esta ciencia. En primer lugar, existe una gran diversidad en el genoma heredado entre grupos étnicos e individuos que afecta la biodisponibilidad y el metabolismo de los nutrientes. En segundo lugar, las personas difieren mucho en cuanto a su disponibilidad de alimentos, nutrientes y sus elecciones en función de las diferencias culturales, económicas, geográficas y de percepción del gusto. La tercera es la malnutrición que en sí misma puede afectar la expresión génica y la estabilidad del genoma; esto conduce a mutaciones en la secuencia del gen lo que puede causar una dosificación de genes anormales y la expresión de genes que conducen a fenotipos adversos durante las diversas etapas de la vida (Fenech, Michael et al.).</p>	
<b>71.Oncogenomics</b>	<b>Oncogenómica</b>
<p>Ciencia que tiene como objetivo proporcionar información útil sobre la estratificación molecular de pacientes con tumores. El cáncer es causado por la acumulación espacial y temporal de alteraciones en el genoma de una célula dada. Esto conduce a la desregulación de las vías de señalización clave que desempeñan un papel fundamental en el control de la proliferación celular y el destino celular. El gen supresor de tumores p53 es la causa más frecuente de las alteraciones genéticas en los cánceres humanos. La principal ventaja selectiva de tales mutaciones es la eliminación de la actividad celular p53 de tipo salvaje. Además, muchas evidencias <i>in vitro</i> e <i>in vivo</i> han demostrado que al menos ciertas formas mutantes de p53 pueden tener una ganancia de función, por lo que contribuyen a la progresión del cáncer (Donzelli, Sara et al.).</p>	
<b>72.Oncopharmacogenomics</b>	<b>Oncofarmacogenómica</b>
<p>Ciencia que busca establecer un tratamiento individualizado al combinar oncología con hematología. El objetivo principal es facilitar la transferencia y armonización de las pruebas farmacogenéticas de investigaciones y educar a los profesionales de la salud. Se llevó a cabo un estudio que puso en evidencia la información compilada sobre el conocimiento actual de farmacogenómica en oncología pediátrica para analizar en qué etapa se encuentran los investigadores y los clínicos, en términos de personalización de la medicina para niños con cáncer (Mlakar, Vid et al.).</p>	
<b>73.Operomics</b>	<b>Operómica</b>
<p>Análisis molecular de tejidos y células en los tres niveles que están conectados a través del proceso de codificación, a saber, ADN, ARN y proteína. La premisa es que ningún nivel o tipo de análisis captura completamente la expresión génica y que los cambios funcionales a nivel de proteoma no se pueden predecir simplemente a partir de análisis a nivel de ADN o ARN. Un determinante importante que debilita un enlace directo entre los niveles de ARN y proteínas es el control de la traducción que regula de manera diferencial la traducción del ARNm (Hanash, S. y L. Beretta).</p>	

<b>74.Orfeomics</b>	<b>Orfónica</b>
<p>Ciencia que se utiliza para llevar a cabo nuevos estudios que intentan amplificar y clonar todos los marcos de lectura abiertos de codificación de proteínas predichas; conocidos como ORF por sus siglas en inglés (<i>Open Reading Frames</i>). Este tipo de análisis confirma muchos de los genes predichos, y a la vez detecta aquellos que requieren corrección. La combinación de los ORF en varios sistemas de expresión diferentes puede generar equipos de proteómica funcionales para caracterizar la actividad de las proteínas y las redes de interacción (Boone, Charles y Brenda Andrews).</p>	
<b>75.Parasitomics</b>	<b>Parasitómica</b>
<p>Estudio genómico de los parásitos. Esta ciencia se enfoca en la susceptibilidad a la virulencia de parásitos. Se ha utilizado para buscar soluciones a enfermedades como la malaria en las que las variaciones de la gravedad incluyen parasitemia hiper o asintomática (proporción de glóbulos rojos que están parasitados), anemia severa y problemas cerebrales. El desarrollo de tecnologías de biología molecular ha identificado otros loci que parecen afectar directa o indirectamente mediante la modulación de la respuesta inmune, o interfiriendo con las interacciones huésped-parásito. Esto ha proporcionado información sobre un proceso dual de selección natural y coadaptación de polimorfismos que ocurren en el parásito y su huésped humano, para mantener la diversidad genética (Driss, Adel et al.).</p>	
<b>76.Pathogenomics</b>	<b>Patogenómica</b>
<p>Estudio que intenta utilizar datos genómicos y metagenómicos recopilados de tecnologías de alto rendimiento para comprender la diversidad e interacción de los microbios, así como las interacciones huésped-microbio involucradas en los estados de enfermedad. Las tecnologías de secuenciación de próxima generación brindan nuevas oportunidades para estudiar patógenos y los huéspedes que infectan. La creciente disponibilidad de genomas de cultivos y patógenos proporciona nuevos conocimientos sobre la biología de patógenos, la estructura de la población y la patogénesis. Esto brinda nuevas oportunidades para el manejo de la enfermedad. Un aporte importante a los programas de mejoramiento de la resistencia debe ser la vigilancia de la población de patógenos. La patogenómica de alto rendimiento ofrece la posibilidad de analizar un gran número de aislamientos de patógenos y variedades de hospedadores de forma rápida y a bajo costo (Derevnina, Lida y Richard Michelmore).</p>	
<b>77.Peptidomics</b>	<b>Peptidómica</b>
<p>Rama de la proteómica que se dirige a los fragmentos de proteínas producidos de manera endógena. Los péptidos endógenos a menudo son funcionales dentro del cuerpo y pueden ser tanto beneficiosos como perjudiciales. La peptidómica se puede utilizar para comprender la digestión e identificar péptidos funcionales y biomarcadores.</p> <p>La peptidómica proporciona un análisis cualitativo y cuantitativo integral de todos los péptidos en una muestra biológica. Las matrices biológicas complejas típicamente examinadas en experimentos de peptidómica requieren la extracción sistemática de péptidos para lograr un análisis exitoso. El análisis peptidómico emplea muchas técnicas de proteómica, pero con un objetivo diferente. En lugar de examinar una muestra para la cual están presentes proteínas intactas, la peptidómica examina qué fragmentos de proteínas endógenas están presentes para la extracción, fraccionamiento, detección, cuantificación, anotación funcional y predicción estructural de péptidos (Dallas, David et al.).</p>	

<b>78.Pharmacogenomics</b>	<b>Farmacogenómica</b>
<p>Estudio de cómo los genes afectan la respuesta de una persona a los medicamentos. Este campo combina la farmacología (la ciencia de los medicamentos) y la genómica (el estudio de los genes y sus funciones) para desarrollar medicamentos y dosis eficaces y seguros que se adaptan a la composición genética de una persona. Muchos de los medicamentos disponibles actualmente son de "talla única", pero no funcionan de la misma manera para todos. Puede ser difícil predecir quién se beneficiará con un medicamento, quién no responderá en absoluto y quiénes experimentarán efectos secundarios negativos; llamados reacciones adversas a los medicamentos (U.S. National Library of Medicine).</p>	
<b>79.Pharmacometabolomics</b>	<b>Farmacometabolómica</b>
<p>Estudio en el que los grandes efectos bioquímicos de captura de datos del genoma revelan información sobre los metabolitos y los resultados del tratamiento, y crean firmas metabólicas como nuevos biomarcadores potenciales. La farmacometabolómica informa y complementa la farmacogenómica y juntos proporcionan componentes básicos. La ampliación de los datos en farmacología clínica y la fusión de biología de sistemas y farmacología ha llevado a la aparición de una nueva disciplina de farmacología cuantitativa y de sistemas. Esta nueva dirección de investigación podría avanzar significativamente en el descubrimiento, desarrollo y uso clínico de fármacos terapéuticos. Las comunidades de investigación de biología computacional, biología de sistemas e ingeniería biológica, que trabajan en colaboración con farmacólogos, genetistas, bioquímicos y químicos analíticos, están creando y modelando grandes datos sobre los efectos de los medicamentos que están transformando nuestra comprensión de cómo funcionan estos medicamentos a nivel de red (Kaddurah, Rima y Richard Weinshilboum).</p>	
<b>80.Pharmacometabonomics</b>	<b>Farmacometabonómica</b>
<p>Predicción del resultado (por ejemplo, eficacia o toxicidad) de un fármaco o intervención xenobiótica basándose en un modelo matemático de firmas de metabolitos previos a la intervención. El nuevo paradigma farmacometabonómico es complementario a la farmacogenómica, pero tiene la ventaja de ser sensible a factores ambientales y genómicos. Las respuestas variables de los pacientes a los medicamentos son un tema clave para la medicina y para el descubrimiento y desarrollo de medicamentos. Un objetivo clave de la atención médica del siglo veintiuno es la medicina personalizada (selección de medicamentos para subgrupos de pacientes con el fin de maximizar la eficacia del fármaco y minimizar la toxicidad). Actualmente, la mayoría de los paradigmas de medicina personalizada se basan en la historia del paciente y en el análisis del genoma de los pacientes para predecir los efectos de los fármacos, es decir, la farmacogenómica. Sin embargo, la variabilidad en las respuestas de los pacientes a los medicamentos depende de muchos factores ambientales para los cuales la genómica humana es ciega. En la última década surgió un nuevo paradigma para predecir las respuestas a los medicamentos según los perfiles de metabolitos individuales antes de la dosis (Everett, Jeremy).</p>	
<b>81.Pharmacomethylomics</b>	<b>Farmacometilómica</b>
<p>Enfoque que estudia la aparición de resistencia contra el compuesto usado en el tratamiento de cánceres que se han tratado con agentes quimioterapéuticos. Los hallazgos presentados en estudios realizados con esta técnica indican que el estado de metilación de los promotores de genes involucrados en las vías de reparación del ADN puede contribuir a una mejor comprensión del desarrollo de resistencia a fármacos frente a la quimioterapia en pacientes (Straub, Josef et al.).</p>	

