

NOTA DE PRENSA

Un investigador de la Unidad de Biofísica gana una competición científica internacional sobre diagnóstico de Leucemia

- *La prueba consistía en utilizar métodos computacionales para el diagnóstico de la enfermedad de leucemia mieloide aguda a partir de datos moleculares obtenidos con citometría de flujos.*
- *El Dr. Vilar ha resultado vencedor, en una prueba en la que han participado cerca de 20 grupos de investigación, por delante del MD Anderson Cancer Center, catalogado como el mejor hospital sobre cáncer de Estados Unidos.*
- *Entre los patrocinadores de la iniciativa se encuentran la Columbia University, los National Institutes of Health (NIH) de EEUU., el centro de Biología Computacional de IBM, y la New York Academy of Sciences.*

(Bilbao, 18 de octubre de 2011). La comunidad científica tiene diferentes formas de reconocer la labor que desarrollan los científicos en todo el mundo. El reconocimiento científico a un investigador puede proceder de la publicación de artículos en revistas con un índice de impacto elevado -Science, Nature, Cell, etc.-, o puede proceder de la obtención de premios de diferente signo –por una trayectoria, un proyecto concreto, etc.-; o también puede tener su origen en competiciones de carácter científico, es decir, son el resultado de una victoria cosechada en una prueba determinada.

Este es el caso del investigador de la [Unidad de Biofísica](#) (CSIC-UPV/EHU), José Vilar, que ha resultado vencedor de una gran competición internacional, en el marco del proyecto DREAM6 (<http://www.the-dream-project.org>), consistente en utilizar métodos computacionales para el diagnóstico de la enfermedad de leucemia mieloide aguda a partir de datos moleculares obtenidos con una técnica de análisis celular denominada citometría de flujos.

José Vilar es doctor en Física por la Universidad de Barcelona, y trabaja en la Unidad de Biofísica, que es un centro mixto del CSIC y la UPV/EHU, desde el año 2008, haciendo estudios computacionales de procesos celulares, después de haber dirigido durante cuatro años un grupo de biología computacional en el [Memorial Sloan-](#)

[Kettering Cancer Center](#) de Nueva York; anteriormente realizó el postdoctorado en biofísica en las Universidades de Princeton y Rockefeller.

El Proyecto [DREAM](#) (Dialogue for Reverse Engineering Assessments and Methods) nació hace 6 años de la mano de entidades de gran renombre internacional como son la [Columbia University](#), los [National Institutes of Health \(NIH\)](#) de EEUU., el centro de Biología Computacional de [IBM](#), y la [New York Academy of Sciences](#). Su objetivo es catalizar la interacción entre la parte experimental y teórica en el área de la inferencia de las redes celulares y la creación de modelos cuantitativos en sistemas biológicos.

El Proyecto DREAM organiza anualmente una conferencia y, entre otras actividades, desvela quiénes han resultado ser los ganadores de las competiciones que ha puesto en marcha en los meses previos, unas pruebas de superación en términos científicos con el objetivo de avanzar en técnicas que permitan una acción más eficaz en el tratamiento de diferentes enfermedades. Los organizadores plantean una incógnita en términos científicos, ofreciendo una información incompleta que los investigadores deben completar a partir de sus capacidades científicas. El investigador que consigue dar con una propuesta más acertada a la incógnita planteada es quien resulta vencedor de la prueba.

“En biología computacional se denomina entrenar el algoritmo”, afirma el Dr. Vilar. “Es decir –continúa Vilar-, tienes un método para hacer predicciones y ellos te aportan unos datos para entrenarlo. Con los datos que te dan ajustas el método, y después con el algoritmo ajustado hay que predecir datos que no sabes”.

Una de las cuatro competiciones de esta edición era la correspondiente al diagnóstico de la leucemia mieloide aguda. En dicha competición han participado alrededor de 20 grupos de investigación de todo el mundo. La organización hizo públicos los resultados de la edición de este año el viernes, 14 de octubre, en el transcurso de la conferencia internacional RECOMB/DREAM (<http://recomb-dream2011.org>), que se celebró en Barcelona.

El método para el diagnóstico de leucemia mieloide aguda a partir de datos de citometría de flujos, que ha desarrollado el Dr. Vilar, ha obtenido el mejor resultado por delante de instituciones de gran prestigio como es el caso del [MD Anderson Cancer Center](#) (Texas University) -catalogado como el mejor hospital sobre cáncer de Estados Unidos.

Según manifiesta el Dr. Vilar, “ganar esta competición representa un logro que en muchos aspectos va más allá de la publicación de un buen artículo en una revista de alto impacto, ya que este tipo de competiciones permiten identificar explícitamente que camino hay que seguir en la práctica para solucionar problemas concretos de gran relevancia médica”.

En la actualidad hay mucho interés, sobre todo en el ámbito de la industria farmacéutica y del ámbito clínico, en estos métodos computacionales aplicados al diagnóstico de enfermedades porque permiten tener en cuenta simultáneamente muchos datos moleculares de los procesos celulares involucrados en la enfermedad

para caracterizarla a un nivel de detalle que no es posible con métodos clínicos tradicionales.

Es decir, ofrece una ‘fotografía’ de la complejidad molecular que rodea a la enfermedad y permite ofrecer un caudal de información realmente valioso para conocer los motivos por los que, por ejemplo, un medicamento tiene un grado de eficacia mayor o menor sobre una misma patología en pacientes diferentes.

“La ventaja de tener este nivel de detalle es que posibilita distinguir entre subtipos de la enfermedad y averiguar qué hace que unos pacientes respondan bien a un tratamiento y otros no. En esencia, estos métodos forman la base de lo que se denomina medicina personalizada”, afirma el Dr. Vilar.