

*Nota tecnológica*

## **Impacto de las tecnologías de comunicación e información en la lucha contra el COVID-19**

### ***Impact of communication and information technologies in the fight against COVID-19***

<https://doi.org/10.52808/bmsa.7e5.61e2.022>

José Manuel Armada Pacheco <sup>1,\*</sup>

<https://orcid.org/0000-0003-3827-6144>

Recibido: 15/05/2021

Aceptado: 27/07/2021

#### **RESUMEN**

La eSalud se define como el uso de las tecnologías de información y las comunicaciones (TIC) para la salud, un concepto que ha evolucionado en los dos últimos decenios, a la par de los avances en este campo. Ante la llegada de la pandemia COVID-19, las TIC han desempeñado un importante papel en la sociedad, informando los alcances, riesgos y cuidados de esta enfermedad, facilitando la atención y seguimiento de pacientes y permitiendo la logística de Naciones y organismos, entre muchos otros aspectos. Adicionalmente, la tecnología ha sido protagonista en la comunidad médica y científica, en la búsqueda de conocimiento y comprensión sobre el nuevo coronavirus Sars-Cov-2, desde su aparición en una localidad china hasta la preocupante afectación por las nuevas variantes circulantes, derivadas de la mutación genética del patógeno. Esta investigación estudio de Alphafold, GISAIID y MasterOfPores, tecnologías innovadoras de acceso público, gratuitas y de alta fiabilidad científica, que conforman una nueva metodología en la detección mutagénica, modelado estructural e investigación antigénica, en la lucha contra la COVID-19 y sus nuevas variantes. Finalmente, las TIC han sido y seguirán siendo vitales en la lucha contra la COVID-19, en la investigación y desarrollo de los antígenos que permitan inmunizar a gran parte de la población mundial

**Palabras clave:** TIC, COVID-19, GISAIID, Alphafold, MasterOfPores

#### **ABSTRACT**

EHealth is defined as the use of information and communication technologies (ICT) for health, a concept that has evolved in the last two decades, along with advances in this field. Given the arrival of the COVID-19 pandemic, ICTs have played an important role in society, informing the scope, risks and care of this disease, facilitating the care and monitoring of patients and allowing the logistics of Nations and organizations, among many other aspects. Additionally, technology has been a protagonist in the medical and scientific community, in the search for knowledge and understanding about the new coronavirus Sars-Cov-2, from its appearance in a Chinese town to the worrying impact by the new circulating variants, derived from the genetic mutation of the pathogen. This research study by Alphafold, GISAIID and MasterOfPores, innovative technologies of public access, free and of high scientific reliability, which make up a new methodology in mutagenic detection, structural modeling and antigen research, in the fight against COVID-19 and its new variants. Finally, ICTs have been and will continue to be vital in the fight against COVID-19, in the research and development of antigens that make it possible to immunize a large part of the world's population

**Key words:** TIC, COVID-19, RBD, GISAIID, Alphafold, MasterOfPores

<sup>1</sup> Universidad Continental, Huancavelica, Perú

\*Autor de Correspondencia: [jarmada@continental.edu.pe](mailto:jarmada@continental.edu.pe)

#### **Introducción**

Las Tecnologías de Información y Comunicación (TIC) han acrecentado su presencia e influencia en múltiples sectores de la vida cotidiana y organizacional, llegando a ser herramientas fundamentales en múltiples procesos que se llevan a cabo en la actualidad, debido a su capacidad de administrar, transmitir y compartir la información de manera novedosa y eficaz mediante soportes tecnológicos. El campo científico, y por ende el área de la salud, también han adoptado estas tecnologías, concepto denominado eSalud.

Esta integración se acrecentó debido a la llegada de la pandemia COVID-19, permitiendo a las TIC desempeñar un importante papel en la sociedad informando los alcances, riesgos y cuidados la enfermedad, facilitando la atención y seguimiento de pacientes y permitiendo la logística de Naciones y organismos, entre muchos otros aspectos; dando

también protagonismo a las TIC dentro de la comunidad médica y científica, en la búsqueda de conocimiento y comprensión sobre el nuevo coronavirus Sars-Cov-2, desde su aparición en una localidad china hasta la preocupante afectación por las nuevas variantes circulantes, derivadas de la mutación genética del patógeno.

