

CÓMO DESCIFRAR LOS HIPERTEXTOS DEL GENOMA

(How to Decode Genomic Hypertexts)

DIEGO JORDANO-BAREA
ACADÉMICO NUMERARIO

Abstract:

Cells are molecular nanocomputers that maintain the dynamic equilibrium of life by processing an immense genetic project encrypted in chromosomes. It would be impossible to read the genetic information of the human genome (equivalent to two tapes of 20,000 km in length) without the techniques of abstraction, reduction, hierarchical division and subdivision used in Oriented to Objects Programming. The semantics of the problem can be divided into packages, subprojects, applications and applets that execute multiple tasks in real time. In this paper strategies are shown for increasing the speed at which genomes are decoded.

Keywords: Biology; Cytology; Informatics; Bioinformatics; Genetics; Genome; Uncoding; Computing; Oriented to Objects Programming

Descriptors: Cytoinformatics; Genome; Proteome.

Resumen:

La célula mantiene la vida mediante ordenadores moleculares que procesan un gigantesco proyecto genético. Descifrar textos sumamente complejos y extensos (el humano equivale a dos cintas que darían una vuelta a la Tierra) sería imposible sin la abstracción y sin la clasificación jerárquica que emplea la programación orientada a objetos para dividir la semántica de los problemas complejos en paquetes, subproyectos, aplicaciones y miniaplicaciones que ejecuten en paralelo múltiples tareas, en tiempo real. Este artículo esboza cómo la célula subdivide y ejecuta un inmenso proyecto genético y cómo se podría acelerar la decodificación de genomas ya secuenciados.

Genoma

Un genoma es el conjunto de genes de un proyecto que dirige los procesos que mantienen la vida de los organismos unicelulares y pluricelulares, extrayendo de los alimentos la energía que se opone a la entropía o conversión del orden celular en un desorden mortal. Un genoma se puede comparar con el guión de una película, porque es un texto que especifica detalladamente cada escenario, con todos sus objetos, actores, movimientos y diálogo. Los actores principales son las proteínas y los ácidos nucleicos. Por ejemplo: En el escenario del aparato mitótico se desarrollan las escenas de la división celular.

Gen

Un gen es un programa informático que comienza siempre con un encabezamiento y termina con una o más palabras que marcan el fin de su texto. Se parece a una receta de cocina, puesto que cada gen es un fragmento de ácido nucleico (fig. 1) que contiene todas las instrucciones necesarias para que los ribosomas de la célula (fig. 2) sinteticen un polipéptido (fig. 2, 3); nombre que se da a una fila de aminoácidos ligados entre sí como las palabras de un texto o los vagones de un tren. Las palabras portadoras de la información que contienen los genes están escritas con un alfabeto de cuatro letras, que son las siguientes bases nitrogenadas: Adenina (**A**), Guanina (**G**), Citosina (**C**) y Timina (**T**), pero todas las palabras de un gen tienen siempre tres letras, por eso se llaman trígrafos o tripletes; por ejemplo: CGG y AGC. Si hay anuncios escritos con bombillas o con tubos fluorescentes, y textos que en Morse se emiten como puntos y rayas, no debe sorprendernos demasiado que algunas moléculas sean letras, aunque no identifiquen sonidos, sino circuitos moleculares, con sus peculiares cargas y campos eléctricos, de los que dependen sus propiedades funcionales.

El ácido desoxirribonucleico (ADN) es un hipertexto

El ADN (fig. 1) funciona como un hipertexto porque la activación de sus palabras promueve la transcripción a otro texto diferente que va en una cinta de ARN (fig. 2, 1). Se conocen numerosas moléculas que, como las marcas que ponemos en los libros, señalan en cada momento, en el ADN, el inicio y el fin del texto que hay que transcribir y ejecutar. El texto restante no puede ser leído si está encapsulado (comprimido) o si una marca de salto obligado, unida a un segmento estirado, deniega la lectura de este último; y hay marcas que permiten la lectura y transcripción sólo si se cumplen ciertas condiciones.

