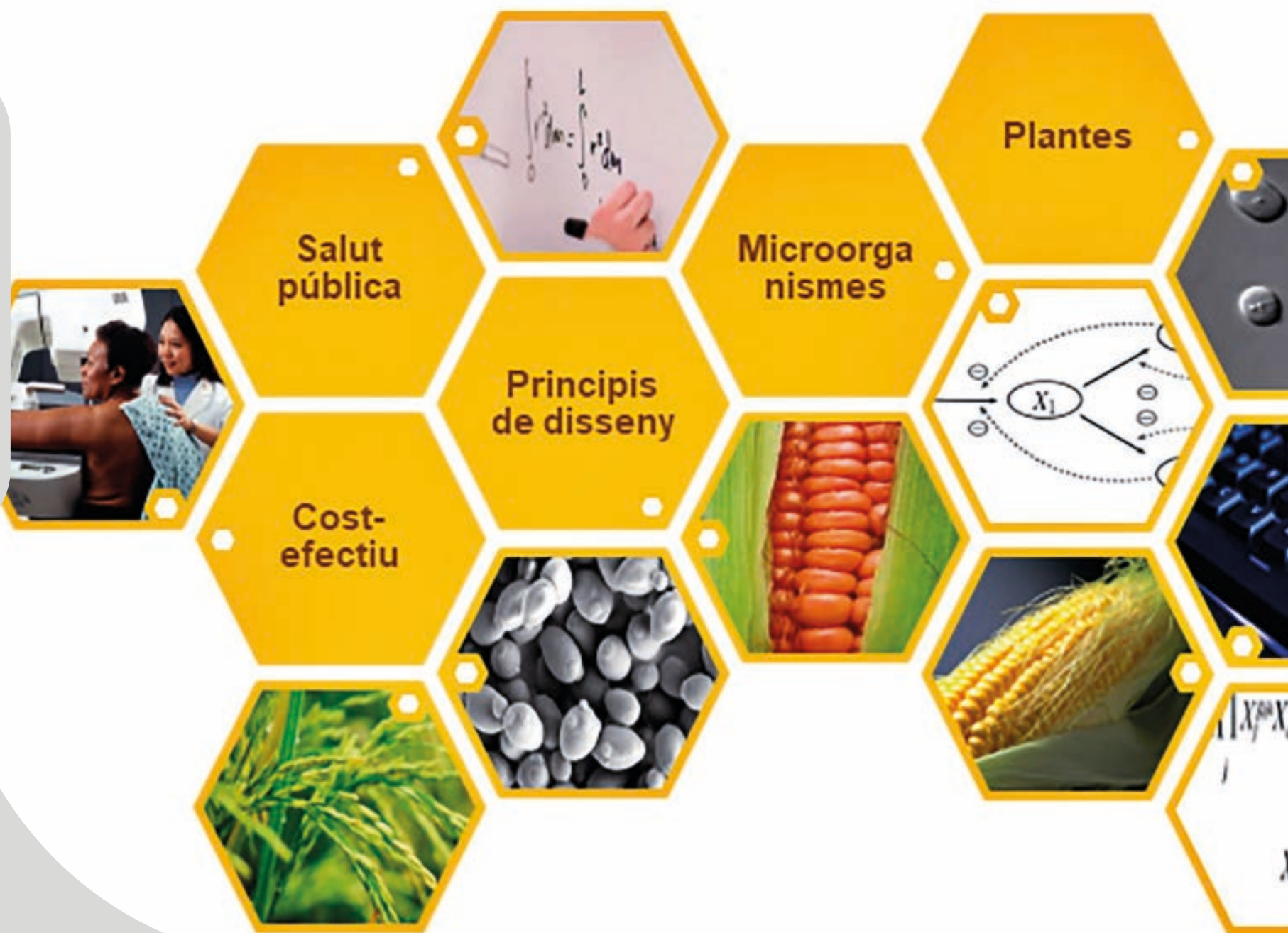


# Biologia computacional per desxifrar la vida

## CIÈNCIA DE DADES APLICADA A LA CLÍNICA

Les ciències de dades i la bioinformàtica han deixat de ser eines secundàries per convertir-se en el motor de la recerca biològica actual. El grup MathSy2Bio transforma el big data en solucions reals per a la salut, l'agricultura i la sostenibilitat.

