

En las últimas décadas, se ha experimentado un avance enorme en el desarrollo básico y aplicado de las ciencias biomédicas y la industria farmacéutica. Este crecimiento acelerado se ha debido, en gran parte, a la contribución de la bioinformática junto a las nuevas tecnologías de secuenciamiento masivo. La bioinformática es una disciplina dinámica que ha evolucionado desde sus orígenes hasta la actualidad. Tras haber nacido como una disciplina orientada al manejo de las grandes bases de datos biológicas, hoy en día comprende diversos campos, en su mayoría integrados, los cuales abarcan desde el manejo de información biológica hasta el análisis, modelamientos e inferencias predictivas de distintos aspectos biológicos. Actualmente, se hablan de las llamadas disciplinas “ómicas” (genómica, transcriptómica, proteómica, metabolómica, celulómica, farmacogenómica, vaccinómica, etc.); todas ellas han debido su desarrollo y hoy forman parte del amplio espectro de la diversificación de la bioinformática.

En gran parte, el avance de la bioinformática se ha debido al desarrollo de computadores cada vez más potentes y de precios más accesibles, así como al desarrollo de algoritmos computacionales especializados. Asimismo, las técnicas de computación, paralelas tanto a nivel de múltiples CPU (*Central Processing Units*) como GPU (*Graphical Processing Units*), permiten hoy

en día la configuración de *clusters* computacionales de alto rendimiento, que equiparan y superan la capacidad computacional de potentes servidores. Cada vez, es más frecuente encontrar grupos de investigación que ensamblan y configuran sus propios *clusters* computacionales dedicados y de alto rendimiento con costos relativamente bajos. Esto contrasta con la experiencia de veinte años atrás, en que la potencia computacional provenía de grandes y costosos mainframes, accesibles solamente a ciertos centros de investigación de élite a nivel mundial.

Actualmente, el salto hacia la masificación del uso de la bioinformática se ve reforzado por dos factores fundamentales. El primero es que vivimos bajo un nuevo paradigma que es asimilado cada vez más por diversos grupos de investigación biomédicos. En este sentido, es cada vez más frecuente que los estudios biomédicos clásicos *in vitro* comiencen con estudios preliminares de análisis y exploración bioinformática *in silico*. Este inicio *in silico* funciona como un tamizaje capaz de filtrar y reducir opciones y alternativas con baja expectativa de significancia biológica. El segundo factor es que, actualmente, es cada vez más frecuente que los grandes centros de investigación bioinformática extranjeros brinden acceso a sus capacidades computacionales y herramientas bioinformáticas de manera libre y gratuita a través de Internet. Estas son las

denominadas herramientas bioinformáticas *open access* u *open source*. En ese sentido, los grupos bioinformáticos de los países en desarrollo, como el Perú, pueden tener acceso a potentes capacidades computacionales de manera libre y remota. Adicionalmente, es posible descargar de manera gratuita herramientas y *software* bioinformática para configurarlo localmente en servidores propios.

Si además consideramos que la información biológica es hoy en día de acceso libre y gratuito, la bioinformática resulta una disciplina altamente costo-efectiva que debe aprovecharse y explotarse. Por todo esto, montar un laboratorio básico de bioinformática en estos días, solo requiere contar con algunas estaciones de trabajo de baja-mediana potencia, una conexión a Internet con un ancho de banda “decente” y entusiasmo y buenas ideas.

Existen muchos ejemplos que demuestran el enorme impacto de la bioinformática. El desarrollo de drogas mediante el uso de herramientas bioinformáticas (farmacogenómica) puede reducir el tiempo de desarrollo de una droga de diez a tres años. Esto se logra mediante el análisis del genoma del patógeno, la identificación de proteínas blanco (aquellas proteínas específicas del patógeno con participación en múltiples vías metabólicas importantes), sumado a un *screening insilico* de una librería de miles de moléculas inocuas para la salud humana. Una vez reducido el número de candidatos de manera significativa, se

realizan las pruebas *in vitro* para identificar a los mejores candidatos.

Una disciplina relativamente reciente y con un potencial impacto es la inmunoinformática. Con esta herramienta, es posible analizar exhaustivamente el genoma completo de un patógeno y predecir epítopes inmunogénicos. Estos pueden ser epítopes conformacionales B, así como epítopes lineales T clase I y clase II. La predicción de estos epítopes puede ser general o específica a determinados alelos MHC-I, MHC-II en caso se busque intervenir alguna población específica. Los epítopes identificados pueden, luego, usarse tanto en inmunodiagnóstico (detección de anticuerpos circulantes o detección de respuesta celular), así como en el desarrollo de vacunas recombinantes o multiepitópicas.

En la Universidad Peruana Cayetano Heredia, el Grupo de Bioinformática de la Facultad de Ciencias y Filosofía viene trabajando activamente desde el año 1999, fecha desde la cual de manera ininterrumpida se ha ofrecido cada año el curso de Bioinformática en el postgrado, y más recientemente un curso introductorio de Bioinformática en el pregrado. Es notable que, cada vez, más grupos de investigación en el país decidan incorporar la bioinformática en sus líneas de investigación. Es importante fortalecer colaboraciones y sinergismos entre grupos de investigación que puedan verse favorecidos por la Bioinformática.