Expresión de los genes

Los genes pueden expresarse de diversos modos según el contexto, la posición y el marco y dirección de su lectura. De ahí que un mismo gen pueda programar más de una proteína distinta (heterometáfrasis). Por eso se ha tenido que redefinir el gen diciendo que es cualquier secuencia de ADN que se transcribe como una sola unidad y codifica un conjunto de cadenas polipeptídicas estrechamente emparentadas, que dan lugar a proteínas muy parecidas que se distinguen entre sí por sus propiedades. Vienen a ser como un juego de destornilladores: sus formas son iguales (isoformas) pero sus medidas difieren y esa es la razón de que los relojeros utilicen los más pequeños. El violín, la viola, el violonchelo y el contrabajo son también isoformas salidas del mismo taller y cumplen funciones distintas. En la vida corriente y en la célula hay muchos casos de polimorfismo.

Exones e intrones

El texto de los genes más frecuentes suele tener unas 33.333 palabras de tres letras o **codógenos** (**TACCGG...AGCATT**). Unos párrafos son **exones** o segmentos cuyos codógenos se transcriben en **codones** o claves (fig. 2, 4, 1, 5) a una cinta de ARN mensajero (ARN-m) (fig. 2, 4-5) que los ribosomas (fig. 2), con su "diccionario" o **código genético** (fig. 3), traducen literalmente a polipéptido o secuencia de aminoácidos (fig. 2, 3). Los exones vienen a ser como los párrafos que los personajes teatrales traducen en palabras. Los intrones, en cambio, aunque no aparecen en el escenario son indispensables para la ejecución de la obra. El director de escena, el apuntador y la tramoya son buenos ejemplos de intrones. Además, en los genes hay intrones o pala-

bras que se transcriben a ARN pero no codifican polipéptidos porque tienen otras funciones (enzimáticas, edición de textos, transporte e instalación de una proteína en su destino, etc.). Los virus y muchas bacterias carecen de intrones pero disponen de variados recursos que aumentan la capacidad autorreguladora y expresiva de su pobre vocabulario genético.

Cómo opera el genoma

Comparado el genoma con una gran enciclopedia culinaria de unos 3.000 tomos, el sistema operativo celular elige un tomo y lo abre por la página o gen que contiene la receta que necesita. Los utensilios son intrones (no se comen); los ingredientes son exones; otros intrones detallan las operaciones a realizar para cocinar el plato deseado. La existencia en el ADN de tres codógenos distintos para el codón STOP (fig. 3), sugiere que uno de ellos marca el comienzo de un intrón; otro punto distinto señala final de intrón y comienzo de exón. El tercer tipo de STOP debe ser el punto final de la transcripción. Un editor de textos corta y elimina los intrones, el encabezamiento y el final del ARN-m y pega los fragmentos en el orden en que los traducirán los ribosomas (fig. 2). Los exones generan algo menos del 10 % del ácido ribonucleico (ARN) que se convierte en ARN mensajero. El 90-97% restante son los intrones que contienen la abundante información necesaria para operar. Por eso hay que rechazar la hipótesis muy extendida de que ese 90-97% sea basura, porque la ejecución de todo proyecto, informático o no, necesita materiales auxiliares y procedimientos que no aparecen en el resultado final. Además, en el ADN existen pseudogenes (genes incapaces de codificar proteínas).

Las células utilizan varios lenguajes

Entre la evolución de los lenguajes genéticos de la célula y los de las computadoras hay un paralelismo interesante. Las primeras computadoras electrónicas funcionaban con instrucciones escritas en lenguaje binario (secuencias de ceros y unos, como 100100011010110..., p. ej.). Al aumentar los PC su memoria y rapidez se pudo incrementar la longitud y la complejidad de los programas, pero hubo que inventar lenguajes de alto nivel (fig. 4), más cercanos a nuestro pensamiento que a la máquina y fáciles de aprender, porque usan pocas palabras y abreviaturas, son sumamente concisos y ocupan mucha menos memoria. Para que la máquina los entienda se requiere un intérprete o lenguaje de bajo nivel (fig. 4) que lo traduzca al lenguaje binario que obedece la máquina. Para comprender bien estos tecnicismos conviene seguir los pasos del proyecto "tomar cerveza". Paso 1º: El cerebro busca en ciertas neuronas cinco palabras, las corta y las empalma en esta frase imperativa dicha en un lenguaje físico de alto nivel: "Camarero: Una cerveza de grifo". Se llama de alto nivel porque ocupa el vértice de la cadena jerárquica cliente-camarero-barman-máquina y, siendo una idea simple, pone en marcha un proceso complejo. El pensamiento oculto en el cerebro se expresa o exterioriza en ondas sonoras, portadoras de un lenguaje de bajo nivel que entiende el camarero. Segundo paso: el camarero pasa el pedido o *mensaje* al barman. Tercer paso: el barman abre el grifo mientras llena el vaso y lo cierra. Dicho de otro modo: "habla" con la máquina en *lenguaje binario o de máquina* girando el grifo desde la posición **0** (cerrado) a la posición **1** (abierto). (En bioquímica, estos cambios de posición espacial se llaman alostéricos. El telégrafo de banderas deja claro la complejidad de los proyectos que se pueden escribir y ejecutar con simples cambios de posición). El camarero conoce los caminos de ida y vuelta y los puntos exactos de recogida y entrega; y las células también reconocen los suyos, como demostró Günter Blobel, por lo que recibió el premio Nobel de medicina de 1999.

