



*Uso de aplicaciones bioinformáticas en el área de salud pública en Ecuador y
Latinoamérica*

*Use of bioinformation applications in the public health area in Ecuador and Latin
America*

*Uso de aplicações de bioinforma na área de saúde pública no Equador e na América
Latina*

Ángel Leonardo Pin-Pin ^I
angel.pin@unesum.edu.ec
<https://orcid.org/0000-0001-9179-0981>

Yadira Antonella Hidalgo-Quijije ^{III}
hidalgo-yadira2129@unesum.edu.ec
<https://orcid.org/0000-0002-3713-4489>

María Fernanda Holguín-Baque ^{II}
holguin-maria4902@unesum.edu.ec
<https://orcid.org/0000-0002-1520-2444>

Valery Dayanara Villacreses-Ruiz ^{IV}
villacreses-valery7287@unesum.edu.ec
<https://orcid.org/0000-0002-5701-4695>

Correspondencia: angel.pin@unesum.edu.ec

Ciencias de la salud
Artículo de revisión

***Recibido:** 30 de enero de 2021 ***Aceptado:** 17 de febrero de 2021 * **Publicado:** 20 de marzo de 2021

- I. Magister en Educación Informática, Ingeniero en Computación y Redes, Docente de la Universidad Estatal del Sur de Manabí, Facultad Ciencias de la Salud, Carrera de Laboratorio Clínico, Jipijapa, Ecuador.
- II. Estudiante de la Universidad Estatal del Sur de Manabí, Facultad Ciencias de la Salud, Carrera de Laboratorio Clínico, Jipijapa, Ecuador.
- III. Estudiante de la Universidad Estatal del Sur de Manabí, Facultad Ciencias de la Salud, Carrera de Laboratorio Clínico, Jipijapa, Ecuador.
- IV. Estudiante de la Universidad Estatal del Sur de Manabí, Facultad Ciencias de la Salud, Carrera de Laboratorio Clínico, Jipijapa, Ecuador.

Resumen

La bioinformática comprende investigaciones básicas y aplicadas con diferentes enfoques, usando la tecnología y aplicaciones de ciencias biológicas como biología molecular; el impulso del hombre por secuenciar las proteínas, dio sus resultados a inicios del siglo XX, secuenciando la insulina bovina con un total de 51 aminoácidos, este enfoque permite el análisis computacional y estadístico en datos biológicos e información genética. En este contexto el objetivo del estudio es determinar el uso de las aplicaciones bioinformáticas en el área de salud pública en Ecuador y Latinoamérica. La metodología empleada se definió con la estrategia de búsqueda en función de la localización de los documentos bibliográficos, incluyendo los artículos que cumplieran con los criterios de inclusión, además, se utilizaron bases de datos especializadas como PubMed, Elsevier, Lilacs, SciELO, Scopus. Mediante el uso de bases de datos científicas se recopiló un total de 30 artículos científicos, se encontró que el uso de la bioinformática en Latinoamérica es muy utilizado por los ministerios de salud pública, siendo su aplicación más reciente en la determinación de los genomas del Coronavirus-2019 (SARS-CoV-2) mediante el empleo de herramientas bioinformática. Se concluye que la bioinformática en el área de la salud, es de gran ayuda para poder sistematizar los diferentes resultados que se obtienen en los experimentos del laboratorio, la información obtenida ayuda a determinar y describir epítomos adecuados para la obtención de vacunas, además, su uso se aplica de manera internacional, incluyendo Ecuador y a Latinoamérica.

Palabras clave: Biotecnología; Latinoamérica; Desarrollo; Salud; Ciencia.

