

Bioinformática utilizada en la detección del covid-19; Análisis del desarrollo bioinformático en el ámbito computacional en América Latina

Bioinformatics used in the detection of covid-19; Analysis of bioinformatics development in the computational field in Latin America

Bioinformática utilizada na detecção da covid-19; Análise do desenvolvimento da bioinformática na área computacional na América Latina

Solorzano-Zambrano, Odaly Andrea

Universidad Técnica de Manabí

osolorzano4644@utm.edu.ec

<https://orcid.org/0009-0006-2119-1119>



Demera-Ureta, Gabriel

Universidad Técnica de Manabí

gabriel.demera@utm.edu.ec

<https://orcid.org/0000-0002-4429-2282>



 DOI / URL: <https://doi.org/10.55813/gaea/ccri/v5/n1/294>

Como citar:

Solórzano-Zambrano, O. A., & Demera-Ureta, G. (2024). Bioinformática utilizada en la detección del covid-19; Análisis del desarrollo bioinformático en el ámbito computacional en América Latina. *Código Científico Revista de Investigación*, 5(1), 87–111.

Recibido: 17/10/2024

Aceptado: 10/06/2024

Publicado: 30/06/2024

Resumen

Los avances en la tecnología son fundamentales para el descubrimiento de las características que poseen los diferentes virus presentados en la actualidad, como es el caso de la bioinformática con respecto a la pandemia por covid-19, los métodos utilizados en la secuenciación genómica del virus han contribuido de manera significativa en el análisis de considerables cantidades de datos obteniendo información relevante durante la evolución del virus, aportando en el desarrollo de plataformas y medicamentos que ayudaron a la disminuir el impacto causado por el SARS-CoV-2. La bioinformática se conoce como una disciplina que combina la biología con la informática y tecnología de información que mediante técnicas aplicadas en los algoritmos de procesamiento de datos, análisis estadísticos y modelado computacional extraen los conocimientos útiles de datos biológicos los mismos que son utilizados en diferentes campos generando cada vez más precisión en sus resultados y sobre todo que los expertos incursionen con esta disciplina en sus diferentes estudios e investigaciones. Este artículo tiene como objetivo realizar una revisión sistemática de la literatura científica a partir de estudios que contengan información relevante respecto a tecnología bioinformática. El desarrollo de esta disciplina es limitado en países que conforman el territorio de América Latina, esto a partir de diversos factores económicos y de infraestructura, sin embargo, existen países que han apostado al desarrollo computacional con la tecnología bioinformática a través del desarrollo de herramientas e investigaciones documentales lo cual les permite establecer un patrón a partir de los datos.

Palabras claves: Bioinformática, Covid-19, América Latina, Pandemia.

Abstract

Advances in technology are essential for the discovery of the characteristics of the different viruses currently presented, as is the case of bioinformatics with respect to the pandemic by covid-19, the methods used in the genomic sequencing of the virus have contributed significantly in the analysis of considerable amounts of data obtaining relevant information during the evolution of the virus, contributing to the development of platforms and drugs that helped to reduce the impact caused by SARS-CoV-2. Bioinformatics is known as a discipline that combines biology with computer science and information technology that through techniques applied in data processing algorithms, statistical analysis and computational modeling extract useful knowledge from biological data which are used in different fields generating more and more precision in their results and above all that experts venture with this discipline in their different studies and research. The objective of this article is to perform a systematic review of the scientific literature based on studies that contain relevant information regarding bioinformatics technology. The development of this discipline is limited in Latin American countries, due to different economic and infrastructure factors. However, there are countries that have bet on computational development with bioinformatics technology through the development of tools and documentary research, which allows them to establish a pattern from the data.

Keywords: Bioinformatics, Covid-19, Latin America, Pandemic.

Resumo

Os avanços da tecnologia são fundamentais para a descoberta das características dos diferentes vírus apresentados atualmente, como é o caso da bioinformática no que diz respeito à pandemia

da covid-19. Os métodos utilizados na sequenciação genômica do vírus contribuíram significativamente para a análise de quantidades consideráveis de dados obtendo informações relevantes durante a evolução do vírus, contribuindo para o desenvolvimento de plataformas e fármacos que ajudaram a reduzir o impacto causado pelo SARS-CoV-2. A bioinformática é conhecida como uma disciplina que combina a biologia com a ciência da computação e a tecnologia da informação que, através de técnicas aplicadas em algoritmos de processamento de dados, análise estatística e modelação computacional, extrai conhecimento útil de dados biológicos que são utilizados em diferentes campos, gerando cada vez mais precisão nos seus resultados e, acima de tudo, que os especialistas se aventuram com esta disciplina nos seus diferentes estudos e investigações. O objetivo deste artigo é realizar uma revisão sistemática da literatura científica com base em estudos que contenham informações relevantes sobre a tecnologia da bioinformática. O desenvolvimento desta disciplina é limitado nos países que compõem o território latino-americano, devido a diversos fatores económicos e de infraestruturas. No entanto, há países que apostaram no desenvolvimento computacional com a tecnologia da bioinformática através do desenvolvimento de ferramentas e da investigação documental, o que lhes permite estabelecer um padrão a partir dos dados.

Palavras-chave: Bioinformática, Covid-19, América Latina, Pandemia.

Introducción

A finales del año 2019 se desato una enfermedad denominada covid-19 ocasionando la muerte de millones de seres humanos a nivel mundial lo que obligo a la humanidad a encerrarse en cuarentena para poder evitar los riesgos de contagio, pero no siempre se estaría encerrado había que empezar a afrontar la situación que el mundo entero estaba atravesando, empezar a descubrir cómo surgió el virus, cuáles eran los síntomas además de desarrollar alguna estrategia para contrarrestar las sintomatologías.

Es evidente que la tecnología actual es un aliado de la medicina, pues por medio de distintas herramientas o medicamentos que ya poseen inteligencia artificial u otra disciplina que se despliega de la informática, se ha podido disminuir riesgos de muerte en el ser humano previniendo enfermedades que pueden atacar el sistema inmune o contrarrestando los síntomas.

Esta investigación se enfocará precisamente en una disciplina presente en el campo tecnológico y está en auge del descubrimiento y desarrollo, se trata de la bioinformática que según el Instituto Nacional de investigación del Genoma Humano (por sus siglas en inglés, NHGRI), relacionada con la genética y la genómica es una subdisciplina científica que implica

el uso de ciencias informáticas para recopilar, almacenar y analizar y diseminar datos e información biológica (Statista, 2023).

