

Recibido: 18.12.2023 • Aceptado: 22.01.2026

Palabras clave: Cáncer, mapas de calor, investigación

# Explorando el paisaje molecular del cáncer: Mapas de calor onco genómicos como herramienta de investigación

MACRINA BEATRIZ SILVA CÁZARES

[macrina.silva@uaslp.mx](mailto:macrina.silva@uaslp.mx)

ÁREA BIOMÉDICA, UNIDAD ACADÉMICA MULTIDISCIPLINARIA REGIÓN ALTIPLANO, UASLP  
ALMA DELIA CAMPOS PARRA

[almcampos@uv.mx](mailto:almcampos@uv.mx)

INSTITUTO DE SALUD PÚBLICA, UNIVERSIDAD VERACRUZANA

MARÍA EUGENIA SÁNCHEZ BRIONES

[eugeniasanchez@uaslp.mx](mailto:eugeniasanchez@uaslp.mx)

ÁREA BIOMÉDICA, FACULTAD DE ESTUDIOS PROFESIONALES ZONA HUASTECANA, UASLP

El artículo explica cómo los mapas de calor se han convertido en una herramienta esencial para estudiar el cáncer y otros procesos biológicos. A través del uso de colores, estos mapas permiten interpretar grandes cantidades de información genética de manera sencilla, ayudando a identificar patrones, diferencias entre tipos de cáncer y posibles señales para el diagnóstico y tratamiento. Su aplicación ha impulsado avances importantes en la investigación biomédica y en el desarrollo de tratamientos más personalizados.

La bioinformática es una disciplina que combina la biología con la informática para analizar y comprender datos biológicos a gran escala. En este contexto, los mapas de calor se han convertido en una herramienta invaluable para visualizar y analizar datos biomoleculares de manera efectiva. Estos mapas representan la distribución y la intensidad de ciertos datos en una matriz bidimensional, utilizando escalas de color para destacar patrones y tendencias.

En este artículo se explora cómo los mapas de calor se han convertido en una poderosa herramienta en la bioinformática, al permitir a los investigadores comprender mejor la estructura y la función de biomoléculas, la expresión génica, la variabilidad genética y otros aspectos cruciales en la biología y la genómica. Asimismo, se presentan ejemplos de cómo los mapas de calor se aplican en la investigación biomédica y cómo han revolucionado nuestra capacidad para abordar preguntas biológicas complejas y responder a desafíos en campos como la medicina, la biología molecular y la genómica (Villarino, 2018).

En la actualidad, la bioinformática se ha convertido en una disciplina crítica en la era de la genómica y la biología de sistemas, donde la generación de datos biológicos masivos se ha vuelto común gracias a los avances en tecnologías de secuenciación y otras técnicas experimentales. Si bien estos datos contienen una enorme riqueza de información, su interpretación y análisis pueden ser abrumadores sin las herramientas adecuadas. Aquí es donde los mapas de calor entran en juego. (Monroy, 2021).

### **¿Qué es un mapa de calor?**

Un mapa de calor es una representación gráfica de datos en una matriz bidimensional en la que los valores se codifican mediante una escala de colores. Los valores

numéricos se asocian a colores predefinidos, lo que permite una visualización rápida y efectiva de la información contenida en la matriz. Esta herramienta se utiliza para representar datos de diversas fuentes biológicas, como expresión génica, actividad enzimática, interacciones proteína-proteína, variabilidad genética, entre otros (Pirchios, 2022).

Los mapas de calor son una herramienta esencial en el campo de la bioinformática, una disciplina interdisciplinaria que utiliza la informática para analizar y comprender datos biológicos a gran escala. Estos mapas ofrecen una representación visual de datos complejos, permitiendo a los investigadores identificar patrones, tendencias y relaciones en una amplia variedad de contextos biológicos. Finalmente, se explora cómo los mapas de calor se han convertido en una herramienta esencial en la bioinformática y cómo han revolucionado nuestra capacidad para analizar datos biomoleculares, genéticos y genómicos. (Salas 2021)

### **¿Cómo se elabora un mapa de calor?**

La elaboración de un mapa de calor implica una serie de etapas que van desde la recopilación y preparación de los datos hasta la generación e interpretación de la visualización final del mapa. A continuación, se presenta una guía general del proceso:

*a) Recopilación y preparación de datos:* En primer lugar, se debe reunir los datos que se desean visualizar en el mapa de calor, los cuales deben estar organizados en una matriz bidimensional, donde las filas representen elementos de estudio (por ejemplo, genes o individuos) y las columnas correspondan a características o condiciones (por ejemplo, tiempo o tratamiento).

Es fundamental asegurarse de que los datos estén correctamente depurados

y formateados, lo que puede implicar la eliminación de valores atípicos, la normalización de datos o la imputación de valores faltantes, según sea necesario.

*b) Selección de una biblioteca o herramienta de software:*

Para crear un mapa de calor, se requiere el uso de una biblioteca de visualización de datos o un software especializado. Algunas opciones ampliamente utilizadas incluyen Python, mediante bibliotecas como Matplotlib, Seaborn o Plotly, así como programas específicos para la creación de mapas de calor como Heatmapper, GENE-E o Morpheus.