Abstract

Bioinformatics comprises basic and applied research with different approaches, using the technology and applications of biological sciences such as molecular biology; Man's drive to sequence proteins gave its results in the early twentieth century, sequencing bovine insulin with a total of 51 amino acids. This approach allows computational and statistical analysis of biological data and genetic information. In this context, the objective of the study is to determine the use of bioinformatics applications in the public health area of Ecuador and Latin America. The methodology used was defined with the search strategy based on the location of the bibliographic documents, including the articles that met the inclusion criteria, in addition, specialized databases such as Pubmed, Elsevier, Lilacs, SciELO, Scopus were used. Through the use of scientific bases,

a total of 30 scientific articles were compiled, it was found that the use of bioinformatics in Latin America is widely used by the ministries of public health, being its most recent application in the determination of the genomes of Coronavirus-2019 (SARS-CoV-2) than by bioinformatics. It is concluded that bioinformatics in the health area is of great help to be able to systematize the different results obtained in laboratory experiments, the information obtained helps to determine and describe suitable epitopes for obtaining vaccines, in addition, their use is applied internationally, including Ecuador and Latin America.

Keywords: Biotechnology; Latin America; Development; Health; Science.

Resumo

A Bioinformática compreende a investigação básica e aplicada com diferentes abordagens, utilizando a tecnologia e aplicações das ciências biológicas como a biologia molecular; O impulso do homem para sequenciar proteínas deu seus resultados no início do século 20, sequenciando a insulina bovina com um total de 51 aminoácidos, essa abordagem permite a análise computacional e estatística de dados biológicos e informações genéticas. Nesse contexto, o objetivo do estudo é determinar o uso de aplicações de bioinformática na área de saúde pública no Equador e na América Latina. A metodologia utilizada foi definida com a estratégia de busca baseada na localização dos documentos bibliográficos, incluindo os artigos que atenderam aos critérios de inclusão, além disso, foram utilizadas bases de dados especializadas como PubMed, Elsevier, Lilacs, SciELO, Scopus. Por meio da utilização de bases de dados científicas, foram compilados um total de 30 artigos científicos, constatou-se que o uso da bioinformática na América Latina é amplamente utilizado pelos ministérios da saúde pública, sendo sua aplicação mais recente na determinação de genomas de Coronavirus -2019 (SARS-CoV-2) através do uso de ferramentas de bioinformática. Conclui-se que a bioinformática na área da saúde é de grande ajuda para poder sistematizar os diferentes resultados obtidos em experimentos laboratoriais, as informações obtidas auxiliam na determinação e descrição de epítomos adequados para obtenção de vacinas, além disso, seu uso é aplicado internacionalmente, inclusive. Equador e América Latina.

Palavras-chave: Biotecnologia; América latina; Desenvolvimento; Saúde; Ciência.

Objetivo

Determinar el uso de las aplicaciones bioinformáticas en el área de salud pública en Ecuador y Latinoamérica.

Introducción

La bioinformática, comprende investigaciones básicas y aplicadas que integran distintos enfoques derivados de la tecnología y aplicación de las ciencias biológicas, tales como biología celular, molecular (1).

La bioinformática, como disciplina emergente en las ciencias biomédicas, surgió a partir de la explosión de información generada por el Proyecto Genoma Humano y del secuenciamiento de los genomas de otras especies, expresada en términos de secuencias de ácidos nucleicos y de proteínas, estructuras moleculares tridimensionales, interacciones y vías metabólicas, entre otros (2).

Durante la década de los 50 del siglo XX, se inició la carrera por la secuenciación de pequeñas moléculas biológicas. El constante impulso del hombre por saber de qué estamos hechos comenzó en 1956 con la secuenciación de la primera proteína. De esta forma, Margaret O. Dayhoff describió la secuencia de la insulina bovina, un pequeño péptido de 51 aminoácidos. (3). El término bioinformática ahora es ampliamente reconocido como un campo completo que abarca la biología, la medicina, la informática, las matemáticas, las estadísticas y la tecnología de la información (4). El uso del enfoque bioinformático aplicado a la búsqueda de proteínas permite un análisis eficiente de la información genética disponible, de hecho, la bioinformática es una disciplina amplia que tiene como objetivo la aplicación de tecnologías computacionales y estadísticas para la gestión de datos biológicos, entre las herramientas que se utilizan se puede mencionar: búsqueda de homologías por secuencia, búsqueda de homologías por estructura, modelado de proteínas, acoplamiento molecular o docking, entre otras (5).