La bioinformática es una de las disciplinas científicas que ha generado mucho protagonismo en los últimos años y ha sido relevante en la aparición del coronavirus, tomando un papel importante ha sido clave en el manejo e interpretación de datos, logrando avanzar en la detección de las múltiples variantes que ha generado el SARS-CoV-2, además de otras investigaciones (Universia, 2022).

En este artículo se pretende plantear los avances que ha tenido la bioinformática con relación al covid-19 durante estos años de pandemia, además de analizar el desarrollo bioinformático que se desenvuelve continuamente en diversos países de América Latina, conocer los diversos métodos que aportan en los resultados de muestras biológicas pues mientras más avanza la tecnología se convierte de suma importancia informarse sobre cómo funcionan las disciplinas empleadas, medicamentos y herramientas elaboradas con el fin de disminuir la presencia de enfermedades para con el ser humano. Comprender que la tecnología y la informática estarán presentes de una u otra forma en la vida de cada individuo con distintos métodos ejerciendo un papel significativo en el bienestar de los habitantes del mundo, ya no se está inmerso de las diferentes investigaciones tecnológicas más bien se debe colaborar y facilitar con nuevos descubrimientos, pero antes es necesario adquirir conocimientos que permitan apostar al desarrollo de nuevas tecnologías.

Bioinformática

El termino Bioinformática hace referencia a una disciplina técnica y científica relativamente nueva la misma que se remonta a algo más de tres décadas. Se acepta una descripción de la misma al relacionarla con las matemáticas y la biología a través de la informática cuyo aporte más importante se dio cuando se abrió las puertas del genoma para el entendimiento del mapa de la vida por los científicos (Graell, 2023), al unirse la biología, la

computación y la informática, se estudia la bioinformática, principalmente los datos acumulados sobre secuencias de ácido desoxirribonucleico (ADN) y aminoácidos (proteínas). Todas estas secuencias son como ladrillos con los que están contruidos los seres vivos (Dueñas Rodríguez & Ticona Vilca, 2022).

Al estudiar la bioinformática se puede descubrir que esta se ocupa del desarrollo de nuevas metodologías, contando en la actualidad con un amplio conjunto de herramientas computacionales que permiten sistematizar, extraer y analizar la información biológica contenida en secuencias moleculares tanto de ácidos nucleicos como de proteínas (Ferrelli ; et al., 2022), visualizando a la bioinformática como un método en expansión con lazos computacionales significantes que ayudaran en un futuro no tan lejano a desarrollar diversos ámbitos como por ejemplo la industria y medicina.

Análisis computacional

Existe un campo amplio y diverso respecto al análisis computacional adoptando diferentes significados al relacionarlo con otros componentes. Los métodos computacionales abarcan un área interesante y prometedora en el campo de la investigación en comunicación en diferentes partes del mundo, a nivel global se encuentra la disponibilidad de datos en redes sociales, datos de rastreo digital y de otros tipos que estudian patrones de comunicación y de comportamiento social (Arcila Calderón et al., 2021). En cuanto al pensamiento computacional es el proceso que permite formular problemas de forma que las soluciones pueden ser representadas como secuencias de instrucciones y algoritmos, donde la informática aplica herramientas y técnicas para comprender y razonar sobre sistemas y procesos tanto naturales como artificiales (León, 2014), es por ello que el pensamiento computacional no alcanza su verdadero carácter de innovación hasta que no está incluido en los programas oficiales (Zapata Ros, 2020), en otras palabras, es una habilidad esencial del mundo digitalizado en el que nos encontramos, no solo se trata de entender el funcionamiento de los ordenadores y la

tecnología, sino también de aplicar ese conocimiento en el día a día para resolver problemas y tomar decisiones efectivas (Gomez Gonzales, 2023).

Coronavirus

Coronavirus también conocido como covid-19, es una enfermedad infecciosa causada por el virus SARS-CoV-2. Las personas infectadas en su gran mayoría experimentan enfermedad respiratoria de leve a moderada, algunos no necesitan un tratamiento especial y en otros casos requieren atención medica controlada, afecta de manera drástica a personas mayores o con enfermedades subyacentes como cardiovasculares, diabetes, enfermedades respiratorias o cáncer (OMS, s. f.).

Las personas afectadas por covid-19 pueden propagar la enfermedad aun siendo asintomáticas, también se conoce que la transmisión de animales a humanos por covid-19 es bajo sin embargo, se debería evitar el contacto de humanos con animales si se presentan síntomas (CDC, 2020).

Metodología

Para llevar a cabo esta investigación se realizó un proceso basado en cinco pasos detallados a continuación: (1) Determinar las preguntas de investigación; (2) indagar en la documentación pertinente; (3) seleccionar los estudios necesarios; (4) examinar los resúmenes de los estudios y definir las palabras claves; (5) mapear los estudios primarios ya seleccionados. Luego de ejecutar estos pasos se presentan los resultados, por lo cual para agilizar y facilitar la selección de estudios se complementó la realización de la investigación con el software Parsifal ya que esta brinda herramientas que permite documentar paso a paso la investigación y además contribuye en el proceso de seleccionar los estudios.

Preguntas de investigación

Con la problemática planteada y la delimitación que se define en la investigación, se establecieron las preguntas de investigación (RQs), las mismas que fueron definidas con relación a los objetivos de este estudio: analizar los avances de la bioinformática con relación al COVID-19 y el aporte bioinformático generado en América Latina durante los años de pandemia. De esta forma se sigue las directrices necesarias hasta llegar a los RQ que se presentan a continuación:

RQ1: ¿Cuál es el impacto de la bioinformática en la detección temprana del COVID-19?

RQ2: ¿Qué países en América Latina se involucran en el desarrollo y/o estudio computacional o bioinformático?

RQ3: ¿Los métodos bioinformáticos han evolucionado en el ámbito computacional luego de presentarse la pandemia por COVID-19?

RQ4: ¿Cómo ha mejorado la eficiencia de las pruebas de diagnóstico del COVID-19 mediante el uso de procedimientos bioinformáticos?