A continuación, se desarrollan los anteriores aspectos desde una perspectiva cronológica. La parte final se propone como una combinación de tecnologías innovadoras de acceso público, gratuitas y de alta fiabilidad científica, que aplicadas secuencialmente forman nueva metodología en la detección mutagénica, modelado estructural e investigación antigénica, en la lucha global contra la COVID-19 y sus nuevas variantes, consistente en la integración de una herramienta TIC como la plataforma GISAID que permite extraer formatos FASTA para su estudio mediante un algoritmo de inteligencia artificial, AlphaFold, y un software innovador de estandarización de análisis de secuencias, MasterOfPores, y cuyos resultados son compartidos con la comunidad científica a través de GISAID.

### **TIC's al servicio de la medicina: la génesis de eSalud**

Uno de los principales componentes de las TIC, el internet, fue destacado en 1998 por la OMS, al considerar su potencial para impactar la salud a través de la publicidad y la promoción de productos médicos, sentando de esta manera un precedente (OMS, 1998. Resolución EB101.R3: Publicidad, promoción y venta transfronterizas de productos médicos a través de Internet. Disponible en: [https://apps.who.int/gb/archive/pdf\\_files/EB101/pdfspa/spar3.pdf](https://apps.who.int/gb/archive/pdf_files/EB101/pdfspa/spar3.pdf)).

Siete años más tarde, La 58ª Asamblea general de la OMS propuso el término “eHealth” traducido al español en aquel entonces como “cibersalud”, instando a los Estados miembros a incorporar los avances de la tecnología en los sistemas y servicios de salud pública, para lograr su fortalecimiento y mejorar su calidad, seguridad y alcance. (OMS, 2005a. Cibersalud. Informe de la Secretaría 58. [https://apps.who.int/gb/archive/pdf\\_files/WHA58/A58\\_21-sp.pdf](https://apps.who.int/gb/archive/pdf_files/WHA58/A58_21-sp.pdf); OMS, 2005b. WHA58.28 Cibersalud. Disponible en: [http://apps.who.int/iris/bitstream/handle/10665/23104/WHA58\\_28-sp.pdf;jsessionid=9870D6F95535CE39928440906C9B4838?sequence=1](http://apps.who.int/iris/bitstream/handle/10665/23104/WHA58_28-sp.pdf;jsessionid=9870D6F95535CE39928440906C9B4838?sequence=1)).

Este mismo organismo, en la edición 66 de su asamblea llevada a cabo en 2013, consideró la importancia de lograr la compatibilidad e interoperabilidad de los datos sanitarios, además de integrar todos los aspectos de la cibersalud “mediante un enfoque multisectorial y multipartito, que incluya a las autoridades nacionales, los ministerios pertinentes, las partes interesadas del sector privado e instituciones académicas” (OMS, 2013a. Cibersalud y nombres de dominio de internet para la salud: Informe de la Secretaría. Disponible en: <https://apps.who.int/iris/handle/10665/150933>; OMS, 2013b. Disponible en: <https://apps.who.int/iris/handle/10665/151138>); sentando así las bases para investigaciones y programas de alcance global. Posteriormente, la 71ª Asamblea en 2018 reconoció el potencial de las tecnologías digitales para promover los Objetivos de Desarrollo Sostenible, al ser herramientas clave en la promoción la salud y prevención de las enfermedades (OMS, 2018. Salud Digital. Disponible en: [https://apps.who.int/gb/ebwha/pdf\\_files/WHA71/A71\\_R7-sp.pdf](https://apps.who.int/gb/ebwha/pdf_files/WHA71/A71_R7-sp.pdf)).

En la actualidad, la Organización Panamericana de la Salud (OPS) estableció el término eSalud, definido como el “uso coste-efectivo y seguro de las Tecnologías de la Información y Comunicación (TIC) en apoyo de la salud y de los ámbitos relacionados con la salud, incluyendo los servicios de atención sanitaria, vigilancia de la salud, literatura y educación, conocimiento e investigación”, y es además el nombre de un programa interorganizacional de carácter global que tiene la finalidad de promover y fortalecer el uso de las TICs en el desarrollo de la salud (OPS, 2016. La eSalud en la Región de las Américas: derribando las barreras a la implementación. Resultados de la Tercera Encuesta Global de eSalud de la Organización Mundial de la Salud. Disponible en: <https://iris.paho.org/handle/10665.2/31287>; OPS, 2019. eSalud en OPS. Disponible en: [https://www3.paho.org/ict4health/index.php?option=com\\_content&view=article&id=9679:ehealth-at-paho&Itemid=103&lang=es](https://www3.paho.org/ict4health/index.php?option=com_content&view=article&id=9679:ehealth-at-paho&Itemid=103&lang=es)).

