

Artículo Original

Contribución metodológica a la epidemiología y vigilancia genómica tropical: Desde las macrohabilidades del inglés

Methodological contribution to epidemiology and tropical genomic surveillance: From the macro-skills of English

<https://doi.org/10.52808/bmsa.8e7.631.021>

Johanna Isabel Barriga Fray ^{1,*}

<https://orcid.org/0000-0001-7995-6475>

Luis Fernando Barriga Fray ²

<https://orcid.org/0000-0001-9141-8274>

Santiago Fabian Barriga Fray ³

<https://orcid.org/0000-0001-5527-148X>

Diego Ariel Barriga Fray ⁴

<https://orcid.org/0009-0001-8489-3808>

Recibido: 11/10/2022

Aceptado: 16/01/2023

RESUMEN

En las últimas dos décadas, ha surgido un compromiso en la voluntad política y de recursos financieros para la reducción de enfermedades tropicales desatendidas. Las ETD afectan aproximadamente a 1000 millones de personas, en su mayoría pobres. En el caso de muchas de estas enfermedades tropicales, los esfuerzos se han centrado en ampliar la cobertura de tratamiento a través de la administración masiva de medicamentos. La decepcionante realidad es que, en todas las regiones geográficas, algunas enfermedades persisten. Esto ha llevado a la OMS a pedir avances y nuevas herramientas para acelerar el progreso en la reducción de la carga sustancial como la genómica. La vigilancia genómica se emplea comúnmente como una herramienta importante para comprender las fuentes de brotes de infecciones virales y bacterianas. Sin embargo, y a pesar de los grandes avances en genómica, muchos estudiantes de medicina no están familiarizados con los términos apropiados, básicamente por el bajo dominio del inglés que es la lengua que domina el ámbito científico. Para conocer esta realidad, se aplicó una prueba diagnóstica a estudiantes hispanohablantes de las áreas de ciencias médica con el objetivo de estimar la capacidad de los estudiantes en la comprensión, destrezas o macrohabilidades en idioma inglés bajo el contexto de la epidemiología y vigilancia genómica tropical. En los resultados muestran que los estudiantes poseen capacidad de lectura de bueno a excelente en más del 70% de la población estudiada, en contraposición, el dominio más bajo es la capacidad de escritura con 41,18% en un nivel bajo-regular.

Palabras clave: Genómica, vigilancia epidemiológica, vocabulario en inglés, macrohabilidades.

ABSTRACT

In the last two decades, there has been a commitment of political will and financial resources for the reduction of neglected tropical diseases. NTDs affect approximately 1 billion people, the majority of whom are poor. In the case of many of these tropical diseases, efforts have focused on expanding treatment coverage through mass drug administration. The disappointing reality is that in all geographic regions, some diseases persist. This has led the WHO to call for breakthroughs and new tools to accelerate progress in reducing the substantial burden such as genomics. Genomic surveillance is commonly employed as an important tool to understand the sources of outbreaks of viral and bacterial infections. However, despite the great advances in genomics, many medical students are not familiar with the appropriate terms, basically due to their low command of English, which is the language that dominates the scientific field. To learn about this reality, a diagnostic test was applied to Spanish-speaking students in the areas of medical sciences with the aim of estimating the students' ability to understand, dexterity or macro-skills in English in the context of epidemiology and tropical genomic surveillance. The results show that students have reading ability from good to excellent in more than 70% of the population studied, in contrast, the lowest domain is writing ability with 41.176% at a low-regular level.

Keywords: Genomics, epidemiological surveillance, vocabulary in English, macro skills.

¹ Universidad Técnica Estatal de Quevedo

² Escuela Superior Politécnica de Chimborazo

³ Universidad Nacional de Chimborazo

⁴ Investigador Independiente.

*Autor de Correspondencia: jbarrigaf@uteq.edu.ec

Introducción

En las últimas dos décadas, ha surgido un compromiso en la voluntad política y de recursos financieros para la reducción de enfermedades tropicales desatendidas (NTD, por sus siglas en inglés) (OMS, 2020). Las ETD afectan aproximadamente a 1000 millones de personas en todo el mundo, en su mayoría pobres. En el caso de muchas de estas enfermedades tropicales, los esfuerzos se han centrado principalmente en ampliar la cobertura de tratamiento a través de la administración masiva de medicamentos (AMM). Los programas de AMM pueden lograr reducciones en la morbilidad y la intensidad de la infección, pero estas reducciones pueden ser transitorias y los resultados no han sido los esperados



por la Organización Mundial de la Salud (Deol *et al.*, 2019). La decepcionante realidad es que, en todas las regiones geográficas, algunas enfermedades como la esquistosomiasis persiste a pesar de los agresivos programas de tratamiento e inclusive ha resurgido en áreas donde anteriormente estaba controlada (Kittur *et al.*, 2019; Knopp *et al.*, 2019). Esto ha llevado a la OMS a pedir avances y nuevas herramientas para acelerar el progreso en la reducción de la carga sustancial de la esquistosomiasis y otras ETD (OMS, 2020).

