

FINANCIAMIENTO DE BECAS DE INVESTIGACIÓN (PRIMERA CONVOCATORIA)

“Capacitación teórica y práctica en inferencia filogenética, prueba de hipótesis evolutivas aplicadas a virología y epidemiología molecular”

Instituto de Investigaciones en Ciencias de Salud (IICS)
Fátima María Cardozo Segovia – fati.cardozo@hotmail.com

RESUMEN

Los métodos de secuenciación genómica están en constante evolución y los mismos son de gran aplicación, en diversos campos y organismos. La secuenciación de nueva generación permite la secuenciación simultánea millones de fragmentos de ADN, la misma ha sido implementada en el IICS-UNA en el año 2022 para la secuenciación de SARS-CoV-2, en proceso de implementación de la secuenciación de otros virus. Como cualquier nueva tecnología, se encuentra en constante evolución, nuevas aplicaciones continúan siendo desarrolladas y son necesarias técnicas de análisis de la información que es generada. La rápida generación de enormes cantidades de datos de secuencias presenta un gran desafío para la integración, análisis e interpretación de datos, que es manejada la Bioinformática. Paraguay no cuenta con muchos grupos de investigación que utilicen análisis bioinformáticos complejos en esta área. Por ello, se propuso la realización de esta capacitación con la Dra. Marta Giovanetti, profesional con gran experiencia y producción científica en el área. La metodología de capacitación llevada a cabo fueron clases teóricas y prácticas personalizadas, llevadas a cabo con secuencias obtenidas por el IICS-UNA. Los objetivos propuestos fueron logrados exitosamente.

OBJETIVO

Adquirir capacitación teórica y práctica en inferencia filogenética, prueba de hipótesis evolutivas aplicadas a virología y epidemiología molecular

APORTES DE LA INVESTIGACIÓN

1. Conocimiento de los conceptos teóricos y prácticos relacionados a inferencia filogenética
2. Capacitación teórico-práctica sobre pruebas de hipótesis evolutivas
3. Entrenamiento en análisis de datos de Next Generation Sequencing de virus y metagenómica
4. Establecimiento de cooperaciones científicas entre las instituciones involucradas en el entrenamiento, con miras a futuros proyectos y colaboraciones
5. Publicación/es científicas en conjunto a corto y mediano plazo



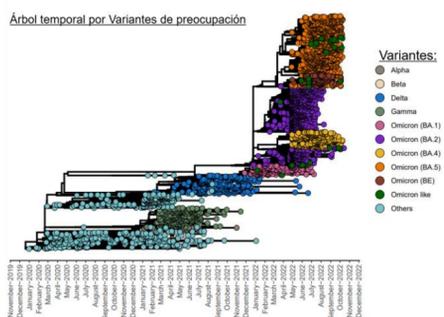
Tutor:
Dra. Marta Giovanetti,
PhD.

Institución: Campus Bio
Medico University of
Rome - Italia



ACTIVIDADES REALIZADAS

- 1) Fundamentos básicos para la Construcción de DataSets
- 2) Descarga de programas Bioinformáticos a ser utilizados en Ubuntu
- 3) Construcción de DataSet, Sub-DataSets por variante de preocupación (VOC) y con secuencias de referencias descargadas del GISAID
- 4) Asignación de Linajes a través de Pangolin
- 5) Utilización de Genome Detective para obtención de datos de Cobertura y Longitud y análisis de calidad de las secuencias
- 6) Elaboración de un Mini Review en colaboración
- 7) Alineamiento de secuencias a través de Mafft y ViralMSA
- 8) Edición manual de DataSet y Sub DataSets
- 9) Presentación del Seminario "Training in bioinformatic applied to virology and molecular epidemiology" para estudiantes de PhD del Research Units of Food Science and Nutrition de la UCMB
- 10) Clase magistral de Construcción de árboles ML en IqTree
- 11) Construcción de árboles ML en IqTree en DataSet completo y por VOC, y con secuencias de referencia
- 12) Clases teóricas y prácticas de Construcción de Árboles Temporales por TreeTime
- 13) Elaboración de gráficos: Cobertura vs Ct por Linaje, Linajes por mes, y de visualización de árboles temporales por región en Rstudio
- 14) Clase teórica y práctica de evaluación de señal temporal a través de Tempest
- 15) Utilización de Genome Detective para análisis de datos de NextGeneration Sequencing de virus y metagenómica
- 16) Clase teórica de protocolos de ensamble de secuencias obtenidas



