

**LATAM Revista Latinoamericana de Ciencias Sociales y
Humanidades, Asunción, Paraguay.**

ISSN en línea: 2789-3855, marzo, 2025, Volumen VI

Las herramientas moleculares al servicio de la salud

Molecular approaches in service for health

Silvia Castellanos Castro

silvia.castellanos@uacm.edu.mx

<https://orcid.org/0000-0002-9625-3402>

Colegio de Ciencias y Humanidades,
Universidad Autónoma de la Ciudad de
México

Ciudad de México – México

Israel Felipe Canela Pérez

israel.canela@cinvestav.mx

<https://orcid.org/0009-0008-3297-0331>

Departamento de Bioquímica, Centro de
Investigación y de Estudios Avanzados – IPN

Ciudad de México – México

DOI: <https://doi.org/10.56712/latam.v6i2.3853>

Artículo recibido: 16 de abril de 2025.

Aceptado para publicación: 30 de abril de
2025.

Conflictos de Interés: Ninguno que declarar.


Redilat
Red de Investigadores
Latinoamericanos

NÚMERO

DOI: <https://doi.org/10.56712/latam.v6i2.3853>

Las herramientas moleculares al servicio de la salud

Molecular approaches in service for health

Silvia Castellanos Castro¹

silvia.castellanos@uacm.edu.mx

<https://orcid.org/0000-0002-9625-3402>

Colegio de Ciencias y Humanidades, Universidad Autónoma de la Ciudad de México
Ciudad de México – México

Israel Felipe Canela Pérez

israel.canela@cinvestav.mx

<https://orcid.org/0009-0008-3297-0331>

Departamento de Bioquímica, Centro de Investigación y de Estudios Avanzados – IPN
Ciudad de México – México

Artículo recibido: 16 de abril de 2025. Aceptado para publicación: 30 de abril de 2025.
Conflictos de Interés: Ninguno que declarar.

Resumen

La salud pública busca reducir la morbilidad y mortalidad mediante el análisis de factores ambientales, sociales y de estilo de vida mediante diversas estrategias, incluyendo la promoción de la salud, que se enfoca en educar y empoderar a las personas y en fomentar políticas públicas que apoyen comportamientos saludables. Cuando hablamos de salud, es importante conocer los componentes del cuerpo humano, su funcionamiento y su relación con el medio para mantenerse en equilibrio. En este sentido, las tecnologías enfocadas en la biología se desarrollan para comprender a detalle los niveles más básicos de los seres vivos: las moléculas que los componen y cómo realizan sus funciones vitales. De esta forma surgieron diversas disciplinas como la bioquímica, biología molecular e ingeniería genética junto con diversas herramientas moleculares que han transformado el diagnóstico, prevención y tratamiento de enfermedades. Aunque el avance en estas tecnologías cubre varias interrogantes sobre la salud humana, a la fecha sigue en constante evolución. Este artículo examina el impacto de las herramientas moleculares en la promoción de la salud, su integración en la educación y las políticas públicas en México, así como los retos de su implementación.

Palabras clave: herramientas moleculares, promoción de la salud, bioinformática, PCR, secuenciación de genes

Abstract

Public health aims to decrease morbidity and mortality by addressing environmental, social, and lifestyle factors through strategies such as health promotion to educate and empower individuals while fostering policies that encourage healthy behaviours. Understanding health requires a grasp of the human body's components, how they function, and how they interact with the environment to maintain balance. To achieve this, technologies have been developed to explore the most fundamental level life: the molecules that constitute living organisms and enable their vital functions. Disciplines such as biochemistry, molecular biology, and genetic engineering have led to the development of advanced molecular tools to transform the ways diseases are diagnosed, prevented, and treated.

¹ Autora de correspondencia.

Although these technologies have answered key questions about human health, they continue to evolve. This article explores the role of molecular tools in health promotion, their incorporation into education and public policy in Mexico, and the current challenges associated with their implementation.

Keywords: molecular tools, health promotion, bioinformatics, PCR, genomic sequencing

Todo el contenido de LATAM Revista Latinoamericana de Ciencias Sociales y Humanidades, publicado en este sitio está disponibles bajo Licencia Creative Commons. 

Cómo citar: Castellanos Castro, S., & Canela Pérez, I. F. (2025). Las herramientas moleculares al servicio de la salud. *LATAM Revista Latinoamericana de Ciencias Sociales y Humanidades* 6 (2), 2590 – 2606. <https://doi.org/10.56712/latam.v6i2.3853>

INTRODUCCIÓN

La Organización Mundial de la Salud (OMS) describe a la salud no solo como la ausencia de enfermedades, sino como un estado de bienestar físico, mental y social. La salud pública tiene como objetivo minimizar la morbilidad y mortalidad por enfermedades, integrando la gestión del entorno físico, los factores sociales y de estilo de vida de las poblaciones. La promoción de la salud es el área que se encarga de educar y empoderar a las personas para desarrollar habilidades personales que les permitan tomar decisiones que fomenten una vida más saludable, esto en conjunto con los gobiernos que impulsan la creación de entornos que apoyen comportamientos saludables y el desarrollo de políticas públicas para lograr estos objetivos.

Por otro lado, para comprender la relación del estado físico, mental y social con la salud, es fundamental conocer la estructura y función de las células para identificar cómo se originan y desarrollan diversas patologías. Estos tres estados están interconectados y se regulan entre sí para garantizar el funcionamiento adecuado del organismo; cuando uno se altera, impacta en los otros dos. La estructura más básica del cuerpo humano son las células, que a su vez están compuestas por moléculas como lípidos, carbohidratos, proteínas y ácidos nucleicos; estos elementos también regulan las reacciones bioquímicas que mantienen las funciones vitales.

A lo largo de la historia, la comprensión de los procesos biológicos y las enfermedades depende de los avances científicos y con la evolución de la biología molecular, se ha transformado el diagnóstico, prevención y tratamiento. Las herramientas moleculares permiten estudiar los mecanismos celulares y genéticos, analizando la interacción y relación entre genes, proteínas y metabolitos en distintas condiciones. Además, estas herramientas también son esenciales para el bienestar de la población pues ofrecen un valioso sustento para la promoción de la salud.

Este artículo explora el impacto de las herramientas moleculares en la promoción de la salud y su integración en la educación y la sociedad mexicana. Se analizan sus aplicaciones en el diagnóstico y tratamiento de enfermedades, su influencia en las políticas de salud pública y su papel en la formación de profesionales altamente cualificados. Además, se discuten las limitaciones y desafíos asociados con la implementación de estas tecnologías.

