

GENÉTICA HUMANA Y CIENCIA ABIERTA: Integrando diversidad, tecnología y justicia genómica

No. De Postulación: 219

ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-6693-7344>

Sometido: [GENÉTICA HUMANA Y CIENCIA ABIERTA: Integrando diversidad, tecnología y justicia genómica](#)

César Paz-y-Miño. MD. MSc. DR. Investigador en Genética y Genómica Médica, Universidad UTE, Quito. *Correspondencia:* genetica_medica@cesarpazymino.com

Resumen

La revolución genómica ha transformado la medicina, pero su beneficio se concentra desproporcionadamente en las poblaciones del Norte Global. Las regiones del Sur Global, ricas en diversidad biológica y cultural, han sido históricamente subrepresentadas en las bases de datos genéticos, lo que perpetúa inequidades clínicas y científicas. Este artículo argumenta que la ciencia abierta, entendida como acceso libre, equitativo y ético al conocimiento, es un imperativo para alcanzar la justicia genómica y la soberanía científica en América Latina y otras regiones del Sur Global. A través de un análisis documental y crítico de políticas internacionales, nacionales y proyectos regionales, se destaca el uso de herramientas para mitigar el extractivismo de datos, fortalecer la capacidad local y asegurar que los avances en genómica se traduzcan en mejoras reales de salud pública. La adopción de infraestructuras abiertas y de gobernanza comunitaria, es fundamental para empoderar a los investigadores locales y construir una ciencia inclusiva. El futuro de la medicina de precisión en el Sur Global, depende de la implementación efectiva de cinco pilares: inversión en tecnología, bioinformática, formación local y el retorno tangible de beneficios.

Palabras claves: ciencia abierta, justicia genómica, soberanía científica, diversidad genética, extractivismo de datos, Ecuador, bioética.

Introducción

La culminación del Proyecto del Genoma Humano en 2003 marcó el inicio de una nueva era en la medicina, prometiendo tratamientos personalizados y comprensión profunda de las enfermedades humanas [1].

Hoy la secuenciación del ADN es más rápida, precisa y económica, impulsando proyectos de biobancos y estudios de asociación del genoma completo (GWAS). Sin embargo, persiste una paradoja crítica y profundamente injusta: a pesar de que la población mundial no europea, constituye la vasta mayoría de la diversidad biológica, los datos genómicos más utilizados y referenciados provienen predominantemente de poblaciones de ascendencia europea y norteamericana, representando menos del 20% de la diversidad humana global documentada [2-4].

El Costo Humano del Sesgo Genómico

Esta subrepresentación no es un simple desbalance estadístico; tiene consecuencias clínicas y sociales directas, que aumentan las disparidades en salud. Los algoritmos de diagnóstico, los paneles de genes utilizados para identificar mutaciones patogénicas, y las terapias dirigidas, que dependen de la validación de biomarcadores, son intrínsecamente menos precisos y menos sensibles para poblaciones no europeas [2-5]. Esto se debe, a que la frecuencia de ciertas variantes genéticas, de riesgo o protección contra enfermedades, varía significativamente entre grupos poblacionales. El uso de puntajes de riesgo poligénico (PRS) desarrollados exclusivamente en poblaciones caucásicas, han demostrado ser deficiente o engañosos cuando se aplica a individuos de otras ascendencias, lo que aumenta el riesgo de errores médicos, diagnósticos fallidos y desigualdades estructurales en el tratamiento [1-3, 5].

Muchas variantes genéticas patogénicas que son únicas o están sobrerrepresentadas en poblaciones indígenas, afrodescendientes, o mestizas, las encontradas en América Latina y el Caribe, pasan desapercibidas en los grandes estudios genómicos globales, perpetuando un ciclo de invisibilidad científica y sanitaria [2, 3, 5, 6]

La Ciencia Abierta como Imperativo Ético

En este contexto de inequidad, la ciencia abierta (CA), emerge como modelo transformador ético y social. La CA va más allá del acceso libre a artículos científicos; promueve la transparencia metodológica, la reutilización de datos, la colaboración horizontal, la publicación de *software* y la gobernanza participativa [7], basada en los principios FAIR (Encontrable, Accesible, Interoperable, Reutilizable)[8]. Pero, en la genética humana de poblaciones vulnerables, los principios FAIR son insuficientes si no se complementan con marcos de gobernanza socialmente responsables, aquí se incluyen los principios CARE (Beneficio Colectivo, Autoridad para controlar, Responsabilidad, Ética)[4], diseñados específicamente para el gobierno de los datos de comunidades indígenas y originarias, asegurando que el conocimiento generado, revierta en beneficio de las comunidades.

