

En pandemia estos expertos lograron secuenciar el genoma del covid en los computadores de sus casas

Combinación ganadora: carrera mezcla biología, matemática e informática

Las ciencias biológicas hoy generan más datos que cualquier disciplina, incluso que la astronomía.

ÓSCAR VALENZUELA

Durante la pandemia los biólogos computacionales, también conocidos como bioinformáticos, lograron dos hitos fundamentales: anotaron el genoma del covid, lo que permitió descubrir sus puntos débiles donde podía actuar una vacuna y, en segundo lugar, generaron la estructura tridimensional de la proteína spike, lo que permitió entender cómo el virus se enganchaba a la célula que iba a infectar.

Esos hallazgos los realizaron mediante simulaciones en computadores, trabajando desde la casa, a diferencia de los biólogos tradicionales que se abocan preferentemente a los laboratorios. Esta nueva rama mezcla modelos matemáticos y herramientas informáticas aplicadas al estudio de fenómenos biológicos.

“La gracia que tiene la bioinformática es que se puede desarrollar desde cualquier parte del mundo, nos permite aquí en Latinoamérica desarrollar ciencia de primer nivel”, opina Gabriel Olguín-Orellana, doctor en Ciencias de la Universidad de Talca e ingeniero en Bioinformática, carrera que se imparte en ese plantel y dura seis años.

De hecho, el académico acaba de ser nombrado integrante del directorio de la Sociedad Internacional de Biología Computacional (ISCB), lo que le permitirá codearse con los referentes del área a nivel mundial.

En Chile, calcula, existen alrededor de 300 biólogos computacionales que trabajan en distintos ámbitos.

“La bioinformática estructural estudia la interacción entre moléculas en el espacio tridimensional y en el tiempo. Por ejemplo, si quiero ver cómo va a actuar un fármaco con una proteína, hago un modelo tridimensional, le doy ciertas variables termodinámicas y le permito al computador que simule la interacción, la posición de los átomos, la fuerza con las que se relacionan, la distancia. Eso es súper importante para predecir lo que podría pasar, o corroborar lo que se está viendo en un experimento de laboratorio”, señala.

“No hay un microscopio de laboratorio que sea lo suficientemente potente para mostrar la interacción entre átomos; sin embargo, en el computador puedo simularlo”, destaca.

También trabajan con datos de medicamentos. “Tenemos una base de



Gabriel Olguín-Orellana actualmente es académico de la UC del Maule.

Campo laboral

La Universidad San Sebastián (USS) imparte un doctorado en Biología Computacional (**uss.cl**, <https://acortar.link/6utBIW>). “Los postulantes deben tener un grado académico de licenciado, magister o título profesional en Ciencias Básicas, Ciencias Biomédicas o alguna área del conocimiento con capacidad de contribuir al desarrollo de investigación en el área”, aclara Tomás Pérez-Acle, director del programa. Otro requisito es que se debe formular un tema de interés relevante para su estudio.

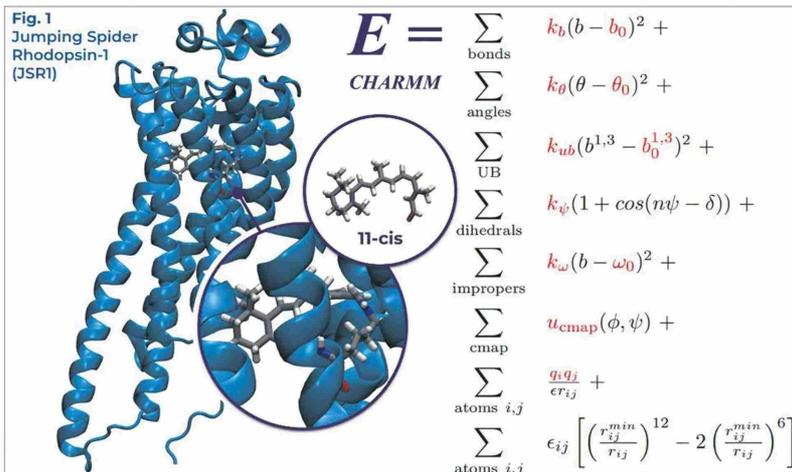
“El campo laboral de los estudiantes es principalmente académico, tanto nacional como internacional. Dado que pueden tomar cursos de entendimiento y propiedad intelectual como asignaturas electivas, también se incentiva a los doctorantes que evalúen el camino del emprendimiento”, agrega el investigador.

Aplicación práctica

En la UTEM dictan desde 2023 el Programa de Biología Computacional (Probiocom), destinado a crear algoritmos y softwares que permitan desarrollar tecnología avanzada. “Por ejemplo, cómo producir vacunas de manera más eficiente”, ilustra Marcelo Rivas, director del programa.

Trabajan con un equipo multidisciplinario de académicos y alumnos. “Los estudiantes toman el conocimiento que crearon en sus tesis y lo transforman en una tecnología aplicada”, indica. “Por ejemplo, desarrollamos un algoritmo para predecir el estado metabólico celular, usando datos de secuenciamiento genético de bases de datos internacionales. Pudimos estimar cómo el metabolismo de células tumorales sobreproduce lactato, que les permite crecer más rápido que las células normales”, comenta.

“La biología, en los últimos años, se ha vuelto la que más datos genera entre todas las disciplinas científicas, más que la astronomía o la física. Eso se debe al secuenciamiento genético, ese océano de conocimiento es tan amplio que ya no es posible para un biólogo mirar unos números y hacer una inferencia. Ahora tuvimos que crear unos lentes -que son los algoritmos y modelos matemáticos- que nos ayuden a interpretar estos gigabytes y gigabytes de información”, concluye.



Trabajo de biología computacional simulando la energía de la proteína JSR1 cuando interactúa con la luz.

datos de cientos de millones de compuestos que ya están publicados. Uno puede tomar ese volumen de datos y procesarlos con computadores para decir **estas 15 son las mejores para probar en un laboratorio**, lo que permite ahorrar mucho tiempo y dinero”, indica.

Otro campo es la bioinformática genómica. “Aquí lo que importan son las secuencias y reconocer patrones genéticos entre individuos o especies”, plantea. Los resultados se usan para medicina personalizada

o en mejoras para la agricultura.

¿Este trabajo reemplaza al laboratorio tradicional? “Lo complementa; si bien las predicciones son súper buenas, no son la realidad”, reconoce el profesor Olguín-Orellana. “Los algoritmos de inteligencia artificial son cada vez más precisos, entonces es posible que en el futuro las herramientas sean lo suficientemente óptimas para descartar la investigación de laboratorio y confiar completamente en la investigación computacional”, proyecta el académico.

