# Open Innovation Model for Regional Genomic Surveillance Led by Public Universities: Operational Architecture and Data Governance

Yolly Molina[1]; Patricia Soriano[2]; Saulo Romero[3]
[1,3]Universidad Nacional Autónoma de Honduras, Honduras, *yolly.molina@unah.edu.hn, saulo.romero@unah.edu.hn*
[2]Ministerio Público de Honduras, Honduras, *paty.soriano@yahoo.com*

***Abstract–*** ***Genomic surveillance has become a strategic capability for detecting emerging pathogens, monitoring antimicrobial resistance, and supporting timely public health decisions. However, many regions with public universities and qualified laboratories still lack a sustainable operating model that connects sequencing capacity, bioinformatics, data governance, and territorial decision making. This paper proposes an open innovation model for regional genomic surveillance led by public universities. The model was developed through a design science approach based on global genomic surveillance strategies, regional experience in Latin America, data stewardship principles, and recent Honduran genetic population studies. The proposed framework integrates six components: university coordination, distributed laboratories, reproducible bioinformatics, governed data repositories, public health translation, and training and benefit sharing. These modules are complemented by a four-layer data governance scheme with three access levels, a Regional Genomic Readiness Index, and a five-phase, 24-month implementation roadmap. The result is a feasible operating architecture for transforming isolated genomic projects into a regional, auditable, and ethically governed surveillance network. The model is intended as a strategic framework for gradual adaptation rather than as an immediate solution.***

***Keywords-- genomic surveillance, open innovation, public universities, data governance, bioinformatics.***

.

# Modelo abierto de innovación para vigilancia genómica regional desde universidades públicas: arquitectura operativa y gobernanza de datos

Yolly Molina[1]; Patricia Soriano[2]; Saulo Romero[3]
[1,3]Universidad Nacional Autónoma de Honduras, Honduras, *yolly.molina@unah.edu.hn, saulo.romero@unah.edu.hn*
[2]Ministerio Público de Honduras, Honduras, *paty.soriano@yahoo.com*

***Resumen–*** ***La vigilancia genómica se ha convertido en una capacidad estratégica para detectar patógenos emergentes, monitorear resistencia antimicrobiana y orientar decisiones oportunas de salud pública. No obstante, muchas regiones con universidades públicas, laboratorios especializados y experiencia científica acumulada carecen de un modelo sostenible que conecte secuenciación, bioinformática, gobernanza de datos y acción territorial. Este artículo propone un modelo abierto de innovación para vigilancia genómica regional coordinado desde universidades públicas. El diseño, basado en el enfoque de ciencia del diseño se fundamentó en una revisión aplicada de estrategias globales, experiencia latinoamericana de redes genómicas, principios de gestión responsable de datos y estudios genéticos poblacionales recientes de Honduras. El modelo integra seis componentes operativos: coordinación universitaria, red distribuida de laboratorios, bioinformática reproducible, repositorio gobernado, traducción sanitaria y formación y retorno de beneficios. Como resultado, se presenta una arquitectura institucional, una matriz de gobernanza de datos y una hoja de ruta de implementación. Estos módulos se complementan con una gobernanza de datos en cuatro capas y tres niveles de acceso, un Índice Regional de Preparación Genómica (IGR) y una hoja de ruta de cinco fases en 24 meses La propuesta ofrece una vía factible para convertir proyectos genómicos aislados en una red regional auditable, interoperable, éticamente gobernada y orientada a decisiones públicas. Se plantea como un marco estratégico de adaptación gradual y no como una solución inmediata.***

***Palabras clave--*** ***vigilancia genómica, innovación abierta, universidades públicas, gobernanza de datos, bioinformática.***

## I. Introducción

La vigilancia genómica dejó de ser una actividad excepcional de investigación para convertirse en una función esencial de los sistemas modernos de salud pública. La estrategia mundial de la Organización Mundial de la Salud (OMS) para patógenos con potencial epidémico y pandémico plantea que todos los Estados miembros deben disponer de acceso oportuno a secuenciación genómica hacia 2032 [1]. Este objetivo no se reduce a comprar equipos. Requiere rutas de muestreo, control de calidad, bioinformática, gobernanza de datos, intercambio responsable de información y mecanismos institucionales que conviertan los hallazgos moleculares en decisiones sanitarias.

La creación de la International Pathogen Surveillance Network (IPSN) refuerza esta visión al promover una red global de actores de genómica de patógenos que mejore acceso, equidad y toma de decisiones en salud pública [2]. En América Latina y el Caribe, la Organización Panamericana de la Salud (OPS) ha impulsado redes regionales de vigilancia genómica, hoy articuladas bajo PAHOGen, con énfasis en secuenciación, análisis oportuno y apoyo a los sistemas de vigilancia [3]. La experiencia de la red regional para COVID 19 mostró que la cooperación entre países, laboratorios públicos y organismos técnicos podía acelerar la producción de datos genómicos y fortalecer la respuesta regional [4].

La vigilancia genómica no puede restringirse al ámbito clínico humano. El enfoque One Health reconoce que la salud humana, animal y ambiental están interconectadas y que aproximadamente el 60 % de las enfermedades infecciosas emergentes son zoonóticas [5]. En América Latina, la OPS ha impulsado la detección de influenza aviar A(H5N1) mediante talleres de diagnóstico avanzado con laboratorios de 19 países, incluyendo pruebas en muestras de leche, bajo el principio de que la vigilancia en la interfaz humano-animal es indispensable para la preparación ante emergencias [6]. LA diseminación del virus H5N1, que entre marzo de 2024 y abril de 2025 alcanzó 1,000 hatos lecheros en Estados Unidos [7], subraya la urgencia de integrar secuenciación genómica en la interfaz animal-humano-ambiental. Un modelo regional como el que proponemos debe diseñarse con capacidad multidominio desde su concepción, permitiendo la secuenciación de muestras clínicas, veterinarias, entomológicas y ambientales bajo protocolos y gobernanza compartidos.

