

ÁREA TEMÁTICA: Biotecnología.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.745.707>

ACV-2025-013

## Diseño de una herramienta bioinformática para la obtención de oligonucleótidos aplicados a un sistema de detección simultánea de virus respiratorios

DANIEL ACOSTA URIBE<sup>1</sup>, LEIDY JOHANA MADROÑERO<sup>1</sup>, NURI ANDREA MERCHÁN<sup>1</sup>,  
ELIANA PATRICIA CALVO<sup>1</sup>, JAIME EDUARDO CASTELLANOS<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Grupo Virologic, Vicerrectoría de investigaciones, Universidad El Bosque, Bogotá (Colombia).

**Correspondencia:** Daniel Acosta Uribe. [dacostau@unbosque.edu.co](mailto:dacostau@unbosque.edu.co)

## RESUMEN

**Introducción:** En Colombia, las infecciones respiratorias agudas (IRA) representan una de las principales causas de mortalidad, siendo los virus uno de sus principales agentes causales. Los síntomas producidos pueden ser similares entre diferentes virus, por lo que la implementación de sistemas de detección múltiple es altamente deseada. Esta detección puede ser realizada mediante técnicas costo-efectivas como la PCR múltiple en tiempo real (qPCR). No obstante, el diseño adecuado de oligonucleótidos representa un desafío en este contexto, ya que son escasas las herramientas bioinformáticas que permitan diseñar estos elementos con un gran número de secuencias y dirigido a la amplificación de regiones conservadas. Por esta razón, se planteó el diseño y desarrollo de una herramienta bioinformática para la obtención de oligonucleótidos dirigidos a la detección múltiple de virus respiratorios mediante qPCR.

**Métodos:** Se obtuvieron entre 1080 y 5436 secuencias de los genes blanco de adenovirus humano, virus sincitial respiratorio e Influenza A y B desde las bases de datos de NCBI, las cuales fueron almacenadas en un repositorio local. Posteriormente, se implementaron diferentes algoritmos para la automatización de las etapas de alineamiento múltiple, edición de alineamientos, eliminación de secuencias idénticas, diseño de oligonucleótidos y evaluación de la especificidad. Se evaluó la herramienta en cuanto a los parámetros de diseño esperados y su eficiencia, comparándola con una metodología ejecutada usando diferentes herramientas que funcionan de manera independiente, incluyendo los tiempos de ejecución.

**Resultados:** Ambos enfoques permitieron obtener oligonucleótidos aptos para ensayos de qPCR; además, la herramienta automatizada mostró un rendimiento superior, reduciendo el tiempo de procesamiento en un 99.91 % respecto al método manual.

**Conclusiones:** La herramienta computacional desarrollada posee un alto potencial de mejora para el diseño de oligonucleótidos para ensayos de qPCR aplicados a la detección de diferentes patógenos.

**Palabras clave:** bioinformática, qPCR, Oligonucleótidos, virus respiratorio.