Este artículo analiza cómo la confluencia crítica entre genética humana y los principios CA (FAIR y CARE)[4, 8], sirven como palanca para alcanzar la justicia genómica y la soberanía científica en las regiones del Sur Global, incluido el Ecuador.

Ciencia Abierta y Soberanía Científica

El debate sobre la genética en el Sur Global se articula alrededor de tres conceptos fundamentales: Ciencia Abierta, Soberanía Científica y Justicia Genómica, todos ellos amenazados por el fenómeno del extractivismo de datos [4, 7, 8].

La ciencia abierta, movimiento multifacético, busca eliminar las barreras de acceso al conocimiento científico, a través de:

- Acceso Abierto (Open Access): Disponibilidad gratuita e inmediata de publicaciones.
- Datos Abiertos (Open Data): El que los datos brutos y analizados se comparten, bajo los principios FAIR.
- Software y Hardware Abierto: Uso de herramientas transparentes y modificables para el análisis.
- Infraestructura Abierta: Plataformas y repositorios públicos, como biobancos, gestionados de forma transparente.
- Gobernanza Abierta: Participación activa de la sociedad y las comunidades en la definición de agendas de investigación.

La CA, tal como la define la UNESCO, es un bien público global, lo que implica una responsabilidad colectiva para asegurar su distribución equitativa [7].

Soberanía Científica y Control de Recursos Biogenéticos

La soberanía científica, la capacidad de un país o región para determinar, ejecutar y gestionar sus propias prioridades de investigación, controlar sus recursos biogenéticos y generar conocimiento autónomo que respondan a sus necesidades sociales y sanitarias. En América Latina, la soberanía se ve comprometida por varios factores históricos y estructurales: la dependencia de tecnología, reactivos y equipos importados, la continua fuga de cerebros y la firma de acuerdos de investigación internacional asimétricos, dejando la propiedad intelectual y el control de los datos en manos de entidades extranjeras [3, 4, 5, 7]. La soberanía científica es, por lo tanto, una herramienta para el desarrollo endógeno y la autodeterminación.

Justicia Genómica versus Extractivismo de Datos

Este punto implica que todos los grupos humanos, independientemente de su origen étnico, nivel socioeconómico o ubicación geográfica, deben ser representados en los estudios genéticos y beneficiarse equitativamente de sus avances, lo que requiere: participación en el diseño de la investigación, transferencia de hallazgos en salud pública local, desarrollo de talento humano e infraestructura para generar y aplicar el conocimiento [3-5, 7, 8].

Al otro lado se encuentra el extractivismo de datos. La apropiación asimétrica de información sensible, donde las muestras biológicas y datos genéticos son recolectados en países del Sur, analizados en laboratorios del Norte, publicados en revistas de alto impacto sin autoría significativa local, y a menudo patentados, sin retorno ni compensación real a las comunidades de origen [3-5]. El extractivismo

perpetúa las dinámicas coloniales al convertir, el patrimonio genético de las naciones débiles, en mercancía controlada por fuerzas científicas externas.

Metodología

El estudio se basa en un análisis documental y crítico de políticas e iniciativas que integran principios de ciencia abierta y genética humana. La metodología se centró en tres fases:

1 Recolección Documental y Revisión Bibliográfica: búsqueda exhaustiva de literatura científica (informes gubernamentales, documentos de la UNESCO, planes estratégicos nacionales) centrada en la intersección de genómica poblacional, ética de datos y políticas de CA en contextos de países débiles económicamente. Se priorizaron publicaciones con autoría o coautoría de investigadores del Sur Global. Se utilizó búsquedas en Google Académico, PubMed, ELCIT IA para búsquedas profundas de bibliografía [9].

2 Selección de Casos para Evaluación Comparativa: Seleccionaron casos que representan distintas geografía, modelos de financiación y marcos de gobernanza, permitiendo una comparación de sus éxitos y limitaciones en el contexto de la justicia genómica. Se evaluaron los informes finales y adicionales del Proyecto 100 Genomas, H3África, Biobancos del Norte Global UK y USA, UNESCO, GA4GH. Proyecto Genoma Mexicano, Chile, Argentina, Ecuador con RENACER y proyectos locales.

