

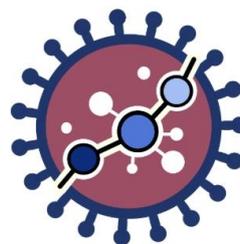
EL GRUPO DE MEDICINA COMPUTACIONAL DE SISTEMAS, DEL INSTITUTO DE BIOMEDICINA DE SEVILLA, DESARROLLA RECURSOS BIOINFORMÁTICOS ÚTILES EN COVID-19

El grupo de investigación de “Medicina Computacional de Sistemas”, liderado por el Dr. Joaquín Dopazo Blázquez, grupo consolidado del Instituto de Biomedicina de Sevilla – IBiS/Hospital Universitario Virgen del Rocío/US/CSIC, centrado en el desarrollo de recursos para su aplicación al caso Covid-19.



El Dr. Dopazo (segundo por la izquierda) y miembros del Grupo IBiS “Medicina Computacional de Sistemas”.

El grupo de “Medicina Computacional de Sistemas” se incorporó como grupo consolidado al Instituto de Biomedicina de Sevilla a primeros de año y tiene como fin dar soporte tecnológico a los programas de medicina personalizada, genómica y genética clínica que se están desarrollando en el sistema sanitario público andaluz. En su desarrollo de herramientas actualmente, cabe destacar “en primer lugar, el equipo ha desarrollado una versión de su aplicación de modelos mecanísticos de señalización celular”, centrada en los pathways que usa el SARS-CoV-2 y que se va actualizando con los mapas del consorcio Disease Maps”; según palabras del Dr. Dopazo.



CoV-
Hipathia

COVID19 PATHWAY INTERPRETATION
AND ANALYSIS

<http://hipathia.babelomics.org/covid19/>

En segundo lugar, destaca la reutilización de los algoritmos que desarrollaron en un proyecto previo, para aplicarlos al caso Covid-19. El proyecto en cuestión, titulado, “*Machine Learning para combatir enfermedades raras (MLDrugRD)*”, concedido en la convocatoria de “Ayudas a Equipos de Investigación Científica - Big Data 2018”, de la Fundación BBVA, tiene como objetivo utilizar el Machine Learning para extraer información de los repositorios genómicos públicos que ayuden a obtener dianas terapéuticas o reformulación de fármacos ya existentes, que ayuden a combatir o paliar el dolor de enfermedades raras.

Un ejemplo de ese nuevo uso puede verse en la página web: <https://bmcbioinformatics.biomedcentral.com/articles/10.1186/s12859-019-2969-0>

Cabe señalar que, en los primeros resultados preliminares de este proyecto, uno de los primeros fármacos sugeridos por el sistema es la hidroxiclороquina, un derivado de un antiguo tratamiento para la malaria que ha mostrado buenos resultados para la infección por Covid-19, actualmente en ensayos y en uso compasivo.

El trabajo del grupo “Medicina computacional de sistemas” incluye, además, un portal que se va actualizando con información epidemiológica y genómica, así como de recursos bioinformáticos relacionados con la infección del Covid-19: <http://www.clinbioinfospa.es/CovidResources>