Evolución del tamaño de los proyectos genéticos

La evolución biológica fue aumentando el tamaño de los organismos celulares y el de sus respectivos proyectos genéticos. Uno de los programas genéticos más pequeños es un parásito de otro parásito (hiperparásito), tan degradado que ha quedado reducido a un mínimo aparato reproductor: un procromosoma circular de ARN carente de genes. Se llama viroide satélite del virus de la necrosis del tabaco (STNV) y consta de 359 pares de letras (bases nitrogenadas), sin ningún gen. Este viroide es un breve programa de autocarga con el que penetra en una célula de la planta y provoca la ayuda del virus de la necrosis del tabaco (TNV), si está presente, consiguiendo que, con genes usurpados, las células atacadas lo reproduzcan. Es evidente el parecido que tiene con una cassette que entra por la ranura de un ordenador y lo obliga a cargar y reproducir un corto programa dañino.

Hay virus con un solo gen y el bacteriófago MS2 tiene cuatro con 1.300 pares de bases. Los virus más evolucionados poseen una o dos cintas helicoidales de ADN, que es un soporte más seguro y largo que el ácido ribonucleico (ARN) de los retrovirus, por lo que puede encriptar genomas mayores (unos 300 genes y 138.000 palabras, en el virus de la viruela). En muchas bacterias la longitud del proyecto ronda los 2.000 genes; y su ADN, los 10 millones de pares de bases, pero aumentan sus posibilidades de expresión mediante operones, represores, derrepresores y otros sorprendentes autorreguladores informáticos. En los seres vivos más evolucionados son frecuentes los genes que tienen 100.000 pares de nucleótidos o peldaños y se requieren 1.000 pares de nucleótidos (unas 333 palabras) para codificar una proteína pequeña de 300 a 400 aminoácidos.

Los errores se convierten en holgura adaptativa

Se estima que al copiar diez millones de veces un gen de mil nucleótidos, la célula animal sólo comete un error. Un eficaz sistema de reparación arregla bioquímicamente muchas roturas, imperfecciones y errores del ADN y de los ARN. Los errores genéticos o mutaciones suelen ser letales, pero las neutras y las beneficiosas suministran la pequeña holgura necesaria para que el sistema genético, sin dejar de ser altamente seguro, permita su lenta evolución, por selección natural, y la posibilidad de adaptar los proyectos a un medio ambiente muy diversificado y cambiante.

Lectura y ejecución múltiple

La existencia de ciertos genes muy repetidos en serie lineal sugiere que funcionan como las cadenas industriales de montaje en línea o como una instrucción DO WHILE, en tanto que en los cromosomas politénicos (de muchas cintas paralelas) los genes de cada banda transversa de un abultamiento o pofu efectúan en paralelo la transcripción a ARN mensajero.

Las cargas eléctricas que mantienen la vida

Los 100.000 millones de células de nuestro cuerpo son como una gran red de nanoordenadores que funcionan por cargas eléctricas procedentes de moléculas. (La ciencia de la electricidad molecular se llama moléctrica). Sus genomas se parecen a los archivos de la alta dirección de una gran empresa, porque de su lenguaje de alto nivel (fig. 4) se transcriben fragmentos escritos en lenguaje operativo, de bajo nivel (ARN mensajero), que sirve para el buen funcionamiento y coordinación de muchas y distintas clases de actividades. La célula utiliza, además, un original lenguaje de moléculas que pueden funcionar como herramientas y aún como máquina molecular (fig. 5). Na-