### **TIC's, coyuntura de una sociedad aislada durante la primera ola pandémica**

Las TIC han desempeñado un importante rol dentro la coyuntura cotidiana de la sociedad en este siglo, logrando un mayor protagonismo a partir del año 2020 debido a un conjunto de tres factores: en primer lugar, el hallazgo en la localidad china de Wuhan de individuos infectados con un nuevo coronavirus, causante de una extraña enfermedad denominada COVID-19 para la cual no existía tratamiento específico, con afectaciones respiratorias que en algunos casos llevaban a la muerte, era motivo de preocupación para millones de personas, despertando en ellas la necesidad de conocimiento e información sobre los alcances, riesgos y cuidados de esta patología; segundo, la rápida expansión del brote hacia un centenar de países en menos de un trimestre dió cuenta de la gran capacidad contagiosa del virus, convirtiendo la alerta regional en una pandemia global, declarada por el director del máximo organismo sanitario a mediados de marzo de ese año (OPS, 2020. La OMS caracteriza a COVID-19 como una pandemia. Disponible en: <https://www.paho.org/es/noticias/11-3-2020-oms-caracteriza-covid-19-como-pandemia>), ante lo cual muchos gobiernos adoptaron normativas que limitaron el contacto físico entre sus pobladores para disminuir así las posibilidades de

transmisión comunitaria (González, F. A. I. (2020). Enfermedad del coronavirus 2019: la importancia del distanciamiento social. Medicina (Ribeirao Preto), 53(3):223-233. Disponible en: <https://www.revistas.usp.br/rmrp/article/view/169459>); tercero, las medidas distanciamiento social y el aislamiento domiciliario motivaron un mayor uso de tecnologías como el internet, los dispositivos móviles y las telecomunicaciones que ya estaban al alcance dentro de los hogares (Ramirez, M. E. (2021). Las TIC en pandemia, desafíos y reinención. Question, 3(68):e535. Disponible en: <http://www.perio.unlp.edu.ar/ojs/index.php/question/article/view/6679>)

Muestra de lo anterior es el significativo aumento en las visualizaciones de fuentes con información confiable, como el sitio web de la OPS [www.paho.org](http://www.paho.org), el cual fue visitado 42 millones de veces en el primer semestre del 2020, cifra tres veces mayor en comparación al mismo período del año anterior. El mayor tráfico se presentó hacia finales de marzo, cuando más de un tercio de millón de internautas hacían uso diario de la plataforma virtual de esta organización, lo que coincide con la declaración de pandemia realizada el mismo mes (OPS, 2020, informe anual del director de la oficina sanitaria panamericana. Disponible en: ISBN: 978-92-75-37359-0. Disponible en: <https://iris.paho.org/handle/10665.2/52904>).

Posteriormente, para mediados de abril, la OMS puso a disposición la aplicación móvil WHO Info, consistente en información y conocimientos oportunos sobre el desarrollo de la enfermedad, lo que permitió contrarrestar la entonces creciente infodemia y malinformación relacionada al COVID-19 (OPS, 2020. Informe anual del director de la oficina sanitaria Panamericana. ISBN: 978-92-75-37359-0. Disponible en: <https://iris.paho.org/handle/10665.2/52904>, <https://apps.apple.com/us/app/who-info/id895463794>, [https://play.google.com/store/apps/details?id=org.who.infoapp&hl=es\\_CO&gl=US](https://play.google.com/store/apps/details?id=org.who.infoapp&hl=es_CO&gl=US)). Por su parte, diversas Naciones de Suramérica pusieron a disposición aplicaciones móviles con el fin de informar en tiempo real a sus pobladores y permitir su autodiagnóstico, y en el caso de ciertos países, gestionar la asignación de citas presenciales o virtuales (telemedicina), e incluso alertar sobre el posible contacto con una persona afectada (Figura 1)

