

Tipo de manuscrito: Revisión bibliográfica

Título corto: Bioinformática y COVID-19

SISTEMAS DE INFORMACIÓN BIOINFORMÁTICA: DESAFÍOS QUE DEJA LA PANDEMIA DEL COVID-19 EN PANAMÁ

BIOINFORMATICS INFORMATION SYSTEMS: CHALLENGES LEFT BY THE COVID-19 PANDEMIC IN PANAMA

Recepción

14-08-2022

Aprobación

22-11-2022

Roberto Daniel Gordon Graell

Universidad de Panamá. Centro Regional Universitario de Panamá Oeste. Facultad de Informática, Electrónica y Comunicación. Panamá

Correo: roberto.gordon@up.ac.pa

<https://orcid.org/0000-0001-8468-4910>

Recepción

14-08-2022

Aprobación

22-11-2022

Resumen

La Bioinformática es una disciplina técnica y científica relativamente nueva pues su andadura se remonta a algo más de tres décadas. Una descripción aceptada es que es la relación de las matemáticas y la biología a través de la informática cuyo aporte, más importante, es que abrió las puertas del genoma para el entendimiento del mapa de la vida por los científicos. Con el desarrollo de los sistemas de información la construcción del conocimiento se potenció exponencialmente. La informática revolucionó el mundo de la investigación científica y la producción de saberes. Lo que antes necesitaba décadas de disciplina investigativa se redujo a años, gracias a las herramientas digitales y los ambientes colaborativos mundiales de la sociedad del conocimiento. Esa característica ha sido

determinante para enfrentar la pandemia producida por el coronavirus COVID-19. Este artículo es una revisión documental del uso de la bioinformática como aliada estratégica para vencer el coronavirus y reducirlo a una enfermedad endémica, tanto desde el diseño de estudios como el uso de técnicas y herramientas que provee la disciplina. Se revisaron buscadores generales y académicos de acceso abierto, con el uso de palabras claves sin conectores booleanos seleccionando una muestra de trabajos de investigación de carácter académico o páginas web especializadas, en idioma español, con características específicas de inclusión. La principal conclusión es la escasa producción de investigaciones y documentos de investigación médica sobre el coronavirus en la región latinoamericana y la ausencia porcentual de trabajos de origen panameño.

Palabras clave: Aplicaciones digitales, Bioinformática, Coronavirus, COVID-19, Sistemas de información.

Abstract

Bioinformatics is a relatively new technical and scientific discipline, as it goes back a little more than three decades. One accepted description is that it is the relationship of mathematics and biology through informatics whose most important contribution is that it opened the doors of the genome for the understanding of the map of life by scientists. With the development of information systems, the construction of knowledge was exponentially enhanced. Computer science revolutionized the world of scientific research and the production of knowledge. What used to require decades of research discipline was reduced to years, thanks to digital tools and the global collaborative environments of the knowledge society. This characteristic has been decisive in confronting the pandemic produced by the coronavirus COVID-19. This article is a documentary review of the use of bioinformatics as a strategic ally to overcome the coronavirus and reduce it to an endemic disease, both from the design of studies and the use of techniques and tools provided by the discipline. General and academic open access search engines were reviewed, with the use of keywords without Boolean connectors by selecting a sample of academic research papers or specialized web pages, in Spanish, with specific inclusion characteristics. The main conclusion is the low

production of research and medical research documents on the coronavirus in the Latin American region and the percentage absence of works of Panamanian origin.

Keywords: Digital applications, Bioinformatics, Coronavirus, COVID-19, Information systems

Introducción

Las Tecnologías de la Información y Comunicación (TIC) son un amplia y variada gama de recursos tecnológicos que van desde un sencillo power point, instalado en un computador personal, hasta complejas plataformas especializadas que requieren de servidores propios en ambientes muy técnicos y científicos como puede ser la estación espacial internacional o los aceleradores de neutrones. Son sistemas de información digital diseñados para un conjunto de datos y elementos que interaccionan armónicamente entre sí y que tienen un fin específico. La proyección a la pared, desde el teléfono móvil, admira, pero ya no sorprende, Gutiérrez (2019) deja ver su cotidianidad.

Tanto en la cultura digital como en su infraestructura tecnológica abundan pantallas donde imagen y texto coexisten, interactúan e hibridan en un constante flujo de información visual. En ellas convergen medios que hasta hace unas décadas poseían estructuras tecnológicas, espaciales o socio económicas independientes y que tras su digitalización comparten un entorno informático común. (p. 2)

Para la sociedad del conocimiento son tan naturales las TIC que, al día de hoy, prácticamente no existe una rama de investigación y creación humana que no se apoye en cualquiera de la variedad de recursos ofrecidos por las tecnologías digitales. Son el futuro disruptivo que genera cambios en los modelos de comunicación, interacción, producción y consumo, creando el muy particular ecosistema de la sociedad digital (Comisión Económica para América Latina y el Caribe (CEPAL), 2021).

