**Atividade Final Bioinformática Aplicada à Genômica Médica**

**Análise Metagenômica**

**Escopo:** Desde muito tempo a humanidade procurou conhecer quais eram os microrganismos que habitam o nosso planeta e principalmente as várias partes do nosso corpo. Historicamente, a presença de bactérias e vírus esteve relacionada com a presença de infecções de caráter patológico e o seu diagnóstico com técnicas dependentes de cultivo. Hoje, com a consolidação das técnicas de NGS e da metagenômica como área dentro da bioinformática, sabemos que existe uma grande maioria de microrganismos que não são cultiváveis e passaram despercebidos das nossas técnicas de identificação por todo este tempo. E as implicações da presença, ausência e abundância destes microrganismos no corpo humano só começaram a ser elucidadas. Considerando que os microrganismos são de uma diversidade genômica espantosa (diversidade de genes, tamanhos, organização genômica, RNA, DNA, etc.), somente o uso de técnicas ômicas diversas podem nos trazer informações da comunidade microbiana como um todo. Sendo assim, a análise em conjunto do patógeno primário de uma doença, das suas características genômicas, e dos demais microrganismos presentes na amostra podem trazer informações relevantes para entender o desfecho clínico de uma patologia.

**Dados importantes:**

Descrição clínica do paciente: Paciente com síndrome respiratória aguda com uso recente do antibiótico Azitromicina e do fármaco Ivermectina.

**Objetivo geral:** Análise da comunidade microbiana presente na amostra através de técnicas ômicas e identificação de possíveis patógenos

**Artigos para embasamento:**

Chiu, Charles Y., and Steven A. Miller. "Clinical metagenomics." Nature Reviews Genetics 20.6 (2019): 341-355.

Yamamoto, Shinya, et al. "The human microbiome and COVID-19: A systematic review." PloS one 16.6 (2021): e0253293.

Zhou, Wenyu, et al. "Longitudinal multi-omics of host–microbe dynamics in prediabetes." Nature 569.7758 (2019): 663-671.

Dickson, Robert P. "Lung microbiota and COVID-19 severity." Nature Microbiology 6.10 (2021): 1217-1218.

Tao, Kaiming, et al. "The biological and clinical significance of emerging SARS-CoV-2 variants." Nature Reviews Genetics (2021): 1-17.

**Sites**:

<https://outbreak.info/>

<https://sarsomics.com/>

**Vídeo informações gerais sobre o projeto SARS-Omics:**

<https://www.youtube.com/watch?v=j7rtnQUVgXA>

**Material fornecido:**

Três pares de FASTQ gerados a partir de uma mesma amostra de um mesmo paciente, porém com execuções de laboratório e metodologias ômicas diferentes:

**Grupo 1**

- Viroma de RNA (Metatranscriptômica ou RNA total)  
VIROMA-R1: <https://aulas-pos-hiae-public-data.s3.sa-east-1.amazonaws.com/TCC-metagenomica/patient_joao_VIROMA_S21_R1_001.fastq.gz>

VIROMA-R2: <https://aulas-pos-hiae-public-data.s3.sa-east-1.amazonaws.com/TCC-metagenomica/patient_joao_VIROMA_S21_R2_001.fastq.gz>

**Grupo 2**

- Microbioma (Amplicon 16S/ITS)

MICROBIOMA-R1: <https://aulas-pos-hiae-public-data.s3.sa-east-1.amazonaws.com/TCC-metagenomica/patient_joao_MICROBIOMA16S_S69_R1_001.fastq.gz>

MICROBIOMA-R2: <https://aulas-pos-hiae-public-data.s3.sa-east-1.amazonaws.com/TCC-metagenomica/patient_joao_MICROBIOMA16S_S69_R2_001.fastq.gz>

**Material extra (Grupo 1 e 2)**

- Metagenômica shotgun (DNA total)

METAGENOMICA-R1: <https://aulas-pos-hiae-public-data.s3.sa-east-1.amazonaws.com/TCC-metagenomica/patient_joao_METAGENOMICA_S9_R1_001.fastq.gz>

METAGENOMICA-R2: <https://aulas-pos-hiae-public-data.s3.sa-east-1.amazonaws.com/TCC-metagenomica/patient_joao_METAGENOMICA_S9_R2_001.fastq.gz>

METAGENOMICA-Contigs: <https://aulas-pos-hiae-public-data.s3.sa-east-1.amazonaws.com/TCC-metagenomica/patient_joao_METAGENOMICA_contigs.fasta>

**Requisitos mínimos do trabalho**

**Grupo 1 – Análise de diversidade geral e de vírus de RNA**

1. Qual o vírus patogênico presente na amostra? O que você pode dizer sobre as suas características genômicas e de linhagem?
2. Existe algum vírus que pode ser considerado achado acidental? Qual e por quê?

**Grupo 2 – Análise de diversidade e composição microbiana**

1. Qual o microrganismo celular mais abundante na amostra segundo estimativas pela análise do amplicon 16S? Isso pode ter alguma implicação clínica?
2. Qual o microrganismo celular mais abundante na amostra segundo estimativas pela análise do amplicon ITS? Isso pode ter alguma implicação clínica?