Por otra parte, la vigilancia genómica se emplea comúnmente como una herramienta importante para comprender las fuentes de brotes de infecciones virales y bacterianas (Deurenberg *et al.*, 2017; Quainoo *et al.*, 2017; Pillay *et al.*, 2020). Por ejemplo, la secuenciación del genoma completo (WGS) de muestras clínicas se ha utilizado para monitorear la resistencia a los medicamentos e investigar los grupos de transmisión de *Mycobacteria tuberculosis* (Meehan *et al.*, 2019). La secuenciación genómica también se ha utilizado para mejorar la vigilancia de los brotes de bacterias transmitidas por los alimentos patógenos (Jenkins *et al.*, 2019), para distinguir el *Clostridium nosocomial* del adquirido en la comunidad *difficile* (Lim *et al.*, 2020), y para documentar la reinfección con SARS-CoV-2 (Tillett *et al.*, 2021). Los datos genómicos también están siendo integrado en los programas de vigilancia y control de la malaria para monitorear la resistencia a los medicamentos en *Plasmodium* y resistencia a insecticidas en vectores *Anopheles* (Neafsey *et al.*, 2021). Por ejemplo, la vigilancia de firmas genómicas de resistencia a la artemisinina, un fármaco clave contra la malaria, informa a nivel regional pautas de tratamiento (Hupalo *et al.*, 2016). Los datos genómicos se han utilizado también para identificar la diversidad de adaptaciones a las estrategias de control de mosquitos, destacando la necesidad de datos del genoma completo para monitorear resistencia a insecticidas en *Anopheles* (Neafsey *et al.*, 2021). Estos estudios apuntan al amplio potencial de datos genómicos para mejorar la comprensión de la dinámica de transmisión actual e informar programación de control de enfermedades, especialmente en regiones que se acercan a la eliminación (Dalmat *et al.*, 2019, Lund *et al.*, 2022).

Ahora bien, más del 97% de la literatura en el área de las “ciencias duras” que incluye la física, matemática, biología, química y afines, como la medicina, está escrita en idioma inglés, y sólo un 0,24% de las revisiones está en español (García *et al.*, 2014). Por ello, ante esta nueva cultura de la genómica y su alcance, biólogos y médicos deben tener presente que los nuevos hallazgos serán, en primera instancia, publicados en inglés. Desde el punto de vista de diversos autores, es necesario diferenciar el inglés general de aquel que tiene un propósito específico, que tiende a dividirse con fines académicos (EAP, por sus siglas en inglés) e inglés con fines vocacionales (EVP, por sus siglas en inglés). En cuanto a la medicina, el termino usual es IFM (inglés con fines médicos) (Davies *et al.*, 2013). En la medicina, el inglés ha ganado el estatus de lengua franca, por su importancia y uso mundial. Como ya fue mencionado, la mayoría de las revistas médicas internacionales y aquellas de mayor contribución a la medicina son manejadas en ese idioma. Lo que ha permitido que esta lengua sirva de canal a la transmisión de información y comunicación tradicional o digital, pues su uso es cada vez más notable en las redes informáticas (Swales, 2004; Frînculescu, 2009). El inglés médico es altamente técnico y está basado en el ámbito profesional. Los profesionales de la salud y los estudiantes de las universidades que imparten la medicina son a quienes está dirigida la enseñanza del inglés con fines específicamente médicos (Rodríguez *et al.*, 2020). La comunicación escrita u oral en inglés permite el rápido acceso a la información, así como el pronto intercambio de ideas y actualización de conocimientos. Además, la generación de información científica de calidad abre las puertas para su publicación en fuentes arbitradas e internacionalmente reconocidas en el Journal Citation Reports (JCR) y su inserción en el Science Citation Index (SCI). De forma más específica, el inglés sigue siendo considerado como la lengua oficial de la comunidad científica, ya que el 80% de las revistas indexadas en Scopus son publicadas en ese idioma (Van-Weijen, 2012). Antić (2009) estudió el caso de 277 estudiantes participantes del Congreso de Estudiantes de Ciencias Biomédicas de Serbia con la finalidad de determinar el nivel de inglés actual y utilizar sus resultados como guía en el diseño de un curso uniforme de inglés. Los resultados obtenidos no variaron significativamente con aquellos obtenidos de otras universidades no angloparlante. Los estudiantes calificaron escritura y traducción. como sus habilidades más débiles destacándose como áreas más problemáticas el vocabulario y la gramática. Por otra parte, los estudiantes consideraron que los más importante era entender y comunicarse en inglés. Resultados similares fueron encontrados por Kayaoğlu & Dağakbaş (2016), entre 169 estudiantes de medicina del primer año de la Universidad Técnica de Karadeniz, Turquía. Los resultados mostraron, por medio de una encuesta estructurada, que la comunicación es la habilidad más importante, seguido de la comprensión, y por último, la gramática.