En ese escenario puede afirmarse que la sociedad del siglo 21 está en un proceso de transformación acelerada mediada por las TIC, al punto que se encuentran autores que sostienen que marcan una etapa de la historia humana, denominada cuarta revolución industrial, determinada por la “Expansión de sistemas productivos físico-digitales, basada

en la digitalización de la realidad cotidiana y la hiperconectividad de los procesos, las cosas y las personas.” (Martínez et al, 2020, p. 12)

Esa “digitalización e hiperconectividad” es el carácter disruptivo que diferencia significativamente las dos últimas revoluciones industriales. Si la primera fue la mecanización y la segunda el uso de la electricidad, la tercera y la cuarta están marcadas por el uso de las computadoras y la electrónica, pero, esta última implica que los cambios, y los desarrollos tecnológicos digitales, avanzan a una velocidad exponencial que obliga nuevas ideas para mejorar procesos productivos, formas de enseñanza, modelos de relacionamiento social y de producción, atención a las necesidades sociales y formas de investigación. Todos los campos impactan positivamente en la calidad de vida de los ciudadanos (Martínez et al, 2020).

Las TIC son un recurso muy valioso en la investigación de todas las ciencias. Las herramientas que proporcionan permiten al hombre acceder hasta donde nunca antes pensó que llegaría. No es una metáfora. Los complejos sistemas de información, raíz de desarrollos tecnológicos digitales, permiten a los científicos e investigadores adentrarse en lo profundo del espacio sideral a millones de kilómetros en un entorno hostil e inalcanzable físicamente, como también a lo interno de los espacios microscópicos, atómicos. En estos últimos para visualizar, especular científicamente, crear modelos virtuales, experimentar y educar (Pérez y Rodríguez, 2008).

Bioinformática

De las ciencias naturales, las biológicas son, tal vez, una de las que más se han beneficiado de las TIC por su importancia para la vida del mismo ser humano. Aunque están presentes en áreas tan importantes como la producción agrícola y la protección del medio ambiente, en las últimas tres décadas, es la medicina la que más se beneficia de ese desarrollo exponencial. Un ejemplo significativo es que, gracias a la combinación de los recursos de los sistemas de información y su influencia en la mecánica y la electrónica, se crean instrumentos y aplicaciones tecnológicas médicas de todo tipo, desde escáneres del tamaño de un maletín de mano hasta prótesis con microchips (Orbe, 2019).

Pero las TIC no son únicamente aplicaciones y dispositivos tecnológicos. Su impacto es tal en los fenómenos sociales, como la producción y la investigación, que emergieron nuevos campos científicos y prácticas profesionales como la bioinformática, disciplina que puede calificarse de joven por su aparición en algo más de dos décadas, que relaciona la biología y la informática en una combinación al servicio de las ciencias de la vida porque permite el estudio de data biológica con base en la teoría de la información, las matemáticas y la computación (Campos et al, 2021).

La bioinformática es el producto de la necesidad de los científicos para gestionar, analizar e interpretar el ingente volumen de información contenido en el genoma, especialmente humano, de entenderlo para luchar contra enfermedades individuales, como el cáncer, o endémicas, como el mal de Chagas, para lo que se desarrollan posibilidades científicas disciplinas del conocimiento entre las que resaltan las ciencias ómicas y generan nuevas perspectivas para la reflexión desde la bioética (Bottasso et al, 2021).

La disciplina bioinformática es un gran aliado para descubrir los secretos de la vida. Los algoritmos en que se apoya permiten crear modelos virtuales para clasificar, catalogar, encontrar relaciones y similitudes, descubrir propiedades y funciones y entender las estructuras de las cadenas genéticas “La Bioinformática es el uso de técnicas computacionales, matemáticas y estadísticas para el análisis, interpretación y generación de datos biológicos. Estudia la minería de datos de ácidos nucleicos, proteínas, lípidos, azúcares y metabolitos mediante diferentes aproximaciones.” (Olaya y Cejas, 2018, p 177)