DESARROLLO

La base científica de las herramientas moleculares

A lo largo de la historia, el interés por comprender el cuerpo humano ha impulsado el desarrollo de diversas tecnologías como el microscopio, que permitió la observación de las células y sus estructuras, y también han aparecido disciplinas específicas como la bioquímica y la genética. La biología molecular surgió como una especialidad que facilita el estudio estructural y funcional de las macromoléculas mediante herramientas avanzadas integrando diversas áreas del conocimiento. A medida que se fue describiendo la relación entre genes y proteínas, así como la función del ácido desoxirribonucleico (ADN) como material hereditario y su código genético, el comprender la vida a nivel molecular se volvió imprescindible (Yao et al., 2022).

Finalmente, en la década de 1980, surgió la ingeniería genética que permite el aislamiento, análisis y edición de genes de diversos organismos. Desde entonces, esta tecnología continúa evolucionando, transformando la investigación biomédica y fortaleciendo el avance en el diagnóstico y tratamiento de enfermedades (Schuler et al., 1996).

Los métodos moleculares son los que permiten analizar la estructura, función y dinámica de los ácidos nucleicos, proteínas, metabolitos. (Lago-Sampedro y García-Escobar., 2022). Algunos ejemplos de las herramientas moleculares son las técnicas de amplificación de fragmentos de ADN; la secuenciación

genómica que ha facilitado la identificación de mutaciones; la electroforesis en gel que separa moléculas de acuerdo con su tamaño y su carga eléctrica; la hibridación de ácidos nucleicos para la identificación de secuencias específicas; el método CRISPR-Cas9 que permite la edición genética; la proteómica y la espectrometría de masas han optimizado el estudio de proteínas y su papel en enfermedades, entre otras (França et al., 2002).

El Proyecto Genoma Humano surgió a inicios de la década de 1990 con la formación de un consorcio internacional que planteó el objetivo de descifrar la secuencia completa del genoma humano para comprender en profundidad la base genética de diversas enfermedades. Tras años de investigación, el 14 de abril de 2003, el proyecto culminó con un 99.99 % de la secuencia genética descifrada y a la fecha, se sigue actualizando la información con el avance tecnológico de secuenciadores automatizados de nueva generación, capaces de reducir significativamente el tiempo y costo de la secuenciación (García et al., 2005).

Los genes son las instrucciones para fabricar proteínas que cumplen funciones esenciales en el cuerpo, tales como realizar las reacciones químicas del metabolismo, defender contra los patógenos, dar estructura a las células, regular la herencia del material genético, entre otras; de tal forma que, conocer la secuencia de los genes ayuda a predecir la función biológica de las proteínas. El genoma es el conjunto completo de genes que tienen las instrucciones genéticas de un organismo, almacenadas en el ADN. Esta molécula contiene la información necesaria para el crecimiento y funcionamiento de cada ser vivo. El ADN tiene la forma de una doble hélice, está formada por dos cadenas unidas como una escalera en espiral, los peldaños, por cuatro elementos químicos conocidos como nucleótidos o bases nitrogenadas: adenina (A), timina (T), guanina (G) y citosina (C). Estas siempre se emparejan de la misma manera: A con T y C con G (Burguete et al., 2009).

El código genético es el conjunto de reglas que traduce la información contenida en el ADN para producir las proteínas que llevan a cabo las funciones vitales de las células. La relación entre el ADN y las proteínas se basa en conjuntos de tres nucleótidos, conocidos como codones, y cada uno corresponde a un aminoácido específico. Este código es redundante, es decir, varios codones pueden codificar el mismo aminoácido, y, además, es universal, pues es igual en casi todos los organismos. De esta forma, las secuencias de nucleótidos de los genes determinan la secuencia de aminoácidos en las proteínas, responsables de las diversas funciones biológicas en los organismos vivos.

En el caso de los humanos, el genoma está compuesto por 3 000 millones de pares de bases, organizados en dos grupos de 23 de cromosomas dentro del núcleo de cada célula. Se estima que el genoma humano contiene alrededor de 20 500 genes y en promedio, cada gen produce tres proteínas. Sin embargo, el 98% se considera no codificante e incluye secuencias reguladoras que son esenciales para controlar la expresión génica, determinando cuándo, dónde y en qué cantidad se producen las proteínas (Logsdon et al., 2020).

Derivado de la secuenciación completa de los genomas de varios organismos, han surgido nuevas disciplinas de biología molecular con las que se puede analizar las moléculas de vida: la genómica para analizar ADN; la transcriptómica que permite determinar la expresión de los genes a nivel ácido ribonucleico (ARN), que es el intermediario entre el ADN y la proteína; la proteómica que se usa para estudiar las proteínas, su estructura y sus funciones celulares; la metabolómica relacionada con el análisis de los elementos del metabolismo y el exposoma, que se usa para relacionar el genoma con la exposición a diversos ambientes durante la vida de las personas (Wild, 2005; Subramanian et al., 2020; Vermeulen et al., 2020).

La integración de todas estas áreas científicas ha promovido una comprensión más profunda de la biología y la salud, permitiendo un enfoque más preciso y personalizado en la prevención, diagnóstico y tratamiento de enfermedades.

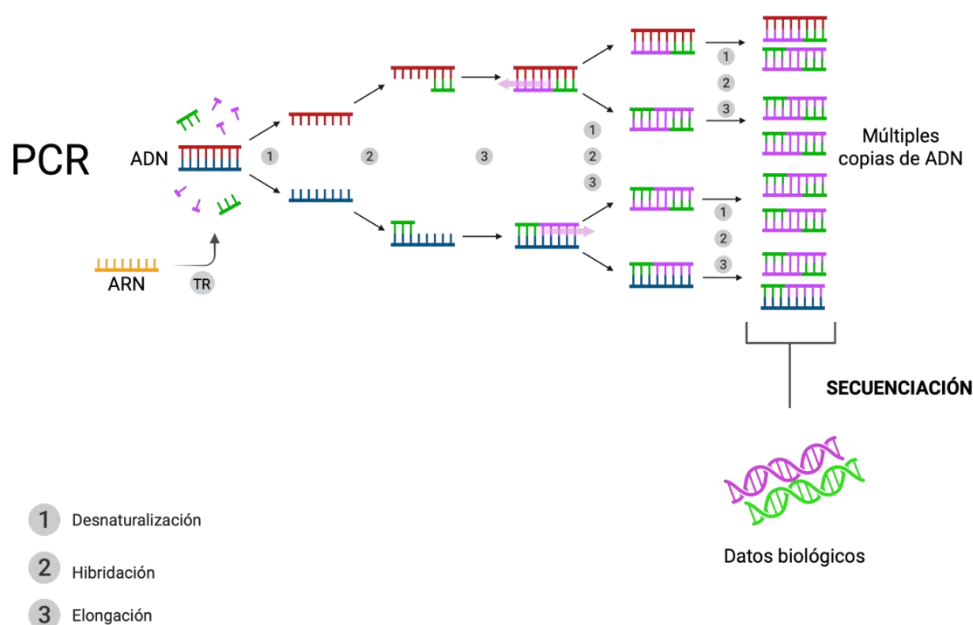
La reacción en cadena de la polimerasa (PCR)