El problema para Centroamérica no es únicamente técnico. La baja capacidad regional de vigilancia genómica expresa una combinación de fragmentación institucional, dependencia de cooperación externa, debilidad en bioinformática, financiamiento intermitente y gobernanza insuficiente sobre datos sensibles. Un estudio reciente sobre Centroamérica y República Dominicana reportó que Honduras acumuló 287 muestras secuenciadas de SARS-CoV-2 hasta enero de 2023, con 0,06 % de casos secuenciados, proporción menor que la de Costa Rica y Panamá, países que lideraron procesos regionales de secuenciación y transferencia de capacidades [8]. Esta brecha ilustra que la vigilancia genómica debe diseñarse como infraestructura regional sostenida y no como una reacción temporal frente a emergencias.

A escala global, las inequidades persisten. Smith et al. documentaron que entre 2020 y 2025, 91.5 % de las secuencias de SARS-CoV-2 depositadas en la Iniciativa Global para el Intercambio de Todos los Datos sobre la Gripe (GISAID) por países con clasificación de ingreso procedía de países de ingresos altos, mientras que los países de ingresos bajos aportaban apenas el 0.1 % [9]. Este patrón implica un riesgo científico y político, porque las variantes pueden circular sin ser detectadas en territorios con menor capacidad, y luego ser interpretadas tardíamente desde centros externos. La vigilancia genómica, por tanto, debe concebirse como un bien público regional con soberanía técnica, interoperabilidad internacional y retorno verificable de beneficios.

Más allá de las emergencias respiratorias, la vigilancia genómica es esencial para las enfermedades tropicales desatendidas que afectan de manera desproporcionada a América Latina. La secuenciación genómica permite rastrear variantes, monitorear resistencia a fármacos y anticipar brotes en patógenos como Leishmania, dengue, chikungunya y Mycobacterium tuberculosis. Estudios recientes en Brasil han utilizado secuenciación para analizar dinámicas de transmisión de tuberculosis en prisiones e identificar la circulación simultánea de dengue y chikungunya, informando respuestas de salud pública diferenciadas [10]. Estas experiencias demuestran que un modelo de vigilancia genómica regional debe contemplar un portafolio de patógenos prioritarios, no únicamente virus respiratorios.

Este artículo propone un modelo abierto de innovación para vigilancia genómica regional desde universidades públicas. La premisa central es que las universidades pueden actuar como integradoras neutrales de capacidades, vinculando laboratorios, ministerios de salud, comunidades, comités de ética, proveedores tecnológicos y plataformas internacionales. El producto esperado es un modelo operativo acompañado de gobernanza de datos, que puede adaptarse gradualmente por redes universitarias, sistemas nacionales de vigilancia y alianzas de cooperación. El artículo se organiza así: la sección II expone el fundamento conceptual; la sección III describe el método de diseño y el IGR; la sección IV presenta el modelo MIVIGEN RED y su flujo operativo; la sección V detalla la gobernanza de datos; la sección VI propone la hoja de ruta; y las secciones VII a IX abordan los retos de implementación, las limitaciones y las conclusiones.

## II. Fundamento conceptual

La innovación abierta, formulada por Chesbrough como el uso deliberado de flujos internos y externos de conocimiento para acelerar la innovación, ofrece una base útil para entornos donde ninguna institución posee por sí sola todos los recursos necesarios [11]. En vigilancia genómica, este enfoque permite combinar muestras clínicas o ambientales del sistema sanitario, capacidad de secuenciación de laboratorios públicos, análisis bioinformático universitario, interpretación epidemiológica, infraestructura digital y canales de decisión de autoridades sanitarias.

La gobernanza de datos es el eje que diferencia una red científica confiable de una acumulación de archivos moleculares. Los principios FAIR establecen que los datos deben ser localizables, accesibles, interoperables y reutilizables [12]. Sin embargo, en contextos con pueblos indígenas, poblaciones afrodescendientes o datos territorialmente sensibles, la apertura no puede ser automática ni desvinculada de derechos colectivos. Los principios CARE complementan FAIR al introducir beneficio colectivo, autoridad para controlar, responsabilidad y ética como dimensiones de la gobernanza de datos indígenas y comunitarios [13].

En el ámbito de datos genómicos humanos y de salud, el marco de la Global Alliance for Genomics and Health (GA4GH) subraya la necesidad de compartir datos de manera responsable, con atención a derechos humanos, privacidad, no discriminación y justicia procedimental [14]. Para datos de patógenos, la OMS ha recomendado atributos y principios de plataformas de intercambio genómico que cubren dimensiones técnicas, éticas y de gobernanza para una compartición efectiva, oportuna y equitativa [15]. La propuesta de este artículo adopta esa convergencia: apertura científica, control proporcional al riesgo, trazabilidad de uso, seguridad y participación de los actores afectados.

Honduras ofrece un caso pertinente para justificar el papel de las universidades públicas en esta transición. En años recientes se han publicado estudios genéticos poblacionales de grupos Lenca, Tawahka, Garífuna, Pech y Negro Inglés, con generación de bases de referencia por marcadores STR y participación de instituciones públicas, universitarias y forenses [16]-[20]. Aunque estos trabajos no corresponden a vigilancia de patógenos, demuestran capacidades locales en recolección ética, procesamiento molecular, análisis estadístico, publicación internacional y discusión sobre bases poblacionales específicas. Ese capital científico puede ser reorganizado hacia una plataforma regional de vigilancia genómica multipropósito.

La inteligencia artificial (IA) está transformando la bioinformática aplicada a vigilancia genómica. Los algoritmos de aprendizaje profundo permiten la asignación rápida de linajes (clasificación de un genoma en su variante o grupo genético), la predicción de variantes de interés, la detección automatizada de brotes a partir de datos genómicos y la identificación de marcadores de resistencia antimicrobiana. Un estudio reciente en la Universidad de Pittsburgh demostró que la integración de IA con vigilancia genómica en tiempo real (EDS-HAT) permite identificar rutas de transmisión nosocomial con precisión comparable a la revisión manual por expertos, reduciendo significativamente los tiempos de respuesta [21]. En América Latina, donde el personal con entrenamiento en bioinformática es escaso, las herramientas de IA pueden reducir la barrera técnica y democratizar el análisis, siempre que se implementen con estándares de

validación y reproducibilidad. Por ello, el modelo descrito en la sección IV incorpora la IA como apoyo del módulo de bioinformática, sujeta a validación local frente a métodos de referencia.

