

# Poderosa invención para estudiar la biología

La Biología Computacional permite analizar e interpretar millones de datos provenientes de organismos vivos que antes no podían estudiarse de manera interdisciplinaria y a tan gran escala. Sus resultados abren nuevas perspectivas para el desarrollo de áreas como la medicina y la agricultura o para la conservación de los ecosistemas, entre otros.

**E**n el estudio de los secretos del comportamiento de la vida se aliaron la biología y la computación. Con su trabajo interdisciplinario y a través del análisis de datos, modelamientos matemáticos o simulaciones en equipos de alto desempeño, biólogos, genetistas, ecólogos, ingenieros de sistemas y matemáticos han logrado progresos importantes en el conocimiento del genoma (estudio de genes) en individuos y especies. Además, los resultados han sido revolucionarios en investigaciones en áreas como la secuenciación del ADN de genomas virales, análisis de proteínas y biodiversidad.

Esto se evidenció en el 2.º Foro Internacional de Biología Computacional que se celebró en la Universidad de los Andes el primero de diciembre de 2017, con el fin de presentar los avances en campos como la prevención de enfermedades, la agricultura y la conservación del medio ambiente.



ADN y virus. Imagen diseñada por Catalina Ramírez Portilla de la Universidad de los Andes.

[https://becm.uniandes.edu.co/wordpress/?page\\_id=42](https://becm.uniandes.edu.co/wordpress/?page_id=42)

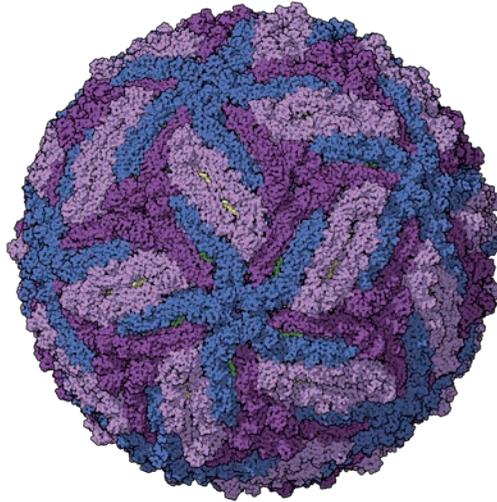
Una prueba de lo anterior la entregó Marco Vignuzzi, del Instituto Pasteur en París, en la charla central titulada “Monitoreo, predicción y alteración de la evolución de las poblaciones de virus ARN en el espacio de secuencia”. En ella mostró que, por ejemplo, la evolución de un tipo de virus a otro puede tardar 50 años en la vida normal, pero en el laboratorio este tiempo

se acorta y se puede usar para predecir mutaciones de mosquitos portadores del chikunguña, entre otros (ver entrevista, págs. 34-35).

De ahí que en el foro se resaltó la importancia de impulsar la Biología Computacional en América Latina, mediante proyectos como los desarrollados por Cabana Project, una iniciativa creada para fortalecer

“ En este espacio se vieron los avances alcanzados por los estudiantes de la Maestría en Biología Computacional al exponer sus trabajos y defender sus tesis de grado. Ese programa se abrió hace un poco más de tres años y ya cuenta con más de 10 egresados”.

Marcela Hernández



Cadenas de zika coloreadas.

Ilustración: Manuel Almagro Rivas (Own work) [Licencia CCO Creative commons, via Wikimedia Commons.

y las investigaciones expuestas en el foro y en el *workshop* —que se realizó durante tres días (ver recuadro)—. Allí se mostró la aplicabilidad que está teniendo la Biología Computacional en el país. Alejandro Reyes, profesor asociado de Los Andes, destacó la presentación de algunos análisis bioinformáticos que se están traduciendo en productos útiles, como mostraron las exposiciones de estudiantes acerca del modelamiento de redes de sistemas biológicos y de regulación genética, pasando por el análisis de imágenes hasta el análisis de datos genómicos.

Estos trabajos —resaltó el profesor Reyes, quien dirige el Grupo de Investigación en Biología Computacional y Ecología Microbiana (BCEM)—, permiten entender el potencial metabólico de genomas y de bacterias que están en los páramos. “Mostraron cómo las bacterias que se

las capacidades de esta disciplina en la región. Esta recibe cerca de 6 millones de libras esterlinas de financiación del Research Councils del Reino Unido, reúne investigadores de seis países (Brasil, Argentina, México, Perú, Costa Rica y Colombia) y apoya a los estudiantes de esa temática.

Y justamente para avanzar en ese camino en Colombia, el investigador Marco Cristancho, representante de Cabana Project (ver “Bioinformática, una apuesta para entender la biodiversidad”, págs. 36-37), recaló la necesidad de conocer la biodiversidad nacional, pues acá la estudiamos muy poco, mientras que otros países adelantan muchos proyectos a partir de nuestros datos. Lo anterior llevó a la profesora Marcela Hernández, coordinadora de la Maestría en Biología Computacional (MBC), a concluir que existen las condiciones para que se lleven a cabo las investigaciones. Y así se ha comenzado a hacer.

### Análisis bioinformáticos para el desarrollo

Ejemplo de algunos avances que compensan ese problema son los trabajos de grado

### Foro internacional + workshop

El foro fue organizado por los departamentos de Biología y de Ingeniería de Sistemas y Computación, conjuntamente con la Maestría en Biología Computacional (MBC) de Los Andes. Los conferencistas fueron Marco Vignuzzi y Claudia Chica, del Instituto Pasteur en Francia, y Marco Cristancho, de la promotora de estudios de biodiversidad Cabana Project. Además, se presentaron para sustentación las tesis de maestría de María Camila Martínez y de Manuela Vargas.