Criterios de inclusión y exclusión

Durante la selección de estudios se tomó en cuenta los títulos y resúmenes correspondientes en los cuales se determinaron los siguientes criterios de inclusión y exclusión, mismos que se visualizan en la Tabla 1:

Tabla 1*Criterios de inclusión y exclusión*

Criterios de inclusión	Criterios de exclusión
Artículos desde 2020	Investigaciones publicadas con anterioridad al 2019
artículos de revista	Investigaciones sin publicar
Conferencias en congresos	Publicación con actualizaciones
Estudios relacionados con bioinformática	
Estudios en inglés, español y portugués	

Nota: Autores (2024)**Bibliotecas Digitales y Cadenas de Búsquedas**

Se consideraron las siguientes bibliotecas digitales para realizar la revisión de literatura: ACM Digital Library, Science Direct y Scopus; debido a que presentan una amplia gama de publicaciones relacionadas a la informática e ingeniería, con una base de datos extensa y consistente en información.

Como primer paso en la búsqueda inicial se utilizó palabras claves y términos relacionados:

- Bioinformatic
- Covid-19
- Latín America
- Pandemic

Con relación a estos términos se formó y se obtuvo la siguiente cadena de búsqueda la misma que se va a utilizar para abordar la investigación:

("latin america") AND ("Bioinformatic") AND ("covid-19" OR "pandemic") esta cadena se aplicó al título, resumen y palabras clave entre un periodo de búsqueda correspondiente entre 2019 y 2023.

Evaluación de calidad

Para concluir con la búsqueda se propuso normas de calidad las mismas que ayudaron a depurar los estudios que no cumplían con lo establecido y de esta manera refinar los seleccionados, se llevó a cabo a través de tres parámetros expuestos de la siguiente manera:

- Objetivos de investigación claramente específicos
- Haber sido citado al menos 10 veces
- Investigación interdisciplinar

Cada uno de los parámetros comprenden de una calificación la cual se encuentra detallada en la tabla 2, esta puntuación ayudó a la selección de los artículos primarios, donde solo aquellos que obtengan la calificación igual o mayor a 2.5 serán los seleccionados para utilizar en este trabajo de investigación.

Tabla 2

Calificación de los parámetros de la evaluación de calidad

Detalle	Valor
Si	1
Parcialmente	0.5
No	0

Nota: Autores (2024)

Resultados

Los resultados obtenidos en la búsqueda inicial en las bibliotecas digitales escogidas y a través de la cadena formulada se pueden visualizar a continuación en la Tabla 3:

Tabla 3

Resultados de la búsqueda inicial

Suggested String	Database	Results
("latin america") AND ("Bioinformatic") AND ("covid-19" OR "pandemic")	ACM Digital	70
	Library	
	Science Direct	78
	Scopus	253

Nota: Autores (2024)

Al aplicar los criterios de inclusión y exclusión y descartar los estudios que no cumplieran con la temática presentada se depuraron los estudios no relacionados a la búsqueda inicial dejando como resultado lo siguiente, lo cual se puede observar en la Tabla 4.

Tabla 4

Resultados con la aplicación de criterios de inclusión y exclusión

Bibliotecas digitales	Artículos identificados	Total, luego de la aplicación de criterios de inclusión y exclusión	Total, luego de la depuración de los estudios no relacionados
ACM Digital	70	8	4
Library			
Science Direct	78	19	12
Scopus	253	49	30

Nota: Autores (2024)

Para finalizar se refina la búsqueda en la selección de estudios en la selección de estudios con los cuales se realizó esta investigación se aplicó la evaluación de calidad a los documentos anteriormente seleccionados dando como resultado el total de 32 estudios utilizados, los cuales se observan en la Tabla 5.

Tabla 5

Artículos seleccionados

Item	Title	Academic Database
1	Epidemic Forecasting with a Data-Centric Lens	ACM
2	Effective Social Network-Based Allocation of COVID-19 Vaccines	
3	Bioinformatics of next generation sequencing in clinical microbiology diagnosis	Science Direct
4	Validation of a new strategy for the identification of SARS-CoV-2 variants by sequencing the spike gene by Sanger	
5	Recent progress on rapid SARS-CoV-2/COVID-19 detection by CRISPR-Case-based platforms	
6	Development of sequence characterized amplified region markers for identification of Azospirillum brasilense Az39	
7	A Clinician’s Guide to Bioinformatics for Next-Generation Sequencing	
8	Containers in Bioinformatics: Applications, Practical Considerations, and Best Practices in Molecular Pathology	
9	Advances in clinical genetics and its current challenges	
10	A comprehensive analysis and resource to use CRISPR-Case 13 for broad-spectrum targeting of RNA viruses	
11	Identification of potentially anti-COVID-19 active drugs using the connectivity MAP	Science Direct
12	Validation of an ngs panel designed for detection of actionable mutations in tumors common in Latin America	

- 13 Erratum: Ten simple rules for organizing a bioinformatics training course in low- and middle-income countries (PLoS Computational Biology (2021) 17:8 (e1009218) DOI: 10.1371/journal-pcbi.1009218)
- 14 Challenges and Considerations for Delivering Bioinformatics Training in LMICs: Perspectives From Pan-African and Latin American Bioinformatics Networks
- 15 Highlights of the 1st Ecuadorian-Venezuelan Symposium of Young Researchers in Bioinformatics (1SEVJIB)
- 16 Overview of the SARS-CoV-2 genotypes circulating in Latin America during 2021
- 17 A broad-spectrum macrocyclic peptide inhibitor of the SARS-CoV-2 spike protein
- 18 Applying the digital data and the bioinformatics tools in SARS-CoV-2 research
- 19 COMPARE Analysis, a Bioinformatics Approach to Accelerate Drug Repurposing against Covid-19 and Other Emerging Epidemics
- 20 Applied Bioinformatics and Public Health Microbiology: challenges, discoveries, and innovations during a pandemic
- 21 Scoping review on the role and interactions of hydroxytyrosol and alpha-cyclodextrin in lipid-raft-mediated endocytosis of SARS-CoV-2 and bioinformatics molecular docking studies
- 22 Supporting pandemic response using genomics and bioinformatics: A case study on the emergent SARS-CoV-2 outbreak
- 23 Computational analysis of targeting sars-cov-2, viral entry proteins ace2 and tmprss2, and interferon genes by host micrnas
- 24 Bioinformatic study to discover natural molecules with activity against COVID-19