La sostenibilidad financiera debe considerarse desde el diseño. Khoo et al. plantean que sostener y expandir la genómica de patógenos exige casos de inversión nacionales que conecten beneficios de salud pública, madurez del sistema, costos y rutas escalonadas [22]. En consecuencia, el modelo aquí propuesto evita depender de una compra única de equipos. En cambio, estructura una red modular, con servicios compartidos, nodos de bioinformática, estándares de calidad y decisiones de inversión por fase.

## III. Materiales y métodos

El estudio siguió un enfoque de ciencia del diseño aplicado. No se realizó recolección primaria de muestras ni análisis de datos individuales. La unidad de diseño fue un modelo operativo regional para vigilancia genómica, entendido como una arquitectura institucional, tecnológica y normativa capaz de producir resultados utilizables por autoridades sanitarias y comunidades. El proceso incluyó cuatro pasos: revisión orientada de literatura y documentos institucionales, identificación de brechas regionales, construcción del modelo y definición de indicadores de implementación.

La revisión consideró documentos de OMS, OPS, redes regionales, principios FAIR, CARE y GA4GH, así como literatura reciente sobre desigualdades de vigilancia genómica, inversión en genómica de patógenos y estudios genéticos poblacionales realizados en Honduras. Los documentos se seleccionaron por pertinencia operacional, existencia verificable, actualidad y utilidad para el diseño de gobernanza. La inclusión de estudios poblacionales hondureños respondió a su valor como evidencia de capacidad científica local, no como fuente de vigilancia epidemiológica de patógenos.

Una modalidad de vigilancia con alto potencial para redes universitarias es la vigilancia genómica basada en aguas residuales. Esta aproximación permite la detección no invasiva y costo-efectiva de patógenos a nivel poblacional, sin depender exclusivamente de muestras clínicas individuales. El Sistema Nacional de Vigilancia de Aguas Residuales de los Centros de Control de Enfermedades (CDC) ha demostrado la capacidad de rastrear variantes de SARS-CoV-2 mediante herramientas bioinformáticas de código abierto como Aquascope, detectando la emergencia de variantes como JN.1 semanas antes de su confirmación clínica [23]. La OMS ha publicado lineamientos para la vigilancia de uno o múltiples patógenos en aguas residuales, promoviendo su integración en sistemas nacionales de vigilancia con enfoque multipatógeno [24]. En el contexto centroamericano, donde la cobertura de diagnóstico clínico puede ser limitada, la vigilancia genómica ambiental ofrece una vía complementaria que las universidades públicas están en posición de implementar dado su acceso a laboratorios de microbiología ambiental e ingeniería sanitaria.

El diseño se orientó por cinco criterios. Primero, factibilidad institucional, porque las universidades públicas deben coordinar sin sustituir la rectoría sanitaria. Segundo, modularidad, para permitir implementación con capacidades heterogéneas. Tercero, interoperabilidad, mediante estándares de metadatos, control de versiones y repositorios compatibles con plataformas internacionales. Cuarto, ética proporcional al riesgo, diferenciando datos abiertos, controlados y restringidos. Quinto, retorno de valor, asegurando que la producción genómica derive en informes, alertas, capacitación y decisiones territoriales.

Como herramienta de evaluación se propuso un Índice Regional de Preparación Genómica (IGR), útil para línea de base y seguimiento trimestral. El índice combina cinco dominios: secuenciación, tiempo de respuesta, calidad analítica, gobernanza de datos y traducción sanitaria. Su forma inicial es:

$$IGR = 0.25S + 0.20T + 0.20Q + 0.20D + 0.15G \quad (1)$$

donde S representa capacidad de secuenciación, T representa oportunidad de respuesta, Q representa calidad y reproducibilidad, D representa gobernanza de datos, y G representa uso de resultados en decisiones públicas. Cada dominio se puntúa de 0 a 100 con rúbricas auditables (Tabla I). El IGR no pretende sustituir evaluaciones externas de calidad, sino ofrecer una métrica simple para gestión de red.

Los pesos fueron asignados priorizando capacidad de secuenciación (0.25) como habilitante necesario, seguido de dominios con peso equivalente (0.20) y traducción sanitaria (0.15) como dimensión emergente. La lógica es secuencial: sin secuenciación operativa los demás dominios no generan valor, mientras que oportunidad, calidad y gobernanza son condiciones de igual rango para que un genoma sea utilizable, en correspondencia con los objetivos de acceso, calidad, oportunidad e intercambio de datos de la estrategia mundial de la OMS [1]. La traducción sanitaria recibe menor peso en la línea de base porque en las fases 0 y 1 de la hoja de ruta; aún hay pocos productos que trasladar a decisiones, y ponderarla más penalizaría a los nodos incipientes; su peso deberá aumentar a medida que la red madure. Cuando no existe base empírica para diferenciar ponderaciones, la metodología de indicadores compuestos admite partir de pesos cercanos a la equiponderación y ajustarlos después por consenso experto [25]; los valores propuestos se apartan de ella en solo 0.05.

Sin embargo, estos pesos deben considerarse iniciales y calibrarse mediante consulta con paneles de expertos regionales usando método Delphi o análisis multicriterio. La sensibilidad del IGR a variaciones en los pesos debe evaluarse durante el piloto, recalculando el índice con variaciones de

±0.05 en cada peso. La Tabla I presenta, como ejemplo, la rúbrica del dominio S; los demás dominios siguen la misma estructura de cinco niveles.

TABLA I
RÚBRICA AUDITABLE DEL DOMINIO S (CAPACIDAD DE SECUENCIACIÓN)

| Puntuación | Criterio (deben cumplirse todos los elementos) |
|---|---|
| 0-20 | Sin secuenciador operativo; todas las muestras se secuencian fuera de la red |
| 21-40 | Secuenciador operativo; menos de una corrida de vigilancia por trimestre |
| 41-60 | Al menos una corrida trimestral de un patógeno prioritario; control de calidad interno documentado |
| 61-80 | Al menos una corrida mensual de dos o más patógenos prioritarios; control de calidad interno documentado |
| 81-100 | Al menos una corrida semanal de tres o más patógenos prioritarios; evaluación externa de calidad aprobada en el último año |

Nota: se asigna el nivel más alto cuyos elementos se cumplen en su totalidad, con la puntuación del punto medio del intervalo (10, 30, 50, 70 o 90). Corrida: ciclo completo de secuenciación. Los otros dominios usan cinco niveles análogos anclados en un indicador verificable: T, mediana de días entre toma de muestra y reporte; Q, porcentaje de genomas que superan los umbrales de calidad; D, porcentaje de conjuntos de datos clasificados por nivel de acceso y auditados; G, proporción de informes utilizados en decisiones documentadas.

