



“AHORA MISMO ES IMPOSIBLE ANALIZAR E INTERPRETAR LOS DATOS EXPERIMENTALES SIN LOS MÉTODOS COMPUTACIONALES ADECUADOS”

Alfonso Valencia

Doctor en Ciencias Biológicas e investigador científico del CSIC en el Centro Nacional de Biotecnología



Asistimos en los últimos años a un proceso de rápida penetración de la bioinformática /biología computacional de la mano de la genómica y proteómica en todas las disciplinas de la biología

Su interés científico se ha centrado en el estudio de herramientas informáticas que permitan procesar los enormes volúmenes de información derivados de los últimos descubrimientos en genómica y proteómica. Valencia es vicepresidente de la Sociedad Internacional de Biología Computacional (ISCB) y director del Instituto Nacional de Bioinformática (INB), que organiza la próxima Conferencia Europea sobre Biología Computacional, que tendrá lugar en Madrid del 28 de Septiembre al 1 de Octubre.

¿Qué tienen en común dos disciplinas, a primera vista tan alejadas entre sí, como la informática y la biología?

La Biología Molecular vive en medio de una gran revolución tecnológica que comenzó con las posibilidades que ofrecían la ingeniería genética, y ha continuado con la robotización e industrialización de muchos procesos experimentales. En este momento, la biología compete con la física de partículas y la

astronomía en cuanto a la generación masiva de información, con la diferencia de que los datos en biología son mas complejos y las tecnologías que los generan evolucionan más rápido. Es en este escenario en donde la relación entre la biología y la computación se hace más evidente (aunque históricamente los primeros desarrollos de lo que ahora llamamos biología computacional se remon-

tan al principio de la biología molecular). Ahora mismo es imposible analizar e interpretar los datos experimentales sin los métodos computacionales adecuados. Por lo tanto, y en contra de lo que pueda sugerir una visión externa, asistimos en los últimos años a un proceso de rápida penetración de la bioinformática/biología computacional de la mano de la genómica y proteómica en todas las disciplinas de la biología.

¿Se puede afirmar que la informática está cambiando la forma de investigar en estas últimas décadas?

Sin duda, la disponibilidad de datos complejos, como son la propia secuencia del genoma humano, o los primeros mapas de complejos macromoleculares, son elementos de información imprescindibles en el planteamiento e interpretación de los experimentos en biología. Y también es evidente que esta interpretación no puede hacerse sin las bases de datos, métodos de análisis, y sistemas de representación específicamente desarrollados en el campo de la bioinformática. Ejemplos simples, pero evidentes de la profundidad de estos cambios, es la desaparición de técnicas experimentales de identificación de genes, que se han substituido por sus equivalentes computacionales.

Después de esta revolución, ¿qué nos espera?

De hecho, estamos todavía en medio de estos cambios y no hay ninguna señal de que estemos cerca de un punto de saturación ni en cuanto a las aproximaciones experimentales, ni en cuanto a la acumulación de datos, y desde luego estamos lejos de disponer de todas las herramientas de análisis y/o las respuestas adecuadas a los problemas biológicos.

Desde el punto de vista de salud humana, empezamos a vislumbrar las posibilidades reales de desarrollar aplicaciones en el entorno de lo que se ha denominado "medicina personalizada" o "medicina a la carta". Es decir, utilizar datos de variaciones geonómicas individuales (o poblacionales) durante el proceso de desarrollo y evaluación de fármacos. Éste es un campo de enormes posibilidades, pero también de enormes requerimientos técnicos y científicos, entre los que sin duda se encuentra el desarrollo de la metodología bioinformática capaz de lidiar con estos nuevos y complejos datos.

¿Cuál es la situación de la bioinformática en nuestro país en comparación con el resto de Europa?

Creo que tenemos elementos objetivos de juicio, como son las publicaciones en revistas especializadas, para afirmar que el sector central de la bioinformática y su aplicación en genómica y proteómica está bien representado en el país, y es altamente competitivo a nivel europeo/mundial. Digamos que en este área nuestro nivel es posiblemente superior al de nuestros países vecinos (Italia, y quizás Francia). Sin embargo, tenemos deficiencias estructurales importantes (como el resto del sistema científico), un descuido importante de las tareas de formación a nivel universitario, dificultades para coordinar actividades con sectores más próximos a temas de salud humana, y una notoria falta de alicientes para la incorporación de físicos, matemáticos e ingenieros informáticos. Circunstancias todas ellas que requieren urgente atención para mantener la competitividad del sector.