El desarrollo de la ingeniería genética y las tecnologías de la información propiciaron el surgimiento de la Bioinformática, como disciplina emergente en las ciencias biomédicas, a partir de la explosión de información generada por el Proyecto Genoma Humano y del secuenciación de los genomas de otras especies, expresada en términos de secuencias de ácidos nucleicos y de proteínas, estructuras moleculares tridimensionales, interacciones y vías metabólicas, entre otros (3)

Las metodologías de alto rendimiento utilizadas actualmente, desarrolladas principalmente como consecuencia del proyecto Genoma Humano, están generando enormes cantidades de datos en áreas como la genómica, los cuales pueden ser procesados gracias a la bioinformática, área del saber que se encarga de utilizar conocimientos de computación, química, biología y estadística, para el almacenamiento, integración y análisis de dichos datos (6).

Hace ya varios años, a nivel mundial se ha venido invirtiendo en esta rama de la economía con el propósito de salir adelante y enfrentar la situación actual de los países tanto desarrollados como en desarrollo. Siendo aplicada en varios sectores como la agricultura, la salud, la industria, la química, entre otros sectores de la ciencia y la tecnología, debido a su grado de seguridad y eficiencia. (7)

Materiales y métodos

Para la ejecución del presente trabajo se ha utilizado como método de levantamiento y búsqueda de información, se aplicó el diseño documental para realizar la investigación, con la recopilación y análisis de los artículos científicos y de las bases de datos relacionados con el tema del estudio, se consideraron 30 artículos de revistas, publicaciones, documentos o trabajos publicados, seleccionando la información de los documentos y sitios web de fuentes confiables como PubMed, Elsevier, Lilacs, SciELO, Scopus, entre otros, permitiendo analizar información reciente y actualizada.

Con base a resultados de la búsqueda realizada en las fuentes, se acuerda que la selección del artículo cumple al menos uno de los siguientes criterios: que contenga información sobre al uso de aplicaciones bioinformáticas en el área de salud Pública en Ecuador y América Latina, el artículo original o el resumen del artículo original, inglés, español, título o resumen, y palabras como criterio de inclusión. Se seleccionan los años 2015 a 2020. Se incluyeron artículos, y documentos que contengan información actualizada acerca del tema. Se excluyeron aquellos documentos que contengan información desactualizada, errónea, estudios no relacionados con la temática y publicaciones con periodos de tiempo mayor a los últimos 5 años y que no pertenecieran a revistas como artículos de reflexión y cartas al editor. La selección final de los referentes bibliográficos identificados como los más representativos y de su mayor calidad fue realizada por los autores.

Desarrollo

La ciencia de la bioinformática emerge en la actualidad, dentro de esta era post-genómica; sin embargo, de ninguna manera, es una ciencia nueva (8).

La informática en salud es la disciplina que estudia cómo se crea y se moldea la transformación de datos, y cómo ésta se comparte y se aplica en las diferentes áreas de la salud, entendidas éstas a un nivel multidisciplinar que incorpora las ciencias informacionales y las computacionales, pero también las ciencias sociales, cognitivas, administrativas y estadísticas, tomando como sustrato información de múltiples niveles, desde lo molecular hasta lo poblacional, pasando por la información clínica individual de una persona (9).