## IV. RESULTADOS

El modelo propuesto, denominado MIVIGEN RED, organiza la vigilancia genómica como una red universitaria abierta con rectoría sanitaria, control ético y servicios compartidos. Su lógica es que la universidad pública coordina investigación, capacitación, bioinformática y evaluación, mientras que la autoridad sanitaria define prioridades, interpreta riesgos y activa decisiones. Los laboratorios participantes conservan su autonomía técnica, pero operan bajo protocolos comunes, acuerdos de calidad y reglas uniformes de datos.

La Fig. 1 resume la arquitectura institucional. El nodo universitario coordinador no actúa como propietario exclusivo de datos, sino como integrador de capacidades. Su función es convocar actores, mantener estándares, capacitar equipos, administrar repositorios, ejecutar análisis reproducibles y apoyar tableros de decisión. Los laboratorios de salud pública aportan muestras priorizadas y secuenciación. Las comunidades y comités de ética aseguran legitimidad y protección de derechos. Las plataformas regionales y globales permiten comparación externa, vigilancia transfronteriza y contribución al bien público científico.

El flujo operativo inicia con priorización de muestras clínicas, ambientales o entomológicas según objetivos de vigilancia. Luego se realiza extracción, preparación de bibliotecas (fragmentos de material genético listos para secuenciar), secuenciación, control de calidad, ensamblaje o mapeo (reconstrucción del genoma a partir de las lecturas), asignación de linajes, análisis filogenético cuando aplique, interpretación epidemiológica y reporte. La red debe evitar que la bioinformática quede concentrada en una sola persona. Por ello, todo pipeline, es decir, la cadena automatizada de programas de análisis, debe estar versionado, documentado y ejecutable en ambientes reproducibles, idealmente con contenedores (entornos de software empaquetados que se ejecutan igual en cualquier servidor), bitácoras automatizadas y repositorios institucionales. La Fig. 2 integra este flujo con los módulos de la Tabla II, los dominios del IGR y las fases de la hoja de ruta de la sección VI.

La Tabla II presenta los módulos del modelo. Cada módulo tiene un entregable verificable y un indicador mínimo. Esta estructura permite presentar la red como inversión pública con resultados medibles, lo cual facilita cooperación internacional, compras institucionales y evaluación académica.

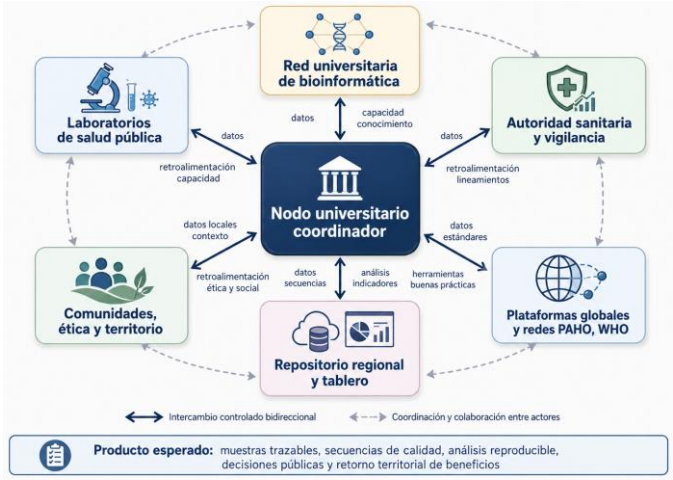


Fig. 1 Modelo operativo de innovación abierta para vigilancia genómica regional.

TABLA II
MÓDULOS DEL MODELO OPERATIVO MIVIGEN RED

| Módulo | Entregable clave | Indicador mínimo |
|---|---|---|
| Coordinación | Plan anual de vigilancia | Comité activo |
| Laboratorio | Secuencias con control de calidad | % genomas válidos |
| Bioinformática | Reportes reproducibles | Tiempo a resultado |
| Datos | Repositorio gobernado | % datos auditados |
| Traducción | Alertas y boletines | Uso en decisiones |
| Formación y retorno | Cursos y pasantías; devolución de resultados | Personas certificadas |

## V. GOBERNANZA DE DATOS

La gobernanza de datos se diseñó como un sistema de capas. La primera capa regula la muestra y la cadena de custodia. La segunda regula datos crudos lecturas sin procesar que produce el secuenciador), secuencias consenso, metadatos (fecha, lugar y tipo de muestra) y resultados interpretativos. La tercera regula el acceso, los permisos, la seguridad y los mecanismos de auditoría. La cuarta regula la comunicación pública, el retorno de beneficios y la rendición de cuentas. La Fig. 2 muestra el flujo de datos con puntos de decisión y niveles de acceso.