DESCRIPCIÓN	LOGO OFICIAL	FUNCIONES	VERSIÓN	Google Play	App Store
Argentina CUIDAR COVID-19 ↓ + 10 Millones			Android 5.0+ Apple 11.0+		
Bolivia Bolivia Segura ↓ + 100 Mil		 	Android 5.0+ Apple 12.0+		
Brasil Coronavirus - SUS ↓ + 5 Millones		  	Android 5.0+ Apple 13.5+		
Colombia CoronApp - Colombia ↓ + 10 Millones		  	Android 5.1+ Apple 10.3+		
Ecuador Salud EC ↓ + 100 Mil		  	Android 4.1+ Apple 10.0+		
Paraguay Covid-19 PY ↓ + 5 Mil		   	Android 5.0+		
Perú Guardianes de la Salud ↓ + Mil		 	Android 5.0+		
Uruguay Coronavirus UY ↓ + 500 Mil		   	Android 5.0+ Apple 10.0+		

FUNCIONES Informativa Autodiagnóstica Gestión de Citas Telemedicina Georeferenciación

**Figura 1. Aplicaciones móviles oficiales**

Fuente: Sinche, F., Armada, J., Valero, J. & Infante, L., 2021. Uso de las APP en la lucha contra el COVID-19 en Suramérica: Tecnología al servicio de la salud. Boletín de Malaria y Salud Ambiental, 61(1):124-130. <https://doi.org/10.52808/bmsa.7e5.611.015>

Las redes sociales también formaron parte esas estrategias de comunicación, con publicaciones y campañas en Facebook, Twitter e Instagram, dejando un saldo aproximado de un millón de nuevos seguidores entre las tres plataformas. Adicionalmente, unos 1,25 millones de personas se sumaron a las transmisiones en vivo por Facebook de las sesiones informativas semanales virtuales de la OPS sobre la COVID-19 (OPS, 2020. Informe anual del director de la oficina sanitaria Panamericana. ISBN: 978-92-75-37359-0. Disponible en: <https://iris.paho.org/handle/10665.2/52904>).

### **Importancia de las TIC en la investigación científica en tiempos de COVID-19**

La integración de las TIC a la salud en tiempos de pandemia también se evidenció en relación a la investigación científica, conllevando en el primer semestre de 2020 a un aumento del 70% en las consultas de la biblioteca digital IRIS, adscrita a la OPS, una base de datos consistente en más de 60.000 publicaciones internacionales, que incluyen 270 publicaciones científicas y técnicas referentes al COVID-19 realizadas por este organismo en este período. En total, las lecturas y descargas en esta plataforma trascendieron los 12 millones en este mismo lapso (OPS, 2020. Informe anual del director de la oficina sanitaria Panamericana. ISBN: 978-92-75-37359-0. Disponible en: <https://iris.paho.org/handle/10665.2/52904>).

De manera similar, en otros repositorios de gran trayectoria como Web Of Science y Scopus, se anexaron respectivamente 575 y 1042 publicaciones referentes al COVID-19 en las 4 semanas posteriores a la declaración de pandemia, mientras que en la plataforma PubMed, la producción científica sobre esta patología se acercaba a las 1.000 publicaciones semanales a mediados de abril. Es destacable que de cada cuatro publicaciones sobre COVID-19 agregadas a revistas, tres fueron bajo la modalidad de acceso abierto (Torres-Salinas, D. (2020). Ritmo de crecimiento diario de la producción científica sobre COVID-19. Análisis en bases de datos y repositorios en acceso abierto. Profesional De La Información, 29(2). <https://doi.org/10.3145/epi.2020.mar.15>), dando cuenta de la intención colaborativa de la comunidad investigadora, en momentos que cada hallazgo contribuía a entender el entramado del agente etiológico y su enfermedad, y acercaba a los investigadores a la posibilidad de encontrar vacunas o tratamientos efectivos. Adicionalmente, el aumento en la proporción de publicaciones bajo la modalidad de preprint, que son accesibles en menor tiempo, pone en evidencia la premisa de inmediatez adoptada por una comunidad científica ávida de conocimiento.

