Recibido: 09-may-2026 *Aceptado: 15-oct-2026* *e-ISSN 2954-4890*

Sección: *Arte en ciencia e ingeniería*

Cazadores de epítopos: la IA en busca de futuros candidatos vacunales

Epitope hunters: AI in search of future vaccine candidates

Cristian G. Delgado-Corona[1,2]
Francisca Villanueva-Flores[2]*

[1]*Escuela Nacional de Ciencias Biológicas, Instituto Politécnico Nacional, Carpio y Plan de Ayala S/N, Colonia Santo Tomás, 11340, Ciudad de México, México.*
[2]*Centro de Investigación en Ciencia Aplicada y Tecnología Avanzada, Instituto Politécnico Nacional, Boulevard de la Tecnología, 1036 Z-1, P 2/2, 62790, Xochitepec, Morelos, México.*

**Autor para la correspondencia: fvillanuevaf@ipn.mx*

RESUMEN

Este cuento de divulgación presenta, mediante el diálogo entre el doctor Cristian y Lucio, cómo la inteligencia artificial puede apoyar la búsqueda de epítopos para futuros candidatos vacunales. A través de CAPEIA, una herramienta que analiza computacionalmente fragmentos candidatos definidos a partir de la secuencia de una proteína viral, estos se evalúan según su unión a HLA, su conservación, su seguridad y su cobertura poblacional. La historia enfatiza que la IA no crea vacunas por sí sola: prioriza candidatos, pero la validación experimental y la biología determinan cuáles pueden avanzar.

Palabras clave: Epítopos, inteligencia artificial, vacunas.

SUMMARY

This science communication story uses a dialogue between Dr. Cristian and Lucio to illustrate how artificial intelligence can support the search for epitopes as potential vaccine candidates. Using CAPEIA, a tool that computationally analyzes candidate fragments derived from a viral protein sequence, these fragments are evaluated for HLA binding, conservation, safety, and population coverage. The story emphasizes that AI does not create vaccines on its own: it prioritizes candidates, while experimental validation and biological evidence determine which ones can advance.

Keywords: Epitopes, artificial intelligence, vaccines.

Licenciamiento bajo el cual se publican los contenidos: CC BY-NC-ND 4.0

A las 7:12 de la mañana, el mapa llegó antes que el enemigo.

No era un mapa de calles ni de montañas. Era una secuencia: miles de letras alineadas en la pantalla del laboratorio. Cada letra representaba un aminoácido, una pieza de una proteína presente en un virus recién analizado.

Lucio, un reportero de divulgación científica que había ido al laboratorio para escribir una nota, miró la pantalla sin entender (**Figura 1**).

—¿Eso es el virus?

El doctor Cristian tomó un marcador y dibujó una cadena en el vidrio.

—Es una parte de él. Pero no buscamos el virus completo. Buscamos sus señales.

—¿Cómo huellas?

—Exacto. El sistema inmunitario no necesita recordar todo el invasor. A veces le basta con reconocer un fragmento pequeño. Ese fragmento se llama epítopo.

En la mesa había café, una impresora y una nota adhesiva: “No gana el fragmento llamativo, gana el que resiste preguntas”.

