

La bioinformática: una ciencia de riesgo

De nuestro corresponsal en las nubes, Antinoo Segura, para Omnis Cellula

cienciaalacarta@gmail.com

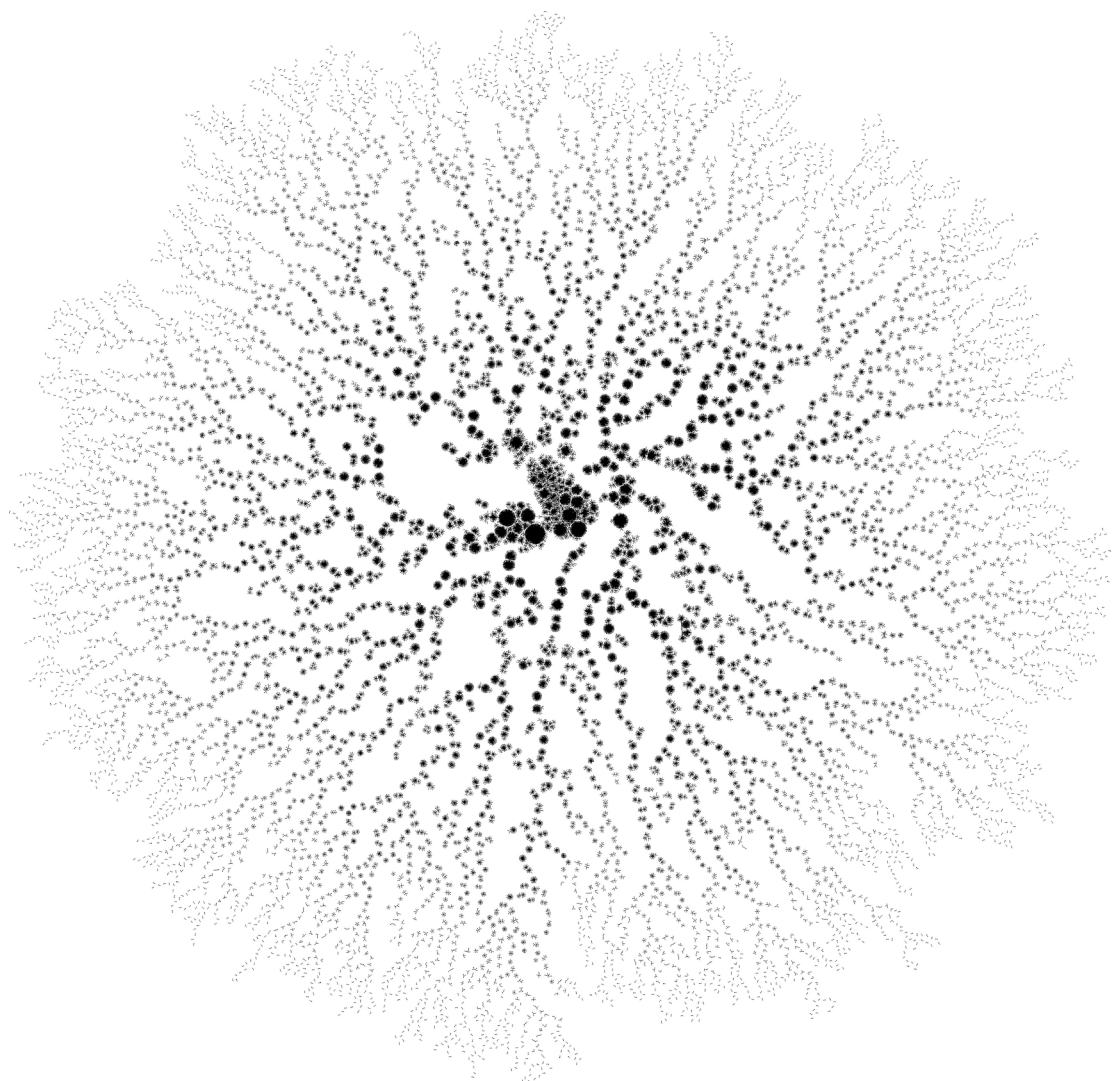
Siempre he envidiado a la gente que ante la pregunta “Y tú... ¿qué haces?” puede dar una respuesta sencilla. En una fiesta, o en el autobús, tanto si quieres intimar más con la persona que te ha dirigido esa pregunta como si quieres librarte de ella, lo mejor que uno puede hacer –a no ser que seas actor de éxito o una supermodelo– es pasar por encima de esa cuestión e intentar llevar a la otra persona a un tema de conversación más atractivo; o, en el caso contrario, mencionar rápidamente su oficio y salir corriendo. Por eso, siempre he envidiado a los que a ése “Y tú... ¿qué haces?” pueden responder con un simple “bombero” o “periodista”, o incluso “biólogo”. Y les envidio porque en mi caso, ante esa pregunta sólo existen dos posibilidades: mentir murmurando cualquier profesión que no genere dudas, o contestar la verdad y sufrir las consecuencias de hacerlo, ya que siempre que uno se decide por la segunda opción se ve abocado a una sucesión de acontecimientos de los que no suele venir nada bueno. Porque cuando uno contesta con la palabra mágica, “bioinformática”, los listillos suelen pensar que te dedicas a conectar animales a ordenadores y piden más información sobre el asunto, y los más humildes, simplemente exclaman un ¡ah!, miran a su alrededor en busca de una excusa, se dan la vuelta y desaparecen de tu vida para siempre. Y aunque no tengo datos que prueben esto científicamente, la experiencia me dice que existe una extraña anticorrelación entre el interés que una persona pone en la bioinformática y el interés que tú tienes en esa persona.

