Biol. on-line: Vol. 7, Núm. 1 (Febrer de 2018) *ISSN: 2339-5745 online*

Per què està de moda la bioinformàtica? Les papallones ens ajuden a descobrir-ho

Júlia Quer Riera

Us heu preguntat mai per què tenim dos braços o com és que no tenim cua i, en canvi, els taurons i els cangurs sí que en tenen? Per què al desert hi ha cactus però no hi ha roses o com troben parella les papallones? I per què els grills tenen tants fills i, en canvi, els ximpanzés tan pocs?

Com sabem que els animals estem més emparentats amb els fongs que amb les plantes? Com demostrem que els humans som cosins germans dels ximpanzés? I com hem descobert que els mitocondris probablement eren bacteris que van ser engolits per una altra cèl·lula?

La cerca de respostes a totes aquestes preguntes ha ocupat i apassionat a naturalistes i científics des de fa molts anys. I no és estrany, perquè som davant de qüestions molt profundes i complexes que expliquen el perquè del que ens envolta, quins passos ha seguit la natura per anar modelant el nostre entorn i, sobretot, ens ajuden a descobrir d'on venim. Estudiem l'evolució de les espècies per conèixer la causa última del la biodiversitat que observem, i així, poc a poc, anar entenent com funciona la natura.

En l'actualitat gran part d'aquests estudis evolutius es duen a terme gràcies a eines informàtiques aplicades a la biologia, que és el que anomenem bioinformàtica. Si voleu saber què pot fer la bioinformàtica per nosaltres, i a més, descobrir com funciona el gust i l'olfacte de les papallones, continueu llegint. Benvinguts!

A la Universitat de Barcelona…

Els investigadors Julio Rozas i Alejandro Sánchez-Gracia lideren el grup de recerca **Evolutionary Genomics & Bioinformatics**, que pertany al Departament de Genètica, Microbiologia i Estadística de la Facultat de Biologia. El grup, format per 9 persones, té com a objectiu l'estudi de l'evolució del sistema quimioreceptor en artròpodes aplicant eines bioinformàtiques.

UNIVERSITAT DE BARCELONA

Biol. on-line: Vol. 7, Núm. 1 (Febrer de 2018) **ISSN: 2339-5745 online**

Amb l'objectiu d'entendre bé per què la bioinformàtica és tan important actualment, ens centrem primer en l'explicació del problema biològic que ens plantegem, fent servir com a exemple el cas de les papallones, i després explorem en què ens pot ajudar la bioinformàtica.

1. Lepidòpters i el problema que ens plantegem

a) Lepidòpters

Els lepidòpters són un grup d'**insectes** que inclouen el que anomenem popularment papallones i arnes. Tots els insectes, juntament amb altres grups com ara els Crustacis (gambes) o els Quelicerats (aranyes), pertanyen als **artròpodes**.

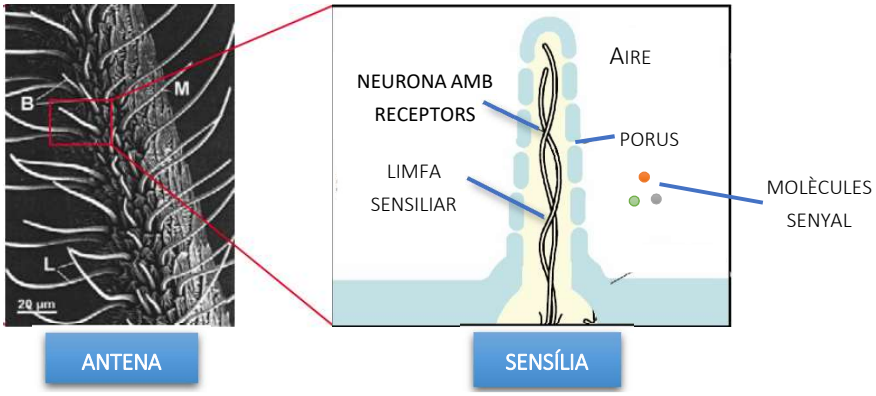
Els lepidòpters són un grup molt divers, tant pel que fa al color, que sabem que n'hi ha de molt variats, com a la grandària: els lepidòpters més petits, que són la família *Nepticulidae*, mesuren uns 3 mm i els més grans, que són de l'espècie *Ornithoptera alexandrae,* uns 30 cm. Pel que fa a l'ecologia també són diversos: n'hi ha de diürns i de nocturns. Es poden alimentar de nèctar de les flors, que és el més habitual, però també de saba dels arbres, de fruita podrida o d'excrements d'animals, entre d'altres. Els lepidòpters passen per una fase de larva (eruga) i una de pupa (capoll o crisàlide) abans de convertir-se en adults, que és quan els anomenem 'papallona' o 'arna'.

