

# Aplicación Web para el Análisis de Información Viroológica transmitidas por vectores

Alex Steve Chung Alvarez  
Rommel Yoshimar Condori Muñoz

Julio 2020

## Abstract

In the present work, a help system web application will be developed for the analysis of genetic information of 4 types of viruses and their variants, using bioinformatics tools such as BLAST and MUSCLE, for the construction of phylogenetic trees. The virus to be analyzed are: Chikungunya Virus, Dengue Virus, Ebola Virus and Zika Virus

## Resumen

En el presente trabajo, se desarrollará una aplicación web de sistema de ayuda para el análisis de información genética de 4 tipos de virus y sus variantes, usando herramientas de bioinformática como BLAST y MUSCLE, para la construcción de árboles filogenéticos. Los virus a analizar son: Chikungunya Virus, Dengue Virus, West Nile Virus y Zika Virus.

## 1 Descripción del proyecto

Se desarrollará una aplicación web para el procesamiento de información genética de los virus citados anteriormente, como también analizar la relación evolutiva con otras variantes a partir de la construcción de árboles filogenéticos.

Para dicho propósito, se usarán la librería Biopython la cual incluye las herramientas de bioinformática que se usarán (BLAST, MUSCLE), y el framework Flask para la aplicación web.

### 1.1 Objetivos

1. Elegir los diversos virus presentados a analizar para el proyecto.
2. Recopilar genes y proteínas de los virus escogidos.
3. Encontrar secuencias homólogas para los genes escogidos.
4. Alinear secuencias encontradas.
5. Generar el árbol filogenético de cada gen.
6. Construir un software interactivo para visualizar los árboles filogenéticos.

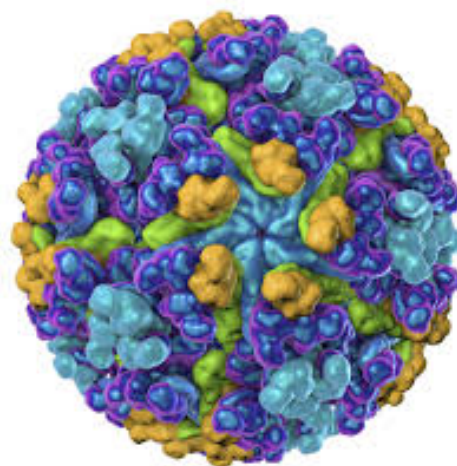


Figura 1: Chikungunya Virus



Figura 2: Dengue Virus

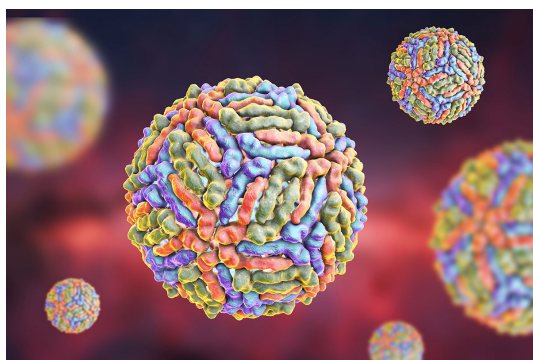


Figura 3: West Nile Virus

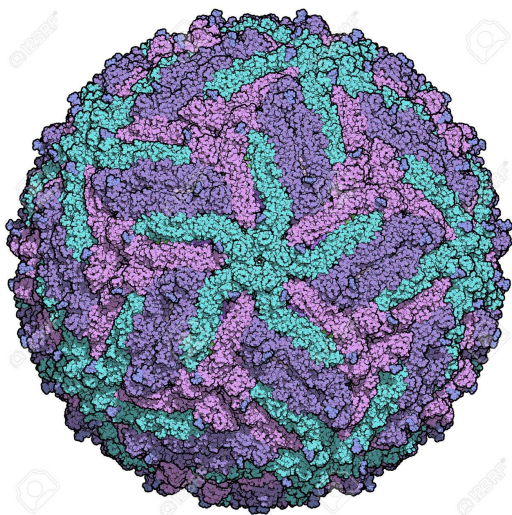


Figura 4: Zika Virus

## 1.2 Cronograma

### Entrega 1 (Lun 20 Julio)

1. Desarrollo de primera versión de propuesta.
2. Definición de cronograma y entregables.

### Entrega 2 (Lun 10 Agosto)

1. Presentación de la versión final de propuesta.
2. Ajuste de cronograma.
3. Elección de especies para el análisis.
4. Recopilación de genes y proteínas de virus elegidos.

### Entrega 3 (Lun 31 Agosto)

1. Buscar secuencias homólogas de las secuencias usando BLAST.
2. Tratamiento de secuencias homólogas encontradas.
3. Alineamiento múltiple de secuencias usando MUSCLE.
4. Visualización de la información genética procesada en la aplicación web.

### Entrega 4 (Lun 7 Setiembre)

1. Construcción de árboles filogenéticos.
2. Visualización de los árboles filogenéticos en la aplicación web.
3. Reporte final.