Por tanto, desde aquí yo quiero aconsejar a todos los bioinformáticos del mundo que, si tienen interés en seguir hablando con su interlocutor, al ser cuestionados sobre su profesión mientan descaradamente y contesten algo así como “busco una cura para enfermedades no contagiosas”. Y para esos casos en los que sus deseos de intimar con el otro tiendan a cero, nada más fácil que abrir mucho los ojos mientras se dice lentamente: “desarrollo programas en Perl sobre plataforma Linux”. Por si a pesar de este consejo aún queda algún bioinformático que prefiere ser honesto y decir la verdad, aquí esbozo unas ideas que quizás le ayuden a vestir de interés a su

actividad laboral; o para esos otros casos, a hacerla parecer más aburrida de lo que en verdad es.

La bioinformática consiste en analizar, comprender y predecir procesos biológicos con la ayuda de herramientas computacionales. Otros autores han preferido definirla como la ciencia en la que uno usa datos en su mayoría erróneos para hacer predicciones –posiblemente falsas- sobre una realidad de la que apenas se conoce nada. A pesar de numerosos debates al respecto, los expertos todavía no se han puesto de acuerdo sobre cuál de estas dos definiciones responde mejor a la realidad. En cualquier caso, la bioinformática es una rama de la ciencia muy generosa con los que trabajan en ella, puesto que hagan lo que hagan siempre tienen la posibilidad de culpar a otros- los biólogos- de no haber hecho bien su trabajo. Y para esos pocos casos en los que los bioinformáticos deberían ser capaces de conseguir llegar a resultados satisfactorios, siempre viene en su socorro la segunda parte de su nombre: la informática. Cuando la evidencia del fracaso es total y no cabe culpar a un pobre biólogo –cuya única culpa es no entender el objeto de sus estudios-, o cuando lo que se ha prometido nunca llega, por la razón que sea, un bioinformático siempre puede alegar tranquilamente que, con la potencia de los ordenadores actuales, aún se tardarán años en lograr algo positivo, y que bien los informáticos se espabilan e incrementan la velocidad de los procesadores o ellos nunca podrán usar sus programas para algo útil. Como decíamos, la bioinformática es una ciencia muy agradecida con los que trabajan en ella: es imposible hacer las cosas mal.

Entre los afortunados que nunca se equivocan hay varios subtipos de científicos. Acudiendo al programa del “*7th Spanish Symposium on Bioinformatics and Computational Biology*”, desarrollado recientemente en Zaragoza, podemos inferir que la bioinformática se divide en las siguientes áreas: *Computational Genomics*, *Structural Bioinformatics*, *Systems Biology* y *Algorithms and Databases*. Como imaginamos que entre los lectores habrá numerosas personas interesadas en introducirse en este maravilloso mundo en el que todos son felices y nadie se equivoca, vamos a proceder a una descripción detallada de cada subsección de la bioinformática, con el objetivo de que puedan elegir no sólo la rama de la ciencia más agradecida sino, en función de sus capacidades, el área concreta en la que trabajarán.



