



# ¿Big Data para predecir variantes?

La base de datos internacional con secuencias genómicas del virus, la GISAID, es clave en esta pandemia ▶ ¿Vendrán linajes agresivos? Es "difícil e improbable", según expertos

**SELINA OTERO**  
VIGO

Se trata de acumular la mayor cantidad de datos posibles para poder predecir comportamientos o fenómenos y poder así prepararnos con antelación. La Inteligencia Artificial (IA) y el Big Data son ya indispensables en el análisis y seguimiento de una pandemia como la vivida. Sirva de entrenamiento porque todo apunta a que lo serán mucho más en las que están por venir.

"Por ejemplo, Pfizer tiene algo para predecir variantes. Un sistema que predijo 12 de las 13 variantes de interés semanas antes de que lo advirtiese la Organización Mundial de la Salud (OMS). En todo caso, habrá que ver si vale de aquí en adelante. Tiene una parte de Inteligencia Artificial (IA). Se basa en vigilar las secuencias que se van poniendo disponibles en la base de datos GISAID (base de datos internacional en la que se comparten datos genómicos del virus de la gripe y del SARS-CoV-2), lo que es otro buen ejemplo de la era del Big Data, en este caso de secuencia del virus. Hay un análisis muy accesible de este sistema en "Fortune", cuenta Daniel González Peña, ingeniero informático y profesor e investigador en Bioinformática en la Universidade de Vigo (UVigo).

De todos modos, los expertos piden cautela: aseguran que todavía es pronto. "La IA y los sistemas de modelización se pueden utilizar de cara, sobre todo, a seleccionar antígenicamente. Se ha utilizado ya en gripe, por ejemplo. Mediante modelos de IA se determinan cuáles son los antígenos dentro de las variantes circulantes; que tengan una cobertura más amplia de las variantes circulantes", expresa Federico Marti-

nón, jefe de Pediatría del CHUS y experto en vacunación. "También existen sistemas de modelización que intentan anticipar o tratar de predecir las próximas variantes. De todos modos, son modelos; la interpretación tiene que ser cautelosa. Hasta la fecha no han sido útiles en el contexto del SARS-CoV-2", añade el especialista. Según Martínón, "no han sido exitosos en la predicción de futuras variantes, pero para selección antigénica sí".

Para África González, catedrática de Inmunología: "Es difícil predecir lo que va a llegar con IA por la gran cantidad de posibles variaciones que pueden existir en un mismo patógeno. Es una herramienta muy potente, pero al final la selección natural hace que algunas variantes se expandan más que otras. Variantes que están surgiendo diariamente, pero muchas desaparecen rápidamente sin mayores consecuencias".

Según esta experta, los algoritmos de predicción "son mucho más complejos que tan solo ver si el patógeno muta en cada posición, pues en muchos casos ese virus en concreto puede tener ventaja con respecto a otros". Como apunta Daniel González Peña, un artículo en "Harvard Business Review" explica por qué la IA no ha logrado liberar todo su potencial durante la pandemia (*Why AI failed to live up to its potential during the pandemic*, en [www.hbr.org](http://www.hbr.org)). Para este experto se está usando mucho y su papel es clave en la secuenciación del virus,



Secuenciación genética del SARS-CoV-2. // R.



**FEDERICO MARTINÓN**  
PEDIATRA EXPERTO EN VACUNAS

"No han sido exitosos en la predicción de futuras variantes pero sí para selección antigénica"



**ÁFRICA GONZÁLEZ**  
CATEDRÁTICA DE INMUNOLOGÍA

"Es difícil predecir con IA por la gran cantidad de posibles variaciones en un mismo patógeno"



**DANIEL GONZÁLEZ**  
PROFESOR DE BIOINFORMÁTICA

"Se percibe movimiento en la 'academia', ámbito científico, pero aún no se traslada a la vida real"

a través de la base de datos GISAID. "Se percibe mucho movimiento en la 'academia', a nivel científico, pero tengo la sensación de que poco de este movimiento termina trasladándose a la vida real (en este y en casi todos los campos, como, por otra parte, es lógico en el mundo de la investigación)", aclara Daniel González,

quien indica que, de momento, la IA no está ayudando a predecir o guiando la toma de decisiones en COVID. "No se utilizó IA para predecir una ola en concreto", añade.

## Evolución del virus

En cuanto a la evolución del virus a partir de ahora, tras dos años

de pandemia, África González indica que es "difícil e improbable" que surjan variantes muy letales. "La vacunación y la infección, o ambas, han hecho que nuestro sistema inmunitario ya haya visto al virus y siempre responderemos mejor frente a nuevas variantes que puedan llegar. El problema inicial es que era un virus nuevo para todos", expresa la inmunóloga, que añade: "Los grupos vulnerables son aquellos que si se infectan pueden desarrollar una enfermedad grave". Por esto las futuras medidas deben ir encaminadas a ellos. Además de revacunación, hay antivirales y anticuerpos monoclonales que pueden también ayudar", asegura.

¿La evolución del virus? "No sabemos cómo puede evolucionar. Sabemos cómo han evolucionado otros parientes de su familia, los coronavirus estacionales, la duración de la protección es limitada en el tiempo y siguen evolucionando. Forman parte de ese panel de virus estacionales, endémicos", describe Martínón. Y añade: "Sin embargo, no es solo que se convierta en endémico estacional, sino que pierda su virulencia. En el caso de ómicron se ha perdido cierto grado de virulencia en comparación con las anteriores variantes, pero no tenemos la garantía de que vaya a ser así. La evolución del SARS-CoV-2 no es lineal, ómicron no es la variante siguiente a delta. Ómicron es antígenicamente muy dis-

tinta a las previas. La próxima puede ser filogenéticamente más cercana a las anteriores o diferente. No hay forma de saberlo. Estamos en una fase diferente de la pandemia pero no está todo hecho; es esencial la vigilancia molecular del virus en los humanos y también a nivel animal y medioambiental", apunta Martínón.

UVI@