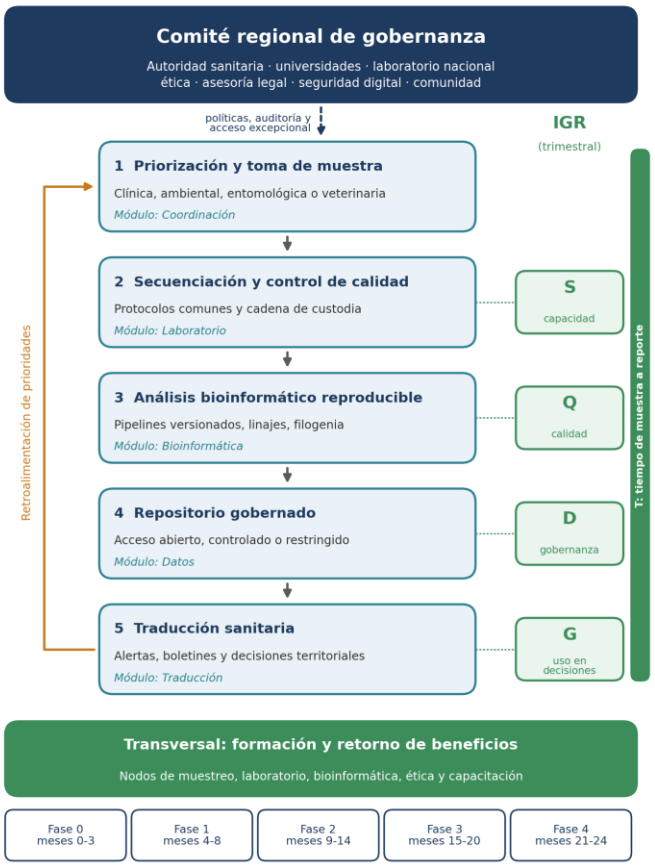



Fig. 2 Diseño operativo de MIVIGEN RED: flujo de cinco pasos, módulo responsable de cada paso, dominios del IGR asociados, papel del comité de gobernanza y fases de la hoja de ruta.

La regla general del modelo es apertura por valor público y restricción por riesgo. Las secuencias consenso de patógenos y metadatos mínimos no identificables pueden compartirse en plataformas abiertas cuando exista autorización institucional, calidad suficiente y ausencia de riesgo de estigmatización territorial. Las lecturas crudas, metadatos geográficos finos, información clínica sensible y datos comunitarios requieren acceso controlado. Los identificadores personales, muestras biológicas, formularios de consentimiento y vínculos con expedientes clínicos se mantienen en acceso restringido bajo custodia legal e institucional.

La Tabla III sintetiza la matriz de gobernanza. Esta matriz busca impedir dos errores frecuentes. El primero es cerrar innecesariamente datos de alto valor público, lo que reduce utilidad científica y vigilancia regional. El segundo es publicar información sensible sin control suficiente, lo que puede producir daño reputacional, discriminación o pérdida de confianza. En poblaciones indígenas y afrodescendientes, la decisión sobre uso secundario de datos debe considerar principios CARE [13] y la consulta pertinente con las comunidades.

La arquitectura de gobernanza incluye un comité regional con representación de autoridad sanitaria, universidades públicas, laboratorio nacional, especialistas legales, comités de ética, expertos en seguridad digital y representantes comunitarios cuando la vigilancia involucre territorios o grupos específicos. El comité no debe revisar cada secuencia de rutina, pero sí debe aprobar políticas, evaluar riesgos, auditar cumplimiento, resolver solicitudes excepcionales de acceso y validar reportes públicos en situaciones sensibles. Las Fig. 1 y 3 muestran esta relación: el comité fija reglas y audita, el nodo universitario coordinador las ejecuta y los laboratorios operan bajo ellas




Fig. 3 Flujo de gobernanza de datos y niveles de acceso.

TABLA III
MATRIZ COMPACTA DE GOBERNANZA DE DATOS

| Dato | Nivel | Regla de uso |
|---|---|---|
| Consenso y linaje | Abierto | Control de calidad y validación |
| Lecturas crudas | Controlado | Acuerdo institucional y trazabilidad |
| Metadatos finos | Controlado | Comité y minimización |
| Identificadores | Restringido | Custodia legal |
| Datos comunitarios | Restringido | CARE y beneficio colectivo |

Además de los marcos normativos, la gobernanza debe apoyarse en tecnologías que hagan operativa la protección de datos. El aprendizaje federado, en el que cada nodo entrena el modelo con sus propios datos y solo comparte los parámetros aprendidos, permite el entrenamiento colaborativo de modelos de aprendizaje automático entre nodos distribuidos sin necesidad de transferir datos crudos, preservando la privacidad y cumpliendo regulaciones institucionales. En el ámbito genómico, se ha demostrado que modelos entrenados con datos distribuidos alcanzan precisión comparable a los enfoques centralizados, con garantías adicionales de confidencialidad mediante técnicas como privacidad diferencial y cifrado homomórfico (cálculo directo sobre datos cifrados) [26].

Para la trazabilidad y auditoría de datos genómicos, la tecnología blockchain ofrece registros inmutables que permiten documentar cada acceso, modificación y

transferencia de datos mediante contratos inteligentes, garantizando procedencia verificable. Se ha planteado que los registros de metadatos basados en blockchain pueden acortar los tiempos de aprobación de estudios genómicos multicéntricos, aunque la evidencia en salud pública es aún preliminar [27]. El modelo MIVIGEN RED contempla, a partir de la fase 2, un piloto de aprendizaje federado entre nodos universitarios para análisis de resistencia antimicrobiana, así como un registro de trazabilidad basado en blockchain o hash criptográfico (huella digital única que delata cualquier alteración de un archivo) para el repositorio gobernado de secuencias.

## VI. Hoja de ruta de implementación

La implementación se organiza en cinco fases durante 24 meses. La fase cero establece acuerdos, inventario de capacidades, protocolos y comité de gobernanza. La fase uno activa el piloto con un patógeno prioritario o una ruta ambiental, usando un número limitado de laboratorios y un pipeline bioinformático auditable. La fase dos expande la red a nuevos nodos universitarios y fortalece la capacitación. La fase tres integra tableros de decisión y reportes periódicos. La fase cuatro formaliza sostenibilidad financiera, servicios compartidos y evaluación externa.

La Tabla IV resume la hoja de ruta. La propuesta permite empezar con capacidades modestas, porque no exige que cada universidad tenga secuenciador propio. Algunas pueden operar como nodos de muestreo, otras como nodos bioinformáticos, otras como nodos de ética, análisis territorial o capacitación. Esta distribución reduce costos, evita duplicación de equipos y favorece especialización regional.

El paquete tecnológico mínimo incluye un sistema de registro de muestras, almacenamiento seguro, control de versiones, pipeline bioinformático, tablero de indicadores y repositorio documental. Para secuenciación, el modelo admite plataformas de lectura corta o larga, según el patógeno y los recursos disponibles. La decisión tecnológica debe responder a costo por muestra, tiempo de respuesta, soporte técnico, disponibilidad de reactivos, capacidad de mantenimiento y compatibilidad con redes internacionales.

