



21 Julio, 2018

► MICROBIOLOGÍA

# Inteligencia artificial para conocer las bacterias del cuerpo humano

● Diseñan nuevas herramientas que predicen funciones genéticas de estos microorganismos

**Xavi Granda** BARCELONA

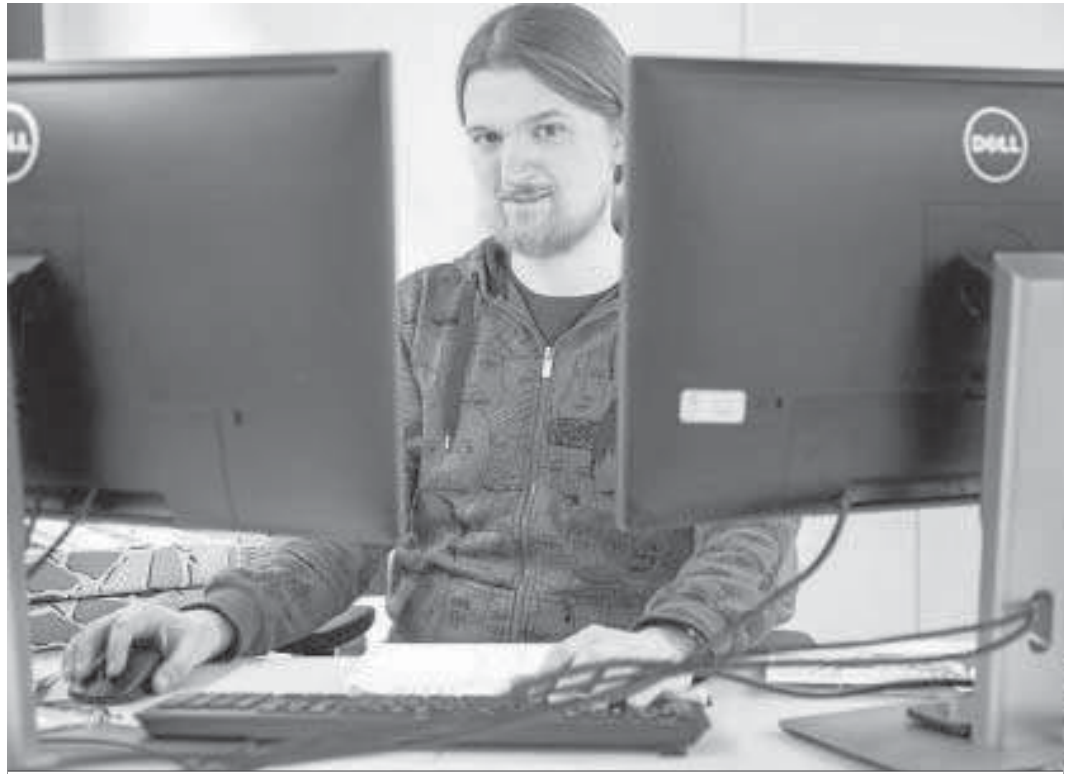
El cuerpo humano está colonizado por decenas de miles y de tipos de bacterias que tienen un gran impacto en la salud. Pero ni las nuevas técnicas de análisis del genoma y las técnicas de laboratorio han logrado desentrañar los genes de estos microbios y su función.

Un equipo de científicos del Instituto de Investigación de Barcelona (IRB en sus siglas en catalán) ha tratado de responder a esta pregunta. Y sus resultados, logrados con la ayuda de los institutos de investigación LIS de Ljubljana (Eslovenia) y RBI de Zagreb (Croacia), se han publicado en la revista *Microbiome*.

Esta publicación es el referente en el campo de la investigación del microbioma, que es la comunidad de microorganismos que viven en nuestro interior.

La investigación ha sido liderada por Fran Supek, biólogo computacional y responsable del laboratorio Genome Data Science del IRB. Como explica, “la idea que nos impulsó es que, en muchos microbios, hay muchos genes con función desconocida. Y estos genes podrían tener claves importantes en el papel tanto de la salud humana como de las enfermedades”.

Para lograrlo, los investigadores del IRB han desarrollado un método computacional basado en la inteligencia artificial, que usa el proceso de aprendizaje de máquinas (también llamado aprendizaje automático) para



Fran Supek, biólogo computacional, líder del Laboratorio Genome Data Science del IRB Barcelona.

## ¿Qué tipo de ordenadores se utilizan?

Pese a lo que se pudiera pensar, a pesar de la magnitud de los datos que se manejan, no fue preciso el uso de supercomputadoras. En un momento dado, se analizaron 5.000 metagenomas diferentes a la vez, cada uno de ellos con unas decenas de miles de especies de bacterias diferentes. “Usamos ordenadores potentes que permitieron realizar el análisis de datos rápido, pero con servidores estándar. Es un método de trabajo accesible para otros grupos de investigadores que quieran hacer análisis similares”, añade.

detectar las funciones de los genes, comenzando en su secuencia genética. “Lo que es especial en nuestro abordaje es que usamos los denominados datos metagenómicos. Por ejemplo, los del microbioma humano, que son las bacterias que viven en nuestro cuerpo: se les trata como un gran grupo de especies de bacterias y no sabemos qué bacterias individuales están en nuestro interior”, detalla.

La investigación tradicional aísla una bacteria y la alimenta para que crezca en un cultivo. Pero, como señala Supek, “es difícil e, incluso, imposible si se hace con muchos microbios. Y, por tanto, no se pueden ver sus genomas de manera individual, pero sí de manera colectiva con la metagenómica.

Así, al analizar los grupos de genes, podemos saber qué hace

cada uno en la bacteria individual”. Al basarse este tipo de investigación en métodos computacionales, realiza predicciones que deben ser confirmadas y validadas en laboratorio, porque tienen cierto porcentaje de ser erróneas.

“Ahora, esperamos que otros científicos estén interesados en nuestro trabajo y decidan confirmar nuestras predicciones. Hay millones de ellas, así que proponemos las funciones de miles y miles de genes”, anuncia. Por ejemplo, el análisis de las bacterias del intestino ha permitido predecir genes clave para el metabolismo del alcohol o para la síntesis de determinados aminoácidos. Los investigadores han desarrollado una nueva metodología computacional capaz de examinar miles de metagenomas a la vez.