

# Resúmenes de las VI Jornadas de Bioinformática Clínica: Retos de la Ciencia Genómica y Bioinformática, Costa Rica

Autores: Paula Quirós<sup>1,\*</sup>, Rebeca Campos<sup>2</sup>, Jose Vega<sup>3</sup>, Jose Arturo Molina Mora <sup>4</sup>, Consejo Técnico de Bioinformática Clínica (CTBC).

1 Dirección de Investigación y Tecnologías en Salud, del Ministerio de Salud, Costa Rica. Correo: [paula.quirós@misalud.go.cr](mailto:paula.quirós@misalud.go.cr)

2 Centro de Investigación en Biología Celular y Molecular, Universidad de Costa Rica. Costa Rica. Correo: [rebeca.campos@ucr.ac.cr](mailto:rebeca.campos@ucr.ac.cr)

3 Laboratorio Nacional de Nanotecnología (LANOTEC). Correo: [jvegab@gmail.com](mailto:jvegab@gmail.com)

4 Facultad de Microbiología, Centro de Investigación en Enfermedades Tropicales (CIET), y Centro de Investigación en Hematología y Trastornos Afines (CIHATA), Universidad de Costa Rica. Correo: [jose.molinamora@ucr.ac.cr](mailto:jose.molinamora@ucr.ac.cr)

\* Correspondencia: [paula.quirós@misalud.go.cr](mailto:paula.quirós@misalud.go.cr)

## Introducción

Las Jornadas de Bioinformática Clínica es un evento organizado por el Consejo Técnico de Bioinformática Clínica (CTBC), una instancia perteneciente a la Unidad de Tecnologías en Salud de la Dirección de Investigación y Tecnologías en Salud, del Ministerio de Salud de Costa Rica y reglamentado por el decreto N° 40800-S-MICITT. En este evento, realizado anualmente por sexta vez de forma consecutiva, se contó con conferencias de una gran diversidad de investigadores y profesionales del área de la genómica humana, vigilancia de patógenos, enfermedades no transmisibles y análisis de datos.

Así, el 24 y 25 de octubre de 2024, se presentaron un total de 13 exposiciones y el foro Decodificando el futuro: navegando los desafíos en genómica y bioinformática, incluyendo destacados invitados nacionales e internacionales, quienes compartieron

sus conocimientos y experiencias en estas áreas. Los temas abordados incluyeron las condiciones actuales, los retos y las oportunidades en cuanto a la infraestructura y la generación de datos, el uso potencial de la inteligencia artificial, los estudios relacionados con la vigilancia de patógenos, genética humana, bancos de datos, entre otros. Se evidenciaron los avances y aplicaciones en el contexto de la generación masiva de datos, incluyendo datos genómicos y la integración de metadatos a nivel epidemiológico, geográfico y clínico, entre otros.

A este evento asistieron entre 83 y 109 personas, de 210 registradas. Se realizó de forma virtual lo que facilitó la participación de personas de instituciones internacionales de España, Brasil y Estados Unidos, entre otros.

La presente publicación recopila los resúmenes del evento. Como recurso adicional, las grabaciones de las exposiciones están disponibles en el YouTube del CTBC (<https://www.youtube.com/@consejotecnicobioinformati5088>).

## **Sesión 1: Potenciales aplicaciones de la inteligencia artificial en bioinformática y salud**

Ponencia 1: Gente, ética y datos: el puente hacia la inteligencia artificial (Bridge2AI)

Mónica Muñoz Torres

Correo: [monica.munoz-torres@cuanschultz.edu](mailto:monica.munoz-torres@cuanschultz.edu)

Afiliación: Department of Biomedical Informatics, University of Colorado School of Medicine, Estados Unidos de América.

Resumen: Recientemente, los Institutos Nacionales de Salud de los Estados Unidos (NIH) lanzaron un programa llamado "El Puente hacia la Inteligencia Artificial" (Bridge2AI) con el fin de acelerar el uso generalizado de la inteligencia artificial (IA) por parte de las comunidades de investigación en ciencias biomédicas y del comportamiento. El programa Bridge2AI intenta construir un "puente" sobre el cual datos generados de forma ética, inclusiva, e interpretable fluyan hacia estos espacios de investigación de una forma útil para científicos, ingenieros, practicantes de medicina y pacientes. El objetivo del programa es atender al llamado de la comunidad científica sobre la generación de nuevos datos diseñados para investigación biomédica; estas prácticas eventualmente impulsarán modelos modernos de IA y aprendizaje de máquinas (ML) con el fin de facilitar la investigación de punta en este campo. Lo anterior permitirá adelantar una nueva cultura que incluya consideraciones éticas enfocadas en los datos y la creación de una fuerza de trabajo modernizada que

posea el talento necesario para trabajar con este nuevo método para la generación de datos científicos.

