



**UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA
DE MÉXICO**

FACULTAD DE ESTUDIOS SUPERIORES IZTACALA

**ESTADO ACTUAL DE LA BIOLOGÍA
COMPUTACIONAL, LA BIOINFORMÁTICA Y LA
COMPUTACIÓN BIOLÓGICA**

T E S I N A

QUE PARA OBTENER EL TÍTULO DE:

B I Ó L O G O

P R E S E N T A:

RUBEN VERGARA RUIZ



Facultad de Estudios Superiores
IZTACALA

DIRECTORA DE TESINA:

MTRA. JOSEFINA VÁZQUEZ MEDRANO

**LOS REYES IZTACALA, TLALNEPANTLA,
ESTADO DE MÉXICO, 2021**



Universidad Nacional
Autónoma de México



UNAM – Dirección General de Bibliotecas
Tesis Digitales
Restricciones de uso

DERECHOS RESERVADOS ©
PROHIBIDA SU REPRODUCCIÓN TOTAL O PARCIAL

Todo el material contenido en esta tesis esta protegido por la Ley Federal del Derecho de Autor (LFDA) de los Estados Unidos Mexicanos (México).

El uso de imágenes, fragmentos de videos, y demás material que sea objeto de protección de los derechos de autor, será exclusivamente para fines educativos e informativos y deberá citar la fuente donde la obtuvo mencionando el autor o autores. Cualquier uso distinto como el lucro, reproducción, edición o modificación, será perseguido y sancionado por el respectivo titular de los Derechos de Autor.

Contenido

Contenido.....	1
Resumen.....	2
Introducción.....	3
Biología computacional.....	4
Computación biológica	4
Hardware: Computadoras biológicas.....	5
Software: Rama importante de la Inteligencia Artificial.....	5
Estado actual de la Biología Computacional, la Bioinformática y la Computación Biológica en el mundo.....	6
Asia	6
Japón	6
Europa	16
España.....	16
Reino Unido (United Kingdom)	24
GBIF = Global Biodiversity Information Facility - Servicio Mundial de Información Sobre la Diversidad Biológica.....	31
América	35
Brasil.....	35
Colombia.....	39
Estados Unidos de América	43
México.....	53
GBIF, nodo México	53
Laboratorio Nacional de Genómica para la Biodiversidad (LANGEBIO).....	55
Red de Apoyo a la Investigación (RAI)	57
Laboratorio Nacional en Salud	62
Colegio de Posgraduados	63
Red Mexicana de Bioinformática (RMB)	66
Hacia dónde va el rumbo tecnológico de México.....	67
Economía.....	67
Educación.....	70
Ciencia y tecnología.....	74
Educación Continua	78
Conclusiones.....	82
Glosario	84
Referencias	88

Resumen

En la actualidad existen diversos problemas de índole médico, alimentario, ecológico que demandan una rápida solución por lo que se requiere un abordaje diferente para resolverlos, la bioinformática permite abordar todas estas problemáticas utilizando la gran cantidad de información biológica que se genera día a día en todo el mundo, mediante herramientas matemáticas, estadísticas e informáticas que permiten analizar datos masivos que se generan en diversos campos y con distintas metodologías, generando interpretaciones complejas que contribuyen a la resolución de problemas en menor tiempo que con las formas tradicionales de investigación.

El origen de la ciencia (De latín *scientia* 'conocimiento'), no es tan antigua como el hombre, pero han evolucionado de la mano generando un vasto conocimiento del entorno que lo rodea. Algunos logros de la ciencia han sido en beneficio y otros en perjuicio, no solo del hombre mismo, sino de todo su entorno. Este proyecto de revisión se enfoca en como las ciencias formales y las ciencias naturales, se unen para ayudarnos a interpretar o descubrir, por ejemplo nuestra esencia misma, el ADN.

Este trabajo es una revisión general que pretende ser una fuente consolidada de información y de acceso a herramientas útiles para resolver problemas biológicos, con la intención de brindar una perspectiva de los alcances de analizar datos biológicos desde un punto de vista diferente, integral y holístico a través de la bioinformática y está orientado hacia el área de conocimientos adquiridos por parte de los estudiantes y egresados de la carrera de Biología, para que pueda ser analizado y comprendido de manera literal, inferencial y crítica, sin profundizar en términos técnicos o en tecnologías de procesamiento de información (servidores) o almacenamiento de información (centros de datos), pero dándole una perspectiva de los fabulosos alcances que puede tener, complementando los conocimientos adquiridos durante la Universidad, con herramientas tecnológicas, sin perder de vista lo relevante que es el entorno político y económico. Mostrando los principales centros en distintos países, incluido México.

Hay iniciativas representativas como Centros Nacionales, Bancos de material genético, Universidades, Laboratorios, Redes, Colegios, que han destacado el uso de la Biología Computacional y/o la Bioinformática, con la participación de financiación por parte del gobierno y en un grado menor por parte de la iniciativa privada, pero las brechas económicas, educativas y de Ciencia y Tecnología entre los países denominados Desarrollados y los Subdesarrollados marcan una gran diferencia, para alcanzar los mismos objetivos, aunado a la difícil situación que ha provocado la pandemia por el COVID-19. La Computación Biológica, aún se encuentra en desarrollo y por el momento esos equipos u ordenadores biológicos permanecerán en los laboratorios.

Aunque el panorama no se ve sencillo o alentador en México para el año 2021, en lo que se refiere a Economía, Educación y Ciencia, Tecnología e Innovación, se puede lograr un país exitoso, acumulando los esfuerzos de la sociedad, las instituciones académicas, el gobierno y de ser posible la iniciativa privada, para contar con capital humano con menos diferencias sociales, educativas y tecnológicas y se refleje en la mejora de su potencial profesional.

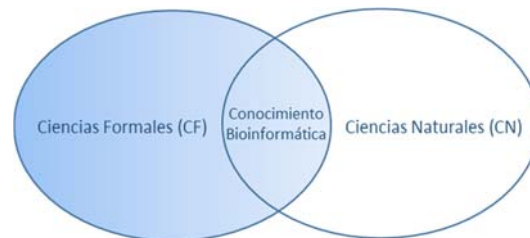
Introducción

No se sabe exactamente cuándo se definió y empezó a utilizarse formalmente el concepto de ciencia, aunque se plantea que la búsqueda de “Conocimiento” inicio en el periodo Neolítico como una búsqueda de respuestas al ¿Por qué y cómo? a nuestra relación con la naturaleza (Rodríguez, 2019).

La ciencia nos da información sobre el entorno físico, natural y social, por lo que una de las estrategias para su atender la complejidad de temáticas que abarca, ha sido mediante su división en Ciencias Formales, Fácticas, Naturales y Sociales (Morales, 2020).

- i) Ciencias Formales (CF), representan un conjunto de sistemas lógicos y abstractos que se pueden aplicar a distintos objetos de estudio, las disciplinas que incluye son la lógica, las matemáticas, la estadística y los sistemas computacionales.
- ii) Ciencias Naturales (CN), se enfocan en el estudio es la naturaleza mediante la descripción, explicación, comprensión y/o predicción de fenómenos, en disciplinas muy diversas como la física, química y biología.

Si bien la división entre ambas ciencias es difusa al momento de enfrentar problemas complejos, ya que se integran enfoques teóricos, conceptuales y metodológicos, dando como resultado áreas de conocimiento donde la biología puede hacer uso de herramientas o sistemas computacionales o la informática puede utilizar elementos de la naturaleza para procesar y almacenar información, la Biología computacional y la Computación Biológica respectivamente, en ambos casos hay un beneficio, la generación de conocimiento.



Unión de las CF y las CN, resultado conocimiento a través de la Bioinformática

Por tal razón, la presente revisión pretende dar a conocer de manera general, que iniciativas hay alrededor del mundo, enfocadas en la resolución de problemáticas de índole médico, alimentario y ecológico, para que los estudiantes y egresados de la carrera de Biología, puedan analizar y comprender de una manera literal, inferencial y crítica, la información contenida en este trabajo de revisión, sin perder de vista lo relevante que es el entorno político y económico en México. El contenido de esta revisión es *informativo*, el cual es una fuente consolidada de información y de acceso a herramientas, para quién requiera conocer más de las iniciativas que más adelante se describirán.

En base en lo que se ha revisado en los párrafos anteriores, hemos llegado a un punto relevante de esta revisión, el cual es dar una explicación lo más clara posible, del cómo se unen los sistemas computacionales y la biología; esta “alianza” entre la informática y la

biología no es nueva, Alan Turing (nacimiento 1912 - muerte 1954) fue un matemático, lógico, científico de la computación, criptógrafo y filósofo Inglés, considerado uno de los padres de la computación y precursor de la informática, utilizó las primeras “computadoras” para entender procesos complejos, como los que se dan en la biología, de aquí surge lo siguiente:

- Por un lado, decidió desarrollar modelos matemáticos de la morfogénesis, que a grandes rasgos es el proceso biológico que explica cómo un organismo adquiere una forma determinada.
- Por otra parte, afianzó las bases de la Inteligencia Artificial como una disciplina integrada en las ciencias de la computación que pretendía imitar las capacidades cognitivas de la mente humana.

Turing en aquel momento, sentó las bases de dos disciplinas que hoy en día son parte del desarrollo de la Biología, la Biología computacional y la Computación Biológica. La semejanza de los nombres, puede crear confusión, pero no son lo mismo, ni sus áreas de trabajo (Jou, 2012) (RedacciónT21, 2015) (Reinitz, 2012).

Biología computacional

Ciencia multidisciplinaria que hace uso de herramientas informáticas para darnos una interpretación clara de sistemas biológicos complejos. Esta ciencia aplica las matemáticas, la estadística e informática para resolver problemas biológicos, bioquímicos, ecológicos, médicos; también almacena, analiza e interpreta los grandes volúmenes de información que se genera de los experimentos que se desarrollan, en biología molecular, biología estructural, genómica funcional, evolución y filogenómica, entre otros.

Los resultados de los experimentos o análisis, generan grandes cantidades de información y sería muy difícil su análisis utilizando medios manuales. En este punto la informática y las herramientas antes mencionadas juegan un papel importante para llevar a cabo el análisis de los datos de manera masiva, con un nuevo enfoque, más precisa y eficiente por métodos automatizados. Este análisis de datos no sólo sirve para entender los resultados de los experimentos, si no para sentar las bases para la creación de modelos matemáticos y simulaciones por computadora, los cuales inclusive pueden predecir comportamientos futuros, en áreas como la ecología, la neurociencia, la genética y la biología molecular, entre otras disciplinas (RAI, 2020) (Langebio, 2020) (Rechenmann, 2001) (Rodwell, Bender, Botham, Kathleen, Kennelly, Weil, Harper. 2016).

También a este uso de herramientas para resolver problemas biológicos se le conoce como “**Bioinformática**”, la revista “Nature” resume que ambas disciplinas son esencialmente lo mismo, aunque algunos autores e investigadores consideran que hay algunas diferencias entre ambas (Nature, 2020).

Computación biológica

Se considera una rama de la informática, que estudia, sistemas biológicos para procesar y almacenar información, pero también se ha inspirado en los mecanismos de la evolución,

para desarrollar nuevos conjuntos de operaciones matemáticas que permitan hacer un cálculo y así obtener la solución a un problema, el cual puede ser muy complejo.

Aquí se desprenden dos áreas de estudio, que tienen aplicaciones en diferentes campos de la informática: Desarrollo de hardware y software (García, 1999) (Shapiro y Benenson, 2007)

Hardware: Computadoras biológicas

La computación biológica, sin duda está vinculada a los ordenadores biológicos. Se vislumbra que aún falta tiempo para que estas computadoras salgan de los laboratorios y puedan marcar una tendencia ayudando a resolver problemas específicos que en la actualidad son difíciles de resolver con las computadoras convencionales.

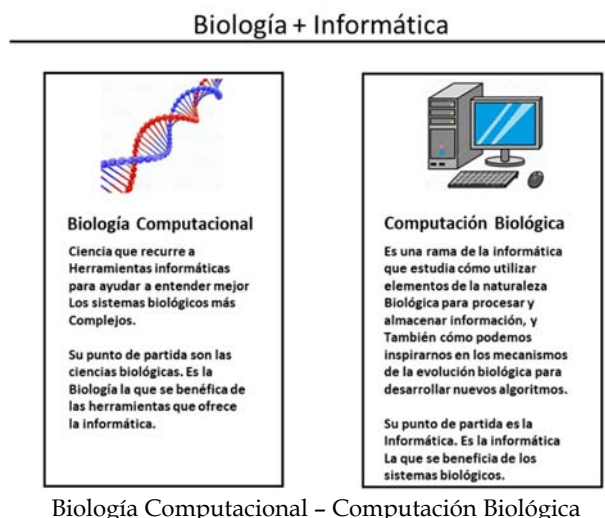
La computadora biológica es una solución líquida que contiene ADN y enzimas (FokI y ligasa), que hacen las funciones de software y hardware, respectivamente. La computadora biológica ADN usa un código base 4 para representar los datos (adenina, tiamina, guanina y citosina), mientras que la computadora electrónica usa un código base 2 en la forma de ceros y unos, o también conocido como binario.

Software: Rama importante de la Inteligencia Artificial

Si bien el hardware puede marcar una tendencia a mediano o largo plazo, en el caso del software no es así, ya que es una rama muy sólida de la inteligencia artificial. Se inspira en los mecanismos de la evolución biológica para encontrar soluciones a problemas computacionales complejos.

Sus principales e interesantes herramientas son los sistemas de aprendizaje basados en poblaciones; la resolución de problemas mediante esquemas evolutivos inspirados en metáforas biológicas, como los algoritmos genéticos o las redes neuronales artificiales.

En la siguiente figura, se hace un resumen de lo que es la Biología Computacional y la Computación Biológica.



Hasta este punto, se ha tocado la idea, de cómo la necesidad de “conocimiento”, nos ha llevado a desarrollar diferentes tipos de conceptos de las ciencias y como la interacción entre estas han permitido dar pasos enormes para el entendimiento de experimentos y la resolución de problemas, en específico entre la Biología y la informática.

¿Pero cómo está actualmente la Biología Computacional o Bioinformática y la Computación Biológica en el mundo? A continuación, haremos una reseña *informativa* de estas por continente.

Estado actual de la Biología Computacional, la Bioinformática y la Computación Biológica en el mundo

Asia

Japón

En el año de 1871 se establece el ministerio de Educación, en 1949 se establece el Comité de Administración Técnica Científica, para el año de 1956 se establece la agencia de Ciencia y Tecnología, en el año 2001 se establece MEXT (fusión del Ministerio de Educación, Ciencia del Deporte y Cultura y la Agencia de Ciencia y Tecnología (del inglés JST - Japan Science and Technology Agency).

MEXT = Ministry of Education, Culture, Sports, Science and Technology (Ministerio de Educación, Cultura, Deportes, Ciencia y Tecnología)

El Ministerio de Educación, Cultura, Deportes, Ciencia y Tecnología (MEXT), dentro de su organización, cuenta con la **Oficina de Políticas de Ciencia y Tecnología**, la cual planifica y diseña las políticas básicas para promover la ciencia y la tecnología, e intenta desarrollar los recursos humanos en ciencia y tecnología desde el nivel estudiantil hasta los niveles de investigador e ingeniero, promueve estratégicamente las actividades internacionales, así como la promoción de la ciencia y la tecnología en las regiones del país.

El MEXT en su portal, publica el Libro blanco de ciencia y tecnología 2006, el cual está conformado por tres partes:

Parte 1 El desafío para construir una sociedad futura: el papel de la ciencia y la tecnología en una sociedad que envejece con menos niños.

Parte 2 El estado actual de la ciencia y la tecnología en Japón y otras naciones.

Parte 3 Medidas adoptadas para la promoción de la ciencia y la tecnología.

Dentro de las secciones, 3 Medidas adoptadas para la promoción de la ciencia y la tecnología, y la 3.2 Estrategias prioritarias para la ciencia y la tecnología, encontramos la sección 3.2.2.1 Ciencias de la vida, en la cual entre otros temas se explica las acciones desarrolladas en los Campos estratégicos de las Ciencias Biológicas (Investigación relacionada con el genoma) y la promoción de la **Bioinformática**.

Promoción de la Bioinformática

El MEXT indica que las Investigaciones recientes sobre las ciencias del genoma han puesto a disposición vastos volúmenes de información relacionada con el genoma, lo que requiere la aparición del nuevo campo de la bioinformática, una integración de las ciencias de la vida y los sectores de TI (Tecnologías de la información) , como una forma de utilizar esta información.

En el Ministerio de Educación, Cultura, Deportes, Ciencia y Tecnología, el Instituto de Investigación y Desarrollo Bioinformático (del inglés BIRD - Bio-informatics Research and Development) de la Agencia Japonesa de Ciencia y Tecnología participa activamente en la actualización, estandarización y expansión de bases de datos, así como en el desarrollo de herramientas de análisis del genoma con la cooperación de investigadores de los sectores de la biología y de las tecnologías de la información. El ministerio también promueve el desarrollo del Banco de Datos de ADN de Japón (del inglés DDBJ - DNA Data Bank of Japan), uno de los tres más grandes de su tipo en el mundo, bajo la operación del Instituto Nacional de Genética, y otras bases de datos relacionadas con el genoma. Además, el Fondo de Coordinación Especial para la Promoción de la Ciencia y la Tecnología se está utilizando para implementar programas relacionados con el desarrollo del personal en el campo de la bioinformática, con financiamiento dirigido a universidades y colegios.

En el año 2000, el Ministerio de Economía, Comercio e Industria comenzó a construir una base de datos H-invitational (una base de datos completa), que incluye datos obtenidos de forma independiente y con herramientas avanzadas de búsqueda y análisis, para permitir la utilización en la investigación e industrialización de grandes cantidades de biotecnología. La base de datos se ha hecho pública y se ha ampliado aún más desde el año 2004. Además, el ministerio inició el "Proyecto de análisis del modelo de diversidad genética" en el año 2000 (basado en el presupuesto suplementario) para implementar el desarrollo de software que lo convertirá en posible realizar búsquedas eficientes de genes relacionados con enfermedades, basadas en microsátélites, SNPs² y otra información de genes polimórficos.

BIRD - Bio-informatics Research and Development (Instituto de Investigación y Desarrollo Bioinformático)

Su misión es ayudar al progreso de la bioinformática y promover la creación de una nueva Biología, con características computacionales, deductivas, predictivas y teóricas.

¿Qué hace el BIRD?

Promueve el desarrollo de la investigación y el desarrollo de la bioinformática, que tipos de bases de datos y software de análisis deben desarrollarse y que tipo de instalaciones informáticas se necesitan para ese desarrollo.

Mantiene el entorno informático y de la red de datos, y funciona como una agencia de financiación para futuros planes de promoción.

Desarrolla bases de datos básicas: base de datos de secuencias del genoma, base de datos de estructura de proteínas 3D, base de datos de perfiles de expresión génica, base de datos de interacción molecular, etc.

Realiza y coordina la integración, mejora y estandarización de bases de datos básicas.

Desarrolla herramientas informáticas para analizar varios tipos de datos biológicos y experimentales, extracción de datos de bases de datos, simulación por computadora de sistemas vivos, etc.

Desarrolla ontologías necesarias para la descripción de datos y conocimientos de bases de datos que almacenan funciones biológicas e integración de las bases de datos básicas.

Realiza y coordina la investigación y el desarrollo de tecnologías y teorías innovadoras y creativas que avanzan hacia la comprensión de la vida como un sistema de información, especialmente enfoques mediante la colaboración de científicos informáticos y científicos experimentales.

Proporciona instalaciones informáticas para desarrollar bases de datos y software, para ponerlos a disposición del público.

Brinda cursos de capacitación para enseñar el uso de bases de datos y herramientas, para principiantes en bioinformática y organiza reuniones científicas.

Brinda un espacio comunitario con instalaciones informáticas de alto rendimiento, para la generación de ideas innovadoras, las cuales se desarrollan mediante la discusión libre y el "ensayo y error" en los equipos de cómputo, para promover el desarrollo de científicos jóvenes que crearán nuevos descubrimientos biológicos basados en la Bioinformática.

De la unificación de la biociencia y la informática a la creación de conocimiento

La Agencia de Ciencia y Tecnología de Japón, promueve la creación de las bases de datos biológicas y del genoma, y promueve la investigación y el desarrollo para aclarar el fenómeno biológico con la bioinformática, contribuyendo a la construcción de una de las mejores infraestructuras de datos de ciencias biológicas y al progreso de la investigación en las ciencias biológicas. Los programas con los que cuenta son los siguientes:

- Avance y estandarización de la base de datos biológica.
Promueve la mejora a las bases de datos que son esenciales para identificar conocimientos nuevos a partir de una gran cantidad de información biológica. También impulsa a que las bases de datos estén disponibles a todo el público que las requiera.
- Investigación y desarrollo basado en el conocimiento de información biológica.
Con la integración de la informática y las biociencias, la agencia promueve la investigación y el desarrollo con el objetivo de encontrar principios y reglas de los procesos vitales a partir de una gran variedad información biológica y

sistematizarlos, para finalmente dar a conocer los resultados obtenidos. Estos resultados sirven como incentivo para el desarrollo de la bioinformática.

- Difusión de los resultados de la investigación.
Difunde las tecnologías relacionadas con la bioinformática y las bases de datos derivadas de los resultados de la investigación en las ciencias de la vida.
- Participación en el GBIF (Global Biodiversity Information Facility).
GBIF es un proyecto científico global a través del cual cada organización y país participante proporciona datos sobre diversidad biológica en redes distribuidas y permite que esos datos se utilicen a través de Internet. La Agencia de Ciencia y Tecnología asume un papel activo como secretaria del Comité Científico de GBIF Japón.

NIG = The National Institute of Genetics (Instituto Nacional de Genética)

En el año de 1949, el Ministerio de Educación, Ciencia del Deporte y Cultura de Japón, establece el NIG, con un departamento administrativo y tres departamentos de investigación. Desde su fundación y hasta el año 2019, ha impulsado la investigación del DNA, estableciendo el Centro de Genómica Avanzada y participando activamente en la creación y mantenimiento del Banco de Datos de ADN de Japón (del inglés DDBJ - DNA Data Bank of Japan).

Acerca del LOGO



Simboliza la primera división meiótica y ejemplifica la idea del Dr. Hitoshi Kihara (1946): "La historia de la tierra está registrada en las capas de su corteza; la historia de todos los organismos está inscrita en los cromosomas".

Áreas de investigación

El instituto dentro de sus áreas de investigación, cuenta con las siguientes:

- Biología Molecular / Bioquímica
- Biología Celular
- Biofísica / Biología Estructural
- Biología del desarrollo
- Biología Vegetal
- Neurobiología
- Bioinformática
- Biología evolutiva / cuantitativa
- Biología del genoma

Dentro del área de la **Bioinformática**, se desarrollan las siguientes investigaciones:

- Genética de poblaciones y evolución del genoma.
Se combinan los estudios teóricos y de laboratorio para estudiar los mecanismos de evolución del genoma, actualmente los intereses se enfocan en:
 1. Bases fenotípicas de selección débil: las limitaciones biosintéticas o la selección para una síntesis eficiente pueden ser factores globales importantes en la evolución del genoma y del proteoma.
 2. Modelado de procesos evolutivos: emplean simulaciones por computadora de la selección débil y las interacciones de aptitud entre mutaciones para determinar métodos estadísticos para detectar fuerzas evolutivas sutiles.
 3. Evolución del genoma específico del linaje: están tratando de entender por qué la composición de los nucleótidos y los aminoácidos varía fuertemente entre *Drosophila* estrechamente relacionados.
- Sistemas biológicos como una red.
 1. Análisis de redes metabólicas
Las enzimas transforman la estructura molecular de los metabolitos para constituir la red metabólica. Se analiza la red a escala atómica. El análisis completo de moléculas pequeñas dentro de las células se llama metabolómica, el tercer enfoque ómico después de la genómica y la proteómica. Desarrollan plataformas de software fundamentales para apoyar la metabolómica, como bases de datos y algoritmos de coincidencia espectral.
 2. Portal web de fitoquímicos
Las plantas aportan diversos compuestos que enriquecen nuestra vida diaria. Dichos metabolitos se denominan fitoquímicos e incluyen flavonoides, vitaminas, fitoesteroles y polisacáridos. Se cuenta información fitoquímica y se ha creado un repositorio estilo wiki para retroalimentar conocimientos útiles al público. El sistema se parece más a un portal o una ciberinfraestructura que a una base de datos. También se ha planteado utilizar este recurso para analizar las vías biosintéticas en las plantas.
- Estudio de la evolución molecular utilizando la secuencia del genoma y la expresión del gene.
Se estudia el proceso evolutivo para la adquisición de nuevos caracteres fenotípicos mediante genómica comparada y enfoques evolutivos moleculares, utilizando diversos compuestos animales, hongos o bacterias. En particular, recientemente la investigación se ha centrado más en (1) Análisis evolutivo molecular de genes asociados con órganos sensoriales, (2) Evolución de la capa de poro septal en hongos, (3) Biodiversidad y dinámica de microbios marinos basados en análisis metagenómico, (4) Filogenia Molecular basada en genes mitocondriales y nucleares, (5) Estudio del gen causal de la enfermedad y el modelo genético de la enfermedad, (6) Búsqueda de conocimientos y desarrollo de sistemas para “Big data” en ciencias de la vida.
- Investigación sobre utilización de recursos biológicos y bases de datos.
En el campo de las ciencias de la vida, tecnologías innovadoras como la secuenciación del genoma y la edición del genoma dan lugar a nuevos hallazgos día tras día. Para avanzar en la investigación y facilitar nuevos hallazgos, la utilización eficaz de los recursos biológicos y las bases de datos juega un papel fundamental. El laboratorio de esta área, han estado trabajando en investigación y desarrollo de bases de datos y sistema de recuperación de información para el

- Proyecto Nacional de BioResource (del inglés NBRP - National BioResource Project) y el proyecto de base de datos integrada para ciencias de la vida.
- Revelando la dinámica de la comunidad microbiana.
En esta área de investigación, están interesados en comprender la evolución del genoma microbiano y la dinámica de la comunidad microbiana, y actualmente trabajan en dos principales direcciones de investigación; **I.** Facilitar el desarrollo de una base de datos integrada “MicrobeDB.jp”, **II.** Dinámica de la comunidad microbiana. Los intereses de investigación se combinan, con la experiencia en genómica y metagenómica microbiana con bioinformática y desarrollos de bases de datos integradas que ahora están permitiendo la perspectiva de iluminar la dinámica de la comunidad microbiana. Están tratando de comprender mejor cómo se mantiene la diversidad microbiana y cómo surgió. También intentan proponer un nuevo escenario evolutivo recuperando información de ADN de restos paleontológicos.
 - Promoción del DDBJ (del inglés DNA Data Bank of Japan) como base de datos de infraestructura para las ciencias de la vida.
Las tecnologías de secuenciación masiva permiten a los biólogos obtener mayores cantidades de datos de secuencias de nucleótidos. Para facilitar la reutilización de datos de nucleótidos tan grandes, es necesario crear una base de datos de secuencias de alta calidad como datos de referencia. También es importante equipar un sistema de anotación automatizado que permita obtener resultados rápidos y precisos para un análisis de secuenciación confiable. En esta área de investigación, este laboratorio está a cargo del Banco de datos de ADN de Japón (DDBJ) e intenta desarrollar sistemas avanzados de gestión de bases de datos y mejorar la calidad de las anotaciones en las bases de datos del genoma. Han estado construyendo un sistema de anotación automática para procariotas: DDBJ Fast Annotation and Submission Tool (DFAST). También han proporcionado información del genoma de alta calidad para importantes especies de plantas, como la hepática *Marchantia polymorpha* y la naranja japonesa *Citrus unshu*.
 - Descubrimiento de conocimiento a través de mediciones de todo el genoma.
Un “cuerpo” de conocimiento biomédico se desarrolla en 2 pasos: **Paso A:** acumular e intercambiar situaciones capturadas en descripciones y datos; y **Paso B:** situaciones abstractas en un conjunto coherente de enunciados dogmáticos o matemáticos para que la gente pueda utilizarlos en la toma de decisiones. La abrumadora producción de A, principalmente por la asistencia tecnológica de las máquinas de diagnóstico, laboratorio y comunicación, está creando una situación estresante denominada “sobrecarga de información” o “diluvio de datos”. Deben inventarse nuevas tecnologías para que B obtenga un mayor rendimiento de la inversión en biomedicina.

inglés JGA - Japanese Genotype-phenotype Archive) en colaboración con el Centro Nacional de Base de Datos de Biociencias de la Agencia Japonesa de Ciencia y Tecnología (del inglés JST - Japan Science and Technology Agency). Y continúan proporcionando bases de datos fundamentales para las ciencias de la vida.

El envío de datos al DDBJ proviene principalmente de Japón; algunos envíos proceden de otros países de Asia y Oriente Medio. El número de envíos de esas fuentes representa un poco más del 10% de todos los envíos del INSD (Figura B). El acceso desde Internet a la DDBJ se obtiene a través de nombres de dominio, p. Ej. 50% de ".com" y ".net" (de empresas), 20% de ".jp" (de Japón) y 7% de ".gov" (del gobierno de EE. UU.). Los accesos restantes son de fuentes anónimas o direcciones desconocidas.

Su plataforma de supercomputadoras es gratuita para los investigadores japoneses. Cada año, más de 600 usuarios registrados realizan investigaciones sobre ciencias biológicas en su sistema de supercomputadoras.