3 Proyectos seleccionados: Se aplicaron cinco criterios clave para evaluar la efectividad de cada iniciativa en la promoción de la justicia genómica: Inclusión poblacional y representatividad étnica [1-4]; marco ético y normativo de la UNESCO [7-9]; adopción de principios de datos (FAIR/CARE) [4, 8]; infraestructura y capacidad local [10]; estrategias de retorno de beneficios de salud pública y el reconocimiento del conocimiento ancestral [11].

Este enfoque metodológico fue integrador, combinando la revisión de literatura con una valoración crítica de las implicaciones éticas y socioculturales de los proyectos genómicos a gran escala.

Finalmente, el autor deja constancia que se usó IA; ELCIT IA exclusivamente para búsqueda técnica de bibliografía del tema central del presente escrito. Los datos obtenidos han sido verificados manualmente con hincapié en las referencias. La responsabilidad del contenido final corresponde al autor.

Resultados

El análisis comparativo de los casos reveló un patrón consistente: la sobre-representación poblacional en los estudios genómicos a gran escala sigue siendo el principal obstáculo para una Ciencia Abierta (CA) equitativa, justa, inclusiva y tecnológicamente responsable [2-4, 11]

Proyectos Internacionales y Lecciones de Gobernanza

1. Proyecto 1000 Genomas: Aunque el Proyecto 1000 Genomas fue un logro técnico enorme al catalogar la variación genética común, su diseño inicial y su impacto social fueron limitados. La mayoría de las comunidades participantes, especialmente aquellas en el Sur Global que contribuyeron con muestras valiosas para la diversidad, recibieron pocos beneficios tangibles. El proyecto careció de mecanismos robustos de gobernanza comunitaria y de un plan claro para asegurar que, los resultados reviertan a los sistemas de salud de los países contribuyentes [1, 4-9, 11, 12].

2. H3Africa (Herencia humana y salud en África): Este consorcio, financiado por NIH y Wellcome Trust, ha servido de modelo para la soberanía científica. En lugar de extraer muestras para análisis externo, H3Africa invirtió sistemáticamente en el desarrollo de capacidades genómicas en el continente africano. Se establecieron centros de secuenciación de alto rendimiento, se formaron miles de investigadores y bioinformáticos africanos, y se crearon cohortes locales con consentimiento informado culturalmente apropiado [1, 4-9, 11, 12]. Su éxito demuestra la viabilidad de construir ciencia de frontera con liderazgo y control local.

3. Biobancos del Norte Global (UK Biobank y All of Us): Proyectos como el UK Biobank [10] y All of Us (EE. UU.) han secuenciado cientos de miles de genomas, creando bases de datos fenotípicas y genómicas detalladas. Sus datos están disponibles globalmente bajo acceso controlado, lo que ejemplifica la implementación técnica de los principios FAIR en una escala masiva. Sin embargo, su limitación sigue siendo la representatividad: la cohorte del UK Biobank es predominantemente de

ascendencia europea (cerca del 93,5%), y aunque All of Us tiene un objetivo de diversidad más ambicioso, la necesidad de reclutamiento de poblaciones subrepresentadas sigue siendo un desafío.

4. UNESCO y GA4GH: Marcos Éticos Globales: La UNESCO estableció que el genoma humano es "patrimonio de la humanidad" [4, 6, 7, 8, 11, 12], protegiéndolo de usos discriminatorios y promoviendo el acceso universal al conocimiento científico. La Alianza Global para la Genómica y la Salud (GA4GH) ha desarrollado marcos técnicos y éticos cruciales para el intercambio responsable de datos [10], estandarizando la forma en que los datos deben ser compartidos de manera segura, interoperable y ética. Estos marcos son fundamentales para la CA, pero requieren la voluntad política nacional para ser adoptados.

Casos Latinoamericanos

América Latina, con su rica y compleja estructura poblacional (amerindia, europea y africana), requiere un enfoque genómico altamente adaptado [11, 12].