<b>82.Pharmacophylogenomics</b>	<b>Farmacofilogenómica</b>
<p>Estudio de los genes, la evolución y los objetivos farmacológicos, para realizar un estudio evolutivo con respecto a sus localizaciones subcelulares usando múltiples modelos de comparación del genoma que se puede administrar con medicamentos. Por medio de esta ciencia se logra comprender que los objetivos de los medicamentos ortólogos con una localización nuclear en humanos y otros animales muestran una tendencia mayor para la conservación evolutiva en comparación con los objetivos de los fármacos en la membrana celular. Estos estudios proporcionan información importante con respecto a las dianas de proteínas farmacológicas y el genoma de las drogas a nivel farmacofilogenómico (Wang, Xiaotong et al.).</p>	
<b>83.Pharmacoproteomics</b>	<b>Farmacoproteómica</b>
<p>Campo que utiliza tecnologías proteómicas para el descubrimiento y desarrollo de fármacos. El fracaso del fármaco a menudo se debe a las propiedades farmacocinéticas deficientes, como baja biodisponibilidad, absorción deficiente, metabolismo prematuro o efectos secundarios adversos. Esta ciencia nos brinda el potencial de estudiar los mecanismos de los medicamentos a nivel de proteoma y, al mismo tiempo, investigar la toxicidad y la resistencia, o quizás descubrir nuevas dianas farmacológicas, al principio del proceso de desarrollo de medicamentos. De esta manera, los medicamentos con propiedades defectuosas se pueden descartar mientras que los medicamentos más nuevos y con mejores resultados se pueden descubrir y avanzar (Chambliss, Allison y Daniel Chan).</p>	
<b>84.Phenomics</b>	<b>Fenómica</b>
<p>Estudio del fenoma para correlacionar cuantitativamente rasgos complejos con la variabilidad no sólo en el genoma, sino también en transcriptoma, proteoma, metaboloma, interaccioma y factores ambientales al explorar la biología de los sistemas que vincula los espacios genómico y fenómico. La aplicación de la fenómica y el estudio asociado a todo el fenoma no sólo identifica un conjunto sistémico de biomarcadores para el diagnóstico y pronóstico de la enfermedad, sino que también proporciona nuevos objetivos de tratamiento para la terapia de combinación y, por lo tanto, genera un cambio de paradigma revolucionario en el tratamiento clínico de enfermedades devastadoras tales como la enfermedad vascular (Han, Yeshan et al.).</p>	
<b>85.Phosphatomics</b>	<b>Fosfatómica</b>
<p>Ciencia que estudia los componentes centrales que se someten a fosforilaciones reversibles mediadas por las proteínas quinasas y fosfatasas, que actúan como un mecanismo regulador efectivo para modular las actividades de la señal. A través de técnicas de mejora en proteómica y fosfatómica, como el enriquecimiento de proteínas con fósforo y la espectrometría de masas en tándem avanzado, se logra la identificación de sustratos para fosfatasas. Por ejemplo, la señalización de Hedgehog desempeña un papel fundamental en la determinación del destino celular, el desarrollo embrionario y la renovación del tejido (Zhao, Long et al.).</p>	

<b>86.Phosphoproteomics</b>	<b>Fosfoproteómica</b>
<p>Estudio a gran escala de las fosfoproteínas. A este tipo de estudios se les denomina estudios fosfoproteómicos. Se basan en gran medida en el uso de instrumentos de espectrometría de masas de alto rendimiento para estudiar fenotipos basados en la fosforilación. Algunos desafíos técnicos y biológicos consisten en identificar sitios de fosforilación biológicamente relevantes en células y tejidos. Por ejemplo, la fosforilación específica del sitio es una modificación postraducciona rápida y reversible que está estrechamente regulada en las células. La maquinaria celular de las enzimas que escriben, borran y leen estas modificaciones (quinasas, fosfatasa y proteínas de unión a fosfo) con frecuencia se utilizan para estudiar diferentes enfermedades, incluido el cáncer (Stechow, Louise et al.).</p>	
<b>87.Phylogenomics</b>	<b>Filogenómica</b>
<p>Ciencia que se enfoca en la predicción de la función molecular de la proteína. Este análisis se centra en la clasificación de secuencias en familias precalculadas y subfamilias. El procedimiento consiste en agrupar proteínas que comparten la misma arquitectura de dominio y la misma alineación múltiple de secuencias. Se comienza con una secuencia de proteínas suministrada por el usuario, que avanza a la identificación de homólogos, alineación múltiple, construcción de árboles filogenéticos, identificación de subfamilias y predicción de estructuras (Gunn, Jake et al.).</p>	
<b>88.Phyloproteomics</b>	<b>Filoproteómica</b>
<p>Herramienta analítica novedosa que resuelve el problema de la comparabilidad entre los análisis proteómicos. Esta ciencia utiliza un algoritmo de análisis de espectro total y produce una clasificación de muestras biológicamente significativa. La filoproteómica emplea dos algoritmos: un nuevo algoritmo de análisis y un algoritmo filogenético. Por comparación de grupo, el algoritmo de análisis identifica picos de espectrometría de masa nuevos o desaparecidos que significan proteínas reguladas hacia arriba o hacia abajo y las clasifica como derivadas o ancestrales. El algoritmo filogenético utiliza los últimos puntajes para producir una clasificación biológicamente significativa de los especímenes (Abu, Mones et al.).</p>	
<b>89.Phylogenomics</b>	<b>Fisiogenómica</b>
<p>Aplicación muy útil para interpretar la función de los genes dentro del genoma humano. En otras palabras, cómo se puede identificar el genoma que se vincula con la fisiología. La fisiogenómica puede ser útil para evaluar la fisiopatología de muchas enfermedades complejas tales como el colangiocarcinoma que es una enfermedad gastrointestinal grave. Es un tipo de tumor hepatobiliar primario que tiene diversas formas de diferenciación tumoral y grados de malignidad (Joob, Beuy y Viroj Wiwanitkit).</p>	
<b>90.Physiomics</b>	<b>Fisiómica</b>
<p>Uso de las herramientas tecnológicas con el fin de mejorar la asimilación de conceptos relacionados con la física en el campo de la medicina. Se creó una aplicación de código abierto basada en HTML que puede usarse en todos los principales sistemas operativos y dispositivos, incluidos teléfonos celulares, tabletas, computadoras de escritorio y portátiles. Esta aplicación proporciona a los estudiantes una serie de pruebas formativas. Se ha demostrado un mejor rendimiento en el estudio. Las pruebas formativas basadas en Internet constituyen una herramienta poderosa e innovadora para que los profesores médicos refuercen positivamente el comportamiento y el rendimiento de los estudiantes (Lameris, Anke et al.).</p>	

<b>91.Phytogenomics</b>	<b>Fitogenómica</b>
<p>Enfoque de la fisiología y la bioquímica vegetal que arroja información sobre las redes de genes que definen el ciclo vital y las características específicas de cada planta. Esto conlleva a cambios fundamentales en el conocimiento de especies de interés agronómico y científico. Los datos provienen fundamentalmente de la genómica funcional a través de <i>chips</i> de ADN y otras tecnologías de análisis. En la bioinformática se encuentra el procesador adecuado para identificar genes y sus funciones, caracterizar proteínas y metabolitos, y proponer, en última instancia, mejoras en las llamadas características cuantitativas de los vegetales. Estas características informan acerca del grado de tolerancia o resistencia a factores de estrés ambiental debido a la acción de patógenos (Pujol, Xavier).</p>	
<b>92.Phytoproteomics</b>	<b>Fitoproteómica</b>
<p>Herramienta que se utiliza para entender cómo los genes de las plantas se expresan bajo determinadas circunstancias. La proteómica puede colaborar en la agricultura para el mejoramiento de ciertos cultivos e incrementar la productividad para la alimentación de la población a nivel mundial. Para conocer estos efectos, los especialistas necesitan de varias pruebas acerca de cómo se activa el metabolismo en la planta. Se pueden lograr varios avances fisiológicos tales como mayor crecimiento radicular, una mejor longitud de la planta, un área foliar más extensa, entre otros. La proteómica ayuda a ver todas las señales de estos cambios en las proteínas involucradas, ya que estas son más dinámicas que los genes. La expresión del gen se activa dependiendo de las funciones del entorno (Sánchez, Felipe).</p>	
<b>93.Postgenomics</b>	<b>Postgenómica</b>
<p>Ciencia que estudia los factores endógenos y exógenos (ambientales) que influyen en un organismo individual. Por ejemplo, el análisis del perfil del metabolito sanguíneo humano, la implementación técnica del perfilado metabólico de la sangre, el análisis estadístico de los perfiles de metabolitos para el diagnóstico efectivo de la enfermedad y la evaluación del riesgo son estudios postgenómicos (Trifonova, Oxana et al.).</p>	
<b>94.Predictomics</b>	<b>Predictómica</b>
<p>Conjunto de tecnologías que generan perfiles moleculares para muestras biológicas. Estas tecnologías se han utilizado ampliamente en estudios preclínicos para revelar los subtipos moleculares y dilucidar los mecanismos biológicos de las enfermedades. Además, son útiles en estudios retrospectivos sobre muestras clínicas para desarrollar modelos matemáticos con el fin de predecir los puntos finales clínicos. Es difícil determinar cuándo el cuerpo de evidencia para una prueba basada en ómicas es lo suficientemente completo y confiable para respaldar las afirmaciones de que está listo para el uso clínico, o incluso que está listo para una evaluación definitiva en un ensayo clínico en el que puede ser utilizado para dirigir la terapia del paciente. Debido a esto, la predictómica cuenta con una serie de criterios de verificación que se deben considerar al evaluar el cuerpo de evidencia que respalda el uso clínico de un predictor para guiar la terapia del paciente. Se incluyen temas relacionados con los requisitos de muestras y ensayos, la solidez del proceso para desarrollar modelos de predictores, las expectativas con respecto al diseño y la conducta de los estudios clínicos, y la atención a los asuntos legales y de regulación (McShane, Lisa et al.).</p>	