Esta técnica permite obtener varias copias de un gen o sus fragmentos ubicados en muestras biológicas, incluso sin la presencia de algún organismo completo. La PCR fue diseñada por Kary Mullis en 1983 y a la fecha, existen diversas variantes diseñadas para cubrir necesidades específicas. Su versatilidad y precisión los han establecido como elementos esenciales en la investigación científica de diversas disciplinas, especialmente en los campos de la salud y la medicina. Por ejemplo: la PCR se usa para el diagnóstico de enfermedades infecciosas, genéticas y complejas; linajes de paternidad y maternidad; la identificación de organismos genéticamente modificados en productos alimenticios y en el análisis de la expresión génica en tiempo real (Farfán., 2015). En el campo de la manipulación genética, la PCR permite la clonación de genes y su inserción en otros organismos para producir proteínas terapéuticas o mejorar cultivos (Gómez-Márquez., 2013). También se utiliza en estudios de biodiversidad, seguridad alimentaria y medicina forense. La PCR también es clave en la secuenciación de los genes.

La PCR es un proceso cíclico que imita la replicación natural del material genético en las células y el método consiste en tres etapas principales: 1) la desnaturalización, donde el ADN se calienta a altas temperaturas (94-98 °C) para separar sus dos cadenas; 2), la hibridación, en la que pequeños fragmentos llamados cebadores se unen a secuencias específicas del ADN a temperaturas más bajas (50-65 °C); y 3) la extensión, donde la enzima polimerasa agrega nuevos nucleótidos para formar copias exactas de la secuencia de interés (Bolívar et al., 2014). Los cebadores que se usan en la PCR son pequeñas secuencias de ADN diseñadas para unirse de manera específica a los extremos de la región del gen que se desea amplificar en una muestra. Son fundamentales porque delimitan la zona de amplificación y garantizan que solo se copien las secuencias de interés y la alta especificidad de la reacción depende de la correcta hibridación de estos con el ADN muestra. Al repetirse este ciclo muchas veces, se generan millones de copias en poco tiempo (Fig. 1); obtener grandes cantidades de material genético facilita su análisis (Asuar., 2007).

Figura 1

Esquema representativo de los pasos que integran el proceso de la reacción de la polimerasa en cadena (PCR)



Fuente: Imagen creada con Biorender.

Como ya mencionamos, las secuencias de cada gen dan lugar a los aminoácidos que especifican todas las propiedades biológicas de las proteínas, por lo que las variaciones en la secuencia de nucleótidos del ADN pueden influir considerablemente en la manera en que los seres humanos reaccionan a factores ambientales, como agentes infecciosos, toxinas, productos químicos, componentes alimentarios y medicamentos. Por lo tanto, es esencial estudiar la distribución de la variación genética dentro de diferentes poblaciones (Octavio-Aguilar y Ramos-Frías., 2014).

Las variaciones en los genes que ocurren en un solo nucleótido se conocen como SNP, por sus siglas en inglés Single nucleotide polymorphism. Un polimorfismo es una variación genética que ocurre en una población con una frecuencia significativa y pueden influir en varios factores como la predisposición a enfermedades, las respuestas a medicamentos y las características físicas. Hasta el momento, se han identificado millones de SNPs asociados con diversas enfermedades, especialmente las relacionadas con alteraciones en la secuencia de un solo gen (1000 Genomes Project Consortium., 2010).

Las pruebas genéticas se utilizan para diagnosticar, confirmar y predecir riesgos de enfermedades, incluso en individuos asintomáticos. Por ejemplo, se emplean para detectar mutaciones relacionadas con cánceres de mama, ovario y colon, y también es posible evaluar el riesgo en personas con antecedentes familiares (Aguirre et al., 2018). Sin embargo, en el caso de enfermedades complejas no mendelianas, como las cardiovasculares (arterioesclerosis, hipertensión arterial, cardiopatía isquémica), oncológicas, metabólicas (diabetes, obesidad), neurodegenerativas (como el Parkinson y Alzheimer), autoinmunes (como la esclerosis múltiple, lupus y artritis reumatoide), alérgicas (como el asma y dermatitis) entre otras, su estudio resulta complicado debido a que se asocian con varios genes y cada uno de estos presentan variaciones en sus secuencias. Las enfermedades complejas resultan

de la interacción entre genes de susceptibilidad y factores ambientales que pueden desencadenar su desarrollo en determinados individuos. Las interacciones genético-ambientales se refieren a la influencia mutua entre los genes y el entorno, como la dieta, el estrés o la exposición a sustancias, que afectan nuestra salud (Khoury et al., 2004). En otras palabras, no solo los genes determinan nuestra biología, sino que también el ambiente influye en cómo se expresan esos genes.

Las herramientas moleculares son fundamentales para estudiar los polimorfismos a gran escala en poblaciones específicas para identificar los genes de susceptibilidad relacionados con varias afecciones y también, para determinar las poblaciones en riesgo mediante la combinación de factores genéticos y no genéticos. Por ejemplo, factores como la distribución y acción específica de los fármacos en el cuerpo están determinados por la genética del individuo y el análisis masivo de los polimorfismos contribuyen significativamente a la salud al evaluar cómo la variabilidad genética individual influye en la respuesta a los fármacos. Esto ayuda a crear perfiles genéticos que optimicen la eficacia y tolerancia a los tratamientos y eventualmente, permitirá elegir el fármaco y la dosis adecuada para cada persona, minimizando los riesgos de efectos adversos (Rego-Pérez et al., 2009).

Por otro lado, el análisis del genoma también permite entender cómo la dieta influye en la expresión genética y en las alteraciones patológicas, dependiendo de las condiciones biológicas de cada persona. La nutrición molecular se divide en dos áreas clave: la nutrigenómica, que estudia cómo los nutrientes afectan la expresión genética, y la nutrigenética, que evalúa cómo las variaciones genéticas en las poblaciones influyen en la respuesta a los nutrientes. Estos avances permiten personalizar la nutrición según el perfil genético individual y poblacional, ayudando a prevenir, mitigar o tratar enfermedades crónicas mediante dietas personalizadas que optimizan la salud en ciertos contextos sociales (Lazaridis y Petersen., 2005).