Ponencia 2: Inteligencia Artificial: Conceptos y Aplicaciones Clínicas Realizadas en Costa Rica

José Arturo Molina Mora

Correo: jose.molinamora@ucr.ac.cr

Afiliación: Facultad de Microbiología, Centro de Investigación en Enfermedades Tropicales (CIET), y Centro de Investigación en Hematología y Trastornos Afines (CIHATA), Universidad de Costa Rica

Resumen: La inteligencia artificial (IA) es una de las tecnologías disruptivas que se ha sumergido en diferentes ámbitos de la sociedad desde hace décadas, pero se ha visto potenciada en los últimos años. En el contexto médico-biológico, el cual no ha sido ajeno al uso de la IA, existe una diversidad de estudios que incluyen la búsqueda de patrones en grandes bases de datos, incluyendo la identificación de biomarcadores, automatización de procesos, análisis de imágenes y la bioinformática, por citar algunos. En esta charla ahondaremos en los principales conceptos relacionados a las estrategias de análisis de datos con inteligencia artificial, las principales tareas o actividades de análisis, así como aplicaciones de estudios realizados en nuestro país con aplicaciones epidemiológicas, moleculares y de docencia en esta área. En las tareas se incluye el estudio de perfiles por estrategias de agrupamiento, es decir, la formación de grupos basado en la similitud de características, así como la clasificación, para el entrenamiento y la evaluación modelos de predicción de categorías de datos masivos. Estos conceptos se ejemplificarán con estudios locales en concordancia a proyectos de investigación y de aplicaciones en el ámbito clínico. En un primer caso, abordaremos el análisis de datos moleculares de patógenos o de células tumorales para la posible identificación de biomarcadores, con valor para la clasificación de células, diagnóstico, pronóstico y de decisiones terapéuticas. En otro de los ejemplos mostraremos cómo este tipo de análisis ha permitido identificar grupos de pacientes de acuerdo a su sintomatología o perfiles de laboratorio en enfermedades infecciosas, como el caso de COVID-19. Finalmente, mencionaremos los esfuerzos locales y regionales en desarrollo para potenciar el uso de IA en el ámbito médico-biológico.

### Ponencia 3: Modelado generativo de microestructura ósea

Emmanuel Iarussi

Correo: emmanuel.iarussi@utdt.edu

Afiliación: Universidad Torcuato di Tella, Argentina

Resumen: En esta charla se aborda la generación de modelos computacionales de microestructura ósea mediante redes neuronales generativas. El objetivo es obtener representaciones 3D altamente detalladas y controlables de estructuras óseas que permitan la simulación precisa de parámetros como la densidad mineral ósea y el volumen trabecular. Estas técnicas podrían tener un impacto directo en la investigación de patologías óseas, como la osteoporosis, y en el desarrollo de tratamientos más efectivos. La charla cubrirá los avances metodológicos y la arquitectura de los modelos generativos utilizados.

### Ponencia 4: Centro Nacional de Alta Tecnología (CeNAT).

Esteban Meneses

Correo: emeneses@cenat.ac.cr

Afiliación: Centro Nacional de Alta Tecnología, Costa Rica.

Resumen: Los recientes avances en la inteligencia artificial han sido contundentes en demostrar la capacidad de modelos profundos de redes neuronales para resolver algunas de las tareas más complejas en diversos campos. Sin embargo, estos modelos tienen una alta demanda computacional, tanto en hardware como en software. Algunas arquitecturas computacionales se han especializado en ejecuciones de inteligencia artificial, ofreciendo una amplia cantidad de operaciones matemáticas por unidad de tiempo. Paralelamente, se han desarrollado bibliotecas computacionales enfocadas en proveer mecanismos ágiles de programación de modelos profundos de redes neuronales. Ambas dimensiones, hardware y software, hacen retador la construcción de plataformas computacionales orientadas hacia flujos de trabajo de inteligencia artificial. Eso sí, superados estos obstáculos, las aplicaciones de los modelos profundos de redes neuronales para ciencias de la salud tienen un alto potencial de acelerar el descubrimiento y la innovación.

