



La investigadora zamorana Celia Fontanillo (Muga de Sayago), ha desarrollado una herramienta informática que permite a los científicos identificar las funciones de grupos de genes, tarea que puede ser de gran utilidad, por ejemplo, en los trabajos sobre

el cáncer. La científica del Grupo de Bioinformática del Centro de Investigación del Cáncer de Salamanca señala que con su herramienta será posible filtrar la cantidad ingente de datos que tiene en sus manos el investigador para contar precisamente con

los que le interesan. Fontanillo, que es ingeniera informática, recibió ya justo ahora cuatro años un premio del Consejo Superior de Investigaciones Científicas tras presentarse al Certamen Universitario Arquímedes.

Informática contra los tumores

Una investigadora zamorana desarrolla una herramienta disponible en la web para poder determinar las funciones de los grupos de genes

J. P. A./Dicyt

El Centro de Investigación del Cáncer (CIC) de Salamanca ha desarrollado una herramienta informática que permite comprobar qué funciones tiene un conjunto de genes. Esta aplicación informática ya está disponible en internet y facilita el trabajo de los investigadores, desde los que se dedican a la biología básica hasta los que estudian los tumores. Celia Fontanillo, investigadora del Grupo de Bioinformática, ha desarrollado la herramienta, presentada recientemente en una conferencia.

«Me dedico sobre todo a la genómica funcional, es decir, a intentar identificar las funciones que son más importantes en los genes desregulados en algún proceso determinado», ha declarado la científica zamorana. «No estamos investigando ningún tipo de enfermedad, sino creando aplicaciones informáticas para que otras personas puedan usarlas en sus estudios», aclara.

Por ejemplo, «en una investigación sobre cáncer, se podría ver qué genes están desregulados y una vez que los tienes obtener las funciones que están presentes en dichos genes». El objetivo de la nueva aplicación informática es que esta información se pueda obtener de una forma automática, para que sea fácil de leer y se puedan identificar con sencillez los procesos más importantes. Para comprobar su efectividad, «hemos aplicado esta herramienta a diferentes tipos de datos ya publicados sobre varios tipos de cáncer», señala.

Aunque ya existen herramientas que estudian las funciones de los genes, el universo que abarcan las investigaciones es muy grande. «Hay que buscar todas las posibles combinaciones de funciones que estén asociadas con los genes que se están estudiando y esto supone tener listas de funciones muy grandes. Para una persona que esté es-



La zamorana Celia Fontanillo, en el Centro de Investigación del Cáncer de Salamanca.

Foto Dicyt

En el año 2007 recibió un premio por el diseño de un sistema para distinguir distintos tipos de leucemia

tudiando una enfermedad resulta muy complicado, porque tiene una lista de genes y una lista de funciones y es incapaz de extraer un conocimiento de toda esa cantidad de información», comenta la investigadora.

Sin embargo, la herramienta desarrollada por Celia Fontanillo realiza un filtrado y presenta la información de tal manera que los científicos ven claramente los principales procesos. En definitiva, «es una herramienta de ayuda y no hay ninguna hasta ahora que realice un filtrado y un agrupamiento en módulos funcionales de esta manera», apunta.

La aplicación podría ser utilizada por especialistas que se dedican a investigar una determinada enfermedad, como un tipo de cáncer, pero también sirve para estudiar la biología molecular de una forma

mucho más básica y comprobar, por ejemplo, «qué genes tienes más expresados en las células del cerebro con respecto al pulmón».

La investigadora Celia Fontanillo Fontanillo, natural de Muga de Sayago, recibió en 2007 el Premio Especial IBM y uno de los tres premios del Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC), que financia la estancia en un centro de investigación de prestigio.

La ingeniera informática zamorana ha presentado al Certamen Universitario Arquímedes un trabajo realizado en el Grupo de Bioinformática y Genómica Funcional,

dirigido por el Javier De Las Rivas, en el Centro de Investigación del Cáncer, CIC. Su labor consistió en aquel trabajo en el diseño de un sistema capaz de distinguir y predecir distintos tipos de leucemias agudas gracias a los datos de biochips genómicos procedentes de biopsias de pacientes con distintos tipos de leucemias.

Fontanillo utilizó ingeniería de software y métodos de inteligencia artificial para construir la herramienta, que pretendía ser muy eficaz para los médicos, señalaron fuentes del Centro de Investigación del Cáncer. El trabajo fue realizado en estrecha colaboración con hematólogos del Hospital Universitario de Salamanca que investigan también en el Centro del Cáncer. «A partir de muestras de médula ósea de pacientes enfermos de leucemia, hago un clasificador que permita saber qué tipo de leucemia es la que tiene ese paciente en concreto, basándonos en esas muestras y gracias a los datos que obtenemos de cómo se expresan los genes», explicaba en su día la investigadora zamorana.

«Analizo los datos de expresión de los genes, es decir, veo cuáles están muy activados en los pacientes que tienen un tipo de leucemia y poco activados en el resto, lo que me va a permitir diferenciar entre las diferentes clases de leucemia, ya que, comparando la actividad de cada uno de los genes, podemos distinguir qué tipo de leucemia tiene cada paciente». Llevaba ya entonces una línea similar al del trabajo presentado recientemente en Salamanca.

El trabajo corresponde al proyecto fin de carrera de Celia Fontanillo sumado a una ampliación posterior. La joven zamorana llevaba año y medio en el Centro del Cáncer salmantino, donde sigue en la actualidad desarrollando su labor investigadora.