b) Sistema quimiosensorial

Els lepidòpters, com molts artròpodes, tenen el sistema quimiosensorial molt desenvolupat. Aquest sistema està compost per l'**olfacte** i el **gust** i permet detectar **substàncies químiques** de l'entorn. En lepidòpters, i en general a tots els insectes, hi ha una diferència clara entre l'olfacte i el gust: el primer detecta substàncies a distància, que viatgen per l'aire; en canvi el gust pot detectar substàncies per contacte. El sistema quimiosensorial, doncs, permet als lepidòpters trobar per exemple menjar i parelles o reconèixer possibles predadors o bons substrats per pondre els ous. El procés molecular de detecció de les olors o els gustos té lloc en unes estructures diminutes anomenades **sensílies**, que són similars a un pèl i que recobreixen les antenes i les potes dels lepidòpters (*il·lustració 1*). El que els investigadors creuen que passa en aquestes estructures és el següent:

1. Les molècules d'olor o gust, que anomenarem '**molècules senyal**' travessen els porus de les sensílies.
2. Un cop dintre, les molècules senyal són **transportades** a través del líquid que omple les sensílies (limfa sensiliar) fins als **receptors** de gust i d'olor, que són a les **neurones** olfactives o gustatives.
3. Les molècules senyal **interaccionen** amb els receptors corresponents, que activen senyals elèctrics que arribaran al sistema nerviós central.

Biol. on-line: Vol. 7, Núm. 1 (Febrer de 2018) ISSN: 2339-5745 online



Il·lustració 1: detall d'una antena i d'una sensília de Lymantria dispar. Modificada de Tegoni et al., 2004

c) *Cas d'estudi: què i per què*

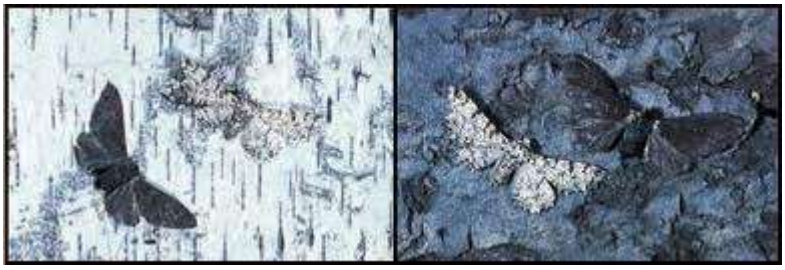
El nostre estudi se centrarà en les *Chemosensory Proteins* o **CSP**, que són una de les famílies de proteïnes encarregades de facilitar el segon pas del procés: es troben a la limfa sensiliar i acompanyen les molècules senyal, que per les seves propietats químiques moltes vegades no podrien moure's per aquest líquid. Les acompanyen des que entren a la sensília fins a les neurones olfactives o gustatives on hi ha els receptors. Però... per què ens interessa aquest sistema especialment? La resposta és que, degut a la seva importància per la supervivència i la reproducció dels lepidòpters, pot estar implicat en processos d'**adaptació**. Vegem-ho:

Cada organisme viu té un conjunt de gens que, de tant en tant i per atzar, poden canviar, **mutar**. Aquestes mutacions es poden classificar en tres tipus segons l'efecte que tinguin en l'individu que la porta:

- Una **mutació beneficiosa,** que millori l'adaptació de l'organisme a l'entorn i incrementi l'**eficàcia biològica**[1] de l'individu. Sobre elles pot actuar el que anomenem **selecció natural positiva**, que fa que els organismes que tinguin aquesta mutació es reprodueixin més i per tant la nova variant es torni més freqüent a la població i perduri al llarg de les generacions.
  Ho expliquem amb l'exemple de les Papallones de Manchester (i*l·lustració 2*). Fa centenars d'anys que es coneix una espècie de papallona blanca que viu als boscos de Manchester sobre el tronc d'uns arbres anomenats bedolls, que són també de color blanquinós. El fet de ser del mateix color permet a aquestes papallones passar desapercebudes i així **evitar els seus predadors**. Fa uns 250 anys, al tenir lloc la Revolució Industrial i augmentar la quantitat de fàbriques que emetien fum, els troncs dels bedolls