La sostenibilidad se apoya en cuatro fuentes. Primero, financiamiento público basal para funciones críticas. Segundo, cooperación internacional orientada a transferencia de capacidades, no solo a donación de equipos. Tercero, servicios académicos y técnicos para proyectos de investigación, vigilancia ambiental o estudios de resistencia antimicrobiana, un campo en el cual la vigilancia genómica aporta detección de mecanismos, trazabilidad y priorización de respuesta [28]. Cuarto, formación continua, certificaciones y programas de posgrado vinculados a bioinformática, epidemiología molecular y ciencia de datos para salud.

TABLA IV
Hoja de ruta de implementación en 24 meses

| Fase | Meses | Producto crítico | Riesgo mitigado |
|---|---|---|---|
| 0 | 0 a 3 | Acuerdos e IGR basal | Fragmentación |
| 1 | 4 a 8 | Piloto y pipeline validado | Fallas técnicas |
| 2 | 9 a 14 | Nodos y formación | Concentración |
| 3 | 15 a 20 | Tablero y reportes | Baja utilidad |
| 4 | 21 a 24 | Plan financiero | Dependencia externa |

Como complemento a la red institucional, el modelo contempla, como componente opcional de la fase 2, mecanismos de vigilancia genómica comunitaria. Este enfoque emergente integra la recolección de datos genómicos a escala comunitaria dentro de la infraestructura de salud pública, permitiendo la detección temprana de patógenos en áreas subatendidas, rurales y con acceso limitado a laboratorios centralizados. La implementación efectiva de estas redes comunitarias requiere marcos de gobernanza robustos, mecanismos de consentimiento apropiados y sostenibilidad financiera. Las universidades públicas, con presencia territorial a través de centros regionales y prácticas comunitarias de salud, están posicionadas para articular esta dimensión participativa [29].

## VII. Discusión

El modelo MIVIGEN RED responde a una tensión central de la vigilancia genómica en regiones con recursos limitados: la necesidad de compartir datos oportunamente y la obligación de proteger derechos, soberanía científica y legitimidad social. La pandemia demostró que la secuenciación aislada no basta. Sin metadatos suficientes, control de calidad, análisis reproducible y comunicación con tomadores de decisión, las secuencias pierden valor sanitario. A la vez, sin reglas claras de acceso y beneficio, la apertura puede reproducir asimetrías científicas entre países generadores de muestras y centros externos con mayor capacidad analítica.

Las universidades públicas tienen ventajas estructurales para liderar este tipo de modelo. Poseen mandato de formación, legitimidad social, capacidad de investigación, infraestructura computacional potencial y relativa neutralidad frente a intereses comerciales. También pueden formar talento en bioinformática, epidemiología, ética, computación y gestión de datos. Sin embargo, su liderazgo debe evitar el academicismo desconectado de la respuesta sanitaria. La red solo tendrá valor si sus productos alimentan decisiones de vigilancia, prevención, asignación de recursos y comunicación de riesgos.

Ese liderazgo enfrenta, sin embargo, restricciones concretas que conviene explicitar. En infraestructura, muchos laboratorios universitarios de la región operan con equipos adquiridos mediante proyectos, sin contratos de mantenimiento ni presupuesto recurrente para reactivos, cuya adquisición depende de procesos de compra pública prolongados y de trámites de importación que comprometen la cadena de frío. La capacidad de cómputo y almacenamiento rara vez se dimensiona para volúmenes genómicos, y la

conectividad limita la transferencia de datos entre nodos. En capacidad técnica, el personal con formación en bioinformática es escaso, suele contratarse por proyecto y tiende a migrar hacia el sector privado o al extranjero. A ello se suman normas administrativas diseñadas para la docencia y no para servicios con plazos de respuesta, comités de ética con carga elevada y, en varios países, la ausencia de marcos legales específicos para datos genómicos. Por estas razones, el modelo no presupone que cada universidad disponga de estas capacidades: la distribución por nodos especializados, el inicio con un solo patógeno y el uso del IGR como línea de base (secciones III y VI) buscan ajustar las expectativas a lo que cada institución puede sostener.

La experiencia hondureña en genética poblacional aporta una lección adicional. Los estudios en Lenca, Tawahka, Garífuna, Pech y Negro Inglés muestran que la producción de datos genéticos locales puede cerrar vacíos de representación y mejorar inferencias aplicadas [16]-[20]. Aunque estos estudios se enmarcan en genética forense y poblacional, las competencias metodológicas requeridas como la recolección ética en campo, procesamiento de ADN, análisis estadístico con marcadores polimórficos, publicación internacional y gestión de bases de referencia, son directamente transferibles a un programa de vigilancia genómica de patógenos.

Cuando una región no produce sus propios datos, otros territorios dominan la interpretación global. Cuando los produce sin gobernanza, pierde confianza. Cuando los produce con estándares, ética y análisis local, gana capacidad científica, soberanía técnica y valor público.

La vigilancia genómica de arbovirus representa una aplicación prioritaria para Centroamérica. Estudios recientes en Panamá demostraron la importancia de la secuenciación genómica del virus dengue para detectar la reintroducción del serotipo DENV-4 tras 23 años sin circulación, identificando alta similitud con secuencias contemporáneas de Nicaragua y El Salvador [30]. Esta experiencia ilustra cómo una red regional de vigilancia genómica permite detectar eventos de reintroducción transfronteriza y reemplazo de genotipos que serían invisibles con métodos convencionales.

En el contexto de la creciente carga de dengue, Zika y chikungunya en América Latina, impulsada por cambio climático, urbanización y movilidad poblacional, el modelo MIVIGEN RED debe incluir explícitamente protocolos de muestreo, secuenciación y análisis filogenético para arbovirus como caso de uso prioritario junto con los patógenos respiratorios y la resistencia antimicrobiana [31]. La inclusión de vigilancia entomológica genómica, secuenciando poblaciones de vectores para detectar mutaciones de resistencia a insecticidas, ampliaría el valor del modelo en el marco One Health.

