

de la ciencia experimental y esta les pone problemas a los ingenieros.”

Saberes complementarios

Ambas investigadoras aprovecharon para mostrar algunos estudios conjuntos que ejemplifican la importancia de la Maestría en Biología Computacional.

“El vicerrector Toro dice que las Matemáticas son el nuevo microscopio de la Biología y, sin duda, es gracias a esa integración que los biólogos podremos hacer los grandes descubrimientos que esperamos desde hace tiempo”, señaló la decana Restrepo. Relató, además, que el primer genoma que se secuenció en el país fue un proyecto de

la investigadora Adriana Bernal acerca de una bacteria que ataca la yuca. Ahora sus estudios avanzan en encontrar plantas resistentes a ese patógeno.

La profesora Marcela Hernández se refirió, entre otros, a un proyecto acerca de los efectos del calentamiento global en los corales con apoyo de laboratorios franceses. En la investigación lograron reconstruir tridimensionalmente fragmentos de esos organismos para estudiar su vasculatura, un ejemplo de la técnica aplicada a la visualización.

La relación se extiende a los vínculos entre Bioinformática y Medicina. Uno de los proyectos más sólidos se centra en la fortificación del volumen de aire en pacientes con

síndrome de deficiencia aguda respiratoria, tomando como base imágenes de tomografía. Parten de que el 25 % de las personas llega a urgencias con el pulmón lleno de líquido y muere por un mal ajuste de los canales de ventilación. Por eso, se proponen identificar de una manera mucho más precisa los parámetros para definir estos ajustes para indicarle al operario cómo proceder.

Otro proyecto es *Saving Brains*, investigación canadiense que involucra a 40 personas de diversas disciplinas y que en Colombia es abanderado por la Fundación Canguro y el Hospital San Ignacio de la Universidad Javeriana. Este se centra en comparar variables sociales, de género, familiares, intelectuales y clínicas de 450 jóvenes de 18 a 20 años, que fueron prematuros. La mitad fue tratada en incubadora y la mitad con el método de Madre Canguro y se procura establecer las diferencias en el desarrollo cerebral de ambos grupos. ■

Más información
<http://sistemas.uniandes.edu.co/posgrados/maestrias/mbc>

“La nueva Maestría busca que los estudiantes no solo dominen las técnicas de secuenciación genómica, sino que adquieran competencias para analizar la *big data*”.

La inmensa diversidad genética de los colombianos

Estudiar los patrones de mezcla genética de la población colombiana para relacionarlos con procesos de selección natural y su incidencia en la salud es la investigación que lidera King Jordan, director del Programa de Posgrado en Bioinformática del Instituto de Tecnología de Georgia (Georgia Tech, Estados Unidos).

Estudios como este tienen un futuro promisorio en Medicina pues al comparar genomas de pacientes pueden analizar, por ejemplo, el sistema inmune de una persona y relacionar su patrón ancestral con la resistencia a infecciones.

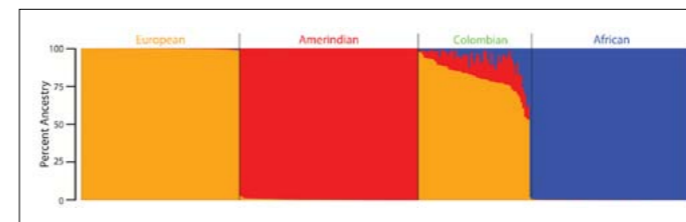
El profesor Jordan llegó por primera vez a Colombia en el 2007 como consultor en

King Jordan centró su exposición en el análisis de secuenciación del genoma colombiano, un trabajo colaborativo en el que ya han secuenciado completamente 60 de diferentes etnias y ancestría.

bioinformática invitado por Colciencias. Hoy trabaja con científicos nacionales para estudiar los patrones genéticos colombianos y, mediante un análisis de enriquecimiento por mezcla, identificar cuáles genomas han sido modificados por ancestría o



King Jordan, investigador de Georgia Tech.



La población colombiana es un popurrí de culturas y esto se evidencia en sus genomas, donde vemos una clara mezcla en su ascendencia con predominante componente europeo pero que varía de individuo a individuo.

por otros motivos como la migración, según las regiones geográficas y el género. Además, contemplan una línea de desarrollo de Bioinformática para crear una plataforma analítica del genoma especializada para Colombia, y otra línea de capacitación. Del equipo hacen parte investigadores de las universidades Libre y del Valle, en Cali, y del centro BIOS, entre otras entidades, y tienen apoyo de la Comisión Fulbright.

El proyecto parte de que los humanos evolucionamos de África y en los últimos 500 años (menos del 1 % de la trayectoria

de evolución humana), la llegada de los europeos, los africanos y los asiáticos al Nuevo Mundo implicó la creación de nuevos genomas, significativamente diferentes de los que habían evolucionado durante el 99 % del tiempo. “La pregunta básica de este trabajo es qué significa la creación de esas secuencias genómicas nuevas”, dijo.

Ancestros africanos, norteamericanos y europeos

Los resultados que mostró el profesor Jordan se basan en el concepto de *admixture*

“La llegada de los europeos, los africanos y los asiáticos al Nuevo Mundo implicó la creación de nuevos genomas que son significativamente diferentes de los que habían evolucionado durante el 99 % de la trayectoria de evolución humana”.

o marcadores de mezcla, (pequeñas variaciones que se segregan entre las poblaciones ancestrales). También analizaron diferentes *SNPs* (variaciones de un solo nucleótido entre genomas de individuos de la misma especie) que, por sus posiciones dentro de un genoma, les permiten inferir con algún nivel de confianza que una parte de ese genoma se deriva, por ejemplo, de una población ancestral africana. Con datos como estos pueden determinar cuáles individuos son más propensos o resistentes a enfermedades como la malaria.

Hasta la fecha han analizado completamente 60 genomas colombianos y han encontrado que la inmensa diversidad genética tiene ancestros africanos, norteamericanos y europeos. Aplicando técnicas estadísticas han encontrado que “ese proceso de mezcla, de *admixture*, se ha sintonizado de tal manera que el genoma colombiano tiene un repertorio extremadamente diverso para defenderse en ambientes patógenos como los que existen en el país en algunas áreas”, aseguró.

King Jordan destacó estudios anteriores a los suyos, como los del Instituto de Genómica Humana de la Universidad Javeriana, que dirige Jaime Bernal, y los del colombiano Andrés Ruiz Linares en el Reino Unido, y concluyó: “Estamos continuando con esa tradición y mejorándola”. ■

Cómo aprovechar los servicios de la nube en computación científica

Dos de las conferencias giraron alrededor de cómo ingenieros y biólogos pueden valerse del *cloud computing* cuando necesitan grandes capacidades de cómputo.



e-Clouds es la investigación que se adelanta en Los Andes para crear la arquitectura de una solución en la nube que los científicos puedan usar de manera fácil y rápida.