El INB, del que es director, empezó a funcionar hace aproximadamente un año, ¿con qué objetivo se puso en marcha?

El INB es una plataforma de Genoma España para el fomento de la competitividad nacional en temas de genómica y proteómica. El INB está compuesto por cuatro grupos especializados en distintas áreas de la bioinformática, un grupo que provee la tecnología informática de integración, dos centros computacionales de soporte computacional, y un núcleo encargado de temas de formación y difusión de información. Estos grupos fueron seleccionados después de un duro proceso de selección y una competición internacional, y engloba una buena parte de los mejores grupos del país en estos temas.

La misión específica del INB es estructurar y fomentar la actividad investigadora en bioinformática, en respuesta a los problemas descritos más arriba. Y utilizar esta capacidad para contribuir a la viabilidad de los proyectos de genómica aportando el soporte bioinformático adecuado.

Los objetivos son por tanto facilitar el trabajo de los grupos de bioinformática, mejorar la formación en este tipo de tecnologías y dar soporte y colaboración a los proyectos de genómica y proteómica nacionales, dando cabida al emergente sector industrial.

¿Qué balance haría de este año de historia del INB?

Hemos tenido la gran fortuna de poder trabajar en crear

la infraestructura necesaria para acometer los objetivos del INB sin grandes dificultades. Esta situación nos ha permitido desarrollar un sistema computacional sofisticado para el trabajo colaborativo en bioinformática, que sinceramente creo que tiene posibilidades de ser un referente mundial. Hemos puesto en marcha dos centros computacionales especializados en bioinformática, uno de ellos en colaboración con el recién creado Barcelona Supercomputing Center - Centro Nacional de Supercomputación, y el otro en el Parque Tecnológico de Madrid. Esta fase inicial nos ha puesto en condiciones de comenzar a colaborar con los proyectos en genómica utilizando una tecnología capaz de resolver problemas de modo sistemático, opción que empiezan a estar disponibles a partir de ahora.

¿Cuáles son las funciones y actividades del INB en la actualidad?

El INB es la plataforma nacional de bioinformática, y entre sus principales funciones está la parte puramente científica y de contribuir a generar soluciones bioinformáticas en el desarrollo de proyectos de genómica y proteómica. Pero también, está muy implicada en contribuir a la formación de bioinformáticos altamente cualificados, para lo cual el INB tiene un Nodo de Formación, que está trabajando en el desarrollo de la formación muy especializada para los profesionales que trabajan en este entorno en los diferentes sectores empresariales relacionados con la bioinformática.

Otra actividad a destacar por el INB, que tendrá lugar este próximo otoño, es la celebración de la IV Conferencia Europea de Biología Computacional (ECCB05) por primera vez en España, y que convertirá Madrid durante unos días, en el referente europeo de la Bioinformática. La organización de ECCB05 es, sin duda, una gran oportunidad y una prueba clara de la capacidad del INB y de la bioinformática a nivel nacional. Esperamos que entre 600-800 bioinformáticos de todo el mundo presenten sus trabajos en más de 40 comunicaciones durante esta conferencia. ECCB05 será sin duda, el mejor foro para evaluar la situación de la bioinformática en Europa en general y de España en particular.

Pero no solamente consideramos una gran oportunidad a nivel científico el hecho de que tenga lugar la ECCB05, a nivel empresarial es un escenario excepcional para las empresas bioinformáticas, biotecnológicas, farmacéuticas y otros sectores que tienen una gran relación con la bioinformática. Nos referimos a las empresas de software y hardware.

La bioinformática y su aplicación en genómica y proteómica está bien representado en el país, y es altamente competitivo a nivel mundial

La ECCB05, a nivel empresarial es un escenario excepcional para las empresas bioinformáticas, biotecnológicas, farmacéuticas y otros sectores