



# Importancia de la bioinformática en tiempos de pandemia

Domingo Alejandro Ponce Cortés [iD](#)

Estudiante de la Lic. en Bioquímica Clínica de la Universidad de las Américas Puebla, Puebla, México.

Email: [domingo.poncecs@udlap.mx](mailto:domingo.poncecs@udlap.mx)

08 de Junio de 2022

<http://doi.org/10.5281/zenodo.6622237>

**Editado y revisado por:** Jesús Muñoz-Rojas (Instituto de Ciencias, Benemérita Universidad Autónoma de Puebla)

## Colección de ESMOS

### Resumen

Desde su descubrimiento en el 2019 en China, hasta su expansión global en lo que vivimos hoy en día como una pandemia en su máximo apogeo, la enfermedad del coronavirus del 2019 (COVID 19), provocada por SARS-CoV-2 ha provocado una crisis global, al ser reconocido el 11 de marzo del 2020 como una emergencia de salud pública internacional por la organización mundial de la salud (WHO) [1], y a la fecha ha provocado más de 1 millón de muertes con alrededor de 57 millones de casos confirmados en alrededor de 220 países diferentes [2]. La severidad de la pandemia junto con su rápida expansión global, han puesto en jaque a la comunidad científica que ha producido una cantidad sin precedentes

de investigación en muy poco tiempo sobre el virus, con el fin de poder desarrollar vacunas efectivas [3].

Como parte de este gran esfuerzo se ha utilizado tecnología de punta, como la secuenciación de nueva generación, usada para obtener el genoma completo de SARS-CoV-2 y el uso de bases de datos masivas donde se almacena dicho genoma, se analiza y compara con otras variantes para encontrar similitudes y diferencias. Pero hay un problema común con las técnicas usadas. Se puede generar una gran cantidad de información sobre el virus, pero dicha información por sí sola no sirve de mucho, tiene que ser interpretada para darle sentido, encontrarle una función y darle utilidad. Para dicha interpretación el uso de software bioinformático se ha elevado mucho durante la pandemia, debido a que ha permitido automatizar muchos de estos procesos, realizándolos de forma más eficiente y rápida [1, 3].

Gracias a la bioinformática la secuencia entera pudo ser comparada con otros virus para determinar su taxonomía y entender su composición molecular [1]. Posteriormente se usaron algoritmos para identificar posibles mutaciones en las proteínas antigénicas del virus, lo que condijo a realizar pruebas automatizadas de anticuerpos animales en la búsqueda de posibles candidatos para vacunas [4].

Otra manera de aprovechar el poder computacional para realizar análisis masivos ha sido la realización de estudios asociativos utilizando las grandes bases de datos de índole biotecnológica. Esto se ha utilizado extensamente para poder buscar medicamentos ya existentes que puedan tener utilidad para combatir la infección de SARS-CoV-2, haciendo comparaciones a gran escala entre posibles medicamentos que puedan interferir en las interacciones moleculares del virus [5].

También se ha hecho uso de la bioinformática para analizar en paralelo la enorme cantidad de publicaciones que se han realizado sobre el tema. Como se mencionó al inicio, se produjo una enorme cantidad de información sobre el virus en muy poco tiempo, lo que se ve reflejado en una cantidad enorme de artículos publicados en distintas bases de datos. La tarea de ponerse al corriente sobre la investigación ya realizada del virus ha probado ser bastante abrumadora. Es por ello que usando programas de minado de texto y procesamiento de lenguaje se ha logrado facilitar dicha tarea. Se han desarrollado sistemas que permiten la

búsqueda, descubrimiento, visualización y el desarrollo de resúmenes automatizados de la literatura disponible sobre el virus. Categorizando la información de forma que sea más fácil consumirla, dichos sistemas, además son constantemente actualizados para perfeccionar el algoritmo de búsqueda, al añadirle más funciones [3].

Como conclusión, se puede ver como el uso programas informáticos aplicados a la biotecnología, han logrado ser automatizados en varias partes del proceso en la investigación del virus, desde el análisis y procesamiento de la gran cantidad de información desarrollada, hasta la búsqueda y categorización de la misma en las bases de datos disponibles. Lo que ha ayudado a acelerar el proceso con el que se desarrolla y aplica nueva información, lo que conduce en el desarrollo temprano de vacunas y tratamientos para acabar con la pandemia.

**Palabras clave:** SARS-CoV-2; COVID-19; bioinformática; secuenciación masiva; virus.

<https://sites.google.com/view/esmosbuap/esmos-2022/esmos-7>

## Referencias

- [1]. Ma, L., Li, H., Lan, J., Hao, X., Liu, H., Wang, X., & Huang, Y. (2021). Comprehensive analyses of bioinformatics applications in the fight against COVID-19 pandemic. *Computational Biology and Chemistry*, 95, 107599. <https://doi.org/10.1016/j.compbiolchem.2021.107599>
- [2]. Sumon, T. A., Hussain, Md. A., Hasan, Md. T., Hasan, M., Jang, W. J., Bhuiya, E. H., Chowdhury, A. A. M., Sharifuzzaman, S. M., Brown, C. L., Kwon, H.-J., & Lee, E.-W. (2021). A Revisit to the Research Updates of Drugs, Vaccines, and Bioinformatics Approaches in Combating COVID-19 Pandemic. *Frontiers in Molecular Biosciences*, 7. <https://www.frontiersin.org/article/10.3389/fmolb.2020.585899>
- [3]. Cannataro, M., & Harrison, A. (2021). Bioinformatics helping to mitigate the impact of COVID-19 – Editorial. *Briefings in Bioinformatics*, 22(2), 613-615. <https://doi.org/10.1093/bib/bbab063>

- [4]. Chukwudozie, O. S., Duru, V. C., Ndiribe, C. C., Aborode, A. T., Oyebanji, V. O., & Emikpe, B. O. (2021). The Relevance of Bioinformatics Applications in the Discovery of Vaccine Candidates and Potential Drugs for COVID-19 Treatment. *Bioinformatics and Biology Insights*, *15*, 11779322211002168. <https://doi.org/10.1177/11779322211002168>
- [5]. Li, X., Yu, J., Zhang, Z., Ren, J., Peluffo, A. E., Zhang, W., Zhao, Y., Wu, J., Yan, K., Cohen, D., & Wang, W. (2021). Network bioinformatics analysis provides insight into drug repurposing for COVID-19. *Medicine in Drug Discovery*, *10*, 100090. <https://doi.org/10.1016/j.medidd.2021.100090>

**Esmos 7**