Actualmente, más del 50 % de las técnicas disponibles para el diagnóstico de enfermedades infecciosas se basan en biología molecular, debido a las limitaciones de la microbiología clásica para detectar patógenos (Maurucio., 2015). Factores como la especialización del personal técnico de laboratorio, el tiempo de crecimiento, las condiciones de cultivo y la obtención de muestras adecuadas dificultan el diagnóstico microbiológico tradicional. En contraste, la PCR detecta segmentos de ADN sin necesidad de microorganismos viables en la muestra, con alta sensibilidad, especificidad y rapidez. Además, esta técnica permite identificar diversas especies de los patógenos, por ejemplo, las diferentes variantes del SARS-CoV-2 o las cepas virulentas y no virulentas de parásitos como las amebas (Hamzah et al., 2006; Herrera et al., 2021). Ambos microorganismos infectan a muchos individuos que son asintomáticos y que son clave en la transmisión de la enfermedad. El análisis molecular de biopsias también permite monitorear la expresión génica y detectar infecciones como el virus del papiloma humano, contribuyendo a reducir la incidencia y mortalidad por cáncer cervicouterino (Aedo et al., 2007). Estas pruebas no solo ayudan a personalizar el tratamiento, sino que también permiten predecir el pronóstico de los pacientes y a determinar la distribución geográfica de los agentes infecciosos.

La bioinformática

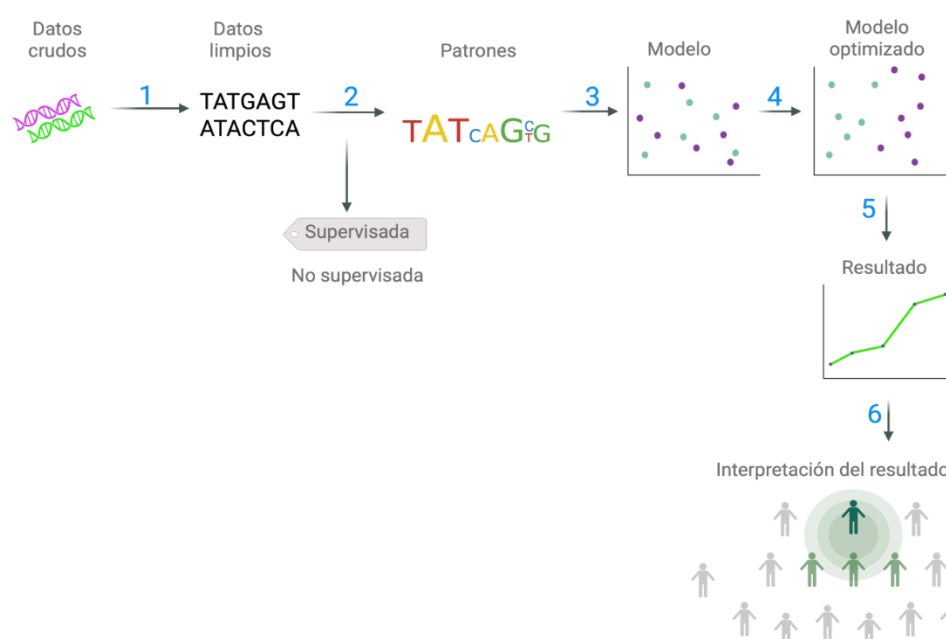
La aplicación de las herramientas moleculares en diversas áreas dio lugar a los megadatos, que son grandes cantidades de datos biológicos generados por las tecnologías avanzadas de precisión como las secuencias de ADN, la expresión génica, interacciones proteína-proteína y rutas metabólicas. El almacenaje e interpretación de esta información resultó ser un proceso complejo, lo que evidenció la necesidad de herramientas computacionales para gestionarlos de manera eficiente. En respuesta a esta demanda, surgió la bioinformática (Febles Rodríguez y González Pérez., 2002).

La bioinformática es una disciplina dentro de las ciencias computacionales basadas en matemáticas y estadística para manejar información biológica y almacenar, analizar, organizar e interpretar grandes

cantidades de estos datos. En términos generales, los algoritmos bioinformáticos se entrenan al alimentarlos con extensos volúmenes de registros biológicos, como secuencias de ADN o proteínas. El algoritmo aprende a reconocer patrones usando métodos supervisados cuando se cuenta con datos previamente etiquetados, o no supervisados cuando el proceso busca patrones por sí solo. Después, se ajusta y prueba el proceso para mejorar su precisión, y con el tiempo, se optimiza al incorporar más información (Escobar et al., 2011). Esto permite predecir la secuencia de ácidos nucleicos; la estructura de proteínas, sus interacciones con otras proteínas y su acoplamiento a otras moléculas, como metabolitos y fármacos; identificar biomarcadores relacionados con enfermedades (Martínez et al, 2025); realizar análisis filogenéticos para entender la evolución de los organismos y predecir cómo responderán las células a determinados tratamientos, entre otras aplicaciones (Fig. 2) (Menéndez Gutiérrez y Rivas González., 2014).

Figura 2

Diagrama de flujo que representa los pasos del proceso de predicción con herramientas bioinformáticas



Nota: 1) Limpieza y organización de datos biológicos crudos, 2) Identificación y extracción de patrones de forma supervisada, cuando se usan datos etiquetados y no supervisada, cuando la herramienta busca por sí misma, 3) Entrenamiento del algoritmo para crear modelos, 4) Discriminación de patrones para crear modelos optimizados, 5) Evaluación del modelo para arrojar un resultado, 6) Interpretación del resultado para predecir y modelar fenómenos biológicos.

Fuente: imagen creada con Biorender, <https://BioRender.com>.

En los últimos años, la bioinformática ha evolucionado con la integración de la genómica en el análisis de factores sociales, conductuales y ambientales, lo que permite desarrollar estrategias más efectivas para identificar grupos en riesgo y mejorar los resultados de salud a nivel individual y colectivo. Así surgió la salud pública de precisión, que es la disciplina que utiliza megadatos para dirigir intervenciones específicas a las personas adecuadas en el momento oportuno (Khoury et al., 2017) (Fig. 3). Para gestionar y resguardar los megadatos generados con la bioinformática, surgieron las bases de datos públicas y repositorios que pueden ser analizados de manera remota, en su mayoría de manera gratuita.

La importancia del uso de las herramientas moleculares y bioinformáticas en el área de la salud se demostró durante la pandemia del 2020, estas técnicas permitieron analizar rápidamente la secuencia del virus SARS-CoV2 y modelar su interacción con las células humanas, logrando desarrollar las vacunas en un corto tiempo. También, con estas tecnologías se realizaron simulaciones para predecir la propagación de la infección en la población y se identifican las variantes del virus que van surgiendo. Estas contribuciones son fundamentales para comprender los procesos biológicos y mecanismos moleculares de la COVID-19 y así, diseñar de manera eficiente los posibles tratamientos y estrategias de prevención (Isea., 2021). El uso de estas estrategias bioinformáticas se extrapola al estudio y gestión de diversas patologías humanas.