[1] Eficàcia biològica: capacitat d'un individu per reproduir-se. Es mesura amb el nombre de descendents que aquest deixa a la següent generació

Biol. on-line: Vol. 7, Núm. 1 (Febrer de 2018) ISSN: 2339-5745 online



Il·lustració 2: Papallones de Manchester clares i fosques sobre els arbres abans i després d'estar exposats al fum. Extreta de https://blogdoenem.com.br

es van anar ennegrint. Resulta que un temps després, en aquests boscos, es va observar un **augment en la freqüència de papallones que eren de color gris** en lloc de blanc. Les papallones eren de la mateixa espècie, però ara la gran majoria eren d'un altre color. Què va passar aquí? Com va actuar la selecció natural? El primer que va passar és que una papallona va patir un mutació. És important recordar que les mutacions sempre són **pre-adaptatives**, és a dir que es donen a l'atzar i mai amb la finalitat d'adaptar-se, i és després d'haver sorgit que poden resultar un avantatge per l'individu. Bé, la mutació en aquest cas representava tenir les ales de color gris[2] i com que en els boscos de bedolls de la Revolució Industrial tenir les ales grises donava certs **avantatges** a la papallona, aquelles que tenien aquesta mutació van tenir una **major eficàcia biològica**. Això vol dir que les papallones grises, com que podien amagar-se millor dels predadors, van tenir més temps i **més oportunitats de reproduir-se** que les altres. És així, comptant quants descendents deixa un individu a la següent generació, com nosaltres mesurem aquesta eficàcia biològica, que correspon a l''èxit' d'un organisme. Al llarg del temps, cada vegada hi va haver més papallones que eren grises en lloc de blanques. Així és com actua la selecció positiva, **incrementant la freqüència d'aquella variant genètica que permet una millor adaptació al medi**.

- Una **mutació deletèria**, que disminueixi l'eficàcia biològica de l'organisme i que per tant empitjori l'adaptació de l'organisme a l'entorn. Sobre aquestes mutacions hi actua la **selecció negativa o purificadora**, que potencia que aquells organismes que la porten deixin menys descendents o bé morin abans de poder deixar-ne.

  Posem un exemple: tenim un guepard, carnívor, que té moltes proteïnes (enzims) especialitzades en digerir la carn de les preses que caça i menja (*Il·lustració 3*). Suposem que per atzar sorgeix una mutació que modifica l'estructura d'un d'aquests enzims, que queda no funcional i per tant aquest guepard **no pot digerir la carn**. En aquest cas, al guepard li passarà tot el contrari que a la papallona grisa de l'exemple anterior durant la Revolució industrial: al no poder menjar carn, o bé es morirà o bé tindrà unes condicions

[2] Per ser exactes, aquesta mutació ja existia a les poblacions originals, quan els bedolls eren blancs, però era molt poc freqüent perquè les papallones grises eren fàcilment depredades en troncs blancs; vegeu el punt b.

Biol. on-line: Vol. 7, Núm. 1 (Febrer de 2018) ISSN: 2339-5745 online

Il·lustració 3: un guepard (Acinonyx jubatus) es menja una impala (Aepyceros melampus) a la reserva natural de Masai Mara, Kènia. Extreta de https://www.dreamstime.com

de vida pitjors que la resta dels guepards que viuen amb ell, de manera que **no podrà deixar descendència o en deixarà menys**. En qualsevol cas, com hem dit abans, nosaltres mesurem l'èxit d'una mutació pel nombre de descendents que deixa l'organisme que la porta, així que aquesta mutació està destinada clarament a **desaparèixer** perquè no passarà a les generacions següents. Així és com actua la selecció negativa.

- Una **mutació neutra**, que ni millori ni empitjori l'eficàcia biològica de l'organisme. La selecció no pot actuar sobre aquestes mutacions perquè no provoquen **cap diferència d'eficàcia biològica** entre els components d'una població.