*c) Elección del método de agrupación y ordenamiento:*

Antes de crear el mapa de calor, es importante decidir cómo se organizará y agruparán los datos. La agrupación de filas y columnas en función de la similitud de los valores facilita la identificación de patrones en el mapa.

*d) Creación del mapa de calor:*

Una vez seleccionada la biblioteca de visualización o la herramienta de software, se procede a proporcionar los datos y configurar aspectos como la escala de colores, la etiquetación de ejes y los títulos.

Esta etapa permite ajustar la visualización para que los resultados sean claros y comprensibles

*e) Interpretación y análisis:*

Tras la generación del mapa de calor, se analizan los patrones y tendencias que se destacan en la visualización. Las áreas de alta o baja intensidad de color pueden indicar relaciones significativas, diferencias entre grupos o posibles agrupaciones de los datos.

*f) Refinamiento y comunicación:*

El proceso puede repetirse ajustando parámetros y la presentación con el fin de resaltar de manera efectiva los resultados del análisis.

Finalmente, los resultados obtenidos se comunican mediante informes, presentaciones u otros recursos de visualización de datos, facilitando su comprensión y aprovechamiento de la información.

Cabe señalar que los pasos específicos para la creación de mapas de calor pueden variar según la herramienta o el software empleado, por lo que es recomendable consultar la documentación correspondiente de la herramienta que estés utilizando para obtener detalles precisos sobre cómo generar y personalizar mapas de calor.

### Importancia del mapa de calor oncogenómico

Los mapas de calor oncogenómicos son una herramienta de gran importancia en la investigación y el estudio del cáncer, ya que desempeñan un papel fundamental en la comprensión de las características moleculares de las células cancerosas y

en la identificación de posibles objetivos terapéuticos (Thormo 2017). A continuación, se presentan algunas de las razones clave que explican su importancia en la investigación del cáncer:

a) Visualización de patrones de expresión génica: Los mapas de calor oncogenómicos permiten visualizar de manera efectiva los patrones de expresión génica en tejidos o células cancerosas. Esto facilita la identificación de genes sobreexpresados o subexpresados en comparación con las células normales, lo que aporta información clave sobre los procesos moleculares que impulsan el cáncer.

b) Clasificación de subtipos de cáncer: Esta herramienta permite identificar subtipos de cáncer a partir de sus perfiles de expresión génica. Esto es importante porque diferentes subtipos pueden responder de manera diferente a los tratamientos y tener pronósticos distintos,

lo que lleva a enfoques de tratamiento más personalizados.

c) Descubrimiento de biomarcadores: Los mapas de calor oncogenómicos ayudan a la identificación de biomarcadores (genes o proteínas específicos) útiles para el diagnóstico temprano, el pronóstico y la predicción de la respuesta al tratamiento, aspectos fundamentales para el desarrollo de terapias más dirigidas y eficaces.

d) Identificación de dianas terapéuticas: Al analizar los patrones de expresión génica en células cancerosas, los mapas de calor pueden detectar genes o vías específicas que están hiperactivadas o desreguladas en células cancerosas, las cuales pueden convertirse en objetivos terapéuticos potenciales para el desarrollo de nuevos medicamentos.

e) Seguimiento de la progresión del cáncer: Los mapas de calor oncogenómicos también se utilizan para estudiar los

