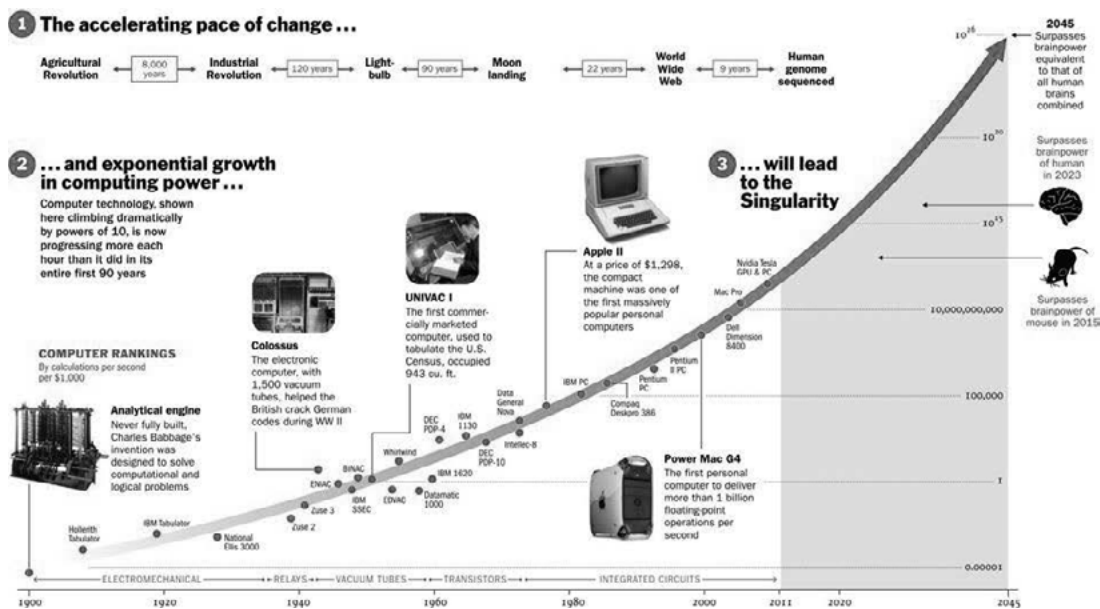


# Oportunidades para acelerar startups de IT

» **Mg. Ing. Martín Marlatto**  
 MAVha, Rafaela, Santa Fe, Argentina  
 martin.marlatto@gmail.com

El desarrollo en los últimos años de las denominadas tecnologías de secuenciación masiva permite actualmente obtener millones de secuencias de ADN a una velocidad sin precedentes y a un coste cada vez más reducido. NGS-Next Generation Sequencing con su rendimiento, escalabilidad y velocidad sin precedentes, permite a los investigadores estudiar sistemas biológicos a un nivel nunca antes posible.



Hoy en día, las complejas preguntas de investigación genómica exigen una profundidad de información más allá de la capacidad de las tecnologías tradicionales de secuenciación del ADN. La secuenciación de próxima generación ha llenado esa brecha y se ha convertido en una herramienta de investigación cotidiana para abordar estas preguntas.

La irrupción de las tecnologías de secuenciación de nueva generación en la genética molecular promete superar todas las limitaciones de las estrategias actuales utilizadas para la identificación

de variantes y genes asociados a enfermedad. Las características de estas tecnologías pueden contribuir sustancialmente a mejorar el proceso de diagnóstico molecular de enfermedades causadas por variantes genéticas.

Las ciencias informáticas han tomado una relevancia crítica en la NGS en el sentido de que sus capacidades son esenciales para manejar y analizar datos biológicos. La NGS produce una cantidad de datos sin precedentes que un ordenador común no puede manejar. Aunque para algunas plataformas existen herramientas de manejo de datos y análisis en un único programa, cualquier tarea no trivial a realizar con los datos requerirá al menos de una persona con conocimientos en bioinformática.

En el futuro las compañías de *software* y los proveedores de equipos de NGS desarrollarán programas con los que no será imprescindible tener conocimientos en bioinformática para analizar datos de secuenciación masiva, aunque este hecho podría limitar al usuario a solo aprovechar las funciones predefinidas en ese hipotético *software*. Además, un análisis de los datos experimentales que tenga sentido biológico depende de la incorporación de toda la información relevante que exista. Por tanto, nos parece evidente que, al día de hoy, para analizar los datos experimentales obtenidos e integrarlos con la información disponible en las numerosas bases de datos de información biológica, los conocimientos en ciencias computacionales son absolutamente necesarios.

¿Por qué es importante que la secuenciación sea rápida y barata? La capacidad de secuenciar genomas de forma rutinaria abre nuevas posibilidades en la investigación biológica y en aplicaciones biomédicas. Por ejemplo, la secuenciación de bajo costo es un paso hacia la medicina personalizada: un tratamiento médico a la medida de las necesidades de un individuo con base en las variantes génicas de su genoma. En el marco del acuerdo oportunamente suscripto con el CONICET están impulsando con CIFACIS Rosario (Centro Internacional Franco Argentino de Ciencias de la Información y de Sistemas) el proyecto de desarrollo de algoritmos para secuenciación de nueva generación, estrategias a gran escala que aumentan la velocidad y reducen el costo de la secuenciación del ADN.



## **CITES Centro de Innovación Tecnológica, Empresarial y Social del grupo Sancor Seguros**

Sunchales – Santa Fe que desde diciembre de 2013, los profesionales dedicados a la Biotecnología, la nanotecnología, la Ingeniería y las Tic´s, cuentan como un lugar exclusivo dedicado a dichas actividades. Incubadora de proyectos de base científica que destina un fondo de inversión para el proceso de investigación eligiendo la mejor combinación de talentos y tecnologías disruptivas para un programa de aceleración e incubación de emprendimientos de alto impacto. Actualmente apoyando el proyecto local. La creación del CITES es una iniciativa pionera en el ámbito privado en nuestro país cuyos beneficios tendrán impacto directo en diversos sectores, como el agrícola, la producción pecuaria, la actividad láctea, la industria metalmecánica, las energías renovables,

la medicina, las industrias farmacéuticas y cosméticas, el software y las telecomunicaciones, entre muchos otros.

## Acerca del autor

Martín Marlatto es Ingeniero en Sistemas - Universidad Tecnológica Nacional y Master en Ingeniería de Software – Universidad de La Plata. Docente en UTN. Co-fundador de MAVha, una tienda de software, con sede en Rafaela, Santa Fe, Argentina, que ofrece servicios de desarrollo de software de gama alta e incuba nuevos inicios.