<b>95.Promoteromics</b>	<b>Promotorómica</b>
Ciencia que se encarga de estudiar los agentes promotores de enfermedades graves tales como el cáncer. Para esto se toman en cuenta los datos lipidómicos, metagenómicos, genómicos, genéticos, poblacionales, promotores y mecanómicos de las células madre. La tecnología usada en esta ciencia permite perfilar la actividad de la transcripción de genes en cada sitio promotor. En particular, identifica sus promotores, y determina el nivel de expresión en cada promotor, lo que permite la identificación de elementos reguladores (Ciucci, Sara et al.).	
<b>96.Proteogenomics</b>	<b>Proteogenómica</b>
Área de investigación en la interfaz de la proteómica y la genómica. En este enfoque, las bases de datos de secuencias de proteínas personalizadas generadas utilizando información genómica y transcriptómica se utilizan para ayudar a identificar nuevos péptidos. Esto se refiere a los péptidos que no están presentes en las bases de datos de secuencias de proteínas de referencia a partir de datos proteómicos basados en espectrometría de masas. A su vez, los datos proteómicos se pueden usar para proporcionar evidencia a nivel de proteínas de la expresión génica y para ayudar a refinar los modelos genéticos (Nesvizhsii, Alexey).	
<b>97.Proteomics</b>	<b>Proteómica</b>
Ciencia que se usa para cuantificar la abundancia, modificación e interacción de los péptidos. El análisis y la cuantificación de proteínas se han revolucionado con métodos basados en espectrometría de masas y, recientemente, se han adaptado para análisis de alto rendimiento de miles de proteínas en células o fluidos corporales (Selevsek, Nathalie et al.).	
<b>98.Pseudogenomics</b>	<b>Pseudogenómica</b>
Ciencia que intenta rellenar los huecos entre los extremos emparejados para generar secuencias casi libres de errores, pero con el alto rendimiento de la secuenciación de la próxima generación. El relleno de huecos se basa en el ensamblaje local de lecturas de extremos pareados que se superponen con cualquier extremo. Por consiguiente, se logra llenar los vacíos en la región genómica repetitiva de forma correcta (Ruan, Jue et al.).	
<b>99.Regulomics</b>	<b>Regulómica</b>
Ciencia que estudia las moléculas pequeñas de ARN que regulan la expresión génica postranscripcional. Estas moléculas pueden modular múltiples vías de señalización, procesos biológicos y fisiopatologías. Por lo tanto, se refiere a la comprensión de las redes reguladoras de estas moléculas ya que esto permite la modulación de sus funciones. Esta ciencia proporciona detalles sobre todos los módulos reguladores alterados en respuesta a tratamientos químicos y factores de transcripción (Barh, Debmalya et al.).	
<b>100.Resistomics</b>	<b>Resistómica</b>
Ciencia que estudia los genes de resistencia entre patógenos y microbios benignos de diversos hábitats. Es de suma importancia ya que las infecciones resistentes a los antibióticos cobran anualmente cientos de miles de vidas en todo el mundo. El mapeo de la diseminación de genes de resistencia entre humanos y su ambiente es una prioridad de salud pública. Por medio de esta ciencia se logra caracterizar la estructura de la comunidad bacteriana y las redes de intercambio de resistencia de cientos de muestras fecales y ambientales humanas interconectadas. Se ha podido encontrar que los resistomes a través de los hábitats generalmente están estructurados por la filogenia bacteriana a lo largo de gradientes ecológicos, y se han identificado genes de resistencia clave que cruzan los límites del hábitat y determinan su asociación con elementos genéticos móviles (Pehrsson, Erica et al.).	

<b>101.Ribonomics</b>	<b>Ribonucleómica</b>
<p>Combinación de los protocolos de purificación bioquímica clásicos con la identificación de alto rendimiento de las transcripciones aplicadas a la caracterización funcional de los complejos de ARN-proteína. Esta ciencia se ha utilizado para estudiar las células madre. Las células madre son células indiferenciadas con la capacidad de auto-renovación y el potencial de diferenciarse en todos los tipos de células del cuerpo. Las células madre siguen un programa genético de desarrollo y son capaces de responder a las alteraciones en el medio ambiente a través de varias vías de señalización. Los mecanismos que controlan estos procesos implican la activación de la transcripción seguida de una serie de eventos postranscripcionales. Estos pasos post-transcripcionales están mediados por la interacción de proteínas de unión a ARN con subpoblaciones definidas de ARN que crean una red de genes reguladores. La caracterización de estas redes de proteínas ARN es esencial para comprender los mecanismos reguladores que subyacen en el control del destino de las células madre (Shigunov, Patricia y Bruno Dallagiovanna).</p>	
<b>102.Riboproteomics</b>	<b>Ribonucleoproteómica</b>
<p>Aplicación que se utiliza para identificar proteínas hospedadoras. Es de gran utilidad para clasificar las proteínas huésped identificadas en cada caso según su funcionalidad y distribución subcelular. Permite la identificación del interactoma viral ARN-proteína que regula la replicación de un virus. Sirve para eliminar las proteínas del huésped que interactúan específicamente con los transcritos de ARN en sentido positivo o negativo, ya sea en presencia o en ausencia de un virus. Se ha demostrado un enriquecimiento de las proteínas del huésped en cada caso (Chaturvedi, Sonali y A.L.N. Rao).</p>	
<b>103.Rnomics</b>	<b>Radonómica</b>
<p>Ciencia que se enfoca en las diferencias en las poblaciones de ARN. Los ARN de origen natural contienen numerosos nucleósidos alterados enzimáticamente. Las diferencias en las poblaciones de ARN (Radonómica) y el patrón de modificaciones de ARN (Modómica) dependen del organismo analizado y son dos de los criterios que distinguen a los tres reinos de la vida. Si las secuencias genómicas de las moléculas de ARN pueden derivarse de la información de la secuencia del genoma completo, el perfil de modificación no puede y requiere la secuenciación directa de los ARN o los métodos predictivos que se basan en la presencia o ausencia de los genes de modificación (Grosjean, Henri et al.).</p>	
<b>104.Saccharomics</b>	<b>Sacarómica</b>
<p>La levadura <i>Saccharomyces Cerevisiae</i> ha sido un organismo favorito para los estudios pioneros sobre los mecanismos de detección y señalización de nutrientes. Muchas respuestas de nutrientes específicos se han dilucidado con gran detalle. Esto ha llevado a nuevos conceptos importantes y conocimientos sobre la regulación celular controlada por nutrientes. Los aspectos más destacados incluyen el papel central de la proteína quinasa Snf1 en la vía de represión de la glucosa, la inducción de galactosa, el descubrimiento de un sistema de receptor acoplado a la proteína G y el papel de Ras en la señalización de AMPc inducida por la glucosa, el papel del inicio de la síntesis de proteínas maquinaria en el control general del metabolismo del nitrógeno, la proteína quinasa controlada con ciclina Pho85 en la regulación del fosfato, la represión del catabolito del nitrógeno y el objetivo de detección de nitrógeno de la vía de la rapamicina, y el descubrimiento de proteínas de tipo transportador que actúan como sensores de nutrientes (Conrad, Michaela et al.).</p>	

<b>105.Secretomics</b>	<b>Secretómica</b>
<p>Ciencia que estudia la secreción de las proteínas. La predicción a escala genómica de la localización subcelular no solo es útil para inferir la función de la proteína sino también para respaldar los datos proteómicos. En línea con el concepto de secretómica se desarrolló una estrategia analítica racional y original que imita los pasos de secreción que determinan la localización subcelular final para las bacterias. Sobre la base de la biología de la secreción de proteínas, se diseña un diagrama de flujo y árboles de decisión considerando (i) la orientación a la membrana, (ii) los sistemas de secreción de proteínas, (iii) la retención de la membrana y (iv) la retención de la pared celular por dominios o modificaciones postranslocacionales, así como (v) incorporación a estructuras supramoleculares de la superficie celular (Renier, Sandra et al.).</p>	
<b>106.Separomics</b>	<b>Separómica</b>
<p>Grupo de estrategias metodológicas para la separación de moléculas de proteínas. Se han utilizado varias herramientas para eliminar proteínas altamente abundantes de muestras y también contaminantes no proteicos. El uso de técnicas cromatográficas, la partición del proteoma en subproteomas y un esfuerzo por aislar proteínas en su forma nativa han permitido el aislamiento y la identificación de proteínas raras involucradas en diferentes procesos. Esta técnica se utiliza para analizar la identificación de proteínas y péptidos de baja abundancia en las plantas, especialmente en las plantas expuestas por patógenos (Baracat, MC et al.).</p>	
<b>107.Sialomics</b>	<b>Sialómica</b>
<p>Técnica que estudia la utilidad del sialoma (proteoma secretor de glándulas salivales). Un ejemplo sería el estudio que se llevó a cabo con garrapatas. Las garrapatas desarrollaron diversos mecanismos para modular las defensas hemostáticas e inmunes de su huésped. Las diferencias en los repertorios antihemostáticos sugieren que las garrapatas duras y blandas desarrollaron mecanismos antihemostáticos de forma independiente, pero plantean cuestiones sobre la conservación de las proteínas de las glándulas salivales en el linaje ancestral de las garrapatas. Para resolver este problema, se determinó el sialoma de la garrapata blanda, <i>Argas monolakensis</i>, mediante análisis proteómico y la construcción de la biblioteca de ADNc de glándulas salivales de garrapatas hembras adultas alimentadas y no alimentadas. El sialoma está compuesto por aproximadamente 130 proteínas secretoras, de las cuales las proteínas más abundantes son las familias de lipocalina, BTSP, BPTI y metaloproteasa, que también comprenden las proteínas más abundantes que se encuentran en las glándulas salivales (Mans, BJ et al.).</p>	
<b>108.Signalomics</b>	<b>Señalómica</b>
<p>Ciencia que estudia la comunicación química. Por ejemplo, las raíces de las plantas se comunican con los microbios de una manera sofisticada a través de la comunicación química dentro de la rizosfera, lo que lleva a la formación de biopelículas de microbios beneficiosos. El conocimiento de las interacciones planta-planta y planta-microbio se ha ampliado considerablemente en los últimos años; sin embargo, la comunicación química que conduce a la imprimación está lejos de ser bien entendida. Además, la vinculación entre los procesos fisiológicos de plantas por debajo y por encima del suelo se suma a la complejidad. Los avances recientes en este campo han permitido a los investigadores analizar cientos de compuestos en una muestra en un corto período de tiempo. Se revisan las interacciones dentro de la rizosfera y la subsiguiente "señalómica" sobre el suelo (Mhlongo, MI. et al.).</p>	

<b>109.Somatonomics</b>	<b>Somatonómica</b>
<p>Ciencia que se enfoca en pacientes con trastornos no específicos, funcionales o somatomorfos quienes a menudo tienen síntomas físicos recurrentes que no se pueden explicar en absoluto, o solo en un grado insatisfactorio, con un diagnóstico médico específico. A pesar de que los trastornos psiquiátricos están altamente correlacionados con los síntomas sin explicación médica, la extensión de los síntomas que ocurren no se puede explicar completamente con factores psicopatológicos. Por este motivo, los especialistas en este campo clasifican los síntomas que no se pueden explicar médicamente en categorías separadas de somatoforma. Para diagnosticar un trastorno de somatización, se requieren de 6 a 13 síntomas médicamente inexplicables con una duración de al menos dos años (Haller, Heidemarie et al).</p>	
<b>110.Stereomics</b>	<b>Estereómica</b>
<p>Técnica que tiene que ver con los métodos estéreo fotométricos calibrados y semi-calibrados que se enfocan en aspectos tales como la intensidad de la luz, las exposiciones del sensor, las características de las bombillas individuales y el control limitado sobre los sensores. Estudia el efecto de las intensidades de la luz desconocidas y posiblemente no uniformes, así como la exposición de sensores entre imágenes observadas en la recuperación de la forma basada en el estéreo fotométrico. Esto permite conocer las direcciones de la luz, pero se desconocen las intensidades de luz y las exposiciones del sensor (Cho, D. et al.).</p>	
<b>111.Systemomics</b>	<b>Sisteómica</b>
<p>Ciencia que se encarga de estudiar las relaciones entre la totalidad de los sistemas. Un ejemplo de estudios de sisteómica es la señalización inmune sistémica hoja a hoja conocida como resistencia sistémica adquirida, la cual es poco conocida en las plantas monocotiledóneas. En estos estudios se caracteriza la inmunidad sistémica desencadenada después de una infección primaria de la hoja. Se analizan los patógenos que inducen resistencia en hojas no infectadas contra una infección (Dey, Sanjukta et al.).</p>	
<b>112.Toponomics</b>	<b>Toponómica</b>
<p>Técnica capaz de mapear cientos de proteínas y su distribución y ensamblaje en grupos de proteínas a través de una muestra de tejido o célula mediante la ejecución de ciclos de etiquetado de fluorescencia con anticuerpos monoclonales u otros reactivos de afinidad, imágenes y blanqueo in situ. La obtención de imágenes da como resultado datos complejos de múltiples parámetros compuestos por una porción o un volumen 3D por reactivo de afinidad. En Toponómica, el patrón de función de la proteína en las células o el tejido (el toponoma) se analiza para aplicaciones en toxicología, desarrollo de nuevos fármacos e interacción paciente-fármaco. La técnica de imagen más avanzada es la microscopía de fluorescencia de parámetros múltiples impulsada por robot (Oeltze, S. et al.).</p>	
<b>113.Toxicogenomics</b>	<b>Toxicogenómica</b>
<p>Técnica que se utiliza para hacer asociaciones entre sustancias químicas, productos genéticos, fenotipos, enfermedades y exposiciones ambientales. Esta ciencia brinda oportunidades únicas para explorar los fenotipos a nivel de sistema y celular del estado previo a la enfermedad y permite a los usuarios construir vías de resultados adversos predictivos vinculando eventos de iniciación molecular químico-gen con eventos clave fenotípicos, enfermedades y resultados de salud a nivel de la población (Davis, AP et al.).</p>	