Figura A (NIG, 2020)

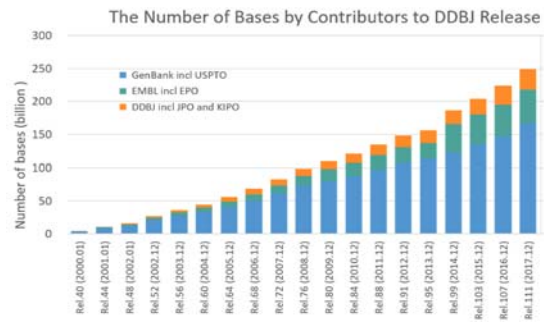
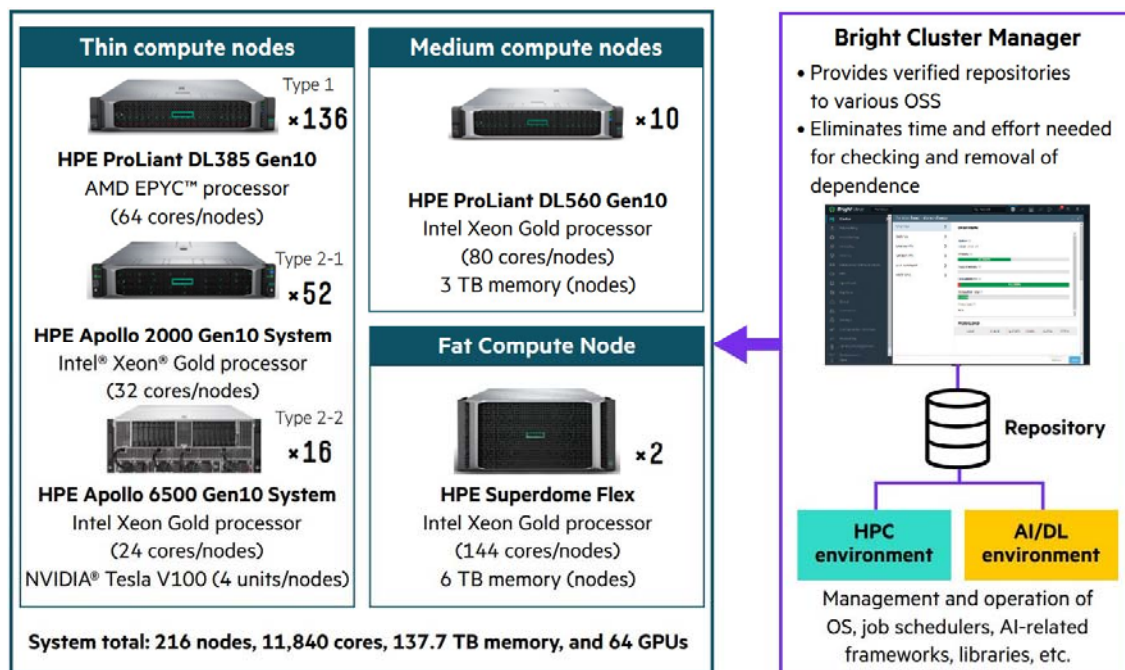


Figura B (NIG, 2020)

NIG supercomputadora

En marzo de 2019, el NIG reinventó su sistema de supercomputadora y logró un rendimiento operativo teórico total de aproximadamente 1.1 PFLOPS, aproximadamente 2.2 veces más en comparación con el sistema anterior. Esta supercomputadora del NIG de **quinta generación** se utiliza para la base de datos internacional de secuencias de nucleótidos (INSDC), en la que investigadores de todo el mundo registran datos de secuencias de base, y como entorno para realizar varios tipos de procesamiento analítico relacionados con la genómica.

El NIG se posiciona como la institución central para las ciencias biológicas y la investigación médica del genoma de Japón. La solución HPE HPC se adoptó ampliamente, abarcando un gran sistema de uso compartido de memoria, un sistema de tipo clúster, un sistema GPU y un entorno de gestión de operaciones integrado.



El sistema de supercomputadoras del NIG de quinta generación (NIG, 2020)

Universidad de Tokio (UT)

Posicionada como una de las mejores universidades de Japón, la UT tiene un total de 10 facultades. Una característica destacada de la educación de pregrado en la Universidad de Tokio es que los dos primeros años (denominados División Junior) se dedican a la adquisición de habilidades fundamentales necesarias para estudios posteriores. En los dos últimos años de la educación universitaria (denominada División Senior), los estudiantes prosiguen sus campos de especialización. Las facultades son la de Agricultura, Artes y Ciencias, Economía, Educación, Ingeniería, Leyes, Letras, Medicina, Ciencias Farmacéuticas y Ciencias.

Facultad de Ciencias

Laboratorio Morishita

Dentro de su plantilla de investigadores se encuentra el profesor **Morishita Shinichi**, su campo de investigación es la Bioinformática, la Biología Computacional, la Optimización Computacional y la Deducción Automatizada. Dentro de sus intereses está el uso de herramientas biológicas de alto rendimiento (por ejemplo. Secuenciadores de ADN) y computadoras masivamente paralelas, estructura de la cromatina, epigenómica, secuenciación del genoma, evolución (cromosómica), la iniciación de la transcripción y procesamiento de imágenes para levaduras y moscas.

Actualmente ha estado trabajando en el desarrollo de algoritmos eficientes y programas de software para probar clases restringidas de problemas en la ciencia del genoma, los sistemas de bases de datos y el aprendizaje automático.

El interés principal del laboratorio del **Morishita** es la investigación y el desarrollo de un software de teoría fundamental para analizar datos biológicos y médicos a gran escala.

Lista de servidores web y programas de software disponibles en el laboratorio **Morishita**.

Medaka genomic resource	Nueva versión del recurso genómico medaka por secuenciación de lectura larga SMRT.
AgIn	Procesar el resumen cinético de la secuenciación SMRT para predecir la metilación regional en un gran genoma.
BoostKCP	Método heurístico simple pero poderoso para acelerar la agrupación de k-medias de datos a gran escala en las ciencias de la vida.
TRhist	Detección rápida de repeticiones cortas en tándem expandidas en genómica personal mediante secuenciación híbrida.
WormTSS	El transcriptoma primario de C. elegans.
UTGB Toolkit	Herramientas para el desarrollo de navegadores genómicos personalizados.
FreClu	Herramienta para el recorte de errores de secuenciación en lecturas cortas.
UTGB medaka genome browser	Navegador del genoma del pez Medaka.
UT Genome Browser (Yeast)	Navegador del genoma de la levadura en ciernes.
siDirect	Sitio de diseño en línea de siRNA altamente eficaz y específico para cada objetivo Publicación de NAR.
dsCheck	Sitio de diseño en línea de dsRNA altamente eficaz y específico para cada objetivo.
SCMD	La base de datos morfológicas de Saccharomyces Cerevisiae (SCMD) es una colección de micrografías de mutantes de levadura en ciernes.
PrimerStation	Herramienta para el diseño de cebadores de PCR genómica múltiple.

Posgrado

La investigación y la educación en la Escuela de Graduados de Ciencias (del inglés GSS = Graduate School of Science) de la Universidad de Tokio tienen como objetivo crear y desarrollar nuevos conocimientos de las verdades del mundo natural y garantizar que este conocimiento se transmita a los estudiantes, compañeros y la sociedad en general. El GSS brinda una excelente enseñanza en los conceptos y metodologías para realizar investigaciones de primera línea en las ciencias físicas para estudiantes graduados que desempeñarán un papel de liderazgo en los futuros campos de su elección. Los estudiantes de posgrado de UT (Todai) terminan sus estudios confiando en su creatividad y equipados con los conocimientos y los medios para abordar y resolver los problemas que se enfrentarán en el futuro.

La Facultad tiene cinco departamentos para posgrado: **Física, Astronomía, Ciencias de la Tierra y Planetarias, Química y Ciencias Biológicas.**

Pregrado

En su portal la facultad da este mensaje a los interesados en el pregrado; “En esencia, la ciencia busca los principios y leyes fundamentales del mundo natural a través de un

"diálogo con la naturaleza". Comenzando con preguntas simples como "¿Por qué?" ¿Y cómo?" nos acercamos a los misterios de la naturaleza. Lo que motiva la investigación científica es el deseo de sabiduría, la característica definitoria del ser humano. A veces, nuestra comprensión de la naturaleza se aplica inmediatamente al mundo real; otras veces provoca cambios profundamente arraigados en nuestras vidas durante un largo período de tiempo".

La Facultad tiene diez departamentos para pregrado: **Matemáticas, Ciencias de La Información, Física, Astronomía, Física Terrestre y Planetaria, Ciencias Ambientales Terrestres y Planetarias, Química, Biofísica y Bioquímica, Ciencias Biológicas y Bioinformática y Biología de Sistemas.**

Departamento de bioinformática y biología de sistemas

En este departamento, los estudiantes aprenden sobre nuevos campos de la biología moderna, como la bioinformática y la biología de sistemas, además de los conceptos básicos de la ciencia biológica y la ciencia de la información. Mediante el trabajo del curso que combina la programación (denominados seco) y los experimentos biológicos (denominados húmedos), los estudiantes son entrenados para ser "bilingües" tanto en la experimentación "húmeda" como en la "seca".

Europa

España

En el 2006, Alfonso Valencia, publico un artículo en el que indica que la falta de iniciativas en las áreas como la genómica, la cual se encarga de estudiar el material genético y la proteómica, que intenta entender mejor la estructura y función de las proteínas, habían provocado un atraso en la ciencia y tecnología en España.

En el artículo también se indica, la situación de desventaja en la que se encontraba España respecto a otros países líderes en la biología computacional, por lo que en el sector público se llevaron a cabo las siguientes iniciativas para romper con esta situación histórica y que ha sido la creación de la Fundación Genoma España (www.gen-es.org) de plataformas tecnológicas destinadas a dar soporte a los proyectos de genómica y proteómica en el país. Estas plataformas incluyen: el Centro Nacional de Genotipado (www.cegen.org), el Instituto de Proteómica (www.proteored.org), el banco de DNA (www.bancoadn.org) y la iniciativa para facilitar el acceso a DNA arrays y el Instituto Nacional de Bioinformática (www.inab.org)

Por otro lado algunas universidades españolas han incluido dentro del área de las ciencias biológicas a la bioinformática, dentro de sus planes de estudio. La Universidad Autónoma de Madrid, la Universidad Politécnica de Madrid, la Universidad de Barcelona y el Instituto de Salud Carlos III son algunos de los centros españoles que actualmente imparten formación en las áreas de la bioinformática y la biología computacional.

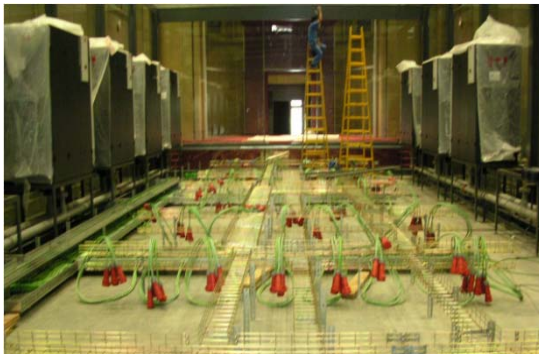
Centro Nacional de Supercomputación - Barcelona Supercomputing Center (CNS-BSC)

Por otro lado el Grupo de Biología Computacional que dirige el profesor Alfonso Valencia (BSC - 2020a), el cual forma parte del *Centro Nacional de Supercomputación* con sede en Barcelona, es actualmente una de las instituciones que va a la punta en la materia, investigando en áreas tan interesantes como son la predicción de las consecuencias que tienen las mutaciones en la evolución del cáncer; la epigenómica, que estudia cómo la edad y la exposición al medioambiente pueden alterar el comportamiento de los genes; la computación cognitiva, que diseña algoritmos capaces de simular los procesos del pensamiento humano dentro de un ordenador; y la inteligencia artificial.

El Centro Nacional de Supercomputación (CNS), también conocido con el nombre de Barcelona Supercomputing Center (BSC), continúa hasta la fecha con las actividades del que fue su predecesor, el Centro Europeo de Paralelismo de Barcelona (CEPBA), centro que en el año de 1991 inicio actividades, recopilando la experiencia y necesidades de varios departamentos de la Universidad Politécnica de Catalunya (UPC). El Dpto. de Arquitectura de Computadores (DAC) proporcionó experiencia en el nivel inferior de un sistema informático (núcleos numéricos, SO, herramientas y arquitectura).

En 2004, el Ministerio de Educación, la Generalitat de Catalunya y la UPC tomaron la iniciativa de crear un Centro Nacional de Supercomputación en Barcelona.

En 2005, el BSC-CNS se estableció oficialmente y comenzó su actividad. El **MareNostrum** fue construido como la máquina más potente de Europa (BSC - 2020b).



■ *MareNostrum*, Instalación 2004 (BSC, 2020).



■ *MareNostrum*, versión 3, 2012 (BSC, 2020).

[MareNostrum 4](#)

A finales de junio de 2017 comenzó a operar MareNostrum 4, que cuando esté completamente instalado tendrá un rendimiento máximo de 13.7 Petaflops.

Su capacidad de cálculo se distribuye en dos bloques completamente diferentes: un *bloque de uso general* y un *bloque de tecnologías emergentes*.



■ *MareNostrum*, versión 4, 2017 (BSC. 2020)

Investigación y desarrollo

El CNS-BSC cuenta con ocho áreas de investigación y desarrollo, las cuales a su vez están conformadas por áreas con enfoques específicos de estudio, dentro de estas se encuentra la Bioinformática.

- | | | |
|---|---|---|
| <ul style="list-style-type: none"> • Áreas de Investigación <ul style="list-style-type: none"> ○ Composición atmosférica ○ Bioinformática ○ Predicción del clima ○ Computación cognitiva ○ Arquitectura de computadoras y diseño de códigos ○ Simulación de ingeniería ○ Genómica ○ Ingeniería de software HPC ○ Modelado molecular ○ Análisis de rendimiento ○ Información cuántica | <ul style="list-style-type: none"> ○ Big Data ○ Biomecánica ○ Computación en la nube ○ Ciencias computacionales de la Tierra ○ Computación distribuida ○ Educación ○ Fusión ○ Geofísica ○ Ciencia de los materiales ○ Infraestructura de operaciones ○ Modelos de programación ○ Simulación social <ul style="list-style-type: none"> • Personas | <ul style="list-style-type: none"> • Departamentos de Investigación <ul style="list-style-type: none"> ○ Ciencias de la Computación ○ Ciencias de la Vida ○ Ciencias de la Tierra ○ CASE • Proyectos • Publicaciones <ul style="list-style-type: none"> ○ Resúmenes Anuales ○ Informes Técnicos • Software & Apps • Seminarios de Investigación <ul style="list-style-type: none"> ○ Seminarios anteriores • Conferencias |
|---|---|---|

Integración y gestión de datos biológicos



La bioinformática actual se enfrenta a un crecimiento exponencial de datos. La genómica, los registros clínicos o los datos de simulación acumulan terabytes de datos que requieren encontrar nuevas formas de almacenamiento o transmisión de datos, la adaptación de herramientas analíticas y formas eficientes de presentar resultados.

Infraestructuras computacionales para la investigación biomolecular



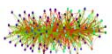
Las infraestructuras electrónicas son cada vez más necesarias para proporcionar una base computacional para las comunidades de investigación. Las infraestructuras computacionales deben combinar formas eficientes de administrar datos y también proporcionar la ejecución del flujo de trabajo en diferentes niveles, desde clústeres locales hasta supercomputadoras.

Consecuencias funcionales de las variantes genéticas



El conocimiento de las consecuencias funcionales de las variantes genéticas es clave para evaluar su influencia en las enfermedades y su posible implicación para el diagnóstico o el diseño del tratamiento.

Biología de red



Investigación de enfoques AI / ML para el análisis de redes biológicas complejas, en los campos de la epigenómica, construcciones ontológicas y asociaciones de enfermedades (comorbilidad).

Iniciativa de medicina personalizada



Esta línea de investigación engloba el desarrollo de diferentes estrategias y enfoques para mejorar el diagnóstico personalizado de la enfermedad, así como la selección de tratamientos para pacientes particulares, en función de sus características individuales.

Impacto científico y social



El impacto social de la investigación científica se está convirtiendo en un tema de investigación imprescindible, ya que permite explicar la ciencia de una forma accesible para la sociedad.

De acuerdo a su portal el BSC, cuenta con un equipo de 650 expertos y profesionales en I+D, la investigación del centro se enfoca en cuatro campos: **Ciencias Computacionales, Ciencias de la Vida, Ciencias de la Tierra y Aplicaciones Computacionales en Ciencia e Ingeniería.**

Además del BSC en España hay otros centros de investigación que promueven la investigación y desarrollo como el **Centro Nacional de Genotipado (CeGen)**, el **Banco Nacional de ADN Carlos III** y el **ProteoRed-ISCIII**, entre otros, veamos cómo cada uno de ellos apoyan a la Biología con la ayuda de herramientas informáticas.

Centro Nacional de Genotipado (CeGen)

El Centro Nacional de Genotipado (CeGen) es una plataforma tecnológica creada en el año 2003 y que actualmente forma parte de la Plataforma en Red de Recursos Biomoleculares y Bioinformáticos (PRB3) del Instituto de Salud Carlos III (ISCIII) (CeGen-ISCIII). Su objetivo principal es realizar proyectos de genotipado de SNPs (del inglés Single Nucleotide Polymorphisms), CNVs (del inglés Copy Number Variations) e InDels (del inglés Insertions

and Deletions) y de análisis de metilación del ADN, a gran escala y bajo costo, tanto en humanos como en cualquier otra especie animal o vegetal.

El CeGen-ISCIH está formado por dos nodos de genotipado, ubicados en la Universidad de Santiago de Compostela (Santiago de Compostela) y en el Centro Nacional de Investigaciones Oncológicas (Madrid).

En el portal del CeGen, se indica que cuenta con personal altamente calificado y experimentado en tecnologías de genotipado y servicios complementarios al genotipado, la investigación del centro se enfoca en los siguientes campos: **Tecnologías de genotipado (Plataformas de alta, media y baja capacidad), metilación, pre-genotipado y post-genotipado.**

Banco Nacional de ADN Carlos III

El Banco Nacional de ADN (BNADN) es una plataforma tecnológica de apoyo a la investigación biomédica creada a principios de 2004 por la Fundación Genoma España, con el fin de potenciar el desarrollo de la investigación en genómica en España. El BNADN, se ha convertido en un biobanco de referencia nacional e internacional para la extracción, almacenamiento y gestión de muestras biológicas, tanto por sus instalaciones y capacidades técnicas como por las colecciones singulares y únicas que ofrece a la comunidad científica.

Para la recolecta de muestras y datos, el biobanco colabora con más de 60 centros asociados distribuidos uniformemente por toda España, entre los que se incluyen hospitales, centros regionales de transfusión, bancos de sangre y otras instituciones sanitarias, fundaciones, universidades y otras instituciones públicas. En la actualidad hay depositadas en el biobanco una colección de muestras biológicas de, aproximadamente, 39.000 donantes (sanos y enfermos). De estas muestras biológicas, hasta 2018, se han distribuido más de 120.000 alícuotas a 270 proyectos de investigación.

El modelo de gestión del BNADN está certificado bajo la norma de calidad ISO 9001.

En enero de 2014 el biobanco pasa a formar parte de la Plataforma de Recursos Biomoleculares y Bioinformáticos del Instituto de Salud Carlos III, formada por el BNADN, el Instituto Nacional de Bioinformática (INB), la Plataforma en Red de Proteómica (PROTEORED), el Centro Nacional de Genotipado (CeGen) y el Banco Nacional de Líneas Celulares (BNLC).

En el portal del Banco Nacional de ADN Carlos III, se indica que la investigación del centro se enfoca en los siguientes campos/servicios:

Campos/servicios y [tarifas](#)

- | | |
|---|--|
| <ul style="list-style-type: none">• Servicio de extracción de ácidos nucleicos• Establecimiento de líneas linfoblastoide• Asesoramiento en implantación de SGC• Liofilización de proteínas | <ul style="list-style-type: none">• Obtención de células mononucleares• Servicios de formación:• Servicio control de calidad de ácidos nucleicos |
|---|--|

ProteoRed-ISCIH

ProteoRed-ISCIH integra 25 laboratorios como parte de una iniciativa proteómica dentro de la red del PRB3 del Instituto Nacional de Salud (ISCIH). La misión de ProteoRed es consolidar y mantener un recurso tecnológico proteómico competitivo con el fin de proporcionar un servicio de excelencia a los socios académicos e industriales.

El objetivo general de ProteoRed es contribuir al diseño y desarrollo de proyectos en las áreas de biotecnología y biomedicina, establecer nuevos conceptos en biología, identificar nuevas dianas diagnósticas y terapéuticas, promover el desarrollo de nuevos productos biofarmacéuticos y diseccionar el mecanismo de acción de los fármacos y sus efectos selectivos en individuos específicos.

Los objetivos de ProteoRed son:

- Prestar servicios tecnológicos competitivos en proteómica a la comunidad científica y, específicamente, al Servicio Nacional de Salud.
- Incorporar estándares internacionales a sus flujos de trabajo.
- Actualizar continuamente su cartera de servicios, incorporando nueva tecnología de vanguardia y procedimientos analíticos.
- Liderar la participación española en proyectos internacionales como el Human Proteome Project (HPP).
- Ofrecer formación continua a su personal.
- Promover actividades de difusión y educación para toda la comunidad científica y la sociedad en general.
- Mejorar la internacionalización de sus actividades.

Dentro de los servicios que ofrece, se encuentran:

Bioinformática

- [Image Analysis \(2DE, 2D-DIGE\)](#)
- [MS data analysis \(quantitative proteomics\)](#)
- [MS data analysis \("de novo"\)](#)
- Functional data analysis
- [RNA-Seq data analysis](#)
- [Human gene panels and exome data analysis](#)
- [Analysis of Illumina Methylation arrays](#)
- Microarray data analysis

Universidad de Barcelona (UB)

La UB tiene dieciséis facultades, diez centros adscritos y una escuela de doctorado, a través de los cuales canaliza su oferta formativa. Además, está formada por el Parque Científico, el servicio de Centros Científicos y Tecnológicos, diecisiete institutos de investigación, más de quinientos grupos de investigación y cerca de seis mil investigadores. Con dieciséis

bibliotecas y cien mil metros cuadrados dedicados a la salud y el deporte, la Universidad de Barcelona ofrece una amplia gama de servicios.

Dentro de su oferta académica, entre varias opciones, cuenta con dos maestrías relevantes dentro de marco de este proyecto:

- Bioinformática para las ciencias de la salud
- Bioinformática y Bioestadística

Bioinformática para las ciencias de la salud

El programa tiene como objetivo formar profesionales con conocimientos y habilidades orientados hacia el desarrollo de nuevas estrategias computacionales y sistemas informáticos de utilidad en la investigación biomédica y la práctica sanitaria, poniendo especial énfasis en los sistemas informáticos relacionados con la I+D de medicamentos y con las aplicaciones sanitarias de las tecnologías ómicas. Y se fundamenta en cinco grandes áreas de contenido:

- **Bioinformática del Genoma:** análisis, alineación, comparación y anotación automáticos de secuencias biológicas, análisis de la evolución y la variación de genomas, bases de datos de biología molecular.
- **Bioinformática Estructural:** introducción a los métodos experimentales usados en la determinación estructural de biomoléculas, predicción **AB initio** y por homología de estructuras de proteínas, simulación de sistemas biomoleculares, incluyendo predicciones energéticas y de interacción entre moléculas.
- **Biología de sistemas computacional:** descripción de redes biológicas y modelado de redes génicas, metabólicas y de proteínas. Análisis de los conjuntos masivos de datos resultantes de las tecnologías ómicas.
- **Farmacoinformática:** gestión de bibliotecas moleculares y su cribado virtual, diseño de fármacos asistido por ordenador y modelado cuantitativo de las relaciones estructura-actividad (QSAR y 3 D-QSAR/).
- **Informática Biomédica:** sistemas de información clínico-sanitarios, análisis de imágenes biomédicas, estudio de las relaciones genotipo-fenotipo y sistemas informáticos de ayuda a la toma de decisiones sanitarias.

Bioinformática y Bioestadística

Disciplinas como la biología molecular, la medicina, la veterinaria o la agronomía generan actualmente una gran cantidad de datos. Para sacar el máximo provecho de estos datos ómicos y poder avanzar en estas disciplinas, se precisan profesionales expertos en el manejo, el análisis y la interpretación de este tipo de datos: profesionales de la bioinformática, la genómica, la biología computacional o la biocomputación.

La maestría universitaria de Bioinformática y Bioestadística de la *Universitat Oberta de Catalunya* (UOC) y la UB permite adquirir un perfil particularmente adaptado a las necesidades actuales, con contenidos equilibrados de bioinformática y bioestadística

orientados a adquirir competencias en la gestión de los datos, la inteligencia artificial, el modelado y el análisis estadístico de problemas bioinformáticos.

La maestría se dirige principalmente a titulados universitarios en ingeniería informática, matemáticas, estadística, biología, medicina, farmacia u otras titulaciones de ingeniería, ciencias o ciencias de la salud que deseen especializarse en este ámbito.

El estudiante cursa una formación obligatoria que le permite adquirir las bases de conocimiento de la bioinformática y la bioestadística, así como aprender a utilizar los programas informáticos especializados de este ámbito a nivel avanzado.

Por otra parte, la maestría ofrece la flexibilidad y la optatividad necesarias para que el alumno pueda especializarse en los aspectos que más le interesen. Las asignaturas optativas incluyen temas como programación para la bioinformática, tendencias del sector bioinformático, biología molecular y biología estructural, diseño y análisis de experimentos, análisis de supervivencia, análisis multivariante, y aprendizaje automático (machine learning), además de la posibilidad de realizar prácticas en empresas. Y se fundamenta en grandes áreas de contenido:

- Comprender las bases moleculares y las técnicas experimentales estándares más comunes en las investigaciones ómicas (genómica, transcriptómica, proteómica, metabolómica, interactómica, etc.).
- Adquirir las habilidades técnicas apropiadas para la bioinformática, como la programación, la creación y gestión de bases de datos, la creación de páginas web, los análisis y diseño de algoritmos, y conocer su uso y aplicación en la bioinformática.
- Conocer los principios básicos de inferencia estadística y entender su papel fundamental en la bioestadística.
- Conocer los principales métodos de regresión adecuados a diferentes tipos de datos, saber ajustar los modelos apropiados y saber cómo evaluar la bondad del ajuste
- Conocer las principales bases de datos biológicas públicas y saber cómo explotar la información
- Adquirir la capacidad de tratar, gestionar, interpretar y analizar grandes volúmenes de datos usando software estadístico adecuado como el lenguaje estadístico R.

Precio

El precio de ambas maestrías es público, fijado de acuerdo con la indicación de la Generalitat, mediante el Decreto de precios, y completado con los acuerdos adoptados por el Consejo de Gobierno y el Consejo Social de la UB. El precio de las maestrías Erasmus Mundus lo fija el consorcio de universidades.

El precio aproximado de la matrícula estándar de una maestría de 60 créditos oscila entre los 2.500 y los 3.300 €.

Reino Unido (United Kingdom)

EMBL-EBI (European Molecular Biology Laboratory - European Bioinformatics Institute)

Antecedentes

En sus inicios, comenzó con la primera base de datos de secuencia de nucleótidos de mundo, la Biblioteca de Datos de Secuencia de Nucleótidos EMBL (ahora EMBL Bank, es parte del Archivo Europeo de Nucleótidos), establecida en 1980 en Heidelberg, Alemania. Su objetivo original era establecer una base de datos central de secuencias de ADN.

Lo que inicio como una sencilla tarea de obtener información de la literatura científica pronto se convirtió en una importante actividad para generar una base de datos, con investigadores presentando sus datos directamente y una demanda cada vez mayor de informáticos altamente calificados para manejarlo todo.

Los proyectos genómicos de alto perfil llamaron más la atención dentro del EMBL, y el sector comercial comenzó a ver la relevancia de los datos públicos.

La Biblioteca de Datos de Secuencia de Nucleótidos del EMBL claramente necesitaba seguridad financiera para garantizar su viabilidad a largo plazo.

Se establece en Reino Unido

El año de 1992, el consejo del EMBL votó para establecer el EMBL-European Bioinformatics Institute (EMBL-EBI) y para ubicarlo en el Wellcome Trust Genome Campus en Hinxton, Reino Unido, donde estaría más cerca de los principales esfuerzos de secuenciación en el Wellcome Trust Sanger Institute.

En septiembre de 1994, el EMBL-EBI se estableció firmemente en el Reino Unido.

El archivo Europeo de Nucleótidos y el recurso de secuencia de proteínas UniProt (entonces conocido como Swiss-Prot-TrEMBL) fueron las bases de datos originales EMBL-EBI. Desde entonces, el EMBL-EBI ha desempeñado un papel importante en la revolución bioinformática.

Visión general

El Instituto Europeo de Bioinformática (EBI) que forma parte del EMBL, tiene como parte de sus objetivos apoyar a los científicos a aprovechar el potencial del "Big Data" en Biología, explotando información compleja para hacer descubrimientos que benefician a la humanidad.

En el EMBL-EBI, los datos biológicos son públicos para todo el mundo, y están a la disposición de la comunidad científica libremente a través de una gama de servicios y

herramientas, realizan investigación básica y proporcionan capacitación profesional en bioinformática.

Como ya se mencionó el EBI, forma parte del Laboratorio Europeo de Biología Molecular (EMBL), una organización de investigación internacional, innovadora e interdisciplinaria, financiada por 27 estados miembros, 2 posibles estados miembros y 2 estados miembros asociados.



Estados miembros (Full): en 1974 Austria, Dinamarca, Francia, Alemania, Israel, Italia, Holanda, Suecia, Suiza y Reino Unido; Finlandia (1984), Grecia (1984), Noruega (1985), España (1986), Bélgica (1990), Portugal (1998), Irlanda (2003), Islandia (2005), Croacia (2006), Luxemburgo (2007), la República Checa (2014), Malta (2016), Hungría (2017), Eslovaquia (2018), Montenegro (2018), Polonia (2019) y Lituania (2019).

Posibles estados miembros (Prospect): Estonia y Letonia.

Miembros asociados (Associates): Australia (2008) y Argentina (2014).
(EMBL, 2020)

Está situado en el Wellcome Genome Campus en Hinxton, Cambridge, Reino Unido, una de las mayores concentraciones mundiales de experiencia científica y técnica en el área genómica.