Desde la introducción de la tecnología de la información en la investigación biológica han surgido una gran cantidad de herramientas computacionales y bases de datos que han contribuido con importantes avances científicos. En este sentido, el advenimiento de las tecnologías de secuenciación de alto rendimiento ha estimulado el desarrollo de herramientas analíticas específicas en bioinformática genómica y requerido la implementación de flujos de trabajos altamente sofisticados. En la última década, la noción de “datos biológicos” ha cambiado en magnitud y complejidad, desde un conjunto de cientos a conjuntos de millones de entidades, este aumento exponencial en el volumen de datos biológicos ha estimulado el desarrollo de un número cada vez mayor de herramientas bioinformáticas (4).

La bioinformática constituye el conjunto de métodos matemáticos, estadísticos y computacionales que se utilizan para solucionar problemas biológicos usando secuencias de ADN, aminoácidos y la información relacionada (10). Es un campo novedoso que soporta parte de la investigación biológica dirigida a la identificación de variantes génicas que pueden ser descubiertas desde los estudios de genomas completos. Basados en esta motivación se presenta el panorama general de los aportes principales de la bioinformática en el desarrollo del secuenciamiento del primer genoma humano. Adicionalmente se resumen los principales avances en cómputo desarrollados para responder a las demandas requeridas por los métodos de secuenciamiento de última generación para lograr re secuenciar un genoma humano. Finalmente se introducen algunos de los nuevos retos que deben asumirse para aplicar la genómica personalizada en el desarrollo de la medicina (11).

El desarrollo de la ingeniería genética y las tecnologías de la información propiciaron el surgimiento de la Bioinformática, como disciplina emergente en las ciencias biomédicas, a partir de la explosión de información generada por el Proyecto Genoma Humano y de la secuenciación de los genomas de otras especies, expresada en términos de secuencias de ácidos nucleicos y de proteínas, estructuras moleculares tridimensionales, interacciones y vías metabólicas, entre otros (12).

Existen nuevas herramientas tecnológicas que están siendo adoptada en el laboratorio clínico, es el caso de la secuenciación masiva (Next Generation Sequencing, NGS), un método de secuenciación simultánea de millones de fragmentos de ADN (o ADN complementario) con capacidad de analizar varios genes o regiones génicas en un único ensayo, la cual está siendo adoptada rápidamente en el laboratorio clínico debido a su capacidad de analizar varios genes o regiones génicas en un único ensayo a diferencia de los métodos tradicionales (13).

Bioinformática Clínica

No cabe duda de que, a partir de los avances tecnológicos, los avances de la bioinformática en el desarrollo de la genética y las ciencias de la salud han hecho que se estudie la posibilidad de secuencias y estructuras de proteínas, genes (mutaciones, polimorfismos, comparaciones de secuencias...) y el desarrollo de la tecnología de espectrometría de masas y microarrays. Los dos últimos se utilizan para el análisis sistemático de la expresión génica y la detección de interacciones proteína-proteína. Toda esta información se puede acceder a través de Internet, que ha cambiado la base de datos y su método de acceso, y debería permitir que la bioinformática clínica la aplique a la práctica médica a través de un nuevo método de tratamiento de enfermedades llamado medicina personalizada (14).

Se puede entender del contenido anterior que la bioinformática clínica es la aplicación de la bioinformática en diferentes campos y aspectos de la investigación biomédica y la práctica clínica. Por lo tanto, en términos de mejora de la salud y prevención de enfermedades, se espera que el uso de la tecnología de microarrays tenga un gran impacto cuando los problemas más importantes puedan resolverse en el análisis estadístico y la interpretación de resultados y posterior consolidación. Estos resultados son manifestaciones rutinarias en la historia clínica (15).