CONCLUSIÓN

El principal resultado de esta estancia es la capacitación teórica y práctica en el uso de herramientas bioinformáticas, esto es de gran relevancia ya que la bioinformática es esencial para gestión de datos en la biología, en la medicina moderna y con gran utilidad en la salud pública y su importancia para la toma de decisiones. Esto análisis bioinformáticos pueden ser aplicados en diversos campos, por lo cual la aplicabilidad es extremadamente amplia. Tienen aplicación inmediata en diversas líneas de investigación del IICS-UNA. Además, se fomentó el establecimiento de futuras colaboraciones científicas entre investigadores de las instituciones.

RESULTADOS OBTENIDOS

- 1) **Conocimiento de conceptos teóricos y prácticos relacionados a inferencia filogenética adquiridos:**
 - a) Programas a ser utilizados en los análisis instalados y correctamente configurados para análisis bioinformáticos
 - b) DataSets elaborados a ser utilizado en los análisis bioinformáticos
 - c) Alineamiento de secuencias y edición manual realizados
 - d) Árboles Maximum Likelihood (ML) construidos.
- 2) **Capacitación teórico-práctica sobre pruebas de hipótesis evolutivas**
 - a) Anotaciones de secuencias realizadas para construcción de árboles temporales
 - b) Árboles temporales construidos
 - c) Análisis de señal temporal
- 3) **Adquirir conocimientos teórico-prácticos de análisis de datos de Next Generation Sequencing de virus y metagenómica:**
 - a) Secuencias consenso obtenidas a través del Genome Detective
 - b) Calidad de secuencias consenso obtenidas analizadas a través del genoma detective
 - c) Linajes de secuencias obtenidos a través de Pangolin
 - d) Análisis de Cobertura versus Ct según linajes asignados
 - e) Protocolos de ensamblaje de secuencias obtenidos por Metagenómica
- 4) **Establecimiento de cooperaciones científicas entre las instituciones involucradas en el entrenamiento, con miras a futuros proyectos y colaboraciones**
 - a) MiniReview elaborado en conjunto elaborado en calidad de co-autor
 - b) Presentación de Seminario, en el cual se presentaron actividades principales que se llevan a cabo en el IICS-UNA en las líneas de investigación de Arbovirus y de SARS-CoV-2 a profesores del Departamento y estudiantes de Doctorado y además se presentaron los objetivos de la estancia y resultados preliminares obtenidos. Esto permite una interacción con los investigadores de la UCMB, con vistas a futuras colaboraciones interinstitucionales.
 - c) Se encuentra en proceso de elaboración del manuscrito con los resultados obtenidos durante la estancia, con miras a someter a Revista Científica

VISIÓN Y PLANES FUTUROS

A corto plazo los conocimientos adquiridos en esta estancia serán empleados principalmente para el estudio de la epidemiología molecular de SARS-CoV-2. Esto ya se encuentra en proceso, ya que ya se cuentan con secuencias de SARS-CoV-2. Además, a corto/mediano plazo se empleará para los análisis bioinformáticos de otros virus, ya que actualmente se encuentra en proceso de implementación la secuenciación de Arbovirus específica y de metagenómica viral en el IICS-UNA.

“Esta estancia de investigación fue cofinanciada por el Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACYT) con recursos del FEEI”