El impacto de las herramientas moleculares en la promoción de la Salud

Actualmente, se reconoce que los resultados de salud están influenciados por varias determinantes que se pueden modificar como los factores sociales, culturales, políticos, económicos, ambientales, conductuales, y aquéllos como los biológicos y genéticos que no cambian. El diseño de estrategias de prevención de enfermedades está basado en la comprensión de la dinámica de estas determinantes de la salud y se clasifican en cuatro niveles (Molster et al., 2018):

Primario: Busca eliminar factores de riesgo para evitar la aparición de enfermedades o lesiones, reduciendo su incidencia en la población.

Secundario: Se enfoca en detectar y tratar enfermedades en sus etapas iniciales para prevenir complicaciones.

Terciario: Es para mejorar la calidad de vida de personas con enfermedades crónicas, ayudando a gestionar a largo plazo los efectos de dichas afecciones.

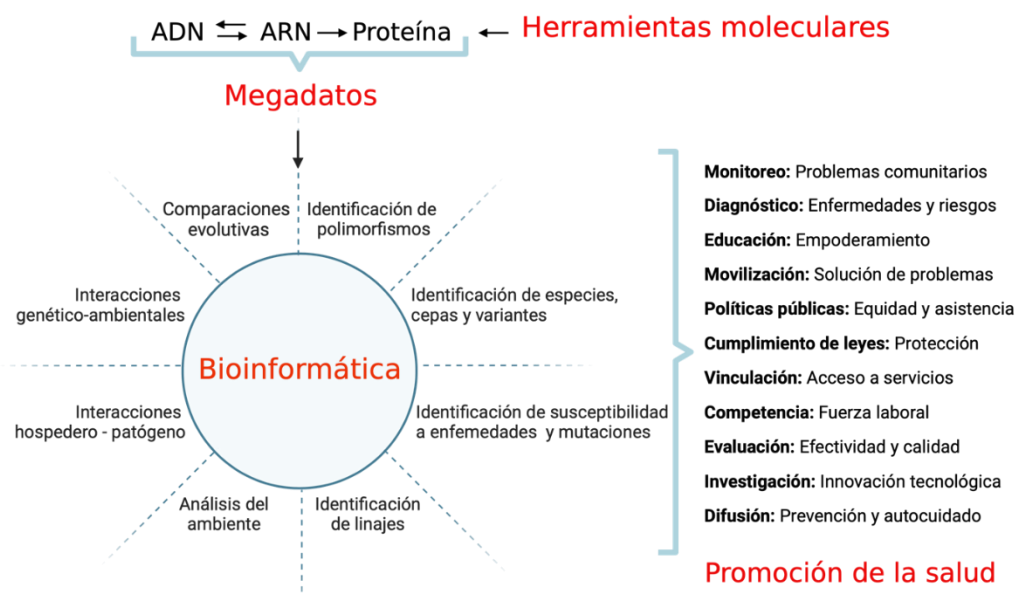
Cuaternaria: Se centra en evitar que las intervenciones médicas causen más daño que beneficio, identificando el riesgo de recibir intervenciones médicas innecesarias, protegiendo a los pacientes de procedimientos invasivos y garantizando cuidados éticamente aceptables.

Y estas últimas se complementan con la de promoción de la salud. En 2019, en el 57° Consejo Directivo de la Organización Panamericana de la Salud (OPS), se aprobó el mandato actual de promoción de la salud para la región de las Américas a través de La Estrategia y Plan de Acción sobre Promoción de la Salud en el contexto de los Objetivos de Desarrollo Sostenible (ODS) 2019-2030. En este documento se determinaron cuatro líneas de acción estratégicas: a) Fortalecer entornos saludables, b) Facilitar la participación y empoderamiento de la comunidad, c) Fortalecer la gobernanza y la acción intersectorial, d) Fortalecer los sistemas y servicios de salud (OMS., 2018).

En este contexto, el uso de las herramientas moleculares es fundamental para el cumplimiento de los objetivos de la salud pública y las estrategias de promoción de la salud (Fig. 3).

Figura 3

El uso de las herramientas moleculares en la promoción de la salud



Fuente: Imagen creada con Biorender: <https://BioRender.com>.

La investigación científica contribuye significativamente a la comprensión del genoma humano, mejorando nuestra capacidad para entender la etiología, el riesgo, la prevención, el diagnóstico y el tratamiento de enfermedades, abordando la identificación de problemas y riesgos sanitarios.

Para abarcar la evaluación y monitoreo de la salud comunitaria, es posible encontrar los riesgos de las comunidades ante la exposición a factores ambientales nocivos, como contaminantes químicos, a través del análisis de ADN ambiental. También, el monitoreo de enfermedades infecciosas identificando genéticamente a los patógenos y vectores de transmisión, permite respuestas más rápidas ante brotes y una vigilancia epidemiológica más eficiente y promoviendo las colaboraciones comunitarias para resolver problemas de salud, (Mellado., 2020).

La evaluación de la calidad y accesibilidad de los servicios, se garantiza con la incorporación de herramientas moleculares a los sistemas de salud para diseñar modelos preventivos más centrados en el paciente, disminuir la carga de enfermedades y mejorar progresivamente la equidad en el acceso a servicios de calidad; con las bases de datos y muestreos epidemiológicos, se pueden abordar desigualdades en salud y áreas de mejora en sectores como vivienda, empleo, educación, y la provisión de servicios de salud necesarios, contribuyendo a soluciones colectivas y equitativas para el desarrollo económico y social.

Con los datos generados en los puntos anteriores, se respalda el desarrollo de políticas públicas intersectoriales y planes de apoyo por parte de los gobiernos para diseñar intervenciones adaptadas a las realidades locales. Asimismo, se impulsa la implementación de leyes y regulaciones sanitarias.

Para cubrir la investigación de soluciones innovadoras para los problemas de salud, el impulso de la medicina personalizada permite la adaptación de tratamientos y estrategias preventivas a los perfiles genéticos individuales y en poblaciones específicas. Cada vez se conoce más la relación entre las variaciones genéticas con la susceptibilidad a enfermedades, la respuesta a tratamientos y cómo sucede la regulación de la expresión de los genes de acuerdo con los estímulos de ambiente externo.

Con los crecientes avances científicos, se estima la mejora constante en la detección temprana de enfermedades y en el desarrollo de vacunas de nueva generación y terapias avanzadas, reduciendo los efectos secundarios de los fármacos (Molster et al., 2018).

No obstante, la implementación de estas tecnologías en la práctica clínica aún enfrenta desafíos, como la accesibilidad, la regulación ética y la necesidad de mayor investigación para optimizar su aplicación en distintos contextos de salud.