Se convierte en una herramienta táctica de investigación y aprendizaje especializado en el campo biológico y/o médico y en la misma informática. La primera por la aplicación obligada en el tratamiento y análisis de las variables biológicas y biomédicas en estudios de tiempo y campo real y la segunda por su métodos, sistema y herramientas que se constituyen con las tecnologías de la información. “[...] permitiendo integrar a los métodos de aprendizajes, ambientes colaborativos virtuales, bases de datos en línea sobre genómica y proteómica, experimentos sobre expresión de genes y una gran cantidad de herramientas para la planificación experimental.” (Pérez y Rodríguez, 2008, p. 3 - 4)

Esas características son de suma importancia desde el año 2019 en que todas las sociedades se enfrentan a la pandemia mundial creada por el coronavirus COVID 19. Una especulación acertada es que el acceso a la información de miles de millones de datos, su sistematización y la posibilidad de crear modelos de comportamiento del virus y experimentos con el menor margen de error de manera más acelerada fue una de las determinantes para reducir el tiempo de sometimiento de la humanidad al virus. No habría sido posible en el siglo anterior (Sánchez y Nares, 2021).

Aunque pareciera que la etapa más crítica de acción del virus está superada, Las diferentes variantes y su aparición en otras especies, hasta ahora no letal en las que la cepa causante es natural (Núñez, 2020), permiten afirmar que el virus causante no está dominado para ubicarlo en el mismo nivel de enfermedades endémicas, pero controladas, como la gripe, el sarampión u otra de las enfermedades contagiosas que pudieran conducir a epidemias. Es necesario continuar investigando.

Las investigaciones preliminares para este artículo no encontraron publicaciones científicas de origen panameño al respecto, pero es necesario tener una idea de la actualidad del tema en relación al avance de las investigaciones con ayuda de los sistemas de información que representan la bioinformática. Más allá de identificar los proyectos de biogenética o bioinformática en el país, o sus universidades, es interesante conocer cómo se pueden aplicar estratégicamente proyectos para desarrollar el conocimiento como capital científico y especializado del país.

Materiales y métodos

Se realizó una revisión documental sobre las características técnicas de los recursos bioinformáticos disponibles en la red y su utilidad en las estrategias y diseños de estudio del coronavirus COVID-19 en la comunidad científica de habla hispana con trabajos publicados en la barra de búsqueda general de Google y los buscadores académicos Google Scholar, Redalyc y Scielo.

Para relacionar Bioinformática y Covid-19 se realizó una búsqueda sistematizada entre los años 2019 al 2022, incluido, con la combinación, sin conectores booleanos, de palabras claves: Bioinformática, Aplicación, COVID y variantes: sistemas de información y

coronavirus, como elementos de inclusión para la selección de trabajos académicos de cualquier tipo a saber: Tesis de grado, artículos científicos, contenidos de cátedras y páginas web.

Se encontraron 125 documentos en campos diversos como son Investigación médica, investigación social en estadísticas de salud, farmacología, reflexión científica, educación científica e informática, cuya lectura de resúmenes seleccionó 26 posibles trabajos de estructura y divulgación científica de los cuales se seleccionaron 4 cuyo contenido cumple criterios de inclusión para el estudio a saber: Estructura de investigación científica, estudio del Coronavirus COVID-19 y utilización de recursos bioinformáticos.

Resultados

Siendo la bioinformática una disciplina básicamente constituida para abordar eficientemente la información genética, es natural que sea un apoyo básico en las investigaciones sobre el coronavirus COVID-19. Una definición sencilla de los virus es que son partículas infecciosas constituidas por un solo ácido nucleico, con material genético, DNA o RNA, de organización estructural simple que se replican por un mecanismo particular en de una célula viva. Con la información genética forma proteínas que especifican su función como parásito dentro de la célula viva (Martínez, 2016).

Leiva et al (2020) sintetizan la identificación taxonómica del COVID-19 “Los coronavirus (CoV) son virus ARN encapsulados de polaridad positiva altamente diversos, pertenecientes a la familia Coronaviridae, se dividen en 4 géneros: alfa, beta, gamma y deltacoronavirus, que pueden ser transmitidos por animales y humanos” (p. 4). Por ende, el grueso de las investigaciones médicas sobre el coronavirus se ubicó en disciplinas con un alto contenido bioinformático.

El primer paso fue su identificación completa a través de la secuenciación genética. Son procesos que incluyen: etapas de alineamiento de secuencias genéticas y análisis filogenéticos (origen genético). Además de conocer sus componentes permite la clasificación taxonómica internacional. Gómez y Guarda (2019) señalan su clasificación:

El nuevo virus, pertenece a la familia Coronaviridae la cual está formada por virus de ARN de hebra positiva. Los virus de esta familia infectan vertebrados y han sido

parte de tres brotes zoonóticos importantes en las últimas dos décadas que son el SARS el 2003, MERS el 2012 y el COVID-19 el 2019.