En ese sentido, la finalidad de este trabajo fue evaluar estudiantes hispanohablantes de las áreas de ciencias médicas, mediante una prueba diagnóstica con el objetivo de estimar la capacidad de los estudiantes en la comprensión, destrezas o macrohabilidades en idioma inglés bajo el contexto de la epidemiología y vigilancia genómica tropical.

Materiales y métodos

Se aplicó una prueba diagnóstica a 357 estudiantes hispanohablantes de las áreas de ciencias médicas, basado en el instrumento estandarizado y validado por la Comisión Europea en el Marco Común Europeo de Referencia para las Lenguas: Dialang (<https://dialangweb.lancaster.ac.uk/getals>) (Vázquez, 2008), con el objetivo de estimar la capacidad de los estudiantes en el dominio de una lengua extranjera, específicamente inglés, evaluando las destrezas o

macrohabilidades que incluyen comprensión auditiva, comprensión lectora, vocabulario y gramática en contexto de la epidemiología y vigilancia genómica tropical.

Posteriormente, según el dominio por macrohabilidades, se conformaron tres grupos según la capacidad lectora, a los cuales se les capacitaron en el lenguaje genómico básico, estructura de tesauros de la UNESCO y MeSH (Medical Subject Headings). A los 7 días calendarios sucesivos, se les sometió a dos pruebas de métodos de recuperación de un listado de 25 temas genómicos diversos con los cuales debía establecer 3, 4 y 5 descriptores en la estrategia de búsqueda.

1.- Recuperación de información genómica basados en las relaciones semánticas de los tesauros de la UNESCO

Previa asignación, se les solicitó el análisis temático y la búsqueda de documentos y publicaciones, utilizando el tesoro de UNESCO que permite comparar en español, inglés, francés y ruso el texto de búsqueda, nota de alcance, y conceptos genéricos, específicos y relacionados; por ejemplo: si se utiliza el texto de búsqueda “Gen”

Gen

<http://skos.um.es/unescothes/C01659>

Buscar en UNESDOC

Otros idiomas

Genes (English term)

Gène (Terme français)

Гены (Русский термин)

Notas de alcance

NA Unidad de herencia funcional y física fundamental, responsable de los rasgos específicos.

Área → Microtesoro

2 ciencia → 2.70 Biología

Usado por (no descriptores)

UP ADN

UP Código genético

UP Gene

Conceptos genéricos

TG Genoma

Conceptos específicos

TE Cromosoma

Conceptos relacionados

TR Genética

TR Herencia

2.- Recuperación de información genómica basados en las relaciones semánticas por MeSH

Igualmente, pero después de 7 días sucesivos a la anterior etapa, mediante el uso de la combinación de las relaciones determinadas por el Medical Subject Headings o nombres alternativos de los términos médico-genómicos, con acrónimos o apócrifos comunes (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/mesh?Db=mesh&Cmd=DetailsSearch&Term=%22Genome%22%5BMeSH+Terms%5D>), se realizó la búsqueda del listado. Ambas recuperaciones fueron ejecutadas con filtros de los últimos 5 años en idioma inglés.

Ambas estrategias de búsqueda, fueron valoradas en términos de cobertura (Nº respuestas de cada sistema), precisión (Nº de resultados útiles de recuperaciones de primer ranking) y relevancia (fiabilidad).

Uso de datos de GenBank

La aplicabilidad de la recuperación de la información y su contribución metodológica de los estudios de epidemiología y vigilancia genómica tropical, se estimó mediante el uso de la base de datos Gen Bank (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>), que proporciona y fomenta el acceso dentro de la comunidad científica a la información de secuencias de ADN más actualizada y completa de acceso libre.

Para el análisis de los datos se empleó la estadística descriptiva con medidas de tendencia central, y representaciones gráficas para su mejor comprensión e interpretación de los mismos, y así delimitar los alcances de esta investigación.

Resultados

En el área de inglés se desarrolla la capacidad de comprensión de textos, que busca la recepción de la información para una adecuada interacción comunicativa y lograr nuevos aprendizajes, este aspecto es muy esencial para realizar una

búsqueda de información adecuada, porque hay que entender lo que se expresa para poder decidir si es lo que el investigador necesita verdaderamente. En los resultados de la tabla 1, se observa que la capacidad de lectura tiene dominios bueno a excelente en más del 70% de la población estudiada, en contraposición, el dominio más bajo es la capacidad de escritura con 41,18% en un nivel bajo-regular.