- **México: Proyecto del Genoma Mexicano** fue pionero en revelar la intrincada mezcla tri-continental de la población, demostrando la necesidad de mapas genómicos específicos para optimizar la medicina personalizada a nivel regional.
- **Chile y Argentina: Proyecto Genoma Poblacional Mapuche** representa un hito en la ética comunitaria. Los líderes mapuches dieron consentimiento y participaron en el diseño del estudio, la toma de decisiones y establecieron el control local de los datos. Este proyecto aplicó los principios CARE [4], priorizando la autonomía y el beneficio colectivo por encima de la simple apertura de datos.
- **Ecuador: RENAREC y Proyectos de Investigación Local:** Ecuador ha sentado bases sólidas para la soberanía de datos. La Política Nacional de Ciencia Abierta 2023–2028 [13] y el Repositorio Nacional de Recursos Genéticos (RENAREC) buscan centralizar datos biomédicos bajo principios de control soberano, seguridad y acceso responsable, mitigando el riesgo de extractivismo. Investigaciones como el proyecto VARIOMA ECUADOR [9] (estudio de variantes genéticas patogénicas comunes y en cáncer) [6], ha sido esencial para estudiar rasgos genéticos propios de las etnias del país. Estos proyectos demuestran la capacidad local para generar conocimiento relevante, sentando las bases para una medicina de precisión adaptada a la diversidad local.

Extractivismo, Biopiratería y Marcos Legales

La explotación de la diversidad biológica y el conocimiento ancestral han sido una constante histórica. El avance genómico moderno ha facilitado la identificación de los fundamentos moleculares de recursos usados por pueblos indígenas, a menudo acompañados de biopiratería: la apropiación de este conocimiento o sus derivados sin compensación. Ejemplos claros incluyen la patente de la ayahuasca en EE. UU., o el uso comercial no compensado de la quinua andina y la maca peruana [11, 14]. Esta injusticia estructural reproduce patrones coloniales bajo el disfraz de la "innovación" científica.

En respuesta, el Decreto Ejecutivo N.º904 en Ecuador, es un paso regulatorio importante, ya que permite el tratamiento de datos personales para satisfacer un interés público, siempre que se anonimicen, abriendo un camino ético para la investigación con poblaciones sensibles. No obstante, la verdadera CA debe ser acceso con equidad, asegurando que las comunidades sean copartícipes en el conocimiento generado, y no meros sujetos de estudio [10-14]. De todas maneras y en beneficio de los individuos, el acceso a información, recursos genéticos y genómicos, debe ser un acto de responsable, controlado minuciosamente, graduado y éticamente gobernado, solo así se garantizará equidad y justicia genómica.

Discusión

La ciencia abierta aplicada a la genética humana tiene el potencial de democratizar el conocimiento, mejorar la calidad científica y reducir sesgos. Pero, la apertura de datos por sí sola, es una condición necesaria, pero no suficiente, para alcanzar la justicia genómica. El desafío reside en transformar la infraestructura, la ética y las políticas.

La Amenaza del Colonialismo Genético y la Brecha de Infraestructura

Una infraestructura insuficiente en el Sur Global [11], caracterizada por la falta de laboratorios de secuenciación de alto rendimiento, biobancos sofisticados y capacidades bioinformáticas avanzadas [4, 7, 8, 10, 11, 12], limita la capacidad de los países de baja y mediana economía para participar activamente de los datos abiertos.

Esto crea un riesgo de colonialismo genético. Los datos genómicos recolectados en el Sur son exportados, analizados y controlados en el Norte, volviendo al país de origen como productos farmacéuticos o publicaciones inaccesibles y costosas. Esta dinámica perpetúa desigualdades históricas. La CA debe contrarrestar esta dependencia promoviendo la inversión y el desarrollo de centros regionales de excelencia, como H3Africa lo ha hecho en su continente.

Bioética y el Desafío del Consentimiento Dinámico

El consentimiento informado tradicional es inadecuado para la era de la genómica abierta. Cuando los datos se suben a repositorios como RENAREC [13] o bases de datos globales, el uso futuro de esa información es inherentemente impredecible. Surge la necesidad de implementar el consentimiento dinámico, un modelo interactivo y continuo que permite a los participantes:

1. Controlar el acceso a sus datos en el tiempo.
2. Ser notificados sobre nuevos usos o proyectos de investigación.
3. Retirar o modificar su consentimiento para usos específicos.

En poblaciones indígenas, el consentimiento dinámico debe ser complementado con el Consentimiento Colectivo, donde la comunidad, a través de sus estructuras de gobernanza tradicionales, ejerce la autoridad final sobre el uso de su patrimonio genético, alineándose con los principios CARE [4, 14]. La CA exige transparencia y un diálogo constante con los participantes, pasando de un enfoque paternalista a uno de asociación y colaboración.