En el caso del coronavirus identificado en Wuhan, primero fue nombrado como 2019-nCoV y luego de generarse las primeras secuencias de su genoma completo se pudo conocer su organización y contenido genómico, así como su posición evolutiva entre los coronavirus ya conocidos (¿Qué rol cumple la bioinformática...?)

Tanto en Leiva et al (2020) como en Gómez y Guarda (2019) se aprecian pasos básicos para la identificación del virus y otros necesarios para su estudio aplicado a las disciplinas que se ocupen de investigarlo, a saber:

- Secuenciación genética de identificación.
- Taxonomía de secuencia genética comparada.
- Análisis de genomas (Técnicas de secuenciación genética y bioinformática).
- Modelamiento estructural de potenciales dominios de proteína de unión a receptores.

El trabajo de Pastrian (2020) versa sobre las rutas de infección orales del virus a través de la enzima convertidora de la angiotensina 2 (ACE2) como objetivo para la recepción e ingreso en la célula huésped por medio de las células epiteliales de las mucosas y especialmente la lengua. Es una revisión documental de diferentes trabajos que identifica las herramientas bioinformáticas en diferentes etapas de cada uno de los trabajos investigados, como se describen a continuación:

- Perfil de expresión de RNA relacionado con ACE2: Análisis bioinformático de técnicas de secuenciación de RNA unicelular con bases de datos públicas.
- Análisis de expresión, composición y proporción de expresión de ACE2 en diferentes células de tejidos de la cavidad oral: Perfiles transcripcionales bulk RNA-Seq en dos bases de datos públicas, TCGA y FANTOM.
- Distribución, expresión y presencia de ACE2 en el cuerpo humano: Técnicas de secuenciación con: scRNA-Seq y bulk RNA-Seq.

El trabajo de investigación de Recalde (2021) en el campo de la química de los alimentos se limitó a identificar posibles reservorios del virus en animales para consumo humano a través de técnicas bioinformáticas. Su diseño de investigación requirió de

diferentes y variadas herramientas de secuenciación y relacionamiento de información en bases de datos.

- Búsqueda de codificaciones genéticas animales: Base de datos NCBI, Centro de información biomédica y biogenómica y Ensembl.
- Alineación de secuencias animales con secuencia base de la proteína ACE2 en SARS COV-2: Editor Bioedit.
- Obtener un árbol filogenético con las secuencias animales: Mega X (Molecular Evolutionary Genetics Analyzys, por sus siglas en inglés.)
- La revisión sistemática de la literatura médica existente sobre el SARS-Cov-2 de Leiva et al (2020) refleja diferentes metodologías con aporte bioinformático como son:
Secuenciación del genoma viral
- Análisis de la secuencia proteica por pares de siete dominios conservados de proteínas no estructurales.
- Análisis metagenómicos utilizando secuenciación de próxima generación para identificar posibles agentes etiológicos
- Montaje de novo de un genoma de CdV de 29.891 pares de bases que compartía una identidad de secuencia del 79,6% con SARS-CoV BJ01.
- Secuencias de genomas de larga duración de 2019-nCoV.
- Análisis filogenético del genoma de longitud completa y las secuencias genéticas de RdRp y spike (S).
- Gráfica de similitud basada en la secuencia del genoma de larga duración de 2019-nCoV WIV04.

Las herramientas también son soporte de investigaciones para el desarrollo de modelos informáticos al servicio de la atención hospitalaria a pacientes del COVID 19. Fuentes y Medina (2020) presentaron el diseño de un modelo predictivo de la gravedad de paciente que se fundamentó en el lenguaje de programación Python y la librería sklearn de Python 3.5 en el “entrenamiento del algoritmo” tanto como STAT::FIT para las distribuciones estadísticas.

Los trabajos referidos como muestra de este artículo permiten establecer dos herramientas bioinformáticas fundamentales para las investigaciones generales, y de COVID-19, como son las bases de datos y la secuenciación genética.

Bases de datos

Las bases digitales de son una herramienta de recolección y archivo de datos e informaciones sobre resultados de investigaciones en diferentes campos de la ciencia. Cada una es una herramienta compleja, especializada y representativa de un tema particular. En la Bioinformática cada base es una colección estructurada, indexada, de diseño específico para facilitar la búsqueda en un área particular de la investigación biogenética. Se renuevan todos los días y se entrecruzan. La mayoría son de código abierto y se acompañan con otras herramientas complementarias como software de mapeo genético y alineaciones de secuencias (Olaya y Cejas, 2018).