Per **REDACCIÓ XXII**



**L**a recerca en ciències de la vida i la salut viu una autèntica revolució gràcies a l'auge de les Ciències de Dades i la Bioinformàtica. Han passat de ser eines auxiliars a convertir-se en el motor que transforma quantitats ingents de dades (big data) en coneixement aplicable. Avui, la capacitat de generar grans volums d'informació biològica, el que es coneix com les «òmiques», que estudien l'ADN, les proteïnes i el metabolisme dels organismes, és aclaparadora; el gran repte és extreure patrons significatius d'aquesta marea d'informació.

El grup **Biologia Sintètica, Computacional i de Sistemes (MathSy2Bio)**, liderat per Rui Alves, Alberto Marin Sanguino i Ester Vilaprinyo, exemplifica aquesta sinergia interdisciplinària. Cada membre aporta una peça clau per modelar mitjançant les matemàtiques, analitzar i entendre la biologia, i a partir d'aquí dissenyar solucions apli-

cades. La combinació de ciència de dades, bioinformàtica i biologia sintètica els ha permès crear eines amb impacte directe en biomedicina i biotecnologia.

### LLEGINT LA HISTÒRIA DE LA VIDA A TRAVÉS DELS GENOMES

El Dr. Rui Alves utilitza la bioinformàtica i els models matemàtics per entendre el funcionament dels sistemes biològics i predir-ne el comportament. Així es construeixen **models digitals** que simulen l'efecte de fàrmacs o mutacions genètiques, actuant com un "laboratori virtual" abans de fer experiments reals.

El grup investiga com els genomes expliquen la història evolutiva dels organismes. Per fer-ho, combina tècniques –que permeten reconstruir genomes complets– amb anàlisis comparatius per descobrir patrons d'evolució i aspectes clau de la biologia.

Un exemple és l'estudi de la **perdiu ibèrica**, que aporta informació sobre adaptació i diversitat. Un altre és la seqüenciació del **genoma del nopal**, el cactus amb més importància agrícola i econòmica a escala mundial, en col·laboració amb la Universitat de Guadalajara (Mèxic), dins d'un projecte finançat pel **Joint Genome Institute** del Departament d'Energia dels EUA. Tenir aquests genomes ens permet desxifrar els mecanismes genètics que regulen l'adaptació a condicions extremes, identificar gens d'interès per a la millora agropecuària i entendre millor la diversitat evolutiva d'espècies clau.

A més, el grup participa en la **Iniciativa Catalana per a l'Earth Biogenome Project (CBP)**, que vol obtenir el genoma de totes les espècies eucariotes del planeta. En aquest marc, la CBP treballa per crear un catàleg detallat dels genomes

de les espècies dels territoris de parla catalana i contribuir a l'esforç global per caracteritzar la biodiversitat genòmica.

Tot això és possible gràcies a la bioinformàtica, imprescindible per gestionar grans volums de dades i transformar-los en coneixement aplicable a la conservació, l'agricultura i la ramaderia.

### DISSENYANT PLANTES I BACTERIS PER AFRONTAR EL FUTUR

Una part important de la recerca del grup consisteix a utilitzar la modelització matemàtica per millorar les propietats de les plantes. Mitjançant models que simulen l'arquitectura vegetal i els circuits hormonals, han pogut predir com influeixen els nivells d'**strigolactona** –una hormona vegetal– en el desenvolupament de les arrels del blat de moro. Aquesta informació ajuda els agrònoms a optimitzar el creixement de les arrels per millorar l'absorció de nutrients i la resistència a la sequera, un repte clau davant el canvi climàtic.