Que hace el EMBL-EBI


■ **Contribución al avance de la biología a través de la investigación impulsada por investigadores:** El entorno de investigación es único y su amplia gama de intereses complementan el desarrollo de los datos. En la era de la genómica personal, su investigación es cada vez más traslacional y está relacionada con problemas de importancia directa para la medicina y el medio ambiente. Ofrecen muchas oportunidades para postdoctorados y capacitan a la próxima generación de biólogos computacionales en el Programa Internacional de Doctorado EMBL.


■ **Proporciona formación avanzada en bioinformática a científicos de todos los niveles:** Proporciona capacitación práctica en bioinformática para ayudar a los biólogos experimentales a aprovechar al máximo la amplia gama de recursos de datos. También lleva la formación a instituciones anfitrionas de todo el mundo con eventos ambulantes (roadshows) Bioinformáticos. Los usuarios pueden entrenar en su propio tiempo y ritmo usando el recurso en línea "Train".


- **Datos:** Proporciona datos libres y servicios bioinformáticos a la comunidad científica. De acuerdo a su portal cuentan con una gama completa de recursos de datos moleculares de libre acceso o disposición, estos datos han sido desarrollados en colaboración de sus colegas de todo el mundo, sus bases de datos y herramientas ayudan a los científicos a compartir datos de manera eficiente, realizar consultas complejas y al análisis de resultados de diferentes maneras. Su trabajo apoya a millones de investigadores, que son Biólogos computacionales y de laboratorio que trabajan en todas las áreas de las ciencias de la vida, desde la biomedicina hasta la biodiversidad y la investigación agroalimentaria.


- **Herramientas y Servicios de datos:**


Herramientas

 **Clustal Omega:** Alineación de secuencia múltiple de secuencias de ADN o proteínas. Clustal Omega reemplaza las herramientas de alineación ClustalW más antiguas.


 **InterProScan:** busca secuencias contra las firmas de proteínas predictivas de InterPro


 **BLAST [protein]:** Herramienta de búsqueda de similitud local rápida para bases de datos de secuencia de proteínas.


 **BLAST [nucleotide]:** Herramienta de búsqueda de similitud local rápida para bases de datos de secuencias de nucleótidos.


 **HMMER:** Búsquedas de proteínas sensibles rápidas utilizando modelos Markov ocultos en perfiles (HMM) para realizar consultas en bases de datos de destino de secuencia y HMM.


Servicios de datos


 **Ensembl:** Navegador del genoma, API y base de datos, que proporciona acceso a la anotación del genoma de referencia

 **UniProt:** Un recurso integral para la secuencia de proteínas y la anotación funcional.

 **PDBe:** recopilación, organización y difusión de datos estructurales 3D (de PDB y EMDB) sobre macromoléculas biológicas y sus complejidades.

 **Europe PMC:** Base de datos para buscar en la literatura mundial de ciencias de la vida

 **Expression Atlas:** Base de datos de valor añadido que muestra qué genes/proteínas se expresan en qué condiciones y en qué se diferencia la expresión entre las condiciones.

 **ChEMBL:** Recurso de datos abiertos de bioactividad vinculantes, funcionales y ADMET.

- **Ayuda a difundir tecnologías de vanguardia en la industria:** El “Programa de la Industria” es un foro de interacción entre EMBL-EBI y la industria de I+D. Las organizaciones miembros, que incluyen empresas farmacéuticas y agroindustriales, participan con en la investigación bioinformática, el desarrollo de servicios y los estándares de datos, y participan activamente en proyectos precompetitivos. También apoyan a las pequeñas y medianas empresas a través de la provisión de infraestructura, proyectos conjuntos y eventos de redes computacionales.

- **Como nodo ELIXIR, apoyan la coordinación de la provisión de datos biológicos en toda Europa:** El EMBL-EBI es un socio fundamental en varias de las infraestructuras de investigación emergentes de Europa, incluida la infraestructura ELIXIR para la información biológica. Son socios fundamentales en muchas otras iniciativas que afectan a la comunidad científica mundial.

ELIXIR

Antecedentes

Es una organización intergubernamental que reúne los recursos desarrollados en el área de las ciencias de la vida de toda Europa. Estos recursos incluyen bases de datos, herramientas de software, materiales de capacitación, almacenamiento en la nube y superordenadores.

El objetivo de ELIXIR es coordinar estos recursos para que formen una sola infraestructura. Esta infraestructura facilita a los científicos la búsqueda y el intercambio de datos, el intercambio de conocimientos especializados y la aceptación de las mejores prácticas. En última instancia, les ayudará a obtener nuevos conocimientos sobre cómo funcionan los organismos vivos.

[TeSS](#) es un ejemplo de un recurso ELIXIR. TeSS es un portal de formación en línea que reúne materiales de formación en ciencias de la vida y cursos de formación de toda Europa, y permite realizar las búsquedas deseadas en un solo sitio web. Esto hace que sea más fácil para los científicos encontrar la formación que necesitan, y da a los cursos de formación una publicidad más amplia.

Fue fundado en diciembre de 2013 y comenzó a implementar su primer programa científico en 2014.

Que hace ELIXIR

Coordina y desarrolla recursos de ciencias de la vida en toda Europa para que los investigadores puedan encontrar, analizar y compartir datos más fácilmente, intercambiar conocimientos especializados e implementar las mejores prácticas. Esto les permite obtener más información sobre cómo funcionan los organismos vivos.

- **Plataforma de cómputo:** Desarrolla los medios en los que los investigadores de toda Europa puedan acceder, almacenar, transferir y analizar grandes cantidades de datos de ciencias de la vida.
- **Plataforma de datos:** Identifica los posibles datos clave en toda Europa y estimula los vínculos entre los datos y la literatura, por ejemplo, facilitando el paso de un documento científico al conjunto de datos en el que se basó el documento.
- **Plataforma de herramientas:** Proporciona los medios para que los investigadores encuentren el mejor software para analizar sus datos.
- **Plataforma de interoperabilidad:** Establece normas a escala europea que puedan utilizarse para describir los datos de las ciencias de la vida. Esto facilita la comparación y el análisis de diferentes conjuntos de datos.
- **Plataforma de capacitación:** Ayuda a los científicos y desarrolladores a encontrar la formación que necesitan, y también puede proporcionar la capacitación que ellos requieran.
- **Comunidades:** Desarrollar comunidades, estándares, bases de datos y herramientas en dominios seleccionados de las ciencias de la vida (por ejemplo, Metagenómica Marina, Datos Humanos).

Universidad de Edimburgo (UE)

Con una rica historia, notables exalumnos y distinguidos académicos, la UE tiene mucho de que enorgullecerse en sus muchos siglos como universidad de renombre mundial.

Desde premios Nobel y campeones olímpicos hasta exploradores espaciales y primeros ministros, la Universidad de Edimburgo ha influido en la historia del Reino Unido, desde que abrió las puertas a sus primeros estudiantes en 1583.

También es la sede de los premios literarios más antiguos de Gran Bretaña, los premios James Tait Black y la oveja Dolly, el primer animal clonado a partir de una célula somática adulta.

También fue en la Universidad de Edimburgo, donde Sir Arthur Conan Doyle se inspiró para crear su célebre personaje, Sherlock Holmes, y James Young Simpson fue pionero de la anestesia al descubrir las propiedades del cloroformo.

La estructura académica de la Universidad de Edimburgo se basa en tres facultades que contienen un total de 21 carreras: Facultad de Artes, Humanidades y Ciencias Sociales, Facultad de Medicina y Medicina Veterinaria y la Facultad de Ciencias e Ingeniería.

Dentro de la Facultad de Ciencias e Ingeniería, se encuentra la carrera de Ciencias Biológicas, la cual dentro de sus planes de estudio ofrece las siguientes maestrías: en Bioquímica, Biodiversidad y Taxonomía de Plantas, Bioinformática, Biotecnología, Descubrimiento de Drogas y Biología Translacional, Sistemas y Biología Sintética, Genética Cuantitativa y Biología Sintética y Biotecnología.

Maestría en Bioinformática

La bioinformática se trata fundamentalmente de la aplicación de enfoques informáticos para la comprensión de los procesos biológicos.

El programa de la maestría ofrece los métodos actuales utilizados para interpretar la gran cantidad de datos generados por las tecnologías modernas de alto rendimiento, como:

- Secuenciación del genoma
- Secuenciación de próxima generación
- Perfiles de microarrays
- Procesamiento de datos para la era posgenómica

Estructura de la maestría

Tiene una duración de 12 meses e implica dos semestres de docencia seguidos de un proyecto de investigación individual.

La maestría tiene una duración de 12 meses, pero también está disponible una opción de diplomado. El diplomado tiene una duración de nueve meses de septiembre a mayo e incluye solo los cursos impartidos. Para obtener una maestría, también debe completar una disertación. Los cursos impartidos valen un total de 120 puntos de crédito. El período de investigación individual de mayo a agosto que resulta en la tesis final tiene un valor de 60 créditos adicionales.

Instituto Roslin

El Instituto Roslin es un instituto líder mundial para la investigación en ciencias animales.

El Instituto Roslin recibe fondos de inversión estratégica del Consejo de Investigación en Biotecnología y Ciencias Biológicas. Está ubicado en el campus de Easter Bush con la Escuela de Estudios Veterinarios Royal (Dick) y es parte de la Facultad de Medicina y Medicina Veterinaria de la Universidad de Edimburgo.

Este instituto fue quien llevo a cabo el proyecto de clonación de Dolly la oveja.

La misión del Instituto Roslin es obtener una comprensión fundamental de la biociencia genética, celular, de órganos y sistemas que sustenta los mecanismos comunes de desarrollo y patología animal, y utilizar este conocimiento para prevenir y tratar enfermedades veterinarias importantes y desarrollar sistemas sostenibles de producción de animales de granja.

Los principales objetivos son:

- **Mejorar** la salud y el bienestar de los animales mediante el conocimiento de los factores genéticos y ambientales que afectan la salud de por vida
- **Aplicar** este conocimiento para optimizar la selección y cría de animales de granja (de particular importancia en países de ingresos bajos y medianos donde el ganado es clave para los medios de vida y la salud)
- **Mejorar** la vida de los animales y desarrollar sistemas agrícolas sostenibles mediante la comprensión de su reproducción, desarrollo y sistemas corporales.
- **Combatir** las enfermedades animales y mitigar el impacto de la resistencia a los antimicrobianos mediante la investigación para detectar, tratar y prevenir infecciones
- **Controlar** las enfermedades que se transmiten de los animales de granja a los humanos, incluso mediante la comprensión de las rutas y los factores de riesgo de transmisión, la cría de animales resistentes y el desarrollo de vacunas y tratamientos
- **Mejorar** la salud humana utilizando animales de granja como modelos de trastornos humanos y comparando la biología de las especies
- **Mejorar** la calidad de vida de los animales de granja mediante el estudio del impacto de las prácticas agrícolas y las experiencias de vida y el desarrollo de enfoques mejorados para su cría y manejo
- **Mantener** un papel de liderazgo en la ciencia animal a través de la divulgación, el trabajo con la industria, la capacitación y la enseñanza.

Instalaciones y recursos

El Instituto Roslin ofrece instalaciones y recursos únicos para sus investigadores. Las organizaciones externas también pueden beneficiarse de estos.

- [Edimburgo Genómica](#)
- [Centro Nacional de Investigación Aviar](#)
- [Centro de Patología Comparada](#)
- [Bioimagen y citometría de flujo](#)
- [Centro de investigación e imágenes de animales grandes](#)
- [Instalación de proteómica y metabolómica](#)
- [Immunological Toolbox](#)
- Bioinformatics
- [Encefalopatía espongiiforme transmisible](#)
- [Centro de investigación biológica](#)

El Instituto Roslin desarrolla y mantiene varios sistemas de bases de datos disponibles públicamente.

La bioinformática es un área temática muy amplia, para los propósitos del Instituto, se puede definir como el almacenamiento, manipulación y análisis de información biológica mediante la informática. La bioinformática es una infraestructura esencial que sustenta la investigación biológica moderna.

El Instituto, proporciona bases de datos y aplicaciones que apoyan a la comunidad científica animal internacional. Éstas incluyen:

[resSpecies](#)

Una base de datos genérica, independiente de la especie y una aplicación web asociada diseñada para manejar pedigríes, marcadores genéticos, genotipos, descripciones de alelos y rasgos. Proporciona herramientas para comprobar la herencia mendeliana de conjuntos de genotipos en el momento de la presentación y herramientas independientes para exportar datos a los formatos esperados por una amplia variedad de herramientas de análisis estándar.

[ArkDB](#)

Una base de datos genérica e independiente de especies creada para capturar el estado de la información publicada sobre el mapeo del genoma en una especie determinada. Almacena detalles de referencias, marcadores y loci y vínculos genéticos y mapas citogenéticos que se pueden dibujar utilizando la aplicación de dibujo de mapas en línea. Los datos de los mapas de vinculación que se encuentran dentro del sistema ArkDB se pueden dibujar junto con sus correspondientes mapas de secuencia del genoma (extraídos de ENSEMBL).

[ArkMAP](#)

Aplicación de escritorio que permite a los usuarios dibujar y alinear mapas genéticos

[GMD data format](#)

Un esquema XML genérico simple para permitir la exportación e intercambio de datos de mapeo en un formato de documento XML ligero común. Este esquema representa los diversos tipos de objetos de datos que se describen comúnmente en las fuentes de datos de mapeo y

	proporciona un mecanismo para registrar las relaciones entre los objetos de datos.
Genotype Checker	Una aplicación de escritorio para comprobar la coherencia de la herencia de datos de pedigrí / genotipo
VIPER	Una aplicación de escritorio para explorar y limpiar inconsistencias de herencia dentro de los datos de pedigrí / genotipo.
Haplofinder	Un script de Python simple diseñado para simplificar la identificación de posibles pares de haplotipos cuando se presenta con un rastro de secuencia ambiguo derivado de un organismo diploide.
Ensembl	Una implementación de prueba de concepto de una API (del inglés Application Programming Interface) de Ensembl que demuestra la facilidad para acceder a las fuentes de datos de Ensembl en Ensembl y EnsemblGenomes usando Java
DISSECT	Potente software para análisis genómicos masivos.

GBIF = Global Biodiversity Information Facility - Servicio Mundial de Información Sobre la Diversidad Biológica.

El servicio Mundial de Información sobre la Diversidad Biológica (GBIF), de acuerdo a su portal, indica que es una red internacional e infraestructura de datos financiada por los gobiernos de diferentes partes del mundo y cuyo objetivo es brindar a cualquier persona, en cualquier lugar, acceso abierto a datos sobre todos los tipos de vida en la Tierra.

El servicio está coordinado a través de su "Secretaría" en Copenhague, la red GBIF de países y organizaciones participantes, trabajan a través de nodos, proporcionando a las instituciones de almacenamiento de datos de todo el mundo estándares generales y herramientas de código abierto que permitan compartir información sobre cuándo, dónde se han localizado y han registrado las especies encontradas. Este conocimiento proviene de muchas fuentes, que incluye desde especímenes de museos recolectados en los siglos XVIII y XIX, hasta fotos de teléfonos inteligentes que pueden geoetiquetar, fotos que han sido compartidas por naturalistas en tiempo real.

La red de GBIF reúne todas estas fuentes mediante el uso de estándares de datos, como **Darwin Core**, que conforma la mayor parte de la base del índice de GBIF.org que contiene cientos de millones de registros de especies. Los generadores de la información brindan acceso abierto a los conjuntos de datos, utilizando asignaciones de licencia **Creative Commons** por máquina, lo que permite a los científicos, investigadores, etc., usar los datos en cientos de publicaciones y documentos, los cuales son revisados por científicos e investigadores homólogos cada año. Muchos de estos análisis - que abarcan temas que van desde los efectos del cambio climático, la propagación de plagas invasoras y exóticas, hasta prioridades en materia de conservación de áreas protegidas, seguridad alimentaria y salud humana - no serían posibles sin esto.

Antecedentes e historia

GBIF surgió como una recomendación en el año 1999, del Subgrupo de Informática de la Biodiversidad del Foro de Megasciencia de la Organización para la Cooperación y el Desarrollo Económico (del inglés OECD = Organization for Economic Cooperation and Development). El informe concluyó que "se necesita un mecanismo internacional para que los datos y la información sobre la diversidad biológica sean accesibles en todo el mundo", argumentando que este mecanismo podría producir muchos beneficios económicos y sociales, permitiendo el desarrollo sostenible proporcionando pruebas científicas sólidas.

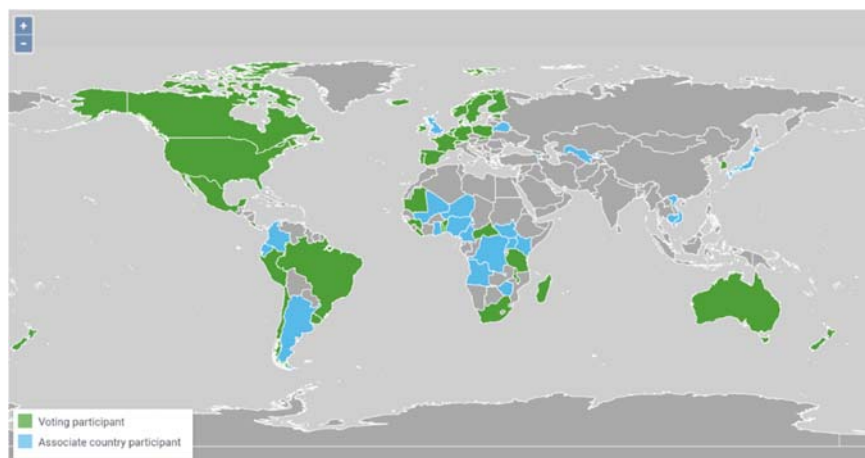
La OCDE recomendó específicamente el establecimiento de un servicio mundial de información sobre diversidad biológica, para:

Permitir a los usuarios navegar y utilizar grandes cantidades de información sobre biodiversidad, para avanzar en la investigación científica... sirviendo a los intereses económicos y de calidad de vida de la sociedad, y proporcionando una base a partir de la cual nuestro conocimiento del mundo natural puede crecer rápidamente y de forma que se evite la duplicación de esfuerzos y gastos.

La recomendación fue respaldada por los ministros de ciencia de la OCDE y, en 2001, GBIF se estableció oficialmente.

La red mundial

El GBIF es una iniciativa intergubernamental, y sus miembros -conocidos formalmente como "**Participantes**"- los cuales son países, economías y organizaciones internacionales que colaboran para promover el acceso libre y abierto a los datos sobre la diversidad biológica.



Mapa de los actuales Participantes de GBIF (GBIF, 2020)

Cada "Participante" nacional, a su vez, designa un "**nodo**" responsable de coordinar las actividades relacionadas con GBIF en el país.

El GBIF alienta a los nuevos “Participantes” a que colaboren dentro de las regiones que les hayan sido asignadas o seleccionadas al incorporarse a la red. Las reuniones regionales, que se celebran anual o bianualmente, permiten a los Participantes y a los nodos de los Participantes abordar tareas y cuestiones comunes, establecer prioridades regionales y estimular la especialización dentro de la región.

Alojamiento de Datos.

Como se ha revisado párrafos atrás, el GBIF.org es un índice de datos sobre la diversidad biológica, publicado a través de una red de infraestructuras nacionales, temáticas y de proyectos, distribuida a nivel mundial. Dentro de este sistema interconectado, es esencial que los “editores” de los datos se aseguren de que los datos que comparten tengan un punto de acceso persistente y estable. Este requisito es un reto para muchas instituciones, especialmente las que son nuevas en el GBIF, las cuales pueden no tener las facilidades para alojar y mantener los datos en servidores que siempre permanezcan en línea.

Una forma para iniciar a abordar el reto es, distinguir entre la **publicación de datos** y el **alojamiento de datos**. Si bien estas actividades están conectadas, no existe ningún requisito formal o técnico de que la misma institución deba realizar ambas tareas (aunque en general así sea).

Publicación de datos: Es el acto de organizar e intercambiar datos normalizados u estandarizados para su uso a través de la red GBIF. Una institución se convierte en [publicador de datos de GBIF](#) al completar un formulario de inscripción en línea y recibir la aprobación, ya sea a través de uno de los *participantes nacionales y organizadores de la red de GBIF* o del [Grupo Directivo de Nodos](#).

Alojamiento de datos: Es el acto de almacenar los datos en una plataforma web estable y accesible. Si bien no existe un acuerdo estándar para prestar este servicio, el alojamiento de datos representa un compromiso importante que requiere una capacidad dedicada y a largo plazo mantener una plataforma constante y altamente fiable conectada a la web.

Independientemente de quién aloje los datos, el GBIF se encarga de acreditar tanto a la institución que publica los datos como a su país de registro.

Opciones de alojamiento de datos

a) Alojamiento de datos por la institución editora de datos

Los editores de datos con capacidad para alojar sus propios datos pueden instalar su propio Juego de Herramientas de Publicación Integrada (del inglés IPT = Integrated Publishing Toolkit) u otra plataforma de publicación de datos.

b) Alojamiento de datos fuera de la institución editora de datos

Los editores de datos que tienen una capacidad técnica limitada, o que no desean tener plataformas propias de publicación de datos, pueden optar por que sus datos se alojen con un tercero. Esto le ahorrará tiempo y dinero en la creación y mantenimiento de su propia instancia IPT, con la ventaja de poder recibir asistencia técnica en su propio idioma. Aunque existen muchos posibles acuerdos de hospedaje, las organizaciones normalmente optan por trabajar con un anfitrión de datos que comparte un enfoque institucional, nacional, regional o temático.

Si el país ya es un Participante del GBIF, la primera opción que debe considerar es si el nodo nacional GBIF ofrece una solución de alojamiento de datos. El hecho de que sus datos estén alojados en su nodo nacional facilita la recopilación de datos de interés nacional, le permite conectarse con una red de editores locales y proporciona acceso al servicio de asistencia técnica de su nodo.

En los casos en que no se dispone de alojamiento de datos en un nodo nacional, GBIF dispone de una lista de centros de alojamiento de datos de confianza. Esos centros de alojamiento de datos cumplen un conjunto de criterios estrictos que incluyen:

- Mantenimiento y administración constante de la IPT, para mantenerla en línea
- Demostrar un historial exitoso en el alojamiento de datos
- Responder con asistencia técnica rápida y con conocimientos para poder resolver dudas o problemas

GBIF recomienda arduamente utilizar un centro de alojamiento de confianza que pueda establecer una cuenta para “nodo” en su IPT, y que le permita administrar y publicar sus propios conjuntos de datos a través de GBIF.org.

Una última opción es que el propio GBIF hospede los datos utilizando una plataforma de publicación en la nube. La “Secretaría” de GBIF mantiene instalaciones de IPT alojadas en la nube. Los usuarios del servicio reciben una solución de alojamiento de datos robusta y gratuita. Sin embargo, es probable que haya otros proveedores nacionales y presten un servicio más práctico y de asistencia en lo que se refiere a la publicación de datos y control de calidad. Los editores de datos deberían utilizar normalmente el IPT de GBIF alojado en la nube sólo si no pueden encontrar una solución satisfactoria entre las opciones de alojamiento nacionales.

Introducción al IPT: Juego de herramientas de publicación integrada

El IPT es un software gratuito de código abierto desarrollado y apoyado por la “Secretaría” de GBIF que las organizaciones de todo el mundo utilizan para publicar y compartir conjuntos de datos sobre la biodiversidad a través de la red de GBIF. El IPT también puede funcionar como un repositorio de datos referidos en un artículo, como en este ejemplo de una instalación de IPT alojada en la red [Canadensys](#).

Herramientas:

Publicación	Usuarios	Laboratorio GBIF
IPT	GBIF API	Species matching
Data Validator	Data processing	Name parser
Suggest a dataset	Rgbif	Sequence ID
Scientific Collections	MAXENT	Relative observation trends
	Tools catalogue	GBIF data blog

América

Brasil

Por lo que respecta a Brasil, no es clara la participación del gobierno en el impulso de la Biología computacional, aunque si hay iniciativas en Biotecnología que se relaciona directamente con la Biología Computacional o la Bioinformática.

El ministerio de Educación (Ministério da Educação) del Gobierno Federal de Brasil y la Coordinación para la Mejora del Personal de Educación Superior (del portugués CAPES), en el año de 2013, abren al público los resultados de “El Programa de Biología Computacional”; en el cual destacaron diez proyectos. El programa tiene como objetivo fomentar y apoyar la realización de proyectos conjuntos de investigación entre investigadores vinculados a diferentes Instituciones de Educación Superior (IES), institutos de investigación y otras instituciones asociadas, que permitan el desarrollo de proyectos de investigación científica y tecnológica, incluyendo la formación en RH a nivel académico de posgrado *stricto sensu* y, de manera complementaria, a nivel de pregrado.

Por lo que respecta al posgrado *stricto sensu*, el Instituto Oswaldo Cruz (IOC), cuenta con el programa de posgrado “Biología Computacional E Sistemas” (PGBCS), en diez años, el programa, ha formado a 47 maestros y 35 doctores.

Instituto Oswaldo Cruz - Posgrado en Biología Computacional y Sistemas

El Programa de Posgrado *stricto sensu* en Biología Computacional y Sistemas del Instituto Oswaldo Cruz (PGBCS/IOC/Fundación Oswaldo Cruz (FIOCRUZ)), creado en 2007, fue acreditado con “Concepto 5” por la CAPES/MEC. Los primeros cursos se abrieron en 2008. El programa surgió a partir del área de concentración del Programa de Posgrado *Stricto sensu* en Biología Celular y Molecular del Instituto Oswaldo Cruz, creado en 2003, cuya idea fue sistematizar la enseñanza de técnicas matemáticas y computacionales en el Instituto.

La puesta en marcha del programa contó con el apoyo y la participación de los profesores de los distintos programas de estudios de Programas de Posgrado *stricto sensu* del IOC, del Programa de Computación Científica de la FIOCRUZ y de varias instituciones como la Universidad Federal de Río de Janeiro, el Instituto Militar de Ingeniería, la Pontificia Universidad Católica de Río de Janeiro y el Laboratorio Nacional de Computación Científica del Ministerio de Ciencia y Tecnología (MCT).

El programa está dirigido a profesionales del más alto grado, que interactúan con las ciencias exactas, ciencias de la salud o ciencias biológicas, y que estén interesados en el estudio de problemas biológicos en diferentes escalas y niveles de complejidad dentro de la biología computacional y la biología de sistemas. El programa se enfoca en tres Áreas: **Biología Molecular Estructural; Genómica Funcional, Evolución y Filogenómica; y Sistemas de información y Métodos Matemáticos, Estadísticos y Computacionales.**

El PGBCS difiere de los otros Programas de Posgrado *stricto sensu* de la FIOCRUZ, ya que su propuesta es maximizar las interacciones y colaboraciones entre las áreas de ciencias biológicas, ingeniería y ciencias exactas, dirigidas a la formación interdisciplinaria de los estudiantes. El potencial del programa se centra en la hibridez de su perfil. La diversidad de profesionales que orientan y apoyan, estimula la generación de proyectos y colaboraciones con un componente de innovación.

Se espera que los maestros y doctores formados por el PGBCS sean capaces de entender y tener un pensamiento crítico en relación a la literatura científica en biología computacional y sistemas; y que mantengan un enfoque integral e interdisciplinario, tanto en su zona de actuación como en las áreas científicas relacionadas; la realización de investigación científica innovadora y de excelencia; formular, planificar, desarrollar y evaluar proyectos de investigación, con nuevas metodologías y productos para trabajar en los sectores de investigación y/o de producción; preparar y elaborar documentos con vistas a su publicación en revistas calificadas y en el área de operación del programa.

Instituto de Bioinformática y Biotecnología - 2Bio

Este Instituto surge de la idea de su fundador el Dr. Sandro José de Souza, la cual fue crear una institución para la difusión y promoción de la Bioinformática y la Biotecnología en Brasil. En colaboración con algunos investigadores brasileños, 2Bio fue creado como una institución sin fines de lucro, cuyos objetivos son el desarrollo de proyectos de investigación, formar estudiantes y profesionales y para el desarrollo de alianzas con el sector privado.

De acuerdo a su portal, los objetivos del 2Bio son:

- Ser una institución de investigación de clase mundial.
- Promover la investigación innovadora en el campo de la Bioinformática y la Biotecnología.
- Promover el intercambio entre los sectores académico y productivo.
- Fomentar el desarrollo de recursos humanos en el área de Bioinformática y Biotecnología.
- Colaborar para la Bioinformática y la Biotecnología sirvan como bases para el desarrollo de Brasil

Los servicios que ofrece el 2Bio son: análisis de secuencias derivados de tecnologías de segunda generación. Trabajan con datos de todos los secuenciadores incluyendo **Illumina, Solid, 454, Ion Proton, Ion Torrent y Miseq**. Cuentan con protocolos de análisis para diferentes tipos de datos, incluyendo: **Exome, RNA-Seq, Genoma completo,**

Secuenciación, Proteómica, Secuenciación de pares, Secuenciación mate-Par, Paneles con genes de interés.

Aunque en su portal 2Bio, no es específico sobre las tecnologías que utiliza para los trabajos que realiza para la secuenciación, aquí se brindan las ligas de dos de las compañías que desarrollaron las tecnologías utilizadas por el Instituto:

- [Illumina](#)
- [Miseq](#)
- [Solid](#)
- [Ion Proton](#)
- [Ion Torrent](#)

Aquí un ejemplo de sus tabuladores económicos, por los servicios que ofrece:

RNA-Seq	RNA-Seq	up to 4GB	4GB to 8GB	8GB to 16GB
Values	R\$ 1.000,00	R\$ 1.800,00	R\$ 3.000,00	Consult

Exoma	up to 2GB	2GB to 4GB	4GB to 8GB	more 8GB
Values	R\$ 800,00	R\$ 1.400,00	R\$ 2.500,00	Consult

Cantidades expresadas en Reales Brasileños (2Bio, 2020)

Finalmente, por lo que respecta a Brasil, mencionaremos brevemente dos iniciativas más que su área de actuación está en la Biología Computacional/Bioinformática, los cuales son:

[TauGC Bioinformatics \(Outsourcing bioinformático en investigación y desarrollo\)](#)

Esta es una empresa de financiación privada, con sede en Sao Paulo, fundada en el año 2017, que tiene como visión general:

- Ayudar a investigadores a aprovechar la bioinformática, las tecnologías de secuenciación y la TI para generar nuevos conocimientos y descubrimientos.
- TauGC ofrece externalización y análisis bioinformáticos, soporte de diseño experimental, capacitación en preparación de librerías de NGS (del inglés - next-generation sequencing) y soporte de recursos computacionales.