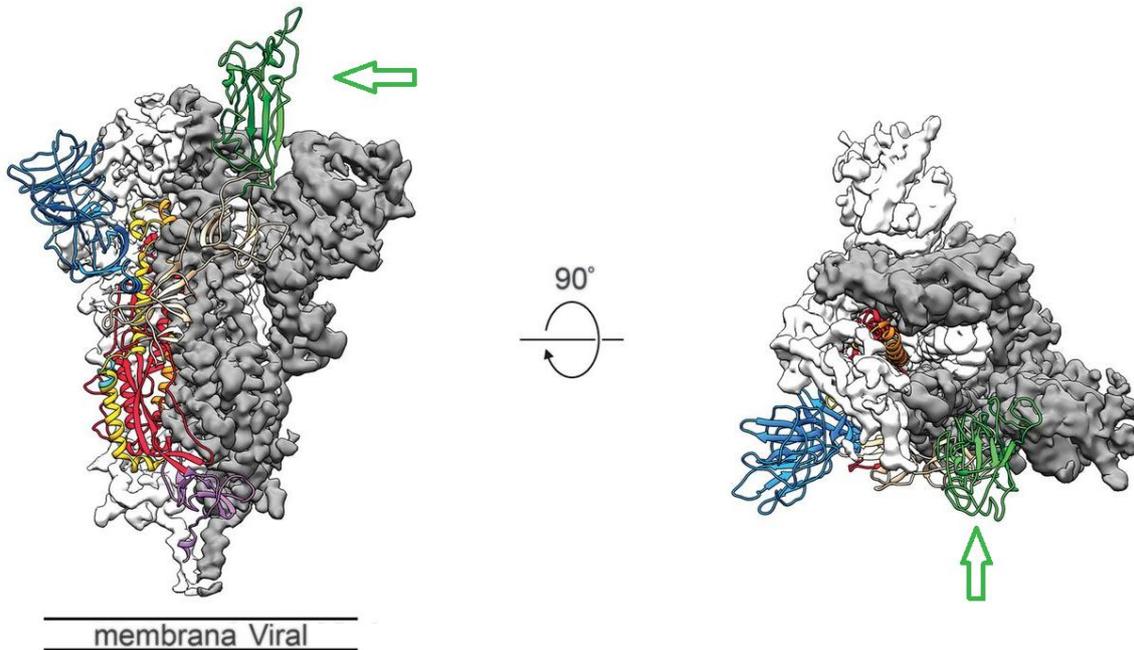
Ambas corrientes, tanto el libre acceso como la rápida disponibilidad, han impactado las TIC alrededor del mundo bajo el mismo objetivo de luchar contra la COVID-19. Por ello, bases de datos genómicas de alta trayectoria y reconocimiento como GISAID, fueron la plataforma ideal para el intercambio de secuencias genéticas, datos clínicos y epidemiológicos asociados al Sars-CoV-2. Durante el 2020, investigadores de todo el mundo cargaron en la plataforma más de 230.000 genomas de este virus, lo que ha permitido centralizar la información y obviar los lapsos editoriales de la publicación tradicional. Por otro lado, su funcionalidad incluye la búsqueda multifactorial de SARS-CoV-2, permitiendo rastrear y seleccionar genomas por fecha o sitio de aislamiento de la muestra, país, hospedador, laboratorio fuente, y mucho más. Su robustez, dinamismo y acceso libre y gratuito, permite a los usuarios registrados descargar los datos, analizarlos y elaborar literatura científica (GISAID, 2021. Permitir un acceso rápido y abierto a los datos de virus epidémicos y pandémicos. Disponible en: <https://www.gisaid.org/about-us/mission/>; Pérez, M. H., Morán, E. G., Abad, D., & Bouza, J. M. E. (2021). GISAID: Iniciativa internacional para compartir datos genómicos del virus de la gripe y del SARS-CoV-2. Revista española de salud pública, (95):79. Disponible en: [https://www.mscbs.gob.es/biblioPublic/publicaciones/recursos\\_propios/resp/revista\\_cdrom/Suplementos/Perspectivas/perspectivas15\\_hernandez\\_garciamoran\\_abad\\_eiros.pdf](https://www.mscbs.gob.es/biblioPublic/publicaciones/recursos_propios/resp/revista_cdrom/Suplementos/Perspectivas/perspectivas15_hernandez_garciamoran_abad_eiros.pdf)).

### **Secuenciación genética: la clave para entender y combatir el nuevo coronavirus Sars-CoV-2**

Para comprender la importancia una TIC como GISAID (Tabla 1), que brinda acceso a datos genéticos en tiempo real es necesario conocer el agente viral causante del COVID-19, el Sars-CoV-2. Este virus se cataloga dentro de la familia Coronaviridae (Gorbalenya, A.E., Baker, S.C., Baric, R.S., de Groot, R.J., Drosten, C., Gulyaeva, A.A., *et al.* (2020). The species Severe acute respiratory syndrome-related coronavirus: classifying 2019-nCoV and naming it SARS-CoV-2. Natural Microbiology, 5:536-544. <https://doi.org/10.1038/s41564-020-0695-z>), caracterizado por su forma esférica o irregular, con un diámetro aproximado de 125 nm y un genoma constituido por ARN de cadena sencilla, con polaridad positiva, y con una longitud aproximada de 30.000 ribonucleótidos (Fehr, A. & Perlman, S. (2015). Coronaviruses: an overview of their replication and pathogenesis. Methods Mol Biol, 1282:1-23. <https://doi.org/10.1007/978-1-4939-2438-7-1>).