Típica imagen que se suele incluir en los artículos de bioinformática. En este caso, mostramos unos puntos unidos por líneas que a su vez se disponen concéntricamente de forma radial. En otras palabras: interacciones entre dominios estructurales de proteínas. Es de gran utilidad como fondo de pantalla o para hacer mantelitos individuales

Computacional Genomics, Genómica Computacional o Genus Compus

Los bioinformaticus genomus son, entre los bioinformáticos, los hijos predilectos. Tienen la fortuna de trabajar en un problema que –según todos los periódicos, radios y televisiones del mundo- ya ha sido resuelto: el genoma. A pesar de que todos vimos en nuestras casas imágenes de científicos afirmando que el gran objetivo de la humanidad – descifrar el genoma humano- ya había sido cumplido, ellos, los bioinformáticos genómicos, continúan frente a sus ordenadores dedicados a tareas que parecen mantenerles muy ocupados. Quizás sea simplemente que quieren

resolver el problema por segunda vez para asegurarse de que la primera no fue casualidad –como quien repite el mismo sudoku dos veces- pero entre los otros bioinformáticos se rumorea que su único propósito es evitar llamar la atención y así asegurarse de que nadie les plantee nuevos desafíos. Mientras tanto, siguen procesando ristas de nucleótidos a la búsqueda de nuevos genes, comparando genomas de diferentes especies para encontrar similitudes y diferencias, analizando qué es lo que nos hace estar condenados a sufrir una enfermedad desde antes de haber nacido o, finalmente, intentando descifrar los mecanismos que la vida utiliza para que de una sola célula acaben saliendo seres tan complejos como un bioinformático. Eso sí, la mayoría de sus energías se dedica siempre a luchar contra los medios de comunicación, empeñados en que hace tiempo que nos dijeron que todo esto ya había sido descubierto y que por tanto deberían pasar página y dedicarse a otros asuntos.

Structural Bioinformatics, Bioinformática Estructural o Estructurus

Al contrario que en el caso anterior, estos bioinformáticos están de suerte: no sólo nunca consiguen lo que buscan sino que nadie espera que lo hagan.

En el siglo pasado, uno de los primeros estructurus desarrolló un programa informático capaz de –hipotéticamente- predecir la estructura de una proteína a partir de su secuencia de aminoácidos y, desde entonces, la principal tarea de todos ellos ha consistido en quejarse continuamente sobre lo lentos que son los ordenadores. Únicamente sufren periodos de preocupación cuando algún político decide comprar un superordenador con el que hacerse una foto, ya que al existir una nueva supermáquina se ven obligados a probar de nuevo el programa. Pero esos periodos de incertidumbre no suelen ser muy largos, ya que incluso cuando el nuevo superordenador es diez mil veces más rápido que el anterior, el tiempo que el programa tarda en calcular si una proteína se plegará de una forma o de otra sigue superando la esperanza de vida del humano más joven. Y así, el bioinformático estructural puede volver a su rutina de quejarse sobre la ineptitud de los informáticos y seguir publicando artículos sobre lo maravilloso que sería su programa si le compraran un ordenador nuevo. Entre tantas, como efecto secundario de todos esos artículos, se descubren algunas moléculas útiles para curar enfermedades, o se logran descripciones más detalladas del funcionamiento de las proteínas. Pero, como ya

hemos dicho, eso son minucias cuando se comparan con todo lo que lograrán cuando alguien ponga a su disposición un ordenador a la altura de su intelecto.