<b>114.Toxicomics</b>	<b>Toxicómica</b>
<p>Ciencia se utiliza para desarrollar la base de datos completa de genes en cascada; lo cual es información vital para la toxicología predictiva basada en mecanismos. Los datos están listos para la comparación directa entre diversos estudios, diferentes órganos, y distintas plataformas. Los estudios de este tipo incluyen dosis repetidas, enlace multiorgánico, e inhalación toxicogenómica del feto para la toxicología del desarrollo. Este enfoque podría miniaturizar los experimentos <i>in vivo</i> y ayudar a diseñar nuevos métodos alternativos en un futuro próximo (kanno, Jun).</p>	
<b>115.Toxiconomics</b>	<b>Toxiconómica</b>
<p>Estudio de población que se centra en la evaluación de riesgos y la interacción gen-ambiente. El tipo apropiado de muestras y especies debe ser seleccionado de antemano. Se sugieren dosis múltiples y duraciones de exposición variadas para identificar aquellos genes claramente vinculados a la respuesta tóxica. La función génica se puede inferir a partir de datos de micro matrices analizados mediante métodos bioinformáticos como el análisis de conglomerados. El estudio de población a menudo adopta un diseño de control de casos anidado o basado en un hospital. Los sesgos en la selección de sujetos y la evaluación de la exposición deben minimizarse, y el sesgo de confusión también debe controlarse en el análisis estratificado o de regresión múltiple. Los tamaños óptimos de la muestra dependen de la prueba estadística para la interacción gen-ambiente o de gen a gen (Lee, Kyoung-Mu et al.).</p>	
<b>116.Toxicoproteomics</b>	<b>Toxicoproteómica</b>
<p>Evaluación de la toxicidad específica de un órgano. Este proceso involucra el mapeo de proteínas global y el perfil de proteínas para la expresión diferencial, y el análisis proteómico. Se utilizan métodos globales para la descripción de la función, la estructura, las interacciones y la modificación postraducciona de las proteínas. Los estudios toxicoproteómicos preclínicos con tóxicos hepáticos y renales se evalúan de forma crítica por sus contribuciones para comprender la fisiopatología y el descubrimiento de biomarcadores. Es una nueva herramienta para la patología toxicológica. Los objetivos del campo son el descubrimiento de mecanismos que gobiernan las proteínas clave en rutas biológicas críticas que crean efectos adversos de los medicamentos, desarrollo de biomarcadores y predicción final de toxicidad basada en el conocimiento farmacogenómico. La toxicoproteómica se define por los objetivos de una mayor comprensión mecánica de cómo las exposiciones específicas alteran la expresión de las proteínas, el comportamiento de las proteínas y la respuesta para causar lesiones y enfermedades; se centra en órganos clave como el hígado y el riñón. Los principales impulsores de la toxicoproteómica son la necesidad comercial de descubrir marcadores asociados con la exposición a los medicamentos, la eficacia o la toxicidad en el ámbito farmacéutico, y también las urgencias de la evaluación de riesgos ambientales para la protección de la salud pública (Merrick, Alex y Frank Witzmann).</p>	
<b>117.Transcriptomics</b>	<b>Transcriptómica</b>
<p>Ciencia que examina los niveles de ARN en todo el genoma, tanto cualitativamente (qué transcritos están presentes) como cuantitativamente; es decir qué cantidad de transcripción se expresa (The ENCODE Project Consortium).</p>	

<b>118.Transgenomics</b>	<b>Transgenómica</b>
<p>Proceso de introducir clones genómicos de una especie donante en una especie receptora y luego seleccionar las líneas transgénicas resultantes para fenotipos de interés. Este método permite encontrar genes involucrados en la evolución de las diferencias fenotípicas entre especies, así como genes que tienen el potencial de contribuir al aislamiento reproductivo: genes de especiación potenciales. Se suele seleccionar un solo transformante primario para cada línea; luego se analizan los clones asociados con fenotipos mutantes para determinar la repetibilidad y la segregación conjunta. Es una estrategia viable para descubrir genes de interés evolutivo ya que utiliza métodos para reducir los falsos positivos y los falsos negativos en el futuro. Esta ciencia ilustra el valor de la transgenómica para estudiar las bases moleculares del aislamiento reproductivo (Correa, Raul et al.).</p>	
<b>119.Translatomics</b>	<b>Transductómica</b>
<p>Ciencia que se utiliza para obtener información sobre posibles transportadores y evaluar los cambios globales en las expresiones de genes y proteínas. La transductómica se refiere al análisis de ARNm de traducción recientemente establecido, en el que los ARNm se purifican y secuencian para obtener la información completa sobre los genes que se traducen en proteínas (Yang, Xiao-Yan et al.).</p>	
<b>120.Transportomics</b>	<b>Transportómica</b>
<p>Los transportadores translocan una amplia variedad de sustratos a través de las membranas, pero su función fisiológica a menudo se entiende de manera incompleta. Es un nuevo método para estudiar el espectro de sustrato de transportadores (Krumbochova, P.).</p>	
<b>121.Unknomics</b>	<b>Incognitómica</b>
<p>Estudio de todo aquello que no puede ser estudiado por otros enfoques ómicos (Hilgartner, Stephen et al.).</p>	
<b>122.Vaccinomics</b>	<b>Vacunómica</b>
<p>Aplicación que conduce a nuevas vacunas candidatas, nuevas comprensiones de cómo las vacunas estimulan la respuesta inmune, nuevos biomarcadores para respuesta a la vacuna. Esta ciencia facilita la comprensión de qué factores genéticos y de otro tipo podrían ser responsables de los efectos secundarios poco frecuentes debidos a las vacunas. Esto permite, a nivel de biología de sistemas, integrar datos de alto rendimiento cada vez más complejos en ecuaciones descriptivas y predictivas de respuestas inmunes a las vacunas (Poland, Gregory et al.).</p>	
<b>123.Variomics</b>	<b>Variómica</b>
<p>Tecnología de variómica funcional en el organismo modelo. Esta herramienta analiza numerosas variantes genéticas y aborda eficazmente ambos problemas simultáneamente. Usando esta herramienta, se pueden descubrir casi todos los genes que, debido a mutaciones o modesta sobreexpresión, confieren resistencia. La aplicación generalizada de esta herramienta permite la identificación rápida de los mecanismos de resistencia conservados y los objetivos de muchos más compuestos. También se pueden descubrir nuevos genes y alelos que confieren resistencia a otras tensiones (Huang, Z et al.).</p>	

<b>124.Virogenomics</b>	<b>Virugenómica</b>
Ciencia que estudia los genomas virales. Además, varios ejemplos recientes muestran que la inhibición de las proteínas de las células del huésped puede prevenir la infección viral. La secuencia del genoma humano debería, por lo tanto, contener muchos más genes que sean esenciales para la propagación viral. Un enfoque sistemático para encontrar estos objetivos antivirales es el análisis de la expresión génica del huésped global usando micromatrices de ADN (Fruh, K. et al.).	
<b>125.Viromics</b>	<b>Virolómica</b>
Disciplina en la que los metabotipos previos a la dosis pueden ayudar al modelado y la predicción de la respuesta interindividual / toxicidad de los xenobióticos. Dichas características, ya sean solas o en combinación con la genética del huésped, pueden potenciar el descubrimiento de biomarcadores siempre que sean lo suficientemente estables como para tener un valor predictivo y mejores que las herramientas preexistentes para predecir la eficacia / toxicidad terapéutica (Balasopoulou, Angeliki et al.).	

En el próximo capítulo se rescatan las conclusiones a las que se pudo llegar después de haber aplicado la teoría de los criterios de aceptabilidad.

## Conclusiones

Al aplicar la teoría de los criterios de aceptabilidad lingüística y terminológica, se pudo concluir que existe un muy alto grado de aceptabilidad. Además, se descubrió que en nuestro país no hay comités conformados por especialistas que se encarguen de dar el visto bueno a los términos propuestos, por lo que es necesario adaptar esta teoría a nuestra realidad y es responsabilidad del traductor verificar que los términos que propone sean aceptables y naturales en la LT.

Debido a la novedad de estos términos y a su rápido crecimiento, en algunos casos no se cuenta con información que los defina o los explique. Es por esta razón que el criterio que otorgó más resultados negativos fue el del contenido informativo ya que el lector debe contar con un trasfondo para poder asociar e interpretar el significado de estos neologismos. El traductor debe profundizar en la esencia de estos términos para poder dar una

explicación. En algunos casos se requiere que el traductor brinde información sobre los términos que propone para que no se pierda el contenido informativo.

## **Limitaciones**

Una de las principales limitaciones que se presentó a la hora de hacer la traducción fue la falta de conocimiento de este tema por parte del traductor. Al tratarse de un material tan especializado, el traductor no suele estar familiarizado; esto significa que el traductor deberá dedicarse muchísimo tiempo a la investigación y la lectura de textos paralelos.

Otra de las limitantes fue sin duda la falta de profesionales en el tema. Esto porque el traductor se ve limitado a la hora de hacer consultas a los expertos.