  Per exemple: un peix que pateixi una mutació que fa que tingui 5 escates més a la cua. Aquest canvi, en principi, no li dóna cap avantatge ni cap inconvenient per sobreviure ni per reproduir-se, de manera que la selecció natural no hi actua, podríem dir que "no veu el canvi". Cal matisar, però, que en algun moment hi podria haver un canvi en l'ambient que fes que aquells individus que tenen la mutació passin a tenir un avantatge o desavantatge respecte els altres. En aquest moment, la mutació deixaria de ser neutra per passar a ser positiva o negativa, respectivament.

Un cop hem vist això, ja podem entendre per què estudiem els gens del sistema quimiosensorial: aquests gens estan en el 'punt de mira' de la selecció natural perquè són molt **importants per la supervivència i la reproducció** dels lepidòpters, de manera que els canvis que es donin en aquests gens marcaran diferències en la **capacitat d'adaptació** al medi, en l'**eficàcia biològica** dels individus individus que els pateixin i en l'**evolució** d'aquestes espècies. Per exemple, si es dóna una mutació en un gen del sistema quimiosensorial que provoca que una papallona **no pugui detectar el gust del nèctar**, aquesta tindrà moltes dificultats per menjar (*il·lustració 4*) i és evident que això li portarà **desavantatges**, de manera que la **selecció negativa** actuarà i les papallones portadores d'aquesta mutació ràpidament desapareixeran. També es pot donar el cas contrari si la mutació permet detectar amb més rapidesa o fiabilitat les **feromones de les possibles parelles**, per exemple exemple a 11 quilòmetres de distància en lloc de 5. Com que aquesta nova característica dóna avantatges perquè permet trobar més fàcilment una parella per reproduir-se que la resta de papallones, la **selecció positiva** hi actuaria i aquesta característica s'aniria estenent cada cop més a la població.

Biol. on-line: Vol. 7, Núm. 1 (Febrer de 2018) ISSN: 2339-5745 online

Amb tot això, veiem l'interès que té estudiar l'evolució del sistema quimiosensorial. Estudiant com han evolucionat el gens d'aquest sistema obtenim pistes per determinar quants temps fa que existeixen, com estan relacionats o com ha actuat la selecció natural sobre ells. I a partir de la història i l'evolució dels gens, podem fer-nos una idea de com ha estat la història i l'evolució de les espècies.

Il·lustració 4: una papallona monarca (Danaus plexippus) alimentant-se del nèctar d'una flor. Extreta de https://kids.nationalgeographic.com/animals/monarch-butterfly

2. La bioinformàtica i com ens ajuda a respondre les preguntes

Així com tenim clar que la informàtica és clau en molts camps que ja no concebem sense ella, hi ha un camp en què les aplicacions no són encara tan conegudes, que és el de la biologia. Això és el que fa la bioinformàtica.

La bioinformàtica té moltes aplicacions a diferents àrees dins de la biologia, però aquí ens centrarem en aquelles que ens permeten resoldre preguntes evolutives:

a) Primera aplicació: gestionar grans quantitats de dades

La primera aplicació és fruit de la gran revolució de la seqüenciació massiva. Fins fa uns anys era molt costós seqüenciar ADN, tant econòmicament com pel temps que requeria. Per tant, els estudis es feien amb fragments curts d'ADN, per exemple un gen o fragments d'un gen. Però fa uns 20 anys es van començar a fer servir el que s'anomena tècniques de seqüenciació massiva o *new generation sequencing* (NGS). Aquestes permeten seqüenciar molts més fragments d'ADN en un mateix temps i a un cost molt inferior, de manera que fins i tot podem llegir el genoma[3] complet d'un gran nombre espècies amb una inversió raonable. Per fer-nos una idea de la magnitud d'aquest canvi, posarem un llibre com a metàfora: tenim una pàgina d'una novel·la i ens demanen que ordenem totes les línies que conté segons el nombre de "A" que tingui cada línia. Això seria costós, però amb una estona relativament curta ho podríem fer a mà. Però ara imaginem que enlloc d'una pàgina hem d'ordenar les línies d'una enciclopèdia. Suposant que

[3] Genoma: conjunt de tots els gens d'un organisme en particular

Biol. on-line: Vol. 7, Núm. 1 (Febrer de 2018) **ISSN: 2339-5745 online**

cada pàgina tingués 50 línies i que cada volum de l'enciclopèdia tingui 200 pàgines, estem parlant d'ordenar 10000 línies per cada volum, que serien unes 150000 línies si tinguéssim 15 volums. Aquesta tasca ja no podem fer-la a mà, ni pel temps que trigaríem ni per la complexitat que comporta. Tornant a les seqüències, doncs, ordenar la pàgina seria equivalent a treballar amb un fragment d'un gen i fer-ho amb tota l'enciclopèdia seria com treballar amb un genoma.