El grup també explora la **Biologia Sintètica** per redissenyar els processos que permeten a l'arròs i a altres plantes produir terpenoides, una família de compostos essencials que inclou vitamines, hormones i molècules defensives. L'objectiu és augmentar la resistència dels cultius i el seu valor nutricional mitjançant estratègies genètiques guiades per models.

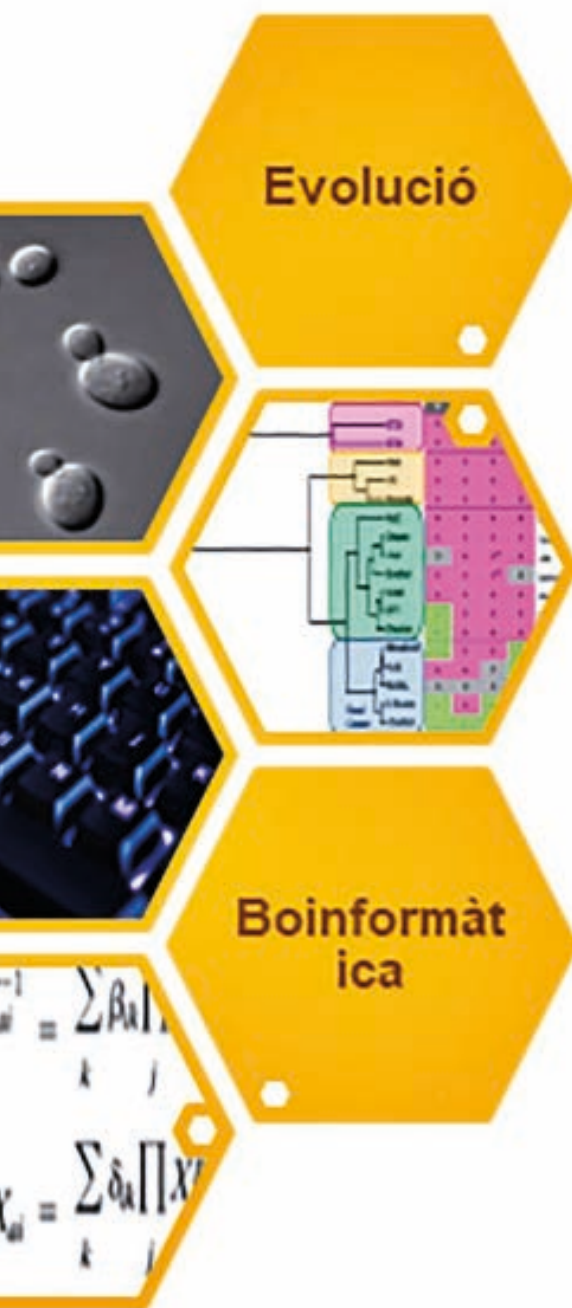
En paral·lel, el Dr. Alberto Marin Sanguino treballa per unir la modelització matemàtica amb la biotecnologia. Traduint resultats abstractes en dissenys experimentals, desenvolupa bacteris capaços de produir una substància molt osmoprotectora utilitzada en cosmètica i per estabilitzar fàrmacs, l'**ectoïna**, emprant com a font de nutrients residus forestals o aigües residuals. Aquesta recerca s'inscriu en la **bioeconomia circular** i ja està en procés de transferència a la indústria.