Tabla 1. Dominio de macrohabilidades en estudiantes hispanohablantes del área de ciencias médicas

Macrohabilidad	Dominio					
	Bajo-regular		Bueno		Muy bueno-Excelente	
	Nº	%	Nº	%	Nº	%
Lectura	92	25,770	146	40,896	119	33,333
Escritura	147	41,176	117	32,773	93	26,050
Audición	157	43,978	69	19,328	131	36,695
Expresión oral	69	19,328	157	43,978	131	36,695

Cobertura de información genómica basados en las relaciones semánticas de los tesauros de la UNESCO y los MeSH

De una cobertura de 8.925 recuperaciones de ambas estrategias de búsqueda, se observa en la tabla 2, la precisión de las recuperaciones utilizando el tesoro de la UNESCO y los MeSH. Para los descriptores para ciencias de la salud del lenguaje genómico tuvo mayor precisión porcentual en comparación al desarrollo de la UNESCO, por otra parte, al aumentar el número de descriptores observamos el incremento de la precisión y las recuperaciones del primer ranking. Así mismo, en la figura 1, se observa que la precisión de las recuperaciones es directamente proporcional al dominio del idioma inglés como lenguaje universal, de allí que una búsqueda en PubMed sobre *Bacillus subtilis* arrojó más de 40.000 recuperaciones, pero si se maneja descriptores más específicos como *Bacillus subtilis* bofC, que idéntica el nucleótido, sólo se arroja 5 recuperaciones con una precisión del 100%.

Tabla 2. Relevancia de las recuperaciones de especificidad en epidemiología y vigilancia genómica tropical según el uso de tesoro de la UNESCO o los MeSH

Grupo	Nº	Precisión de la Recuperación											
		UNESCO					MeSH						
		3		4		5		3		4		5	
		nº	%	nº	%	nº	%	nº	%	nº	%	nº	%
Bajo-Regular	2.300	1.175	51,087	1.275	55,435	1.700	73,913	1.800	78,261	1.900	82,609	2.075	90,217
Bueno	3.650	2.050	56,164	2.375	65,068	2.400	65,753	2.275	62,329	2.625	71,918	2.925	80,137
Muy Bueno a Excelente	2.975	2.225	74,790	2.575	86,555	2.750	92,437	2.675	89,916	2.750	92,437	2.800	94,118

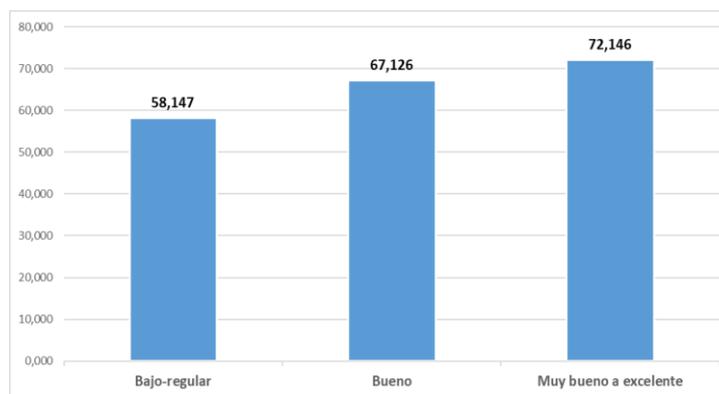


Figura 1. Precisión de las recuperaciones de especificidad en epidemiología y vigilancia genómica tropical según el uso de tesoro de la UNESCO o los MeSH

La aplicabilidad de las macrohabilidades se estimó en el 55,435%, 67,123% y 96,639% para los grupos Regular, Bueno y Muy bueno a excelente respectivamente. Esta aplicabilidad en el manejo o búsqueda de información en el GenBank, se ejemplifica con la situación específica “gen CD4 en muestras de *canis lupus familiaris*”, arrojando 75.000 resultados, que al pulsar enlace Customize, arroja tan solo 15 resultados; si al aumentar la especificidad, por ejemplo, seleccionando la molécula “ADN/ARN genómico” conlleva a 4 resultados, con una especificidad del 100%.