Els ordinadors permeten tractar totes aquestes dades. En el cas de les papallones, per exemple, necessitem treballar només amb els gens del sistema quimiosensorial, així que hem d'extreure del genoma complet certes regions que compleixin unes característiques. Per exemple, sabent que les proteïnes CSP tenen fins a uns 100 aminoàcids i que per tant els gens són de fins a 300 nucleòtids[4], podem donar una ordre a l'ordinador que li faci buscar aquells gens que compleixin el requisit de tenir **300 nucleòtids com a màxim**. Amb aquest simple pas ja tindríem moltes menys seqüències per manejar.

A més, l'ordinador també ens permet **automatitzar els processos**, de manera que en lloc de repetir la mateixa ordre que acabem d'explicar per a cada espècie de lepidòpter, podem indicar-li a l'ordinador amb una sola ordre que ha de fer el mateix per a totes les espècies. És com si haguéssim d'endreçar una calaixera de 12 calaixos i haguéssim d'anar calaix per calaix, obrint-lo, endreçant-lo i tornant-lo a tancar. En total repetiríem la feina 12 vegades. Però en canvi, si s'automatitzés el procés diríem 'ordena el calaix cada cop que en trobis un' i s'ordenarien tots 12 calaixos amb només una ordre.

b) Segona aplicació: la filogènia

Una altra aplicació de la bioinformàtica és la reconstrucció filogènica: la filogènia (del grec *phŷlon* 'raça' i *geneá,* 'generació, naixement') és la història evolutiva d'un grup d'organismes o gens i, per tant, fer-ne la reconstrucció és trobar, a partir de les espècies o gens actuals, quines diversificacions evolutives han patit, com han anat canviant fins ara, tant les espècies com els gens. Les filogènies es representen mitjançant **arbres filogènics** (*il·lustració 5*).

La filogènia actualment s'aborda des del punt de vista genètic i no únicament morfològic, perquè se sap que normalment, **com més similars són dues seqüències d'ADN o proteïnes entre elles, menys temps ha passat des del seu ancestre comú**. Fem-ho amb un exemple senzill (*il·lustració 6*):

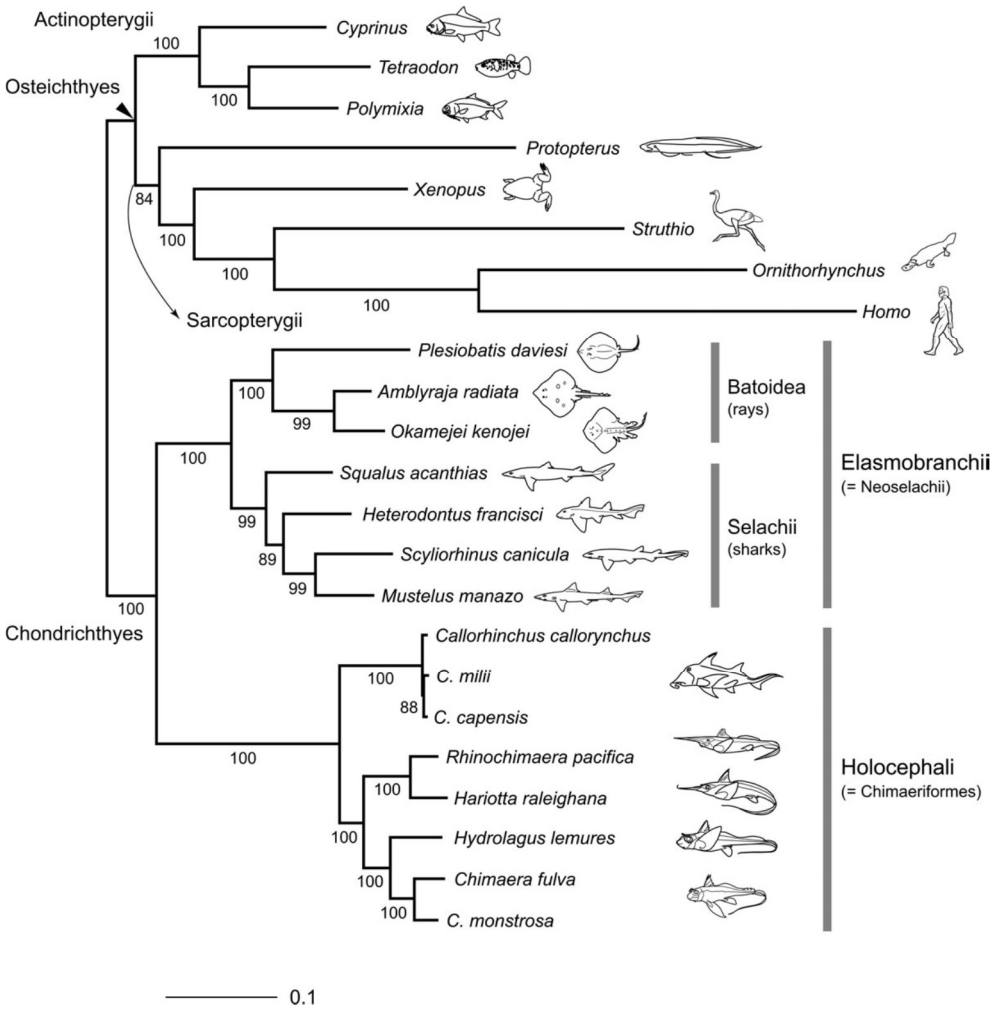
6):