Mitigando el Sesgo Étnico y la Discriminación Genómica

El sesgo étnico en los estudios de asociación del genoma completo (GWAS) es abrumador: más del 80% de los GWAS publicados corresponden a individuos de ascendencia europea [1, 2, 4, 7, 8, 10, 11, 12]. Este sesgo produce marcadores de riesgo y paneles de secuenciación de utilidad limitada para la vasta mayoría de la población mundial, generando disparidades en la salud.

La solución: inversión específica en la investigación de poblaciones subrepresentadas. Así, en los Andes, se han identificado variantes genéticas propias en genes clave como *EPAS1* y *EGLN1*, asociados a la adaptación a la hipoxia crónica en poblaciones que viven a gran altitud. Estos hallazgos son irrelevantes para la genómica europea, pero vitales para la salud de las poblaciones andinas. La CA, es la herramienta para compartir y validar estos hallazgos a nivel regional, fomentando la medicina de precisión adaptada localmente [11-14].

La Urgencia de la Soberanía de Datos

La apertura de datos sin una infraestructura local fuerte, inevitablemente genera dependencia científica. La soberanía genómica es la capacidad de un país para secuenciar, almacenar y analizar sus propios datos de manera segura y conforme a sus leyes. Ecuador, al fortalecer sus programas [6, 11, 13], está dando un paso crucial para asegurar que los datos genéticos sensibles, se alojen y controlen dentro de las fronteras nacionales, bajo estricta gobernanza ética y legal. Paso fundamental para que la medicina personalizada sea una realidad para los ecuatorianos, y no un servicio importado y costoso.

Los modelos que se adopten, deben ser robustos, transparentes y alineados con la UNESCO y GA4GH, sirviendo como un escudo que promueva la investigación colaborativa, pero siempre bajo control soberano [11-15].

Agenda de Cinco Pilares para la Justicia Genómica en el Sur Global

Para superar los desafíos estructurales del colonialismo genético y la brecha de infraestructura, se propone una agenda basada en cinco pilares de acción [11-15]:

1. **Infraestructura Tecnológica Compartida:** Inversión pública y privada en una red de laboratorios de secuenciación de alto rendimiento y centros de bioinformática distribuidos regionalmente. Financiamiento para adquisición de equipos de última generación y, sostenibilidad operativa a largo plazo.

2. **Formación Avanzada Local y Regional:** Programas robustos de postgrado en genómica, bioinformática y bioética intercultural. La formación debe ser componente esencial de todos los acuerdos de investigación.
3. **Gobernanza Ética y Comunitaria (CARE-FAIR):** Implementación obligatoria de comités de ética interculturales para aprobar estudios genéticos. Adoptar el modelo de Consentimiento Dinámico [4] para asegurar que las comunidades indígenas ejerzan autoridad sobre el uso y la difusión de sus datos sensibles [4, 11].
4. **Políticas de Datos Interoperables y Abiertas:** Adopción estricta de estándares FAIR [4, 8] y GA4GH [10] en todos los proyectos de investigación financiados con fondos públicos. Esto facilita la colaboración y la reutilización global, pero con el requisito de que los datos, de poblaciones subrepresentadas, estén claramente identificados.
5. **Retorno de Beneficios Tangibles y Reciprocidad:** Obligación legal y ética de traducir los hallazgos genómicos en programas de salud pública locales y efectivos, diagnósticos locales accesibles y desarrollo de terapias personalizadas, asegurando que el conocimiento generado revierta en las comunidades con compensación o reconocimiento del conocimiento ancestral [11, 13, 15].

Conclusiones

La genética humana es una fuerza transformadora de la salud global, pero su promesa de equidad solo se materializará si se practica bajo los principios de justicia, equidad y respeto. La ciencia abierta, lejos de ser un mero ideal académico, es una herramienta indispensable para el empoderamiento y la autodeterminación de los países.

Ecuador, con sus iniciativas como y proyectos de investigación local [6, 13], tiene la oportunidad de convertirse en un líder regional, en la implementación de una genómica soberana y justa. Esto requiere superar la burocracia; requiere una inversión sostenida en talento humano, la conexión efectiva y respetuosa con las comunidades, y una exigencia firme de relaciones científicas simétricas, que rechacen el extractivismo de datos [11-15].

