



11.03.2017. A les 19:00. Tardes de ciència. Centre Excursionista de Banyoles.
Miquel Duran Frigola, Investigador a l'Institut de Recerca Biomèdica (IRB). Barcelona.
Xerrada: "Breu introducció a la biologia computacional i de sistemes"

Miquel Duran va començar fent una impactant comparació entre la genòmica, l'astronomia, Twitter i Youtube. Ens va fer veure que, en els quatre casos, s'obtenen dades en quantitats ingents, s'emmagatzemen, s'analitzen i es distribueixen. Aquest nou punt de vista sobre la genòmica i, en general, sobre la biologia, arrenca de l'any 2001, quan es va completar la seqüenciació del genoma humà. Va ser un fet que Miquel qualifica de revolució i que ens ha portat a veure la biologia d'una altra manera. Per primera vegada es pot pensar que, coneixent l'ADN dels organismes, de les persones per exemple, es podria arribar a reconstruir tota la cadena (ADN – ARN – proteïna – xarxa – cèl·lula – teixit – òrgan – organisme - població) fins a tenir un coneixement profund de la població sencera.

Les proteïnes són les màquines que treballen en els processos vitals. Podem pensar que si coneguéssim totes les proteïnes que formen un ésser viu, estariem en disposició de saber si aquest ésser és sa o està malalt i, en aquest cas, com guarir-lo. Però seria com si coneguéssim totes les peces que formen un cotxe i penséssim que ja sabem com funciona. Cal conèixer no només les peces, sinó també les relacions que hi ha entre elles. En el cas de les proteïnes aquesta relació és molt complexa i, per això, ens calen ordinadors. H. L. Mencken va dir «Tot problema complex té una solució clara, simple i errònia». Com que no existeixen solucions simples, en biologia computacional ens calen ordinadors potents que ens ajudin a tractar ingents quantitats de dades. L'IRB treballa amb grans ordinadors i fins i tot, una setmana a l'any amb el «Mare Nostrum», ordinador instal·lat a Barcelona que cada cinc anys, amb les actualitzacions periòdiques, esdevé l'ordinador més potent d'Europa.

A continuació va parlar de dos projectes en els que està treballant: el primer, metabolisme del càncer, el pH i les simulacions; el segon, evolució de seqüències del genoma i dinàmica molecular.

Un procés metabòlic típic és el cicle de Krebs, en el que una sèrie de reaccions catalitzades per enzims produeixen energia a l'interior de les cèl·lules. Però el cicle de Krebs és només una part de tot el sistema metabòlic, que és molt més complex. La biologia de sistemes tracta de fer un model metabòlic a escala genòmica amb dues assumpcions claus: l'estat estacionari, on el valor de les variables és manté al llarg del temps i la maximització de la biomassa, ja que tots els organismes tendeixen a créixer el màxim possible. Però la pregunta és: com modelem el càncer? És a dir, quina és la diferència entre un model de desenvolupament saludable i un model cancerós, representats a través dels milers de reaccions que intervenen a la vegada en un organisme. Afortunadament tenim variables, que podríem anomenar macroscòpiques, que tenen una repercussió directa en els processos cel·lulars, com és el cas del pH. S'ha comprovat que el pH a l'interior d'una cèl·lula sana és neutre i en el seu medi, el seu exterior, és bàsic, mentre que a l'interior d'una cèl·lula cancerosa el pH és bàsic i en el seu medi, és àcid. D'altra banda, l'activitat cel·lular és màxima a un pH determinat. Tenint en compte que el càncer és fràgil a pH baix (pH àcid), podem utilitzar els models per dissenyar estratègies de curació. Utilitzant totes les dades humanes de que puguem disposar, podem ajustar els models per què ens donin resposta a priori si un determinat comportament és

saludable o cancerigen. Com a resum del que s'ha aconseguit fins ara en aquest projecte, Miquel explica que han catalogat perfils de pH – activitat per una gran quantitat d'enzims i que els models genòmics reproduïen bé la resposta del càncer al pH; com a conseqüència, el pas següent és treballar en la recerca d'una teràpia específica a pH àcid.

En el segon projecte esmentat, referit a l'evolució de les seqüències del genoma i el moviment molecular, Miquel diu que és molt difícil saber com actua una proteïna a partir de la seva imatge estàtica. Però l'estudi del genoma pot donar llum per saber com es produeix el moviment d'aquesta proteïna. La seqüència genòmica d'una proteïna en diferents espècies és similar però amb algunes diferències, el que es coneix com distància evolutiva. Analitzant les similituds en la seqüència es pot saber com està plegada una proteïna: punts de la seqüència que estan relacionats, però no es troben a prop en l'estructura, indiquen que aquests punts estan a prop quan es mou la proteïna, quan està plegada. Els resultats obtinguts fins ara en aquest projecte es poden resumir en: han identificat confòrmers (forma en que es troba plegada una proteïna) amb rellevància funcional i han pogut predir el moviment de les proteïnes quan el moviment és gran, però no tant quan el moviment és petit.

Miquel Duran va acabar l'exposició contestant les preguntes dels assistents i deixant algunes adreces en les que es pot veure el detall de les seves explicacions. Enhorabona Miquel, per la feina feta! Continuarem seguint la teva carrera.

Adreces web mostrades durant la xerrada:

<http://interactome3d.irbbarcelona.org/>

<http://dsysmap.irbbarcelona.org/>

<http://inside.irbbarcelona.org/>

Pàgina personal de Miquel Duran a l'IRB:

<https://www.irbbarcelona.org/ca/profile/miquel-duran>