Principales tipo de análisis que realizan:

- **Genómica - Resecuenciación y ensamblaje "De Novo":** Se determina la secuencia de ADN de los organismos y sus funciones o mapeo de variantes genéticas. El servicio incluye control de calidad de secuenciación, montaje, anotación del genoma y análisis de variantes, entre otros.
- **Ecología microbiana - Metagenómica 16S:** Se determina la diversidad de microorganismos en sus entornos bióticos o abióticos. Un ejemplo sería el estudio de

la composición de diferentes muestras de microbioma del tracto respiratorio de los seres vivos y su relación con el entorno donde viven.

- **ARN-Seq - Transcriptómica:** El estudio de conjuntos de ARN (mensajeros, largos no codificantes, microARN) de un organismo, órgano, tejido o línea celular determinado. El análisis de la expresión diferencial entre las células de control y las sometidas a silenciamiento o sobreexpresión de algún gen sería un ejemplo. También cuentan con servicios de análisis de la expresión diferencial y el análisis de redes de coexpresión de genes.

Universidad de São Paulo (USP)

Posicionada entre las primeras cinco universidades de Brasil, la Universidad de São Paulo (USP) es una universidad pública, mantenida por el Estado de São Paulo y afiliada a la Secretaría de Estado de Desarrollo Económico, Científico y Tecnológico. Diversas clasificaciones mundiales, creadas para medir la calidad de las universidades según diversos criterios, especialmente los relacionados con la productividad científica, han reconocido ampliamente el talento y la dedicación de los profesores, estudiantes y empleados de la USP. La Universidad cuenta las siguientes sedes en el país: Sao Paulo, Bauru, Lorena, Ribeirão Preto, Piracicaba, Pirassununga, Santos, São Carlos.

La universidad cuenta en su sede de Sao Paulo, con el **Instituto de Matemáticas y Estadística**, dentro del cual se cuenta con el **Programa Interunidades de Postgrado en Bioinformática**.

Los programas de Maestría y Doctorado en Bioinformática Interuniversitaria de la USP tienen como objetivo formar recursos humanos de excelencia que puedan trabajar tanto en investigación como en desarrollo e innovación (I+D), en situaciones que requieran conocimientos especializados en biología y métodos computacionales. Este programa consta de varias unidades de investigación en biología e informática en la USP, que abarcan áreas como el estudio del genoma, metagenomas, transcriptoma, proteoma, metaboloma, biología estructural y biología sistémica, entre otros.

A continuación, en la siguiente liga [Disciplinas](#), se puede entrar al listado completo de las disciplinas o materias del programa y a toda la información relacionada a este: Presentación, coordinación, estudiantes activos, áreas de búsqueda, calendarios, curso de verano, disciplinas, formas, boleto, estándares, guía, producción académica y secretaría.

También en la sede de Sao Paulo, está el **Instituto de Ciencias Biomédicas (ICB)**, el cual cuenta dentro de sus departamentos, con el de Parasitología, y tiene a disposición de quien las requiera, varias herramientas Bioinformáticas:

- [Programas BLAST](#)
- [Sequence Manipulation Suite - local mirror](#)
- [Primer3](#)
- [Links interesantes](#)
- [TRAP](#) - Programa de análisis de repeticiones en tándem (Tandem Repeats Analysis Program)
- [EGene](#) - Sistema automatizado de generación de canales

- [COCCIMORPH](#) - diagnóstico de coccidias mediante reconocimiento digital de imágenes

Colombia

El Ministerio de Tecnologías de la información y las Comunicaciones (MinTIC) de Colombia, es la entidad que se encarga de diseñar, adoptar, y promover las políticas, planes, programas y proyectos del sector de las TICs en el país.

En el año del 2012, el MinTIC, con el Departamento Administrativo de Ciencia, Tecnología e Innovación (COLCIENCIAS), la Red SUMMA y el vicepresidente de Microsoft de la entidad, firman el acta de constitución del primer centro de Bioinformática y Biología Computacional de Colombia (BIOS), el cual busca aumentar y fomentar la investigación alrededor de la biodiversidad colombiana, con el fin de generar sinergias y compartir conocimiento entre diferentes sectores e industrias.

Centro de Bioinformática y Biología Computacional de Colombia (BIOS)

De acuerdo a su portal, es la iniciativa de Ciencia, Tecnología e Innovación (CTel) más importante de Colombia, el centro fue creado para fortalecer la ciencia, así como como la economía alrededor de esta y la transferencia de tecnología. Es un proyecto del gobierno nacional representado por El Ministerio de Tecnologías de la Información y las Comunicaciones (MinTIC) y COLCIENCIAS, la iniciativa privada representada por Microsoft y Hewlett-Packard, y por el ámbito académico, representado por la Universidad Nacional de Colombia, Universidad de Caldas, Universidad Tecnológica de Pereira y la Universidad del Quindío. BIOS, es un centro privado sin ánimo de lucro, que ofrece una infraestructura de supercomputación robusta o computación de alto desempeño (del inglés **HPC** - High Performance Computing), también cuenta con personal altamente capacitado para desarrollar actividades de investigación e innovación, actuando como un vínculo entre el gobierno, la industria y la academia, de tal manera que el camino para el progreso de Colombia se sustente en la ciencia, la tecnología y la innovación, realizando proyectos de impacto en sectores como el agroindustrial, cosmética, salud, alimentos, maquinaria y equipo, y de esta manera impactar la política de transformación productiva de Colombia.

BIOS, tiene entre sus objetivos hacer uso de los avances científicos en la biología y la tecnología, para que sean aprovechados por el sector empresarial, académico y gubernamental con el fin de generar competitividad, aumentar la productividad y contribuir al desarrollo social y económico de Colombia. Partiendo de esta premisa, BIOS ha desarrollado actividades de I+D+i (Investigación, Desarrollo, Innovación) desde sus áreas estratégicas para impactar: Salud, Educación, Social, Ambiental, Económico y Político.

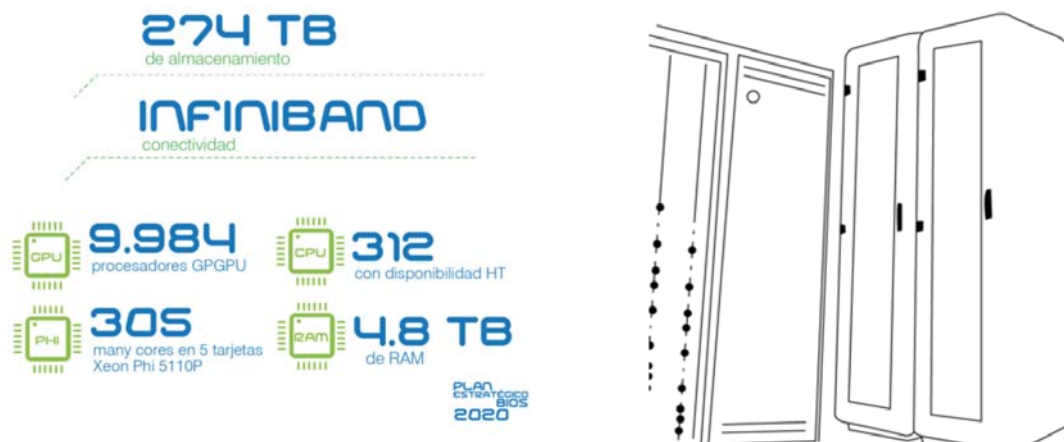
Y de esta manera aportar a la consolidación de la economía digital, el desarrollo de la bioeconomía y la incursión en la cuarta revolución industrial, que llevará a Colombia al fortalecimiento socioeconómico a partir de la apropiación de las tecnologías.

En su portal BIOS, indica que cuenta con un equipo de expertos y profesionales en I+D+i, la investigación del centro se enfoca en cinco campos: **Prospección, Consultoría, Datos, Industrial y Sensorial.**

Ahora bien, conque infraestructura y herramientas adicionales el BIOS, puede brindar sus servicios dentro de los cinco campos de investigación en los que se enfoca, aquí se describen dos:

- HPC (High Performance Computing)

La computación de alto desempeño, o HPC es la respuesta a los altos volúmenes de información que se encuentran disponible para resolver problemas complejos a los que se enfrentan las organizaciones e instituciones de hoy. Los computadores de alto desempeño como el del Centro de Bioinformática y Biología Computacional – BIOS, combinan altas capacidades y prestaciones, con el talento humano altamente especializado. En la era del Big Data es indispensable contar con una gran infraestructura de procesamiento de datos ya que esta se convierte no solo en un aliado de la investigación en Colombia; sino en un activo estratégico de interés nacional.



Infraestructura de computo del BIOS (BIOS, 2020)

- Herramientas Biotecnológicas

[JBrowse](#)

BIOS ha implementado dentro de su servidor una versión del popular visualizador de secuencias genómicas Jbrowse, con el fin de que el usuario pueda observar sus resultados de anotación de manera dinámica en una página web.

[ZYFCON](#)

En la actualidad, grandes cantidades de datos son generados a través de las nuevas tecnologías de secuenciación, y de experimentos que incluyen análisis de genes y proteínas. Sin embargo, muchos de estos datos continúan sin ser caracterizados, aun

cuando la correcta anotación de las funciones enzimáticas es crítica para la reconstrucción de redes metabólicas. ZYFCON (enZYme Function prediction COmbining Networks) es una herramienta diseñada para predecir las funciones enzimáticas en sets de genes codificantes, a partir de datos de secuencia de genomas completos.

Centro de Bioinformática del Instituto de Biotecnología (C.B.I.B.)

La Universidad Nacional de Colombia (UNC), también cuenta con el C.B.I.B. (COLCIENCIAS: COL000926), inició sus labores en el año 1999 y está conformado por profesionales y estudiantes de pregrado y posgrado de diferentes áreas.

El trabajo del C.B.I.B. se ha centrado en la implementación de herramientas bioinformáticas para su aplicación en los análisis propios de la investigación en biotecnología, siendo este tema de gran interés para investigadores de otras instituciones como el Instituto Suizo de Bioinformática (SIB), con el cual se han realizado cursos de proyección internacional en el área y se han desarrollado proyectos conjuntos de investigación, tales como la creación de una base de datos relacional para la colección de archivos de PROSITE y la construcción de un sistema de manejo de bases de datos para un laboratorio de Proteómica, desarrollados por medio de estudiantes pasantes de carreras afines en Suiza.

Recientemente el centro de bioinformática de la Universidad Nacional de Colombia es el nodo para Colombia de la Red Europea de Biología Molecular (EMBnet).

Objetivos del CBIB

- Apropiación y generación de conocimiento asociado al diseño y utilización de herramientas bioinformáticas.
- Establecer convenios de asesoría e intercambio de información con otros centros de Investigación locales, nacionales e internacionales.
- Implementar estrategias de comunicación que permitan dar acceso a las herramientas desarrolladas.

El CBIB en la actualidad maneja 3 grandes líneas de investigación, de las cuales se derivan proyectos desarrollados por miembros del grupo, estudiantes de maestría y pregrado.

Biodiversidad y Bioinformática

El objetivo de esta línea de trabajo es contribuir al conocimiento de la biodiversidad colombiana a través del desarrollo e implementación de un sistema bioinformático que permita el almacenamiento, recuperación y análisis de datos moleculares, a partir de los cuales se desarrollen modelos de análisis filogenéticos que integren comprensivamente datos morfológicos, fisiológicos, bioquímicos y moleculares.

Dentro del marco de esta línea de investigación, se han generado diversos proyectos:

- Aproximación Filogenética Molecular para Probar una Hipótesis de Distribución de Anfibios en los Andes Colombianos.
- Búsqueda de dominios específicos para la Clase Hexapoda.
- Diseño de una Estrategia para la Evaluación de Atributos Funcionales Edáficos Mediante Sondas de ADN.

Bioinformática en la Salud

El objetivo de esta línea de trabajo es contribuir a la obtención, almacenamiento y análisis de datos producto de estudios moleculares, para la clasificación y aprovechamiento de información biológica relacionada con el área de la salud.

Dentro del marco de esta línea de investigación, se han generado diversos proyectos:

- Uso de herramientas bioinformáticas combinado con estudios moleculares para identificar redes de genes expresados en islotes pancreáticos durante el desarrollo de diabetes tipo I.
- Modelo para la Identificación de Genes para Betalactamasas de Espectro Extendido (BLEE).

Herramientas:

[EMBOSS](#) | [BLAST](#) | [BLEE](#) | [SMS](#)
[SEWER](#) | [BACTNAME](#) | [SINCO](#)
[DOTLET](#) | [BLA.id](#)

Desarrollo de herramientas Bioinformáticas

El objetivo de esta línea de trabajo es desarrollar herramientas de cómputo orientadas al modelamiento y búsqueda de información a partir de datos moleculares de gran escala.

- [Sequence Retrieve System federation Server - IBUN_UNAL](#)

SRS Federation es un trabajo en progreso.

Consiste en utilizar un grupo disperso de servidores de SRS que actúan de manera concertada para proveer a los usuarios una fuente de alta calidad y disponibilidad de datos biológicos, moleculares, entre otros. El proyecto se adelanta con base en el trabajo voluntario de los miembros de la EMBnet (inicialmente Suecia, Eslovaquia y Bélgica, a la que se unieron más adelante Brasil, Colombia y Polonia) con la ayuda activa de LION Bioscience.

- Identificación de sitios de unión de proteínas por métodos de aprendizaje de máquina. (Bobadilla Leonardo, Niño Luis Fernando, González Fabio, Barreto Emiliano)

Con este proyecto se pretende desarrollar un modelo computacional para localizar sitios funcionales a partir de la estructura tridimensional de una proteína. Esta iniciativa se adelanta en conjunto con el Laboratorio de Sistemas Inteligentes de la Facultad de Ingeniería de la Universidad Nacional de Colombia- Sede Bogotá.

Universidad Nacional de Colombia (UNC)

La Universidad cuenta las siguientes sedes en el país Amazonia, Bogotá, Caribe, Manizales, Medellín, Palmira y Orinoquía.

Dentro de sus programas académicos en la sede de Bogotá cuenta con la maestría en Bioinformática, los objetivos de la maestría son:

- Formar investigadores que integren conocimiento en ciencias biológicas e ingeniería para diseñar proyectos de investigación encaminados a resolver problemas en ciencias de la vida.
- Capacitar investigadores en el uso de técnicas y metodologías propias de la bioinformática para organizar y analizar datos de interés biológico.
- Generar grupos interdisciplinarios para abordar programas de investigación de alto impacto en las ciencias de la vida.
- Dar soporte a los diferentes grupos de investigación de la universidad, que usan o desarrollan herramientas bioinformáticas.
- Fortalecer la comunidad científica en bioinformática para desarrollar una masa crítica de investigadores en el país encaminada a impulsar esta área de conocimiento.

Estados Unidos de América

Dentro de la estructura de las Agencias Federales del gobierno de Los Estados Unidos de América, se encuentra el Departamento de Energía (del inglés DOE - Department of Energy) quien juega un rol importante en la economía de la innovación, dentro de sus atribuciones también está el catalizar el crecimiento y transformación de la investigación científica básica y aplicada, el descubrimiento y desarrollo de nuevas tecnologías de energía limpia y prioriza la innovación científica. Además, los 17 Laboratorios Nacionales del Departamento de Energía son un sistema de activos intelectuales único entre las instituciones científicas mundiales.

Dentro de la estructura de los laboratorios, existen tres divisiones, aquí nos centraremos en la Oficina de Laboratorios Científicos; dentro de esta oficina se encuentra el “Oak Ridge National Laboratory”.

Oak Ridge National Laboratory (ORNL)

El ORNL es el más importante laboratorio de energía y ciencia del Departamento de Energía de los Estados Unidos, lleva a cabo investigaciones básicas y aplicadas para ofrecer soluciones a problemas en energía y seguridad.

Las capacidades del ORNL abarcan una gama de disciplinas científicas y de ingeniería, lo que permite al Laboratorio explorar desafíos científicos fundamentales y llevar a cabo la investigación necesaria para acelerar la entrega de soluciones al mercado. El ORNL apoya las misiones nacionales del DOE, los cuales son:

- Descubrimiento científico.
- Energía limpia.
- Seguridad

El ORNL apoya estas misiones a través del liderazgo en cuatro áreas principales de la ciencia y la tecnología:

- Neutrones.
- Computación.
- Materiales.
- Nuclear.

Ahora bien, todo este potencial como ayuda a impulsar el área Biológica, el ORNL cuenta dentro de su portal, cuenta con un apartado denominado “Biología y Ambiente”.

Dentro del apartado, se destaca lo siguiente: identificado ahora como la Dirección de Ciencia de Sistemas Biológicos y Ambientales (del inglés BESS - Biological and Environmental Systems Science) el ORNL lidera la investigación de convergencia en biología, ecología, ingeniería, descubrimiento de datos, ciencias físicas y computación, para impulsar la competitividad de los Estados Unidos en la bioeconomía global y en el sistema de sustentabilidad de la Tierra.

Ciencia De Sistemas A Todas Las Escalas

La BESS es el Centro de Datos de Medición de Radiación Atmosférica (ARM) del Departamento de Energía (DOE), que proporciona datos a científicos de todo el mundo. El Centro para la Innovación en Bioenergía ha logrado avances de alto impacto y valor añadido a lo largo de la cadena de suministro de bioenergía. El Instituto de Ciencias del Cambio Climático fomenta la integración de experimentos, mediciones y simulaciones para lograr una comprensión predictiva de nuestro mundo que está en un cambio constante. El Centro UT/ORNL de Biofísica Molecular explora la dinámica estructural de las biomoléculas trabajando de manera única en la interfaz de la biología, la química y las ciencias físicas, con la ayuda de las ciencias de neutrones y computacionales.

Análisis De Sistemas Biológicos Mediante Técnicas Computacionales

El ORNL también está enfocado en la búsqueda de una comprensión holística de la biología, la cual requiere de la integración de conjuntos de datos progresivamente más grandes y complejos, generados experimentalmente, habilitados por el avance de las tecnologías. La investigación biológica depende cada vez más del análisis y la predicción computacionales en evolución.

El Grupo de Biología Computacional y Predictiva (GBCP) del ORNL, se reúne y colabora con científicos de disciplinas experimentales, computacionales y técnicas relacionadas para construir modelos computacionales de sistemas biológicos cada vez más detallados. Estos esfuerzos mejoran la precisión y el poder estadístico, y por lo tanto permiten a los investigadores obtener nuevos conocimientos y predecir propiedades y resultados de los sistemas biológicos que promueven la comprensión científica. Estos modelos ayudan a guiar el proceso de descubrimiento, informando el diseño experimental y sugiriendo nuevos enfoques para maximizar el beneficio científico.

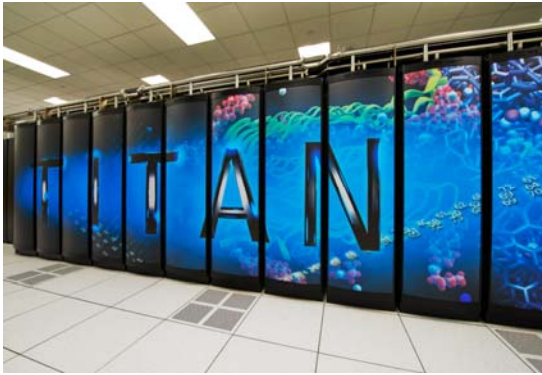
Los miembros del GBCP trabajan en una serie de problemas, incluida la investigación de plantas de bioenergía como materia prima para biocombustibles avanzados; cómo interactúan los *microbios* con las plantas en condiciones naturales y de ingeniería; y cómo los genes de un individuo pueden llevarlos a ser más susceptibles al dolor y a la adicción a los opioides. Para abordar estos problemas han desarrollado nuevos métodos y sistemas técnicos como KBase (la base de conocimiento del Departamento de Biología de Sistemas Energéticos), y trabajan con investigadores de Oak Ridge Leadership Computing Facility (OLCF) para desarrollar aplicaciones *Exascale* que se ejecutan en algunos de los superordenadores más rápidos del mundo.

El OLCF fue fundado en 1992, para acelerar el descubrimiento científico y el progreso de la ingeniería al proporcionar un rendimiento computacional líder en el mundo e infraestructura de datos avanzada.

De acuerdo al portal del ORNL, su programa de supercomputación ha crecido desde sus comienzos para ofrecer algunos de los sistemas más potentes del mundo, incluyendo recursos informáticos como:

- *Summit*, un superordenador IBM AC922 de 200 petaflop, conecta más de 27.000 GPU NVIDIA Volta con más de 9.000 CPU IBM Power9 para proporcionar oportunidades sin precedentes para la integración de la inteligencia artificial (IA) y el descubrimiento científico.





■ *Titan*, desmantelado en agosto de 2019, Titan fue un sistema de arquitectura híbrida Cray® XK7™ con un rendimiento máximo teórico superior a los 27.000 billones por segundo (27 petaflops).

■ *Eos*, desmantelado en agosto de 2019, fue un clúster Cray XC30 de 736 nodos, proporcionó un espacio para la portabilidad de herramientas, aplicaciones y trabajos a pequeña escala, así como la generación, verificación y optimización de software.



■ *Wombat*, es un clúster de rack único de HPE basado en la arquitectura ARM de 64 bits en lugar de la arquitectura tradicional basada en x86. Este sistema está disponible para apoyar proyectos de investigación en ciencias de la computación destinados a explorar la arquitectura ARM.

En el año 2018, el Summit se dio a conocer como la supercomputadora científica más poderosa e inteligente del mundo. Con un rendimiento máximo de 200.000 billones de cálculos por segundo, o 200 petaflops, Summit será ocho veces más potente que el sistema anterior de alto rango del ORNL, Titan. Para ciertas aplicaciones científicas, Summit también será capaz de procesar más de tres mil millones de cálculos mixtos de precisión por segundo, o 3,3 exaops. Entre los primeros proyectos programados para ejecutarse en el Summit, estaba:

Biología de Sistemas

La aplicación del "Machine Learning" (ML) y la Inteligencia Artificial (IA) a conjuntos de datos genéticos y biomédicos ofrecen el potencial de acelerar la comprensión de los resultados de la salud humana y las enfermedades.

Utilizando una mezcla de técnicas de IA en Summit, los investigadores podrán identificar patrones en la función, cooperación y evolución de las proteínas humanas y los sistemas celulares. Estos patrones pueden dar lugar colectivamente a fenotipos clínicos, rasgos observables de enfermedades como el Alzheimer, enfermedades del corazón o adicción, e informar el proceso de descubrimiento de fármacos.

A través de un proyecto de asociación estratégica entre ORNL y el Departamento de Asuntos de Veteranos de los Estados Unidos, los investigadores están combinando datos clínicos y genómicos con el Machine Learning (aprendizaje automático) y la arquitectura avanzada de Summit para comprender los factores genéticos que contribuyen a condiciones como la adicción a los opioides.

"La complejidad de los seres humanos como sistema biológico es increíble", dijo Dan Jacobson, biólogo computacional de ORNL. "Summit está permitiendo una nueva gama de ciencia que simplemente no era posible antes de que llegara".

[Videos de Summit](#)

RCSB PDB (RCSB = Research Collaboratory for Structural Bioinformatics, PDB = Protein Data Bank)

De acuerdo a su portal, el Banco de Datos de Proteínas (de inglés PDB - Protein Data Bank) se estableció como el primer recurso de datos digitales de acceso abierto en toda la biología y medicina. Hoy en día es un recurso global líder para datos experimentales fundamentales para el descubrimiento científico.

A través de un portal de información en Internet, de donde se puede descargar un archivo de datos, la PDB proporciona acceso a datos de estructuras 3D para moléculas biológicas de gran tamaño (proteínas, ADN y ARN). Estas son las moléculas de la vida, que se encuentran en todos los organismos del planeta.

Conocer la estructura 3D de una macromolécula biológica es esencial para entender su papel en la salud y las enfermedades humanas y animales, su función en las plantas y la producción de alimentos y energía, y su importancia para otros temas relacionados con la prosperidad y la sostenibilidad globales.

RCSB PDB maneja los datos del archivo global del PDB en los Estados Unidos y lo mantiene disponible, sin cargo alguno para todos los interesados sin limitaciones de uso.

La visión de la RCSB es “permitir el acceso abierto al conocimiento acumulado de la estructura, función y evolución 3D de macromoléculas biológicas, ampliando las fronteras de la biología fundamental, la biomedicina y la biotecnología”.

La RCSB cuenta con asesores reconocidos en los campos de biología estructural, biología celular y molecular, biología computacional y tecnologías de la información.

Financiación

La RCSB PDB cuenta con el apoyo de subsidios de la Fundación Nacional de Ciencia (National Science Foundation), el Departamento de Energía de los Estados Unidos, el Instituto Nacional del Cáncer, el Instituto Nacional de Alergias y Enfermedades Infecciosas, y el Instituto Nacional de Ciencias Médicas.

[Centro Nacional de Información Biotecnológica \(del inglés NCBI - National Center for Biotechnology Information\)](#)

[Creación del NCBI](#)

El senador Claude Pepper de los Estados Unidos, reconoció la importancia de los métodos computarizados de procesamiento de información para la realización de investigaciones biomédicas y patrocinó la legislación que estableció el Centro Nacional de Información Biotecnológica (del inglés NCBI) el 4 de noviembre de 1988, como una división de la Biblioteca Nacional de Medicina (del inglés NLM - National Library of Medicine) en los Institutos Nacionales de Salud (del inglés NIH - National Institutes of Health). La NLM fue elegida por su experiencia en la creación y mantenimiento de bases de datos biomédicas, y porque como parte de NIH, podría establecer un programa de investigación intramuros en biología molecular computacional. Los componentes de investigación colectiva de los NIH conforman el centro de investigación biomédica más grande del mundo.

[Investigación básica](#)

Como recurso nacional para la información en biología molecular, la misión del NCBI es desarrollar nuevas tecnologías de la información para ayudar en la comprensión de los procesos moleculares y genéticos fundamentales que controlan la salud y las enfermedades. Más concretamente, el NCBI se ha encargado de crear sistemas automatizados para almacenar y analizar conocimientos sobre biología molecular, bioquímica y genética; facilitar el uso de dichas bases de datos y programas de software por parte de la comunidad de investigación y medicina; coordinar los esfuerzos para recopilar información sobre biotecnología tanto a nivel nacional como internacional; y realizar investigaciones sobre métodos avanzados de procesamiento de información por ordenador para analizar la estructura y función de moléculas biológicamente importantes.

Para llevar a cabo sus diversas responsabilidades, el NCBI:

- Realiza investigaciones sobre problemas biomédicos fundamentales a nivel molecular utilizando métodos matemáticos y computacionales.
- Mantiene colaboraciones con varios institutos de los NIH, como los académicos, industriales y otros organismos gubernamentales.
- Fomenta la comunicación científica patrocinando reuniones, talleres y conferencias.
- Apoya la formación en investigación básica y aplicada en **Biología Computacional** para becarios postdoctorales a través del Programa de Investigación Intramuros de los NIH.
- Involucra a miembros de la comunidad científica internacional en investigación y capacitación informática a través del Programa de Visitantes Científicos.
- Desarrolla, distribuye, apoya y coordina el acceso a una variedad de bases de datos y software para las comunidades científicas y médicas.
- Desarrolla y promueve normas para bases de datos, aporte e intercambio de datos, y nomenclatura biológica.

La rama “Biología Computacional” del NCBI

La investigación en la rama de Biología Computacional (del inglés CBB - Computational Biology Branch) del NCBI se centra en enfoques computacionales teóricos, analíticos y aplicados a una amplia gama de problemas fundamentales en biología molecular y medicina.

Descripción general de la investigación

El programa de investigación en la rama de Biología Computacional (CBB) es llevado a cabo por Investigadores expertos, científicos, becarios postdoctorales y estudiantes. El programa se centra en enfoques teóricos, analíticos y aplicados a una amplia gama de problemas fundamentales en biología molecular.

La experiencia del grupo de investigación antes mencionado, se concentra en el análisis de secuencias, análisis de estructura/función de proteínas, informática química y análisis del genoma. Los intereses de investigación cubren aún más una amplia gama de temas en biología computacional y ciencias de la información. Estos incluyen, pero no se limitan a, algoritmos de búsqueda de bases de datos, identificación de señales de secuencia, modelos matemáticos de evolución, métodos estadísticos en virología, comportamiento dinámico de los sistemas de reacción química, algoritmos estadísticos de recuperación de texto, estructura de proteínas y predicción de funciones, genómica comparativa, árboles taxonómicos, genética poblacional y biología de sistemas.

Muchos de los proyectos básicos de investigación llevados a cabo por los investigadores del CBB sirven para mejorar y fortalecer el conjunto de bases de datos y herramientas de aplicación de software disponibles públicamente del NCBI. Los esfuerzos de investigación colaborativa, entre los investigadores del NCBI, así como con la comunidad de investigación externa, han llevado al desarrollo de algoritmos innovadores (BLAST, PSI-BLAST, VAST y COGs), nuevos enfoques de investigación (text neighboring) y recursos fundamentales (PubChem y CDD) que han transformado el campo de la biología computacional. Los

algoritmos y aplicaciones actualmente en desarrollo tienen el potencial de seguir avanzando en el descubrimiento científico.