die ha logrado hasta ahora que un programa construya la máquina que lo ejecute; pero la célula lo consigue rápidamente utilizando el lenguaje P (de los polipéptidos y proteínas) y el lenguaje ARN, ya que las proteínas y los ácidos nucleicos son semiconductores con bandas de energía y bandas de conducción que constituyen complejos circuitos moleculares de transferencia de cargas eléctricas capaces de realizar trabajo. (El cauce de un río es como una larga banda de conducción del agua hasta la desembocadura. Corre teleonómicamente a su exacto destino de una manera pseudofinalista, aparentemente inteligente, empujada por leyes físicas sencillas y puede mover una turbina y otros artilugios). Por otra parte hay muchas estructuras biológicas que funcionan como ordenadores moleculares analógicos; otras, como ordenadores híbridos (dígitales-analógicos); y nos sorprenden las que sirven de cauce teleonómico de procesos informáticos tan complejos como la autoipoiesis o autoconstrucción del propio organismo y su homeostasis o autorregulación. (Sólo una máquina ideal de von Neuman podría construirse a sí misma).

Citoinformática y programación orientada a objetos

La programación orientada a objetos (POO) guarda tanta similitud con la de las células que será provechoso desarrollar una citoinformática que ayude a los analistas de sistemas a dividir un genoma en paquetes, clases abstractas, objetos, métodos y procedimientos, ordenándolo todo jerárquicamente. En el paquete "herramientas" está la clase "de carpintero", la clase "de electricista", etc., y pueden contener las subclases "caseras" e "industriales", con muy diversos *objetos*: "martillos", "sierras", etc. En el lenguaje Java, orgánulos, canales, macromoléculas, moléculas, etc. pueden tratarse como objetos; es decir como datos u operandos. Lo que hay que hacer con ellos son *métodos* y *procedimientos*. Lo que hacen los objetos son sus *funciones*.

En citoinformática convendría crear la clase "cromosoma", con la subclase "genoma", constituida por los objetos "gen", "intrón", "exón"; la clase "proteína"; la clase "enzima"; la clase "ión", etc., etc. Como el genoma enrollado en hélice está protegido por *encapsulación*, sólo pueden desenrollarlo parcialmente, leerlo y transcribirlo células específicas, en el momento preciso. La encapsulación, pues, es el origen de la diferenciación celular y asegura el funcionamiento independiente de cada objeto. Gracias a la *herencia*, una subclase hereda todos los *atributos* de cada uno de sus antecesores en la jerarquía de clases, lo que nos ahorrará mucho tiempo y trabajo, porque eso permitirá aprovechar partes más o menos extensas de programas hechos y probados para genomas muy diferentes del humano. (Nuestro genoma comparte muchos genes con el colibacilo; y con los chimpancés, el 95%. Los distintos modelos de coche heredan del prototipo numerosos componentes). Como un destornillador es un objeto de la clase herramientas, bastará definir un destornillador abstracto y, variando algunos de sus atributos (medidas, etc.) conseguiremos un juego de destornilladores polimorfos, útiles para tareas muy diferentes (polimorfismo). El polimorfismo bioquímico está muy extendido entre los seres vivientes. Las isoenzimas son un ejemplo de polimorfismo. Encapsulación, polimorfismo y herencia son los recursos más poderosos del lenguaje Java y otros similares.

No basta con decodificar

Si al decodificar un genoma nos limitamos a identificar el gen que produce cada proteína, obtendremos algo parecido a la lista de actores y personajes que aparecen en una película y nos quedaremos sin conocer el argumento, que es lo interesante. Lo más rápido sería empezar por descifrar el sistema operativo de un viroide, un virusoide, un

virus de un solo gen, un virus de 3 ó 4 genes y una bacteria, porque hay que esperar que los genomas de organismos situados más arriba, en la escala taxonómica, contengan buena parte de la herencia informática conservada por la evolución. En el genoma humano lo más razonable sería buscar el código de comienzo del ciclo de la división celular; y después, los que contengan intrones reguladores y exones codificadores de proteínas kiberneticas. El nombre de *kybernetes* le vendría muy bien al sistema operativo celular (SOC), porque *kybernetes* significa timonel. La aplicación informática que dirige la división celular tiene que contener estas cuatro instrucciones básicas: 1ª. Si pausa $G_2 = 1$ y la kinasa está unida a la ciclina, ejecuta la aplicación mitosis. 2ª. Si la kinasa está unida a la G_1 ciclina, inicia la síntesis y duplicación del ADN. 3ª. En caso de que no lo esté, inicia la pausa G_2 . 4ª. Repite el ciclo. Este sencillo esquema prescinde de un elevado número de instrucciones y no tiene en cuenta moléculas y factores internos y externos que pueden modificarlo y adaptarlo a las circunstancias, pero es la rutina central del tratamiento cíclico de los sucesos observados en las mitosis. Recuerdo una película francesa en la que los núcleos de algunas células hepáticas cultivadas *in vitro* giran como la esfera de un reloj de cocina y se ponen a cero efectuando una rotación de 360° en sentido contrario. Hay otros relojes biológicos y temporizadores que aseguran la entrada en funcionamiento y la parada en tiempo oportuno para sincronizar bien el multiproceso paralelo.