Herramientas bioinformáticas para el análisis de secuencias

Los avances en la tecnología de secuenciación de ácidos nucleicos han incrementado considerablemente la cantidad de datos generados a partir de estudios genómicos completos o regionales, estos datos deben ser analizados mediante herramientas computacionales enfocadas en las ciencias biológicas, reevaluando así el alcance de la bioinformática. Los Institutos Nacionales de Salud (NIH) definen la bioinformática como la investigación, el desarrollo o la aplicación de herramientas informáticas con el propósito de difundir el uso de datos biológicos, médicos, conductuales o de salud, incluidos los utilizados para obtener, almacenar, organizar y archivar, Herramientas para analizar y visualizar los datos. Por tanto, la bioinformática es fundamental para la gestión de datos en la biología moderna. El análisis de secuencias incluye búsqueda en bases de datos, alineación de secuencias, descubrimiento de motivos y patrones en proteínas, predicción de genes y regiones promotoras, regulación, reconstrucción de relaciones evolutivas, ensamblaje y comparación del genoma. Es por lo que existen varias bases de datos biológicas y herramientas gratuitas que le permiten buscar, visualizar, editar y analizar secuencias de nucleótidos y aminoácidos (16).

Una base de datos es un archivo computarizado que se utiliza para almacenar y organizar información en registros estructurados, por lo que se puede recuperar fácilmente a través de diferentes criterios de búsqueda. Para recuperar la información registrada (también llamada entrada), el usuario especifica una pieza específica de información, con la cual se puede recuperar el registro completo de datos (17).

La bioinformática juega un papel central en muchos campos de la investigación biológica, como la genómica, especialmente la secuenciación del genoma, el mapeo del genoma, la anotación y la comparación. Para la proteómica, esto es fundamental, ya que puede analizar secuencias de proteínas para determinar motivos funcionales, determinar estructura de proteínas, interacciones proteína-proteína, etc. Asimismo, permite el descubrimiento de marcadores moleculares, como los polimorfismos de nucleótido único (SNP), y forma parte de la investigación evolutiva y filogenética (18).

La versatilidad de la bioinformática permite que se utilice para el diseño de nuevos fármacos y análisis forense en la actualidad. En lo que respecta al diseño de nuevos fármacos, el estudio de las interacciones proteína-ligando proporciona una base para identificar nuevos sitios de acción de los fármacos sintéticos. De manera similar, comprender la estructura tridimensional de las

proteínas permite diseñar moléculas con alta especificidad y afinidad que puedan unirse a los receptores (17).

Los sistemas bioinformáticos se utilizan para la recopilación de datos en las ciencias biomédicas; crear programas para visualizar datos y controlar reactivos y otros materiales; generar y ensamblar secuencias de genes; formular análisis de datos y programas de secuencias genéticas; predicción de la estructura de proteínas; generar para la integración y Paquetes de software para la confección de mapas genéticos, programas de clasificación y comparación y tecnología de inteligencia artificial; gestión de datos en bases de datos dedicadas y su distribución a través de redes de comunicación. Según los resultados obtenidos del análisis de Medline, las principales aplicaciones de esta asignatura son: gestión de datos de laboratorio, automatización de experimentos, ensamblaje de secuencias continuas, predicción de dominios funcionales en secuencias de genes, alineación de secuencias, búsqueda en bases de datos estructurales, determinación y predicción Estructura molecular, evolución molecular y árbol filogenético (19).

La bioinformática como instrumento técnico requiere datos como información de secuencias, bases de datos y herramientas de análisis. Las bases de datos se construyen a partir de datos obtenidos experimentalmente en el laboratorio (8). La unión entre la genómica y la bioinformática se consolidó con programas basados en software para manejar, procesar, comparar, analizar y graficar secuencias de ADN, ARN y proteínas, para que todos estos datos adquirieran un significado biológico (20).

Bioinformática en Latinoamérica

Uno de los usos de la bioinformática no solo en Latinoamérica, sino a escala mundial en una crisis sanitaria que ha alterado a toda la población, una de las funciones más importantes ha sido la caracterización de los genomas del Coronavirus-2019 (SARS-CoV-2) es de vital importancia en la pandemia, ya que la información genómica obtenida ayuda a determinar y describir epítomos adecuados para la obtención de vacunas, además de que esta misma información genómica es utilizada también en vigilancia y epidemiología molecular para encontrar el origen del virus (21).