HUMÀ-XIMPANZÉ	HUMÀ-SARDINA
AAAAATTTGTGTCATCATTTGCATC	AAAAATTTGTGTCATCATTTGCATC
AAACATTTGTGTCATCATTTGCATC	AAACATTTATGTCATCAGTTGCATC

Il·lustració 5: comparació d'una seqüència d'ADN fictícia d'humà amb una de ximpanzé (Pan troglodytes) i de sardina (Sardina pilchardus). Les posicions de color vermell representen aquelles que són diferents de la seqüència d'humà

[4] 100 aminoàcids x 3 nucleòtids que codifiquen per cada aminoàcid = 300 nucleòtids

Biol. on-line: Vol. 7, Núm. 1 (Febrer de 2018) ISSN: 2339-5745 online



Il·lustració 6: arbre filogènic fet amb gens del mitocondri de totes les espècies que surten representades, centrant-se en els Condrictis, el grup de peixos on trobem els taurons. La llargada de les branques és proporcional al nombre de canvis que ha patit el llinatge que l'acompanya. Els nombres representen el valor de bootstrap[5]

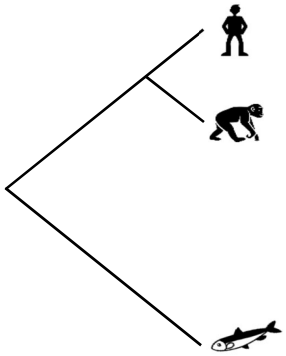
Comparem una seqüència d'humà amb una de ximpanzé i també amb una de sardina. Al mirar quines **semblances** i **diferències** tenen cada parella d'espècies, veurem que entre l'humà i el ximpanzé les seqüències són més semblants (1 diferència) que entre l'humà i la sardina (3 diferències). Això indica que **l'ancestre comú entre l'home i el ximpanzé és més recent que el de l'home i la sardina**, és a dir, que fa menys temps que l'home i el ximpanzé eren una sola espècie que no pas que l'home i la sardina ho eren. Això ho podem representar, com hem dit, amb un arbre filogènic (*il·lustració 7*), que il·lustrarà que l'humà i el ximpanzé són més propers evolutivament que l'humà i la sardina. D'aquesta manera s'entén per què el primer pas per

[5] Bootstrap: valor entre 0 i 100 que indica quant de suport té una branca

Biol. on-line: Vol. 7, Núm. 1 (Febrer de 2018) ISSN: 2339-5745 online

reconstruir la filogènia és **comparar seqüències d'ADN** per veure com de similars són diferents espècies.