Hay que descifrar el puzzle pieza a pieza

Unas excelentes guías para descifrar genomas podrían ser las rutas metabólicas bioquímicas. Por ejemplo, para simular la función amplificadora de la adrenalina tendríamos que escribir la «aplicación adrenalina»; programa que simulará un amplificador que promueve reacciones en cadena cuando esta hormona se une a un receptor de membrana específico (como la llave de puesta en marcha de un automóvil cuando gira dentro de su receptor), ya que induce la conversión del ATP a AMPc, que actúa como un segundo mensajero, libera un R-polipéptido que inhibe la proteinkinasa dejando libre un C-péptido activo, el cual provoca la conversión de la glucógenofosforilquinasa en glucógenofosforilasa, que es la que desdobra el glucógeno en glucosa-1-P. Basta que el AMP-c se eleve un micromol por kg de músculo para que se formen 25.000 veces más moléculas de glucosa por minuto (efecto amplificador). Esta aplicación o programa sería una pieza, entre muchas, del puzzle que hay que reconstruir.

Otra aplicación podría explicar cómo un paquete de genes programan la ATP-asa (fig. 5) de las mitocondrias, que son ordenadores moleculares analógicos. Cada macromolécula de ATP-asa gira como una revolandeta porque el disco basal de la enzima contiene un canal que bombea (función o procedimiento) protones. La energía que produce el gradiente de protones hace girar (función) el tallo gamma dentro del rosetón (objeto) formado por tres parejas de proteínas; y el giro produce la síntesis de ATP a partir de ADP y de P_i . La cadena respiratoria, por su parte, programa los electrones que desdoblan la molécula de oxígeno para que acepte protones. Al descifrar los genes constructores de ATP-asas que gobiernan el potencial eléctrico de otras membranas celulares, nos ahorraremos buena parte del trabajo de decodificarlos, porque son casos particulares del paquete ATP-asa, que por herencia puede aplicarse también al potencial de membrana de células excitables; por ejemplo: las neuronas.

Palabras metagráficas

No olvidemos que los aminoácidos son palabras de un texto que pueden cambiar de posición, de orientación y de enlaces, modificando metagráficamente la función de la

proteína (*metagrafo* es modificar el significado de un texto escribiéndolo de otra manera). La estructura primaria de muchos polipéptidos tiene actividad biológica, pero otros funcionan como pequeños programas comprimidos y tienen que ser desplegados y conformados tridimensionalmente para que cumplan su función específica (como el despliegue del tren de aterrizaje de un avión que va a tomar tierra). Además, los fluidos celulares, entre los cuales están los cristales líquidos, pueden obedecer a la fluidónica o lógica de fluidos.

El esquema general que he esbozado es aplicable a la fotosíntesis, al ciclo de Krebs, al desarrollo embrionario y a multitud de procesos celulares simultáneos que transcurren coordinadamente en tiempo real. Nosotros mismos somos un sistema operativo que con las manos dirige innumerables clases de objetos; desde el bolígrafo hasta una estación espacial. Las 10^{10} neuronas del cerebro humano forman el superordenador que coordina nuestras 10^{11} células, reprogramando continuamente las conexiones neuronales de acuerdo con las tareas a ejecutar. De un modo remotamente parecido se programan o cablean los ordenadores analógicos.

El propósito de este trabajo es reducir a un esquema supersimplificado la actividad informática celular y tratar de aclarar cómo las células ejecutan los proyectos más largos y complejos de todo el universo, mediante un sistema moletrónico, más potente quizás que el futuro microprocesador RAW del proyecto Oxygen

Reto a los internautas

Escribir un proyecto informático que simule el funcionamiento de un genoma sencillo será sumamente difícil y requerirá la colaboración de un gran número de internautas. Pero si cada grupo descifra el significado de una pieza del puzzle en un tiempo razonablemente corto, juntarlas sintéticamente para comprender bien lo que es la vida resultará mucho más fácil.