Discusión

La evolución de los virus y bacterias, y la diversidad genética pueden afectar la dinámica de los brotes y los esfuerzos de control, lo cual ha demostrado a los políticos, profesionales de la salud pública y a la población en general por la presencia de nuevas variantes del virus de COVID-19. La epidemia de zika de 2016 en las Américas también dio paso a nuevas tecnologías para mejorar la escala de vigilancia genómica del virus. El enfoque de ampliación se puso a prueba durante la epidemia del Ebola EVE18 y fue completamente implementado para el virus Zika, la secuenciación tuvo un éxito limitado con otros métodos (Faria *et al.*, 2017, Quick *et al.*, 2017). Como se demostró más tarde durante la pandemia de COVID-19, la ventaja real del enfoque de la ampliación es que escaló masivamente la secuenciación debido a su alto éxito por muestra. La secuenciación de ampliaciones, facilitó un laboratorio móvil para secuenciar el virus del Zika en todo Brasil (Faria *et al.*, 2016). Estos datos se utilizaron inicialmente para desentrañar los tiempos de origen del virus en Sudamérica (Faria *et al.*, 2016). El seguimiento de los procesos evolutivos puede proporcionar respuestas que están ocultas para la epidemiología tradicional a pequeña escala, en los detalles de las cadenas de transmisión (Ou *et al.*, 1992) y en la forma de propagarse a escala mundial (Faria *et al.*, 2016). Los datos genómicos también tienen el potencial de mejorar el pronóstico de enfermedades modelos (Stockdale *et al.*, 2022) y ha sido fundamental para el desarrollo de vacunas, terapias y de diagnóstico molecular (Huang *et al.*, 2020; Hill *et al.*, 2021). En general, la secuenciación del virus se puede utilizar para diseñar, aplicar y evaluar mejor las estrategias, y mitigar la transmisión y la enfermedad. Se requiere que la industria biotecnológica, que se beneficia de los sistemas de vigilancia genómica, apoye estos esfuerzos. La suficiente inversión a largo plazo, aceptación, capacitación y equidad para la vigilancia genómica puede transformar la forma en que nuestra comunidad global de salud pública puede responder tanto a la epidemia como a los virus endémicos (Hill *et al.*, 2023).

Dada la importancia de la genómica y sus implicaciones en la epidemiología tropical, es importante tener conocimientos básicos de inglés. La mayoría de los textos y publicaciones son presentados en ese idioma. En ese sentido, los Centros de Educación Médica Superior dan una gran valoración a la enseñanza del idioma inglés, ya que representa el futuro del profesional de la salud. Desde los primeros años de estudios, el inglés se incluye como disciplina inicial en la mayoría de las universidades del mundo, con una derivación gradual en su contenido y objetivo, partiendo desde el dominio de aspectos comunicativos del lenguaje ya sea utilizado como lengua materna, oficial o lingua franca y mantenerse actualizados sobre los avances de la ciencia, la investigación y la lectura (Valdés *et al.*, 2010). En este sentido, y con el fin de evaluar a estudiantes hispanohablantes de las áreas de ciencias médicas con macrohabilidades en el idioma en inglés haciendo énfasis en la epidemiología y vigilancia genómica tropical, se aplicó dos pruebas de métodos de recuperación de un listado de 25 temas genómicos diversos con los cuales debía establecer 3, 4 y 5 descriptores en la estrategia de búsqueda. Los resultados de la Tabla 1, se observa que la capacidad de lectura tiene dominios bueno a excelente en más del 70% de la población estudiada, en contraposición, el dominio más bajo es la capacidad de escritura con 41,176% en un nivel bajo-regular. Por otra parte, en la Figura 1, se observa que la precisión de las recuperaciones es directamente proporcional al dominio del idioma inglés como lenguaje universal. La aplicabilidad de las macrohabilidades se estimó en el 55,435%, 67,123% y 96,639% para los grupos Regular, Bueno y Muy bueno a excelente respectivamente. En respaldo de los resultados obtenidos, Antić (2009), llevó un estudio entre 277 estudiantes participantes del Congreso de Estudiantes de Ciencias Biomédicas de Serbia con el fin de determinar el nivel de habilidad del idioma inglés actual y utilizar el hallazgo como guías en el diseño de un curso uniforme. Los resultados obtenidos no variaron significativamente con aquellos obtenidos de otras universidades donde el idioma inglés no es la lengua materna. Los estudiantes calificaron escritura y traducción, como sus habilidades más débiles y señalaron que sus áreas más problemáticas también eran el vocabulario y la gramática. Por otra parte, los estudiantes consideraron que lo más importante era entender y comunicarse en inglés. Resultados similares fueron encontrados por Kayaoğlu & Dağakbaş (2016), entre 169 estudiantes de medicina del primer año que asisten a la Universidad Técnica de Karadeniz, Turkia. Con este fin, se administró un cuestionario estructurado. Los resultados mostraron que la comunicación es la habilidad más importante, seguido de la comprensión, y por último está la gramática. Las subhabilidades importantes para la comunicación son poder hablar en público sobre temas médicos, y poder exponer sus ideas en conferencias y de manera casual. Además de esto, la comprensión de fuentes de audio y video médicos, conversaciones médicas y presentaciones orales son consideradas como las subdestrezas auditivas. Los artículos y manuales se consideran las subdestrezas de lectura más importantes al escribir artículos, proyectos y tomar notas.

El desarrollo de estas macrohabilidades del inglés en las universidades hispanohablantes es de vital importancia para poder estar a la vanguardia de los últimos ensayos, descubrimientos y acciones que deben tomarse en todos los campos de la medicina, pero sobre todo en la genómica y su atenta vigilancia epidemiológica tropical. Un gran esfuerzo debe seguirse aplicando para que los futuros médicos sigan este propósito.