Además, el hecho de que el traductor no tenga acceso al significado de muchos de estos términos, le genera una situación angustiosa porque se ve en la obligación de brindar no sólo un término nuevo sino también una nueva definición. Otra de las limitaciones ocurre cuando el traductor necesita buscar información acerca de un término basándose únicamente en la raíz de la palabra ya que estos estudios abarcan muchísimos ámbitos, por lo tanto, es realmente difícil poder proponer una definición adecuada.

Finalmente, es importante destacar que el traductor no siempre contará con los respectivos permisos para poder hacer encuestas en caso de querer tomar en cuenta la percepción del lector.

## **Recomendaciones**

Se recomienda la inclusión de este material en ámbitos de difusión de conocimientos a la brevedad de lo posible para evitar que los anglicismos se perciban como los únicos términos existentes. Además, se podrían llevar a cabo otro tipo de estudios. Por ejemplo, se podrían aplicar los criterios de aceptabilidad a los términos originales y luego a los términos

propuestos y hacer un estudio comparativo-contrastivo. Adicionalmente, se podría abordar este análisis desde otras perspectivas. Una posible opción sería por medio de la teoría propuesta por A. Rey Debove, un lingüista francés, que propone un estudio de creación por combinación; es decir palabras compuestas por varios radicales juntos más un sufijo. Por último, se podrían hacer estudios culturales para determinar cuáles son los factores que más influyen en la escogencia de las palabras por parte del usuario. Siguiendo lo propuesto en la teoría original, se recomienda que el traductor haga un estudio social posterior a la publicación de la traducción, donde se verifique el uso de los términos propuestos.

Para este tipo de textos, lo más aconsejable es ofrecer una lista de términos alternativos sin dejar por fuera los términos originales; ya que esto limitaría la curiosidad de los estudiosos del tema.

Se sugiere que los expertos en el tema tomen en consideración a todos aquellos que no están familiarizados con el tema a la hora de publicar sus descubrimientos. Lo ideal sería, que incluyan definiciones sobre estos términos emergentes para no limitar el alcance de sus investigaciones.

Para quien desee dar seguimiento a este tema, se podrían analizar otras estrategias que se usaron transversalmente para poder lograr el tono académico que se buscaba. Algunas de estas consisten en agregar notas al pie de página, subrayar fragmentos relevantes, dividir las oraciones largas en varias oraciones cortas, el uso de palabras de enlace, la explicitación de las siglas, entre otras.

Para futuros estudiantes de farmacia, se les insta a fomentar el uso de todos estos términos en sus ambientes de estudio y trabajo.

También sería muy interesante, traducir el resto de los capítulos para analizar si hay más términos que no cuenten con sus respectivos equivalentes y poder así ampliar el glosario. A los traductores, se les recomienda hacer estudios sobre siglación o acronimia y

analizar no sólo los términos novedosos que se encuentran en el libro sino también aquellos que aparecen en los textos que los explican. Se sugiere una investigación que trate específicamente el caso de los términos híbridos y que brinde herramientas acerca de cómo poder evitarlos.

Finalmente, se propone la creación de un comité de referencia conformado por especialistas y traductores con el fin de ofrecer guía, y acompañamiento a futuros traductores científicos.

## Bibliografía

- Abu, Mones et al. «Phyloproteomics: What Phylogenetic Analysis Reveals about Serum Proteomics». *Journal of Proteome Research*, vol.5, no.9, 26 jul. 2006. Web. 05 oct. 2018. <<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC2270414/>>
- Acosta, Artiles et al. «Anglicismos Léxicos Evitables en Artículos Científicos de Salud Mental». BITRA. Universidad de Alicante, 2017. Web. 11 set. 2018. <[http://aplicacionesua.cpd.ua.es/tra\\_int/usu/vercompleto.asp?txtId=72904](http://aplicacionesua.cpd.ua.es/tra_int/usu/vercompleto.asp?txtId=72904)>
- Ajinomoto Althea, Inc. «Crystalomics: A Pathway Forward for Protein Crystallization». *Bioprocess Online*. Web. 26 ago. 2018. <<https://www.bioprocessonline.com/doc/crystalomics-a-pathway-forward-for-protein-crystallization-0001>>
- Alarcón Navío, Esperanza. «La Consulta a Expertos como Recurso Didáctico en la Formación del Traductor Científico y Técnico». BITRA. Universidad de Alicante, 2010. Web. 10 set. 2018. <[http://aplicacionesua.cpd.ua.es/tra\\_int/usu/vercompleto.asp?txtId=53187](http://aplicacionesua.cpd.ua.es/tra_int/usu/vercompleto.asp?txtId=53187)>
- Alcatraz Ariza, María de los Ángeles. «La Traducción de una Alternativa a la Presencia de Anglicismos en el Discurso Médico Español». BITRA. Universidad de las Palmas de Gran Canaria, 2005. Web. 09 set. 2018. <[http://aplicacionesua.cpd.ua.es/tra\\_int/usu/vercompleto.asp?txtId=53496](http://aplicacionesua.cpd.ua.es/tra_int/usu/vercompleto.asp?txtId=53496)>
- Álvarez, Sofía. «Los neologismos en la traducción técnico-científica». BITRA. Ciudad Real, 2002. Web. 14 oct. 2015. <[http://aplicacionesua.cpd.ua.es/tra\\_int/usu/buscarresultados.asp](http://aplicacionesua.cpd.ua.es/tra_int/usu/buscarresultados.asp)>
- Aoki, Wataru et al. «Cellomics Approach for High-throughput Functional Annotation of *Caenorhabditis Elegans* Neural Network». *Scientific Reports*, vol.8, 10 jul. 2018. Web. 21 ago. 2018. <<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC6039433/>>
- Baggelaar, Marc P. et al. «A Highly Selective, Reversible Inhibitor Identified by Comparative Chemoproteomics Modulates Diacylglycerol Lipase Activity in Neurons». *HHS Author Manuscript*, vol.137, no. 27, 1 jul. 2015. Web. 05 jun. 2018. <<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4773911/>>
- Balasopoulou, Angeliki et al. «Pharmacometabolomics Informs Viromics Toward Precision Medicine». *Frontiers in Pharmacology*, vol.7, 27 oct. 2016. Web. 2 may. 2018. <<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC5081366/>>

- Baldecchi, Alessandra. «Caracterización de Clones de Células CHO Productoras de IGG mediante Análisis Metabólico y Expresión Transcripcional». *Universidad de Chile Facultad de Ciencias Físicas y Matemáticas Departamento de Ingeniería Química y Biotecnología*, ene. 2013. Web. 3 ago. 2018.  
<[http://repositorio.uchile.cl/bitstream/handle/2250/113039/cf-baldecchi\\_am.pdf?sequence=1](http://repositorio.uchile.cl/bitstream/handle/2250/113039/cf-baldecchi_am.pdf?sequence=1)>
- Balliu, Christian. «Enseñanza de la Traducción Médica a Futuros Traductores: Enfoque Teórico y Práctico». *BITRA*. Granada, 1998. Web. 29 ago. 2018.  
<[http://aplicacionesua.cpd.ua.es/tra\\_int/usu/vercompleto.asp?txtId=6263](http://aplicacionesua.cpd.ua.es/tra_int/usu/vercompleto.asp?txtId=6263)>
- Baracat, MC et al. «Separomics Applied to the Proteomics and Peptidomics of Low-Abundance Proteins: Choice of Methods and Challenges - A review». *Genetics and Molecular Biology*, vol.35, jun. 2012. Web. 4 may. 2018.  
<<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/22802713>>
- Barh, Debmalya et al. «*miRegulome*: a Knowledge-Base of miRNA Regulomics and Analysis». *Scientific Reports*, vol.5, 5 ago. 2015. Web. 26 ago. 2018.  
<<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4525332/>>
- Berard, Alicia et al. «Methods and Approaches to Disease Mechanisms Using Systems Kinomics». *Synthetic and Systems Biotechnology*, vol.3, no.1, 18 dic. 2017. Web. 22 ago. 2018.  
<<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC5884222/>>
- Beyan, Huriya et al. «Guthrie Card Methylomics Identifies Temporally Stable Epialleles that Are Present at Birth in Humans». *Genome Research*, vol.22, no.11, 22 nov. 2012. Web. 5 set. 2018.  
<<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3483543/>>
- Blokhuis, Anna et al. «Comparative Interactomics Analysis of Different ALS-Associated Proteins Identifies Converging Molecular Pathways». *Acta Neuropathologica*, vol.132, 10 may. 2016. Web. 4 set. 2018.  
<<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4947123/>>
- Bogyo, Matthew. «Finding the Needles in the Haystack: Mapping Constitutive Proteolytic Events in Vivo». *Biochemical Journal*, vol.407, 12 set. 2007. Web. 20 ago. 2018.  
<<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC2267407/>>
- Boone, Charles y Brenda Andrews. «ORFeomics: Correcting the Wiggle in Worm Genes». *Nature Genetics*, vol.34, 1 may. 2003. Web. 10 ago. 2018.  
<<https://www.nature.com/articles/ng0503-8>>
- Braga-Neto, Ulisses y Ernesto Marques. «From Functional Genomics to Functional Immunomics: New Challenges, Old Problems, Big Rewards». *Plos Computational Biology*, vol.2, no.7, 28 jul. 2006. Web. 12 ago. 2018.  
<<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC1523295/>>

- Brockmeier, Erica et al. «The Role of Omics in the Application of Adverse Outcome Pathways for Chemical Risk Assessment». *Toxicological Sciences*, vol.158, no.2, 19 may. 2017. Web. 13 jun. 2018.  
<<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC5837273/>>
- Brunst, Kelly et al. «Integrating Mitochondriomics in Children's Environmental Health». *Journal of Applied Toxicology*, vol.35, no.9, 5 jun. 2015. Web. 6 ago. 2018.  
<<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4714560/>>
- Buescher, Joerg Martin and Driggers, Edward M. «Integration of Omics: More than the Sum of its Parts». *Cancer & Metabolism*, vol.4, no.4, 19 feb. 2016. Web. 17 may. 2018. <<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4761192/>>
- Cabré, María Teresa. «La clasificación de neologismos: una tarea compleja». *IULA-Institut Universitari de Lingüística Aplicada*, vol.50, no.2, 2006, pp. 229-250. Web. 5 abr. 2018.  
<<file:///C:/Users/Rodrigo/Downloads/1421-3777-1-PB.pdf>>
- Cabré, María Teresa. *Terminology Theory, Methods and Applications*. Barcelona: John Benjamins publishing company, 1992. Impreso.
- Christian-Albrechts-Universität de Kiel. «AgriGenomics- An International Master's Program for Agricultural Genomics at the Christian-Albrechts-University of Kiel». *CAU Christian Albrechts Universität zu Kiel*, 30 nov. 2015. Web. 23 jul. 2018.  
<[https://www.agrigenomics.de/en/copy\\_of\\_index.html](https://www.agrigenomics.de/en/copy_of_index.html)>
- Chambliss, Allison y Daniel Chan. «Precision Medicine: from Pharmacogenomics to Pharmacoproteomics». *Clinical Proteomics*, vol.13, 26 set. 2016. Web. 29 may. 2018.  
<<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC5037608/>>
- Chan, A. et al. «Pharmacogenomics in Neurology: Current State and Future Steps». *Annals of Neurology*, vol.70, no.5, nov. 2011. Web. 24 jul. 2018.  
<<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/22162054>>
- Chatterjee, M. et al. «Epitomics: Global Profiling of Immune Response to Disease Using Protein Microarrays». *OMICS*, vol.10, no.4, 2006. Web. 7 ago. 2018.  
<<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/17233560>>
- Chaturvedi, Sonali y A.L.N. Rao. «Riboproteomics: A Versatile Approach for the Identification of Host Protein Interaction Network in Plant Pathogenic Noncoding RNAs». *Plos One*, vol.12, no.10, 26 oct. 2017. Web. 12 may. 2018.  
<<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC5658079/>>
- Cho, D. et al. «Semi-Calibrated Photometric Stereo». *IEEE Transactions on Visualization and Computer Graphics*, 1 oct. 2018. Web. 5 oct. 2018.  
<<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/30281438>>
- Ciriello Pothier, Kristin. *Personalizing Precision Medicine*. Boston, John Wiley & Sons Inc, 2017.