## **Sesión 2: Retos en el estudio y diagnóstico de enfermedades genéticas**

Ponencia 5: Genómica en el diagnóstico y tratamiento de enfermedades raras: retos y experiencia desde la clínica

Tanya Lobo

Correo: tanypradam@gmail.com

Afiliación: Hospital San Juan de Dios, Costa Rica

Resumen: Las enfermedades raras (ER) afectan, en promedio, al 7% de la población mundial y se estima que cada año surgen 250-280 enfermedades nuevas. En Costa Rica, según el Proyecto de Ley expediente N°23.257 de Prevención y Atención Integral de la Salud de las Personas con Enfermedades Raras, que tiene como objetivo mejorar la calidad de vida de los pacientes y sus familias, se considera enfermedad rara aquella cuya frecuencia es menor o igual a 1 de cada 5,000 habitantes, lo que se traduce en al menos 1,040 pacientes a nivel nacional.

A pesar de su baja prevalencia individual, las enfermedades raras son más frecuentes colectivamente y presentan importantes desafíos debido a su alta complejidad. Más del 70% de estas condiciones tienen origen genético y suelen manifestarse durante la infancia. Uno de los principales retos es el tiempo desde el inicio de síntomas hasta el diagnóstico, que puede tardar entre 5 y 7 años. Durante este tiempo, los pacientes consultan múltiples especialistas, enfrentan múltiples diagnósticos y tratamientos inadecuados, con implicaciones emocionales, económicas y en la calidad de vida.

En este contexto, la genómica ha transformado el manejo de las ER, estableciendo diagnósticos más rápidos y precisos, reduciendo pruebas diagnósticas invasivas y costosas, así como, previniendo la prescripción de tratamientos innecesarios. Además, ha permitido identificar hallazgos moleculares en uno de cada cuatro pacientes, lo cual ha facilitado la correlación genotipo-fenotipo al vincular las variaciones genéticas con las manifestaciones clínicas, mejorando el conocimiento en la fisiopatología de estas enfermedades y permitiendo el desarrollo de estudios clínicos más específicos.

A pesar de los avances, persisten grandes desafíos, ya que solo el 5% de las enfermedades raras cuenta con terapias aprobadas. Además, la atención de estas condiciones conlleva altos costos económicos y sociales. En Costa Rica, la Clínica de Enfermedades Raras y Huérfanas del Hospital San Juan de Dios (CERH-HSJD) lidera los esfuerzos para diagnosticar y tratar estas enfermedades en adultos. Se estima que

en CERH, un 67% de los pacientes aún no cuenta con confirmación molecular, lo que resalta la necesidad de seguir avanzando en el uso de la genómica en ER.

Abordar las enfermedades raras requiere un enfoque integral que contemple un abordaje de salud pública, con una visión que favorezca la colaboración entre diversas especialidades. Asimismo, es esencial realizar un esfuerzo significativo en la educación de la población, especialmente en aquellos casos con antecedentes heredofamiliares relevantes. Por último, es crucial garantizar el acceso universal a un diagnóstico molecular oportuno, para facilitar una detección temprana y un manejo adecuado.

Ponencia 6: La paradoja sociosanitaria de las Enfermedades Raras de Origen Genético en América Latina y Costa Rica

Adriana Benavides Lara

Correo: [abenavides@inciensa.sa.cr](mailto:abenavides@inciensa.sa.cr)

Afiliación: Instituto Costarricense de Investigación y Enseñanza en Nutrición y Salud, Costa Rica

Resumen: La paradoja sociosanitaria de las Enfermedades Raras en América Latina y Costa Rica El impacto sociosanitario de las ER es enorme, ya que las personas que las padecen presentan múltiples discapacidades, sus familias enfrentan tiempos de cuidado de 15,7 años en promedio, y costes desproporcionados que lleva a un empobrecimiento familiar. Por otro lado, el acceso a diagnóstico es muy limitado demorando un rango de entre 5 a 30 años para conseguirlo, No existe una adecuada formación y especialización del recurso humano en los servicios sanitarios que las abarquen y atiendan, por lo que los pacientes sufren de una atención desmembrada y poco coordinada entre varios especialistas. Varias de estas enfermedades requieren de medicamentos de elevadísimo costo, algunos considerados como medicamento huérfano, que no se encuentran dentro de las listas oficiales de medicamentos que ofrece el sistema de salud. Por otro lado, la ausencia de protocolos aprobados de tratamiento deriva en retraso del tratamiento y aumento en la mortalidad y discapacidad de las personas con ER. Como mecanismo de acceso al tratamiento se ha creado una política de “judicialización” donde hay colaboración profesional/paciente en la búsqueda de recursos legales para el acceso a medicamentos huérfanos. Estamos entonces ante una paradoja donde las ER despiertan muchísimo más el interés humano que el interés profesional (en investigación, por ejemplo) y las iniciativas para visibilizarlas provienen más de la

