



## Importancia de la bioinformática en la medicina actual. ¿Es realmente necesaria la bioinformática en la práctica clínica?

*Importance of bioinformatics in nowadays medicine.  
Is it really necessary in clinical practice?*

A raíz del artículo publicado en el presente número de *Nutrición Hospitalaria* titulado “Potential molecular mechanism of the Xiexin capsule in the intervention of dyslipidemia based on bioinformatics and molecular docking” (1), nos planteamos la importancia que la bioinformática tiene para la medicina actual. En este trabajo, Yao y colaboradores emplean diversas herramientas bioinformáticas y técnicas de acoplamiento molecular para predecir cómo un determinado tratamiento empleado en medicina tradicional china es efectivo en el tratamiento de la dislipidemia, concluyendo cuáles son los componentes efectivos en el citado tratamiento, así como los mecanismos moleculares implicados en la enfermedad, y nos hace pensar en el potencial que esto supone para la biomedicina.

Es una realidad que cada vez más grupos de investigación biomédica se lanzan a publicar trabajos que incluyen estudios *in silico* o análisis informáticos para apoyar sus investigaciones. Estos trabajos se basan en el empleo de esta reciente disciplina científica denominada bioinformática, la cual permite a los científicos desarrollar herramientas informáticas y metodologías computacionales basadas en matemáticas y estadística para manejar cualquier tipo de información biológica y de este modo organizar, almacenar, analizar e interpretar grandes cantidades de datos de esa naturaleza (2). En los últimos años, esta disciplina ha visto potenciado su protagonismo en el ámbito de la medicina, especialmente a partir del año 2020, por su destacado papel durante la pandemia de *SARS-CoV-2*. En ese momento, el empleo de herramientas bioinformáticas contribuyó a interpretar en tiempo récord la secuencia del virus, permitió la generación de modelos tridimensionales de interacción del virus con células humanas e incluso facilitó la simulación de modelos de predicción de la infección en la población. Todo esto ayudó a conocer los procesos biológicos y mecanismos moleculares de la *COVID-19*, acelerando la búsqueda de la vacuna o posibles tratamientos (3,4).

Cuando a finales del siglo XX se concluyó que la información genética se encontraba contenida en el ADN, se sentaron las bases para el desarrollo de lo que se conoció como “era genómica”, impulsada por grandes avances en las técnicas de manipulación del ADN y suponiendo una esperanza en el conocimiento de las enfermedades genéticas. A principios de los 90 un consorcio internacional constituido por científicos de seis países (Estados Unidos, Francia, Alemania, Reino Unido, Japón y China) inició el llamado “Proyecto Genoma Humano”, mediante el cual se pretendían descifrar las bases que conforman la secuencia completa del genoma humano para poder estudiar a fondo la base genética de muchas enfermedades (5,6). A su conclusión, el 14 de abril de 2003, con un 99,99 % de la secuencia descifrada, se lograron identificar más de 30 000 genes codificantes de proteínas (número que se redujo posteriormente) y más de 3 000 millones de pares de bases, suponiendo un hito en la historia de la biomedicina. Pero todo esto no sería posible si el “Proyecto Genoma” no hubiese coincidido en el tiempo con el auge de la tecnología y la aparición de los secuenciadores automatizados de nueva generación, capaces de reducir tiempos y costes en la secuenciación. Como resultado de esto se obtuvo una cantidad exponencial de datos de difícil manejo e interpretación, momento en el cual se hizo patente la necesidad de métodos computacionales y ordenadores potentes que permitiesen no solo el análisis ágil de los datos, sino también la creación de grandes bases de datos públicas o repositorios centrales que hiciesen accesibles remotamente, a toda la comunidad científica, toda esa información (7); como respuesta a esta necesidad surgió la bioinformática.

## editorial

Actualmente nos encontramos en la llamada "era post-genómica", donde, no solo la genómica, sino otras "ómicas" necesitan de la bioinformática para poder integrar e interpretar todos los datos que arrojan (8). La información que aportan es sumamente valiosa y representa un impacto potencial en nuestro entendimiento de la medicina, puesto que en ellos podría encontrarse la respuesta a la aparición y desarrollo de muchas enfermedades, así como sus comorbilidades o las claves para desarrollar tratamientos más efectivos y específicos a cada paciente. Algunos ejemplos están en que hoy podemos estudiar perfiles genéticos que nos permitan determinar predisposición o riesgo a padecer diversas enfermedades, clasificar pacientes en subgrupos dentro de una misma dolencia o administrar el tratamiento o dosis adecuada a cada paciente en función de su genotipo (8). Además, se ha logrado descifrar la función de muchas proteínas y generar modelos estructurales, así como redes de interacción entre proteínas para dilucidar los mecanismos moleculares detrás de diversas enfermedades (4,10) y hemos avanzado en la identificación de biomarcadores, dianas terapéuticas y fármacos candidatos en tiempos más cortos y a costes más reducidos, facilitando el diagnóstico y el desarrollo de nuevos tratamientos. Todo esto nos está dirigiendo hacia una medicina más personalizada, mediante la cual podremos seleccionar u optimizar los cuidados terapéuticos y preventivos de cada paciente individualmente (10). Además, la disposición de datos ómicos, epidemiológicos, de imagen y clínicos son de tal magnitud que ya se emplea el concepto de "big data" para tratarlos y solo gracias al empleo de algoritmos y modelos matemáticos de predicción basados en inteligencia artificial y aprendizaje automático somos capaces de extraer de ellos el máximo conocimiento para aplicarlo a la resolución de problemas biomédicos (9,11).