Conflicto de intereses

No se reporta conflicto de intereses.



Agradecimientos

Nuestro agradecimiento a todas aquellas personas que participaron activamente, enriqueciendo y favoreciendo el desarrollo de la presente investigación.

Referencias

- Antić, Z. (2009). Towards Uniformity in English for Medical Purposes: Evaluation and Design. *Srp Arh Celok Lek*, 137(7), 454-457. Disponible en: <http://srpskiarhiv.rs/global/pdf/articles-2009/jul-avgust/TowardsUniformityinEnglishforMedicalPurposesEvaluationandDesign.pdf> (Acceso marzo 2023).
- Dalmat, R., Naughton, B., Kwan-Gett, T.S., Slyker, J., & Stuckey, E.M. (2019). Use cases for genetic epidemiology in malaria elimination. *Malaria Journal* 18(163). <https://doi.org/10.1186/s12936-019-2784-0>
- Davies, W., Fraser, S., Lauer, J., & Howell, P. (2013). English for medical purposes: teaching an intensive English course to third-year medical students. Hiroshima University: Institute for Foreign Language Research and Education Disponible en: <https://pdfs.semanticscholar.org/7960/f25d7a13611a659f8a2a60fca4c10e774425.pdf> (Acceso marzo 2023).
- Deol, A.K., Fleming, F., Calvo-Urbano, B., Walker, M., Bucumi, V., Gnadou, I., Tukahebwa, E., Jemu, S., Mwingira, U., Alkohlani, A., Traoré, M., Ruberanziza, E., Touré, S., Basáñez, M.G., Francés, M., & Webster, J. (2019). Schistosomiasis - assessing progress toward the 2020 and 2025 global goals. *The New England Journal of Medicine*, 381, 2519-2528. <https://doi.org/10.1056/NEJMoa1812165>
- Deurenberg, R., Bathoorn, E., Chlebowicz, M., Couto, N., & Ferdous, M. (2017). Application of next generation case study. *The Lancet Infectious Diseases*, 21,52-58. [https://doi.org/10.1016/S1473-3099\(20\)30764-7](https://doi.org/10.1016/S1473-3099(20)30764-7)
- Faria, N., Sabino, E., Nunes, M., Alcantara, L.C., Loman, N. & Pybus, O. (2016). Mobile real-time surveillance of Zika virus in Brazil. *Genome Medicine*, 8(97). <https://doi.org/10.1186/s13073-016-0356-2>
- Faria, N.R., Quick, J., Claro, I., Thézé, J., de Jesus, J., Giovanetti, M., Kraemer, M., Hill, S., Black, A., da Costa, A., Franco, L., Silva, S., Wu, C-H., Raghvani, J., & Pybus, O.G. (2017). Establishment and cryptic transmission of Zika virus in Brazil and the Americas. *Nature*, 546, 406-410. <https://doi.org/10.1038/nature22401>
- Frînculescu, I.C. (2009). The physiology of English as a lingua franca in medicine. Disponible en: http://revista_fiziologia.umft.ro/archives/fiziologia2009_2.pdf#page=4 (Acceso enero 2023).
- García Delgado J.L., Jiménez J.C., & Alonso, J.A. (2014). El español, lengua de comunicación científica, Grupo Planeta. Disponible en: https://books.google.com/books/about/El_espa%C3%B1ol_lengua_de_comunicaci%C3%B3n_cien.html?id=5NscAwAAQBAJ (Acceso febrero 2023).
- Hill, S., Perkins, M., & von Eije, K. (2021). Genomic Sequencing of SARS-CoV-2. *World Health Organization*, 26, 857-863. Disponible en: <https://www.who.int/publications/i/item/9789240018440> (Acceso marzo 2023).
- Hill, V., Githinji, J., Vogels, C.B.F., Bento, A.I, Chaguzza, C., Carrington, C.V.F & Grubaugh, N.D. (2023). Hacia una red global de vigilancia genómica de virus. Huésped celular y microbio. Publicación anticipada en línea. <https://doi.org/10.1016/j.chom.2023.03.003>
- Huang, C., Wang, Y., Li, X., Ren, L., Zhao, J., Hu, Y., Zhang, L., Fan, G., Xu, J., Gu, X., Cheng, Z., Yu, T., Xia, J., Wei, Y., Wu, W., Xie, X., Yin, W., Li, H., Liu, M., Xiao, Y., & Cao, B. (2020). Clinical features of patients infected with 2019 novel coronavirus in Wuhan, China. *Lancet (London, England)*, 395(10223), 497-506. [https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(20\)30183-5](https://doi.org/10.1016/S0140-6736(20)30183-5)
- Hupalo, D.N., Luo, Z., Melnikov, A., Sutton, P.L., Rogov, P., Escalante, A., Vallejo, A.F., Herrera, S., Arévalo Herrera, QI, V., Wang, Y., Liwang C., Lucas, C.M., Durand, S., Sanchez, J.F., Baldeviano, G.C., Lescano, A.G., Lamán, M., Barnadas, C., Barry, A., Muller, I., Kasura, W.J., Eapen, A., Kanagaraj, D., & Carlton, J.M. (2016). Population genomics studies identify signatures of global dispersal and drug resistance in *Plasmodium vivax*. *Nature Genetics*, 48(8), 953-958. <https://doi.org/10.1038/ng.3588>
- Jenkins, C., Dallman, T.J., & Grant, K.A. (2019). Impact of whole genome sequencing on the investigation of food-borne, 24(4). <https://doi.org/10.2807/2F1560-7917.ES.2019.24.4.1800346>
- Kayaoglu, M., & Dağ, A. (2016). An Investigation into Medical Students' English Language Needs. *Participatory Educational Research (PER) Special Issue*, 63-71. Disponible en: http://www.perjournal.com/archieve/spi_16_1/8_per_16_spi_1_8_Page_63_71.pdf (Acceso febrero 2023).