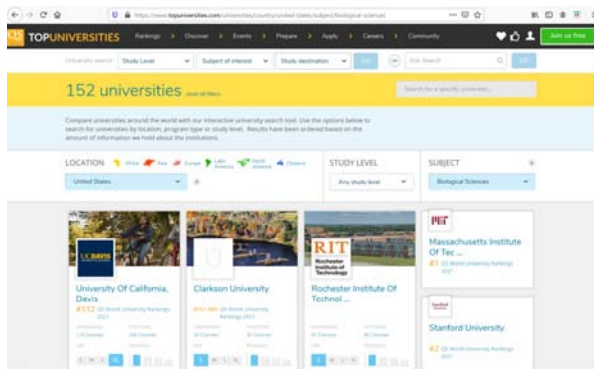
Los miembros del CBB contribuyen significativamente a la validez y fiabilidad de los recursos en línea del NCBI mediante la revisión de la calidad y exactitud de los datos depositados en las bases de datos, así como la exactitud de la información utilizada para anotar los datos. Los miembros también proporcionan liderazgo y orientación a la comunidad mediante la planificación y organización de consorcios científicos para determinar el uso más eficaz de los recursos de origen público para la biología experimental a gran escala o de alto rendimiento. Los investigadores colaboran para definir nuevas áreas de investigación e identificar mecanismos computacionales adecuados para abordarlas.

Herramientas y temas del NCBI:

- [Análisis de genomas completos](#)
- [BioNLP](#)
- [Clústeres de grupos ortólogos](#) (del inglés COG - Clusters of Orthologous Groups)
- [Software de análisis genético](#)
- [HistoneDB2.0 con variantes](#)
- [IBIS](#)
- [LogOddsLogo](#)
- [MutaBind](#)
- [Mutagene](#)
- [SNPDelScore](#)
- [Estructura](#)

University of California, Davis (UC Davis)

De acuerdo al portal QS Top Universities (<https://www.topuniversities.com>), la Universidad de California Davis, se encuentra entre las universidades públicas, como una de las universidades con más producción en la investigación en lo que se refiere a las Ciencias Biológicas.



■ **URL:**
<https://www.topuniversities.com/universities/country/united-states/subject/biological-sciences>
(Topuniversities, 2020)

Dentro de su oferta de investigación, cuenta con el:

Colegio de Ciencias Biológicas (CCB) - Colaboración impulsada por la investigación

La oficina principal de investigación promueve una infraestructura de investigación de clase mundial en UC Davis que permite la excelencia científica, el desarrollo tecnológico y las innovaciones sobresalientes para los investigadores en el campus y la comunidad científica

El CCB es donde se concentran las instalaciones, que colaboran en todo el campus para mejorar el objetivo y el apoyo a la investigación institucional. A continuación, se muestra una lista de núcleos de investigación que están afiliados con diferentes áreas dentro de la universidad

- Departamento de Evolución y Ecología
- Departamento de Biología Molecular y Celular
- Departamento de Biología Vegetal
- Centro Genómico (Genome Center)

Dentro del Centro Genómico, la **Bioinformática** (Bioinformatics Core (BC)) proporciona experiencia e infraestructura para la adquisición, curación, análisis y distribución de grandes conjuntos de datos biológicos complejos, con énfasis en los datos de secuencia

Bioinformática (Bioinformatics Core (BC)) - Análisis de datos

El BC de la UC Davis cuenta con más de una década de experiencia ayudando a resolver una amplia variedad de problemas bioinformáticos, grandes y pequeños. Cuentan con una experiencia significativa en el análisis de datos genómicos y otros proyectos, para ayudar a impulsar la investigación. Brindan apoyo con el proyecto a desarrollar, desde el diseño experimental, a través de todos los análisis y hasta la publicación, a precios competitivos.

Análisis de datos

Los conjuntos de datos siguen creciendo en tamaño y complejidad y normalmente requieren el uso inteligente de muchas herramientas. La UC Davis con [tarifas](#) competitivas y su grupo de análisis de datos calificado puede ayudar a avanzar en un proyecto de investigación bioinformática de varias maneras, ya que cuentan con la experiencia para ayudar en cada paso del proceso. Su experiencia abarca una amplia gama de temas, incluyendo, pero no limitado a:

- Secuencia QC, por ejemplo, recorte del adaptador, recorte de calidad, eliminación de duplicados, etc.
- Montaje del genoma
- Análisis de conjuntos de datos metagenómicos y metatranscriptómicos
- Análisis ChIP-Seq
- Genómica microbiana

- Análisis de modificaciones epigenéticas, por ejemplo, a partir de datos de metilación/cromatina
- Llamada de variante y GWAS
- Análisis de datos mRNA-Seq
- ARN-Seq de una sola célula
- Montaje y anotación de Transcriptome
- Creación de bases de datos personalizadas

Software

El BC ha desarrollado y contribuido al software bioinformático de código abierto para que toda la comunidad lo use y está disponible de forma gratuita. A continuación, se presentan algunos de los programas de software más útiles en los que ha contribuido o desarrollado la UC Davis.

- [HTStream](#): es un control de calidad rápido para datos de secuenciación de alto rendimiento. La diferencia entre HTStream y otros sistemas, es que HTStream utiliza un formato **fastq** delimitado por tabulaciones que permite la transmisión por secuencias de una aplicación a otra. Esta transmisión crea algunas mejoras impresionantes al procesar datos de HTS.
- [Reportes HTStream](#): Consolida la salida JSON del HTStream en informes visiblemente mejorados. También toma números de los resultados del mapeo para crear gráficos que ayuden al control de calidad de los datos.
- [dbcAmplicons](#): Análisis de datos de doble código de Barras Illumina Amplicon, utilizado para el análisis de la comunidad microbiana
- [Sickle](#): La mayoría de las tecnologías modernas de secuenciación producen lecturas que tienen una calidad deteriorada hacia el 3'- final y algunas hacia el 5'-final también. Las bases incorrectas en ambas regiones impactan negativamente en los ensamblados, la cartografía y los análisis bioinformáticos. Sickle es una herramienta que utiliza ventanas deslizantes junto con umbrales de calidad y longitud para determinar cuándo la calidad es lo suficientemente baja como para recortar el extremo 3' de las lecturas y también determina cuándo la calidad es lo suficientemente alta como para recortar el 5'-final de lecturas.

Dentro de su oferta académica, cuenta con la especialización:

Biología cuantitativa y bioinformática

Es un programa que integra e introduce a los estudiantes en los enfoques cuantitativos y computacionales que están redefiniendo todas las disciplinas en las ciencias biológicas, desde la biología molecular y celular, pasando por la genética y la fisiología, hasta la ecología y la biología evolutiva. Los estudiantes de este programa aprenderán herramientas de investigación que aplican métodos matemáticos y computacionales, aumentando su visión de las fortalezas y limitaciones de los enfoques cuantitativos, y desarrollarán la perspectiva interdisciplinaria que ahora es la base de la investigación y la formación biológica modernas.

México

A lo largo de lo revisado en este proyecto, se ha llegado a la sección de México, donde revisaremos algunas iniciativas que participan en la investigación, el desarrollo y la innovación (I+D+I), si el Gobierno Federal de México, es un promotor activo e incentivador de la investigación y si hay algún tipo de alianza con empresas privadas, para conducir al país a la vanguardia tecnológica, de conocimientos, que permitan aportar soluciones reales a los problemas a los que se enfrenta día a día el país, en temas de salud, de alimentación, etc.

GBIF, nodo México

México es un país “**Participante**” en el GBIF desde el año de 2001 en la región de América Latina y el Caribe, como miembro “Votante”, el “**nodo**” en México ha sido integrado y hospedado por la Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad (CONABIO).

La misión del GBIF, nodo México es coordinar, apoyar y realizar actividades enfocadas al conocimiento de la biodiversidad mexicana a través de la recopilación, generación e intercambio de información sobre biodiversidad.

Las funciones principales de CONABIO incluyen:

- Implementar y operar el Sistema Nacional de Información sobre Biodiversidad (SNIB) según lo establecido en el artículo 80 fracción V de la Ley General del Equilibrio Ecológico y Protección al Ambiente.
- Proporcionar datos, información y consultoría a diferentes usuarios
- Implementar redes de información nacionales y globales sobre biodiversidad
- Cumplir con los compromisos internacionales sobre biodiversidad
- Llevar a cabo acciones encaminadas a la conservación y uso sostenible de la biodiversidad de México.

¿Qué hace la CONABIO?

Es una comisión intersecretarial, creada en 1992 con carácter de permanente. El Presidente de la Comisión es el titular del Ejecutivo Federal. Está integrada por varias Secretarías; la de Medio Ambiente y Recursos Naturales, la de Agricultura y Desarrollo Rural, Bienestar, Economía, Educación Pública, Energía, Hacienda y Crédito Público, Relaciones Exteriores, Salud y Turismo.

La CONABIO tiene la misión de promover, coordinar, apoyar y realizar actividades dirigidas al conocimiento de la diversidad biológica, así como a su conservación y uso sustentable para beneficio de la sociedad. Fue concebida como una organización de investigación aplicada, promotora de investigación básica, que compila y genera información sobre biodiversidad, desarrolla capacidades humanas en el área de informática

de la biodiversidad y es fuente pública de información y conocimiento accesible para toda la sociedad.

Es una institución que genera inteligencia sobre nuestro capital natural; sirve de puente entre la academia, el gobierno y la sociedad; promueve que la conservación y manejo de la biodiversidad se base en acciones realizadas por la población local, la cual debe ser un actor central en ese proceso.

Entre las funciones principales de la CONABIO están instrumentar y operar el Sistema Nacional de Información sobre Biodiversidad (SNIB), como establece el artículo 80, fracción V, de la Ley General del Equilibrio Ecológico y la Protección al Ambiente, para brindar datos, información y asesoría a diversos usuarios, así como instrumentar las redes de información nacionales y mundiales sobre biodiversidad; dar cumplimiento a aquellos compromisos internacionales en materia de biodiversidad adquiridos por México que le sean asignados, y llevar a cabo acciones orientadas a la conservación y uso sustentable de la biodiversidad de México.

Objetivos de la CONABIO

- 1] Proveer el conocimiento necesario para la conservación, manejo y uso sustentable de la biodiversidad, a través de generar, compilar, sistematizar y analizar la información, para apoyar la toma de decisiones.
- 2] Actualizar, incorporar y consolidar las redes y sistemas de información nacionales, regionales y mundiales relacionados con biodiversidad que satisfagan las necesidades del país.

Principales actividades y logros:

Conocimiento y bioinformática: Instrumentar y operar el Sistema Nacional de Información sobre Biodiversidad (SNIB), proveer el conocimiento necesario para la conservación, manejo y uso sustentable de la biodiversidad, a través de generar, compilar, sistematizar y analizar la información, para apoyar la toma de decisiones por los diferentes sectores de la sociedad.

- Creación de la Red Mundial de Información sobre Biodiversidad (REMIB) que operó a partir de 2001.
- Creación del sistema automatizado para la detección de puntos de calor y monitoreo de ecosistemas de manglares y marinos.
- Programas de identificación de prioridades para la conservación de la biodiversidad.
- Elaboración del Sistema de Manejo de Información Biótica

Infraestructura de Cómputo

De acuerdo a la información proporcionada por Lic. Patricia Ramos Rivera Directora General de Sistemas y la Bióloga Yessica Elizabeth Montiel Almanza Subcoordinadora

Técnica en Biodiversidad, el CONABIO cuenta con infraestructura propia y 5 sistemas en la nube. La infraestructura propia cuenta con las siguientes características:

Espacio de almacenamiento de aproximadamente 1 Petabyte. Actualmente la infraestructura se basa en ambiente virtualizado en VMware y cuenta con una memoria RAM de 2.5 TB

Financiamiento

Los recursos financieros que requiere la CONABIO para llevar a cabo su labor provienen en gran parte del Gobierno Federal y se administran mediante el Fideicomiso privado "Fondo para la Biodiversidad".

El fideicomiso permite recibir contribuciones económicas y en especie, deducibles de impuestos, nacionales y del extranjero. La constitución del Fondo para la Biodiversidad establece mecanismos de supervisión del ejercicio de su patrimonio que garantizan su correcto manejo.

Laboratorio Nacional de Genómica para la Biodiversidad (LANGEBIO)

Derivado de que México tiene una gran diversidad biológica, la cual puede ser utilizada como un recurso invaluable en los campos de la medicina, la agricultura y la industria, es necesario conocer sus posibles aplicaciones caracterizando dicha biodiversidad, a través de la secuenciación y el análisis funcional de los genomas de las distintas especies.

Pero México no contaba con los recursos científicos, tecnológicos y humanos adecuados para estar a la vanguardia dentro de ese enfoque, por lo que para sumarse al panorama internacional en investigación genómica el CINVESTAV creó el Laboratorio Nacional de Genómica para la Biodiversidad (LANGEBIO).

Creación.

En el año 2004 por iniciativa de los doctores Octavio Martínez de la Vega, Luis Herrera-Estrella, Alfredo Herrera-Estrella y Jean-Philippe Vielle-Calzada, investigadores del Departamento de Ingeniería Genética de la Unidad Irapuato, se presentó una propuesta, bajo dos ideas fundamentales:

- Que el CINVESTAV tuviera una unidad conformada por personas expertas y equipo necesario para desarrollar proyectos genómicos a gran escala
- Y ofrecer servicios científicos en secuenciación y análisis de genomas a la comunidad CINVESTAV, así como a otras instituciones públicas y privadas nacionales e internacionales

En el año 2005 se crea el LANGEBIO como una nueva unidad del CINVESTAV dentro de su sede en Irapuato, ubicado en la zona del Bajío Mexicano, en Guanajuato, en un acuerdo firmado por las secretarías federales de Educación (SEP) y de Agricultura (SAGARPA); El

Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACYT); el Gobierno del Estado de Guanajuato y el CINVESTAV.

Objetivos.

- Integrar grupos de investigación independientes y multidisciplinarios, que realicen estudios de alta calidad.
- Desarrollar investigaciones vanguardistas que permitan caracterizar la biodiversidad mexicana para darle un uso sostenible.

Investigación, posgrados y servicios.

A continuación, se muestran las áreas de investigación, los posgrados y servicios que ofrecen, cada uno de los tópicos es una liga, que los llevara a revisar a detalle cada uno de ellos y sus vínculos con otros portales y áreas de interés.

Investigación	Posgrados	Servicios
<ul style="list-style-type: none">• Agrobiotecnología• Biología celular y del desarrollo• Biología computacional• Biología estructural y de sistemas• Ecología, Evolución y Biodiversidad	<ul style="list-style-type: none">• Biología integrativa• Biotecnología de Plantas	<ul style="list-style-type: none">• Genómicos• Espectrometría de masas

Biología computacional

En el portal se puede leer una introducción a esta rama de investigación, donde se indica que, con las enormes cantidades de datos que se han obtenido del desarrollo de métodos masivos de exploración biológica y bioquímica, sólo pueden ser analizados con la ayuda de las computadoras. Por lo que la Biología Computacional involucra la aplicación de métodos matemáticos y estadísticos a través de herramientas informáticas para el análisis de datos biológicos y sin el potencial cuantitativo del análisis computacional muchos de los datos biológicos disponibles no podrían ser analizados ni interpretados.

En esta rama de investigación se enfocan al desarrollo y aplicación de herramientas para el análisis de datos genómicos (secuenciación masiva, proteómica y metabólica) en plantas, animales y microorganismos, dando especial enfoque a la expresión de los genes y a las bases de su regulación. Cuentan con un equipo de cómputo de alto rendimiento que permite realizar análisis a gran escala.

Dentro de los servicios se pueden identificar los objetivos, las técnicas utilizadas y los costos por los servicios ofrecidos. Como se muestra en el siguiente resumen:

Laboratorio de Servicios Genómicos

Objetivos	Técnicas utilizadas	Costos
Ofrecer servicios de secuenciación de DNA, análisis de poblaciones y análisis bioinformática de datos genómicos, a todas las instituciones de investigación del país, al sector agrícola y biotecnológico, a las instituciones de salud y al sector empresarial.	<ul style="list-style-type: none">• Secuenciación capilar• Secuenciación de nueva generación (NGS)• Tecnología de microarreglos• Análisis bioinformático• PCR tiempo real• Extracción de material genético• Genotipado basado en secuencias	<ul style="list-style-type: none">• Secuenciación capilar<ul style="list-style-type: none">○ Costos• Análisis Bioinformático<ul style="list-style-type: none">○ Costos• PCR tiempo real<ul style="list-style-type: none">○ Costos

Laboratorio de Espectrometría de masas

Objetivos	Técnicas utilizadas	Costos
El laboratorio tiene como misión impulsar el uso de las diferentes técnicas de cromatografía y espectrometría de masas para el análisis cualitativo y cuantitativo, que permitan facilitar la investigación científica en proyectos académicos y del área industrial, en la región, a nivel nacional e internacional. Además, de establecer convenios de colaboración con instituciones académicas y empresariales.	<ul style="list-style-type: none">• Técnicas• Solicitud metabólica• Solicitud proteómica	<ul style="list-style-type: none">• Solicitud metabólica<ul style="list-style-type: none">○ Solicitud de cotización para análisis de pequeñas moléculas• Solicitud proteómica<ul style="list-style-type: none">○ Solicitud de cotización para análisis de proteínas o péptidos

Red de Apoyo a la Investigación (RAI)

Es una entidad académica autónoma cuya función es proveer un espacio de servicios de investigación multidisciplinaria en el que diferentes profesionales procedentes del ámbito biomédico y universitario interactúen para ofrecerle soluciones en el diagnóstico, prevención y tratamiento de enfermedades, particularmente relacionadas con la nutrición, la diabetes, la obesidad y el cáncer, basados en la aplicación conjunta y coordinada de los resultados de investigaciones de frontera que empleen tecnología de punta.

El proyecto ha sido desarrollado entre la Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM), el Instituto Nacional de Cancerología, el Instituto Nacional de Cardiología Ignacio Chávez, el Instituto Nacional de Medicina Genómica y el Instituto Nacional de Ciencias Médicas y Nutrición Salvador Zubirán con el fin de optimizar recursos, evitar la redundancia de equipos, con personal técnico experto y acreditado, haciendo frente a la obsolescencia y problemas de mantenimiento.

Servicios y tarifas

Diferentes profesionales procedentes del ámbito biomédico y universitario interactúan para ofrecerle soluciones en el diagnóstico, prevención y tratamiento de enfermedades, a través de nuestros servicios de alta tecnología.



[Secuenciación NGS](#)

Secuenciación de nueva generación (NGS) con equipos HiSeq 2500 y MiSeq de [Illumina](#).



[Bioinformática](#)

Análisis de datos de secuenciación masiva con las técnicas bioinformáticas más actuales.

[Tarifas.](#)



[Bioestadística](#)

Métodos para el análisis de datos, diseño de experimentos y muestreo.

[Tarifas.](#)



[Citometría de flujo](#)

Análisis multiparámetro de miles de células por segundo, una metodología de gran validez y utilidad.

[Tarifas.](#)



[Cromatografía](#)

Separación e identificación selectiva de componentes químicos y/o biológicos de una mezcla compleja.



[BIACORE](#)

Tecnología de biosensores (SPR) para la visualización en tiempo real del proceso de interacción entre biomoléculas.

[Tarifas.](#)



[Bio-Plex](#)

Detección y cuantificación de múltiples analitos.



[Cultivo celular](#)

Cultivo de células y líneas celulares en condiciones controladas.

[Tarifas.](#)



[PCR en tiempo real](#)

Para amplificar y simultáneamente cuantificar de forma absoluta el producto de la amplificación.

[Tarifas.](#)



[Secuenciación Sanger](#)

Secuenciación de DNA en electroforesis capilar.

[Tarifas.](#)



[Microscopía](#)

Técnicas y métodos sofisticados para el estudio detallado de los componentes celulares y tejidos.

[Tarifas.](#)



[Área creativa](#)

Diseño de juegos, personajes, animaciones y creatividad visual.

[Tarifas.](#)

Unidades y laboratorios

Laboratorio de Genómica

El Laboratorio de Genómica de la RAI provee a la comunidad científica una amplia gama de servicios que facilitan la investigación genómica con un abordaje funcional.

Equipos.

Unidad de Bioinformática, Bioestadística y Biología Computacional

Ofrece a la comunidad científica estudios in-silico, orientados hacia el análisis e interpretación de resultados experimentales sobre sistemas de interés biomédico.

Equipos.

Biología Molecular

Secuenciador de DNA de 24 capilares (3500xL Genetic Analyzer, Applied Biosystems) y tres termocicladores para PCR en tiempo real (dos StepOnePlus Real-Time PCR System y un QuantStudio 12K Flex Real-Time PCR System, Applied Biosystems).

Equipos.

Microscopia

Provee a la comunidad científica una amplia gama de servicios que facilitan la investigación.

Equipos.

Unidad de Citometría de flujo

Ofrece a la comunidad científica una amplia gama de servicios basados en la citometría de flujo multiparamétrica tanto para análisis como para separación celular.

Equipos.

Unidad de Metabolómica y Proteómica

Provee a la comunidad científica de una amplia gama de servicios que facilitan la investigación con un abordaje funcional.

Equipos.

Biología computacional y Bioinformática

Analicemos un poco más a detalle dos servicios que proporciona la RAI, que de acuerdo a las definiciones que se pueden encontrar publicadas en internet, son esencialmente lo mismo: Biología computacional y Bioinformática.

Biología computacional

Servicios

- Análisis de dominios estructurales de proteínas
- Visualización tridimensional de biomoléculas
- Cursos

Bioinformática

Servicios

- Análisis de la calidad de las secuencias
- Alineamiento de secuencias sobre un genoma de referencia
- Ensamble de genomas guiados por referencia
- Ensamble de novo de genoma
- Ensamble de novo de transcriptoma
- Análisis de expresión diferencial
- Predicción y anotación de genes

Descripción de los servicios

- Anotación de transcritos
- Búsquedas en las bases de datos
- Análisis de dominios de proteínas
- Visualización tridimensional de biomoléculas
- Cursos

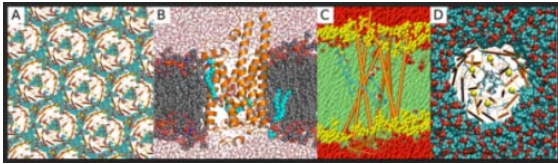
Descripción de los servicios

Unidad de Bioinformática, Bioestadística y Biología computacional

Fundamentos

Biología computacional

Por los importantes avances de los últimos años, tanto en métodos numéricos como en la capacidad de cómputo, estamos frente a la nueva era tecnológica que está revolucionando nuestra comprensión de los procesos celulares a nivel molecular. A partir de la generación de trayectorias de simulación para sistemas de alrededor de 100 mil átomos y durante ~1 microsegundo, es viable describir las funciones de biomoléculas como proteínas, ácidos nucleicos, lípidos, azúcares o fármacos. Las aplicaciones potenciales de este conocimiento incluyen nuevas propuestas de estrategias terapéuticas para enfermedades crónicas y/o degenerativas como el cáncer, el síndrome metabólico, la diabetes mellitus y la enfermedad de Alzheimer, entre otras.



Fundamentos

Bioinformática

La secuenciación masiva de última generación produce una gran cantidad de datos al final de cada experimento. Una sola corrida puede generar imágenes digitales que llegan a requerir hasta 3 TB de espacio en disco, las cuales se procesan para obtener archivos de secuencias de aproximadamente 100 GB. Por lo tanto, la infraestructura computacional en las técnicas de secuenciación masiva es una parte esencial para la recolección, almacenamiento y evaluación de calidad de los datos. El manejo e interpretación de información digital generada en los secuenciadores requiere de personal especializado en herramientas de cómputo de alto rendimiento, elaboración de scripts de análisis bioinformático y bioestadístico, uso y generación de bases de datos, entre otras herramientas.

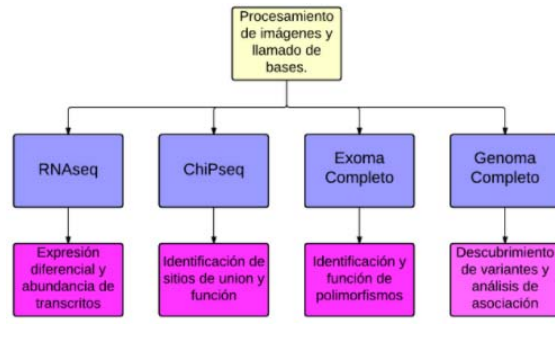
El procesamiento de datos incluye tres niveles:

Análisis primario. Consiste en el procesamiento de imágenes por medio del software del fabricante, el llamado de bases y el control de calidad de las secuencias.

Análisis secundario. Consiste en el alineamiento y mapeo de las secuencias para la identificación y posterior ensamblado de genomas y/o transcriptomas.

Análisis terciario. Este tipo de análisis es más especializado e incluye particularidades de cada tipo de experimento. Consiste en identificar variantes, análisis estadísticos de asociación, análisis de correlaciones relevantes para la función biológica, etc.

El siguiente diagrama muestra las etapas del procesamiento de datos que se lleva a cabo en la Unidad de Bioinformática, Bioestadística y Biología Computacional.



Equipos

La Unidad de Bioinformática, Bioestadística y Biología computacional cuenta con:

Acceso a supercomputo UNAM (Cluster). Un servidor con 64 núcleos, 512 Gbytes de RAM y 8.5 TB de almacenamiento en disco duro. Unidad de almacenamiento de 18 TB (Intel Xeon E5-2600). Estaciones de trabajo (Workstation Z230 i7) para uso de los miembros de la RAI.

[Manual de procedimientos de los servicios](#)

Servidor de cómputo



[Manual de procedimientos](#)

Unidad de almacenamiento



Cursos

Cursos

Sede: en línea (vía Zoom)

Informes e inscripciones:
cursos.rai.unam@gmail.com

Requisitos: Equipo de cómputo portátil (laptop)

Constancia académica de participación expedida por la UNAM



Tarifas

Tarifas

CONSORCIO ¹	INSTITUTOS NACIONALES DE SALUD ²	OTRAS DEPENDENCIAS PÚBLICAS	INSTITUCIONES PRIVADAS
\$200	\$250	\$300	\$350

Todos los precios incluyen IVA.

1. Usuarios del consorcio de la RAI (INCMNSZ, INCAN, INCICH, INMEGEN, UNAM).
2. Usuarios afiliados a los Institutos y Hospitales de Alta Especialidad de la [CCINSHAE](#).

Tarifas

CONSORCIO ¹	INSTITUTOS NACIONALES DE SALUD ²	OTRAS DEPENDENCIAS PÚBLICAS	INSTITUCIONES PRIVADAS
\$300	\$350	\$400	\$450

Costo por hora. Todos los precios incluyen IVA.

1. Usuarios del consorcio de la RAI (INCMNSZ, INCAN, INCICH, INMEGEN, UNAM).
2. Usuarios afiliados a los Institutos y Hospitales de Alta Especialidad de la [CCINSHAE](#).

Laboratorio Nacional en Salud

Otra iniciativa que es destacable por sus alcances en el corto plazo, pero también por los que podría alcanzar en el largo plazo y que inicio actividades en 2015, es el Laboratorio Nacional en Salud con sede en la Facultad de Estudios Superiores Iztacala de la UNAM en colaboración y apoyo del Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACyT).

Profesionales de las ciencias de la vida, especializados en bioquímica, biología molecular, inmunología, oncología, entre otras y universitarios interaccionan para ofrecer soluciones en el análisis genético y epigenético asociado con el diagnóstico, progresión y tratamiento de enfermedades crónico degenerativas en pacientes y en modelos experimentales, a través de sus áreas y servicios de alta tecnología.

Las áreas y servicios son: **Secuenciación masiva, Microscopia electrónica, Citometria y Cromatografía de alta resolución.**

Equipamiento Científico:

El Laboratorio Nacional en Salud cuenta con el siguiente equipamiento: **Citómetro de Flujo, S3 CELL SORTER, Secuenciador Masivo, MISeq System, Microscopio Electrónico de transmisión, JEM-1400 y un Cromatógrafo de Alta resolución, Acoplado a Espectroscopia de Masas.**

En el largo plazo el Laboratorio, podrá ser un generador de información, que se podrá compartir otros profesionales y por ende ser un precursor de otra base de datos especializada y disponible a nivel global, con una infraestructura de procesamiento de información robusta y propia. Con esos logros podrá preparar más y mejores especialistas, acceso a más financiación y estar entre los mejores del país y porque no del mundo.

Además de La Facultad de Estudios Superiores Iztacala, la UNAM cuenta con otras iniciativas dentro de la Bioinformática:

- [Centro de Ciencias Genómicas](#) con la Unidad de análisis Bioinformáticos.
- [Comunidad de Desarrolladores de Software en Bioinformática](#), UNAM Campus Morelos.
- Nodo Nacional de Bioinformática.
- [Unidad Universitaria de Secuenciación Masiva y Bioinformática \(UUSMB\)](#)
- [Licenciatura en Ciencias Genómicas](#), UNAM Campus Morelos
- [La supercomputadora Miztli](#) (Puma), supercomputadora utilizada por investigadores de distintas áreas del conocimiento para estudiar temas como la estructura del universo, el comportamiento de partículas subatómicas y el **análisis de genomas**.

Colegio de Posgraduados

El Colegio de Postgraduados es una institución que ha logrado una sólida estructura gracias a los esfuerzos del gobierno y de la sociedad que se iniciaron en el siglo XIX.

Misión y Visión

Misión	Visión
Generar, enseñar, difundir, aplicar e innovar conocimiento científico y tecnológico en materia agropecuaria, forestal y acuícola, para contribuir en la mejora de la calidad de vida de la sociedad.	Ser una institución reconocida nacional e internacionalmente en investigación y educación de posgrado, que se distinga por la alta calidad de sus resultados científicos y tecnológicos, por los recursos humanos que forma y por su vinculación con el sector, en marco de innovación, sustentabilidad y compromiso social.

Objetivos estratégicos:

- Educar y formar personas creativas, innovadoras y con sentido humanista que atiendan las necesidades agroalimentarias de la sociedad en un contexto de desarrollo sustentable.

- Realizar investigación generadora de conocimiento pertinente para el manejo sustentable de los recursos naturales y la producción de alimentos nutritivos e inocuos, y de otros bienes y servicios.
- Mejorar la calidad de vida de la sociedad y retroalimentar las actividades académicas a través de la vinculación.
- Contar con procesos administrativos certificados que apoyen en forma eficaz y eficiente las actividades sustantivas de la Institución.