- Ciucci, Sara et al. «Enlightening Discriminative Network Functional Modules Behind Principal Component Analysis Separation in Differential-Omic Science Studies». *Scientific Reports*, vol.7, 13 mar. 2017. Web. 31 may. 2018. <<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC5347127/>>
- Clemente, Noelia et al. «Impacto f Omics Sciences in Medicine: New Era for Integrative Medicine». *Journal of Clinical Microbiology and Biochemical Technology*, 25 ene. 2017. Web. 6 jun. 2018. <<https://www.peertechz.com/articles/impact-of-the-omics-sciences-in-medicine-new-era-for-integrative-medicine.pdf>>
- Colquhoun, David. «Too Many Omics». *The Scientist*, 14 feb. 2005. Web. 11 jun. 2018. <<https://www.the-scientist.com/letter/too-many-omics-49087>>
- Conrad, Michaela et al. «Nutrient Sensing and Signaling in the Yeast *Saccharomyces Cerevisiae*». *FEMS Microbiology Reviews*, vol.38, no.2, 3 mar. 2014. Web. 07 jul. 2018. <<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4238866/>>
- Correa, Raul et al. «An assessment of Transgenomics as a Tool for Identifying Genes Involved in the Evolutionary Differentiation of Closely Related Plant Species». *HHS Author Manuscript*, vol.193, no.2, 11 nov. 2011. Web. 16 jul. 2018. <<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3253215/>>
- Corthésy-Theulaz, Irene. et al. «Nutrigenomics: The Impact of Biomics Technology on Nutrition Research». *Karger*, 21 set. 2005. Web. 8 may. 2018. <<https://www.karger.com/Article/Purchase/88315>>
- Coto Álvarez, Laura Cristina. «La influencia lingüística en aspectos terminológicos y semánticos en la traducción de textos científico-técnicos». UNA. 2014
- Craft, George et al. «Recent Advances in Quantitative Neuroproteomics». *Methods*, vol.61, no.3, 15 jun. 2013. Web. 11 ago. 2018. <<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3891841/>>
- Cui, Ziyu et al. «Cardioproteomics: Advancing the Discovery of Signaling Mechanisms Involved in Cardiovascular Diseases». *American Journal of Cardiovascular Disease*, vol.1, no.3, 10 set. 2011. Web. 9 jun. 2018. <<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3253522/>>
- Cummings, Richard y Pierce J. Michael. «The Challenge and Promise of Glycomics». *HHS Author Manuscript*, vol.21, no.1, 16 ene. 2014. Web. 8 jul. 2018. <<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3955176/>>
- Dallas, David et al. «Current Peptidomics: Applications, Purification, Identification, Quantification, and Functional Analysis». *HHS Author Manuscript*, vol.15, 21 ene. 2015. Web. 1 Jul. 2018. <<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4371869/>>

- Davis, AP et al. «The Comparative Toxicogenomics Database: Update 2019». *Nucleic Acids Research*, 24 set. 2018. Web. 30 set. 2018.  
<<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/30247620>>
- Dennehey, Ruth y Siobhán McClean. «Immunoproteomics: The Key to Discovery of New Vaccine Antigens Against Bacterial Respiratory Infections». *Current Protein & Peptide Science*, vol.13, no.8, dic. 2012. Web. 9 ago. 2018.  
<<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3594738/>>
- Derevnina, Lida y Richard Michelmore. «Wheat Rusts Never Sleep but Neither Do Sequencers: Will Pathogenomics Transform the Way Plant Diseases Are Managed?». *Genome Biology*, vol.16, no.1, 2 mar. 2015. Web. 23 jun. 2018.  
<<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4346120/>>
- DeVilliers, P. et al. «Microgenomics of Ameloblastoma». *JDR Journal of Dental Research*, vol.90, no.4, abr. 2011. Web. 2 set. 2018.  
<<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3144135/>>
- Dey, Sanjukta et al. «Bacteria-Triggered Systemic Immunity in Barley Is Associated with WRKY and ETHYLENE RESPONSIVE FACTORS But Not with Salicylic Acid». *Plant Physiology*, vol.166, no.4, 20 oct. 2014. Web. 5 jul. 2018.  
<<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4256861/>>
- Díaz Hormigo, María Tadea. «Neología aplicada y lexicografía: para la (necesaria) actualización de las entradas de los elementos de formación de palabras en diccionarios generales». *Revista de lingüística y lenguas aplicadas*. 10 (2015): 12-20. BY-NC-ND. Web. 2 abr. 2018.
- Dimitrakopoulou, Konstantina et al. «Integromics Network Meta-Analysis on Cardiac Aging Offers Robust Multi-Layer Modular Signatures and Reveals Micronome Synergism». *BioMed Central Genomics*, vol.16, no.1, 4 mar. 2015. Web. 10 jul. 2018.  
<<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4367845/>>
- Donzelli, Sara et al. «Oncogenomic Approaches in Exploring Gain of Function of Mutant p53». *Current Genomics*, vol.9, no.3, may. 2008. Web. 13 set. 2018.  
<<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC2679646/>>
- Driss, Adel et al. «Genetic Polymorphisms Linked to Susceptibility to Malaria». *Malaria Journal*, vol.10, 19 set. 2011. Web. 9 may. 2018.  
<<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3184115/>>
- Easter, Renee et al. «Vascular Metallomics: Copper in the Vasculature». *HHS Author Manuscript*, vol.15, no.1, 6 oct. 2009. Web. 4 set. 2018.  
<<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC2810353/>>
- Eisen, Jonathan. «Gastrogenomic Delights: A Movable Feast». *HHS Author Manuscript*, vol.3, no.10, oct. 1997. Web. 15 jul. 2018.  
<<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3155951/>>

- Everett, Jeremy. «A New Paradigm for Known Metabolite Identification in Metabonomics/ Metabolomics: Metabolite Identification Efficiency». *Computational and Structural Biotechnology Journal*, vol.13, 27 ene. 2015. Web. 29 may. 2018. <<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4348432/>>
- Everett, Jeremy. «From Metabonomics to Pharmacometabonomics: The Role of Metabolic Profiling in Personalized Medicine». *Frontiers in Pharmacology*, vol.7, 8 set. 2016. Web. 5 may. 2018. <<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC5014868/>>
- Farlex Partner Medical Dictionary. «Antigenome». *Farlex*, 2012. Web. 25 jul. 2018. <<https://medical-dictionary.thefreedictionary.com/antigenome>>
- Fenech, Michael et al. «Nutrigenetics and Nutrigenomics: Viewpoints on the Current Status and Applications in Nutrition Research and Practice». *Journal of Nutrigenetics and Nutrigenomics*, vol.4, no.2, 28 may. 2011. Web. 10 set. 2018. <<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3121546/>>
- Fernández Machado, Sofía. «Los cambios de relación de los elementos extratextuales de un documento de índole técnico-científico con base en el texto traducido del Manual para el Proceso de la Auditoría de Calidad de Datos de Inmunización, Organización Mundial de la Salud». UNA. 2009
- Fruh, K et al. «Virogenomics: A Novel Approach to Antiviral Drug Discovery». *Drug Discovery Today*, vol.1. no.6, 1 jun. 2001. Web. 27 jul. 2018. <<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/11408198>>
- García, Alonso, et al. «Participación de las ciencias analíticas modernas (genómica, proteómica, metabolómica) en el estudio de las plantas». *Universidad Autónoma de Querétaro* (2012): 1-11. Web. 8 oct. 2015. <[http://www.uaq.mx/investigacion/revista\\_ciencia@uaq/ArchivosPDF/v5-n1/articulo5.pdf](http://www.uaq.mx/investigacion/revista_ciencia@uaq/ArchivosPDF/v5-n1/articulo5.pdf)>
- Ghazalpour, Anatole et al. «Generic Regulation of Mouse Liver Metabolite Levels». *Molecular Systems Biology*, vol.10, no.5, 23 may. 2014. Web. 27 jul. 2018. <<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4188043/>>
- Grosjean, Henri et al. «RNomics and Modomics in the Halophilic Archaea *Haloferax Volcanii*: Identification of RNA Modification Genes». *BMC Genomics*, vol.9, 9 oct. 2008. Web. 19 ago. 2018. <<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC2584109/>>
- Guerrero Ramos, Gloria. *Neologismos en el español actual*. Madrid: Arco Libros, S.L, 2010. Impreso.
- Gunn, Jake et al. «Berkeley Phylogenomics Group Web Servers: Resources for Structural Phylogenomic Analysis». *Nucleic Acids Research*, vol.35, 8 may. 2007. Web. 3 set. 2018. <<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC1933202/>>