Sin embargo, las espículas o glicoproteínas pico (S) que sobresalen de su cápsula han sido el foco de interés de gran parte la comunidad científica, debido a su función clave en la infección de las células del huésped humano. Gracias a la unión de la microscopía electrónica con técnicas criogénicas en ambientes controlados fue posible observar un dominio de unión al receptor desplegado más allá de los bordes externos de algunas espículas, que funcionan como

aristas que se adhieren y rompen de manera más efectiva las membranas celulares del infectado, permitiendo la entrada del contenido viral y su posterior replicación (Figura 2, color verde).



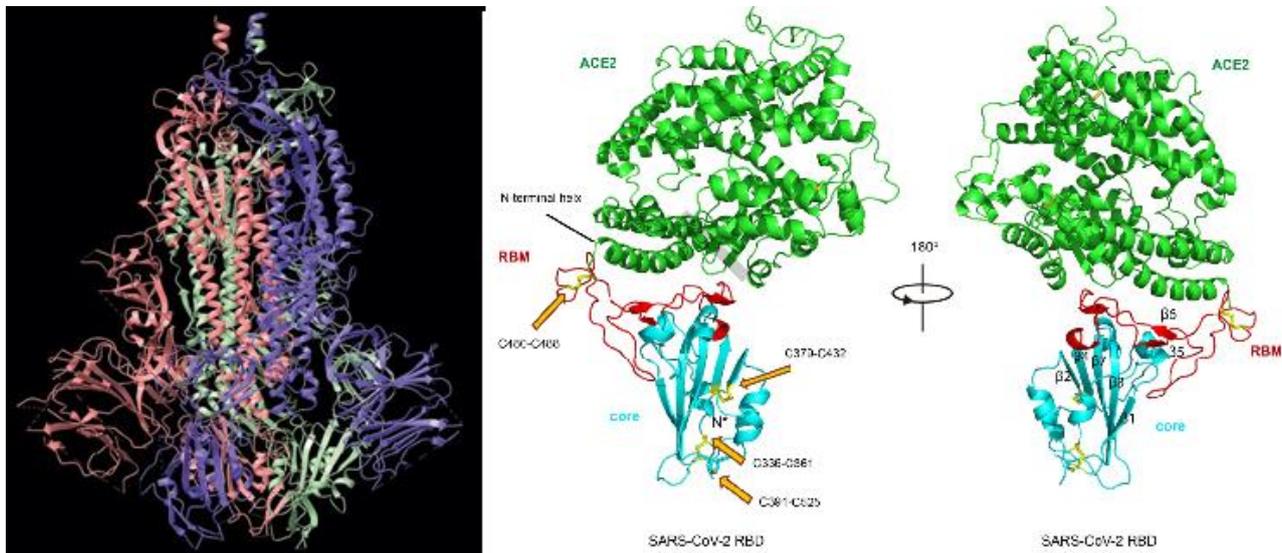
**Figura 2. Modelado de la espícula del Sars-Cov-2 a partir de microscopía crioelectrónica, con énfasis en un dominio de unión al receptor girado hacia arriba en una conformación accesible al receptor**

Fuente: Wrapp, D., Wang, N., Mekia, S., Corbett, K., Goldsmith, J., Hsieh, C., Abiona, O., Graham, B., & McLellan, S. (2020). Cryo-EM structure of the 2019-nCoV spike in the prefusion conformation. *Science*, 367(6483):1260-1263. <https://doi.org/10.1126/science.abb2507>