Entre las bases de datos bioinformáticas más relevantes a nivel mundial se encuentran:

- De secuencias de nucleótidos: Centro Nacional de Información Biotecnológica de estados Unidos (NCBI, por sus siglas en inglés). Archivo Europeo de Nucleótidos (ENA, por sus siglas en inglés) y el Banco de Datos de DNA de Japón (DDBJ por sus siglas en inglés)
- De genomas de organismos concretos: Flybase (*Drosophila*) autofinanciada. Base de datos del genoma *saccharomyces* (SGD por sus siglas en inglés) (Levadura) autofinanciada y ENSEMBL (Hombre, ratón y otros) buscador de genomas para genomas de vertebrados, autofinanciada.
- De datos de proteínas: UniProtKB/Swiss-Prot (Expasy) Suiza. Banco de datos de Proteínas (PDB, por sus siglas en inglés) financiado por diferentes laboratorios y Clasificación estructural de proteínas (SCOP, por sus siglas en inglés) apoyado por el Consejo de Investigación Médica del Reino Unido.

- De datos bioinformáticos: Biblioteca Nacional de Medicina del Departamento de Salud y Servicios Humanos de los Estados Unidos. (COMAV, s/f)

El Instituto Suizo de Bioinformática pone a disposición pública una variedad de bases de datos en el portal Expasy (<https://www.expasy.org/>) cuya página principal es un conjunto de recursos especializados para los investigadores biológicos. Es una muestra de la diversidad y complejidad del conocimiento relacionado con el genoma y de la gran cantidad de disciplinas que se sirven de la información. La tabla 1 es una síntesis de los recursos del complejo sistema de información Expasy para dos especialidades del campo de la información biológica como son la genómica, investigación sobre genes y genomas, y la proteómica, investigación sobre proteínas y protonemas:

- El conjunto de bases de datos de Expasy sirve a cinco campos especializados de las ciencias del genoma. Es una de las principales especializadas en proteínas.
- Ofrece ochenta bases de datos en recurso abierto, especializadas y muy especializadas, aunque de lenguaje científico sencillo. Como recurso dinámico y en constante crecimiento presenta bases como: Tubo en V SARS-CoV-2 (específicamente adaptada para analizar datos de secuenciación de alto rendimiento de SARS-CoV-2) y Escenarios COVID-19 (Aplicación web de escenarios de COVID-19) y BEAST2 - COVID-19 Monitoring,
- Presenta herramienta para algo más de cien tipos de trabajo entre los que se encuentran: Análisis de RNA-Seq, Visualización de múltiples muestras, Visualización de componentes principales, Trazado de gráficos de dispersión, Análisis de enriquecimiento de conjuntos de genes, Análisis de expresión, Llamado pico, Descubrimiento de motivos de secuencia, Predicción del sitio de unión del factor de transcripción, Alineación de secuencia, Clasificación y Búsqueda de similitud estructural.
- También da acceso a bibliografía especializada con conectores booleanos, minería de textos y descarga de documentos. Ofrece registro y acompañamiento para bases de datos con machine learning.

Algoritmos bioinformáticos

La secuenciación genética se construye con la identificación de los elementos proteicos con una letra, o combinaciones de letras, asignada y la construcción del algoritmo de secuenciación que represente el comportamiento conocido del elemento proteico. El eje constitutivo de las herramientas digitales es el algoritmo. El programa diseñado para realizar la virtualidad de un dato. Los bioinformáticos son esencialmente cuantitativos, de registro y almacenamiento, pero, con la adición de la machine learning y la Inteligencia Artificial (IA), también de relación de datos e inferencias de resultados con matrices predictivas.

Los más importantes son los relacionados con la medicina y la curación de enfermedades como el cáncer. Franch (2018) en su trabajo de Bioinformática funcional requirió de técnicas complejas, para el análisis de los datos ómicos y su ubicación dentro de un contexto biológico convirtiendo la firma genética en mecanismos biológicos o fenotipos, que no hubiesen sido posibles sin el desarrollo de la disciplina. Su trabajo es un compendio de procesos complementarios que requirieron diseños especiales de software para cada paso.

En la etapa de preparación preliminar requirió técnicas de análisis masivo para el estudio de genes, proteínas y metabolitos para determinar las secuencias de los genes y la relación de esa secuenciación con su función. La herramienta bioinformática que seleccionó es una plataforma de secuenciación denominada: Illumina (Illumina), 454 (Roche), Ion Torrent (Life Technologies), Solid (Applied Biosystems), PacBio (Pacific Biosciences).