Bibliografía complementaria

ADLEMAN, L. M. s. d. On constructing a Molecular Computer. Draft.. Univ. Southern California. Los Angeles, CA 90089, USA.

ANÓNIMO. Genetic and Evolutionary Computation Conference (ECCO-2000/GP-2000). July 8-12, 2000. Las Vegas. USA.

FRAMIÑAN TORRES, J. M. Java al día en una hora. Ed. Anaya Multimedia. Madrid. 1997.

JORDANO-BAREA, D. Ordenadores de tamaño microscópico. Reto de la biología molecular a la electrónica. *Anal. Univ. Hispalense*; vol. 26. pp. 99-110; 1966.

JORDANO-BAREA, D. Genetics and Bio-informatics. Replies from Biological Research. *Proceedings of the Symposium on Biology and Ethics*; pp. 351-357. UNESCO-CSIC. Madrid (10-14 oct., 1979).

MERINO, E., BALBÁS, P., PUENTE, J. L., Y BOLIVAR, F. 1994. Antisense overlapping open reading frames in genes from bacteria to humans; *Nucleic Acids Res.*, vol. 22, nº 10, pp. 1903-1908.

JI, SUNGCHUL. *The Linguistics of DNA: Words, Sentences, Grammar, Phonetics, and Semantics*. En: *Molecular Strategies in Biological Evolution. Ann. New York Acad. Sci.* vol. 870, pp. 411-417, 1999.

En Internet

La mejor dirección es www.ncbi.nlm.nih.gov. (National Center for Biotechnological Information. National Library of Medicine. National Institut of Health. USA).

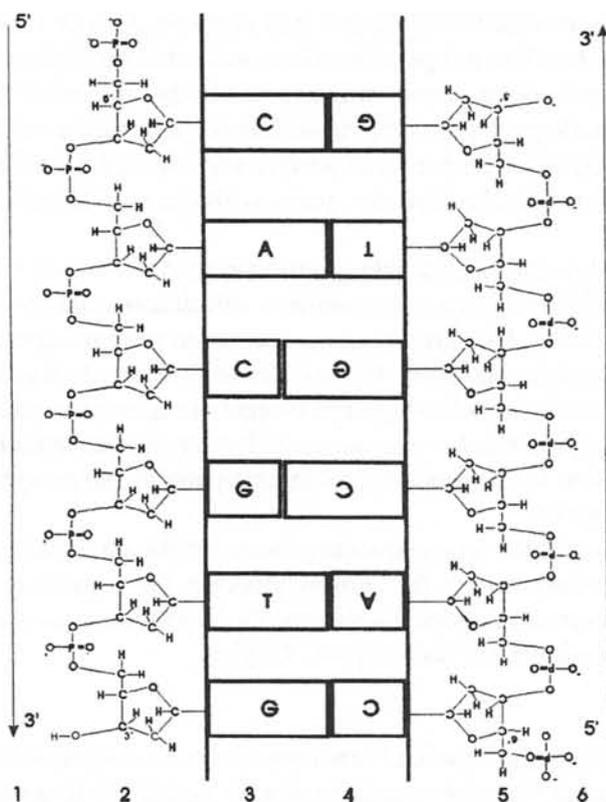
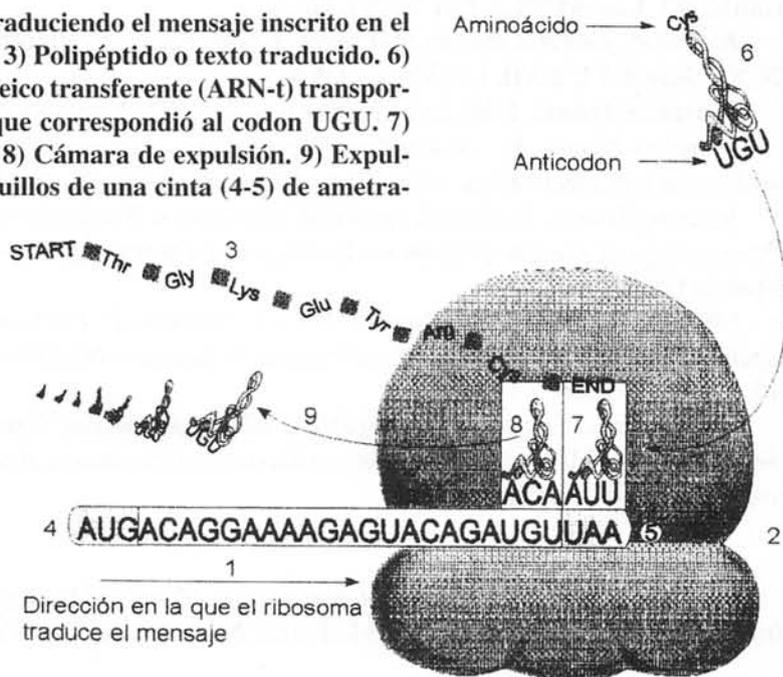