### SIMULANT EL FUTUR: COM LA CIÈNCIA DE DADES GUIA LA RECERCA CLÍNICA

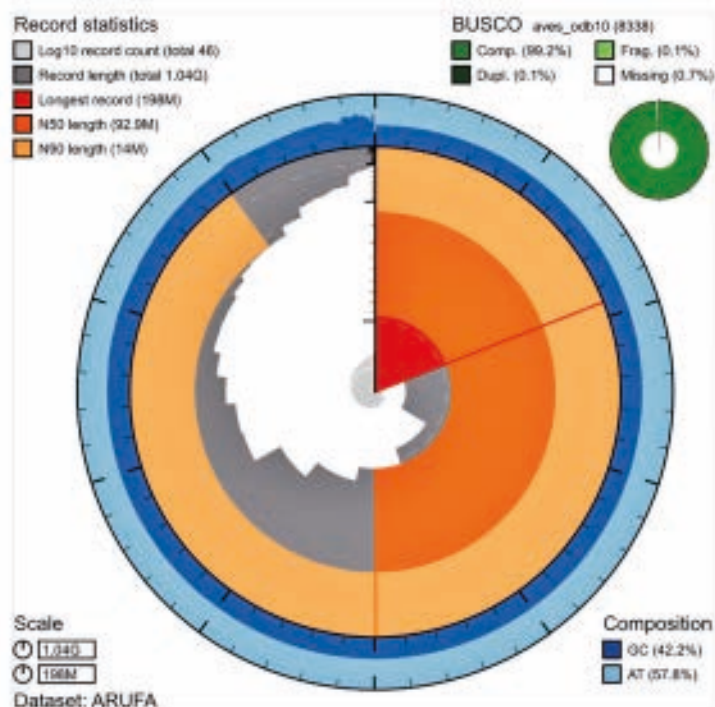
La **Bioestadística** i la **IA** són claus per convertir grans volums de dades en coneixement fiable. El grup desenvolupa mètodes per automatitzar la incorporació de dades, fer-les compatibles encara que provinquin de fonts diverses, controlar errors i validar hipòtesis, assegurant conclusions sòlides.

Una aplicació destacada és el **disseny d'assajos clínics òptims**: eines interactives que simulen resultats

## “COMBINEM LA IA AMB LA BIOESTADÍSTICA PER PREDIR L'EVOLUCIÓ DELS PACIENTS, OPTIMITZANT RECURSOS I SUPERVIVÈNCIA”







abans de fer experiments, permetent ajustar la mida de la mostra i altres paràmetres per optimitzar recursos i robustesa científica. Aquestes simulacions són com “provar el futur” abans d’invertir temps i diners en un estudi real.

#### PER AL CRIBRATGE DEL CÀNCER DE MAMA

Aquest enfocament també s’ha aplicat a la salut pública, en concret al cribatge de càncer de mama. Els models matemàtics exploren el cost-efectivitat i l’impacte en la reducció de la mortalitat de diferents escenaris en què es canvien la periodicitat i les edats recomanades en les quals es duu a terme aquest cribatge. Això permet anticipar conseqüències i prendre decisions més informades en polítiques sanitàries.

Actualment, el grup lidera un projecte que combina IA i estadística clàssica per predir l’evolució de pacients a l’UCI juntament amb els serveis de Medicina Intensiva i de Física i Protecció Radiològica de l’Hospital Arnau de Vilanova. La IA aporta velocitat i capacitat per gestionar grans volums de dades, mentre que la bioestadística clàssica requereix menys recursos computacionals, té una menor petjada de carboni i garanteix una interpretació més segura de la validesa dels resultats; per això es combinen.

Aquestes eines poden ajudar els professionals a prioritzar recursos, adaptar tractaments i millorar la supervivència dels pacients. En definitiva, la integració de models matemàtics, bioestadística i IA no només accelera la recerca, sinó que té un impacte directe en la sostenibilitat dels sistemes de salut.

#### EN CONCLUSIÓ

La recerca del grup **MathSy2Bio** va molt més enllà de la biomedicina clàssica. Per aquest fet, el grup ha creat un servei científicotècnic de Bioinformàtica i Biologia Computacional que dona suport a altres grups i a empreses que necessiten aplicar aquestes tècniques als seus problemes. També mitjançant aquest servei, de demanda creixent, el grup transfereix el seu coneixement a la societat, contribuint al seu progrés. El seu treball abasta la biotecnologia vegetal, el disseny d’assajos clínics i la genòmica evolutiva, demostrant com les ciències de dades, la bioinformàtica i els models matemàtics s’han convertit en eines versàtils i imprescindibles per afrontar els grans reptes del segle XXI: des de la conservació de la biodiversitat fins a la millora dels cultius, la predicció clínica i la sostenibilitat industrial. En definitiva, és una aposta per una ciència que no només entén la vida, sinó que la reinventa per construir un futur més saludable i sostenible.