- Hagedoorn, Peter. «Microbial Metalloproteomics». *Proteomes*, vol.3, no.4, 1 dic. 2015. Web. 5 set. 2018. <<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC5217388/>>
- Halberg, F. et al. «Chronomics and Genetics». *HHS Author Manuscript*, vol.80, no.4, 1 oct. 2007. Web. 9 ago. 2018. <<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC2731306/>>
- Haller, Heidemarie et al. «Somatoform Disorders and Medically Unexplained Symptoms in Primary Care». *Deutsches Arzteblatt International*, vol.112, no.16, 17 abr. 2015. Web. 17 oct. 2018. <<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4442550/>>
- Han, Yeshan et al. «Phenomics of Vascular Disease: The Systematic Approach to the Combination Therapy». *Current Vascular Pharmacology*, vol.13, no.4, jul. 2015. Web. 9 jun. 2018. <<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4397150/>>
- Hanash, S. y L. Beretta. «Operomics: Integrated Genomic and Proteomic Profiling of Cells and Tissues». *Briefings in Functional Genomics & Proteomics*, vol.1, no.1, feb. 2002. Web. 14 oct. 2018. <<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/15251063>>
- Hatim, Basil, e Ian Mason. *Teoría de la traducción Una aproximación al discurso*. Barcelona: Editorial Ariel, S.A., 1995. Impreso.
- Helbling, Lisa. «The NHI Roadmap Epigenomics Program Data Resource». *HHS Author Manuscript*, vol.4, no.3, jun. 2012. Web. 29 ago. 2018. <<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3381455/>>
- Hernández Murillo, Viviana. «Consideraciones pragmáticas en la traducción de los elementos supraoracionales en el contexto de cuatro artículos médicos especializados del Gastrointestinal Endoscopy Journal». UNA. 2013
- Herrera, Guadalupe et al. «Cytomics: A Multiparametric, Dynamic Approach to Cell Research». *Toxicology in Vitro*, vol.21, no.2, mar. 2007. Web. 25 ago. 2018. <<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0887233306001512>>
- Hilgartner, Stephen et al. «Ethics as Governance in Genomics and Beyond». *Handbook of Science and Technology Studies*. Ed. Ulrike Felt et al. Cambridge, MA: MIT Press, 2017.823. Web. 2 set. 2018. <[https://www.researchgate.net/publication/264239847\\_From\\_ELSA\\_to\\_responsible\\_research\\_and\\_Promisomics](https://www.researchgate.net/publication/264239847_From_ELSA_to_responsible_research_and_Promisomics)>
- Hoofnagle, Andrew y Jay Heinecke. «Lipoproteomics: Using Mass Spectrometry- Based Proteomics to Explore the Assembly, Structure, and Function of Lipoproteins». *Journal of Lipid Research*, vol.50, no.10, oct. 2009. Web. 1 jun. 2018. <<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC2739765/>>
- Huang, Z et al. «A Functional Variomics Tool for Discovering Drug-Resistance Genes and Drug Targets». *Cell Reports*, vol.3, no.2, 21 feb. 2013. Web. 29 jul. 2018. <<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/23416056>>

- Hurtado, Amparo. *Traducción y Traductología Introducción a la Traductología*. Madrid: Ediciones Cátedra, 2001. Impreso
- Joob, Beuy y Viroj Wiwanitkit. «Physiogenomics in Etiopathogenesis of Cholangiocarcinoma». *Indian Journal of Medical and Paediatric Oncology*, vol.38, no.3, jul. 2017. Web. 23 may. 2018. <<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC5686976/>>
- Kaddurah, Rima y Richard Weinshilboum. «Metabolomic Signatures for Drug Response Phenotypes-Pharmacometabolomics Enables Precision Medicine». *HHS Author Manuscript*, vol.98, no.1, 4 jun. 2015. Web. 1 set. 2018. <<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4938244/>>
- Kanno, Jun. «Percellome Toxicogenomics Project and Its Possible Contribution to 3R's». *National Institute of Health Sciences*, 21 ago. 2007. Web. 7 may. 2018. <<http://altweb.jhsph.edu/wc6/paper633.pdf>>
- Kato, Hisanori et al. «Omics and Integrated Omics for the Promotion of Food and Nutrition Science». *Journal of Traditional and Complementary Medicine*, vol.1, no.1, 16 jul. 2016. Web. 18 jul. 2018. <<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S2225411016300530#!>>
- Kerstin, Janet et al. «HLA Ligandomics Identifies Histone Deacetylase 1 as Target for Ovarian Cancer Immunotherapy». *Oncoimmunology*, vol.5, no.5, 1 jul. 2015. Web. 2 jul. 2018. <<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4910750/>>
- Komatsu, T. «Potential of Enzymomics Methodologies to Characterize Disease-Related Protein Functions». *Chemical & Pharmaceutical Bulletin*, vol.65, no.7, 2017. Web. 31 ago. 2018. <<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/28674330>>
- Krishnan, Bharathi et al. «Versatility of Using Major Histocompatibility Complex Class II Dextramers for Derivation and Characterization of Antigen-Specific, Autoreactive T Cell Hybridomas». *HHS Author Manuscript*, vol.426, 9 ago. 2015. Web. 13 jul. 2018. <<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4651793/>>
- Krumpochova, P. «Transportomics: Screening for Substrates of ABC Transporters in Body Fluids Using Vesicular Transport Assays». *FASEB (Federation of American Societies for Experimental Biology) Journal*, vol.26, no.2, feb. 2012. Web. 24 ago. 2018. <<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/22034653>>
- Ladd, Amy et al. «Macroscopic and Microscopic Analysis of the Thumb Carpometacarpal Ligaments». *The Journal of Bone and Joint Surgery*, vol.94, no.16, 15 ago. 2012. Web. 15 oct. 2018. <<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3412634/>>
- Lameris, Anke et al. «The impact of Formative Testing on Study Behaviour and Study Performance of (Bio)medical Students: a Smartphone Application Intervention Study». *BioMed Central Medical Education*, vol.15, 10 abr. 2015. Web. 04 jun. 2018. <<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4404663/>>

- Lee, Kyoung-Mu et al. «Design Issues in Toxicomics Using DNA Microarray Experiment». *Toxicology and Applied Pharmacology*, 1 set. 2005. Web. 2 set. 2018. <[https://www.researchgate.net/publication/7738469\\_Design\\_issues\\_in\\_toxicomics\\_using\\_DNA\\_microarray\\_experiment](https://www.researchgate.net/publication/7738469_Design_issues_in_toxicomics_using_DNA_microarray_experiment)>
- Leeds Omics. «Microbiomics». *University of Leeds*, 2018. Web. 4 set. 2018. <<http://www.leedsomics.org/microbiomics/>>
- Lemke, Amy y Julie Harris-Wai. «Stakeholder Engagement in Policy Development Challenges and Opportunities for Human Genomics». *HHS Author Manuscript*, vol.17, no.12, dic. 2015. Web. 14 ago. 2018. <<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4567945/>>
- Linton, Yvonne-Marie et al. «Mosquitoes of Eastern Amazonian Ecuador: Biodiversity, Bionomics, and Barcodes». *Memórias Do Instituto Oswaldo Cruz*, vol.108, no.1, dic. 2013. Web. 14 may. 2018. <<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4109186/>>
- Malinouski, Mikalai et al. «Genome-Wide RNAi Ionomics Screen Reveals New Genes and Regulation of Human Trace Element Metabolism». *HHS Author Manuscript*, vol.5, 31 ago. 2017. Web. 20 jul. 2018. <<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC5578452/>>
- Mans, BJ et al. «Comparative Sialomics Between Hard and Soft Ticks: Implications for the Evolution of Blood-Feeding Behavior». *Insect Biochemistry and Molecular Biology*, vol.38, no.1, ene. 2008. Web. 3 set. 2018. <<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/18070664>>
- McKinney, Jeffrey. «Nutragenomics Nexus of Value for the Nutraceutical Industry». *FDLI*, no.4, jul. 2006. Web. 6 ago. 2018. <[https://www.sheppardmullin.com/media/article/213\\_pub594.pdf](https://www.sheppardmullin.com/media/article/213_pub594.pdf)>
- McShane, Lisa et al. «Criteria for the Use of Omics-Based Predictors in Clinical Trials: Explanation and Elaboration». *BioMed Central Medicine*, vol.11, 17 oct. 2013. Web. 20 jun. 2018. <<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3852338/>>
- Meng, Chen y Amin Moghaddas. «Multiple Co-Inertia Analysis of Multiple OMICS Data Using Omicade4». 30 abr. 2018. Web. 17 oct. 2018. <<https://www.bioconductor.org/packages/release/bioc/vignettes/omicade4/inst/doc/omicade4.pdf>>
- Merriam-Webster Dictionary. *Genomics*. 2018. Web. 2 jul. 2018. <<https://www.merriam-webster.com/dictionary/genomics>>
- Merrick, Alex y Frank Witzmann. «The Role of Toxicoproteomics in Assessing Organ Specific Toxicity». *HHS Author Manuscript*, vol.99, 13 abr. 2010. Web. 9 ago. 2018. <<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC2853963/>>

- Mhlongo, Ml. et al. «The Chemistry of Plant-Microbe Interactions in the Rhizosphere and the Potential for Metabolomics to Reveal Signaling Related to Defense Priming and Induced Systemic Resistance». *Frontiers in Plant Science*, vol.9, 9 feb. 2018. Web. 17 ago. 2018.  
<<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/?term=signalomics%27&cmd=correctspelling>>
- Mlakar, Vid et al. «Pharmacogenomics in Pediatric Oncology: Review of Gene—Drug Associations for Clinical Use». *International Journal of Molecular Sciences*, vol. 17, no.9, 8 set. 2016. Web. 4 jun. 2018.  
<<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC5037779/>>
- Montero Castro, Susan. «El papel del análisis histórico en la traducción de textos técnicos como base de toma de decisiones terminológicas». *UNA*. 2009
- Mora Vargas, Karen. «Traducción de compuestos inorgánicos de inglés a español». *UNA*. 2016
- Moya, Virgilio. *La Selva de la Traducción Teorías Traductológicas Contemporáneas*. Madrid: Ediciones Cátedra, 2004. Impreso.
- Mukhopadhyay, M. et al. «Biotechnological Advances in Tea (*Camellia Sinesis* [L.] O. Kuntze): A Review». *Plant Cell Reports*, vol.35, no.2, feb. 2016. Web. 29 jul. 2018.  
<<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/?term=Expressomics>>
- Nesvizhskii, Alexey. «Proteogenomics: Concepts, Applications, and Computational Strategies». *Nature Methods*, vol.11, no.11, 30 oct. 2014. Web. 2 oct. 2018.  
<<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4392723/>>
- Niederfuhr, S. «How to Measure Metabolic Fluxes: A Taxonomic Guide for (13) C Fluxomics». *Current Opinion in Biotechnology*, vol.34, ago. 2015. Web. 2 set. 2018.  
<<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/25531408>>
- Oeltze, S. et al. «Interactive, Graph-Based Visual Analysis of High-Dimensional, Multi-Parameter Fluorescence Microscopy Data in Toponomics». *IEEE Transactions on Visualization and Computer Graphics*, vol.17, no.2, dic. 2011. Web. 11 jun. 2018.  
<<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/22034305>>
- Oxford University Press. «English Oxford Living Dictionaries». *Definition of agronomics in English*. Oxford University Press, 2018. Web. 20 jul. 2018.  
<<https://en.oxforddictionaries.com/definition/agronomics>>
- Pehrsson, Erica et al. «Interconnected Microbiomes and Resistomes in Low-Income Human Habitats». *HHS Author Manuscript*, vol.533, 11 may. 2016. Web. 16 jul. 2018.  
<<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4869995/>>
- Pérez, Julián y Ana Gardey. *Definición de Razón de Cambio*. 2015. Web. 5 ago. 2018.  
<<https://definicion.de/razon-de-cambio/>>