Systems Biology, Biología de Sistemas o Sistematicus Biologius

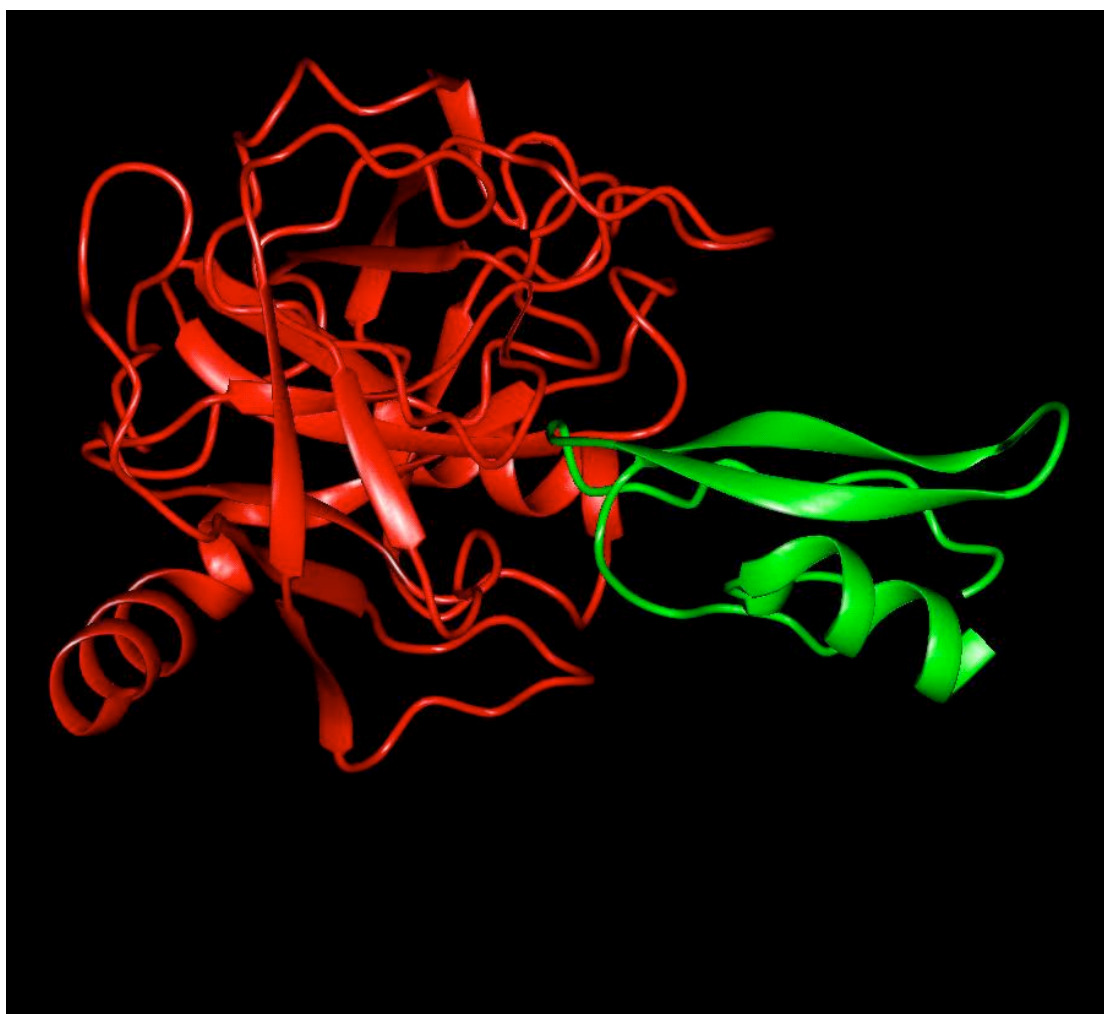
En este grupo se encuadran aquellos bioinformáticos que no saben muy bien cómo definir lo que hacen. La prueba de ello es que cada pocos años se cambian el nombre, con lo que cualquiera que les siga la pista se pierde irremediamente y tiene que volver a comenzar desde cero su intento de comprenderles. Hace unos años se autodenominaban *theoretical biology*, hoy se hacen llamar *systems biology* y según declaraciones de última hora por parte de uno de ellos, mañana pasarán a responder por el nombre de *synthetic biology*. Su santo grial es la simulación de una célula en un ordenador, y al igual que los cruzados nunca dieron con el secreto de la inmortalidad, la célula también se está resistiendo a que la simulen. Si es cuestión de amor propio celular o de complejidad infinita todavía no está muy claro, pero los biólogos de sistemas siguen concentrados en su tarea sin pararse a hacerse demasiadas preguntas. Si alguien les pregunta por qué no se dedican a simular otras cuestiones más sencillas –como el crecimiento de las uñas– ellos contestan invariablemente que si hoy no sentamos las bases del futuro, ese futuro nunca llegará. Pero ya se sabe que la gente que dice estas cosas suele hacerlo porque están muy alejados del mundo real y no comprenden que lo único importante en esta sociedad en la que vivimos es producir hoy; mañana ya se verá. Los biólogos de sistemas no han debido de escuchar nunca esta máxima, ya que siguen empeñados en soñar con un futuro en el que el funcionamiento interno de cualquier ser vivo podrá ser reproducido con un ordenador.