En México, diversas instituciones gubernamentales emplean herramientas moleculares para el diagnóstico, investigación y monitoreo de la salud, así como para la protección ambiental, promueven la formación de recursos humanos y la colaboración en políticas públicas, la difusión científica y, además, contribuyen al avance tecnológico y al conocimiento que mejora la calidad de vida de la población mexicana. Las Normas Oficiales Mexicanas (NOM) que proporcionan directrices para el uso seguro y eficaz de herramientas moleculares en prácticas clínicas y de investigación en México son la NOM-007-SSA3-2011, que establece los requisitos para la organización y funcionamiento de los laboratorios clínicos; la NOM-059-SSA1-2015: que define las buenas prácticas de fabricación de medicamentos, abarcando procesos que pueden involucrar herramientas moleculares en su desarrollo y producción.

En la Comisión Federal para la Protección contra Riesgos Sanitarios (COFEPRIS), se usan las técnicas moleculares en el control de calidad de alimentos y medicamentos, con el fin de asegurar la detección de contaminantes y la evaluación de productos biotecnológicos como vacunas y terapias génicas. En el sector ambiental, la Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad (CONABIO) se realiza la secuenciación del ADN ambiental como agua, suelo, aire o sedimentos para la conservación de especies. Mientras que el Instituto Nacional de Ecología y Cambio Climático (INECC) utiliza estas tecnologías para el monitoreo de contaminantes y el estudio del impacto del cambio climático en organismos clave.

La Procuraduría Federal de Protección al Ambiente (PROFEPA) utiliza herramientas moleculares para la identificación de especies protegidas y la lucha contra el tráfico ilegal de flora y fauna. La conservación de la biodiversidad tiene un impacto indirecto en la salud pública. Un entorno saludable con ecosistemas en equilibrio contribuye a factores esenciales para la salud humana, como la calidad del aire, agua y alimentos.

En la Secretaría de Salud (SSA), a través del Instituto de Diagnóstico y Referencia Epidemiológicos (InDRE), se realiza el diagnóstico molecular de rutina para la detección de patógenos y vigilancia epidemiológica con la finalidad de lograr el control de enfermedades infecciosas causadas por los patógenos endémicos en México y los que causan el mayor número de muertes al año. El Instituto Nacional de Medicina Genómica de México (InMEGEN) desempeña un papel clave en el uso de herramientas moleculares para mejorar la salud con la creación del proyecto Mapa del Genoma de Poblaciones Mexicanas que facilita el diseño de terapias personalizadas para enfermedades como la diabetes y la obesidad. Además, el INMEGEN realiza estudios sobre cáncer, enfermedades crónicas y genómica nutricional en colaboración con otras instituciones para crear programas apoyando políticas de salud basadas en evidencia. Dependencias de gobierno como el Instituto Mexicano del Seguro Social (IMSS), Instituto de Seguridad y Servicios Sociales de los Trabajadores del Estado (ISSSTE), Instituto Nacional de Cancerología (InCAN), Instituto Nacional de Ciencias Médicas y Nutrición Salvador Zubirán (InCMNSZ) y el Instituto Nacional de Enfermedades Respiratorias (InER) participan actualmente en la investigación, diagnóstico y desarrollo de terapias innovadoras y en la capacitación de especialistas en biología molecular. En conjunto, a través de estos institutos en México se promueve la educación y divulgación científica para sensibilizar a la población sobre los beneficios de la biología molecular en la salud.

Las herramientas moleculares en la formación de profesionales de la salud

Actualmente, abordar la salud implica la integración de varias áreas y un constante avance tecnológico y científico, por lo que es fundamental incluir el aprendizaje de herramientas moleculares en la formación de estudiantes del área de salud, incluyendo a los promotores para promover el fortalecimiento de competencias en áreas relacionadas con la genómica, epidemiología, clínica, social, los aspectos éticos, legales y económicos de la salud.

La educación sobre herramientas moleculares fortalece la alfabetización en salud y fomenta la equidad en el acceso al conocimiento científico. Por ejemplo, el diagnóstico por PCR dejó de ser un tecnicismo especializado y se convirtió en un término cotidiano en la población global durante la pandemia de COVID-19. Esto promueve el empoderamiento de la población y su participación en estrategias de promoción de la salud (Velavan y Meyer., 2020).

Además, los programas de formación de recursos humanos que integran conocimientos sobre biología molecular son clave para la garantía de una fuerza laboral competente en salud. Una visión molecular de la salud y la enfermedad contribuye al desarrollo de estrategias preventivas y tratamientos fundamentados en evidencia científica. También permite al personal de salud la transmisión de datos biológicos y técnicos de manera efectiva a la población para apoyar a la toma de decisiones documentadas por parte de los individuos, fomentando la prevención y detección temprana. Además, de esta manera se empodera a los pacientes y sus familias para participar activamente en su cuidado, ayudando a mejorar el cumplimiento de los tratamientos al entender sus mecanismos de acción y efectos; a su vez, se fortalece la confianza en los sistemas de salud, contribuyendo así a una sociedad más informada y responsable con su bienestar (Angarita Merchán et al., 2017).

El dominio de herramientas moleculares permite a los profesionales de la salud innovar y desarrollar proyectos con beneficios sociales, adaptando intervenciones a la genética individual de cada paciente e identificando patrones epidemiológicos. Además, el dominio de estas técnicas mejora su competitividad laboral, abriendo oportunidades en investigación, desarrollo de políticas de salud y biotecnología, y los capacita para enfrentar problemas globales y locales, como enfermedades emergentes y resistencia antimicrobiana.

Limitaciones de las herramientas moleculares

En América Latina y otros países en desarrollo, las herramientas moleculares resultan limitadas en las estrategias de salud pública, pues su implementación requiere una inversión alta en equipos, infraestructura y capacitación del personal. También la continuidad de los programas está en riesgo constante debido a la actualización de la tecnología avanzada y necesidad de cadenas de suministro globales, que pueden ser interrumpidos por falta de presupuesto o desafíos sociales, como ocurrió durante la pandemia de COVID-19 (Hiscott et al., 2020). También, se requiere personal altamente capacitado para manejar y analizar los datos generados, ya que, sin una formación adecuada, estas técnicas pueden ser ineficaces o llevar a errores en diagnósticos y conclusiones científicas. Además, las desigualdades en el acceso a estas tecnologías entre regiones urbanas y rurales, o entre países desarrollados y en desarrollo, limitan los beneficios potenciales y pueden agravar las inequidades en salud, especialmente en comunidades marginadas. Actualmente, existen limitaciones en la validación de la sensibilidad y especificidad de ciertas técnicas debido a la falta de inversión en su evaluación sistemática y a la complejidad de estos procesos (Molster et al., 2018).