El Colegio de Postgraduados es reconocido actualmente como una institución líder en ciencias agrícolas y agroalimentarias en México y América Latina. En su trayectoria ha formado científicos, académicos, tomadores de decisiones y emprendedores que han contribuido, en mucho, al mejoramiento de la calidad de vida de la sociedad, tanto en México como en otros países, consolidándose como una institución de excelencia a nivel internacional.

Gracias al impacto social que tienen los resultados de sus tres actividades sustantivas, la Institución forma parte del registro de Centros Públicos de Investigación reconocidos por la Ley de Ciencia y Tecnología. Actualmente cuenta con siete Campus en diferentes regiones agroecológicas del país, localizados en: Champotón, Campeche; Montecillo, Estado de México; Cholula, Puebla; Salinas de Hidalgo, San Luis Potosí; Cárdenas, Tabasco; y Manlio Fabio Altamirano y Amatlán de los Reyes, en Veracruz

Investigación

En el Colegio de Postgraduados la investigación tiene un rol preponderante en la generación de nuevo conocimiento, la formación de talentos humanos y la aplicación de tecnología útil a una sociedad en constante cambio, necesitada de más y mejores oportunidades para su total transformación.

La investigación que se realiza en los 7 campus del COLPOS, se encuentra organizada en **16 Líneas Prioritarias de Investigación**, que cubren el amplio espectro de la problemática agroalimentaria, de los recursos naturales y del desarrollo social.

Derivado de un proceso de evolución permanente del Colegio de Postgraduados, en el 2015 inicia la implementación de las **Líneas de Investigación Pertinentes (LIP)**, las cuales sustituyen y amplían la función que venían realizando las LPI. En el entendido de que la generación del conocimiento se realiza en cada uno de los Posgrados, mediante las **Líneas de Generación y/o Aplicación del Conocimiento del Colegio de Postgraduados (LGAC-CP)**, las cuales tienen una participación amplia, en los programas y planes de mejora de los posgrados adscritos al Programa Nacional de Posgrado de Calidad (PNPC) del Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACYT), desde una perspectiva disciplinaria de generación de nuevo conocimiento o su aplicación.

Línea Prioritaria de Investigación (LPI) 15: Estadística, modelado y tecnologías de la información aplicadas a la agricultura y al medio rural

La línea estudia el desarrollo de herramientas estadísticas y computacionales aplicadas a la agricultura, el medio ambiente, la alimentación y el medio rural.

Misión y Visión

Misión: Generar conocimiento de alto nivel científico en estadística y cómputo relacionado a fenómenos agroalimentarios del medio ambiente y rural.

Visión: Constituimos un equipo de trabajo interdisciplinario líder en el desarrollo de metodología estadística e informática aplicada a fenómenos biológicos y sociales relacionados con la agricultura y el medio rural.

Objetivo General

Generar conocimiento y desarrollar metodologías y herramientas de estadística e informática para la solución de problemas agroalimentarios, del medio ambiente y rural, así como modelar estocásticamente el comportamiento de fenómenos complejos.

Objetivos Estratégicos

1. Consolidar un equipo de trabajo interdisciplinario.
2. **Diseñar un programa académico de postgrado en Bioinformática.**
3. Identificar demandas de usuarios en estadística y tecnologías de la información.
4. Fomentar la investigación en el área de muestreo.
5. Capacitar talentos humanos.
6. Organización de eventos científicos
7. Actualizar la infraestructura y el equipo computacional.

Bioinformática – Aplicaciones a la genómica y proteómica

En el año 2010, el Dr Fernando Carlos Gómez Merina, la Dra. Hilda Victoria Silva Rojas y el Dr. Paulino Pérez Rodríguez, publican el trabajo “Bioinformática - Aplicaciones a la genómica y proteómica”, en colaboración con la Línea Prioritaria de Investigación 5 “Biotecnología Microbiana, Vegetal y Animal” y la Línea Prioritaria de Investigación 15 “Estadística, modelado y tecnologías de la información aplicadas a la agricultura y al medio rural”.

Este trabajo, nos brinda información partiendo de las bases de la Bioinformática, llevándonos por aspectos de las ciencias ómicas, incluyendo genómica y biología estructural, código R, análisis comparativo y evolución, agrupamiento y minería de datos en R, hasta las redes de interacciones entre proteínas y proteómica bioinformática.

Red Mexicana de Bioinformática (RMB)

La Red Mexicana de Bioinformática A.C. (RMB), es una iniciativa que tiene la misión de fomentar el desarrollo y expansión de la cultura bioinformática en el país bajo principios éticos de interacción colectiva organizada.

La RMB fue fundada gracias a la iniciativa de un grupo de investigadores, profesores y estudiantes del área bioinformática, que han logrado consolidar los recursos que permitieron constituir la A.C., y han desarrollado un plan de trabajo que incluye la organización de talleres (Talleres Internacionales de Bioinformática) y de la primera conferencia nacional de la RMB en el año 2020. Esto permitió dar continuidad a esfuerzos previos de la comunidad para establecer conferencias internacionales anuales enfocadas en el área de bioinformática.

Para lograr los objetivos de la RMB, se requiere el compromiso de profesionales del área de bioinformática, deseosos de participar en el desarrollo del área a nivel nacional, por medio de la organización e impartición de cursos, organización de congresos, desarrollo de software, divulgación y establecimiento de ligas con otras asociaciones nacionales o internacionales.

Existen dos formas de participar en la RMB, como Miembro Afiliado o como Asociado Numerario de la A.C.

Miembros diferencias

- Asociado Numerario: tienen voz y voto en las decisiones de la A.C., con el firme compromiso de participar activamente en la misma; en un campo de acción en el que se quiera participar (i.e.: docencia, organización de congresos, divulgación, relaciones públicas)
- Miembro Afiliado: Sin voz y voto en las decisiones de la A.C., sin mucha participación dentro de las actividades de la A.C.

Nota: En ambos casos se requiere cubrir una cuota anual

Cuotas Anuales membresías

- [Costos y beneficios](#)

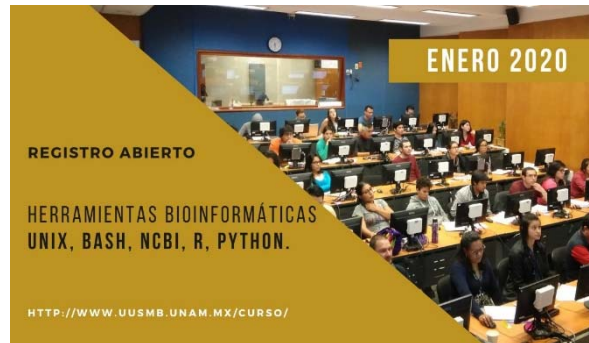
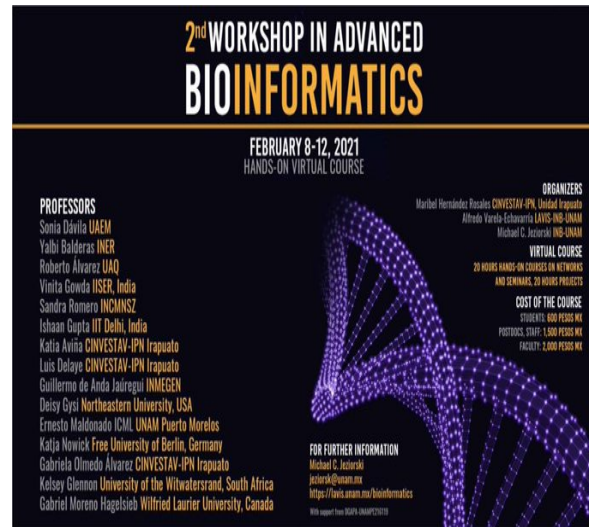
Objetivos:

La Asociación tiene la misión de fomentar el desarrollo y expansión de la cultura bioinformática en el país bajo principios éticos de interacción colectiva organizada, y la visión de llegar a ser un modelo de colaboración en bioinformática a ser emulado por otras redes en México y Latinoamérica, Lo anterior bajo principios éticos universales que fomenten el desarrollo profesional y humano.

Difusión de talleres, cursos y becas.

De acuerdo a la información publicada en su portal, la RMB se ha orientado a la difusión de talleres y cursos, así como dar oportunidades a través de [Becas](#) a los estudiantes e investigadores, interesados en la Bioinformática, para asistir a congresos.

Aquí la página de [Twitter](#) de la RMB.
(Imágenes tomadas de la página de RMB, 2020)



Hacia dónde va el rumbo tecnológico de México

Si bien hay iniciativas a nivel global, para el impulso de la Biología computacional y la Computación Biológica desde hace ya varios años, es importante identificar en México, los factores macros, que pueden actuar en favor o en contra de las iniciativas revisadas, limitando su desarrollo o impulsándolo, en beneficio o en detrimento de sus resultados en beneficio de la ciencia misma y de la sociedad.

Economía

¿Cómo podemos saber si un país se encuentra económicamente bien? Midiendo su actividad y cómo se encuentra su población en general.

Para ello, existen dos conceptos que nos revelan mucho al respecto: el crecimiento económico y el nivel de bienestar que goza su población.

Para medir su nivel de crecimiento, se utiliza el PIB (Producto Interno Bruto) que mide la actividad productiva y se obtiene al sumar cuánto valen en pesos todos los bienes y servicios de consumo final que se producen en un año, es decir, que no se usan para producir algo más.

Por su parte, el bienestar está relacionado con el nivel de vida de las personas. Una forma de medirlo es a través del PIB per cápita que nos indica cuánto dinero tiene la gente en promedio y se calcula dividiendo el PIB del país entre el número de personas que viven en él.

Sin embargo, es importante reconocer que es una medición de bienestar un tanto limitada, pues puede ser que muchas personas tengan cero pesos y otras muchos miles de pesos, y el PIB per cápita no refleja esta diferencia en la distribución.

Ahora bien, para producir y, por lo tanto crecer, un país cuenta con tres tipos de recursos:

- ✓ **Capital natural**, todo aquello que está en la naturaleza y que no ha sido procesado por el ser humano;
- ✓ **Capital físico**, maquinaria, herramientas, infraestructura y demás elementos que permiten a un trabajador producir más que si utilizara sus propias manos; y
- ✓ **Capital humano**, que se refiere a las personas que trabajan y sus habilidades y conocimientos para hacerlo.

También es importante aumentar la **productividad** de los mismos, es decir, producir más con menos recursos. Ello puede lograrse mediante:

- ✓ Una mejora en la **educación-capacitación** y en las condiciones de salud de la población –es decir, aumentar el capital humano- ya que la gente mejor capacitada y más sana produce más.
- ✓ El **progreso tecnológico**. Cuando el ingenio humano inventa una máquina que utiliza la misma, o menor, cantidad de recursos para generar mayor producción, entonces aumenta la productividad optimizando el capital físico.

Otros factores que fortalecen el crecimiento económico son:

- ✓ La estabilidad económica e institucional al permitir un ambiente atractivo y seguro para la inversión y la apertura de nuevas empresas.
- ✓ El comercio con otros países al estimular el intercambio de bienes y servicios que para otro país puede ser costoso producir; dedicándose cada uno a fabricar y ofrecer lo que mejor saben hacer al menor costo.
- ✓ En condiciones óptimas, la competencia permite que más personas participen en la producción de diferentes bienes y servicios y que se vendan a menor precio, propiciando el desarrollo económico.

Entre más y mejores bienes y servicios se generen, más trabajo y riqueza habrá para distribuir entre la población. Por lo general, cuando se habla de un aumento en el nivel de vida, éste viene acompañado de bienestar y crecimiento económico.

Organización para la Cooperación y el Desarrollo Económicos (OCDE)

De acuerdo a la Organización para la Cooperación y el Desarrollo Económicos (OCDE), el PIB en México, en el año 2019, fue de 2,608,649.816 Millones de Dólares Americanos (MDA) anuales que representan el 11% del PIB de China el cual fue de 23,523,357.394 MDA, siendo el más alto para un país dentro de la OCDE e Islandia con 21,480 MDA siendo el más bajo.

El PIB per cápita en México, en 2019, fue de 20,741.10 US Dólares Americanos anuales, con el que se sitúa en el puesto 101 del ranking, por lo que sus habitantes tienen un bajo nivel de vida en relación al resto de los 102 países del ranking de PIB per cápita. El de China fue de 14,306.40 USD y el de Islandia fue de 59,567.20 USD. No extraña, por tanto, que los mexicanos tengan de media el salario medio entre los más bajos del mundo.

Secretaría de Hacienda y Crédito Público

Por otro lado, de acuerdo a Los Criterios Generales de Política Económica (CGPE) para el ejercicio fiscal 2021 de la Secretaría de Hacienda y Crédito Público, en el rubro “Desarrollo Social”, el gasto público en **Educación**, total en México será de **3.3%** (% del PIB) y dentro del rubro “Desarrollo Económico”, el gasto público en **Ciencia, Tecnología e Innovación**, total en México será del **0.2%** (% del PIB).

El total del gasto educativo será distribuido entre 12 subfunciones del gasto. A Educación básica, nivel en el que se encuentran siete de cada 10 alumnos de educación pública (SEP, 2020), se dirigiría 61.2% del presupuesto, mientras que a Educación superior, donde se ubica 9.4% de la matrícula de estudiantes de sostenimiento público (SEP 2020), se destinaría 16.6% de los recursos.

Por otra parte, a Educación Media Superior (EMS), que concentra 14.4% de los alumnos de sostenimiento público del Sistema Educativo Nacional (SEN), se destinaría 14.4% del gasto educativo del año. De igual manera, para el nivel Posgrado, con 0.4% de la matrícula estudiantil de sostenimiento público (SEP 2020), sería asignado 1% del gasto educativo de 2021. De esta forma, el restante 6.7% de los recursos se enfocaría a las otras ocho subfunciones del gasto educativo

Históricamente, en México, el Gasto en I+D+i (Investigación, Desarrollo e Innovación), expresado en el monto de los recursos federales dedicados a ciencia, tecnología e innovación no han tenido incrementos sustanciales, por el contrario, entre 2015 y 2018, los recursos totales disminuyeron en relación con el Producto Interno Bruto al pasar del 0,5% al 0,4%, poniendo al país muy lejos de la meta del 1% establecida en el artículo 9 de la Ley de Ciencia y Tecnología.

El Centro de Estudios de las Finanzas Públicas ha señalado que México tiene la necesidad de fortalecer las políticas públicas en la materia. Por un lado, es urgente fortalecer al Consejo

Nacional de Ciencia y Tecnología, como la entidad asesora y especializada que articula esas políticas, y por el otro, generar una nueva relación con los demás sectores involucrados a fin de orientar y coordinar los esfuerzos para resolver los grandes problemas nacionales.

El panorama macroeconómico que prevalecerá para 2021, estará impactado fundamentalmente por la incertidumbre provocada por la pandemia de Covid-19, más la disminución del 4.6% en los ingresos presupuestario durante el 2020.

Ante ese panorama, el Paquete Económico, de acuerdo con el ejecutivo Federal, busca optimizar el gasto con el fin de atender los principales rubros, por lo que el Proyecto de egresos de la Federación para el ejercicio fiscal 2021 contempla un mayor gasto en Educación, Cultura, deporte, salud, Seguridad Social, Apoyo al campo, Fomento Económico, Medio Ambiente, Energía, Infraestructura, Combate a la Corrupción y para garantizar la seguridad.

[Los recursos destinados al Programa Especial de Ciencia, Tecnología e Innovación \(PECITI\) para el 2021](#)

La visión de la política científica en México y la emergencia sanitaria han sido factores determinantes en la estructura del Anexo 12 Programa Especial de Ciencia, Tecnología e Innovación en el Presupuesto de Egresos de la Federación del ejercicio fiscal 2021. La asignación será de 102,720.80 millones de pesos.

El Ramo 38 CONACYT presentó una variación positiva en términos nominales con respecto a los recursos fiscales considerados en el Presupuesto de Egresos de la Federación para el ejercicio fiscal 2020. En ese ramo se presenta una diferencia porcentual de 3.73%, pasando de 29,203 a 30,291 millones de pesos.

- [PROYECTO DE PRESUPUESTO DE EGRESOS DE LA FEDERACIÓN PARA EL EJERCICIO FISCAL 2021](#)

Educación

La UNICEF indica que la a educación es un derecho básico de todos los niños, niñas y adolescentes, que les proporciona habilidades y conocimientos necesarios para desarrollarse como adultos y además les da herramientas para conocer y ejercer sus otros derechos.

En México, más 4 millones de niños, niñas y adolescentes no asisten a la escuela¹, mientras que 600 mil más están en riesgo de dejarla por diversos factores como la falta de recursos, la lejanía de las escuelas y la violencia. Además, los niños y niñas que sí van a la escuela tienen un aprovechamiento bajo de los contenidos impartidos en la educación básica obligatoria.

Aquellos que viven en comunidades indígenas o hablan una lengua indígena como lengua materna están particularmente en riesgo de no ir a la escuela o de tener un bajo aprovechamiento.

Indicadores nacionales

Consejo Nacional de Evaluación de la Política de Desarrollo Social (CONEVAL)

De acuerdo con el [Informe de Evaluación de la Política de Desarrollo Social 2020](#) del Consejo Nacional de Evaluación de la Política de Desarrollo Social (CONEVAL), apenas 21.9 por ciento de la población vive en condiciones de no pobreza y no vulnerabilidad social. Esto significa que en este año 2021, 8 de cada 10 mexicanos tendrá algún déficit en términos de ingresos, salud, vivienda o **educación**.

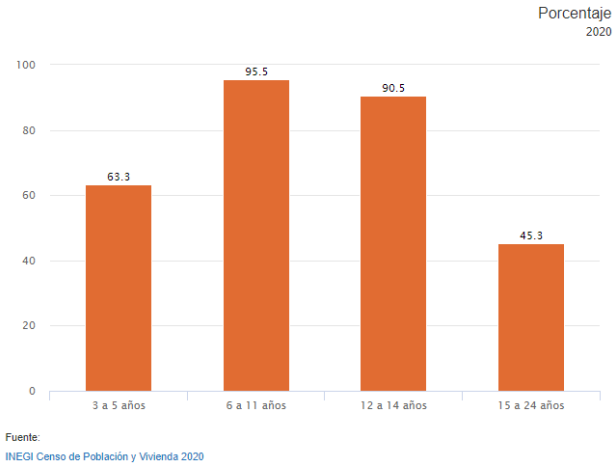
Indicadores	Porcentaje						Millones de personas					
	2008	2010	2012	2014	2016	2018	2008	2010	2012	2014	2016	2018
Población												
En pobreza	44.4	46.1	45.5	46.2	43.6	41.9	49.5	52.8	53.3	55.3	53.4	52.4
En pobreza moderada	33.3	34.8	35.7	36.6	35.9	34.5	37.2	39.8	41.8	43.9	44	43.1
En pobreza extrema	11.0	11.3	9.8	9.5	7.6	7.4	12.3	13.0	11.5	11.4	9.4	9.3
Vulnerable por carencias sociales	32.3	28.1	28.6	26.3	26.8	29.3	36	32.1	33.5	31.5	32.9	36.7
Vulnerable por ingresos	4.7	5.9	6.2	7.1	7.0	6.9	5.2	6.7	7.2	8.5	8.6	8.6
No pobre y no vulnerable	18.7	19.9	19.8	20.5	22.6	21.9	20.9	22.8	23.2	24.6	27.8	27.4

Fuente: Elaboración del CONEVAL con base en el MCS-ENIGH (2008, 2010, 2012, 2014) y el MEC del MCS-ENIGH (2016 y 2018) reportado por el INEGI.

Porcentaje y millones de personas por indicador de pobreza, México, 2008-2018 (CONEVAL. 2020)

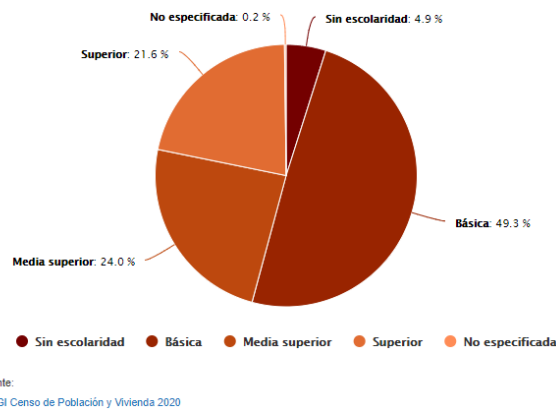
Instituto Nacional de Estadística y Geografía (INEGI)

Por su parte el Instituto Nacional de Estadística y Geografía (INEGI), ofrece información en el Censo de Población y Vivienda 2020, relevante sobre la educación, como el porcentaje de la población de 3 a 24 años que asiste a la escuela (total 47, 220,015), donde el rango de edad de 15 a 24 (21, 390,666.8) años representa un 45.3% del total de ese rango de edades.



Porcentaje de la población de 3 a 24 años que asiste a la escuela por grupo de edad (INEGI, 2020)

El porcentaje de la población de 15 a 85 años (total 93, 985,354) con nivel educativo superior representa un 21.6% (20, 286,950) del total de ese rango de edades. Los informes no especifican si la educación es en instituciones de educación pública o privada.



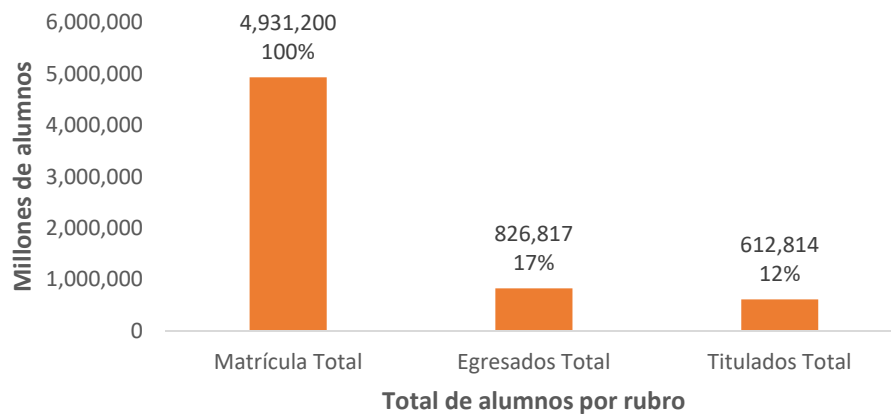
Porcentaje de la población de 15 años y más según nivel educativo (INEGI, 2020)

El porcentaje de la población de 15 años a 24 años (total 21,228,785) con nivel educativo superior representa un 18.82% (total 3,818,420) del total de ese rango de edades.

Asociación Nacional de Universidades e Instituciones de Educación Superior (ANUIES)

Por otro lado la Asociación Nacional de Universidades e Instituciones de Educación Superior (ANUIES) en sus Anuarios Estadísticos de Educación Superior del ciclo escolar 2019-2020, indica que la matrícula total de **nivel educativo superior** fue de 4,931,200 alumnos, en instituciones de educación pública y privada; 826,617 alumnos egresan, cantidad que representa el 17% del total y 612,814 alumnos se titulan, cantidad que representa el 12% del total.

Educación a nivel superior instituciones de educación pública y privada



Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM)

La UNAM en su portal de Estadística Universitaria en el ciclo 2019-2020, indica que la matrícula de alumnos fue la siguiente:

360,883 alumnos en el ciclo escolar 2019-2020

- 30,634 en posgrado
- 217,808 en licenciatura
- 111,569 en bachillerato
- 872 en propedéutico de la Facultad de Música

367,244 alumnos en el ciclo escolar 2020-2021

- 31,028 en posgrado
- 226,653 en licenciatura
- 108,802 en bachillerato
- 733 en propedéutico de la Facultad de Música

Indicadores internacionales

Organización para la Cooperación y el Desarrollo Económicos (OCDE)

De acuerdo a la OCDE, en el año 2019, en México acceder a la educación superior aún es un reto, pues solo el 24% de los personas de entre 25 y 34 años logran tener un título de estudios universitarios.

Esto coloca al país en los últimos lugares con la proporción más baja entre los países de la OCDE, cuyo promedio es de 45%, según el estudio Panorama de la Educación 2020 de la OCDE.

Algunos países que están por debajo de México son Brasil (21%), India (13%), Indonesia (12%), China (8%), y Sudáfrica (5%).

El estudio detalla que solo 1% de los mexicanos de ese rango de edad tienen una maestría o equivalente, mientras que menos del 1% tienen un doctorado.

Esto contrasta con países como Rusia, donde los niveles educativos mayores a la universidad son de 32%; en Luxemburgo, Polonia es de 30%; Suiza de 22%.

En el 2019, el 49% de los jóvenes de 25 a 34 años y el 71% de personas entre los 55 y 64 años sólo contaba con educación por abajo de media superior.

La OCDE destaca que el nivel educativo tiene una relación directa con el empleo, pues entre mayor sea el nivel educativo, la tasa para encontrar un trabajo aumenta.

Ciencia y tecnología

Aquí se debe hacer una diferenciación entre la Ciencia y la Tecnología (CT) y las Tecnologías de la Información y Comunicaciones (TICs). La CT hace uso de las TICs, como insumos o herramientas, ya que el enfoque de estas últimas en México, está orientado de manera general a hogares con computadora, hogares con conexión a Internet, hogares con televisión y señal digital, usuarios de computadora, usuarios de Internet, usuarios de Internet: población rural y urbana, usuarios con teléfono celular, usuarios con teléfono celular: población rural y urbana, usuarios de Internet móvil, usuarios de Internet móvil: población rural y urbana, etc., tema por demás interesante y que requiere ser revisado por separado.

Ahora bien la Ciencia y la Tecnología gira en torno a científicos y tecnólogos muy destacados; institutos, universidades y centros de investigación que han hecho contribuciones fundamentales al conocimiento, con trabajos que contribuyen a incrementar la capacidad del país en áreas de promoción, desarrollo tecnológico y vinculación de la ciencia asociados a la actualización y mejoramiento de la calidad de la educación.

Veamos cómo está conformado la estructura del Anexo 12 Programa Especial de Ciencia, Tecnología e Innovación en México: el cual está compuesto de 15 ramos, cada uno con una o más Unidades Responsables, aquí se muestran dos de los ramos que están relacionados con este proyecto de revisión: Ramo 11 Educación y Ramo 38 Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología, esto para dar una idea de cómo se reparte el presupuesto en la CTI y poder vislumbrar lo que puede suceder, si no se invierte en ella.

ANEXO 12. PROGRAMA DE CIENCIA, TECNOLOGÍA E INNOVACIÓN

Ramo	Unidad Responsable
11	Educación Pública
511	Dirección General de Educación Superior Universitaria
514	Coordinación General de Universidades Tecnológicas y Politécnicas
600	Subsecretaría de Educación Media Superior
611	Unidad de Educación Media Superior Tecnológica Industrial y de Servicios
A00	Universidad Pedagógica Nacional
A2M	Universidad Autónoma Metropolitana
A3Q	Universidad Nacional Autónoma de México
B00	Instituto Politécnico Nacional
K00	Universidad Abierta y a Distancia de México
L3P	Centro de Enseñanza Técnica Industrial
L4J	Centro de Investigación y de Estudios Avanzados del Instituto Politécnico Nacional
L6H	Comisión de Operación y Fomento de Actividades Académicas del Instituto Politécnico Nacional

L8K	El Colegio de México, A.C.
M00	Tecnológico Nacional de México
MEY	Organismo Coordinador de las Universidades para el Bienestar Benito Juárez García
MGH	Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro

Ramo	Unidad Responsable
38	Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología
90A	Centro de Investigación en Ciencias de Información Geoespacial, A.C.
90C	Centro de Investigación en Matemáticas, A.C.
90E	Centro de Investigación en Materiales Avanzados, S.C.
90G	CIATEC, A.C. "Centro de Innovación Aplicada en Tecnologías Competitivas"
90I	Centro de Investigación y Asistencia en Tecnología y Diseño el Estado de Jalisco, A.C.
90K	Centro de Investigación y Desarrollo Tecnológico en Electroquímica, S.C.
90M	Centro de Investigación y Docencia Económicas, A.C.
90O	Centro de Investigaciones Biológicas del Noroeste, S.C.
90Q	Centro de Investigación Científica de Yucatán, A.C.
90S	Centro de Investigaciones en Óptica, A.C.
90U	Centro de Investigación en Química Aplicada
90W	Centro de Investigaciones y Estudios Superiores en Antropología Social
90X	Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología
90Y	CIATEQ, A.C. Centro de Tecnología Avanzada
91A	Corporación Mexicana de Investigación en Materiales, S.A. de C.V.
91C	El Colegio de la Frontera Norte, A.C.
91E	El Colegio de la Frontera Sur
91I	El Colegio de Michoacán, A.C.
91K	El Colegio de San Luis, A.C.
91M	INFOTEC Centro de Investigación e Innovación en Tecnologías de la Información y Comunicación
91O	Fondo para el Desarrollo de Recursos Humanos
91Q	Instituto de Ecología, A.C.
91S	Instituto de Investigaciones "Dr. José María Luis Mora"
91U	Instituto Nacional de Astrofísica, Óptica y Electrónica
91W	Instituto Potosino de Investigación Científica y Tecnológica, A.C.
92U	Centro de Ingeniería y Desarrollo Industrial
92W	Centro de Investigación Científica y de Educación Superior de Ensenada, Baja California
92Y	Centro de Investigación en Alimentación y Desarrollo, A.C.

Ya se han revisado algunas iniciativas en lo que respecta a la Ciencia y la tecnología como GBIF nodo México, el Laboratorio Nacional de Genómica para la Biodiversidad, la Red de Apoyo a la Investigación, el Colegio de Posgraduados, pero continua el reto, así que la incorporación de tecnologías revolucionarias serán claves, como la Inteligencia Artificial (Artificial intelligence) y el Aprendizaje Automático (Machine Learning).