Una genética humana abierta, inclusiva y participativa es la clave para enfrentar las arraigadas desigualdades en salud global y para impulsar un modelo científico, que valore la diversidad biológica y cultural, como un recurso estratégico, no como una fuente de extracción. La apertura de datos debe ir acompañada de gobernanza inclusiva, consentimiento informado dinámico y políticas nacionales que garanticen la soberanía genómica como un derecho fundamental para un futuro biomédico sostenible y socialmente justo [11-15].

Bibliografía

1. International Human Genome Sequencing Consortium. (2001). Initial sequencing and analysis of the human genome. *Nature*, 409, 860–921. <https://doi.org/10.1038/35057062>
2. Guerrero, S., López-Cortés, A., Indacochea, A., Paz-y-Miño, C., et al. (2018). Analysis of racial/ethnic representation in select basic and applied cancer research studies. *Scientific Reports*, 8, 13978. <https://doi.org/10.1038/s41598-018-32264-x>
3. Popejoy, A., & Fullerton, S. (2016). Genomics is failing on diversity. *Nature*, 538, 161–164. <https://doi.org/10.1038/538161a>
4. Carroll, S. R., Garba, I., Figueroa-Rodríguez, C. L., et al. (2020). The CARE principles for Indigenous data governance. *Data Science Journal*, 19(1), 43. <https://datascience.codata.org/articles/dsj-2020-043>
5. Siede, L. V. (2024). Una mirada de la biopolítica contemporánea: De la soberanía genómica a la gobernanza decolonial en la experiencia mexicana. *Revista Colombiana de Bioética*, 19(1). <https://doi.org/10.18270/rcb.v19i1.4458>

6. Paz-y-Miño, C. (2021–presente). VARIOMA ECUADOR: Estudio de variantes genómicas y genéticas patogénicas y probablemente patogénicas en población ecuatoriana [Comunicación personal]. Universidad UTE. Código MSPCURI000274-6. <https://cris.ute.edu.ec/entities/project/c88422b5-43e1-4e23-b7d3-bbea9cea006a>
7. UNESCO. (2021). Recommendation on open science (Document SC-PCB-SPP/2021/OS/UROS). París: UNESCO. <https://unesdoc.unesco.org/ark:/48223/pf0000379949>
8. Wilkinson, M. D., Dumontier, M., Aalbersberg, I. J., et al. (2016). The FAIR guiding principles for scientific data management and stewardship. *Scientific Data*, 3, 160018. <https://doi.org/10.1038/sdata.2016.18>
9. ELICIT IA. (2025). Herramienta de búsqueda de literatura científica. <https://elicit.com/>
10. Global Alliance for Genomics and Health (GA4GH). (2025, octubre). Framework for the responsible sharing of genomic and health data. <https://www.ga4gh.org/news-events/publications/#>
11. Paz-y-Miño, C. (2024). Desafíos de la ciencia para un desarrollo sostenible y equitativo. Editorial UTE. <https://www.cesarpazymino.com/single-post/libro-desaf%C3%ADos-de-la-ciencia-para-un-desarrollo-sostenible-y-equitativo-1>
12. Rotimi, C., & Adeyemo, A. (2021). From one human genome to a human pangenome. *Nature Medicine*, 27, 1515–1518. <https://doi.org/10.1038/s41591-021-01468-y>
13. Secretaría de Educación Superior, Ciencia, Tecnología e Innovación (SENESCYT). (2023, febrero 23). Ciencia abierta e investigación estratégica forman parte del compromiso firmado entre la Secretaría de Educación Superior y Openlab. <https://www.gobiernoabierto.ec/ciencia-abierta-e-investigacion-estrategica-forman-parte-del-compromiso-firmado-entre-la-secretaria-de-educacion-superior-y-openlab/>
EPAS1/EGLN1: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/22595196/>
RENACER: <https://proyectorenacerec.org/quienes-somos/>
DECRETO EJECUTIVO 904: <https://www.telecomunicaciones.gob.ec/wp-content/uploads/2023/11/Decreto-Ejecutivo-No.-904.pdf>
14. Han, E., Carbonetto, P., Curtis, R., et al. (2017). Clustering of 770,000 genomes reveals post-colonial population structure of North America. *Nature Communications*, 8, 14238. <https://doi.org/10.1038/ncomms14238>
15. Convenio sobre la Diversidad Biológica. (2010). Protocolo de Nagoya sobre acceso a los recursos genéticos y participación justa y equitativa en los beneficios que se deriven de su utilización. <https://www.cbd.int/abs/>