Muchas herramientas moleculares dependen de bases de datos genéticas, que la mayoría están diseñadas con poblaciones de países desarrollados, lo que puede reducir la precisión de los diagnósticos y las intervenciones en poblaciones locales donde los perfiles genéticos son distintos (Becker et al., 2004). Además, a la fecha, el uso de datos genéticos plantea preocupaciones éticas

relacionadas con la privacidad, el consentimiento informado y el riesgo de discriminación genética. La obtención de información genética en ausencia de síntomas clínicos puede limitar su valor predictivo y poner en riesgo al paciente con sobre y sub-medicación, también, la selección de pruebas conlleva desafíos para la capacidad financiera del sistema de salud. Estas cuestiones pueden dificultar la aceptación social y el desarrollo de políticas públicas relacionadas con el uso de las herramientas moleculares en ciertos contextos.

Por último, estas herramientas no abordan directamente los determinantes sociales de la salud, como la pobreza, el acceso a la educación o la seguridad alimentaria, que son críticos en la promoción de la salud. Esto subraya la necesidad de combinar su uso con enfoques más integrales que consideren factores económicos y culturales.

Dada la limitada disponibilidad de herramientas moleculares en América Latina y otros países en desarrollo, la bioinformática emerge como una alternativa clave para la promoción de la salud (Tabla 1), ya que permite analizar datos genómicos, epidemiológicos y clínicos, para identificar patrones de enfermedades, optimizar diagnósticos y diseñar estrategias de prevención sin depender de una infraestructura costosa. En combinación con tecnologías accesibles, como bases de datos públicas y modelos predictivos, facilita la toma de decisiones en salud pública, especialmente en regiones con recursos limitados, contribuyendo al control de enfermedades y la mejora de la atención médica.

Tabla 1

Herramientas Bioinformáticas en la Promoción de la Salud

Clasificación	Base de Datos	Funciones y Aplicaciones
Genómicas	ENCODE https://www.encodeproject.org	Catálogo de elementos funcionales del genoma humano, incluyendo regiones reguladoras y modificadores epigenéticos
	NCBI Genome https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome	Genomas completos de múltiples organismos con herramientas de análisis
	UCSC Genome Browser https://genome.ucsc.edu	Genomas con anotaciones funcionales y herramientas de análisis comparativo
Patógenos y Enfermedades Infecciosas	VeuPathDB https://veupathdb.org	Suite de bases de datos de genomas de vectores, parásitos y hongos con herramientas para análisis genómicos, transcriptómicos y funcionales
	ViPR Virus Pathogen Resource https://www.viprbrc.org	Genomas virales con herramientas de anotación, análisis filogenético y comparación de secuencias
	NCBI Virus https://www.ncbi.nlm.nih.gov/labs/virus	Secuencias virales con herramientas para análisis genómico, proteómico y estructural
Cáncer	The Cancer Genome Atlas (TCGA) http://www.Cancer.gov.tcg	Datos genómicos, transcriptómicos y epigenómicos de distintos tipos de cáncer
	cBioPortal https://www.cbioportal.org	Plataforma interactiva sobre alteraciones genéticas en cáncer y su impacto clínico
	COSMIC https://cancer.sanger.ac.uk/cosmic	Mutaciones somáticas en cáncer, biomarcadores y evolución tumoral
Enfermedades Complejas	DisGeNET https://www.disgenet.org	Información sobre genes y enfermedades de múltiples fuentes.
	OMIM https://www.omim.org	Genética humana y enfermedades hereditarias

	GWAS Catalog https://www.ebi.ac.uk/gwas	Recopila estudios de asociación del genoma completo (GWAS) para identificar variantes genéticas asociadas con enfermedades.
Metabólicas y Funcionales	KEGG https://www.genome.jp/kegg	Vías metabólicas, interacciones moleculares y funciones celulares
	The Human Metabolome Database https://hmdb.ca	Metabolitos y su relación con enfermedades humanas
Expresión Génica y Epigenética	GEO Gene Expression Omnibus https://www.ncbi.nlm.nih.gov/geo	Expresión génica y estudios de transcriptómica
	ArrayExpress https://www.ebi.ac.uk/arrayexpress	Expresión génica y epigenómica con herramientas de análisis y visualización

CONCLUSIÓN

Las técnicas moleculares y la bioinformática son herramientas que han permitido revolucionar el campo de la salud pública facilitando una comprensión más profunda de los mecanismos biológicos que originan a las enfermedades, mejorando el diagnóstico, la vigilancia epidemiológica, el análisis del microbioma, polimorfismos y también, se ha podido estudiar la diversidad genética de especies y su interacción con el entorno, fortaleciendo el conocimiento sobre los determinantes ambientales. Todas estas experiencias en conjunto, abren caminos para la promoción de la salud basada en evidencia científica. Sin embargo, actualmente su implementación enfrenta retos importantes como la formación de recursos humanos especializados, el capital para la inversión en equipos, la equidad en el acceso a estas tecnologías y la necesidad de políticas públicas que favorezcan su aplicación ética y sustentable, principalmente en países en desarrollo.

REFERENCIAS

- 1000 Genomes Project Consortium. (2010). A map of human genome variation from population scale sequencing. *Nature*, 467(7319), 1061.
- Aedo, S., Melo, A., García, P., Guzmán, P., Capurro, I., & Roa, J. C. (2007). Detección y tipificación de virus papiloma humano en lesiones preneoplásicas del cuello uterino mediante PCR-RFLP. *Revista médica de Chile*, 135(2), 167-173.
- Aguirre, L. E. B., Dacunte, P. E. M., Salinas, T. M. A., Cardozo, F., & Mendoza, L. (2018). Optimización de una técnica de PCR convencional para detección de virus de papiloma humano tipo 16 y 18. *Memorias del Instituto de Investigaciones en Ciencias de la Salud*, 16(3).
- Angarita Merchán, M., Torres Caicedo, M. I., & Díaz Torres, A. K. (2017). Técnicas de Biología Molecular en el desarrollo de la investigación. Revisión de la literatura. *Revista Habanera de Ciencias Médicas*, 16(5), 796-807.
- Angermueller, C., Pärnamaa, T., Parts, L., & Stegle, O. (2016). Deep learning for computational biology. *Molecular systems biology*, 12(7), 878.
- Asuar, L. E. (2007). Guía práctica sobre la técnica de PCR. *Ecología Molecular*. LE Eguiarte, V. Souza, X. Aguirre (Eds). INECC. México, 517-552.
- Becker, K. G., Barnes, K. C., Bright, T. J., & Wang, S. A. (2004). The genetic association database. *Nature genetics*, 36(5), 431-432.
- Bolivar, A. M., Rojas, A., & Lugo, P. G. (2014). PCR y PCR-Múltiple: parámetros críticos y protocolo de estandarización. *Avances en biomedicina*, 3(1), 25-33.
- Burguete, A., H Bermúdez-Morales, V., & Madrid-Marina, V. (2009). Medicina genómica aplicada a la salud pública. *salud pública de México*, 51, s379-s385.
- Escobar, C. A. M., Murillo, L. V. R., & Soto, J. F. (2011). Tecnologías bioinformáticas para el análisis de secuencias de ADN. *Scientia et technica*, 3(49), 116-121.
- Farfán, B. M. J. (2015). Biología molecular aplicada al diagnóstico clínico. *Revista Médica Clínica Las Condes*, 26(6), 788-793.
- Febles Rodríguez, J. P., & González Pérez, A. (2002). Aplicación de la minería de datos en la bioinformática. *Acimed*, 10(2), 69-76.
- França, L. T., Carrilho, E., & Kist, T. B. (2002). A review of DNA sequencing techniques. *Quarterly reviews of biophysics*, 35(2), 169-200.
- García, D. C., Ruiz, C. R. G., & Pérez, N. M. (2005). Proyecto genoma humano: situación actual y perspectivas. *Investigación y Ciencia*, 13(33), 56-63.
- Gómez-Márquez, J. (2013). La revolución de la ingeniería genética. *Nova Acta Científica Compostelana*, 20.
- Hamzah, Z., Petmitr, S., Mungthin, M., Leelayoova, S., & Chavalitsheewinkoon-Petmitr, P. (2006). Differential detection of *Entamoeba histolytica*, *Entamoeba dispar*, and *Entamoeba moshkovskii* by a single-round PCR assay. *Journal of Clinical Microbiology*, 44(9), 3196-3200.