El Imperial College London – EMBL EBI, en noviembre del año 2020, en su conferencia “**Enzymes, evolution and disease: 50 years of bioinformatics**”, tuvo la participación de Benny Chain Profesor de Biología Celular y Molecular con Área de investigación en Inmunología computacional., hijo de Ernst Boris Chain (19 de junio de 1906 - 12 de agosto

de 1979), quien junto a Howard Florey y Alexander Fleming, llegaron a descubrir la acción terapéutica de la penicilina y su composición química, recibiendo el Premio Nobel en 1945 por su investigación. Benny en la conferencia da un mensaje por demás interesante sobre, cómo enfrentar las barreras entre sectores, como el de la industria farmacéutica y la academia de la bioquímica, que son un obstáculo para el progreso y que generan fronteras interdisciplinarias también, por lo que trabajar en las fronteras donde hay conflicto, pueden ser el motor para generar logros realmente extraordinarios.

“Para los Bioquímicos y los biólogos a finales de la segunda mitad del siglo XX, la gran frontera estaba entre la química y la biología. Ahora esa frontera se ha desplazado y la verdadera frontera se encuentra entre la biología, las matemáticas y la física”.

La ponente de la conferencia [Janet Thornton \(2020\)](#), es considerada una de las pioneras en la Bioinformática, por sus contribuciones a la comprensión de las estructuras tridimensionales de las proteínas, aportando novedosos métodos computacionales para su visualización y análisis a nivel molecular, dentro de su exposición, comento los siguientes puntos relevantes:

“La bioinformática es la ciencia que analiza, gestiona, almacena y comparte la información biológica - La bioinformática se encuentra en el corazón de la Nueva Biología”

“Las nuevas tecnologías generan nuevos datos y nuevos "sabores" de la bioinformática - Cada nuevo tipo de datos requiere un nuevo recurso, que implica nuevas ontologías, nuevas herramientas para acceder y visualizar los datos y nuevos algoritmos para interpretar los datos y proporcionar conocimientos biológicos”.

¿Qué impacto ha tenido la bioinformática hasta ahora?

IMPACTO hasta la fecha:

- En el uso de datos
- En la Biología
- En la Agricultura
- En la Medicina
- COVID-19

Finalmente retomaremos la sección EL FUTURO de la Bioinformática de la conferencia “Enzymes, evolution and disease: 50 years of bioinformatics”:

“Janet Thornton (2020) comenta, Creo que a nivel molecular tenemos los datos moleculares relativamente bajo control, pero acabamos de empezar con los datos de la biología celular, los datos de los tejidos, los datos de la biología del organismo y si pensamos en los organismos, los museos de historia natural de todo el mundo, pero especialmente el museo de historia natural del Reino Unido, están trabajando para digitalizar todos los datos de las muestras de todos los organismos y muestras que tienen dentro del museo y, por supuesto, tenemos que mirar no sólo a los organismos, sino a todo el entorno, por lo que vamos a tener que construir estos modelos que realmente están en la interfaz de la IA, será importante la

Inteligencia Artificial (Artificial intelligence) y el **Aprendizaje Automático** (Machine Learning), pero no es muy difícil ir de lo molecular a lo molecular, de una molécula a un organismo, hay muchas capas diferentes, y creo que necesitaremos muchos tipos diferentes de modelos, por lo que preveo que habrá aún más recursos de datos, Estos son solo el medio para un fin, son sólo una manera de reunir y organizar los datos para que podamos utilizar las herramientas de bioinformática para entender lo que está pasando para mejorar nuestra comprensión de la evolución”.

Por otro lado, el pasado mes de febrero de 2020, se anunció la inversión, de **Microsoft** de mil cien millones de dólares en **México** durante los próximos cinco años. Esta inversión es parte del plan “Innovar Por México”, que tiene como principal objetivo contribuir con el desarrollo del país, basado en **tres pilares**: acelerar la transformación digital de México a través de la democratización del acceso a la tecnología, habilidades para el futuro y creación de impacto social.

Una de las iniciativas importantes de dicho plan es una nueva región de centros de datos de Nube en México que proveerá servicios inteligentes, escalables, seguros, confiables y con alta disponibilidad, con la opción de residencia de datos dentro del país. Este centro de datos local servirá a instituciones públicas, así como, grandes, pequeñas y medianas empresas de sector público y privado, startups y desarrolladores; para acelerar el viaje de transformación digital de las mismas.

El segundo pilar del plan está enfocado en el desarrollo de habilidades para el futuro, con el objetivo de desarrollar habilidades en nuevas tecnologías para jóvenes estudiantes que puedan contribuir a tener mejores oportunidades de empleo. La primera iniciativa es la implementación de tres laboratorios físicos con tecnología de vanguardia en universidades seleccionadas por el Secretaría de Educación, en el norte, centro y sur del país, para así dar disponibilidad de propuestas actualizadas de entrenamiento a maestros, investigadores y estudiantes de alto nivel. Adicional a estos laboratorios, Microsoft trabajará con universidades públicas para implementar un sistema virtual de aprendizaje de alto impacto, en México, que será la base de una propuesta educativa que permitirá amplificar la innovación generada en los laboratorios buscando impactar a miles de jóvenes en el país a mejorar sus oportunidades de empleo en el futuro.

Como parte del compromiso para aplicar la Inteligencia Artificial para crear impacto social, se ha llevado a cabo la inversión en el primer proyecto de Inteligencia Artificial para el monitoreo de tiburones pelágicos en el Océano Pacífico mexicano. Este proyecto, liderado por la organización ambiental mexicana [México Azul](#) junto con estudiantes de la Universidad La Salle, recibirá un financiamiento para la creación de un software de código abierto que identificará fotográficamente a tiburones individuales de 4 especies pelágicas vulnerables utilizando tecnologías de Inteligencia Artificial y Machine Learning, generando procesos más eficientes que ayudarán a estimar parámetros de población y resultando en mejores políticas de conservación marina. Esta inversión inicial forma parte de la iniciativa [AI for Earth](#).

SOFTWARE CUENTA TIBURONES

#MAKOID

DESARROLLO DE UNA APLICACIÓN PARA LA IDENTIFICACIÓN Y CONTEO DE TIBURONES A TRAVÉS DE FOTOGRAFÍA.

Beneficios

- Implicar a estudiantes de ingeniería en sistemas en proyectos de conservación marina.
- Generar una base de datos global sobre avistamientos turísticos de tiburones pelágicos.
- Identificar las zonas prioritarias de conservación para estas especies.

Objetivos

- Aplicar nuevas tecnologías para la investigación científica de tiburones.
- Identificar individualmente a los tiburones avistados en Cabo San Lucas.
- Estimar datos poblacionales a través de foto-identificación de las 4 especies de tiburón en Cabo, especialmente el tiburón mako.

Educación Continua

Y como hacer frente a la aplicación o uso de tecnologías revolucionarias claves, como la Inteligencia Artificial (Artificial intelligence) y el Aprendizaje Automático (Machine Learning), la respuesta es, a través de la Educación Continua. La EC es una oferta educativa de actualización y especialización abierta a todo el público, tanto a personas como a organizaciones que requieren de programas académicos de la más alta calidad y alineados con las necesidades del mundo de hoy.

Hay opciones educativas de calidad, con una perspectiva humanista de compromiso y responsabilidad con el mundo, con enfoque global y la búsqueda de beneficiar positivamente a las comunidades, principalmente las profesionales.

Tipos de educación continua:

Cursos, Congresos, Paneles de expertos, Foros, Simposios, Mesas redondas, Seminarios, Conferencias, Coloquios, Sesiones académicas, Talleres, Diplomados, Video conferencias, Jornadas.

Aquí se muestran varias ligas de acceso a Educación Continua en el mundo:

- **Barcelona Supercomputing Center – Centro Nacional de Supercomputación**
<https://www.bsc.es/es/educacion>
- **Universidad de Barcelona**
<https://www.ub.edu/web/portal/es/aprende/formacion-continuada/>
- **EMBL-EBI**
<https://www.ebi.ac.uk/training/>
- **Elixir**
<https://elixir-europe.org/platforms/training>

- **The University of Edinburgh**
<https://www.ed.ac.uk/studying>
<https://www.onlinecourses.ed.ac.uk/>
- **Oak Ridge National Laboratory**
<https://www.olcf.ornl.gov/for-users/training/>
- **Educational portal of Protein Data Bank**
<http://pdb101.rcsb.org/learn/paper-models>
- **UC Davis Bioinformatics Core**
<https://bioinformatics.ucdavis.edu/training>
- **Red de Apoyo a la investigación (RAI)**
<http://rai.unam.mx/pages/i-cursos.html>
- **Red Mexicana de Bioinformática**
<https://www.redmexicanadebioinformatica.org/category/eventos-es/>
- **Microsoft**
<https://www.microsoft.com/es-mx/ai/innovation-in-health>

Como epílogo de esta sección, debemos considerar lo siguiente, para vislumbrar los puntos de impulso y áreas de oportunidad y mejora que apoyaran principalmente a la **Biología computacional** como una generadora de I+D+I en el país, iniciemos comentando que la búsqueda de conocimiento que ha impulsado al hombre, a llevar a cabo los procesos de transformación económica, social y tecnológica, a estos procesos de transformación se les ha nombrado revolución industrial. De acuerdo a la tendencia mundial actual, marcada por la convergencia de tecnologías digitales, físicas y biológicas, los economistas indican, que esta es la cuarta revolución industrial (4RI).

Los descubrimientos científicos, a través de las ciencias dan lugar a nuevas tecnologías, basadas en parte en la digitalización y las tecnologías informáticas. Klaus Schwab indica que donde ocurrirá el mayor avance en esta 4RI, será en la física, la informática y la biología. La nueva biología como revisamos está basada en su parte medular (corazón) en el uso de herramientas informáticas, también está el caso que la informática utiliza elementos de la naturaleza para procesar y almacenar información.

Ahora bien, de la Computación Biológica podemos comentar que se basa, en una interesante máquina de computación universal programable (ordenador biológico), que de acuerdo con la concepción de Alan Turing no es un objeto sino un ser humano. A finales de los años 90s, se expuso que esa maravillosa máquina podía ser un Ribosoma, dispositivo que utiliza moléculas de RNA como señal de entrada y proteínas como señal de salida; hubo propuestas hipotéticas de la máquina de Turing, una en 1982 por Charles Bennett de IBM, en 1994 por Leonard M. Adleman y en 1999 por Shapiros; ya en el año 2003 su pudo tener un ordenador autónomo y programable. El desarrollo de este increíble ordenador, sin cables eléctricos, transistores o puertas lógicas, no ha sido sencillo, pero es una meta que no tardará en llegar, esto no quiere decir que las moléculas vayan a sustituir a las máquinas electrónicas en todas las tareas informáticas, por lo que aún falta tiempo para que estas computadoras salgan de los laboratorios y puedan marcar una tendencia, por lo que estos ordenadores aún permanecerán en los laboratorios por tiempo indefinido.

La financiación juega un papel muy importante, los recursos económicos principalmente llegan por medio de los gobiernos de cada país y en algunos casos de la iniciativa privada. Afortunadamente el interés sobre la I+D crece, debido a lo que puede ofrecer y a la resolución de problemas que puede resolver. El mercado global de la biología

computacional se valoró en \$3,500 millones de dólares en 2019 y se espera que alcance los \$4.300 millones de dólares en 2020, y se espera que alcance los \$12,100 mil millones de dólares para el año 2026, a una tasa compuesta anual del 19.2%, grandioso y alentador el panorama.

Pero esta epifanía comienza a tener sus claros y oscuros en México, ya que a nivel nacional no enfrenta un buen panorama o pronóstico para el año 2021.

En primera instancia la economía, de acuerdo a los economistas tendrá un ligero crecimiento en el país en el año 2021, ya que el PIB crecerá un 3.8%, pero no será suficiente para compensar los desequilibrios de los años anteriores y los causados por la pandemia de salud, más la estrategia económica que sigue el actual gobierno que no contempla una inversión en estrategias de alta tecnología y generación de energía a bajo costo, educación de calidad, incentivos a la inversión privada y a la innovación, al capital físico o infraestructura, entre otros, lo que dará como resultado un débil crecimiento económico en los próximos años.

Esto se contrapone a que México se encuentre bien económicamente y mejore el PIB per cápita, ya que habrá afectaciones en el Capital físico y el Capital humano, tampoco habrá una mejora en la educación-capacitación, ni en el progreso tecnológico; se continuara teniendo el salario promedio más bajo del mundo, el gasto público en Educación, será de 3.3% lejos del promedio de la OCDE que es del 6.0% y en Ciencia, Tecnología e Innovación, será del 0.2%, lejos de la meta nacional del 1.0% y aún más lejos de los países llamados desarrollados que asignan el 5.0% de su PIB.

En la educación es necesario demandar un cambio como sociedad para que no continúe siendo idealizada y sea utilizada como moneda de cambio por el poder político y económico, sino una oportunidad para comprometerse con la formación, por lo que atañe a esta revisión principalmente con los jóvenes, mejorando las oportunidades sociales, para un mejor futuro nacional. La pandemia se sumó a las insuficiencias estructurales del sistema educativo, dejando a la luz problemas de **vulnerabilidad social**, educativos y digitales de la sociedad. La educación basada en las TICs o tecnologías digitales, surgió como una respuesta a la emergencia sanitaria, pero además de su comparación contra la educación “tradicional (con sus inercias pedagógicas y su falta de apego a la tecnología)”, no tuvo el alcance esperado; dejando de manifiesto en el año 2020 las dimensiones de la brecha social y digital de los mexicanos y se pudo observar como los estudiantes y sus familias tuvieron que “gastar” en equipamiento, conectividad, material documental y espacios físicos para el estudio, ojo con las implicaciones que esta conlleva como la falta de lazos afectivos, colaborativos y de socialización.

En la educación superior se hizo notar el predominio del software propietario (Zoom, Google, YouTube) por encima de las opciones libres. Por lo que hemos permitido que estas plataformas incursionen en nuestros espacios personales e institucionales, dándoles una gran oportunidad de que tengan acceso a nuestros datos personales y puedan hacer uso de ellos como un artículo mercantil (empresa-cliente). Por todo esto es importante analizar si la educación digital y la presencial, con sus fortalezas y debilidades cada una de ellas, pueden ser orientadas hacia un fin compartido y que la educación digital no se vea con más

potencial para una renovación educativa, por lo que es urgente fortalecer y renovar la modalidad presencial a la que habremos de regresar en el mediano plazo. Finalmente, si pensamos en una educación bajo un criterio de justicia social y exigencia académica. Es necesario contar con instalaciones educativas seguras, equipadas, conectadas, preparadas para contingencias y situaciones calamitosas. Asimismo, deben hacerse los ajustes curriculares que permitan la plena incorporación de las modalidades digitales. Y, finalmente, ha de emprenderse un sólido programa de formación en el que maestras y maestros puedan adquirir las herramientas didácticas –presenciales y digitales– para contribuir a la educación de la juventud mexicana, todo basado en un esfuerzo en conjunto de la sociedad, instituciones educativas, el gobierno y de ser posible de la iniciativa privada.

Por otro lado la Ciencia y Tecnología está lejos de alcanzar el 1% deseado, ya que para el año 2021 solo se destinara el 0.2% del PIB, al contrario de los países llamados desarrollados que destinan alrededor del 5% de su PIB a esta actividad. La ciencia, la tecnología y la innovación (CTI) en México históricamente han estado en crisis por la deficiencia institucional y gubernamental que soporta la CTI, esta condición se ha notado más con las acciones que ha llevado a cabo la máxima entidad en CTI en México CONACyT:

- Cancelación de recursos económicos al Foro Consultivo Científico y Tecnológico
- Extinción de 65 fideicomisos en ciencia, la eliminación de los incentivos económicos a los investigadores de universidades privadas afiliados al Sistema Nacional de Investigadores
- El señalamiento de la iniciativa privada como corrupta en el manejo de fondos de I+D, así como los incipientes mensajes de politización de la ciencia.

Así que el éxito de la CTI de un país es el cúmulo del esfuerzo de diferentes actores, como lo son la iniciativa privada, el gobierno, las instituciones académicas y la sociedad civil. Invertir en la CTI es urgente en México, pero si la Federación mantiene una política presupuestalmente restrictiva en materia de ciencia y tecnología, el potencial de nuestro capital humano se ve acotado debido a la falta de condiciones para su desarrollo. La pandemia generada por el Covid-19, ha evidenciado como nunca en México la urgencia de invertir en ciencia y tecnología, pues es el conocimiento científico y el desarrollo de tecnologías que es lo permite que, en momentos como estos miles de vidas puedan ser salvadas.

Conclusiones

A lo largo de esta revisión, se ha comentado su significado, sus áreas de competencia o acción y se han visto las iniciativas más representativas (Centros Nacionales, Bancos de material genético, Universidades, Laboratorios, Redes, Colegios), de la **Biología Computacional** o **Bioinformática**, pero ¿porque es importante?, como ya vimos la investigación depende del acceso a grandes volúmenes de datos de diferentes tipos, que abarcan genes, proteínas y el comportamiento de otras moléculas. También hace uso de métodos revolucionarios como la secuenciación de ADN, la experimentación en las ciencias de la vida genera también muchos datos, lo cual es bueno para la investigación, pero representa otros retos; la cantidad de datos producidos se multiplican más rápido que la capacidad de almacenamiento y procesamiento de los ordenadores y este ritmo va en aumento. La bioinformática permite recopilar, almacenar y añadir valor a esos datos para que los investigadores de muchos campos puedan recuperarlos y analizarlos eficazmente.

Es fácil pensar que los datos generados en experimentos financiados con fondos públicos se almacenarán, gestionarán y mantendrán a libre disposición de los investigadores para su consulta, por tiempo indeterminado, lo cual no es así ya que la I+D+I en el país no ha alcanzado la madurez como otras partes del mundo, donde hay bases de datos disponibles a cualquier investigador que requiera consultarlas; esto sin considerar los costos asociados al mantenimiento de la infraestructura donde se depositaran los datos.

La investigación biológica mediante la bioinformática tiene múltiples aplicaciones y permitirá la resolución de problemas diversos como: la producción de alimento suficiente mediante plantas resistentes a sequía, salinidad o plagas. En el área de la salud se podrán diagnosticar y diseñar fármacos, contra el cáncer o patógenos (bacterias o virus), más eficaces y en menor tiempo. El monitoreo de especies mediante código de barras (secciones cortas de ADN), permitirá el monitoreo e identificación de las especies en peligro de extinción o el mantenimiento de los recursos naturales mediante el control de plagas y el etiquetado de los alimentos.

La financiación definitivamente (gubernamental o privada) es un motor fundamental de impulso de la I+D, esta inversión beneficia directamente la Biología computacional, impulsando el aumento de su valor en el mercado.

México no enfrenta un buen panorama para el año 2021. Económicamente el país tiene un desequilibrio que viene de años anteriores, a esto se suma el de la pandemia, más la estrategia del actual gobierno que no contempla la inversión en la Ciencia, la Tecnología y la Innovación (CTI) afectando directamente la I+D+I, lo que resultara en un débil crecimiento tanto del país, como del bienestar en el nivel de vida de cada persona, dejando lejos a México de los promedios de inversión de los llamados países desarrollados.

La educación sin duda alguna, pilar para el desarrollo de un país y la ciencia y la tecnología, no están exentas de las problemáticas que enfrenta la economía, aunque con sus propias áreas de oportunidad como ya se revisó, pero el cambio que se puede dar para mejorarlas está basado en un esfuerzo en conjunto de la sociedad, instituciones educativas, el gobierno y de ser posible de la iniciativa privada.

En el país también, es necesario contar con una política científica y tecnológica que fomente la creación de nuevos productos y servicios y el registro de un mayor número de patentes nacionales, dirigidos a cubrir las necesidades específicas de la sociedad y del sector empresarial mexicano, en donde también las universidades y centros de innovación se beneficien aumentando su nivel de ingresos derivados de la comercialización y adjudicación de patentes. Aquí los retos:

- Diseñar mecanismos para facilitar e incentivar la transferencia de tecnología de la academia a los sectores productivo y social
- Crear las condiciones propicias y lineamientos para que los investigadores emprendan sus propias empresas, con base en los desarrollos tecnológicos que han generado
- Dar mayor apoyo a Pymes para que se inserten en programas de investigación y desarrollo tecnológico
- Promover y facilitar el uso compartido de infraestructura de investigación entre instituciones de una misma región geográfica
- Ampliar el número de científicos con la integración de investigadores jóvenes, esto implica la identificación de vocaciones científicas en edades tempranas para su asociación con grupos de investigadores
- Establecimiento de esquemas de apoyo financiero enfocado a la ciencia y la tecnología, para acciones de fomento de sectores rezagados
- Incentivar a los investigadores mexicanos a no sólo producir publicaciones, sino también generar, registrar y colocar patentes para uso en la industria y en la sociedad

El cambio hacia una economía basada en la CTI requerirá de un proceso gradual y de todos los organismos involucrados. El problema es que el momento para iniciar ya se dio y como país vamos tarde hacia el cambio. La pandemia de COVID-19 podría proveer el impulso necesario para reconocer el impacto de la CTI en el bienestar económico y social de país. Más allá de la necesidad de un esfuerzo conjunto entre los involucrados en la CTI, lo cual es una condicionante, éstos deben estar conscientes de sus roles y responsabilidades. Al final, un cambio de mentalidad hacia la innovación y el emprendimiento serán esenciales.

Glosario

A

Alelos: Un alelo es cada una de las dos o más versiones de un gen. Un individuo hereda dos alelos para cada gen, uno del padre y el otro de la madre (NIH, 2020).

API: Application Programming Interface. El concepto hace referencia a los procesos, las funciones y los métodos que brinda una determinada biblioteca de programación a modo de capa de abstracción para que sea empleada por otro programa informático (Definición De, 2020).

C

CAPES: Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior. Órgano del Gobierno Federal de Brasil, vinculado al Ministerio de Educación. CAPES es una Fundación del Ministerio de Educación de Brasil cuyo objetivo central es coordinar los esfuerzos para mejorar la calidad del profesorado y el personal de la enseñanza superior de Brasil a través de programas de becas (iie, 2020).

ChiP-Seq: Análisis de ChiP-Seq (chromatin immunoprecipitation sequencing) El ChiP-Seq es un tipo especial de secuenciación que busca encontrar los sitios de unión a proteínas u otras sustancias en el DNA. En lugar de leerse y secuenciarse todo el genoma u exoma, se centra en secuenciar determinadas zonas de éste (Helix Bios, 2020).

Ciernes: Ciernes significa que algo está 'en fase de elaboración o de formación, o sin haber madurado': El negocio está en ciernes, apenas estamos buscando socios. Ciernes proviene del verbo cerner. Por su parte, este viene del latín cernere, que significa 'separar' (AML, 2020).

COLCIENCIAS: Es la entidad pública en Colombia que lidera, orienta y coordina la política nacional de Ciencia, Tecnología e Innovación, y el Sistema Nacional de Ciencia, Tecnología e Innovación para generar e integrar el conocimiento al desarrollo social, económico, cultural y territorial del país (COLCIENCIAS, 2020).

Concepto 5: Grado máximo para programas que solo ofrecen máster (Maestría) (UTP, 2017).

Creative Commons: Todas las licencias de Creative Commons tienen muchas características importantes en común. Cada licencia ayuda a los creadores - a los que llamamos licenciadores al utilizar las herramientas - a retener los derechos de propiedad intelectual al mismo tiempo permiten a otros copiar, distribuir y hacer algunos usos de su obra - al menos para finalidades no comerciales (CC, 2020).

B

Betalactamasa: Es una enzima producida por algunas bacterias y es responsable de la resistencia de éstas ante la acción de antibióticos betalactámicos como las penicilinas, las cefalosporinas, monobactámicos y carbapenémicos (Abarca, Herrera, 2001).

Big Data: La definición de Gartner, de 2001 (y que continúa siendo la definición de referencia): Big data son datos que contienen una mayor variedad y que se presentan en volúmenes crecientes y a una velocidad superior. Esto se conoce como "las tres V": Volumen, Velocidad, Variedad (Oracle, 2020).

Biología sintética: Combina la biología molecular y la biología de sistemas con principios de ingeniería para el diseño de sistemas biológicos y biofábricas. El objetivo es crear mejores funciones biológicas para superar los desafíos actuales y futuros (TS, 2020).

BLAST: La herramienta de búsqueda de alineación local básica (del inglés BLAST - Basic Local Alignment Search Tool) encuentra regiones de similitud local entre secuencias. El programa compara secuencias de nucleótidos o proteínas con bases de datos de secuencias y calcula la significación estadística de las coincidencias. BLAST se puede utilizar para inferir relaciones funcionales y evolutivas entre secuencias, así como para ayudar a identificar miembros de familias de genes (NIH, 2020).

D

Darwin Core: es un estándar. Incluye un glosario de términos destinados a facilitar el intercambio de información sobre la diversidad biológica proporcionando identificadores, etiquetas y definiciones. Darwin Core se basa principalmente en taxones, su presencia en la naturaleza como se documenta mediante observaciones, especímenes, muestras e información relacionada (TDWG, 2020).

E

Epigenéticas: Un estudio de asociación de genoma completo (GWAS por sus siglas en inglés) es un enfoque utilizado en la investigación genética para asociar variaciones genéticas específicas con ciertas enfermedades (NIH, 2020).

Exascale: La computación a exaescala se refiere a la capacidad de realizar mil millones de operaciones (un quintillón) por segundo. El prefijo griego "exa" significa 1.000 multiplicado por sí mismo 6 veces. Exascale se denota como 10^{18} , o como 1 seguido de 18 ceros (ECP, 2020).

G

Genotipado: Por genotipado se entiende el proceso de determinación del genotipo de un individuo mediante una prueba biológica. Entre los métodos con los que se cuenta actualmente para efectuarlo están la PCR, Secuenciación de ADN, sondas ASO e hibridación en Micromatrices de ADN o esferas y basado en secuencias (SBG) (Química, 2020).

GWAS: Un estudio de asociación de genoma completo (GWAS por sus siglas en inglés) es un enfoque utilizado en la investigación genética para asociar variaciones genéticas específicas con ciertas enfermedades (NIH, 2020).

I

IA: En informática, el término **inteligencia artificial** (IA) se refiere a cualquier inteligencia parecida a la humana mostrada por un ordenador, robot u otra máquina. En el uso popular, la inteligencia artificial se refiere a la capacidad de un ordenador o máquina para imitar las capacidades de la mente humana -aprender de los ejemplos y la experiencia, reconocer objetos, entender y responder al lenguaje, tomar decisiones, resolver problemas- y combinar estas y otras capacidades para realizar funciones que un humano podría llevar a cabo, como recibir a un huésped de un hotel o conducir un coche (IBM, 2020).

I+D: Símbolo de Investigación y Desarrollo, que se aplica a los departamentos de investigación públicos o privados encaminados al desarrollo de nuevos productos o la mejora de los existentes por medio de la investigación científica.

Intergubernamental: adj. Que afecta a varios Gobiernos o se desarrolla entre ellos (RAE, 2020b).

L

La Generalidad de Cataluña (en catalán Generalitat de Catalunya, en aranés Generalitat de Catalonha): es el sistema institucional en que se organiza políticamente la comunidad autónoma española de Cataluña. Está formada por el Parlamento, el Consejo Ejecutivo o Gobierno, la

F

Fastq: El formato FASTQ es un formato basado en texto para almacenar tanto una secuencia biológica (generalmente secuencia de nucleótidos) como sus puntuaciones de calidad correspondientes. Tanto la letra de secuencia como la puntuación de calidad están codificadas con un único carácter ASCII para mayor brevedad.

Filogenómica: Puede considerarse como la intersección de los campos de la biología evolutiva y la genómica (Gabaldón, 2011).

Fitoesteroles: Fitoesteroles y Fitoestanoles Los fitoesteroles y los fitoestanoles son sustancias de origen vegetal que tienen una estructura muy parecida a la del colesterol y que impiden que el colesterol de los alimentos se absorba en el intestino (FEC, 2020).

Flavonoides: Los flavonoides son una familia de compuestos naturales solubles en agua. Su función es la de proteger a las plantas y evitar el estrés oxidativo en los humanos. Son sustancias procedentes de las plantas y obtenidos de frutas, semillas y verduras. Ayudan contra los microbios y poseen propiedades y beneficios para la salud humana (Flavonoides.org, 2020).

Fundación Genoma España: Se constituyó para posibilitar la creación de consorcios que inviertan recursos y esfuerzos en el desarrollo de la biotecnología en España a través de la ejecución de proyectos de I+D+I (OEPM, 2020).

H

Haplotipo(s): Un haplotipo es un conjunto de variaciones del ADN, o polimorfismos, que tienden a ser heredados juntos (NIH, 2020).

H-invitational: H-Invitational Database (H-InvDB) es una base de datos integrada de genes y transcripciones humanas (H-InvDB, 2020).

Holística: Doctrina que propugna la concepción de cada realidad como un todo distinto de la suma de las partes que lo componen.

J

JSON: Es un formato de texto que es completamente independiente del lenguaje pero utiliza convenciones que son ampliamente conocidos por los programadores de la familia de lenguajes C, incluyendo C, C++, C#, Java, JavaScript, Perl, Python, y muchos otros. Estas propiedades hacen que JSON sea un lenguaje ideal para el intercambio de dato (JSON, 2020).

M

Machine Learning: Es una forma de la IA que permite a un sistema aprender de los datos en lugar de aprender mediante la programación explícita. Sin embargo, machine learning no es un proceso sencillo. Conforme el algoritmo ingiere datos de entrenamiento, es posible producir

Presidencia de la Generalidad, y por las otras instituciones que el Estatuto de Autonomía de Cataluña de 2006 y las leyes establecen.

Loci: Un locus es el lugar específico del cromosoma donde está localizado un gen u otra secuencia de ADN, como su dirección genética. El plural de locus es "loci".(NIH, 2020).

modelos más precisos basados en datos. En la última década, el "aprendizaje automático" nos ha brindado automóviles autónomos, reconocimiento de voz práctico, búsqueda web efectiva y una comprensión mucho mejor del genoma humano (IBM, 2020).

Metabolitos: Es cualquier sustancia producida durante el metabolismo (digestión u otros procesos químicos corporales).

El término metabolito también se puede referir al producto que queda después de la descomposición (metabolismo) de un fármaco por parte del cuerpo (MedlinePlus, 2020).