Scopus

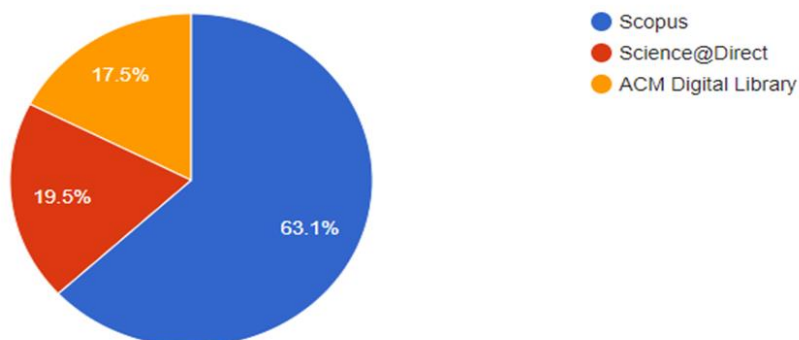
- 25 Evaluation of NGS-based approaches for SARS-CoV-2 whole genome characterization
- 26 Desing of a companion bioinformatic tool to detect the emergence and geographical distribution of SARS-CoV-2 Spike protein genetic variants
- 27 New putative animal reservoirs of SARS-CoV-2 in Italian fauna: A bioinformatic approach
- 28 Recent trends on omics and bioinformatics approaches to study SARS-CoV-2: A bibliometric analysis and mini-review
- 29 Transdisciplinary Approach for Bioinformatics Education in Southern Brazil
- 30 Bioinformatic prediction of NBS-LRR proteins in the Coffea arabica genome; [Predicción bioinformática de proteínas NBS-LRR en el genoma de Coffea arábica]
- 31 Gencode 2021
- 32 Toward the Effective Bioengineering of a Pathological Tissue for Cardiovascular Disease Modeling: Old Strategies and New Frontiers for Prevention, Diagnosis and Therapy

Nota: Autores (2024)

A través de estadísticas se puede visualizar el proceso de selección de estudios, a continuación, se muestra en la Figura 1 el esquema de estudios que se obtuvieron en la búsqueda inicial, en la cual se aplica los criterios de inclusión y exclusión en cada biblioteca digital seleccionada para la investigación, luego, en la Figura 2 se visualiza la representación de los estudios aceptados por cada recurso, comparándolos con aquellos que arrojó la investigación en el punto inicial, por último, en la Figura 3 se visualiza la distribución de los artículos en cuestión de tiempo la misma que muestra los años con mayor afluencia de estudios publicados con respecto al tema de investigación.

Figura 1

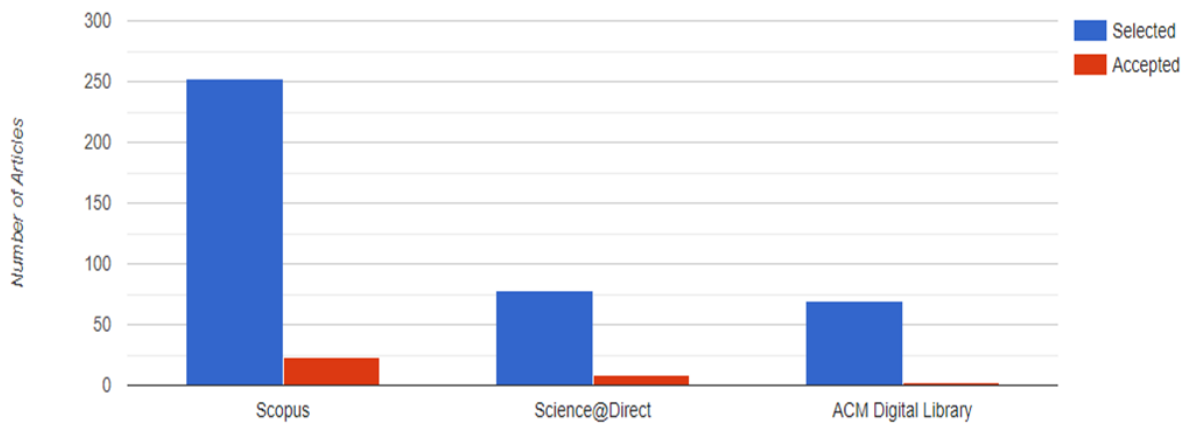
Artículos obtenidos por fuente



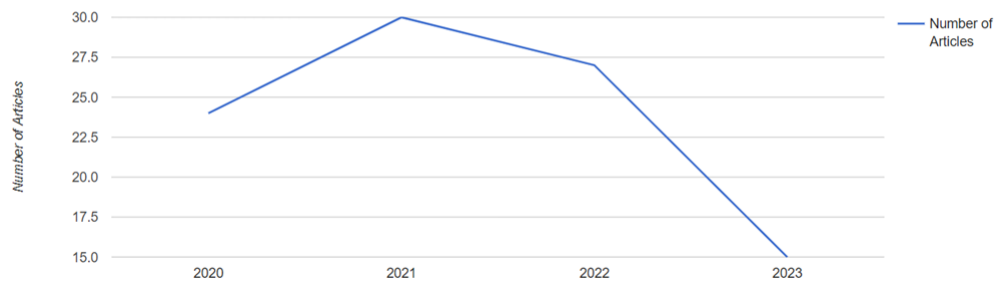
Nota: Autores (2024)

Figura 2

Artículos aceptados por fuente



Nota: Autores (2024)

Figura 3*Artículos aceptados por fuente*

Nota: Autores (2024)

Respuestas a las preguntas de investigación

Los estudios que han sido seleccionados en la presente revisión sistemática de literatura son los que permiten responder las preguntas formuladas en esta investigación.

Respecto a la RQ1 basada en el impacto que ha generado la bioinformática en relación a la detección temprana del Covid-19 se obtuvo que se han generado diversas variantes del SARS-CoV-2, por lo cual se ha requerido técnicas y equipos costosos, tiempos extendidos en procesamiento y personal altamente calificado en conocimientos bioinformáticos (E. Murillo et al., 2023), avances en algoritmos novedosos, tecnología de megadatos, inteligencia artificial y aprendizaje profundo ayudaron al desarrollo de nuevas herramientas bioinformáticas para analizar los datos del SARS-CoV-2 (Tan et al., 2023), además, utilizando la combinación de potentes algoritmos de predicción bioinformática y perfiles de evaluación de miARN (Pierce et al., 2020; Lin et al., 2021) se generó un impacto dramático debido a la gravedad de la enfermedad y eficacia de la vacuna pero, estas nuevas herramientas pueden crear un marco para hacer frente a las próximas oleadas de pandemias virales (Massacci et al., 2020) debido al gran impacto ocasionado por la informática en relación al estudio de enfermedades infecciosas (Hernández et al., 2020).