Partiendo del modelado generado mediante microscopía crioelectrónica (Figura 2), los autores pudieron determinar que esta proteína se une a su receptor común de la célula huésped 10 veces más fuertemente en comparación a la proteína pico de otros coronavirus ya conocidos, como el Sars-CoV (Causante del síndrome respiratorio agudo severo), lo que ayudaría a explicar la alta capacidad contagiosa del Sars-CoV-2 (Wrapp, D., Wang, N., Mekia, S., Corbett, K., Goldsmith, J., Hsieh, C., Abiona, O., Graham, B., & McLellan, S. (2020). Cryo-EM structure of the 2019-nCoV spike in the prefusion conformation. *Science*, 367(6483):1260-1263. <https://doi.org/10.1126/science.abb2507>). No obstante, para comprender a mayor detalle la actividad biológica de las proteínas que forman la espícula es necesario conocer su modelo conformacional, desde su estructura primaria consistente en la secuencia lineal de aminoácidos que forman una cadena polipeptídica, ordenada, de distribución no arbitraria y predeterminadas por el código genético; una cadena simple que se convierte en una estructura secundaria debido a los giros que sufre a consecuencia de la capacidad del carbono para formar puentes de hidrógeno, configurando un alfa helicoidal, que luego converge en una estructura terciaria, denominada beta helicoidal, a través de los puentes de hidrosulfuro que se estabilizan gracias a las fuerzas de vanderbil; posteriormente, se convierte en una estructura cuaternaria globular, que se mantiene estable a través de enlaces iónicos no covalentes. En la investigación tradicional se requieren infraestructura, insumos y personal altamente calificado durante largos períodos de tiempo para comprender una a una estas estructuras proteicas. Y es aquí donde las nuevas tecnologías destacan su valía como herramientas de la investigación científica.

¡A diferencia de las herramientas de secuenciación tradicionales que pueden tardar en proporcionar resultados, hoy es posible la secuenciación de datos en tiempo real mediante algoritmos de inteligencia artificial como **Alphafold** (Tabla 1). De acuerdo a la literatura, este es el primer método computacional que puede predecir con gran regularidad estructuras de proteínas con precisión atómica partiendo únicamente de la secuencia lineal de aminoácidos, incluso en los casos en los que no se conoce una estructura similar (Jumper, J., Evans, R., Pritzel, A., Green, T., Figurnov, M., Ronneberge, O., *et al.* (2021). Highly accurate protein structure prediction with AlphaFold. *Nature*, 596:583–589. <https://doi.org/10.1038/s41586-021-03819-2>), logrando el modelo conformacional de al menos 10 proteínas del proteoma del SARS-CoV-2 a la fecha de esta publicación, convirtiendo un proceso que pudo tardar meses o años en un hallazgo oportuno (Figura 3) (Heo, L. y Feig, M. (2020). Modelización de proteínas del coronavirus 2 del síndrome respiratorio agudo severo (SARS-CoV-2) mediante aprendizaje automático y refinamiento basado en la física. bioRxiv: el servidor de preimpresión para biología, 2020.03.25.008904. <https://doi.org/10.1101/2020.03.25.008904>; Gupta, M. *et*

al. (2021). CryoEM and AI reveal a structure of SARS-CoV-2 Nsp2, a multifunctional protein involved in key host processes. Preprint at <https://doi.org/10.1101/2021.05.10.443524> ).



**Figura 3. Izquierda: Modelo conformacional de la espícula del Sars-Cov-2 obtenido por un algoritmo de inteligencia artificial, AlphaFold. Derecha: Determinación de la unión del coronavirus SARS-CoV-2 al receptor ACE2 de la célula huésped**

Fuente: DeepMind, AlphaFold 2. Disponible en: <https://tinyurl.com/y4hdcbt2>

A comienzos del año 2020, AlphaFold realizó predicciones para algunas de las proteínas del nuevo coronavirus SARS-CoV-2; para una de ellas, ORF3a, que tiene 275 aminoácidos, su predicción acabó siendo casi idéntica a la determinada por criomicroscopía electrónica; en el CASP14 se usó otra proteína del coronavirus, ORF8, con 121 aminoácidos, para la que también se obtuvo una buena predicción (Callaway, E. (2020). 'It will change everything': DeepMind's AI makes gigantic leap in solving protein structures. *Nature*, 588:203-204. <https://doi.org/10.1038/d41586-020-03348-4>)