Metaboloma: El conjunto total de metabolitos y moléculas endógenas pequeñas involucradas en el metabolismo de células completas. El metaboloma varía de acuerdo a la etapa fisiológica o de desarrollo de la célula (BA, 2020).

Metagenómica: es el estudio de una colección del material genético (genomas) de una comunidad mixta de organismos. La metagenómica suele referirse al estudio de comunidades microbianas (NIH, 2020).

Metatranscriptómicos: Mientras que la metagenómica nos dice qué microbios están presentes y qué potencial genómico tienen, la metatranscriptómica nos informa sobre su actividad: los genes que se expresan más en un entorno microbiano específico (NIH, 2020).

Microbioma: Los microorganismos (= a seres vivos demasiado pequeños para ser vistos) que existen en un ambiente particular o en el cuerpo humano (CD, 2020).

Microbios: Organismo unicelular solo visible al microscopio (RAE, 2020).

mRNA-Seq: mRNA-Seq detecta transcripciones nuevas y conocidas y mide la abundancia de transcripciones para un análisis preciso y completo. La secuenciación de mRNA (mRNA-Seq) se ha convertido rápidamente en el método de elección para analizar las transcriptomas de estados patológicos, de procesos biológicos y en una amplia gama de diseños de estudios (illumina, 2020).

O

Ómicas: Las tecnologías ómicas son técnicas de alto rendimiento que permiten estudiar una gran cantidad de componentes en los resultados analíticos de una muestra. Engloban campos de investigación como la genómica, la transcriptómica, la proteómica, la metagenómica, la metatranscriptómica y la metabolómica (Quiroga, 2020).

Ómica(o): es un [[neologismo] derivado del Alemán Genom ('Gen' -om '-oma') que en Biología Molecular se utiliza como sufijo para referirse al estudio de la totalidad o del conjunto de algo, como genes, organismos de un ecosistema, proteínas, o incluso las relaciones entre ellos (Quiroga, 2020).

Ontologías: ontología

Del lat. mod. ontologia, de onto- 'onto-' y -logia '-logía'.

1. f. Fil. Parte de la metafísica que trata del ser en general y de sus propiedades trascendentales.

2. f. En ciencias de la comunicación y en inteligencia artificial, red o sistema de datos que define las relaciones existentes entre los conceptos de un dominio o área del conocimiento (RAE, 2020).

Opioides: son una clase de drogas que incluyen la droga ilegal heroína, los opioides sintéticos (como el fentanilo) y ciertos analgésicos que están disponibles legalmente con

P

Petaflops: Petaflops es una unidad de medida utilizada para medir el rendimiento de la unidad de punto flotante de un procesador, o FPU. También se puede escribir "petaFLOPS" o "PFLOPS". Dado que FLOPS significa "Operaciones de punto flotante por segundo", el término "petaflops" puede ser singular (un petaflops) o plural (dos o más petaflops). Un petaflops es igual a 1.000 teraflops, o 1.000.000.000.000.000 FLOPS (TT, 2020).

Proteómica: Área de la Biología cuyo objetivo es el estudio de los proteomas. Un proteoma es el conjunto de proteínas expresadas por un genoma, una célula o un tejido (UCM, 2020).

PSI-BLAST: El BLAST iterativo de posición específica (del inglés PSI-BLAST - Protein Similarity Search - Basic Local Alignment Search Tool) se refiere a una característica de BLAST 2.0 en la que se construye automáticamente un perfil a partir del primer conjunto de alineaciones BLAST (EBI, 2020).

prescripción médica, como la oxidodona, la hidrocodona, la codeína, la morfina y muchos otros (NIDA, 2020).

R

Red SUMMA: Laboratorio de Investigación e Innovación en Educación para América Latina y el Caribe. Fue creado en 2016 por el Banco Interamericano de Desarrollo (BID), con el apoyo de los Ministerios de Educación de Brasil, Chile, Colombia, Ecuador, México, Perú y Uruguay. Desde 2018 se adhieren también los Ministerios de Guatemala, Honduras y Panamá (SUMMA, 2020).

T

TICs: Las tecnologías de Información y Comunicación son el conjunto de herramientas relacionadas con la transmisión, procesamiento y almacenamiento digitalizado de la información (Luna, 2020).

Transcriptoma: Un transcriptoma es una colección de todas las lecturas de genes presentes en una célula (NIH, 2020)

Traslacional: La investigación traslacional es el proceso de aplicar el conocimiento de la biología básica y los ensayos clínicos a técnicas y herramientas que abordan las necesidades médicas críticas. A diferencia de las ciencias aplicadas, la investigación traslacional está específicamente diseñada para mejorar los resultados de salud. Utiliza un equipo integrado de expertos que se centran en traducir información útil de laboratorios a consultorios médicos y hospitales (UC Davis, 2020).

S

Stricto sensu: (o sensu stricto) es una expresión latina que significa «en sentido estricto» o «en sentido restringido».

V

VAST: Vector Alignment Search Tool (VAST), El algoritmo VAST + es una solución eficiente, simple y elegante al problema de comparar las estructuras atómicas de los ensamblajes biológicos. Dados dos conjuntos de proteínas, toma como entrada todas las alineaciones estructurales por pares de las proteínas componentes (Europe PMC, 2020).

Video conferencias: Reunión de académicos donde se abordan temas de carácter pedagógico y metodológico. Existe participación de alumnos. Modalidad a distancia.

Referencias

2Bio - Instituto de Bioinformática e Biotecnología (2020). Fecha de consulta 20 de noviembre de 2020. <http://www.i2bio.org/>.

Abarca, G. Herrera, M. L. (2001). Betalactamasas: su importancia en la clínica y su detección en el laboratorio. *scielo.sa.cr. Rev. méd. Hosp. Nac. Niños (Costa Rica)* vol.36 n.1-2 .Recuperado el 28 de noviembre de 2020, de https://www.scielo.sa.cr/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1017-85462001000100011.

AML – Academia Mexicana de la Lengua (2020). Ciernes. Fecha de consulta 13 de enero 2021. <http://www.academia.org.mx/espin/respuestas/item/en-ciernes#:~:text=La%20frase%20en%20ciernes%20significa,Ciernes%20proviene%20del%20verbo%20cerner>.

ANUIES - Asociación Nacional de Universidades e Instituciones de Educación Superior (2020). Educación superior. Fecha de consulta 24 febrero 2021. <http://www.anuies.mx/>.

BA – Boletín Agrario (2020). Metaboloma. Fecha de consulta 8 de enero 2021. <https://boletinagrario.com/ap-6,metaboloma,3272.html>.

Banxico educa (2020). Fecha de consulta 18 de febrero 2021. <http://educa.banxico.org.mx/>.

BIOS - Centro de Bioinformática y Biología Computacional de Colombia (2020). Fecha de consulta 25 noviembre de 2020. <http://bios.co/>.

BIRD - Bio-informatics Research and Development (Instituto de Investigación y Desarrollo Bioinformático) (2020). Fecha de consulta 17 diciembre de 2020. https://www.jst.go.jp/nbdc/bird/index_e.html.

BNADN - Banco Nacional de ADN Carlos III (2020). Fecha de consulta 27 de octubre de 2020. <http://www.bancoadn.org/>.

BSC - Barcelona Supercomputing Center (2020). Fecha de consulta 21 de octubre de 2020. <https://www.bsc.es>.

BSC - Barcelona Supercomputing Center (2020a). Alfonso Valencia. Fecha de consulta 22 de octubre de 2020. <https://www.bsc.es/valencia-alfonso>.

BSC - Barcelona Supercomputing Center (2020b). MareNostrum. Fecha de consulta 22 de octubre de 2020. <https://www.bsc.es/es/marenostrum>.

C.B.I.B. - Centro de Bioinformática del Instituto de Biotecnología (2020). Fecha de consulta 27 noviembre de 2020. <http://bioinf.ibun.unal.edu.co/cbib/>.

C.B.I.B. - Centro de Bioinformática del Instituto de Biotecnología (2020). Líneas de Investigación del CBIB. Fecha de consulta 30 noviembre de 2020. <http://bioinf.ibun.unal.edu.co/cbib/investigacion.php>.

CC – Creative Commons (2020). Licencias Creative Commons. Fecha de consulta 6 de noviembre de 2020. https://creativecommons.org/licenses/?lang=es_ES.

CD – Cambridge Dictionary (2020). Microbiome. Fecha de consulta 23 de noviembre 2020. <https://dictionary.cambridge.org/es/diccionario/ingles/microbiome>.

CeGen - Centro Nacional de Genotipado (2020). Fecha de consulta 23 de octubre de 2020. <http://www.usc.es/cegen/>.

CIB – Centro de Investigaciones Biológicas del Noroeste, S.C. – Gobierno de México (2020). Fecha de consulta 27 de febrero 2021. <https://www.cibnor.gob.mx/>.

COLCIENCIAS – Ministerio de Ciencias (Minciencias) (2020). Fecha de consulta 28 de noviembre de 2020. https://legadoweb.minciencias.gov.co/sobre_colciencias.

COLPOS - Colegio de Posgraduados (2020). Fecha de consulta 2 de febrero de 2021. <http://www.colpos.mx/wb/>.

Computational Biology and Bioinformatics – About This Journal (2020). *sciencepublishinggroup.com*, vol.8, issue 2, Dec. Recuperado el 5 de octubre de 2020, de <http://www.sciencepublishinggroup.com/journal/index?journalid=112>.

Computational Epigenomics Lab (2020). Biocomputación. Fecha de consulta 14 de enero de 2021. <https://bioinfo2.ugr.es/biocomputacion/>.

CONABIO - Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad (2020). Fecha de consulta 5 de enero 2021. <https://www.gob.mx/conabio/>.

CONEVAL - Consejo Nacional de Evaluación de la Política de Desarrollo Social (2020). Fecha de consulta 23 de febrero 2021. <https://www.coneval.org.mx/>.

Definición De (2020). API. Fecha de consulta 6 de enero 2021. <https://definicion.de/api/>.

ECP – Exascale Computing Project (2020). Fecha de consulta 30 de noviembre de 2020. <https://www.exascaleproject.org/>.

ELIXIR (2020). Fecha de consulta 4 de noviembre de 2020. <https://elixir-europe.org/>.

EMBL - European Molecular Biology Laboratory (2020). Fecha de consulta 2 de noviembre de 2020. https://www.embl.de/aboutus/general_information/organisation/member_states/.

EMBL-EBI - European Molecular Biology Laboratory - European Bioinformatics Institute (2020). Fecha de consulta 3 de noviembre de 2020. <https://www.ebi.ac.uk/>.

Europe PMC (2020). VAST. Fecha de consulta 4 dic de 2020. <https://europepmc.org/>.

EBI - European Bioinformatics Institute (2020). Fecha de consulta 1 de noviembre 2020. <https://www.ebi.ac.uk/Tools/sss/psiblast/>.

FIOCRUZ - Fundação Oswaldo Cruz (2020). Fecha de consulta 16 de noviembre. <https://portal.fiocruz.br/>.

Flavonoides.org (2020). Flavonoides. Fecha de consulta 18 de diciembre 2020. <https://www.flavonoides.org/>.

FEC – Fundación Española del Corazón (2020). Fitoesteroles. Fecha de consulta 18 de diciembre 2020. <https://fundaciondelcorazon.com/nutricion/nutrientes/3133-fitoesteroles.html>.

Gabaldón, T. (2011). Filogenómica y evolución del genoma Instituto Roche. institutoroche.es. Recuperado el 17 de noviembre de 2020, de https://www.institutoroche.es/biotecnologia/62/filogenomica_y_evolucion_del_genoma.

Galisteo, E. (2013). Ciencias formales. Fecha de consulta 6 de octubre 2020. <https://filosofia.laguia2000.com/ciencia-y-filosofia/ciencias-formales>

GBIF - Global Biodiversity Information Facility (Servicio Mundial de Información Sobre la Diversidad Biológica) (2020). Fecha de consulta 6 de noviembre de 2020. <https://www.gbif.org/>.

GBIF - Global Biodiversity Information Facility (Servicio Mundial de Información Sobre la Diversidad Biológica) (2020). Nodo México. Fecha de consulta 11 de enero de 2021. <https://www.gbif.org/es/country/MX/participation>.

García, A. T. (1999). Ordenadores biológicos. Profesionaldelainformacion.com. Recuperado el 09 de octubre de 2020, de http://profesionaldelainformacion.com/contenidos/1999/junio/ordenadores_biologicos.html.

Grand View Research (2019). Computational Biology Market Size Worth \$13.6 Billion By 2026. Fecha de consulta 1 marzo 2021. <https://www.grandviewresearch.com/press-release/global-computational-biology-market>

Grand View Research (2019). Computational Biology Market Size, Share & Trends Analysis Report By Application (Cellular & Biological Simulation, Drug Discovery & Disease Modelling), By Service, By End Use, And Segment Forecasts, 2019 - 2026. Fecha de consulta 1 de marzo 2021. <https://www.grandviewresearch.com/industry-analysis/computational-biology-market>

Green, A. A. Kim, J. Ma, D. Silver, P. A. Collins, J. Yin, P. (2017). Complex cellular logic computation using ribocomputing devices. Nature.com. Recuperado el 02 de marzo de 2021, de Nature.com. <https://www.nature.com/articles/nature23271/>.

Guzmán, G. (Sin año). Los 4 principales tipos de ciencia (y sus campos de investigación). psicologiymente.com. Recuperado el 06 de octubre de 2020, de <https://psicologiymente.com/cultura/tipos-de-ciencia>

Helix Bios (2020). Análisis de ChiP-Seq (chromatin immunoprecipitation sequencing). Fecha de consulta 8 de diciembre 2020. <http://helixbios.com/epigenetica>.

H-InvDB - H-Invitational Database (2020). H-invitational. Fecha de consulta 16 de diciembre de 2020. <http://www.h-invitational.jp/>.

Ibáñez, J. J. (2009). Clasificación de las Ciencias: El Caótico Árbol del Conocimiento. Fecha de consulta 5 de octubre 2020. <https://www.madrimasd.org/blogs/universo/2009/01/15/111198>

IBM (2020). Inteligencia Artificial. Fecha de consulta 5 de noviembre 2020. https://www.ibm.com/cloud/learn/what-is-artificial-intelligence?mhsrc=ibmlearning_l&mhq=AI.

IBM (2020). Machine Learning. Fecha de consulta 5 de noviembre 2020. <https://www.ibm.com/mx-es/analytics/machine-learning>.

ICB - Instituto de Ciências Biomédicas, Departamento de Parasitologia (2020). Fecha de consulta 9 enero 2021. <http://www.coccidia.icb.usp.br/>.

iie - Institute of International Education (2020). Coordination for the Improvement of Higher Education Personnel. Fecha de consulta 18 de noviembre de 2020. <https://www.iie.org/en/Programs/CAPES>.

Illumina (2020). Introduction to mRNA Sequencing. Fecha de consulta 28 de octubre de 2020. <https://emea.illumina.com/techniques/sequencing/rna-sequencing/mrna-seq.html>.

IME - Instituto De Matemática E Estatística, Universidade De São Paulo (2020). Programa Interunidades de Pós-graduação em Bioinformática. Fecha de consulta 10 de enero 2021. <https://www.ime.usp.br/pos-bioinformatica/>.

INEGI - Instituto Nacional de Estadística y Geografía (2020). Educación. Fecha de consulta 22 de febrero 2021. <https://www.inegi.org.mx/>.

IOC – Instituto Oswaldo Cruz (2020). Fecha de consulta 16 de noviembre de 2020. <http://www.fiocruz.br/ioc/cgi/cgilua.exe/sys/start.htm?tpl=home>.

IOC – Instituto Oswaldo Cruz (2020a). Programa de Pós-graduação Stricto sensu em Biologia Computacional e Sistemas. Fecha de consulta 17 noviembre de 2020. <https://pgbcs.ioc.fiocruz.br/>.

IR - Instituto Roslin (2020). Fecha de consulta 6 de enero 2021. <https://www.ed.ac.uk/roslin/>.

Jou, D. (2012). La influencia de Turing en la biología. *Metode.es*. Recuperado el 07 de octubre de 2020, de <https://metode.es/revistas-metode/dossiers/la-influencia-de-turing-en-la-biologia.html>.

JSON (2020). Introducing JSON. Fecha de consulta 8 de diciembre de 2020. <https://www.json.org/json-en.html>.

Langebio - Laboratorio Nacional de Genómica para la Biodiversidad – Cinvestav (2020). Fecha de consulta 13 de enero de 2021. <https://langebio.cinvestav.mx/>.

Langebio - Laboratorio Nacional de Genómica para la Biodiversidad – Cinvestav (2020). Biología computacional. Fecha de consulta 13 de enero de 2021. <https://langebio.cinvestav.mx/Dr-Octavio-Martinez-de-la-Vega>

Lesk, A. M. (2019). Bioinformatics. *Encyclopedia Britannica*, britannica.com. Recuperado el 08 de octubre de 2020, de <https://www.britannica.com/science/bioinformatics>. NO CHECA LA REFERENCIA CON LA PÁGINA DE LA UNAM

Luna, N. (2020). ¿Qué son las TICs?. Fecha de consulta 5 octubre 2020. <https://www.entrepreneur.com/article/308917>

MedlinePlus (2020). Metabolito. Fecha de consulta 18 de diciembre de 2020. <https://medlineplus.gov/spanish/ency/article/002258.htm>.

MEXT - Ministry of Education, Culture, Sports, Science and Technology (2020). Fecha de consulta 16 de diciembre de 2020. <https://www.mext.go.jp/en/>.

Microsoft (2020). AI for Earth. Fecha de consulta 2 de marzo de 2021. <https://www.microsoft.com/es-mx/ai/ai-for-earth>.

Ministério da Educação - CAPES (2012). Competências. Fecha de consulta 18 noviembre de 2020. <https://www.gov.br/capes/pt-br/aceso-a-informacao/institucional/competencias>.

Ministério da Educação - CAPES (2019). Fundação Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES). Fecha de consulta 18 noviembre de 2020. <https://www.gov.br/pt-br/orgaos/fundacao-coordenacao-de-aperfeiçoamento-de-pessoal-de-nivel-superior>.

Ministério da Educação - CAPES (2013). Programa Biología Computacional divulga resultado de edital. Fecha de consulta 18 noviembre de 2020. <https://www.gov.br/capes/pt-br/assuntos/noticias/programa-biologia-computacional-divulga-resultado-de-edital>.

MinTIC - Ministerio de Tecnologías de la Información y las Comunicaciones (2020). Acerca del MinTIC. Fecha de consulta 26 de noviembre de 2020. <https://www.mintic.gov.co/portal/inicio/Ministerio/Acerca-del-MinTIC/>.

MinTIC - Ministerio de Tecnologías de la Información y las Comunicaciones (2012). Ministerio TIC, Colciencias y la Red Summa, firman acta de constitución del primer Centro de Bioinformática y Biología Computacional del país. Fecha de consulta 26 de noviembre de 2020. <https://www.mintic.gov.co/portal/inicio/1238:Ministerio-TIC-Colciencias-y-la-Red-Summa-firman-acta-de-constituci-n-del-primer-Centro-de-Bioinform-tica-y-Biolog-a-Computacional-del-pa-s>.

México Azul (2020). Inteligencia Artificial para el monitoreo de tiburones pelágicos en el Océano Pacífico mexicano. Fecha de consulta 2 de marzo de 2021. <https://mexicoazul.org/>.

Morales, N. (2020). Los 4 Tipos de Ciencia Más Importantes. Lifeder.com. Recuperado el 12 de octubre de 2020, de <https://www.lifeder.com/tipos-de-ciencia/>.

Nature (2020). Computational biology and bioinformatics. Fecha de consulta 13 de octubre de 2020. <https://www.nature.com/subjects/computational-biology-and-bioinformatics>

NCBI - National Center for Biotechnology Information (Centro Nacional de Información Biotecnológica) (2020). Fecha de consulta 4 diciembre 2020. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>.

NIG - The National Institute of Genetics (Instituto Nacional de Genética) (2020). Fecha de consulta 18 de diciembre de 2020. <https://www.nig.ac.jp/nig/>.

NIH - National Human Genome research Institute (2020). Fecha de consulta octubre de 2020 a febrero de 2021. <https://www.genome.gov/es/genetics-glossary/>.

NIH - U.S. National Library of Medicine (2020). BLAST. Fecha de consulta 1 de noviembre 2020. <https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>.

NIDA - National Institute on Drug Abuse(2020). Opioides. Fecha de consulta 1 de diciembre 2020. <https://www.drugabuse.gov/es/informacion-sobre-drogas/los-opioides>.

OCDE - Organización para la Cooperación y el Desarrollo Económicos (2020). México. Fecha de consulta 7 de noviembre de 2020. <https://data.oecd.org/mexico.htm>.

OEOM - Oficina Española de Patentes y Marcas (2020). Fundación Genoma España. Fecha de consulta 18 de octubre 2020. http://www.oepm.es/es/propiedad_industrial/ayudas/ayudas_para_proyectos_de_investigacion_relacionados_con_la_propiedad_industrial/fundacion_genoma_espana.html.

Oracle (2020). ¿Qué es big data?. Fecha de consulta 20 de octubre de 2020. <https://www.oracle.com/mx/big-data/what-is-big-data/>.

OLCF - Oak Ridge Leadership Computing Facility (2020). The impact of exascale computing on modeling and simulation with big data and ai. Fecha de consulta 1 de diciembre 2020. <https://www.olcf.ornl.gov/2020/10/12/the-impact-of-exascale-computing-on-modeling-and-simulation-with-big-data-and-ai/>.

ORNL - Oak Ridge National Laboratory (2020). Fecha de consulta 30 de noviembre de 2020. <https://www.ornl.gov/>

ProteoRed-ISCI (2020). Fecha de consulta 30 de octubre de 2020. <https://proteored.org/>.

Química España (2020). Genotipado. Fecha de consulta 19 de octubre de 2020. <https://www.quimica.es/enciclopedia/Genotipado.html>.

Quiroga, C. (2020). Las tecnologías «ómicas»: situación actual y desafíos futuros. *elsevier.es*. Recuperado el 05 de enero de 2021, de <https://www.elsevier.es/es-revista-revista-argentina-microbiologia-372-articulo-las-tecnologias-omicas-situacion-actual-S0325754116301195>.

RAE – Real Academia Española (2020). Fecha de consulta octubre de 2020 a febrero de 2021. <https://dle.rae.es/>.

RAI - Red de Apoyo a la Investigación (2020). Fecha de consulta 25 de enero de 2021. <http://rai.unam.mx/>.

RAI - Red de Apoyo a la Investigación (2020). La Unidad de Bioinformática, Bioestadística y Biología Computacional. Fecha de consulta 6 de octubre de 2020. <http://rai.unam.mx/pages/ubbbc.html>

Ranking Web de Universidades (2020). Colombia. Fecha de consulta 11 de enero de 2021. https://webometrics.info/es/Latin_America_es/Colombia#:~:text=Colombia%20%20%20Ranking%20%20%20,20%20726%20%2029%20more%20rows%20.

RCSB PDB - RCSB = Research Collaboratory for Structural Bioinformatics, PDB = Protein Data Bank (2020). Fecha de consulta 2 de diciembre de 2020. <https://www.rcsb.org/>.

Rechenmann, F. (2001). Introduction to Bioinformatics. *Larecherche.fr*, núm. 347. Recuperado el 07 de octubre de 2020, de <https://www.larecherche.fr/introduction-bioinformatics>

Reinitz, J. (2012). La morfogénesis según Alan Turing. *investigacionyciencia.es*. Recuperado el 12 de octubre de 2020, de <https://www.investigacionyciencia.es/revistas/investigacion-y-ciencia/el-antepasado-del-homo-551/la-morfogenesis-segn-alan-turing-8670>.

RedacciónT21. (2015). Informática, Inteligencia Artificial y morfogénesis, legado de Alan M. Turing. *Tendencias21.levante-emv.com*. Recuperado el 11 de octubre de 2020, de https://tendencias21.levante-emv.com/informatica-inteligencia-artificial-y-morfogenesis-legado-de-alan-m-turing_a40632.html.

RMB - Red Mexicana de Bioinformática (2020). Fecha de consulta 14 de febrero de 2021. <https://www.redmexicanadebioinformatica.org/>.

Rodríguez, D. (2019). El Origen de la Ciencia: desde la Edad Antigua hasta Hoy. *Lifeder.com*. Recuperado el 06 de octubre de 2020, de <https://www.lifeder.com/origen-de-la-ciencia/>.

Rodwell, V. W. Bender, D. A. Botham, K. M. Kennelly, P. J. Weil, Anthony. (2016). *Bioquímica ilustrada 30a edición*, Sección II, CAPÍTULO 10: Bioinformática y biología computacional: McGRAW-HILL Interamericana Editores, S.A. de C. V. Recuperado el 07 de octubre de 2020, de <https://accessmedicina.mhmedical.com/content.aspx?bookid=1814§ionid=127362344>

Rojas, C. (2001). Invitación a la filosofía de la ciencia, sección Sobre la clasificación de las ciencias (pp. 25 – 27). *Issuu Inc*. Recuperado el 08 de octubre de 2020, de <https://issuu.com/oscarbarba0/docs/filosofiadela-ciencia/223>

Searls, D. B. (2018). Computational biology. *Encyclopedia Britannica*, *britannica.com*. Recuperado el 09 de noviembre de 2020, de <https://www.britannica.com/science/computational-biology>.

Shapiro, E. Benenson, Y. (2007). Bringing DNA Computers to Life. *scientificamerican.com*. Recuperado el 10 de octubre de 2020, de <https://www.scientificamerican.com/article/bringing-dna-computers-to-life-2007-09/>.

SHCP - Secretaría de Hacienda y Crédito Público (2020). Finanzas Públicas y Presupuesto. Fecha de consulta 20 de febrero de 2021. <https://www.finanzaspublicas.hacienda.gob.mx/>.

SUMMA - Laboratorio de Investigación e Innovación en Educación para América Latina y el Caribe (2020). Fecha de consulta 28 de noviembre de 2020. <https://www.summaedu.org/>.

TauGC Bioinformatics (2020). Fecha de consulta 23 noviembre de 2020. <http://taugc.com/>.

TDWG - Taxonomic Databases Working Group (Biodiversity Information Standards) (2020). Darwin Core. Fecha de consulta 6 de noviembre de 2020. <https://www.tdwg.org/standards/dwc/>.

Thornton, J. (2020). Enzymes, evolution and disease: 50 years of bioinformatics - Imperial College London. Fecha de consulta 4 de noviembre de 2020. https://youtu.be/Nq_BGzFE-M0.

TS - ThermoFisher Scientific (2020). Biología sintética. Fecha de consulta 7 de enero de 2021. <https://www.thermofisher.com/mx/es/home/life-science/cloning/synthetic-biology.html>.

TT – Tech Terms (2020). Petaflops. Fecha de consulta 1 de diciembre de 2020. <https://techterms.com/definition/petaflops>.

UB - Universidad de Barcelona (2020). Fecha de consulta 4 de enero 2021. <https://www.ub.edu/>.

UC Davis (2020). Fecha de consulta 8 de diciembre de 2020. <https://www.ucdavis.edu/>.

UC Davis (2020). UC Davis Bioinformatics Core. 9 de diciembre de 2020. <https://bioinformatics.ucdavis.edu/>.

UC Davis (2020). What is Translational Research?. 9 de diciembre de 2020. <https://www.ucdavis.edu/one-health/translational-research>.

UCM - Universidad Complutense Madrid (2020). Proteómica. Fecha de consulta 20 de octubre de 2020. <https://www.ucm.es/gyp/proteomica>.

UE - Universidad de Edimburgo (2020). Fecha de consulta 6 de enero de 2021. <https://www.ed.ac.uk/>.

UNAM – Universidad Nacional Autónoma de México – Portal de Estadística Universitaria (2020). Fecha de consulta 25 febrero 2021. <http://www.estadistica.unam.mx/>.

USP - Universidad de São Paulo (2020). Fecha de consulta 8 enero de 2021. <https://www5.usp.br/>.

UT – The University of Tokio (2020). Fecha de consulta 13 de enero de 2021. <https://www.u-tokyo.ac.jp/en/index.html>.

UT – The University of Tokio – School of Science (2020). Fecha de consulta 15 de enero de 2021. https://www.s.u-tokyo.ac.jp/en/people/morishita_shinichi/.

UTP - Universidade Tuiuti do Paraná (2017). O que é CAPES?. Fecha de consulta 18 de noviembre de 2020. <https://www.tuiuti.edu.br/blog-tuiuti/o-que-e-capes>.

UNC - Universidad Nacional de Colombia (2020). Fecha de consulta 11 de enero de 2021. <https://unal.edu.co/>.

UNC - Universidad Nacional de Colombia (2020a). Maestría en Bioinformática. Fecha de consulta 11 de enero de 2021. <http://programasacademicos.unal.edu.co/programa/pos587-maestria-en-bioinformatica>.

UNICEF - United Nations International Children's Emergency Fund (Naciones Unidas para la Infancia) (2020). Educación y aprendizaje. Fecha de consulta 22 de febrero de 2021. <https://www.unicef.org/mexico/educaci%C3%B3n-y-aprendizaje>.

USA Gov - National Laboratories. Fecha de consulta 30 de noviembre de 2020. <https://www.energy.gov/national-laboratories>.

USA Gov - Servicios e información del Gobierno. Fecha de consulta 30 de noviembre de 2020. <https://www.usa.gov/espanol/#tpcs>.

USA Gov - U.S. Department of Energy. Fecha de consulta 30 de noviembre de 2020. <https://www.usa.gov/federal-agencies/u-s-department-of-energy>.

Valencia, A. (2006), El papel de la biología computacional en España: recursos institucionales y humanos y perspectivas sobre el futuro. institutoche.es. Recuperado el 19 de octubre de 2020, de https://www.institutoche.es/biotecnologia/4/el_papel_de_la_biologia_computacional_en_espana_recursos_institucionales_y_humanos_y_perspectivas_sobre_el_futuro.

Nota – Las direcciones URL, Links o ligas pueden cambiar al momento de consultar esta revisión.