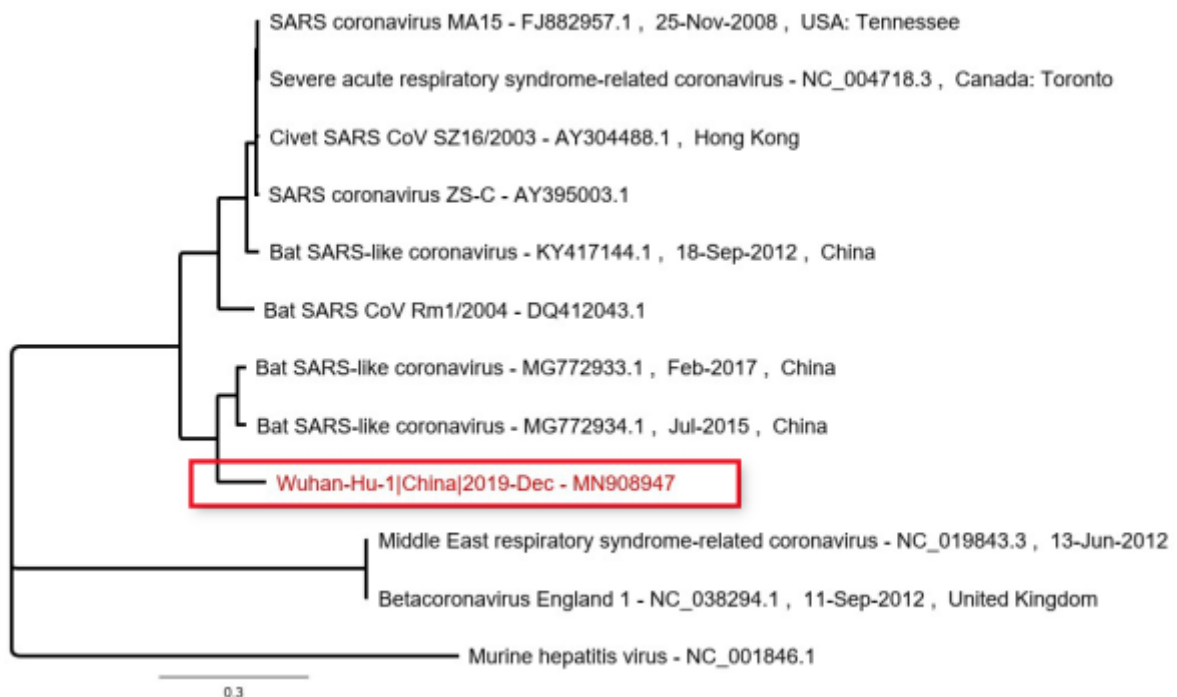


Utiliza Tec métodos computacionales para estudiar nuevo coronavirus

Investigadores del [Tecnológico de Monterrey](#) buscan mediante algoritmos analizar el ADN del [coronavirus 2019-nCov](#) para hallar información que pueda ser aprovechada para posibles vacunas.

Eduardo Rodríguez, profesor investigador de la **Escuela de Ingeniería y Ciencias**, explicó que la reconstrucción filogenética puede ser abordada como un problema de optimización combinatoria y resolverse a través de algoritmos computacionales avanzados.



La **optimización combinatoria**, explicó el científico, **es una rama de las matemáticas** aplicadas que se encuentra en la intersección de varios campos, incluidas las **ciencias de la computación, la investigación operativa y la inteligencia artificial**.

“Buscamos una reconstrucción filogenética utilizando el ADN de múltiples cepas de coronavirus con la finalidad de identificar un ancestro común del virus [2019-nCov](#) que permita brindar información útil para el desarrollo de una vacuna., indicó.

El profesor del **Tec campus Guadalajara**, indicó que este análisis es posible gracias a que las autoridades de salud en China han publicado en la base de datos GenBank **el genoma del virus desde que se identificaron los primeros contagios** en Wuhan, China.

“Buscamos una reconstrucción filogenética utilizando el ADN de múltiples cepas de coronavirus con la finalidad de identificar un ancestro común del virus [2019-nCov](#) que permita brindar información útil para el desarrollo de una vacuna”.

LEE TAMBIÉN: [5 RESPUESTAS SOBRE LA EMERGENCIA MUNDIAL POR EL NUEVO VIRUS](#)

profesor-guadalajara

“En nuestros días la tecnología es una ventaja importante para el desarrollo de la vacuna, ya que gracias a ella se pudo compartir la estructura del genoma en tiempo real.

“Esto propició que iniciaran los esfuerzos por parte de diferentes universidades y centros de investigación en el mundo en busca de soluciones” reconoció el investigador de la EIC.

La secuencia del genoma asociada al nuevo coronavirus de Wuhan, China, está disponible en [GenBank](#), a través del sitio web del [National Center of Biotechnology Information](#) (NCBI), para que **la comunidad biomédica mundial acceda de forma gratuita y fácil**.

Fue a partir del 11 de enero cuando **las autoridades sanitarias chinas dieron a conocer la identificación de más de 40 infecciones humanas como parte de este brote**, del cual, se informó por primera vez el 31 de diciembre de 2019, según el [NCBI](#).

“El acceso rápido a los datos de secuencia de bases de datos públicas como GenBank juega un papel vital en ayudar a los países a desarrollar kits de diagnóstico específicos para brotes de enfermedades como este”, se informó mediante el sitio web del [NCBI](#).

El virus [2019-nCov](#) genera la enfermedad **COVID-19**, nombrada así por la **Organización Mundial de la Salud**.