sociedad civil que del sistema de salud y gremios profesionales. Hay un enorme debate en el tema de las limitaciones de un SUS (integral-público-universal) vs la creciente percepción pública del Derecho a la Salud como derecho humano.

Ponencia 7: Enfermedades genéticas: retos relacionados con su diagnóstico e investigación

Carlos Santamaria

Correo: csanta@ccss.sa.cr

Afiliación: Hospital Nacional de Niños, Costa Rica

Resumen: El estudio de exoma clínico por secuenciación masiva NGS es una herramienta esencial para el diagnóstico preciso de una serie de patologías complejas y enfermedades raras en niños abordados por distintas especialidades médicas: oncología, neurología, inmunología, genética, endocrinología, oftalmología, cardiología, etc. El diagnóstico oportuno de estas enfermedades es fundamental para orientar el tratamiento de nuestros pacientes, así como determinar su pronóstico y ofrecer la adecuada consejería genética a sus padres y familias.

Ponencia 8: Ciencia de datos en genómica humana: hacia la construcción de un registro de resultados genómicos, colecciones y biobancos de muestras biológicas de Costa Rica

Henriette Raventos Vorst

Correo: henriette.raventos@ucr.ac.cr

Afiliación: Centro de Investigación en Biología Celular y Molecular, Escuela de Biología, Universidad de Costa Rica.

Resumen: En esta charla se presentará un resumen del proyecto para la construcción de un registro de resultados genómicos, colecciones y biobancos de muestras biológicas de Costa Rica. Como es bien sabido, hay un enorme vacío en el conocimiento sobre los factores genéticos que contribuyen a diferentes condiciones humanas en nuestras poblaciones latinoamericanas, incluyendo la de Costa Rica. Aunque este vacío se busca llenar con el establecimiento de nuevos biobancos nacionales públicos en nuestro sistema de salud, no es claro que tan pronto se podrá cumplir con esta meta. Por lo anterior, ya que el país cuenta con una larga tradición en

investigación en genética humana, principalmente en la Universidad de Costa Rica, es posible construir una base de datos con información general de los estudios previos. El fin de este registro es que investigadores de futuros proyectos puedan contactar a las personas responsables de estos estudios previos, para discutir un posible análisis secundario de datos anonimizados, una vez firmados los convenios de colaboración y avalados por los comités de ética respectivos y anonimizados. Se presentarán los antecedentes de este proyecto, la justificación y la estructura preliminar propuesta.

### **Sesión 3: Retos de capacitación y análisis de biobancos**

Ponencia 9: Los datos asociados a la muestra en los biobancos: el ejemplo de RENACER

María Jesús Artiga González

Correo: [mjartiga@cniio.es](mailto:mjartiga@cniio.es)

Afiliación: Centro Nacional de Investigaciones Oncológicas, CNIO, España.

Resumen: Tradicionalmente, los biobancos han actuado como custodios y gestores de muestras biológicas humanas para investigación biomédica. Sin embargo, la información asociada a estas muestras, cada vez más diversa y compleja, se está demostrando tan relevante o más que las propias muestras. Esta información a menudo incluye, no solo datos clínicos, sino información ómica de distinta naturaleza e incluso información de otras fuentes de datos. Mucha de esta información, en gran medida datos de salud, se consideran de especial protección por la normativa europea y española de protección de datos, requiriendo por ello una gestión cuidadosa que garantice todas las medidas de seguridad preceptivas para proteger la confidencialidad de los donantes. Sin embargo, diversas iniciativas nacionales y plurinacionales para compartición de datos para investigación se están poniendo en marcha en los últimos años. Para garantizar el cumplimiento adecuado de los requerimientos ético-legales necesarios, los biobancos son actores clave en esta transición. Discutiremos todas estas cuestiones en el contexto de la gestión de datos en el contexto de la Red Nacional de Metástasis Cerebral (RENACER), así como los retos y oportunidades que suponen para los biobancos.

