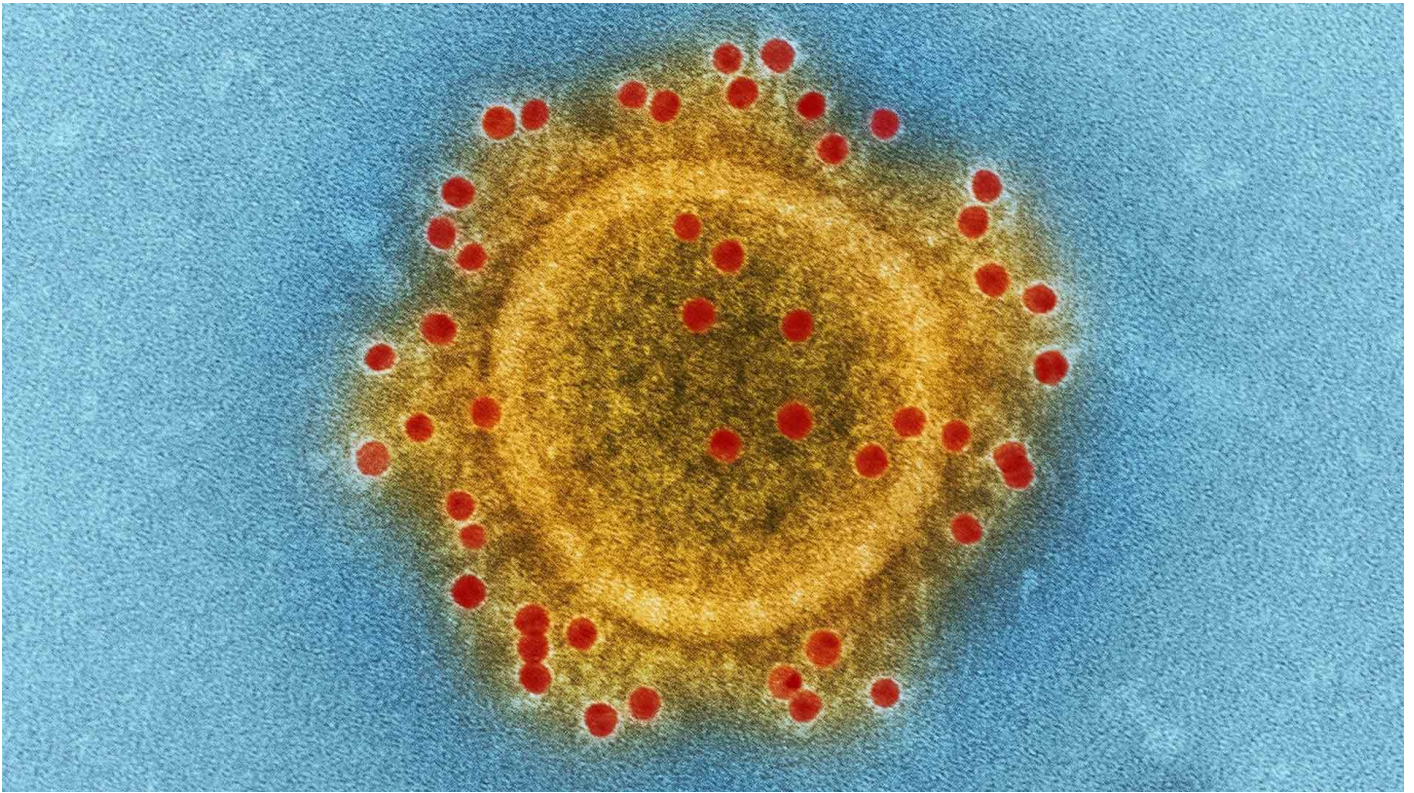


# Utiliza Tec métodos computacionales para estudiar nuevo coronavirus



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.



width="584" loading="lazy">

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](#)**



width="800" loading="lazy">

***“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**.

**LEE TAMBIÉN:**