Per explicar com ho fem al laboratori de bioinformàtica, tornem al cas d'estudi de les papallones: nosaltres partim de seqüències d'un cert gen , per exemple el gen *Csp 1*, que tenen totes les espècies amb què treballem. Si aconseguim construir un arbre que mostri les **relacions filogèniques** que hi ha entre tots aquests **gens**, estarem també veient quines relacions hi ha entre aquestes **espècies** que el tenen. És per aquest motiu que comencem comparant les seqüències d'ADN, tal com hem fet amb l'exemple de l'humà, el ximpanzé i la sardina. Això s'anomena **alineament** (*il·lustració 8*), i es tracta de posar, amb l'ajuda de l'ordinador, les seqüències 'una sobre l'altra' de manera que quedin perfectament alineades: que cada columna correspongui a una mateixa posició en totes les seqüències.



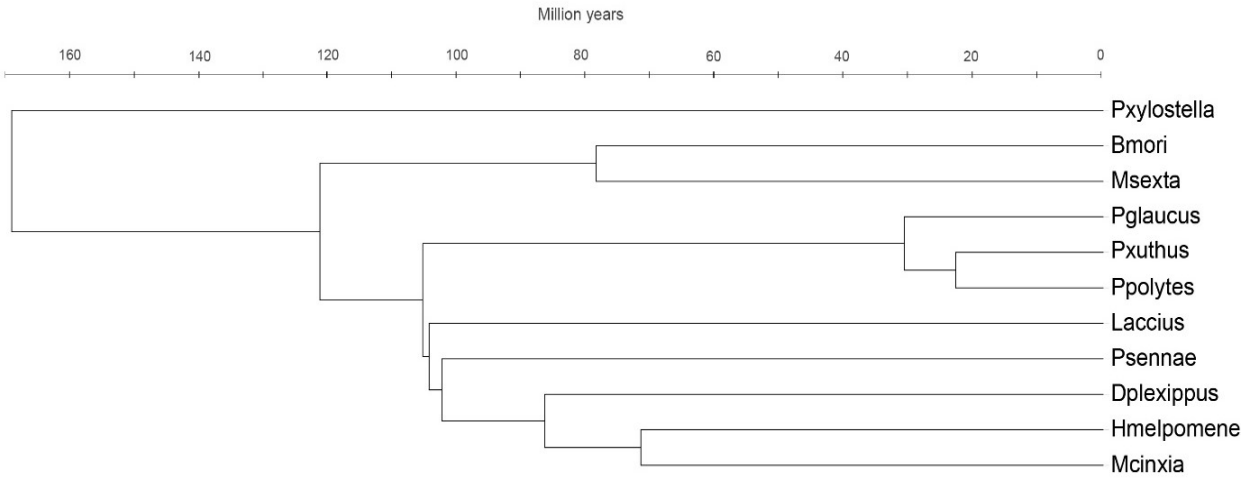
Il·lustració 7: arbre filogènic esquemàtic que representa la relació entre l'humà, el ximpanzé i la sardina a partir de la comparació de seqüències d'ADN. La llargada de les branques no és quantitativa

```
Csp1 Bmor  TGTACGATCAGATGCATCGATCGATGCATGTTGCATGCTGCATGATCATGCTGATCGATGATCGATCG
Csp1 Dple  TGTACGATCAGATGCATCGATTGATGCATGTTGCATGCTGCATGATCATGCTGATCGATGATCGATCG
Csp1 Hmel  TGTACGATCAGATGCATCGATTGATGCATGTTGCATGCTGCATGATCATGCTGATCGATGATCGATCG
Csp1 Lacc  TGTACGATCAGATGCATCGATCGATGCATGTTGCATGCTGCATGATCATGCTGATCGATGATCGATCG
Csp1 Msex  TGTACGATCAGATGCATCGATCGATGCATGTTGCGTGCTGCATGATCATGCTGATCGATGATCGATCG
Csp1 Mcin  TGTACGATCAGATGCATCGATCGATGCATGTTGCATGCTGCATGATCATGCTGATCGATGATCGATCG
Csp1 Ppol  TGTACGATTAGATGCATCGATCGATGCAAGTTGCATGCTGCATGATCATGCTGATCGATGATCGATCG
Csp1 Pxut  TGTACGATCAGATGCATCGATCGATGCATGTTGCATGCTGCATGATCATGCTGATCGATGATCGATCG
Csp1 Psen  TGTACGATCAGATGCATCGATCGATGCATGTTGCATGCTGCATGACCATGCTGATCGATGATCGATCG
Csp1 Pxyl  TGTACGATCAGATGCATCGATCGATGCATGTTGCATGCTGCATGATCATGCTGATCGATGATCGATCG
Csp1 Pgla  TGTACGATCAGATGCATCGATCGATGCATGTTGCATGCTGCATGATCATGCTGATCGATGATCGATCG
```