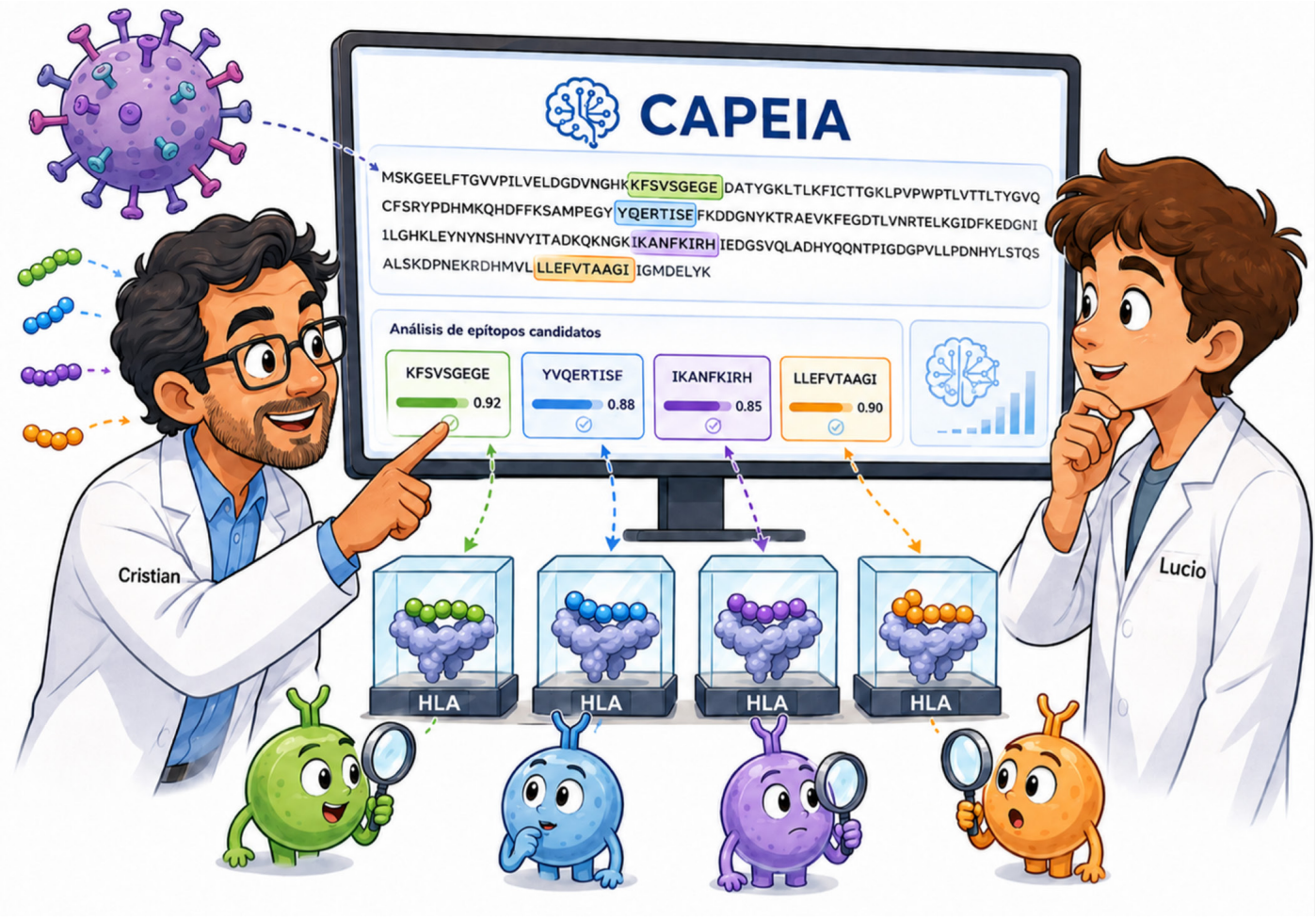


Figura 1. *Cazadores de epítopos asistidos por inteligencia artificial. El doctor Cristian y Lucio, un reportero de divulgación científica, exploran, con ayuda de CAPEIA, posibles epítopos de una proteína viral mediante una herramienta de inteligencia artificial. La ilustración muestra cómo la IA fragmenta la secuencia, prioriza candidatos y los relaciona con moléculas HLA, que actúan como vitrinas moleculares para presentar fragmentos a los linfocitos T. Aunque la IA permite reducir millones de posibilidades a candidatos más prometedores, la validación experimental sigue siendo indispensable para confirmar su utilidad vacunal. Imagen elaborada con ChatGPT 5.4.*

Licenciamiento bajo el cual se publican los contenidos: CC BY-NC-ND 4.0

Cristian abrió un programa llamado CAPEIA: Cazador Algorítmico para la Predicción de Epítopos por Inteligencia Artificial. La pantalla cambió. La proteína se dividió en cientos de fragmentos, como si alguien hubiera cortado una cuerda larga en pedazos pequeños. Para buscar epítopos de linfocitos T, CAPEIA evaluó péptidos que generalmente contenían entre 8 y 11 aminoácidos para HLA de clase I y entre 13 y 25 para HLA de clase II.

