



### **Científicos andaluces identifican fármacos con potencial terapéutico frente al Covid-19**

**A través de un sistema de machine learning, consiguen analizar más de 600 medicamentos que podrían actuar sobre la infección por el SARS-CoV-2 o sus consecuencias patológicas** □

Investigadores del Área de Bioinformática Clínica de la Fundación Progreso y Salud, de la Consejería de Salud y Familias de la Junta de Andalucía, han identificado una serie de fármacos con potencial terapéutico frente a la enfermedad de Covid-19. Este trabajo de investigación, publicado en la revista

[Signal Transduction and Targeted Therapy](#),

del grupo editorial Nature, se basa en un sistema de machine learning (aprendizaje automático) que ha permitido identificar 300 dianas terapéuticas de más de 600 medicamentos con un efecto potencial sobre la infección por el SARS-CoV-2 o sobre las consecuencias que ocasiona en el organismo.

El trabajo ha consistido en probar qué proteínas -que ya son dianas terapéuticas de medicamentos prescritos para otras patologías- actúan activando o desactivando determinados genes directamente relacionados con la infección, o que juegan un importante papel en el desarrollo de la enfermedad.

“De forma muy simplificada, podríamos considerar que un fármaco actúa como un interruptor de la actividad de una o varias proteínas, conocidas como sus dianas terapéuticas”, explica Joaquín Dopazo, director del Área de Bioinformática y líder del grupo de investigación. “Lo que hacemos es ver, mediante un algoritmo de aprendizaje automático, qué proteínas, dianas de fármacos, inciden en la actividad del mapa de la enfermedad; es como si tuviéramos un interruptor que enciende o apaga una proteína que, a su vez, activa o desactiva parte del proceso de la enfermedad”, puntualiza este investigador.

En este sentido, se ha observado que hay 300 dianas terapéuticas sobre las que actúan 600 fármacos que están actualmente en el mercado y que son susceptibles de actuar sobre el propio proceso de la infección o sobre los mecanismos alterados por esta. De esta forma, queda establecida una relación de causalidad entre la proteína que se apaga o enciende por el fármaco y la actividad de partes del mapa de la enfermedad. De hecho, los medicamentos con dianas terapéuticas conocidas que se están probando actualmente en los ensayos clínicos en curso (publicados recientemente en

[Review of trials currently testing treatment and prevention of COVID-19](#)

han sido ya predichos por el algoritmo.

El equipo de investigación de este estudio está compuesto por Marina Esteban, María Peña, Kinza Rian, Matias M. Falco y Carlos Loucera. Junto al investigador principal, el doctor Dopazo, han desarrollado sobre el mapa de la enfermedad un modelo matemático mecanístico de los circuitos de genes relacionados con la infección y sus consecuencias patológicas.

Dopazo explica que han utilizado “una tecnología innovadora que combina el mapa de la enfermedad con un algoritmo que aprende las posibles interacciones causales que existen entre proteínas dianas de fármacos y la actividad del mapa de la COVID-19 modelado, para así sugerir medicamentos potencialmente reutilizables para tratar la enfermedad”.

El mapa de la enfermedad de Covid-19

Este mapa de enfermedad es un conjunto de circuitos que contienen proteínas humanas que interactúan entre ellas y con proteínas virales, así como sus conexiones ascendentes y descendentes. Estos circuitos desencadenan las funcionalidades celulares, cuya perturbación por el virus causa los síntomas de Covid-19 o las características distintivas de la enfermedad.

Los investigadores del Área de Bioinformática Clínica han contribuido notablemente en la creación de este mapa, un proyecto impulsado por la comunidad Disease Maps and Systems Medicine, una red internacional que reúne a investigadores de todo el mundo para definir y crear los mapas de las enfermedades. En la definición de este mapa han participado hasta 162 expertos de 25 países (

[COVID-19 Disease Map, a computational knowledge repository of SARS-CoV-2 virus-host interaction mechanisms](#)

).

En concreto, la aportación de los científicos andaluces se ha centrado en recrear los modelos mecanísticos que, aplicados al mapa de la enfermedad, permiten hacer predicciones sobre intervenciones terapéuticas que serán clave para el descubrimiento de fármacos eficientes.