Otra tecnología computacional que permite analizar datos de secuenciación mediante nanoporos, **MasterOfPores** (MOP) (Tabla 1), es capaz de detectar cualquier modificación de ARN presente en la molécula que se está secuenciando, así como de proporcionar estimaciones de la longitud de la cola de polinivel de moléculas de ARN individuales. Este software gratuito se basa en contenedores de Linux como Docker, y puede ser ejecutado en cualquier sistema operativo compatible con Unix en una computadora, clúster o nube sin requisitos adicionales. MOP utiliza como entrada la secuenciación directa de ARN sin procesar de archivos FAST5, que incluyen entre otras características metadatos de la ejecución de secuenciación y secuencias fasta base. Su flujo de trabajo realiza las funciones de preprocesamiento de datos consistente en llamada de base, control de calidad, demultiplexación, filtrado, mapeo, estimación de abundancias por gen o por transcripción; además del análisis de datos, es decir la predicción de modificaciones de ARN y estimación de longitudes de cola (Cozzuto, L., Huanle, L., Prysycz, L., Pulido, T., Delgado-Tejedor, A., Ponomarenko, J., & Novoa, E.M. (2020). MasterOfPores: A Workflow for the Analysis of Oxford Nanopore Direct RNA Sequencing Datasets. *Frontiers in Genetics*, 11:211. <https://doi.org/10.3389/fgene.2020.00211>; Laboratorio de Epitranscriptómica y Dinámica de ARN Novoa Lab & Centro de Bioinformática BioCore del CRG. (2020). Análisis uniforme de conjuntos de datos de secuenciación de ARN directo de nanoporos de coronavirus y SARS-COV-2 utilizando MasterOfPores. Disponible en: <https://biocorecr.github.io/covid/>)

### Propuesta metodológica

El uso secuencial de la de la plataforma GISAID, que permite extraer formatos FASTA compartidos por la comunidad científica mundial, para su análisis mediante un algoritmo de inteligencia artificial, AlphaFold, y un software innovador de estandarización de análisis de secuencias, MasterOfPores (Tabla 1), permite una metodología viable para obtener resultados de alta validez y fiabilidad, siendo necesarios menos tiempo y recursos al comparar con los métodos tradicionales (Figura 2). Además de su importancia en la lucha contra el COVID-19, se trata de tecnologías en constante desarrollo que permitirán investigar la estructura, variabilidad, mutación y entendimiento de actuales y futuras amenazas etiológicas.

**Tabla 1. tecnologías seleccionadas para la conformación metodológica**

Nombre	Institución	Descripción	Función	Disponible en	Secuencia de uso
GISAID	PREDEMICS & República Federal de Alemania	Plataforma y base de datos	Carga, descarga, comparación y determinación de secuencias de proteínas o nucleótidos en archivos FASTA	<a href="https://www.gisaid.org/epiflu-applications/covsurver-mutations-app/">https://www.gisaid.org/epiflu-applications/covsurver-mutations-app/</a>	1,4
AlphaFold	Google DeepMind & Instituto Europeo de Bioinformática de EMBL	Inteligencia Artificial de código abierto	Predicción de la estructura 3D de una proteína a partir de su secuencia de aminoácidos	<a href="https://alphafold.ebi.ac.uk/">https://alphafold.ebi.ac.uk/</a>	2
MasterOfPores	Centro de Regulación Genómica (CRG)	Software compatible con Unix	Detección de modificaciones de ARN y estimación de la longitud de la cola de polinivel de SARS-CoV-2 mediante nanoporos	<a href="https://biocorecrg.github.io/covid/">https://biocorecrg.github.io/covid/</a>	3

La Tabla 1 describe las funciones y características adicionales del trío tecnológico, proponiendo un orden determinado para la descarga, comparación y determinación de secuencias de proteínas o nucleótidos en archivos FASTA mediante GISAID, la predicción de la estructura 3D de proteínas a partir de su secuencia de aminoácidos en AlphaFold, la detección de modificaciones de ARN y estimación de la longitud de la cola de polinivel mediante nanoporos, y la posterior carga de resultados en GISAID. De esta forma, la nueva metodología aquí propuesta tiene un beneficio dual para los investigadores, que incluye tanto la consulta como la publicación de nuevos hallazgos proteómicos y genéticos.

A la fecha, los resultados estructurales derivados del análisis proteómico del algoritmo AlphaFold, combinados con el análisis de al menos 3 Terabytes de datos de secuenciación mediante nanoporos de ARN de SARS-CoV-2 en MOP, han permitido comprender como ha mutado el virus a lo largo del tiempo, además de ser vitales en la lucha contra la COVID-19, en la investigación y desarrollo de los antígenos que permitan inmunizar a gran parte de la población mundial.

### Agradecimientos

A Dios, mi familia, colegas e institución.

### Conflictos de intereses

Ninguno para declarar