

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?

El 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.

La matemática es esencial. Hace diez años era imposible usar modelos matemáticos porque los datos biológicos que se obtenían no eran cuantitativos y toda la modelación en matemática se quedaba en teoría. Pero hoy en día, gracias a la alta cuantificación, la podemos usar y es la única manera de modelar todo y reducir la dimensión de los datos que se obtienen con la secuenciación. Actualmente, con métodos simples no podríamos entender los datos.

Vale la pena destacar que, en los últimos años, en mi laboratorio, por primera vez los resultados que se obtienen matemáticamente indican hacia dónde deben ir los experimentos biológicos.

¿Podría darnos un ejemplo concreto de la aplicación de esas investigaciones?

Uno de los mejores ejemplos es poder mostrar en el laboratorio el surgimiento de una nueva variante de virus de chikunguña. En dos semanas recreamos lo que los epidemiólogos necesitaron años para poder estudiar. Y fue gracias al análisis matemático de los resultados que se identificaron los eventos claves en la aparición de esa variante para así estudiarlos con prioridad.

¿Qué tan lejos están ustedes de poder proponer soluciones aplicables?

La herramienta que desarrollamos es muy útil porque nos permite conocer el siguiente paso en la evolución de un virus, pero el problema es que esto depende de cada una de las cepas. Entonces, poder plantear verdaderamente programas de cuidado, de vacunación y demás es complicado porque ni siquiera hay que estudiar virus por virus, sino cepa por cepa.

Sin embargo, un resultado muy importante es conocer la dimensión del número de cambios posibles. En un principio se pensaba que podían ser miles y con nuestro estudio vimos que apenas son docenas de variaciones. Posiblemente esto modifica la escala y tenemos la esperanza de, eventualmente, conocer toda la evolución.

¿A mediano plazo, hacia dónde va a evolucionar su campo de investigación? ¿Cuáles son las preguntas que se estarán contestando?

Hasta hoy la virología estaba un poco desligada de la biología celular, de la microbiología y de otras ciencias médicas e incluso de las matemáticas y de la inge-



El *Aedes aegypti* es una de las especies de mosquitos que puede propagar el virus del chikunguña.

Foto: Graham Snodgrass, Army Medicine. Licencia CCO Creative Commons, via Wikimedia Commons.

nería. A mediano plazo, veo a la virología entrando en contacto y colaboración con estas otras ciencias médicas y con la matemática aplicada y pura, pues justamente es a la virología a lo que el público en general le tiene más susto, porque piensa que se va a morir de una enfermedad viral.

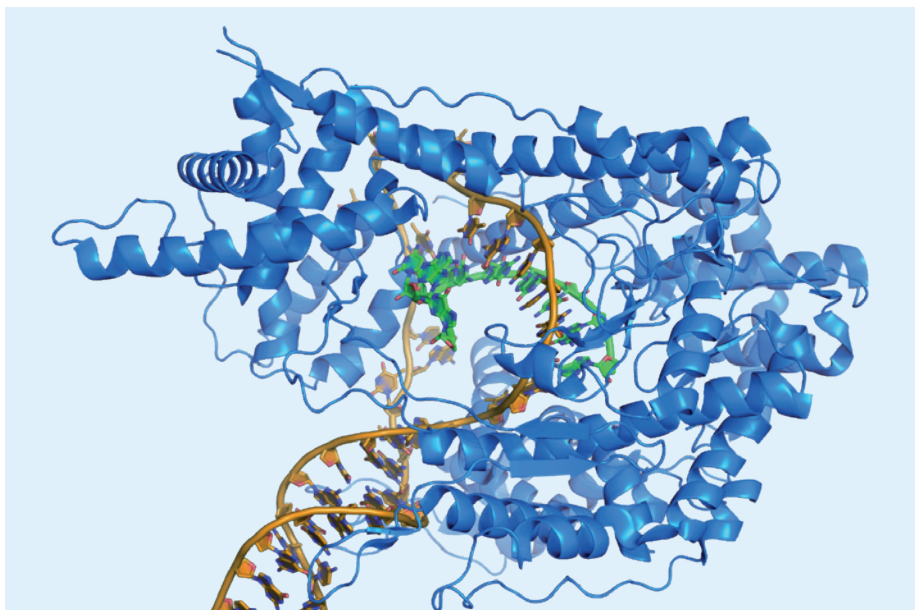
Otro cambio importante en este campo es que en el Louis Pasteur se estudian virus malos, bacterias malas, cosas que matan. Pero nos dimos cuenta que el 10 % de los virus son malos y el 90 % son buenos para el ser humano.

Estudiar la biodiversidad, tanto de los virus como de las bacterias, va a ser importante; conocer los que viven con nosotros y nos traen beneficios nos enseña cómo ser saludables, más que enfocarnos en qué nos va a enfermar.

Los virus buenos posiblemente pueden bloquear a otros virus o son parte de nuestra propia genética. Tenemos elementos como la placenta que ha sido producto de intercambio genético con virus. Esa muy pequeña proporción de virus que son malos para nosotros, pero también hace parte de todo este ecosistema donde se intercambia información y, en ese aspecto, son un elemento interesante.