- Picariello, Gianluca et al. «Novel Mass Spectrometry-Based Applications of the “Omic” Sciences in Food Technology and Biotechnology». *Biotechnology*, vol.50, no.3, 30 abr. 2012. Web. 11 ago. 2018.  
<<https://pdfs.semanticscholar.org/ef35/88e86174a29b3193ef42557e71cbdc2cc575.pdf>>
- Poland, Gregory et al. «Vaccinomics, Adversomics, and the Immune Response Network Theory: Individualized Vaccinology in the 21st Century». *HHS Author Manuscript*, vol.25, no.2, 5 jun. 2013. Web. 1 ago. 2018.  
<<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3752773/>>
- Portincasa, Piero et al. «Impaired Gallbladder Motility and Delayed Orocecal Transit Contribute to Pigment Gallstone and Biliary Sludge Formation in  $\beta$  -Thalassemia Major Adults». *WJG World Journal of Gastroenterology*, vol.6, no.16, 15 ago. 2004. Web. 7 jul. 2018. <<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4576293/>>
- Priti, Roy et al. «A Genome-Wide Screen Indicates Correlation Between Differentiation and Expression of Metabolism Related Genes». *Plos One*, vol.8, no.5, 22 may 2013. Web. 2 set. 2018. <<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3661535/>>
- Pujol, Xavier. *Los vegetales también tienen su genoma*. Barcelona, El País, 2 jul. 2003. Web. 15 jul. 2018.  
<[https://elpais.com/diario/2003/07/02/futuro/1057096801\\_850215.html](https://elpais.com/diario/2003/07/02/futuro/1057096801_850215.html)>
- Real Academia Española*. Diccionario de la lengua española. 2017. Web. 29 mar. 2018.
- Renier, Sandra et al. «Subcellular Localization of Extracytoplasmic Proteins in Monoderm Bacteria: Rational Secretomics-Based Strategy for Genomic and Proteomic Analyses». *Plos One*, vol.7, no.8, 9 ago. 2012. Web. 22 jun. 2018.  
<<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3415414/>>
- Ruan, Jue et al. «Pseudo-Sanger Sequencing: Massively Parallel Production of Long and Near Error-free Reads Using NGS Technology». *BioMed Central Genomics*, vol.14, no.1, 17 oct. 2013. Web. 7 set. 2018.  
<<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4046676/>>
- Samir, Parimal y Andrew Link. «Analyzing the Cryptome: Uncovering Secret Sequences». *The AAPS Journal*, vol.13, no.2, 16 feb. 2011. Web. 27 ago. 2018.  
<<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3085711/>>
- Sánchez, Ángel. «Utilización de la Línea Celular CHO en los Ensayos de Genotoxicidad». *Rev Cubana Invest Biomed*, vol.18, no.1, 1999. Web. jul. 29. 2018.  
<[http://bvs.sld.cu/revistas/ibi/vol18\\_1\\_99/ibi07199.pdf](http://bvs.sld.cu/revistas/ibi/vol18_1_99/ibi07199.pdf)>
- Sánchez, Felipe. *Proteómica para la agricultura del futuro*. Coahuila, Agencia Informativa CONACyT, 11 oct. 2017. Web. 14 ago. 2018.  
<<https://www.inforural.com.mx/proteomica-para-la-agricultura-del-futuro/>>

- Sedzik, Jan y Paolo Riccio. *Molecules: Nucleation, Aggregation, and Crystallization*. Singapur, World Scientific Publishing, 2009.
- Segen's Medical Dictionary. «Diagnomics». *Farlex*, 2011. Web. 1 set. 2018. <<https://medical-dictionary.thefreedictionary.com/Diagnomics>>
- Selevsek, Nathalie et al. «Reproducible and Consistent Qualification of the *Saccharomyces Cerevisiae* Proteome by SWATH-Mass Spectrometry». *Mol Cell Proteomics*, vol.14, no.3, 5 jun. 2015. Web. 12 jul. 2018. <<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4349991/>>
- Shigunov, Patricia y Bruno Dallagiovanna. «Stem Cell Ribonomics: RNA-Binding Proteins and Gene Networks in Stem Cell Differentiation». *Frontiers in Molecular Biosciences*, vol.2, 22 dic. 2015. Web. 5 jun. 2018. <<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4686646/>>
- Shmaefsky, Brian. *Biotechnology 101*. Connecticut, Greenwood Press, 2006.
- Sihag, Smita et al. «PGC-1 $\alpha$  and ERR $\alpha$  Target Gene Downregulation Is a Signature of the Failing Human Heart». *HHS Author Manuscript*, vol.46, no.2, feb. 2009. Web. 20 ago. 2018. <<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC2681265/>>
- Stanley, H et al. «Econophysics: Can Physics Contribute to the Science of Economics?» *Elsevier Science B.V.*, vol.269, no.1, 28 jul. 1999. Web. 31 ago. 2018. <<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0378437199001855?via%3Dihub>>
- Stechow, Louise et al. «Recent Findings and Technological Advances in Phosphoproteomics for Cells and Tissues». *Expert Review of Proteomics*, vol.12, no.5, 3 set. 2015. Web. 30 ago. 2018. <<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4819829/>>
- Storch, Jose María, y Rosalía Moreno. «Reflexiones y recomendaciones sobre buenas prácticas en la traducción científica y técnica». *Tecnología y desarrollo Revista de ciencia, tecnología y medio ambiente*, sept. 2011: 1-45. Web. 25 mar. 2018. <<http://www.uax.es/publicacion/reflexiones-y-recomendaciones-sobre-buenas-practicas-en-la-traduccion-cientifica.pdf>>
- Straub, Josef et al. «Pharmacomethylomics: Methylation Profiling Applied to Drug Resistance Models». *Clinical Cancer Research*, vol.12, no.19, oct. 2006. Web. 8 ago. 2018. <[http://clincancerres.aacrjournals.org/content/12/19\\_Supplement/A95](http://clincancerres.aacrjournals.org/content/12/19_Supplement/A95)>
- Taysen-Andersen, Morten et al. «Maturing Glycoproteomics Technologies Provide Unique Structural Insights into the N-glycoproteome and its Regulation in Health and Disease». *Molecular & Cellular Proteomics*, vol.15, no.6, ene. 2016. Web. 3 set. 2018. <<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC5083109/>>

- Terzic, Andre y Atta Behfar. «Stem Cell Therapy For Heart Failure: Ensuring Regenerative Proficiency». *HHS Author Manuscript*, vol. 26, no. 5, 1 jul. 2017. Web. 29 ago. 2018. <<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4912443/>>
- The ENCODE Project Consortium. «An Integrated Encyclopedia of DNA Elements in the Human Genome». *HHS Author Manuscripts*, 6 set. 2012. Web. 15 jul. 2018. <<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3439153/>>
- Trifonova, Oxana et al. «Postgenomics Diagnostics: Metabolomics Approaches to Human Blood Profiling». *OMICS: A Journal of Integrative Biology*, vol.17, no.11, 29 oct. 2013. Web. 2 de jul. 2018. <<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3814984/>>
- U.S. National Library of Medicine. «What Is Pharmacogenomics?» *Genetics Home Reference*, 2 oct. 2018. Web. 4 oct. 2018. <<https://ghr.nlm.nih.gov/primer/genomicresearch/pharmacogenomics>>
- Van Der Stricht, O. «The Blastocyst of the Dog.» *Journal of Anatomy*, vol.58, 1923. Web. 4 ago. 2018. <<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC1249776/>>
- Veltri, Robert et al. «Nuclear Morphometry, Nucleomics and Prostate Cancer Progression». *Asian Journal of Andrology*, vol.14, no.3, 16 abr. 2012. Web. 19 jul. 2018. <<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3720156/>>
- Viant, Mark. «Metabolómica Ambiental: El estudio de las enfermedades y de la toxicidad en la vida silvestre». *American Institute of Biological Sciences*, ene. 2006. Web. 2 nov. 2015. <<http://www.actionbioscience.org/esp/genomica/viant.html>>
- Wang, Miao et al. «Novel Advances in Shotgun Lipidomics for Biology and Medicine». *HHS Author Manuscript*, vol.61, 15 dic. 2015. Web. 30 ago. 2018. <<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4733395/>>
- Wang, Xiaodong et al. «Broad-Spectrum Four-Dimensional Orthogonal Electrophoresis: A Novel Comprehensively Feasible System for Protein Complexomics Investigation». *Molecular & Cellular Proteomics*, vol.11, no.9, 27 feb. 2012. Web. 28 ago. 2018. <<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3434787/>>
- Wang, Xiaotong et al. «Evolutionary Survey of Druggable Protein Targets with Respect to Their Subcellular Localizations». *Genome Biology and Evolution*, vol.5, no.7, 7 jul. 2013. Web. 17 set. 2018. <<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3730344/>>
- Williams, Jenny y Andrew Chesterman. *The Map A Beginner's Guide to Doing Research in Translation Studies*. Manchester: St. Jerome Publishing. Impreso
- Xie, Xiang-Qun et al. «Chemogenomics Knowledgebased Polypharmacology Analyses of Drug Abuse Related G-protein Coupled Receptors and Their Ligands». *Frontiers in Pharmacology*, vol.5, no.3, 6 feb. 2014. Web. 7 ago. 2018. <<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3915241/>>

- Yang, Lun et al. «ReCGiP, a database of Reproduction Candidate Genes in Pigs Based on Bibliomics». *RB&E Reproductive Biology and Endocrinology*, vol.8, no.96,14 ago. 2010. Web. 15 jun. 2018.  
<<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3224910/#B11>>
- Yang, Xiao-Yan et al. «Integrated Translatomics with Proteomics to Identify Novel Iron-Transporting Proteins in *Streptococcus pneumoniae*». *Frontiers in Microbiology*, vol.7, 3 feb. 2016. Web. 14 jun. 2018.  
<<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4738293/>>
- Yáñez, José M. et al. «Genomics in Aquaculture to Better Understand Species Biology and Accerelate Genetics Progress». *Frontiers in Genetics*, vol.6,1 abr. 2015, p.128. Web. 27 jul. 2018. <<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4381651/>>
- Zamyatnin, AA. «Fragmentomics of Natural Peptide Structures». *Biochemistry*, vol.74, no.13, dic. 2009. Web. 9 jul. 2018. <<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/20210710>>
- Zhao, Long et al. «The Emerging Roles of Phosphatases in Hedgehog Pathway». *Cell Communication & Signaling*, vol.15, 20 set. 2017. Web. 28 jul. 2018.  
<<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC5607574/>>

## **Anexos**