Ponencia 10: Retos de entrenamiento y capacitación en ciencias computacionales con un poco de perspectiva mujer

Patricia Ordóñez

Correo: patti.ordonez@umbc.edu

Afiliación: Department of Information Systems, University of Maryland, Estados Unidos de América

Resumen: Las disparidades de salud, educación y finanzas se aumentan más cada día con las innovaciones disruptivas de la tecnología. En esa charla tomaremos el tema del entrenamiento y capacitación en ciencias computacionales a nivel universitario y en literacia digital al nivel comunitario para reducir la brecha. Se discutirá los retos asociados con estos métodos en un piloto en Puerto Rico y otro en Maryland desde la perspectiva de una mujer.

#### **Sesión 4: Una salud: enfoques genómicos en parasitología y vigilancia de enfermedades**

Ponencia 11: Estudio filogenético de parásitos desde la perspectiva One Health: avances y limitaciones en la era genómica

Alicia Rojas Araya

Correo: anaalicia.rojas@ucr.ac.cr

Afiliación: Departamento de Parasitología, Facultad de Microbiología, Universidad de Costa Rica

Resumen: Tradicionalmente, los parásitos se han caracterizado según sus rasgos morfológicos mediante claves dicotómicas. Este enfoque implica una gran experiencia microscópica y taxonómica y, por lo general, se puede lograr después de años de entrenamiento. En las últimas dos décadas ha ocurrido un avance importante en la obtención de información genética de helmintos de importancia médica y veterinaria, facilitado en gran parte por con la amplificación de loci mitocondriales y ribosómicos. Además, los ensayos moleculares han proporcionado información adicional sobre la epidemiología, la historia evolutiva y la dinámica de transmisión de los agentes parasitarios. Sin embargo, un enfoque exclusivamente morfológico puede ignorar posibles especies crípticas o genotipos parasitarios epidemiológicamente relevantes. Por otro lado, el uso exclusivo de datos moleculares puede conducir a una caracterización taxonómica inexacta, dado que algunos grupos de parásitos están subrepresentados en las bases de datos genéticas o porque algunos especímenes se asignan incorrectamente cuando se depositan en GenBank. Se muestran varios

ejemplos que resaltan que, si bien los métodos basados en ADN se han vuelto más accesibles y fáciles de interpretar, la caracterización morfométrica tradicional no puede relegarse. A esto se suma la dificultad técnica en obtener genomas completos de helmintos, lo cual impide comprender a fondo la diversificación de las especies, el desarrollo de resistencia a anti-helmínticos y la fisiopatología involucrada en las infecciones. El uso de una taxonomía integrativa que considere caracteres morfológicos, secuencias de ADN, histopatología y su ecología garantizará que el diagnóstico y la investigación de los helmintos parásitos sigan siendo precisos y sostenibles.

Ponencia 12: Implementación del proceso de Vigilancia genómica de Dengue en Costa Rica

Estela Cordero Laurent

Correo: [ecordero@inciensa.sa.cr](mailto:ecordero@inciensa.sa.cr)

Afiliación: Instituto Costarricense de Investigación y Enseñanza en Nutrición y Salud, Costa Rica

Resumen: La estrategia mundial de vigilancia genómica de patógenos con potencial pandémico y epidémico (OMS) busca fortalecer los sistemas de salud pública aprovechando las capacidades desarrolladas en respuesta a la COVID-19 en el abordaje de otras enfermedades infecciosas. En este escenario, considerando la importancia epidemiológica del dengue en Costa Rica, el Inciensa con apoyo de la OPS incorporó al DENV dentro del proceso de vigilancia genómica. Esto implicó estandarizar los procedimientos de laboratorio (realizando modificaciones al protocolo del kit Illumina-CovidSeq™) y el análisis bioinformático. Se evaluó el desempeño de cinco estrategias de ensamblaje (Pipeline local, DENVpipeline, Consensus-Genome-Pipeline-CZID, Dragen Microbial Enrichment y Genome-detective). Utilizando el criterio 3C, se encontró que todas las herramientas generaron genomas de calidad para vigilancia genómica, pero que los genomas obtenidos con Dragen Microbial Enrichment V1.0.0 no fueron tipificados correctamente y que las filogenias reconstruidas con estos genomas no presentaban la tipología esperada, desaconsejando su uso para este fin; recientemente se ha desarrollado una nueva versión Dragen que presenta buen desempeño. Los primeros datos generados demostraron la introducción en el país del DENV3 genotipo III 3B (linaje -AmericanII) y del DENV2 genotipo II-Cosmopolita. Se confirmó la necesidad de evaluar y validar los análisis de laboratorio y bioinformáticos para garantizar la calidad de los genomas

producidos asegurando su correcta interpretación en aplicaciones posteriores, así como la importancia de contextualizar los resultados con la dinámica epidemiológica de cada microorganismo.