Herrera, L. A., Hidalgo-Miranda, A., Reynoso-Noverón, N., Meneses-García, A. A., Mendoza-Vargas, A., Reyes-Grajeda, J. P., ... & Escobar-Escamilla, N. (2021). Saliva is a reliable and accessible source for the detection of SARS-CoV-2. *International Journal of Infectious Diseases*, 105, 83-90.

Hiscott, J., Alexandridi, M., Muscolini, M., Tassone, E., Palermo, E., Soultioti, M., & Zevini, A. (2020). The global impact of the coronavirus pandemic. *Cytokine & growth factor reviews*, 53, 1-9.

Isea, R. (2021). Origen del SARS-CoV-2 desde una perspectiva Bioinformática. *Conocimiento Libre y Licenciamiento (CLIC)*, (23).

Khoury MJ, Bowen MS, Clyne M, Dotson WD, Gwinn ML, Green RF, et al. From public health genomics to precision public health: a 20-year journey. *Genet Med*. (2017) 20:574–82.

Khoury, M. J., Millikan, R., Little, J., & Gwinn, M. (2004). The emergence of epidemiology in the genomics age. *International Journal of Epidemiology*, 33(5), 936-944.

Lago-Sampedro, A. M., & García-Escobar, E. (2022). Importancia de la bioinformática en la medicina actual. ¿Es realmente necesaria la bioinformática en la práctica clínica?. *Nutrición Hospitalaria*, 39(3), 487-488.

Lazaridis, K. N., & Petersen, G. M. (2005). Genomics, genetic epidemiology, and genomic medicine. *Clinical gastroenterology and hepatology*, 3(4), 320-328.

Logsdon, G. A., Vollger, M. R., & Eichler, E. E. (2020). Long-read human genome sequencing and its applications. *Nature Reviews Genetics*, 21(10), 597-614.

Martínez, O. Ángeles, Quintas Granados, L. I., & Carrillo Tapia, E. (2025). Más allá del laboratorio: biomarcadores para transformar la detección y el tratamiento del cáncer con un enfoque social. *LATAM Revista Latinoamericana de Ciencias Sociales y Humanidades* 6 (1), 2809 – 2822. <https://doi.org/10.56712/latam.v6i1.3534>.

Mauricio, J. F. (2015). Biología molecular aplicada al diagnóstico clínico molecular. *Rev Med Clin Las Condes*, 26, 788-93.

Mellado, O. M. D. (2020). Técnicas de biología molecular en el diagnóstico de enfermedades infecciosas. *NPunto*, 3(30), 88-111.

Menéndez Gutiérrez, E., & Rivas González, R. (2014). Nociones básicas para el análisis bioinformático de proteínas.

Molster, C. M., Bowman, F. L., Bilkey, G. A., Cho, A. S., Burns, B. L., Nowak, K. J., & Dawkins, H. J. (2018). The evolution of public health genomics: exploring its past, present, and future. *Frontiers in public health*, 6, 247.

Octavio-Aguilar, P., & Ramos-Frías, J. (2014). Aplicación de la genética de poblaciones en el ámbito de la medicina. *Biomédica*, 34(2), 171-179.

OMS, O. (2018). Estrategia y Plan de acción sobre la promoción de la salud en el contexto de los objetivos de desarrollo sostenible. Uruguay: Aportes para la construcción de una estrategia regional de Promoción de la Salud. Uruguay.(Internet).

Rego-Perez, I., Fernández-Moreno, M., Carreira-García, V., & Blanco, F. J. (2009). Polimorfismos genéticos y farmacogenética en la artritis reumatoide. *Reumatología clínica*, 5(6), 268-279.

Santos, J. I. (2014). La vacunación en México en el marco de las “décadas de las vacunas”: logros y desafíos. *Gaceta Médica de México*, 150(2), 180-188.

Schuler, G. D., Boguski, M. S., Stewart, E. A., Stein, L. D., Gyapay, G., Rice, K., ... & Hudson, T. J. (1996). A gene map of the human genome. *Science*, 274(5287), 540-546.

Subramanian, I., Verma, S., Kumar, S., Jere, A., & Anamika, K. (2020). Multi-omics data integration, interpretation, and its application. *Bioinformatics and biology insights*, 14, 1177932219899051.

Velavan, T. P., & Meyer, C. G. (2020). COVID-19: a PCR-defined pandemic. *International Journal of Infectious Diseases*, 103, 278.

Vermeulen, R., Schymanski, E. L., Barabási, A. L., & Miller, G. W. (2020). The exposome and health: Where chemistry meets biology. *Science*, 367(6476), 392-396.

Wild, C. P. (2005). Complementing the genome with an “exposome”: the outstanding challenge of environmental exposure measurement in molecular epidemiology. *Cancer Epidemiology Biomarkers & Prevention*, 14(8), 1847-1850.

Yao, K., Cai, H., Wang, Y., Cheng, S., Liu, Q., Zhang, D., ... & Chen, X. (2022). Potential molecular mechanism of the Xiexin capsule in the intervention of dyslipidemia based on bioinformatics and molecular docking. *Nutrición hospitalaria: Órgano oficial de la Sociedad española de nutrición parenteral y enteral*, 39(3), 569.

Todo el contenido de **LATAM Revista Latinoamericana de Ciencias Sociales y Humanidades**, publicados en este sitio está disponibles bajo Licencia [Creative Commons](#) .