Conclusión

Si bien, aún faltan más estudios para poder determinar la relación entre la bioinformática en Ecuador y Latinoamérica, su uso es muy útil a la hora de poder automatizar y sistematizar el genoma de algún patógeno. En la actualidad gracias a la bioinformática se pudo determinar mucho más rápido el genoma del SARS-CoV-2, esto hace que su uso sea de gran impacto, desde sus inicios en el siglo XX, su objetivo no ha cambiado mucho, siendo su adaptación por las nuevas tecnologías que surgen cada momento su mayor problema, debido a las capacitaciones continuas que se debe de recibir para poder tener un control control de la bioinformática. Se hace llamado de atención a seguir recopilando información científica y aportar de esta manera al avance de la bioinformática en el País.

Referencias

1. Vladimir A. ECC: Desarrollo de la biotecnología en algunos países. 2018 Junio.
2. Barrera D. Bioinformática: una brecha en la formación en el Sistema Nacional de Salud. Educación Médica Superior. 2016; 26(1).
3. Gonzalez A. La bioinformática en las especialidades biomédicas. Revista Cubana de Reumatología. 2017; 19(3).
4. Canzoneri R. Genómica y bioinformática como pilares de la medicina de precisión en oncología. Medicina. 2019; 79(6/1).
5. Poveda A, Parra C. Identificación de proteínas de DNA Replication Checkpoint en Tripanosomátidos, utilizando herramientas de bioinformática y modelado tridimensional. 2018..
6. Barreto E. En la frontera del análisis de datos moleculares. Revista Colombiana de Biotecnología. 2017;; p. 23-26.
7. Rodríguez V, Cabrera EC. Desarrollo de la biotecnología en algunos países. Junio 2018..
8. Cabeza J. Aplicaciones bioinformáticas Origen de la bioinformática. Pueblo continente. 2018; 28(2): p. 373-277.
9. Valenzuela J. Fundamentos de la informática en salud. Acta Médica Colombiana. 2016; 41(3): p. 51-59.
10. Díaz S. Facultad de Tecnología de la Salud. 2020 Julio-Septiembre; 11(3).

11. Bermudez I. Aplicaciones De La Bioinformática En La Medicina: El Genoma Humano. ¿Cómo Podemos Ver Tanto Detalle? *Acta biol. Colomb.* 2016; 21(1).
12. Gonzalez A. La bioinformática en las especialidades biomédicas: ¿por qué y para qué? *Revista Cubana de Reumatología.* 2017; 19(3).
13. Perez D. Bioinformática en el laboratorio clínico. 2018 Octubre.
14. Coltell , Arregui M, Fabregat A, Portolés O. La bioinformática en la práctica médica: Integración de datos biológicos y clínicos. *Rev Méd Chile.* 2018 Mayo; 136(5).
15. PL C. Clinical Bioinformatics. *Chang Gung Med J.* 2015; 28(1).
16. González L, Castillo P, Angiolillo R , Fernández S , Rojas A. Herramientas bioinformáticas para el análisis de secuencias en el Instituto Nacional de Higiene. *Revista del Instituto Nacional de Higiene Rafael Rangel.* 2016 Diciembre; 47(1-2).
17. J X. Essential bioinformatics. 1ra ed. Cambridge. 2016; 12(1).
18. N G. Biological data becomes computer literate: new advances. *Curr Opin Biotechnol.* ; 2.
19. Perezleo S, Arencibia J, Conill C, Achón V, Araújo R. Impacto de la Bioinformática en las ciencias biomédicas. *ACIMED.* 2016 Agosto; 11(4).
20. Rodríguez N. Genómica y bioinformática: sus aplicaciones en salud. *Revista Cubana de Reumatología.* 2017; 19(3): p. 153-155.