

UABDIVULGA

BARCELONA RECERCA I INNOVACIÓ

01/2008

Fernando Martín, jefe de Bioinformática Médica del Instituto de Salud Carlos III



“**Nuestro gran reto es contribuir a que la Bioinformática Médica se consolide como una disciplina independiente, científica y reconocida.**”

Fernando Martín Sánchez es, desde 1998, el responsable del Área de Bioinformática Médica del Instituto de Salud Carlos III. Allí ha formado un equipo que se encarga de investigar y desarrollar herramientas informáticas que faciliten la comprensión y el uso de los nuevos enfoques de la medicina basada en la genómica y su aplicación a la investigación, la práctica clínica y la salud pública. Algunos ejemplos son los microarrays de ADN, la integración de información clínica y genética, las herramientas para la toma de decisiones en medicina genética, los sistemas de información basados en Internet y la gestión del conocimiento científico. El 21 de noviembre de 2007, dentro del Año de

la Computación de la UAB, impartió la conferencia “Computación en Biomedicina: historia, perspectiva actual y avances en investigación”

Fernando Martín Sánchez es el responsable del Área de Bioinformática Médica del Instituto de Salud Carlos III. Es Doctor en Informática y Máster en Ingeniería del Conocimiento por la Universidad Politécnica de Madrid y Licenciado en Bioquímica y Biología Molecular por la Universidad Autónoma de Madrid. Realizó una estancia Postdoctoral en el Hospital de la Universidad de Emory, en Atlanta. A su regreso a España, ingresó en el Instituto de Salud Carlos III, como responsable de Sistemas y Tecnologías de la Información y desde 1998 dirige el Área de Bioinformática y Salud Pública de este organismo.

Ha coordinado la Red Temática Nacional de Investigación Cooperativa del FIS sobre Informática Biomédica (2003-2005) y participa en diversos proyectos financiados por la Comisión Europea. Pertenece a varias sociedades científicas, como la *American Medical Informatics Association*, la *International Society of Computational Biology*, la Sociedad Española de Informática de la Salud y la *International Medical Informatics Association* (IMIA). En esta última es *Chair* del Grupo de Trabajo “Informatics in Genomic Medicine” y Vicepresidente electo para el período 2006-2009.

El doctor Martín Sánchez ha publicado numerosos artículos y editado diversos libros en sus áreas de trabajo y pertenece al Comité Editorial de diversas revistas científicas internacionales.

Empezando por el principio...¿qué es la Bioinformática Médica?

Bueno, empezando por el principio, la Bioinformática es la aplicación de la computación al análisis de problemas biológicos. La Bioinformática fue uno de los pilares fundamentales del Proyecto Genoma Humano, a partir del cual se comenzó a derivar una gran cantidad de datos de interés para la Medicina. Y es en la exploración de las aplicaciones de la genómica en medicina donde nace la Bioinformática Médica: es una perspectiva especial de la biocomputación, con un interés claro en dar soluciones con un uso clínico, como por ejemplo en la atención al paciente o en la salud pública.

¿La computación acercará a médicos y pacientes? ¿es Internet el primer paso a una nueva medicina?

Hemos de pensar que podríamos estar pasando de una medicina basada en el profesional a una medicina basada en el ciudadano. La primera consecuencia es que los ciudadanos deben estar más informados y tomar decisiones sobre su propia salud. La segunda es un cambio del rol del profesional de la salud, ya que tiene más a mano el conocimiento que necesita para su trabajo, pero al mismo tiempo sabe que el paciente tiene acceso a la misma información. De esta manera se estrecha la separación entre médico y paciente; en este aspecto, la computación sí que democratiza la medicina: el paciente se convierte en un sujeto más activo en su salud. Ya se habla de un nuevo papel del médico como filtro entre la información y los pacientes, siempre y cuando haya unos niveles generales básicos de formación y educación.

¿La genómica ha cambiado la medicina, tal y como se ha prometido tantas veces?

Con la genómica ha sucedido lo mismo que con otras tecnologías, como pudo ser en su día Internet: hubo un *boom*, luego bajó un poco el interés y después se estabilizó su desarrollo. Es cierto que la gran promesa de que el conocimiento del genoma iba a suponer un cambio revolucionario en la medicina no se ha hecho realidad tal y como se pensaba, ya que el problema es mucho más complejo e involucra muchos más factores que los meramente genéticos.

La gran ventaja de este conocimiento es que nos va a permitir, por un lado, definir mejor las enfermedades, ya que las conoceremos mejor a nivel molecular, y, por otro lado, nos va a permitir individualizar un poco más los tratamientos. Podremos hacer grupos de personas con características genéticas homogéneas e intentar adaptar los tratamientos a esas características.

Usted dirige un grupo de investigación llamado BIOTIC ¿nos puede explicar qué es y qué estudia?

BIOTIC es el grupo de Bioinformática Médica del Instituto de Salud Carlos III (ISCIII). Somos un grupo multidisciplinar, que reúne investigadores tanto de ciencias de la vida como de carreras técnicas. Nuestro principal objetivo ha sido investigar y desarrollar sistemas computacionales que permitan el desarrollo de la medicina basada en la genómica y , a través de ella, de la medicina individualizada. Para ello estamos involucrados en diversos proyectos, a nivel nacional y europeo, como por ejemplo la coordinación de una Red Temática de Investigación Cooperativa del FIS (Fondo de Investigaciones Sanitarias) o la participación en INFOBIOMED, una Red de Excelencia Europea sobre informática biomédica, en la que han participado 17 grupos de 10 países. Esta red europea se inspiró en la red española, y es una de las pocas redes de excelencia coordinadas desde España y, concretamente, desde Cataluña.

