

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.

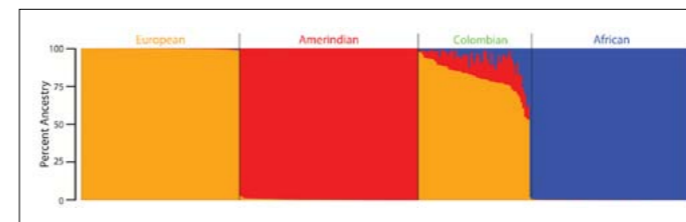
El profesor Jordan llegó por primera vez a Colombia en el 2007 como consultor en

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.

Procesar enormes cantidades de datos exige máquinas poderosas que no suelen estar a disposición de grupos de investigación pequeños o medianos, pues carecen de presupuesto para montar y mantener un clúster que distribuya las cargas de trabajo en muchos equipos de cómputo. Y si lograran comprarlo, estaría subutilizado porque solo lo requieren por períodos cortos.

Para enfrentar esa dificultad, cada vez toma más fuerza la alternativa de software como servicio (SaaS), donde las aplicaciones científicas están en la nube y cualquier investigador puede arrendarlas cuando las requiere y pagar solo por lo que usa.

Los ingenieros Mario Villamizar, profesor del DISC (Uniandes), y Fernando Barraza, fundador de Omicsco (firma de desarrollo de software para ciencias de la vida), explicaron cómo sacarle provecho a esta solución.

#### e-Clouds, investigación de Los Andes

El profesor Villamizar centró su conferencia en e-Clouds, un proyecto de *cloud computing* para Bioinformática que se desarrolla en la Universidad. El fin es crear una nueva arquitectura que funcione en nubes públicas o privadas, donde los científicos encuentren aplicaciones listas para usar de forma fácil y ágil.



Fernando Barraza, fundador de Omicsco.

“En todo el proceso, sin que el investigador lo note, e-Clouds se encarga de ejecutar de forma transparente todas las tareas”.

A e-Clouds los investigadores entran a través de un portal Web, seleccionan las aplicaciones, configuran las tareas, indican los recursos de cómputo que necesitan, aprueban el costo y lanzan las tareas. Una vez se envían a ejecución, pueden monitorearlas y, al final, descargar los resultados y pagar por los recursos consumidos. En todo el proceso, sin que el investigador lo note, e-Clouds se encarga de ejecutar de forma transparente todas las tareas sobre los servicios y recursos de cómputo de un proveedor de nube privada o pública.

Para diseñar la solución se han considerado aspectos como que los servidores no pueden estar prendidos siempre debido a los costos asociados, que las aplicaciones se instalen bajo demanda, que los sistemas de almacenamiento sean altamente escalables, que se pueda medir y cobrar por el uso de los recursos, y que la solución sea segura.

Actualmente el proyecto se lleva a cabo en la plataforma de Amazon Web Services, pero se está trabajando en integrar e-Clouds a otras nubes públicas y privadas. Por el momento, no soporta la ejecución de aplicaciones paralelas y se están haciendo pruebas de usabilidad para facilitar su adopción en la comunidad científica colombiana. Los usuarios interesados en probar la solución pueden inscribirse en <http://ecloudshomepage.herokuapp.com>

#### Software para ciencias de la vida

El ingeniero de sistemas Fernando Barraza, fundador de Omicsco, se enfocó en

cómo proveer un software adecuado a las necesidades de los investigadores en Ciencias Biológicas que pueda usarse en la nube.

Entre ellos están:

- La información ha crecido enormemente gracias a la secuenciación genómica. El software como servicio (SaaS) busca resolver el problema de identificar únicamente los datos.
- Hay que conocer las necesidades del usuario y la jerga de los investigadores biólogos. Se deben responder las preguntas biológicas, construir aplicaciones a través de algoritmos y manejar técnicas computacionales. Las soluciones tienen que ser amigables, seguras, funcionales con múltiples fuentes de datos, debidamente soportadas y fáciles de instalar y mantener.
- Los desarrollos deben dirigirse a un mercado global. Hay que preguntarse por el modelo de negocio e identificar a quienes pueden ayudar a desarrollar las ideas.
- Es fundamental aclarar las preocupaciones de los investigadores sobre seguridad, privacidad y pérdida de control sobre los datos. ■



Mario Villamizar, profesor del DISC.