**DR. RUI ALVES**, professor Catedràtic a la UdL, expert en Biologia de Sistemes i l'aplicació d'eines de Bioinformàtica per a la predicció i el modelatge cel·lular. **DR. ALBERTO MARIN SANGUINO**, professor agregat a la UdL. Utilitza la modelització i l'aplica a la Biotecnologia. **DRA. ESTER VILAPRINYO**, professora agregada a la UdL. Especialista en Bioestadística i IA, essencial per a l'anàlisi de models matemàtics.

## «SABER BIOLOGIA JA NO ÉS SUFICIENT; ARA CAL ENTENDRE EL LLENGUATGE DE DADES»

Per **REDACCIÓ VINT-I-DOS** / Fotos: **UNIVERSITAT DE LLEIDA**

**Com s'integra la IA en el vostre dia a dia?**

**Rui Alves:** La IA és una altra eina de descobriment de patrons. Ens permet processar milers d'interaccions genètiques complexes. La principal limitació és la interpretació, en què el nostre coneixement sobre els altres mètodes de Biologia de Sistemes entra en joc per entendre la lògica subjacent de la predicció de la màquina. **Ester VilaprinYO:** La nostra feina en Bioestadística i IA és garantir el rigor. Hem de demostrar que el model d'IA és vàlid i no només un artefacte. Això implica dissenyar els protocols d'anàlisi per corregir biaixos i desenvolupar mètodes per fer la IA més interpretable i transparent clínicament, perquè un metge o enginyer pugui confiar en la predicció.

**La Biologia Sintètica es presenta com una eina per a una indústria més sostenible. Esteu intentant fer bacteris que consumeixen residus per produir compostos d'alt valor com l'ectoïna. Com es fa això?**

**Alberto Marin Sanguino:** Efectivament, és una línia de recerca fascinant que anomenem bioprocés verd. L'objectiu és doble: estalviar aigua dolça i revaloritzar residus. Utilitzem bacteris halòfils, que prosperen en aigua salada i els fem a evolucionar per poder utilitzar residus orgànics per créixer i produir molècules d'alt valor com l'ectoïna (un protector cel·lular usat en cosmètica) o els components dels bioplàstics. Això crea una biorefineria circular i molt més eficient. Després, mitjançant la Biologia Sintètica, els "reprogramarem" perquè puguin produir altres químics d'alt valor. **Rui Alves:** El meu paper és ajudar en el modelatge matemàtic i l'anàlisi bioinformàtica que ens permet optimitzar processos abans de provar al bioreactor. Podem simular quina modificació genètica serà la més eficient per maximitzar la producció, mentre minimitza consum de residus i energia.

**La Bioinformàtica facilita el pont entre el laboratori i l'ordinador. Quines eines desenvoleu?** **Alberto Marin Sanguino:** La Bioinformàtica és essencial per a l'enginyeria genètica. Desenvolupem eines que faciliten als investigadors obtenir una interpretació més fàcil de les dades. En el camp de la Bio-



logia Sintètica, la bioinformàtica ens permet fer un disseny assistit per ordinador de les seqüències d'ADN. Això redueix dràsticament el cicle de disseny-construcció-assaig i per tant el temps i els diners necessaris per assolir un objectiu.

**Com creieu que la integració de les Ciències de Dades i el vostre enfocament en Biologia Sintètica transformarà l'ensenyament i el futur de la recerca?**

**Ester VilaprinYO:** És la base. Ja no n'hi ha prou amb saber biologia; cal entendre el llenguatge de les dades, i per això formem professionals que no només poden generar dades, sinó que poden analitzar-les i fer-les anar en aplicacions reals, ja sigui en un assaig clínic o en l'optimització d'un bioprocessament. **Rui Alves:** La UdL i l'IRBLleida s'han de consolidar com a centres on la capacitat de modelatge predictiu sigui un element intrínsec de la investigació. El futur dels nostres camps dependrà de la nostra habilitat per utilitzar la IA i el modelatge per accelerar la innovació.