No es fácil presentar este tipo de proyectos multidisciplinarios: las convocatorias aún conservan una cierta división en áreas clásicas y, a veces, la gente que tiene que evaluarlos no sabe apreciar el valor de la interdisciplinariedad. Por otra parte, a nivel educativo el problema es más grave y es demasiado patente esa división en áreas clásicas, que entorpece los intentos de una formación multidisciplinar. Por eso nosotros favorecemos las estancias de los jóvenes investigadores en centros que sean complementarios a su formación básica. Allí aprenden en la práctica, trabajando sobre problemas concretos y que requieren un abordaje diverso; este enfoque nos está dando muy buenos resultados.

¿Cuál es la relación de BIOTIC con los microarrays de ADN, los llamados biochips?

Fuimos uno de los primeros grupos en España que nos interesamos por la que, en aquel momento (finales de los 90), era una nueva técnica. En el año 2000 conseguimos instalar el segundo equipo que entraba en España para fabricar y analizar microarrays. Desde entonces hemos venido trabajando en varios proyectos relacionados, especialmente en proyectos relacionados con la aplicación clínica. Nosotros seleccionamos para trabajar el campo de la microbiología, en concreto la detección e identificación de virus y bacterias, una línea que no es muy frecuente en este ámbito. Estas investigaciones ya están teniendo un impacto decisivo en la mejora de los procedimientos de diagnóstico. Trabajamos en la detección de respuesta inmunológica a VIH (con arrays de proteína), en la detección de virus respiratorios (mediante el análisis de ADN y ARN) y últimamente estamos colaborando con el Hospital Clínico de San Carlos (Madrid) en el análisis de datos de cáncer colorrectal.

Es un área con mucho potencial, que tendrá mucho que decir incluso en las nuevas formas de

medicina. Los microarrays darán paso a los nanoarrays; la tendencia es a miniaturizar todavía más los dispositivos de diagnóstico y, si es posible, dotarles de cierta “inteligencia”, de modelos o sistemas que faciliten la toma de decisiones clínicas del médico.

¿Hay algún peligro potencial en la aplicación de la computación a la medicina?

Sobre todo problemas de seguridad. En medicina hay unos requisitos especiales, ya que la legislación debe proteger cuidadosamente la privacidad de la información: hay que asegurar que nadie tenga acceso a información sensible no autorizada. Este hecho ya ha supuesto un cierto problema en el pasado, respecto a la obtención de datos reales de pacientes para poder utilizarlos en investigación. Hoy en día hay mucha gente trabajando en tecnologías que permitan anonimizar la información y para proteger el acceso a los sistemas.

Otro problema puede ser la garantía de calidad. Si queremos que las pruebas genéticas entren en el entorno clínico, debemos disponer de un sistema que garantice la calidad, la eficacia, la sensibilidad y la exactitud de dichas pruebas. Para ello estamos trabajando mano a mano con los genetistas, pero queda mucho por hacer.

Por último, queda la cuestión de que las pruebas genéticas, por ahora, no son baratas. Por eso hay que prestar atención a la disponibilidad, para que no estén sólo al alcance de unos pocos en determinados centros o en ciertas regiones.

¿La computación en la medicina es una oportunidad para la industria farmacéutica?

Bueno, la industria farmacéutica está teniendo problemas para producir nuevos medicamentos y para reducir los costes y tiempos de este desarrollo. Cada vez más se apunta hacia entornos computacionales in silico de predicción, de toxicología, de seguridad. Lo que se pretende es poder predecir en una etapa temprana si un candidato a fármaco se puede descartar o no.

En este aspecto hay una iniciativa muy importante, la Plataforma Tecnológica Europea de Medicamentos Innovadores, que cuenta entre sus 4 pilares básicos con uno que es la Gestión de Conocimiento y sus aspectos computacionales. Nosotros estamos involucrados a través de la nueva Red que nos ha concedido el FIS.

¿Cuáles son sus proyectos para el futuro?

Hemos detectado nuevas tendencias de investigación en medicina, especialmente la nanomedicina y la medicina regenerativa. En estas dos áreas hay importantes retos para la computación, como parte esencial del proceso de investigación. No estamos hablando sólo de una herramienta que sirva, por ejemplo, para hacer bases de datos; estamos hablando de modelizar, de diseñar, de tareas que a esos niveles sólo se pueden llevar a cabo mediante la computación. Un par de proyectos recientemente concedidos nos van a permitir entrar en esos campos.

¿Cuál es el reto de su grupo de investigación?

El gran reto de nuestro grupo es contribuir (ya que es algo que no podemos hacer solos) a que la Bioinformática Médica se consolide como una disciplina independiente, científica y reconocida. Queremos que haya programas educativos que formen a las nuevas generaciones de investigadores con un enfoque transdisciplinar, que las convocatorias de proyectos

reconozcan el valor de la interdisciplinariedad y queremos facilitar que las empresas y el sector industrial tengan acceso a esos profesionales. Y, sobre todo, convencer a decisores y gestores de que vamos muy atrás respecto al resto del mundo: hay que ponerse las pilas.

Entrevista: Guillermo Santamaría

Foto: Pierre Caufapé

[View low-bandwidth version](#)