Para la etapa de Control de Calidad y Preprocesamiento, que supone la comprobación de la calidad correcta de las lecturas de secuenciación y visualizar y evaluar la calidad de los datos utilizó los programas PRINSEQ y FASTQC. Para la etapa de Alineamiento necesaria para descubrir posiciones del genoma que han sido transcritas y romper lecturas que no han sido alineadas previamente para tratar de alinealos de forma independiente se requieren programas como TopHat2, GSNAP, QPALMA, STAR y SOAPSplICE. Existen programas especializados en alinear lecturas cortas como Bowtie, BWA y SOAP.

Para la etapa de Cuantificación, necesaria para encontrar lecturas iguales que se alinean en varias regiones, se desarrollaron algoritmos en programas como RSEM, Cufflinks, IsoEM, Feature Counts, y HTSeq que coligen abundancia de genes e isoformas. Para la Normalización y análisis de expresión diferencial entre muestras cuenta con programas DESeq, EdgeR, GENE-Country Cuffdiff2 [37].

Los programas también se encuentran es software libre. Alcalde (2016) hace una revisión documental de software bioinformáticos en los que se incluyen disciplinas no relacionadas directamente con la medicina que también encuentran soluciones tecnológicas de alta calidad entre las que se encuentran:

- Biología evolutiva computacional: Estudian el origen, la historia evolutiva y el cambio, a través del tiempo, de las especies. Se apoyan en programas como DENDRON (Matriz de distancias), GARLI (Máxima verosimilitud), DNAsp (Cálculos de distancia), BEST (Método bayesiano) y MEGA o DAMBE (Desde diferentes enfoques).
- Medición de la biodiversidad: Recoge los nombres de las especies, descripciones, distribuciones, información genética, estado y tamaños de las poblaciones, necesidades de su hábitat e interacción con otras especies. Se apoyan en programas como Estimates y CHAO (Curvas de acumulación y estimaciones de la riqueza esperada de acuerdo con modelos) y Jackknife y Bootstrap (Sistema de muestreo estandarizado).
- Análisis de la expresión y regulación génica: Es el estudio de los niveles Ácido Ribonucleico Mitocondrial (mRNA) se apoya en programas como: EST (Secuenciación), SAGE (Análisis en serie de la expresión génica) y MPSS (Secuenciación masiva de firmas paralelas).

Alcalde (2016)

También recoge herramientas digitales para Predicción de la estructura de proteínas, Genómica comparativa, Modelado de sistemas biológicos y Acoplamiento molecular.

Herramientas complementarias

Todas estas herramientas se complementan con formas de presentación de resultados diversas a gusto del investigador. Son: inclusión de gráficos, diseño virtual de secuencias dinámicas, gráficos de prospectivas y proyecciones cromáticas, informes cortos, sintéticos y enlaces a bases o programas de soporte técnico y de respaldo. Los medios de comunicación se invadieron con la imagen computarizada del coronavirus que, en su gran mayoría, fue generada con herramientas de imágenes o gráficos dinámicos de las hojas de cálculo que son el fundamento de los programas de bases de datos.

Los ensayos en silico son una técnica de investigación de modelado molecular, de nacimiento relativamente corto, que reúnen la biología y la química a través del vaso comunicante de la bioinformática, con algoritmos de simulación y predicción, para simular la interacción de moléculas según su afinidad, estructural o química, en proceso de acoplamiento molecular. Yabar (2020) refiere su importancia en el campo de la biología molecular para diseñar biofármacos, como una propuesta de medicamentos inhibidores de elementos químicos y consecuencias del coronavirus COVID-19 basados en técnicas de simulación de la biología molecular y la bioinformática como ya se han aplicado en otras enfermedades a través del plasma sanguíneo.

Conclusiones

La presencia de la región con trabajos de investigación, culminados o en proceso, sobre el virus es casi nula. El porcentual es muy pequeño y de Panamá no aparecen. Las revisadas por el autor son finitas en sus objetivos, no tienen continuidad. Aunque puede ser un fallo de política de divulgación, sigue siendo un fallo a corregir, pero también señala que es importante la promoción institucional de este tipo de investigaciones pues, lamentablemente, la del COVID 19 no será la última pandemia que la humanidad tenga que enfrentar.

Desde su aparición los sistemas de información sintetizados en herramientas y aplicaciones impactan positivamente al mundo. La revisión en los buscadores científicos y académicos, una muy apreciada TIC, reportan millones de nuevos documentos científicos

de todo tipo que, a su vez, impulsan la creación del conocimiento a una velocidad nunca antes soñada por el ser humano. Aunque la revolución industrial 4.0 de las tecnologías IA y machine learning amenaza con convertirse en una nueva etapa de ese proceso histórico humano signado por la no intervención de la mano humana en gran parte de la producción de conocimiento, bienes y servicios para proveer una calidad de vida, digna del humano.