El 2.º Foro Internacional de Biología Computacional estuvo precedido por un *workshop* de tres días sobre análisis de datos de secuenciación de alto rendimiento de Genómica, Transcriptómica y Epigenómica, organizado por Los Andes y el Hub de Bioinformática y Bioestadística del C3BI (Centro de Bioinformática Bioestadística y Biología Integrativa) en el Instituto Pasteur de París. Los instructores fueron Alejandro Reyes Muñoz, profesor asociado de Los Andes, Claudia Chica, senior *bioinformatician*, y Rachel Legendre, *research engineer*, del Instituto Pasteur.

En este espacio, se vieron los avances alcanzados por los estudiantes de la Maestría en Biología Computacional al exponer sus trabajos y defender sus tesis de grado. Ese programa se abrió hace un poco más de tres años y ya cuenta con más de 10 egresados.

Meses antes de su creación, el 10 de abril de 2014, se llevó a cabo “1.º Foro Internacional de Bioinformática. Ciencia y tecnología para el futuro del país”, (ver revista Foros Isis n.º 4) cuya finalidad era concientizar sobre la importancia de impulsar este tema para conocimiento de nuestra biodiversidad y para el avance de la medicina y la agronomía, así como impulsar la nueva maestría. “Lo más importante —señaló la profesora Marcela Hernández—, es que en esta ocasión hicimos una apuesta para la formación de profesionales. Era un reto porque la naturaleza misma de la temática exige que el programa sea interdisciplinario. En este momento, para los biólogos es impensable trabajar sin computación y la computación, a su vez, está al servicio de las ciencias biológicas en ese dominio que es la Biología Computacional”.

encuentran en nuestro suelo, que son completamente desconocidas, tienen la capacidad de ser codificadas para generar posibles nuevos medicamentos o productos”.

También —agregó— se está estudiando la diversidad genética generada en la

fermentación del cacao, para determinar si es posible darle más sabor y optimizar la producción. “Los de Colombia están entre los mejores cacaos del mundo, pero mientras los cacaocultores no puedan garantizar siempre el mismo proceso

y la misma calidad, es difícil que les den los más altos grados de certificación. Esa investigación pretende establecer cuáles son las características más importantes para tener en cuenta cuando se vaya a mejorar”. ■

# Matemáticas para modelar la evolución de los genomas virales

Marco Vignuzzi tiene su laboratorio y es investigador principal de la Unidad de Patogénesis y Poblaciones Virales en el Instituto Pasteur de París (Francia). Allí buscan recrear en el computador algunos sucesos de la naturaleza como la evolución y mutación de virus como chikunguña. Esta revista lo entrevistó.

**¿En palabras sencillas, podría explicar en qué consisten sus investigaciones con virus en el Instituto Pasteur?**

**E**l instituto se enfoca en el estudio de todas las enfermedades infecciosas producidas por parásitos, bacterias, hongos o virus. Mi laboratorio está en la Unidad del Departamento de Virología, que es el más grande de los diez departamentos, y se enfoca en todos los aspectos de virus que afectan al ser humano o en la interfaz entre humanos y agricultura.

**Usted investiga en virus ARN. ¿Podría explicarnos qué son?**

La mayor parte de los organismos en el mundo, personas, animales o plantas, están hechos de ADN. La mitad de los virus tiene ADN y la otra mitad ARN, otra forma de material genético menos estable que el ADN. El hecho de que sea más inestable está relacionado con que los antivirales cambien constantemente. Por eso son diferentes.

**¿En qué radica la importancia de conocer el comportamiento de las poblaciones de virus ARN?**

Los virus de ARN son la mayor causa de epidemias, pues generan más del 80 % de las afecciones humanas. Un problema fundamental de estos virus es que evolucionan



En el Vignuzzi Lab, del Instituto Pasteur, Marco Vignuzzi investiga la evolución de los virus.

## Marco Vignuzzi

Vignuzzi nació en Italia y a los cinco años se trasladó a Canadá, donde cursó su *Bachelor of Science* en Microbiología e Inmunología en la Universidad McGill (Montreal). Obtuvo el máster en Virología Fundamental en la Universidad de París-Denis Diderot y el doctorado (2001) en Virología, bajo la supervisión de Sylvie van der Werf en el Instituto Pasteur. Después de adelantar el postdoctorado en la Universidad de California (San Francisco), en el laboratorio de Raúl Andino, regresó al Instituto Pasteur para dirigir su laboratorio, Vignuzzi Lab.

nan más rápidamente que otros organismos, razón por la cual se hace muy difícil desarrollar vacunas sostenibles que sirvan un año tras otro.

**¿Cuál es la tecnología de punta que emplea en sus investigaciones? ¿Qué tanto dependen de ella?**

Lo más importante que estamos desarrollando es el uso de la nueva versión de secuenciación de ADN de nueva generación. Adicionalmente utilizamos herramientas de matemáticas aplicadas para tratar de modelar la infección por los virus y en nuestro laboratorio creamos métodos de alta precisión para medir y rastrear el cambio en los virus en células o en animales infectados como mosquitos.