#### Más información

Mario Villamizar, ingeniero de sistemas, magíster en Ingeniería de Sistemas y Computación de la Universidad de los Andes, profesor y experto temático en cloud computing del DISC. [mj.villamizar24@uniandes.edu.co](mailto:mj.villamizar24@uniandes.edu.co)

## Descifrando los genomas del café y del arroz

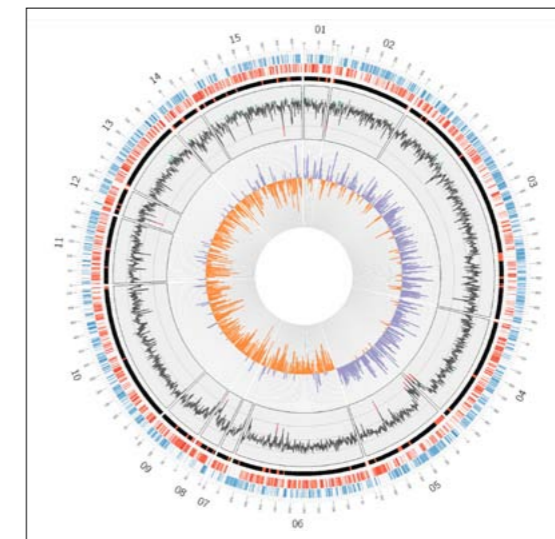
Dos expositores mostraron trabajos para encontrar genes de estos cultivos en Colombia. Estos pueden ser útiles para mejorar la productividad de las plantaciones y contribuir así a la seguridad alimentaria.

Al combinar los estudios de Genómica con Bioinformática se pueden mejorar las características agronómicas de plantas como el café y el arroz para hacerlas más productivas y resistentes a las plagas. Sobre este tipo de trabajo versaron las conferencias de Marco Aurelio Crisancho y Jorge Duitama, investigadores de Cenicafé en Chinchiná (Caldas) y del Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT) en el Valle del Cauca.

En su exposición, Crisancho mostró resultados en secuenciación de genomas del insecto que produce la broca del café, uno de cuyos hallazgos patentaron Cenicafé y



En Cenicafé llevan a cabo estudios genéticos de la broca y la roya del café para mejorar la resistencia de las plantas a estas plagas.



Genoma de una bacteria patógena de plantas. Este consta de 5 millones de letras (nucleótidos) y tiene la información necesaria para producir 4000 proteínas diferentes. Los estudios de genómica permiten determinar en qué lugares está definida cada propiedad biológica de un organismo.

Además, se refirió a las investigaciones tendientes a diferenciar el café colombiano de otros en el mundo utilizando las tecnologías para hacer trazabilidad en la cadena productiva. Pretenden obtener una huella química y ojalá genética para que los consumidores tengan

la Federación Nacional de Cafeteros, pues podría aplicarse en la degradación de los azúcares de los desperdicios generados por la industria cafetera. También mencionó estudios con la Facultad de Ciencias de Los Andes acerca de la roya, un patógeno que produce la principal enfermedad de estos cultivos.

certeza de que el producto que reciben no solo es 100 % nacional, sino que conozcan la región de origen.

#### Devolverle los resultados al campo

El ingeniero Jorge Duitama destacó el papel de los bioinformáticos en las investigaciones sobre mejoramiento genético de

“Hay que desarrollar nuevo software porque las herramientas de apoyo a los estudiantes de Biología tienen problemas de calidad, de código y de soporte y la integración es muy difícil”.

Jorge Duitama