Por tanto, es indiscutible que la bioinformática ha facilitado el camino y agilizado los tiempos en investigación, nos proporciona indicios sobre mecanismos moleculares, rutas de interacción, arquitectura molecular y modelos de predicción de enfermedades, además de ayudar a descubrir nuevas dianas terapéuticas y fármacos. La cantidad de datos biológicos que se seguirán generando a raíz de las "ómicas" en los próximos años, junto con la necesidad de integrar toda esa información con los datos clínicos, hacen difícil concebir la investigación y la práctica médica sin la bioinformática. Y aunque esta disciplina todavía no está incorporada plenamente y de manera sistemática en la evaluación, prevención y tratamiento de las enfermedades, resulta patente la necesidad de profesionales formados en este campo en los sistemas nacionales de salud para aprovechar todo su potencial traslacional.

Ana M.<sup>a</sup> Lago Sampedro<sup>1,2,3</sup>, Eva García Escobar<sup>2,3</sup>  
<sup>1</sup>ECAI de Genómica (IBIMA). <sup>2</sup>UGC de Endocrinología y Nutrición.  
 Hospital Regional Universitario de Málaga (IBIMA). <sup>3</sup>CIBERDEM

## Bibliografía

1. Yao K, Cai H, Wang Y, Cheng S, Liu Q, Zhang D, et al. Potential molecular mechanism of the Xiexin capsule in the intervention of dyslipidemia based on bioinformatics and molecular docking. *Nutr Hosp* 2022;39(3):569-79. DOI: 10.20960/nh.03918
2. Benton D. Bioinformatics - Principles and potential of a new multidisciplinary tool. *Trends Biotechnol* 1996;14(8):261-72. DOI: 10.1016/0167-7799(96)10037-8
3. Hu T, Li J, Zhou H, Li C, Holmes EC, Shi W. Bioinformatics resources for SARS-CoV-2 discovery and surveillance. *Brief Bioinform* 2021;22(2):631-41. DOI: 10.1093/bib/bbaa386
4. Biswas M, Sawajan N, Rungrotmongkol T, Sanachai K, Ershadian M, Sukasem C. Pharmacogenetics and Precision Medicine Approaches for the Improvement of COVID-19 Therapies. *Front Pharmacol* 2022;13:326. DOI: 10.3389/fphar.2022.835136/BIBTEX
5. Lander S, Linton LM, Birren B, Nusbaum C, Zody MC, Baldwin J, et al. Initial Sequencing and Analysis of the Human Genome International Human Genome Sequencing Consortium\* The Sanger Centre: Beijing Genomics Institute/Human Genome Center. *Nature* 2001;409(6822):860-921. DOI: 10.1038/35057062
6. Venter JC, Adams MD, Myers EW, Li PW, Mural RJ, Sutton GG, et al. The sequence of the human genome. *Science* 2001;291(5507):1304-51. DOI: 10.1126/science.1058040
7. Persidis A. Data mining in biotechnology. *Nat Biotechnol* 2000;18(2):237-8. DOI: 10.1038/72722
8. Subramanian I, Verma S, Kumar S, Jere A, Anamika K. Multi-omics Data Integration, Interpretation, and Its Application. *Bioinform Biol Insights* 2020;14:1177932219899051. DOI: 10.1177/1177932219899051
9. Hassan M, Awan FM, Naz A, deAndrés-Galiana EJ, Álvarez O, Cernea A, et al. Innovations in Genomics and Big Data Analytics for Personalized Medicine and Health Care: A Review. *Int J Mol Sci* 2022;23(9):4645. DOI: 10.3390/ijms23094645
10. Barradas-Bautista D, Rosell M, Pallara C, Fernández-Recio J. Structural Prediction of Protein-Protein Interactions by Docking: Application to Biomedical Problems. *Adv Protein Chem Struct Biol* 2018;110:203-49. DOI: 10.1016/bs.apcsb.2017.06.003
11. Zhao J, Feng Q, Wei WQ. Integration of Omics and Phenotypic Data for Precision Medicine. *Methods Mol Biol* 2022;2486:19-35. DOI: 10.1007/978-1-0716-2265-0\_2