En cuanto a la RQ2 que se focaliza en los países de América Latina, los cuales se involucran en el desarrollo y/o estudio computacional o bioinformático, se puede indicar que en comparación de América del Norte, Europa y Asia (J. Murillo et al., 2021) los países latinoamericanos presentan muchas dificultades, encontrándose con varias barreras que impiden adentrarse al desarrollo de herramientas bioinformáticas y al uso de esa tecnología (Salvo et al., 2021), sin embargo, ciertas naciones destacan en el análisis computacional, ejerciendo un papel importante en descubrimientos y desarrollos tecnológicos. Brasil, Chile, Argentina, México y Colombia tienen programas de pregrado y posgrado en bioinformática relativamente avanzados en comparación en otros países de América Latina, pues, algunas regiones se desarrollan más rápido que otras (Ras et al., 2021; Dorn et al., 2021), estos países poseen alrededor del 98% de los artículos de bioinformática en el periodo comprendido entre 1991 y 2016, quedándose atrás Ecuador y Venezuela, que en el mismo lapso de tiempo llegaron entre ambos a 32 artículos (Puche Quiñonez et al., 2022).

En lo que concierne a la RQ3 los métodos bioinformáticos han evolucionado en el ámbito computacional luego de presentarse a la pandemia por COVID-19, se descubrió que debido a las limitaciones que se presentan con los convencionales métodos de diagnóstico como el PCR en tiempo real y las pruebas serológicas la comunidad científica ha tenido que innovar (Aquino Jarquin, 2021), realizar pruebas aplicando modelos *in silicio* (Lin et al., 2021), *in vivo* e *in vitro* para la disección de enfermedades cardiovasculares (Iop, 2021), también el NGS (secuenciación de nueva generación), que se refiere a la tecnología que analiza el ADN en forma masiva y paralela, requiere amplios recursos computacionales y software bioinformático sofisticado para producir resultados informativos y procesables (Larson et al., 2023) y (Charre et al., 2020), pues, ayuda a identificar los genes responsables de trastornos genéticos, la comprensión del cáncer hasta predecir la respuesta a diferentes fármacos (Santos Simarro, 2022; Kadri et al., 2022).

Para finalizar, en lo que corresponde a la RQ4 Hoy se hace referencia en cuanto a la eficacia de las pruebas diagnóstico del COVID-19 mediante el uso de procedimientos bioinformáticos, pues bien, no se puede determinar con certeza si la eficiencia de las pruebas del coronavirus han mejorado por los procedimientos bioinformáticos, debido a que los síntomas entre individuos varían y las pruebas están variando todo el tiempo, por ello, es posible que la eficacia sea compleja de cuantificar, sin embargo, los enfoques bioinformáticos pueden informar mejor la epidemiología y las respuestas a los virus transfronterizos al sintetizar información compleja de manera más efectiva y sistemática (Bauer et al., 2020), los procedimientos bioinformáticas ayudan en el descubrimiento de taxonomía y el origen animal del SARS-CoV-2 (J. Murillo et al., 2021), o utilizándose en el análisis del acoplamiento molecular del SARS-CoV-2 (Florez & Singh, 2020)..

Discusión

El propósito al llevar a cabo esta revisión fue encontrar los principales progresos bioinformáticos luego de presentarse el virus SARS-CoV-2 (coronavirus o covid-19), después de un análisis a la literatura, se han descubierto diversos procesos relacionados a la tecnología y bioinformática los mismos que han aportado al estudio de la pandemia, esto se obtuvo a través de los 32 artículos seleccionados en los cuales se destaca lo siguiente:

- Aparición del SARS-CoV-2 y las primeras investigaciones de su composición: El coronavirus-2 (SARS-Cov-2) se trata de un síndrome respiratorio severo altamente transmisible las primeras investigaciones fueron realizadas en animales que potencialmente pueden ser reservorios del virus (Buonocore et al., 2020; Frankish et al., 2021), debido a que las investigaciones arrojaron grandes cantidades de datos y esto se debían almacenar, evaluar y analizar adecuadamente, se desarrollaron o actualizaron importantes herramientas bioinformáticas y aplicación de enfoque in silicio (Bauer

et al., 2020; Tan et al., 2023), incluyendo también enfoques a otras enfermedades infecciosas (Cunningham Oakes & Trivett, 2022).

- Propagación y seguimiento del virus: Existe mucho interés en las soluciones centradas en datos para la prevención de epidemias, por los gobiernos, organismos de salud pública y financiación lo reflejan a través de iniciativas como por ejemplo en la creación del primer centro de predicción y análisis de brotes epidémicos por parte del USCDC esto en el año 2021 (Rodríguez et al., 2022), es necesario el análisis evolutivo basado en datos epidemiológicos y clínicos para identificar el patrón de mutación del SARS-CoV-2 utilizando tecnologías de Big Data, aprendizaje profundo e inteligencia artificial (Tan et al., 2023). En América Latina se llevó a cabo el análisis del genoma SARS-CoV-2 utilizando protocolos de laboratorio y canales bioinformáticos esto en siete países; Argentina, Bolivia, Brasil, Costa Rica, Colombia, México y Perú, obteniendo los datos de la plataforma llamada GISAID considerando las variantes Gamma, Mu y Lambda que predominan en Sudamérica (Molina Mora et al., 2023).
- Desarrollo y efectividad de tratamientos: Debido al tiempo que conlleva el desarrollo de fármacos teniendo en cuenta la velocidad de la enfermedad la reutilización de fármacos (Naasani, 2021), podría ser una estrategia, para ello se utilizó el recurso bioinformático CMap del Broad Institute (Bonnet et al., 2022), además de realizar estudios bioinformáticos entre compuestos como Ciclodextrina e Hidroxitirosol (Paolacci et al., 2021), pero, como era de suma necesidad el desarrollo de tratamientos y medicamentos que contrarrestaran los síntomas y evitar la muerte de los individuos se realizaron pruebas de péptidos de unión a picos del SARS-CoV-2 que ayudaron a la elaboración de vacunas (Thijssen et al., 2023). Luego de la elaboración de las vacunas, se necesitaba la distribución, esto para reducir de alguna manera el impacto de la

pandemia, por lo que se utilizó datos de redes sociales con enfoques bioinformáticos, identificando dónde se necesitaba el tratamiento con mayor premura (Chen et al., 2022).

