



PROPUESTAS PROYECTO

ISABEL ESPINO GUTIÉRREZ

INVESTIGACIÓN

El avance tecnológico en las técnicas de secuenciación ha revolucionado la detección y caracterización de patógenos, lo cual permite un análisis genómico detallado que mejora la sensibilidad de detección de ensayos PCR específicos para patógenos.

PROPUESTA 1

Idea: Comparación de genomas de microorganismos patógenos.

Objetivo: Seleccionar varios genomas completos de una base de datos pública de microorganismos patógenos y realizar un análisis comparativo para identificar genes o secciones similares.

INVESTIGACIÓN

El análisis genómico de cepas de SARS-CoV-2 ha revelado variaciones significativas en los ORFs incluyendo mutaciones y deleciones que afectan tanto a proteínas estructurales como no estructurales, lo que impacta en la transmisión del virus.

PROPUESTA 2

Idea: Comparación de ORFs entre cepas virales

Objetivo: Comparar los ORFs de al menos dos cepas virales de un virus, identificar las diferencias y analizarlas.

INVESTIGACIÓN

Los estudios sobre duplicaciones de genes han demostrado el relevante impacto de estos en la diversificación y en la aparición de rasgos fenotípicos clave.

PROPUESTA 3

Idea: Correlación entre ORFs y rasgos fenotípicos en plantas

Objetivo: Analizar el genoma de una planta y buscar ORFs relacionados con rasgos fenotípicos específicos de forma computacional

Referencias

Fournier, P., Dubourg, G., & Raoult, D. (2014). Clinical detection and characterization of bacterial pathogens in the genomics era. *Genome Medicine*, 6(11). <https://doi.org/10.1186/s13073-014-0114-2>

Islam, M. R., Hoque, M. N., Rahman, M. S., Alam, A. S. M. R. U., Akther, M., Puspo, J. A., Akter, S., Sultana, M., Crandall, K. A., & Hossain, M. A. (2020b). Genome-wide analysis of SARS-CoV-2 virus strains circulating worldwide implicates heterogeneity. *Scientific Reports*, 10(1). <https://doi.org/10.1038/s41598-020-70812-6>

Jungreis, I., Sealfon, R., & Kellis, M. (2021). SARS-CoV-2 gene content and COVID-19 mutation impact by comparing 44 Sarbecovirus genomes. *Nature Communications*, 12(1). <https://doi.org/10.1038/s41467-021-22905-7>