Il·lustració 8: alineament de seqüències de DNA d'11 espècies de Lepidòpter. Al principi de cada línia hi ha el codi del gen i el codi de l'espècie. Les posicions marcades en vermell són aquelles que són diferents de la primera seqüència

Un cop alineades, els programes compten les semblances i diferències que hi ha entre seqüències o si alguna té una inserció o deleció (si ha guanyat o perdut un fragment d'ADN). És aquí quan entren en joc els mètodes filogènics, que a partir d'aquesta informació de la **variació observada entre seqüencies**, i també mitjançant eines bioinformàtiques, poden reconstruir com s'han produït els canvis i representar les relacions ancestre-descendent en un arbre filogènic (*il·lustració 9)*.

Biol. on-line: Vol. 7, Núm. 1 (Febrer de 2018) ISSN: 2339-5745 online



Il·lustració 9: arbre filogènic d'11 espècies de lepidòpter fer a partir del gen Csp1. La llargada de les branques correspon proporcionalment als anys

c) I què més?

Amb la bioinformàtica es poden descobrir moltes més coses! Per exemple, es pot **detectar** si hi ha hagut **selecció natural** en regions concretes dels gens, en el nostre cas del sistema quimiosensorial. Aquests estudis, que s'estan duent a terme en lepidòpters, ja s'han fet en altres espècies d'insecte, com ara en les mosques del gènere *Drosophila* (Torres-Oliva et al., 2016). En aquest estudi es van trobar regions de gens del sistema quimiosensorial anomenats *CheA/B* que estaven sota **selecció natural negativa**, és a dir, regions en què havien sorgit mutacions i s'han eliminat per tal de mantenir els gens tal com estaven. També es van trobar algunes regions que estaven sota **selecció natural positiva**, cosa que és molt menys freqüent. Aquestes regions, al traduir-se, es veu que corresponen a aminoàcids que semblen ser importants per la **funció de la proteïna**, és per això que és raonable que la selecció natural hi actui. Aquest exemple mostra com la bioinformàtica ens pot ajudar a detectar el rastre dels processos evolutius i també il·lustra com el sistema quimiosensorial és un exemple molt interessant per estudiar.

Per explicar-li a l'ordinador el que volem que faci, hem de parlar el seu 'idioma', que és el que anomenem **llenguatge de programació**. És com si aprenguéssim un altre idioma però per comunicar-nos amb l'ordinador. En Bioinformàtica és molt important dominar llenguatges de programació, però no hem de perdre de vista que estem intentant respondre preguntes biològiques i, per tant, encara és més important **conèixer la biologia de l'organisme que estem estudiant**; és a dir, conèixer bé el problema que volem resoldre, les característiques d'aquelles espècies i gens amb què treballem i el procés evolutiu. Aquest punt és crucial perquè l'ordinador només segueix les ordres que nosaltres li donem, però evidentment no sap interpretar els resultats amb una visió biològica i per tant pot donar com a bons alguns resultats que poden contenir errors molt greus. Per exemple, imaginem que per una equivocació en algun punt del procés obtenim que l'ancestre comú dels cargols i les carxofes va viure fa només 100 anys. Aquest resultat, que és un error molt greu i desmesurat, l'ordinador el dóna per bo, perquè és un número

Biol. on-line: Vol. 7, Núm. 1 (Febrer de 2018) ISSN: 2339-5745 online

que ha calculat amb les eines que li hem donat. És per això que els investigadors hem d'estar ben al cas de controlar en tot moment el que està passant dins de l'ordinador (dintre del possible!) i deixar de veure'l com una capsa misteriosa per convertir-lo en el nostre aliat.

Afrontar preguntes evolutives exprimint l'allau de dades de què disposem ja no és possible sense la bioinformàtica. Així que és hora d'integrar disciplines per fer la recerca en biologia molt i molt més potent. Obrim la porta a la bioinformàtica!