- Progreso de la bioinformática en América Latina: Los países latinoamericanos que se involucran en la investigación y análisis bioinformáticos realmente son pocos, ya que en su mayoría son regiones de ingresos bajos y medianos, por ello ha existido iniciativa por parte del proyecto de Desarrollo para la Bioinformática en América Latina (CABANA) y otras organizaciones (Ras et al., 2021; Moore et al., 2022), se planea implementar capacitaciones acorde al país y región que sea relevante y aplicable esto incluye la biodiversidad, las enfermedades raras y transmisibles, las enfermedades tropicales y la investigación de cultivos nativos (Ras et al., 2021), en el país hondureño se realizan búsquedas de genes de resistencia de plantas gracias al genoma completo de *Coffea arábica* y el desarrollo de múltiples herramientas bioinformáticas (Moncada et al., 2022), por medio de abordajes bioinformáticos se efectúan búsquedas de secuencias únicas en el genoma de *Azospirillum brasiliense* Az3 esto es realizado por empresas productoras de inoculantes para la formulación de bioinsumos en Sudamérica (Coniglio et al., 2020).

La bioinformática ha desempeñado un papel crucial en el transcurso de la pandemia por covid-19, a través del análisis de datos ha identificado el comportamiento del virus, su composición y estructura, colaborando en el diseño de tratamientos y vacunas, además de dar lugar a muchos cambios en los paradigmas y enfoques tecnológicos, existen diversas herramientas bioinformáticas encargadas de rastrear la evolución patógena del virus. SARS-CoV-2, pero esta tecnología también aporta en dar solución a diversos campos como la medicina, farmacéutica y hasta las industrias, por ello, es que el término cada vez se encuentra más familiarizado generando interés en los gobiernos y organizaciones privadas que financian

diversas investigaciones, con el fin de desarrollar herramientas que brinden solución a los distintos campos.

Conclusión

Los estudios seleccionados para esta revisión sistemática de literatura permitieron entender la importancia que ha tenido la bioinformática durante estos años de pandemia por covid-19, los métodos y herramientas utilizadas han logrado extraer información respecto a la secuenciación genómica del virus, identificando variantes y rastreando el comportamiento del virus. Cabe recalcar que la bioinformática ha contribuido de manera efectiva en el desarrollo de vacunas a través de la identificación de antígenos y analizando enormes cantidades de datos que examinaban la eficacia de las vacunas. A raíz de emerger el SARS-CoV-2 y la constante evolución de la bioinformática a nivel mundial se ha podido colaborar entre distintas regiones y países compartiendo información importante sobre el desarrollo de la pandemia, con lo cual se ha conseguido prever la propagación del virus y evaluar el posible impacto por las medidas de control. Por otra parte, con los estudios analizados fue posible identificar los países latinoamericanos que se encuentran con mayor incursión en la investigación y desarrollo de herramientas con tecnología bioinformática, como es el caso de México, Argentina y Brasil, siendo las principales naciones que realizan investigaciones relacionadas a este campo y promueven a través de diversas organizaciones públicas y privadas la incursión en esta disciplina, no solo para el ámbito médico, sino también en la biología, agricultura, industrias y más, sin embargo, en Latinoamérica no se posee un desarrollo igualitario respecto al ámbito bioinformático en la mayoría de países se presentan desafíos en términos de infraestructura, economía y conocimientos, ocasionando que el progreso disminuya. En conclusión, la bioinformática está emergiendo como una técnica valiosa en cada uno de los campos en que se la aplica, convirtiéndose en un pilar fundamental dentro de la investigación científica por lo

que cada vez más la región latinoamericana busca inmiscuirse con alianzas entre países vecinos en el conocimiento y desarrollo tecnológico.

Referencias bibliográficas

- Aquino Jarquin, G. (2021). Recent progress on rapid SARS-CoV-2/COVID-19 detection by CRISPR-Cas13-based platforms. *Drug Discovery Today*, 26(8), 2025-2035. <https://doi.org/10.1016/j.drudis.2021.06.005>
- Arcila Calderón, C., Van Atteveldt, W., Trilling, D., Arcila Calderón, C., Van Atteveldt, W., & Trilling, D. (2021). Dossier Métodos Computacionales y Big Data en la Investigación en Comunicación. *Cuadernos.info*, 49, 1-4. <https://doi.org/10.7764/cdi.49.35333>
- Bauer, D. C., Tay, A. P., Wilson, L. O. W., Reti, D., Hosking, C., McAuley, A. J., Pharo, E., Todd, S., Stevens, V., Neave, M. J., Tachedjian, M., Drew, T. W., & Vasan, S. S. (2020). Supporting pandemic response using genomics and bioinformatics: A case study on the emergent SARS-CoV-2 outbreak. *Transboundary and Emerging Diseases*, 67(4), 1453-1462. Scopus. <https://doi.org/10.1111/tbed.13588>
- Bonnet, R., Mariault, L., & Peyron, J.-F. (2022). Identification of potentially anti-COVID-19 active drugs using the connectivity MAP. *PLoS ONE*, 17(1 January). Scopus. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0262751>
- Buonocore, M., Marino, C., Grimaldi, M., Santoro, A., Firoznejhad, M., Paciello, O., Prisco, F., & D'Ursi, A. M. (2020). New putative animal reservoirs of SARS-CoV-2 in Italian fauna: A bioinformatic approach. *Heliyon*, 6(11). Scopus. <https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2020.e05430>
- CDC. (2020, febrero 11). *El COVID-19 y su salud*. Centers for Disease Control and Prevention. <https://espanol.cdc.gov/coronavirus/2019-ncov/your-health/about-covid-19.html>
- Charre, C., Ginevra, C., Sabatier, M., Regue, H., Destras, G., Brun, S., Burfin, G., Scholtes, C., Morfin, F., Valette, M., Lina, B., Bal, A., & Josset, L. (2020). Evaluation of NGS-based approaches for SARS-CoV-2 whole genome characterisation. *Virus Evolution*, 6(2). Scopus. <https://doi.org/10.1093/ve/veaa075>
- Chen, J., Hoops, S., Marathe, A., Mortveit, H., Lewis, B., Venkatramanan, S., Haddadan, A., Bhattacharya, P., Adiga, A., Vullikanti, A., Srinivasan, A., Wilson, M. L., Ehrlich, G., Fenster, M., Eubank, S., Barrett, C., & Marathe, M. (2022). Effective Social Network-Based Allocation of COVID-19 Vaccines. *Proceedings of the 28th ACM SIGKDD Conference on Knowledge Discovery and Data Mining*, 4675-4683. <https://doi.org/10.1145/3534678.3542673>
- Coniglio, A., López, G., Gualpa, J., Molina, R., Rosas, S., Puente, M., Mora, V., & Cassán, F. (2020). Desarrollo de marcadores moleculares del tipo SCAR para la identificación de *Azospirillum brasilense* Az39. *Revista Argentina de Microbiología*, 52(1), 50-60. <https://doi.org/10.1016/j.ram.2019.02.004>