## VIII. Limitaciones

La principal limitación de este trabajo es que presenta un modelo conceptual y operativo, no una validación empírica de desempeño. No se estimaron costos reales de implementación ni se midieron tiempos de respuesta en una red activa. Una segunda limitación es que la vigilancia genómica multipatógeno demanda madurez técnica variable. No todos los patógenos requieren el mismo diseño de muestreo, profundidad de secuenciación o velocidad de reporte. Por ello, el modelo debe adaptarse a casos de uso específicos, como virus respiratorios, resistencia antimicrobiana, arbovirosis, tuberculosis, zoonosis o vigilancia de aguas residuales.

Otra limitación es la ausencia de un análisis comparativo formal con otros modelos de vigilancia genómica operativos en países de ingreso medio, como la Red Nacional de Genómica para la Vigilancia Epidemiológica de México (CoViGen-Mex) o el Instituto Nacional de Saúde de Mozambique. La contrastación con estas experiencias permitiría identificar factores de éxito transferibles y riesgos anticipables. Por otro lado, el modelo no detalla la estrategia de retención de talento bioinformático, factor crítico dado que la fuga de cerebros afecta desproporcionadamente a la región. Futuras versiones deben incorporar mecanismos de carrera académica, pasantías remuneradas y redes de mentoría que incentiven la permanencia de bioinformáticos formados en las universidades participantes.

A pesar de estas limitaciones, la propuesta ofrece un marco accionable para universidades públicas y autoridades sanitarias. Debe entenderse, no obstante, como un marco estratégico y no como una solución de aplicación inmediata: su adopción exige adaptación gradual a la normativa, la infraestructura y el talento disponibles en cada país e institución, siguiendo la secuencia de fases de la Tabla IV y la línea de base que aporte el IGR. Su aporte no reside en prometer autosuficiencia, sino en organizar capacidades dispersas bajo reglas compartidas. En términos de gestión pública, el modelo convierte infraestructura académica en una plataforma de servicios estratégicos, con indicadores, gobernanza y posibilidad de escalamiento regional. En términos científicos, promueve datos de mayor calidad, reproducibilidad y participación local en redes globales.

## IX. Conclusiones

La escasa capacidad regional de vigilancia genómica no se resuelve únicamente con equipos de secuenciación. Requiere un modelo operativo que integre muestras, laboratorios, bioinformática, datos, ética, decisión pública y sostenibilidad financiera. El modelo MIVIGEN RED propone que las universidades públicas funcionen como integradoras de innovación abierta, coordinando capacidades distribuidas bajo rectoría sanitaria y gobernanza responsable.

La principal contribución del artículo es una arquitectura replicable con módulos, matriz de datos, indicadores y hoja de ruta. El modelo favorece apertura científica proporcional al riesgo, protege datos sensibles, reconoce derechos colectivos y traduce resultados genómicos en productos de vigilancia. Su implementación gradual permitiría pasar de proyectos

genéticos y genómicos aislados a una red regional permanente, auditable y orientada al bien público.

Como trabajo futuro, se recomienda aplicar el modelo en un piloto de correspondiente a las fases 0 y 1 de la hoja de ruta (meses 0 a 8) con un patógeno prioritario, medir el IGR de línea de base, estimar costos por muestra procesada, evaluar tiempos desde muestreo hasta reporte y documentar la utilidad de los informes en decisiones sanitarias. Esta validación permitiría convertir el modelo en una política universitaria regional de ciencia, tecnología e innovación para salud pública.

## AGRADECIMIENTOS

Agradecemos el apoyo recibido del Instituto de Investigación en Ciencias Médicas y Derecho a la Salud (ICIMEDES) de la Facultad de Ciencias Médicas (FCM) y la Dirección de Investigaciones Científicas, Humanísticas y Tecnológicas (DICIHT) todas ellas de la Universidad Nacional Autónoma de Honduras (UNAH).

## REFERENCIAS

[1] World Health Organization, *Global Genomic Surveillance Strategy for Pathogens with Pandemic and Epidemic Potential, 2022–2032*. Geneva, Switzerland: WHO, 2022. [Online]. Available: https://www.who.int/publications/i/item/9789240046979. Accessed: May 12, 2026.

[2] World Health Organization, "International Pathogen Surveillance Network (IPSN)", *WHO*, 2026. [Online]. Available: https://www.who.int/initiatives/international-pathogen-surveillance-network. Accessed: May 12, 2026.

[3] Pan American Health Organization, "PAHO Genomic Surveillance Regional Networks (PAHOGen)", *PAHO*, 2026. [Online]. Available: https://www.paho.org/en/paho-genomic-surveillance-regional-networks-pahogen. Accessed: May 12, 2026.

[4] J. A. Leite et al., "Implementation of a COVID-19 genomic surveillance regional network for Latin America and Caribbean region", *PLOS ONE*, vol. 17, no. 3, Art. no. e0252526, Mar. 2022, doi: 10.1371/journal.pone.0252526.

[5] M. E. J. Woolhouse and S. Gowtage-Sequeria, "Host range and emerging and reemerging pathogens", *Emerg. Infect. Dis.*, vol. 11, no. 12, pp. 1842–1847, Dec. 2005, doi: 10.3201/eid1112.050997.

[6] Pan American Health Organization, "Latin American and Caribbean laboratories strengthen zoonotic influenza detection through joint PAHO-IAEA workshop", *PAHO*, Aug. 22, 2025. [Online]. Available: https://www.paho.org/en/news/22-8-2025-latin-american-and-caribbean-laboratories-strengthen-zoonotic-influenza-detection. Accessed: May 12, 2026.

[7] L. Schnirring, "H5N1 detections in US dairy cattle reach 1,000", *CIDRAP News*, Apr. 9, 2025. [Online]. Available: https://www.cidrap.umn.edu/avian-influenza-bird-flu/h5n1-detections-us-dairy-cattle-reach-1000. Accessed: Sep. 24, 2026.

[8] S. Herrera Agüero et al., "Overview of SARS-CoV-2 genomic surveillance in Central America and the Dominican Republic from February 2020 to January 2023: The impact of PAHO and COMISCA's collaborative efforts", *Front. Public Health*, vol. 14, Art. no. 1738843, Feb. 2026, doi: 10.3389/fpubh.2026.1738843.