- Kittur, N., King, Caros, H., Campbell, H. Jr, Kinung'hi, P.S. Jr, Mwinzi, P.N.M., Karanja, D.M.S., N'Goran, E.K., Phillips, A.E., Gazzinelli-Guimaraes, P.H., Olsen, A., Magnussen, P., Secor, E., Montgomery, S.P., Utzinger, J., Walker, J.W., Binder, S., & Colley, D.G. (2019). Persistent Hotspots in Schistosomiasis Consortium for Operational Research and Evaluation Studies for Gaining and Sustaining Control of Schistosomiasis after Four Years of Mass Drug Administration of Praziquantel. *The American Journal of Tropical Medicine and Hygiene*, 101(3), 617-627. <https://doi.org/10.4269/ajtmh.19-0193>
- Knopp, S., Person, B., Ame, S.M., Ali, D.M., Hattendorf, J., Juma, S., Muhsin, J., Khamis, I., Mohammed, K., Utzinger, J., Hollenberg, E., & Kabole, D. (2019). Evaluation of integrated interventions layered on mass drug administration for urogenital schistosomiasis elimination: a cluster-randomised trial. *The Lancet Global Health*, 7(8), 1118-1129. [https://doi.org/10.1016/S2214-109X\(19\)30189-5](https://doi.org/10.1016/S2214-109X(19)30189-5)
- Lim, S.C., Knight, D.R., & Riley, T.V. (2020). Clostridium difficile and one health. *Clinical Microbiology Infectious*, 26(7), 857-863. <https://doi.org/10.1016/j.cmi.2019.10.023>
- Lund, A.J., Wade, K.J., Nikolakis, Z.L., Ivey, K.N., Perry, B.W., Pike, H.N.C., Paull, S., Liu, Y., Castoe, T.A., Pollock, D.D., & Carlton, E.J. (2022). Integrating genomic and epidemiologic data to accelerate progress toward schistosomiasis elimination. *eLife*, 11. <https://doi.org/10.7554/eLife.79320>
- Meehan, C., Goig, G., Kohl, T., Verboven, L., Dippenaar, A., Ezewudo, M., Farhat, M., Guthrie, J., Laukens, K., Miotto, P., Ofori-Anyinam, B., Dreyer, V., Supply, P., Suresh, A., Utpatel, C., van Soolingen, D., Zhou, Y., Ashton, P. M., Brites, D., Cabibbe, A., Jong, B., Vos, M., Menardo, F., Gagneux, S., & Van Rie, A. (2019). Whole genome sequencing of Mycobacterium tuberculosis: current standards and open issues. *Nature reviews. Microbiology*, 17(9), 533-545. <https://doi.org/10.1038/s41579-019-0214-5>
- Neafsey, D., Taylor, A.R., & MacInnis, B.L. (2021). Advances and opportunities in malaria population genomics. *Nature Reviews. Genetics* 22, 502-517. <https://doi.org/10.1038/s41576-021-00349-5>
- Organización Mundial de la Salud, OMS. (2020). Ending the neglect to attain the sustainable development goals: a road map for neglected tropical diseases 2021-2030. Disponible en: <http://apps.who.int/bookorders> (Acceso marzo 2023).
- Ou, C., Ciesielski, C.A., Myers, G., Bandea, C., Luo, C., Korber, B., Mullins, J., Schochetman, G., Berkelman, R., & Economou, A. (1992). Molecular epidemiology of HIV transmission in a dental practice. *Science* 256, 1165-1171. <https://doi.org/10.1126/science.256.5060.1165>
- Pillay, S., Giandhari, J., Tegally, H., Wilkinson, E., Chimukangara, B., Lessells, R., Moosa, Y., Mattison, S., Gazy, I., Fish, M., Maryam, P., Singh, L., Khanyile, K.S., San, J.E., Fonseca, V., Giovanetti, M., Alcantara, L.C., Jr & Oliveira, T. (2020). Secuenciación del genoma completo del SARS-CoV-2: Adaptación de los protocolos de Illumina para una investigación de brotes rápida y precisa durante una pandemia. *Genes*, 11(8). <https://doi.org/10.3390/genes11080949>
- Quainoo, S., Coolen, J., Mvan, S., Huynen, M., Melchers, W.J., Van Schaik, W., & Wertheim H.F. (2017). Whole-genome sequencing of bacterial pathogens: the future of nosocomial outbreak analysis. *Clinical Microbiology Reviews*, 30, 1015-1063. <https://doi.org/10.1128/CMR.00016-17>
- Quick, J., Grubaugh, N.D., Pullan, S.T., Claro, I.M., Smith, A.D., Gangavarapu, K., Oliveira, G., Robles-Sikisaka, R., Rogers, T.F., Beutler, N.A., Burton, D., Lewis-Ximénex, Goes de Jesus., Giovanetti, M., Hill, S., Bedford, T., Carroll, M.W., Nunes M., Alcántara, L.C. Jr, Sabino, E.C., Baylis, S., Faria, N.R., Suelto, M., & Loman, N.J. (2017). Multiplex PCR method for MinION and Illumina sequencing of Zika and other virus genomes directly from clinical samples. *Nature Protocols*, 12, 1261-1276. <https://doi.org/10.1038/nprot.2017.066>
- Rodríguez Faria, N., Azevedo Da Silva, S.R., Kraemer, M., Souza, R., Cunha, S.M., Hill, S.C., Thézé, J., Bonsall, M., Bowden, T., Rissanen, I., Rocco, I., Nogueira, J., Maeda, A., Vasami, F., Macedo, F., Suzuki, A., Rodrigues, S., Cruz, A., Nunes, B., Medeiros, D., & Vasconcelos, P. (2016). Virus Zika en las Américas: Primeros hallazgos epidemiológicos y genéticos. *Science*, 352(6283), 345-349. <https://doi.org/10.1126/science.aaf5036>
- Rodríguez, N.A., Alpizar León, Y.P. & García Hernández, G. (2020). Importancia del idioma Inglés en el campo de la Medicina. *Medicentro Electrónica*, 24(2). Disponible en: http://scielo.sld.cu/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1029-30432020000200413 (Acceso marzo 2023)
- Stockdale, J.E., Liu, P., & Colin, C. (2022). The potential of genomics for infectious disease forecasting. *Nature Microbiology*, 7, 1736-1743. <https://doi.org/10.1038/s41564-022-01233-6>
- Swales, J. (2004). *Research genres: explorations and applications*. Edinburgh: Cambridge University Press; 2004. Disponible en:

https://www.researchgate.net/profile/John_Swales2/publication/235342149_Research_genres_Explorations_and_applications/links/00b4952c6e879e00c500000/Research-genres-Explorations-and-applications.pdf (Acceso febrero 2023).

Tillett, R., Sevinsky, J.R., Hartley, P., Kerwin, H., Crawford, N., Gorzalski, A., Laverdure, C., Verma, S., Rossetto, C., Jackson, D., Farrell, M., Van Hooser, S., & Pandori, M. (2021). Genomic evidence for reinfection with SARS-CoV-2: a case study. *The Lancet Infectious Diseases*, 21(1), 52-58. [https://doi.org/10.1016/S1473-3099\(20\)30764-7](https://doi.org/10.1016/S1473-3099(20)30764-7)

Unidos para combatir las enfermedades olvidadas. (2022). Kigali Declaration on Neglected Tropical Diseases. Disponible en: <https://unitingtocombatntds.org/kigali-declaration/the-declaration/> (Acceso febrero 2023).

Valdés, M.T., González Valdés, S., Díaz Cabeza, I., Verdayes, A., & Díaz Lobo, L. M. (2010). La enseñanza del inglés en las ciencias médicas: su repercusión social. *Revista de Ciencias Médicas*, 14(3). Disponible en: http://scielo.sld.cu/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1561-31942010000300006 (Acceso febrero 2023).

Van-Weijen, D. (2012). The language of (future) scientific communication. *Research Trends*, 1(31). Disponible en: <https://www.researchtrends.com/researchtrends/vol1/iss31/3/> (Acceso febrero 2023).

Vázquez, R.M. (2008). Dialang: prueba diagnóstica de idiomas. Disponible en: <https://www.consumer.es/educacion/dialang-prueba-diagnostica-de-idiomas.html> (Acceso marzo 2023).