La bioinformática es una disciplina creada por el conocimiento humano. No fueron las máquinas ni los programas las que la diseñaron, sino el compendio de la lógica humana en el uso de herramientas abstractas, como el conocimiento, y de concretas, como los circuitos electrónicos. La profundidad de sus aplicaciones admira y deja ver otras posibles, para las que existen muchas metas, que ayudará a alcanzar.

La pandemia de COVID 19 es una consecuencia negativa de una sociedad en crecimiento y contacto permanente. Es una sociedad mundial con componentes reales y virtuales que no dejará de interactuar en ambos ecosistemas. Aunque obligó al mundo a encontrar formas de lucha contra un enemigo común, no han sido construidas en la sociedad mundial sino en competencias de unos con otros cuyo resultado es una dependencia absoluta de algunas regiones, como Latinoamérica, de países avanzados.

El fin de este artículo no es hacer una reseña de programas bioinformáticos y/o empresas que los distribuyen. Es poner sobre la mesa la discusión organizada para encontrar nuevas formas para la investigación en cualquier área. No es un secreto que muchos de los descubrimientos científicos y los avances tecnológicos que pueden representar, sobre todo en ciencias duras, se hacen en instituciones diferentes a las universitarias. El robo de cerebros también se hace desde empresas que, con sus objetivos concretos, son una fuente de estabilidad laboral para el investigador, así no sea titulado.

Uno de los desafíos, y muy buen proyecto, de investigación conjunta de instituciones científicas y académicas puede ser la creación de la base de datos bioinformáticos de Panamá. Requeriría de la inversión del Estado en un plan conjunto con un fin único. Es posible si la disposición de los recursos se equipara con la variada oferta de subsidios a las ciencias que presenta la Secretaría Nacional de Ciencia y Tecnología (SENACYT) de Panamá en su portal web.

Financiamiento: Esta investigación no recibió financiamiento externo.

Conflictos de Intereses: El autor declara no tener ningún conflicto de intereses.

Referencias

- Alcalde, M. (2016). *Software libre enfocado en diversos campos de las ciencias*. Revista Hamut'ay, 3(1), 59-70: <http://revistas.uap.edu.pe/ojs/index.php/HAMUT/issue/archive>
- Bottasso, O., Mendicino, D., Perez, A., y Moretti, E. (2021). *Bioinformática y bioética. El desafío de complementarlas*. Medicina (B. Aires) 81(6), 1091-1092: http://www.scielo.org.ar/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0025-76802021000801091&lng=es&tlng=es
- Campos, R., Flores, A., Molina, J.-A., Mora, R., Rodríguez, C., Gatica, A., y Guzmán, C. (2021). *Avances de la bioinformática en Costa Rica: vista retrospectiva y perspectivas*. Revista de Biología Tropical, 69(4), 1204-1223: <https://dx.doi.org/10.15517/rbt.v69i4.46873>
- COMAV. (s/f). *Bases de datos biológicas*. Bioinformatics at COMAV: https://bioinf.comav.upv.es/courses/intro_bioinf/bases_datos.html
- Comisión Económica para América Latina y el Caribe (CEPAL). (2021). *Tecnologías digitales para un nuevo futuro*. (LC/TS.2021/43) Santiago: https://repositorio.cepal.org/bitstream/handle/11362/46816/1/S2000961_es.pdf
- Franch, M. (2018). *Bioinformática funcional y su aplicación en genómica, proteogenómica y reposicionamiento de fármacos*. [Tesis Doctoral] Universidad Complutense de Madrid: <https://eprints.ucm.es/id/eprint/55758/>
- Fuentes, M., y Medina, W. (2020). *Diseño de un modelo predictivo-asistencial de pacientes infectados por covid-19, mediante un modelo supervisado de machine learning basado en criterios de derivación hospitalaria o ambulatoria*. [Tesis para obtención del Título de Ingeniero de Sistemas] Universidad de Guayaquil: <http://repositorio.ug.edu.ec/handle/redug/52650>
- Gómez, F., y Guarda, M. (2019). *El rol de la bioinformática desde la identificación hasta la generación de tratamientos para covid-19*. BIOREN-UFRO: <https://bioren.ufro.cl/investigadores-del-nucleo-cientifico-y-tecnologico-en-biorecursos-de-la-ufro-nos-cuentan-sobre-covid-19-y-sus-efectos-en-la-salud-humana/#toggle-id-2>
- Gutiérrez, E. (2019). *Actualizaciones Visuales Dinámicas en los sistemas digitales*. Revista Trilogía Ciencia Tecnología Sociedad, 11(20), 1-14: <https://www.redalyc.org/articulo.oa?id=534367764002>
- Leiva, L., Villacís, S., Quishpe, G., y Chicaiza, A. (2020). *La mejor evidencia científica, ante la pandemia de SARS-Cov-2*. Revista medicencias UTA, 4(2), 3-29: <https://revistas.uta.edu.ec/erevista/index.php/medi/article/view/1232>