—Antes del análisis, introduzco la secuencia viral, los tipos de HLA y los criterios de selección —explicó Cristian— CAPEIA compara cada fragmento mediante un modelo entrenado a partir de bases de datos de epítopos y resultados experimentales. Para mejorar sus predicciones, el modelo debe reentrenarse con nuevos datos validados [1, 2].

—¿Qué es HLA?— Preguntó Lucio.

—Significa Antígeno Leucocitario Humano. Son moléculas que tienen nuestras células y actúan como vitrinas. Muestran pedacitos de proteínas para que los linfocitos T los inspeccionen. Si el fragmento proviene de un invasor, puede activarse una respuesta inmunitaria [3, 4]. Algunos linfocitos T coordinan otras defensas del organismo, mientras que otros pueden destruir células infectadas; por ello, reconocer estos fragmentos ayuda al cuerpo a responder al patógeno —afirmó Cristian.

Lucio imaginó una ciudad donde cada célula sacaba por la ventana pequeñas muestras de lo que ocurría dentro.

CAPEIA terminó el primer análisis. En la pantalla aparecieron veinte candidatos.

—¿Uno de ellos puede servir para una vacuna? — Cuestionó Lucio.

—Tal vez —respondió Cristian — , pero “tal vez” es una palabra grande en la ciencia.

El primer candidato obtuvo una puntuación alta. Se unía bien a varios tipos de HLA y se encontraba en una región conservada del virus, una zona que cambiaba poco entre variantes. Eso importaba: si el virus modificaba fácilmente ese sitio, podría escapar.

Lucio sonrió y dijo: Entonces ese es.

Cristian no respondió. Activó otro filtro.

La pantalla marcó al candidato con una línea roja.

—Se parece demasiado a una proteína humana —dijo Cristian.

—¿Y eso es malo? — increpó Lucio.

—Puede serlo. Queremos que el sistema inmunitario ataque al invasor, no que se confunda con el propio cuerpo —aseveró Cristian.

El candidato más prometedor cayó de la lista. Lucio entendió que aquello no era una máquina que eligiera ganadores, sino una investigación con pistas contradictorias.

El segundo candidato tenía una puntuación menor, pero se encontraba en una región del virus que casi no variaba. El tercero era visible para los HLA frecuentes en muchas poblaciones. El cuarto podía estar expuesto en la superficie del virus y quizá ser reconocido por linfocitos B, las células que ayudan a producir anticuerpos [5].

—Ninguno es perfecto —dijo Lucio.

—Por eso no buscamos un héroe solitario. Buscamos un equipo —mencionó Cristian.

CAPEIA propuso una combinación de cuatro epítopos, cada uno con una función específica. Uno aportaba a la conservación, otro a la cobertura poblacional, otro a la activación de linfocitos T y otro al posible reconocimiento por parte de anticuerpos. La IA no entregó una vacuna. Entregó una ruta de prueba [1].

Entonces, Cristian imprimió la lista, la dobló y la entregó a una investigadora llamada

Licenciamiento bajo el cual se publican los contenidos: CC BY-NC-ND 4.0

Chantal, quien entró con guantes y una caja de placas.

—Ahora la computadora se calla. Hablan las células —dijo ella.

Durante los días siguientes, Lucio volvió al laboratorio. Vio cómo los candidatos pasaban por los ensayos. Primero probaron si se unían de verdad a HLA. Dos fallaron. Uno se unió débilmente. Otro se mantuvo.

Después vino la prueba con células inmunitarias. No hubo música ni luces. Solo números al final del día.

El fragmento que todos esperaban apenas produjo señal. El que parecía discreto provocó una respuesta clara.