Ponencia 13: Impacto de la contaminación urbana en la diversidad de plásmidos con genes de resistencia a antibióticos en la subcuenca del río Virilla

Bradd Mendoza Guido

Correo: bradd.mendoza@ucr.ac.cr

Afiliación: Instituto de Investigaciones en Salud, Universidad de Costa Rica

Resumen: La contaminación del agua representa una preocupación mundial creciente. La exposición de bacterias ambientales a contaminantes puede acelerar la diseminación de genes de resistencia a antibióticos (ARG-antimicrobial resistance genes) al promover la transferencia horizontal de genes (HGT-horizontal gene transfer). En este estudio, tomamos muestras de tres lugares a lo largo de un gradiente de contaminación del río Virilla, concentrándonos en aislar Enterobacteriaceae de aguas superficiales. Se secuenciaron los genomas de 15 aislamientos (cinco por sitio) para identificar ARG y plásmidos y evaluar su resistencia a múltiples antibióticos. A través de una combinación de análisis bioquímicos, serológicos y de genoma completo, determinamos que la mayoría de los aislamientos pertenecen a *Escherichia coli* (8 aislamientos), y otros se identificaron como *Klebsiella* (6 aislamientos) y *Citrobacter* (1 aislamiento). Los aislamientos del sitio con los niveles más altos de contaminación (Sitio 3) albergaron una mayor cantidad de ARG, plásmidos y fenotipos de resistencia. Cabe destacar que *E. coli* A231-12 mostró resistencia a siete antibióticos, con evidencia que sugiere que esta resistencia es conferida por un solo plásmido, pAA998, que lleva 12 ARG. Además, este plásmido contiene un integrón de clase 1, que puede facilitar la diseminación de estos ARG. El análisis filogenético del plásmido reveló su estrecha relación evolutiva con otros plásmidos IncH, lo que subraya su carga de ARG inusualmente alta a pesar de estar aislado de un entorno natural. Otros plásmidos identificados en nuestros aislamientos portaban genes *sul* y *dfrA*, que confieren resistencia a trimetoprima/sulfametoxazol, una combinación de antibióticos comúnmente prescrita en entornos clínicos. Estos hallazgos subrayan la importancia de ampliar la investigación sobre el nexo entre la contaminación y la resistencia a los antimicrobianos en los ecosistemas acuáticos para obtener conocimientos más profundos sobre la dinámica de la resistencia entre las bacterias ambientales.

## **Integración y conclusiones**

Las VI Jornadas de Bioinformática Clínica abordaron una amplia gama de temas en el análisis de datos biológicos. Incluyó aplicaciones de la inteligencia artificial (IA) en la bioinformática y la salud, desafíos en el diagnóstico y tratamiento de enfermedades genéticas, la importancia de los biobancos y la vigilancia genómica de enfermedades infecciosas. Además, se discutieron los avances en la integración de datos genómicos, epidemiológicos y clínicos, así como los retos éticos y técnicos asociados con la generación y el uso de datos biomédicos. Más detalles del escenario y contexto que ha tenido la Bioinformática en Costa Rica puede ser consultado en el trabajo por (Campos, et. al 2021).

Así, este resumen no solo ofrece una visión general de los avances más recientes en bioinformática y genómica, sino que también destaca los desafíos y oportunidades que enfrenta la comunidad científica en estos campos. Es una lectura esencial para investigadores, profesionales de la salud y cualquier persona interesada en el futuro de la medicina genómica y la bioinformática en Costa Rica y en la región Latinoamericana.

## **Referencias**

Campos-Sánchez, R., Flores-Cruz, A., Molina-Mora, J. A., Mora, R., Rodríguez, C., Gatica, A., & Guzmán-Verri, C. (2021). Avances de la bioinformática en Costa Rica: vista retrospectiva y perspectivas. *Revista de Biología Tropical*, 69(4), 1204–1223. <https://doi.org/10.15517/rbt.v69i4.46873>