- Martínez, H. (2016). *Virus: ¿Qué son? ¿Qué hacen? Una pequeña introducción al mundo de los virus*. Biol. on-line, 5(2), 1-13: http://revistes.ub.edu/index.php/b_on/index
- Martínez, R., Palma, A., y Velásquez, A. (2020). *Revolución tecnológica e inclusión social: reflexiones sobre desafíos y oportunidades para la política social en América Latina*. Naciones Unidas, serie Políticas Sociales, N° 233: https://repositorio.cepal.org/bitstream/handle/11362/45901/1/S2000401_es.pdf
- Núñez, G. (2020). *Coronavirus en aves acuáticas*. Revista Kuxulkab', 26(56), 51-59: <https://doi.org/10.19136/kuxulkab.a26n56.3822>
- Olaya, A., y Cejas, M. (2018). *Bioinformática como recurso educativo: Proyecto de ingeniería genética*. EDMETIC, Revista de Educación Mediática y TIC, 7(1), 174-195: <https://doi.org/10.21071/edmetic.v7i1.10027>
- Orbe, A. (2019). *La Biotecnología cambiará el mundo*. TELOS. Fundación telefónica: <https://telos.fundaciontelefonica.com/la-biotecnologia-cambiara-el-mundo/>
- Pastrian, G. (2020). *Presencia y expresión del receptor ACE2 (Target de SARS-CoV-2) en tejidos humanos y cavidad oral. Posibles rutas de infección en órganos orales*. Int. J. Odontostomat, 14(4), 501-507: <https://www.scielo.cl/pdf/ijodontos/v14n4/0718-381X-ijodontos-14-04-501.pdf>
- Pérez, C., y Rodríguez, J. (2008). *De la táctica didáctica a la práctica investigativa: experiencia desde la bioinformática*. Revista Virtual Universidad Católica del Norte (23), 1-12: <http://www.redalyc.org/articulo.oa?id=194220391005>
- Recalde, V. (2021). *Identificación bioinformática de posibles reservorios de SARS-CoV-2 en animales de consumo humano y otros mediante el análisis de secuencias homólogas de la enzima convertidora de angiotensina 2 (ACE2)*. [Trabajo de Titulación modalidad Proyecto de Investigación presentado como requisito previo a la obtención del Título de Química de Alimentos].UCE.: <http://www.dspace.uce.edu.ec/bitstream/25000/25479/1/FCQ-CQA-RECALDE%20VERONICA.pdf>
- Sánchez, A., y Nares, A. (2021). *La ciencia en tiempos de pandemia*. Braz. J. of Bus, Curitiba, 3(3), 2159-2166: <http://www.brazilianjournals.com/ojs/index.php/BJB/article/download/33225/26009>
- Yabar, C. (2020). *Diseño de biofármacos: una alternativa en la búsqueda de tratamientos para covid-19*. Bol Inst Nac Salud, 26 (11-12), 140-142: <https://repositorio.ins.gob.pe/xmlui/bitstream/handle/INS/1402/Dise%C3%B1o%20de%20biof%C3%A1rmacos.pdf?sequence=1>

Tabla 1. Extracto base de datos del portal Expassy

Bases de datos			
Especialidad	Disciplinas	Nombre	Tipo de base
Genes y Genoma	Genómica, Metagenómica y Transcriptómica	SwissOrthology	Filogenómicas. Secuencias genéticas. (Ortólogos)
		Bgee	Comparaciones de expresión génica homóloga entre especies.
		EPD	Curaduría para información controlada (Eucariotas)
		V-pipe	Estudios epidemiológicos y genómicos de patógenos virales.
		Automated Single-Cell Analysis Portal	Portal colaborativo de análisis de datos ómicos unicelulares.
		SwissRegulon Portal	Genómica regulatoria. Requisitos para el uso del genoma.
Proteínas y proteomas	Genómica, Metagenómica, Transcriptómica, Evolución genética, Población genética, química médica	neXtProt	Proteínas humanas: función, expresión de ARNm / proteína, etc.
		SwissLipids	Marco para integración de datos de lípidos y lipidómicos.
		ñandú	Reacciones químicas y de transporte de interés biológico.
		STRING	Interacciones proteína-proteína conocidas y predichas.