- Cunningham Oakes, E., & Trivett, H. (2022). Applied Bioinformatics and Public Health Microbiology: Challenges, discoveries and innovations during a pandemic. *Microbial Genomics*, 8(1). Scopus. <https://doi.org/10.1099/mgen.0.000757>
- Dorn, M., Ligabue-Braun, R., & Verli, H. (2021). Transdisciplinary Approach for Bioinformatics Education in Southern Brazil. *Frontiers in Education*, 6. Scopus. <https://doi.org/10.3389/educ.2021.725591>
- Dueñas Rodriguez, A. M., & Ticona Vilca, S. E. (2022). PRACTICA N° 05—MEGA DNA. *PRÁCTICA EN MEGA DNA*. https://www.academia.edu/80832638/PRACTICA_N_05_MEGA_DNA
- Ferrelli ;, M. L., Lozano, M., & Parisi, G. (2022). *Trabajos Prácticos Bioinformática 2021* (1a ed.). http://sedici.unlp.edu.ar/bitstream/handle/10915/145398/Documento_completo.pdf-PDFA.pdf?sequence=1&isAllowed=y
- Florez, H., & Singh, S. (2020). Bioinformatic study to discover natural molecules with activity against COVID-19. *F1000Research*, 9. Scopus. <https://doi.org/10.12688/f1000research.26731.1>
- Frankish, A., Diekhans, M., Jungreis, I., Lagarde, J., Loveland, J. E., Mudge, J. M., Sisu, C., Wright, J. C., Armstrong, J., Barnes, I., Berry, A., Bignell, A., Boix, C., Sala, S. C., Cunningham, F., Domenico, T. D., Donaldson, S., Fiddes, I. T., Girón, C. G., ... Flicek, P. (2021). GENCODE 2021. *Nucleic Acids Research*, 49(D1), D916-D923. Scopus. <https://doi.org/10.1093/nar/gkaa1087>
- Gomez Gonzales, L. (2023, mayo 4). *¿Qué es el Pensamiento Computacional?* Smartick. <https://www.smartick.es/blog/otros-contenidos/programacion/pensamiento-computacional/>
- Graell, R. D. G. (2023). SISTEMAS DE INFORMACIÓN BIOINFORMÁTICA: : DESAFÍOS QUE DEJA LA PANDEMIA DEL COVID-19 EN PANAMÁ. *Scientia*, 33(1), Article 1.
- Hernández, M., Quijada, N. M., Rodríguez-Lázaro, D., & Eiros, J. M. (2020). Aplicación de la secuenciación masiva y la bioinformática al diagnóstico microbiológico clínico. *Revista Argentina de Microbiología*, 52(2), 150-161. <https://doi.org/10.1016/j.ram.2019.06.003>
- Iop, L. (2021). Toward the Effective Bioengineering of a Pathological Tissue for Cardiovascular Disease Modeling: Old Strategies and New Frontiers for Prevention, Diagnosis, and Therapy. *Frontiers in Cardiovascular Medicine*, 7. Scopus. <https://doi.org/10.3389/fcvm.2020.591583>
- Kadri, S., Sboner, A., Sigaras, A., & Roy, S. (2022). Containers in Bioinformatics: Applications, Practical Considerations, and Best Practices in Molecular Pathology. *The Journal of Molecular Diagnostics*, 24(5), 442-454. <https://doi.org/10.1016/j.jmoldx.2022.01.006>

- Larson, N. B., Oberg, A. L., Adjei, A. A., & Wang, L. (2023). A Clinician's Guide to Bioinformatics for Next-Generation Sequencing. *Journal of Thoracic Oncology*, 18(2), 143-157. <https://doi.org/10.1016/j.jtho.2022.11.006>
- León, J. M. (2014, marzo 23). ¿Qué es el pensamiento computacional? *Programamos*. <https://programamos.es/que-es-el-pensamiento-computacional/>
- Lin, X., Liu, Y., Chemparathy, A., Pande, T., La Russa, M., & Qi, L. S. (2021). A comprehensive analysis and resource to use CRISPR-Cas13 for broad-spectrum targeting of RNA viruses. *Cell Reports Medicine*, 2(4). Scopus. <https://doi.org/10.1016/j.xcrm.2021.100245>
- Massacci, A., Sperandio, E., D'Ambrosio, L., Maffei, M., Palombo, F., Aurisicchio, L., Ciliberto, G., & Pallocca, M. (2020). Design of a companion bioinformatic tool to detect the emergence and geographical distribution of SARS-CoV-2 Spike protein genetic variants. *Journal of Translational Medicine*, 18(1). Scopus. <https://doi.org/10.1186/s12967-020-02675-4>
- Molina Mora, J. A., Reales-González, J., Camacho, E., Duarte Martínez, F., Tsukayama, P., Soto Garita, C., Brenes, H., Cordero Laurent, E., Ribeiro dos Santos, A., Guedes Salgado, C., Santos Silva, C., Santana de Souza, J., Nunes, G., Negri, T., Vidal, A., Oliveira, R., Oliveira, G., Muñoz Medina, J. E., Salas-Lais, A. G., ... Herrera-Estrella, A. (2023). Overview of the SARS-CoV-2 genotypes circulating in Latin America during 2021. *Frontiers in Public Health*, 11. <https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fpubh.2023.1095202>
- Moncada, M. M., Elvir, M. A., Lopez, J. R., & Ortiz, A. S. (2022). Bioinformatic prediction of NBS-LRR proteins in the Coffea arabica genome. *Bionatura*, 7(3). Scopus. <https://doi.org/10.21931/RB/2022.07.03.19>
- Moore, B., Carvajal López, P., Chauke, P. A., Cristancho, M., Del Angel, V. D., Fernandez-Valverde, S. L., Ghouila, A., Gopalasingam, P., Guerfali, F. Z., Matimba, A., Morgan, S. L., Oliveira, G., Ras, V., Reyes, A., De Las Rivas, J., & Mulder, N. (2022). Erratum: Ten simple rules for organizing a bioinformatics training course in low- and middle-income countries (PLoS Computational Biology (2021) 17:8 (e1009218) DOI: 10.1371/journal.pcbi.1009218). *PLoS Computational Biology*, 18(5 May). Scopus. <https://doi.org/10.1371/journal.pcbi.1010197>
- Murillo, E., Palacio Rua, K., Afanador Ayala, C., García Correa, J. F., & Zuluaga, A. F. (2023). Validación de una nueva estrategia para la identificación de variantes de SARS-CoV-2 mediante secuenciación del gen espiga por Sanger. *Enfermedades Infecciosas y Microbiología Clínica*, 41(5), 284-289. <https://doi.org/10.1016/j.eimc.2022.04.014>
- Murillo, J., Villegas, L. M., Ulloa-Murillo, L. M., & Rodríguez, A. R. (2021). Recent trends on omics and bioinformatics approaches to study SARS-CoV-2: A bibliometric analysis and mini-review. *Computers in Biology and Medicine*, 128. Scopus. <https://doi.org/10.1016/j.combiomed.2020.104162>