Algorithms and Databases, Algoritmos y Bases de datos o Datus

Los bioinformáticos que no logran encajar en ninguno de los grupos anteriores tienden a acabar trabajando en algoritmos o en bases de datos. Su propósito es bastante loable: “ya que algunas cosas ya han sido totalmente resueltas y otras no lo serán hasta que se fabrique la madre de todos los ordenadores, me voy a dedicar a acumular datos y a imaginar formas de usarlos”. Así, con la colaboración de los biólogos experimentales y de los fabricantes de tecnologías relacionadas con la biología molecular, han logrado acumular ingentes cantidades de datos, que luego pueden ser utilizados para extraer conclusiones varias. Por ejemplo, hay bases de

datos que contienen miles de registros que describen interacciones proteína-proteína, de los que, según estimaciones recientes, únicamente alrededor del 50% son falsos.

Lo mejor para los que hacen las bases de datos es que como no son ellos los que introducen la información, pueden echar balones fuera. Para los que desarrollan los algoritmos su tranquilidad es que, gracias a que los biólogos tampoco están muy seguros de cómo funcionan las cosas, siempre pueden afirmar que sus resultados son malos únicamente en apariencia, y que ellos están describiendo una realidad que todavía no ha sido descubierta. En cualquier caso, sin bases de datos –Uniprot, PDB, ...- o algoritmos –Blast, análisis de microarrays, ...-, ningún biólogo experimental podría trabajar hoy en día, y eso convierte a este grupo de bioinformáticos en fundamentales para nuestra especie.



Otra típica imagen bioinformática, fundamental en cualquier artículo o programa de televisión que verse sobre este tema: en la misma podemos observar dos proteínas interaccionando, representadas a partir de la imagen obtenida al pasar rayos X por un cristal. Advertencia: era un cristal especial, no intentar con los vasos Duralux de casa.

Estos son los cuatro submundos de la bioinformática, cada uno con sus logros y sus excusas, como cualquier otra actividad humana. Uno de los aspectos más interesantes de la bioinformática es la batalla continua entre los diferentes subgrupos por ser los que “están de moda”. Los que trabajan en los genomas organizan continuamente ruedas de prensa en las que anuncian que han vuelto a descubrir lo que se suponía que ya estaba descubierto. Esto es aprovechado por los biólogos de sistema para demostrar que el genoma ya esta *demodé* y que ahora lo que se lleva es “a cell in a computer”. A los que hacen las bases de datos les da un poco igual quién consigue el dinero, puesto que siempre les necesitarán. Y los bioinformáticos estructurales no entran en estas luchas porque pertenecen a un mundo aparte, en el que lo importante no es estar de moda o no, sino convencer a los políticos de que su fotogenia mejora mucho cuando se colocan junto a un gigantesco ordenador con luces azules y verdes.

Por si llegado este punto el lector sigue sin comprender muy bien qué es la bioinformática, o en el caso de que todavía no haya conseguido extraer de la bioinformática ese alma mágica que le hará triunfar en fiestas y concursos televisivos ante la pregunta “Y tú... ¿qué haces?” , vamos a finalizar este artículo con una de esas frases que permanecen en la mente de las personas durante años, una de esas metáforas que explican la realidad mejor que ella –la realidad- misma: ”la bioinformática es a la biología lo que la azada al agricultor: sin ella sería imposible cavar los surcos donde, llegada la primavera, crecerán las borrajas. Además, para sobrellevar mejor esos años de sequía y escasez, siempre se puede jugar a ver quién lanza la azada más lejos; y a veces, del golpe, se descubre una patata que había permanecido enterrada”.

Si alguien se ha quedado con ganas de saber más todavía sobre la bioinformática, la wikipedia es un buen punto donde comenzar su propia exploración: <http://en.wikipedia.org/wiki/Bioinformatics> .
