

# SotoPacco\_Franklin-EnsayoFinal

*by* FRANKLIN SOTO PACCO

---

**Submission date:** 28-Jun-2021 09:46AM (UTC-0500)

**Submission ID:** 1613323668

**File name:** IF-U3-BIO.pdf (80.54K)

**Word count:** 649

**Character count:** 3462

## FUNDAMENTOS DE BIOINFORMÁTICA

### ENSAYO - BIOINFORMÁTICA APLICADA

Apellidos y nombres: Soto Pacco, Franklin

Fecha: 2021/06/28

1. Área de investigación:

**Bioinformatics Databases**

2. Área temática para el ensayo:

**Use and Care of the Bioinformatic Database**

3. Idea central del ensayo (tesis):

**Tomando la base de datos de información biológica de todos los laboratorios de investigación y experimentación con los cuales los demás científicos trabajan en todo el mundo.**

4. Título propuesto para el ensayo:

**El correcto uso y el buen almacenamiento de los datos biológicos para seguir apoyando a la comunidad de investigación biológica.**

5. Propuesta de argumentación:

La gran necesidad de obtener datos confiables y correctos sin daños en él envío y que se sigan actualizando periódicamente ha sido la labor y refugio de los laboratorios de investigación, esto se debe a la gran cantidad de profesionales y las herramientas cada vez más capaces en las cuales confían para su procesamiento y posterior almacenamiento, con ello hacer uso de estos en los diferentes rubros de especialización biológica y médica, con esta información es útil para el estudio y para la nueva generación de datos para resolver problemas médicos más recientes o la captación de recursos biológicos a través de estas.

Como bien se sabe, la integridad y privacidad de estos datos siempre se verá perjudicada por el error humano o el daño de terceros, esto se ve reflejada en el uso de aplicaciones y de herramientas tecnológicas para la protección y almacenamiento de estos datos.

Se toma en cuenta el uso de las tecnologías, pero sin despreciar la capacidad de los profesionales a la hora de tomar ruta al uso de estas tecnologías para su mejor uso en los centros de investigación, estos se

pueden tomar en varias etapas para el mejor desenvolvimiento de la temática a tratar mediante pequeñas sesiones y reuniones estratégicas.

Se toma en cuenta las diferentes herramientas desarrolladas que ayudaron anteriormente a estos procesos, por ejemplo, desarrollaron la bioNerDS, que ayuda en la recuperación de software y data bioinformática aplicando a artículos de texto en BMC Bioinformatics y Genome Biology.

Como estos profesionales van aprendiendo el uso de nuevas aplicaciones y herramientas tecnológicas, siendo posible el trabajo con materiales más frágiles verificando que los datos no se vean alterados o dañados en el mejor de los casos, así mostrando una mejor capacidad en el estudio y con ello despertando nuevos métodos de estudio y desarrollo biológico.

#### 6. Conclusión

El estudio y la verificación de diferentes artículos me abre la puerta a mas avances en mi aprendizaje a medida que se siga investigando estos temas cada vez más actualizados en los diferentes repositorios de diferentes centros de investigación.

Con algunas herramientas a usar en este campo, se puede acceder de manera mas sencilla de identificar nombres de recursos en grandes cantidades de datos y con esto investigar la tasa de cambio de uso de los recursos, y la mayoría de ellos están disponibles en sitios definidos.

#### 7. Referencias bibliográficas (artículos científicos):

- 1 Muhammad Naveed, Erman Ayday, Ellen W. Clayton, Jacques Fellay, Carl A. Gunter, Jean-Pierre Hubaux, Bradley A. Malin, and Xiaofeng Wang. 2015. Privacy in the Genomic Era. ACM Comput. Surv. 48, 1, Article 6 (September 2015), 44 pages.  
DOI:<https://doi.org/10.1145/2767007>
- 2 Caswell J, Gans JD, Generous N, Hudson CM, Merkley E, Johnson C, Oehmen C, Omberg K, Purvine E, Taylor K, Ting CL, Wolinsky M and Xie G (2019) Defending Our Public Biological Databases as a Global Critical Infrastructure. Front. Bioeng. Biotechnol. 7:58. doi: [10.3389/fbioe.2019.00058](https://doi.org/10.3389/fbioe.2019.00058)

- <sup>1</sup> Duck, G., Nenadic, G., Brass, A. et al. bioNerDS: exploring bioinformatics' database and software use through literature mining. BMC Bioinformatics 14, 194 (2013). <https://doi.org/10.1186/1471-2105-14-194>
- <sup>1</sup> Rouchka, E.C., Chariker, J.H., Harrison, B.J. et al. Proceedings of the 15th Annual UT-KBRIN Bioinformatics Summit 2016. BMC Bioinformatics 17, 297 (2016). <https://doi.org/10.1186/s12859-016-1154-y>

# SotoPacco\_Franklin-EnsayoFinal

## ORIGINALITY REPORT

24%  
SIMILARITY INDEX

24%  
INTERNET SOURCES

20%  
PUBLICATIONS

13%  
STUDENT PAPERS

## PRIMARY SOURCES

1 [bmcbioinformatics.biomedcentral.com](http://bmcbioinformatics.biomedcentral.com) 10%  
Internet Source

2 [www.frontiersin.org](http://www.frontiersin.org) 7%  
Internet Source

3 [yoksis.bilkent.edu.tr](http://yoksis.bilkent.edu.tr) 7%  
Internet Source

Exclude quotes Off

Exclude bibliography On

Exclude matches Off