[9] E. A. Smith, D. F. Fleming, E. M. Lackritz, and A. K. Ulrich, "Inequities and global declines in SARS-CoV-2 genomic data availability hinder response to emerging variants", *npj Viruses*, vol. 4, Art. no. 13, 2026, doi: 10.1038/s44298-026-00176-7.

[10] The Lancet Regional Health – Americas, "Strengthening genomic surveillance for neglected tropical diseases in the Americas", *Lancet Reg. Health Am.*, Art. no. 101338, Dec. 2025, doi: 10.1016/j.lana.2025.101338

[11] H. W. Chesbrough, *Open Innovation: The New Imperative for Creating and Profiting from Technology*. Boston, MA, USA: Harvard Bus. Sch. Press, 2003.

[12] M. D. Wilkinson et al., "The FAIR Guiding Principles for scientific data management and stewardship", *Sci. Data*, vol. 3, Art. no. 160018, Mar. 2016, doi: 10.1038/sdata.2016.18.

[13] S. R. Carroll et al., "The CARE Principles for Indigenous Data Governance", *Data Sci. J.*, vol. 19, no. 1, Art. no. 43, Nov. 2020, doi: 10.5334/dsj-2020-043.

[14] B. M. Knoppers et al., "Framework for responsible sharing of genomic and health-related data", *HUGO J.*, vol. 8, Art. no. 3, 2014, doi: 10.1186/s11568-014-0003-1.

[15] World Health Organization, *Attributes and Principles of Genomic Data-Sharing Platforms Supporting Surveillance of Pathogens with Epidemic and Pandemic Potential*. Geneva, Switzerland: WHO, 2025. [Online]. Available: https://www.who.int/publications/b/80650. Accessed: May 12, 2026.

[16] A. Zuniga et al., "Population genetic data for 23 STR loci (PowerPlex Fusion 6C™ kit) genetic markers in the Lenca ethnic group in Honduras", *Leg. Med. (Tokyo)*, vol. 71, Art. no. 102504, Nov. 2024, doi: 10.1016/j.legalmed.2024.102504.

[17] A. Zuniga et al., "Population genetic data for 23 STR loci of Tawahka ethnic group in Honduras", *Forensic Sci.*, vol. 5, no. 4, Art. no. 72, Dec. 2025, doi: 10.3390/forensicsci5040072.

[18] A. Zuniga et al., "Population genetic data for 23 STR loci of the Garifuna ethnic group in Honduras", *Genes (Basel)*, vol. 17, no. 4, Art. no. 402, Mar. 2026, doi: 10.3390/genes17040402.

[19] A. Zuniga et al., "Population genetic data for 23 STR loci of the Pech ethnic group in Honduras", *Genes (Basel)*, vol. 17, no. 4, Art. no. 422, Apr. 2026, doi: 10.3390/genes17040422.

[20] A. Zuniga et al., "Population genetic data for 23 STR loci of the Black Caribbean ethnic group in Honduras", *Genes (Basel)*, vol. 17, no. 5, Art. no. 496, Apr. 2026, doi: 10.3390/genes17050496.

[21] A. Sundermann, et al., "Artificial intelligence enhances genomic surveillance in healthcare outbreak investigations", *Infect. Control Hosp. Epidemiol.*, vol. 47, no. 2, Feb. 2026, doi: 10.1017/ice.2025.10355

[22] Y. K. Khoo et al., "National investment case development for pathogen genomics", *Cell Genom.*, vol. 5, no. 3, Art. no. 100781, Mar. 2025, doi: 10.1016/j.xgen.2025.100781.

[23] D. J. Feistel, et al., "Detection and tracking of SARS-CoV-2 lineages through National Wastewater Surveillance System pathogen genomics", *Emerg. Infect. Dis.*, vol. 31, no. 13, Art. no. 241411, May 2025, doi: 10.3201/eid3113.241411

[24] World Health Organization, *Wastewater and Environmental Surveillance for One or More Pathogens: Guidance on Prioritization, Implementation and Integration (Pilot Version)*. Geneva, Switzerland: WHO, Dec. 2024. [Online]. Available: https://www.who.int/publications/m/item/wastewater-and-environmental-surveillance-for-one-or-more-pathogens--guidance-on-prioritization--implementation-and-integration. Accessed: May 12, 2026

[25] OECD and European Commission Joint Research Centre, *Handbook on Constructing Composite Indicators: Methodology and User Guide*. Paris, France: OECD Publishing, 2008, doi: 10.1787/9789264043466-en.

[26] A. N. Kalejaiye, K. Shallom, and E. N. Chukwuani, "Implementing federated learning with privacy-preserving encryption to secure patient-derived imaging and sequencing data from cyber intrusions", *Int. J. Sci. Res. Arch.*, vol. 16, no. 1, pp. 1126–1145, 2025, doi: 10.30574/ijsra.2025.16.1.2120.

[27] R. Gisbert Verd and P. Horki, "Blockchain technology predictions 2024: Transformations in healthcare, patient identity, and public health", *Blockchain Healthc. Today*, vol. 7, Jan. 2024, doi: 10.30953/bhty.v7.309.

[28] N. E. Wheeler et al., "Innovations in genomic antimicrobial resistance surveillance", *Lancet Microbe*, vol. 4, no. 12, pp. e1063–e1070, Dec. 2023, doi: 10.1016/S2666-5247(23)00285-9.

[29]M. U. Ali, "Crowdsourced genomic surveillance for emerging pathogens: A 2025 public health strategy", *Front. Epidemiol.*, vol. 5, Art. no. 1631424, Jun. 2025, doi: 10.3389/fepid.2025.1631424
[30]M. Chen-Germán et al., "Detection of dengue virus serotype 4 in Panama after 23 years without circulation", *Front. Cell. Infect. Microbiol.*, vol. 14, Art. no. 1467465, Oct. 2024, doi: 10.3389/fcimb.2024.1467465.
[31]J. A. Pujol and A. Paniz-Mondolfi, "Editorial: Global excellence in virology: Latin America", *Front. Cell. Infect. Microbiol.*, vol. 15, Art. no. 1623374, Jan. 2026, doi: 10.3389/fcimb.2025.1623374