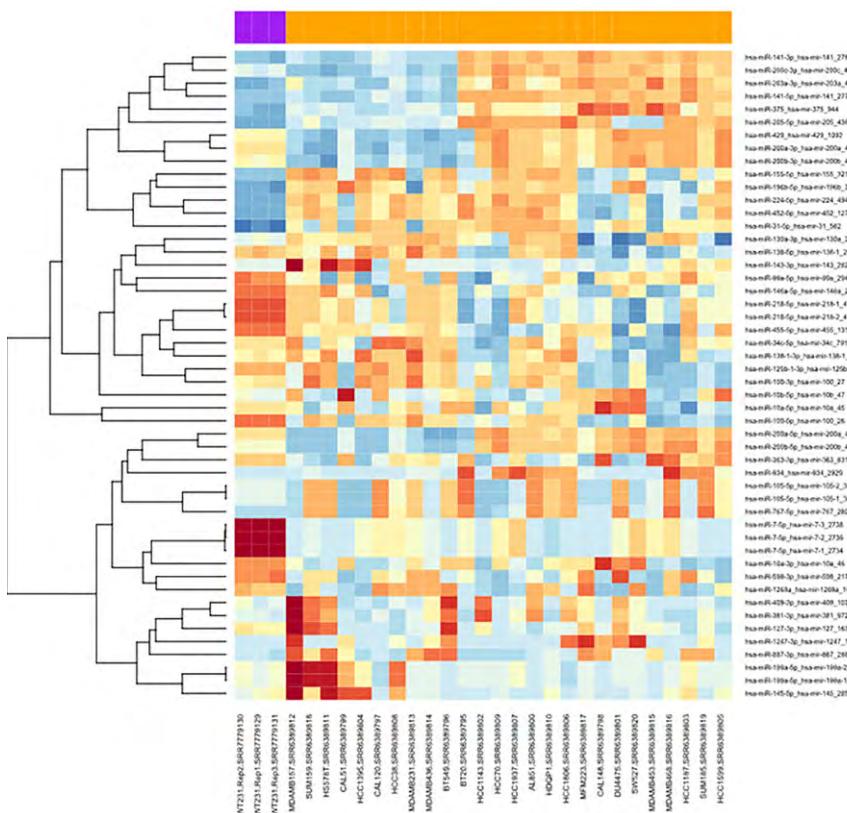


Figura 1.

Mapa de calor de la expresión de microRNAs asociado a cáncer de mama triple negativo. Esta construcción permitió observar que utilizando el top 50 de los microRNAs asociados a cáncer de mama, triple negativo, con mayor varianza en su expresión, permite separar la muestras en dos grupos. En las filas se muestran los microRNAs y en las columnas las muestras. Los mosaicos reflejan una bajo expresión en tonos azules mientras que la sobre expresión se muestra en rojo

Elaboración propia

Egresada del Doctorado Institucional en Ingeniería y Ciencia de Materiales (DICIM) de la UASLP con la línea de investigación de Biomateriales e Ingeniería Molecular. Se desempeña como profesora investigadora de Tiempo Completo, adscrita a la Unidad Académica Multidisciplinaria Región Altiplano de la UASLP, e integrante del Sistema Nacional de Investigadores (SNI), nivel I. Actualmente desarrolla proyectos de investigación en oncogenómica y bioinformática, con énfasis en cáncer de mama.



cambios en la expresión génica a medida que el cáncer progresá, proporcionando información valiosa sobre la evolución de la enfermedad y la aparición de resistencia a los tratamientos.

f) Apoyo en la toma de decisiones clínicas: Los resultados de los mapas de calor pueden orientar a los médicos a tomar decisiones informadas sobre la selección de tratamientos en pacientes con cáncer, especialmente en casos de tumores poco comunes o resistentes a las terapias convencionales.

Uno de los usos más comunes de los mapas de calor en bioinformática es el análisis de expresión génica, ya que permite visualizar cómo los genes se activan o se silencian en diferentes condiciones experimentales. Esto facilita la identificación de patrones de expresión que pueden estar relacionados con procesos biológicos específicos o enfermedades. Por ello, los mapas de calor se han convertido en una herramienta fundamental en la investigación de biomoléculas (Figura 1).

### Conclusiones:

En el ámbito de la medicina y la investigación biomédica, los mapas de calor también se han utilizado para explorar la variabilidad genética en poblaciones humanas, identificar marcadores genéticos

de enfermedades y predecir la respuesta a tratamientos específicos. Esto ha contribuido a avances significativos en el desarrollo de la medicina personalizada, donde los tratamientos se adaptan a las características genéticas individuales de los pacientes.

En resumen, los mapas de calor constituyen una herramienta esencial en la bioinformática, ya que ha transformado la forma en se analizan e interpretan los datos biológicos. Su capacidad para visualizar datos complejos de manera intuitiva y efectiva ha impulsado avances en la investigación biomédica, la genómica, la biología molecular y otras áreas afines. En los siguientes apartados de este trabajo se abordará con mayor profundidad el proceso de elaboración y utilidad de los mapas de calor, así como algunos ejemplos de su aplicación en la bioinformática.

Por lo tanto, los mapas de calor oncogenómicos representan una herramienta clave en la investigación y el tratamiento del cáncer, ya que facilitan la comprensión de la biología subyacente de la enfermedad, la identificación de biomarcadores y dianas terapéuticas, y la mejora de la precisión en el diagnóstico y el tratamiento, lo que en última instancia puede tener un impacto significativo en la calidad de vida y el pronóstico de los pacientes. **UF**

### Referencias bibliográficas:

- Villarino, Z. (2018). GENÉTICA MOLECULAR, GENÓMICA Y BIOINFORMÁTICA. *Journal of Basic and Applied Genetics*, 29(1), 59-65.
- Pirchio, R. (2022). Clasificación de cáncer de mama con técnicas de análisis de la componente principal-Kernel PCA, algoritmos de máquina de vectores de soporte y regresión logística. *MediSur*, 20(2), 199-209.
- Salas Urbano, M. (2021). Análisis de redes de coexpresión en cáncer.
- Monroy Nicolás, I. D., NICOLAS, M., & DANIELA, I. (2021). Reposicionamiento de fármacos como terapia para el cáncer de mama triple negativo mediante herramientas bioinformáticas (Master's thesis, Benemérita Universidad Autónoma de Puebla).
- Tormo Martín, E. (2017). Estudio de los perfiles de expresión de microRNAs en líneas celulares de cáncer de mama triple negativo tratadas con doxorubicina: implicación de la familia miR-449.