—¿Entonces CAPEIA se equivocó? —preguntó Lucio.

—No —dijo Cristian—, hizo lo que debía: reducir millones de posibilidades a unas pocas preguntas. Pero una predicción no es una demostración.

Lucio miró el resultado. La ciencia no avanzaba porque alguien tuviera una respuesta perfecta, sino porque sabía descartar.

Al final de la semana, Cristian escribió en el vidrio:

"Epítopo: fragmento que puede ser reconocido por el sistema inmunitario.

HLA: vitrina molecular que presenta fragmentos de antígeno a los linfocitos T.

Candidato vacunal: posibilidad que aún debe probarse.

IA: brújula para priorizar.

Experimento: puerta que decide".

Esa noche, cuando el laboratorio quedó en silencio, CAPEIA recibió una nueva secuencia. Otro virus. Otra cadena de letras. Otro mapa.

Pero esta vez Lucio entendió algo: los cazadores de epítopos no perseguían monstruos invisibles. Perseguían señales pequeñas, casi imperceptibles, capaces de enseñar al cuerpo a prepararse.

Y en esa búsqueda, la inteligencia artificial no era la única protagonista. Era la linterna. La pregunta. El primer filtro.

La decisión final seguía siendo de la biología [5].

Agradecimiento

Se agradece el financiamiento otorgado por el Instituto Politécnico Nacional (IPN) a través del proyecto MULTI-2026-0029-M3, así como el apoyo del proyecto Ciencia Básica y de Frontera 2025 (CBF-2025-I-1532), financiado por la Secretaría de Ciencia, Humanidades, Tecnología e Innovación (SECIHTI), para la realización de este trabajo. CGDC recibió beca de la SECIHTI para sus estudios de posgrado, con el número 4005957.

Declaración de uso de IA

Se empleó inteligencia artificial (ChatGPT-5.4, OpenAI) como apoyo para la revisión gramatical y sintáctica del manuscrito; el contenido, la originalidad y el rigor científico son responsabilidad exclusiva de las personas autoras.

Referencias

[1] Villanueva-Flores, F., Sanchez-Villamil, J. I., & Garcia-Atutxa, I. (2025). AI-driven epitope prediction: A systematic review, comparative analysis, and practical guide for vaccine development. *npj Vaccines*, 10, Article 207. https://doi.org/10.1038/s41541-025-01258-y

Licenciamiento bajo el cual se publican los contenidos: CC BY-NC-ND 4.0

[2] Olawade, D. B., Teke, J., Fapohunda, O., Weerasinghe, K., Usman, S. O., Ige, A. O., & David-Olawade, A. C. (2024). Leveraging artificial intelligence in vaccine development: A narrative review. *Journal of Microbiological Methods*, 224, 106998. https://doi.org/10.1016/j.mimet.2024.106998

[3] Wohlwend, J., Nathan, A., Shalon, N., Crain, C. R., Tano-Menka, R., Goldberg, B., Richards, E., Gaiha, G. D., & Barzilay, R. (2025). Deep learning enhances the prediction of HLA class I-presented CD8+ T cell epitopes in foreign pathogens. *Nature Machine Intelligence*, 7, 232–243. https://doi.org/10.1038/s42256-024-00971-y

[4] Lu, T., Wang, X., Nie, W., Huo, M., & Li, S. (2025). TransHLA: A hybrid transformer model for HLA-presented epitope detection. *GigaScience*, 14, giaf008. https://doi.org/10.1093/gigascience/giaf008

[5] Federico, L., Malone, B., Tennøe, S., Chaban, V., Osen, J. R., Gainullin, M., Smorodina, E., Kared, H., Akbar, R. A., Greiff, V., Stratford, R., Clancy, T., et al. (2023). Experimental validation of immunogenic SARS-CoV-2 T cell epitopes identified by artificial intelligence. *Frontiers in Immunology*, 14, 1265044. https://doi.org/10.3389/fimmu.2023.1265044

Licenciamiento bajo el cual se publican los contenidos: CC BY-NC-ND 4.0