¿Qué tan relevantes son las tecnologías de la información en la investigación en Ciencias Biológicas y en particular en su área de investigación?

A pesar de que la biología ha llegado tarde a la unión con la bioinformática y con la matemática, porque existía esa dificultad de cuantificación, en este momento y en el futuro son fundamentales. Una



Representación de la T7 ARN polimerasa.

Foto: Thomas Speltzstoesser, en www.gnu.org/copyleft/fdl.html. Licencia CCO Creative Commons, via Wikimedia Commons.

El Instituto Pasteur es un referente mundial en sus adelantados y destacados estudios e investigaciones para combatir las enfermedades. Sus aportes al avance de la medicina son reconocidos y una decena de sus investigadores han obtenido el Premio Nobel. Actualmente, más de 3000 personas trabajan en el Pasteur de París. Hay más de 120 grupos de investigación, 130 laboratorios, 4 centros de investigación transversal; 13 plataformas tecnológicas y 11 departamentos de investigación.

Una gran parte de su población corresponde a investigadores posdoctorales y a estudiantes. Es un organismo internacional que cuenta con 33 institutos de diversos tamaños en diversos países.

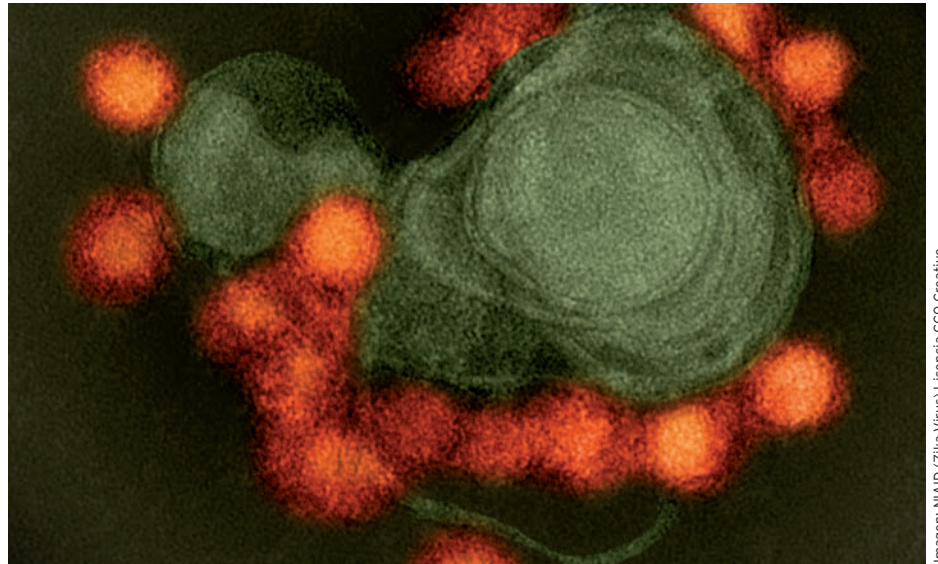


Imagen: NIAID (Zika Virus) Licencia CCO Creative Commons, via Wikimedia Commons.

Virus del zica

¿Cree que se debe priorizar en la investigación aplicada sobre la investigación básica?

En realidad, deberían existir fondos para ambas; no es conveniente formular esta pregunta porque no se debe generar una oposición, pero si hay que elegir, mejor escoger la básica porque es la que da origen a los resultados aplicados.

También hay que dar libertad a los investigadores para desarrollar su personalidad, porque hay quienes necesitamos hacer investigación básica, pues es la que nos apasiona, nos parece más útil. Y hay quienes optan por la aplicada porque necesitan saber que va a tener una finalidad. En la ciencia se requieren estos dos tipos de personalidades. ■

cuestión básica es que los estudiantes de doctorado del instituto Pasteur obligatoriamente tienen que tomar cursos de bioinformática porque se ha vuelto una herramienta indispensable en la producción de conocimiento.

Bioinformática, una apuesta para entender la biodiversidad

En representación de Cabana Project, el investigador Marco Cristancho habló sobre esta iniciativa del European Bioinformatic Institute (EMBL-EBI) del Reino Unido, que apoya instituciones de investigación de seis países de América Latina para impulsar la biología basada en datos.

En América Latina se encuentra el 30 % de la biodiversidad del planeta. Y Colombia es el segundo país más diverso del mundo, después de Brasil. Sin embargo, no se ha explorado adecuadamente para sa-

ber cómo se compone, cuál es su potencial, qué se puede usar sosteniblemente. Y está muy poco representada en las bases de datos mundiales de genómica.

Para ayudar a acelerar este conocimiento y alcanzar su máximo potencial,

el EMBL- EBI del Reino Unido en colaboración con nueve instituciones de investigación de seis países (Brasil, Argentina, México, Perú, Costa Rica y Colombia) ideó Cabana Project. Este cuenta con la financiación del Research Councils UK.

El punto de partida fue la creación de un programa de capacitación que permita el desarrollo sostenible de la bioinformática en la región y pueda mantenerse a largo plazo. Esta es un área de investigación reciente en el mundo, empleada para analizar los datos de la genómica de humanos, plantas o animales, explicó Marco Cristancho.