Fig. 1. Pequeño tramo de la doble hélice del ADN. 1) Dirección de lectura del (ADN⁻) negativo (3). 2) y 5) El borde de fosfodesoxirribosa sostiene la información genética. 3) CAC y GTG son dos palabras o codógenos de este ejemplo. 4) CAC y GTG son sus dos palabras complementarias en la hemihélice positiva (ADN⁺). 6) Dirección de la lectura de la hemihélice positiva de ADN.

Fig. 2. Ribosoma (2) traduciendo el mensaje inscrito en el ARN mensajero (4-5). 3) Polipéptido o texto traducido. 6) Ácido desoxirribonucleico transferente (ARN-t) transportando el aminoácido que correspondió al codon UGU. 7) Cámara de admisión. 8) Cámara de expulsión. 9) Expulsión similar a los casquillos de una cinta (4-5) de ametralladora.



		2ª posición					
1ª base (extremo 5')	U	C	A	G	3ª base (extremo 3')		
U	Phe	Ser	Tyr	Cys	U	C	
	Phe	Ser	Tyr	Cys			
	Leu	Ser	STOP	STOP			A
C	Leu	Pro	His	Arg	U	C	
	Leu	Pro	His	Arg			
	Leu	Pro	Gln	Arg			A
A	Ile	Thr	Asn	Ser	U	C	
	Ile	Thr	Asn	Ser			
	Ile	Thr	Lys	Arg			
	Met (e inicio)	Thr	Lys	Arg			A
G	Val	Ala	Asp	Gly	U	C	
	Val	Ala	Asp	Gly			
	Val	Ala	Glu	Gly			
	Val	Ala	Glu	Gly			A

Fig. 3. Código genético. Diccionario de una página con las 64 palabras (4x4x4) del lenguaje genético. Ejemplo: U A G se traduce por el aminoácido Trp, que es el triptófano, una de las 20 palabras que forman las proteínas. El código Morse tiene cierto parecido.