- Naasani, I. (2021). COMPARE Analysis, a Bioinformatic Approach to Accelerate Drug Repurposing against Covid-19 and Other Emerging Epidemics. *SLAS Discovery*, 26(3), 345-351. <https://doi.org/10.1177/2472555220975672>
- OMS. (s. f.). *Coronavirus*. Recuperado 14 de diciembre de 2023, de <https://www.who.int/es/health-topics/coronavirus>
- Paolacci, S., Kiani, A. K., Shree, P., Tripathi, D., Tripathi, Y. B., Tripathi, P., Tartaglia, G. M., Farronato, M., Farronato, G., Connelly, S. T., Ceccarini, M. R., Coatto, M., Ergoren, M. C., Sanlidag, T., Dautaj, A., & Bertelli, M. (2021). Scoping review on the role and interactions of hydroxytyrosol and alpha-cyclodextrin in lipid-raft-mediated endocytosis of SARS-CoV-2 and bioinformatic molecular docking studies. *European Review for Medical and Pharmacological Sciences*, 25(1), 90-100. Scopus. https://doi.org/10.26355/EURREV_202112_27338
- Pierce, J. B., Simion, V., Icli, B., Pérez-Cremades, D., Cheng, H. S., & Feinberg, M. W. (2020). Computational analysis of targeting sars-cov-2, viral entry proteins ace2 and tmprss2, and interferon genes by host micrnas. *Genes*, 11(11), 1-26. Scopus. <https://doi.org/10.3390/genes11111354>
- Puche Quiñonez, R., Ayala Ruano, S., Hernandez, F., Ortega, A., Infante, D., Carrascal, D., & Sánchez-Luquez, K. (2022). Highlights of the 1st Ecuadorian-Venezuelan Symposium of Young Researchers in Bioinformatics (1SEVJIB). *F1000Research*, 11. Scopus. <https://doi.org/10.12688/f1000research.125381.1>
- Ras, V., Carvajal López, P., Gopalasingam, P., Matimba, A., Chauke, P. A., Mulder, N., Guerfali, F., Del Angel, V. D., Reyes, A., Oliveira, G., De Las Rivas, J., & Cristancho, M. (2021). Challenges and Considerations for Delivering Bioinformatics Training in LMICs: Perspectives From Pan-African and Latin American Bioinformatics Networks. *Frontiers in Education*, 6. Scopus. <https://doi.org/10.3389/feduc.2021.710971>
- Rodríguez, A., Kamarthi, H., & Prakash, B. A. (2022). Epidemic Forecasting with a Data-Centric Lens. *Proceedings of the 28th ACM SIGKDD Conference on Knowledge Discovery and Data Mining*, 4822-4823. <https://doi.org/10.1145/3534678.3542620>
- Salvo, M., González-feliú, E., Toro, J., Gallegos, I., Maureira, I., Miranda-gonzález, N., Barajas, O., Bustamante, E., Ahumada, M., Colombo, A., Armisén, R., Villamán, C., Ibañez, C., Bravo, M. L., Sanhueza, V., Spencer, M. L., de Toro, G., Morales, E., Bizama, C., ... Marcelain, K. (2021). Validation of an ngs panel designed for detection of actionable mutations in tumors common in Latin America. *Journal of Personalized Medicine*, 11(9). Scopus. <https://doi.org/10.3390/jpm11090899>
- Santos Simarro, F. (2022). Avances en genética clínica y sus retos actuales. *Anales de Pediatría*, 97(4), 281.e1-281.e5. <https://doi.org/10.1016/j.anpedi.2022.08.007>
- Statista. (2023, agosto 2). *Coronavirus: Número acumulado mundial de casos 2020-2023*. Statista. <https://es.statista.com/estadisticas/1104227/numero-acumulado-de-casos-de-coronavirus-covid-19-en-el-mundo-enero-marzo/>

- Tan, M., Xia, J., Luo, H., Meng, G., & Zhu, Z. (2023). Applying the digital data and the bioinformatics tools in SARS-CoV-2 research. *Computational and Structural Biotechnology Journal*, 21, 4697-4705. <https://doi.org/10.1016/j.csbj.2023.09.044>
- Thijssen, V., Hurdiss, D. L., Debski-Antoniak, O. J., Spence, M. A., Franck, C., Norman, A., Aggarwal, A., Mokiem, N. J., van Dongen, D. A. A., Vermeir, S. W., Liu, M., Li, W., Chatziandreu, M., Donselaar, T., Du, W., Drulyte, I., Bosch, B.-J., Snijder, J., Turville, S. G., ... Jongkees, S. A. K. (2023). A broad-spectrum macrocyclic peptide inhibitor of the SARS-CoV-2 spike protein. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 120(26), e2303292120. <https://doi.org/10.1073/pnas.2303292120>
- Universia. (2022, enero 13). *¿En qué consiste la bioinformática y qué debes estudiar para dedicarte a ella?* <https://www.universia.net/ec/actualidad/orientacion-academica/en-que-consiste-la-bioinformatica-y-que-debes-estudiar-para-dedicarte-a-ella.html>
- Zapata Ros, M. (2020). El pensamiento computacional, una cuarta competencia clave planteada por la nueva alfabetización. *Educación y Tecnología*. <https://publicaciones.flacso.edu.uy/index.php/edutic/article/view/10>.