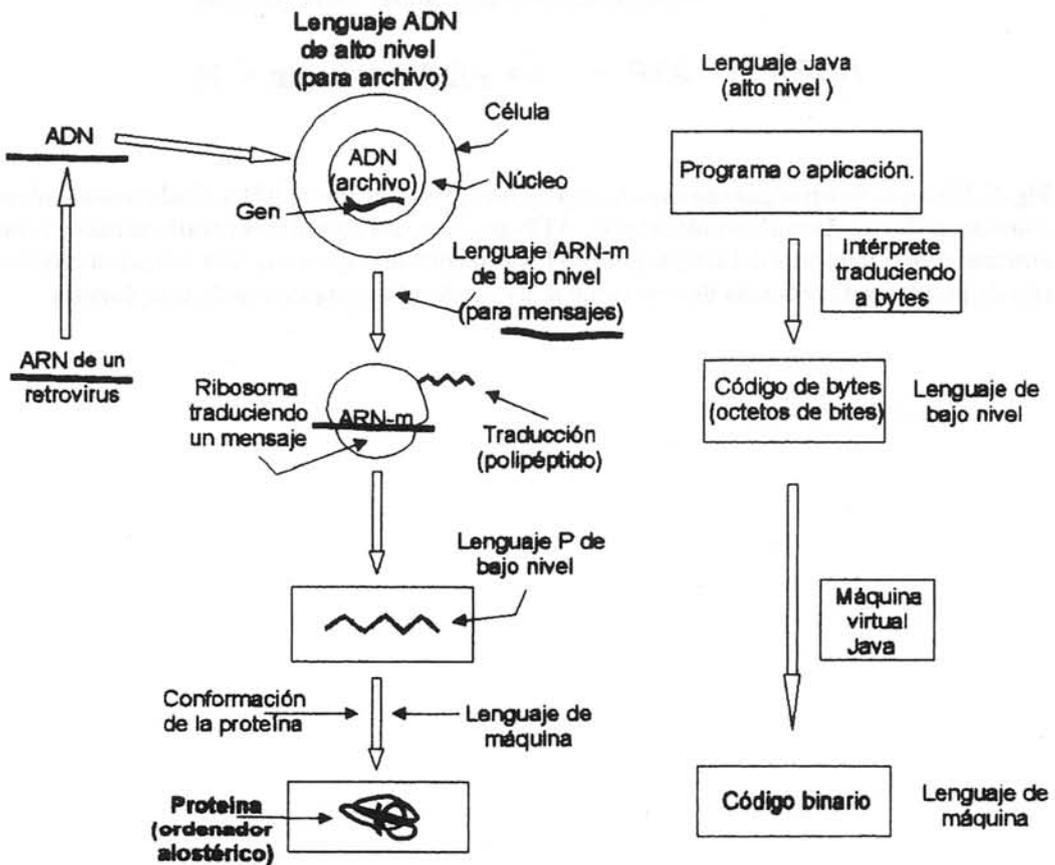


Fig. 4. Comparación entre los 4 lenguajes de las células y los 3 de los ordenadores electrónicos.

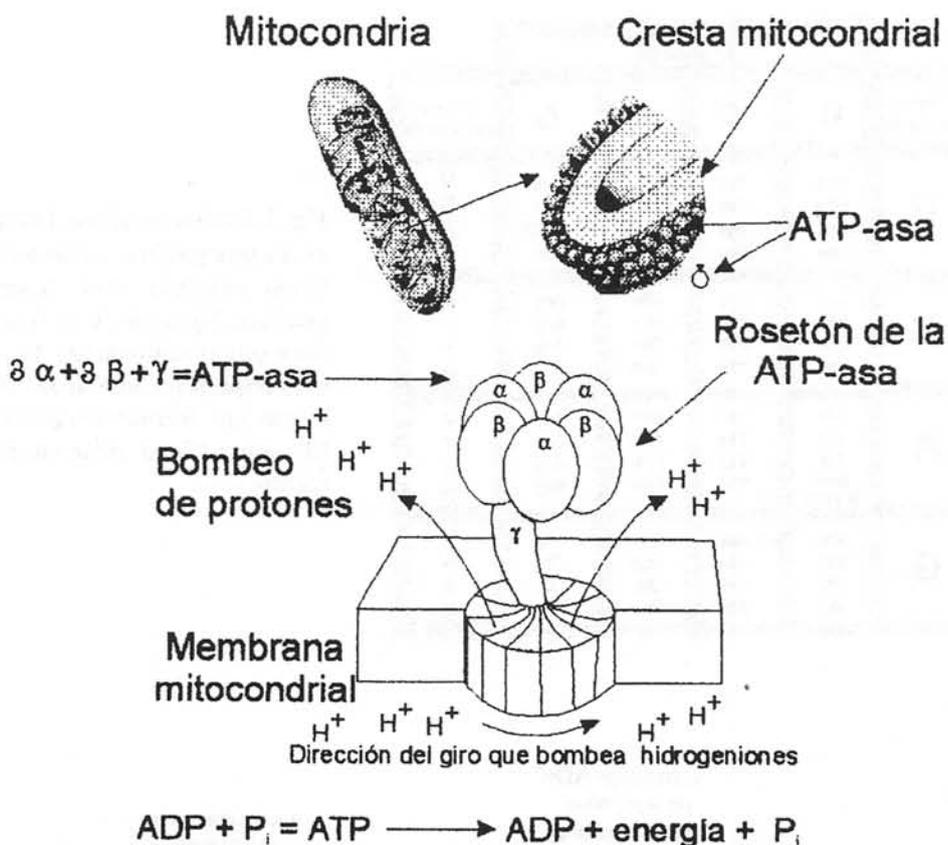


Fig. 5. Ejemplo de un orgánulo supercomplejo programado por el ADN. Cada mitocondria contiene millones de macromoléculas de ATP-asa, que son agitadores rotativos hechos con aminoácidos o palabras del lenguaje PROT. Lo sorprendente es que una máquina esté hecha de palabras. La eficacia de este rotor macromolecular supera a la de una Turmix.