**Coordinación de Informática y Telecomunicaciones**

**Universidad Autónoma de la Ciudad de México**

**Ciudad de México, México**

A 7 de junio de 2023

**Dra. Elisa Azuara Liceaga**

Posgrado en Ciencias Genómicas

Elisa.azuara@uacm.edu.mx

**M. en C. Carlos E. Martínez Rodríguez**

Academia de Matemáticas

Carlos.martinez@uacm.edu.mx

**Asunto:** Solicitud de acceso remoto sin restricción de horarios a servidores para realizar cómputo científico en R y Python para el procesamiento de información genética de E. Histolytica

Estimado Ing. Luis Alberto Aguilar Sánchez:

Nos dirigimos a usted, la Dra. Elisa Azuara Liceaga del Posgrado en Ciencias Genómicas y el M. en C. Carlos E. Martínez Rodríguez de la Academia de Matemáticas, para presentar una solicitud de acceso remoto a uno de los servidores con que cuenta el área de Informática y Telecomunicaciones bajo su cargo en el Planel Cautepec.

~~Introducción:~~

En el marco de nuestro proyecto de investigación en el campo de ciencias genómicas, estamos llevando a cabo un estudio centrado en el análisis y procesamiento de información genética en específico del organismo E. histolytica, un organismo de relevancia científica por (dar las razones). Nuestro objetivo principal es (dar los objetivos). Para alcanzar este objetivo, es fundamental contar con acceso remoto a recursos computacionales de alto rendimiento sin restricciones de horarios para poder procesar la información que consiste en multiples archivos de gran tamaño y que requieren de recursos computacionales que una computadora convencional no puede proporcionar.

~~Resumen sobre E. histolytica y avances recientes:~~

La amebiasis es un padecimiento clínico de alta prevalencia a nivel mundial, los agentes causales, las amibas, son parásitos obligados y su reproducción, así como su ciclo vital está ligado la transmisión vía fecal-oral por la ingesta de quistes. Una de las principales formas de infección ocurre al ingerir materia contaminada con quistes del género Entamoeba. Este parásito se aloja y se reproduce en el tracto intestinal del hospedero provocando lesiones que pueden conducir a la muerte si no son tratadas adecuadamente [1]. Esto último es complicado ya que el diagnóstico es tardío y cuando se presentan sintomatologías en el hospedero, suele ser indicio de una infección en un estado avanzado, por eso se tiene como una enfermedad sanitaria de importancia clínica[1].

*Entamoeba histolytica* es uno de los organismos con mayor presencia en humanos ya que tiene un potencial de diseminación muy alto. Este organismo es capaz de realizar un cambio en su morfología que utiliza como una herramienta para poder sobrevivir y esparcirse o llegar a diferentes ambientes. La morfología esférica, denominada quiste, le ayuda a resistir diferentes condiciones ambientales manteniendo a la amiba viva, para que al hallarse en un medio adecuado pueda retomar la morfología de trofozoito. El diagnóstico médico y la detección de una infección por amibas suele ser complicado además, generalmente suele confundirse con otras sintomatologías. La microscopía óptica de materia contaminada con quistes es la herramienta más útil para el diagnóstico y detección de un individuo con amebiasis, este proceso dificulta enormemente el poder proporcionar diagnóstico temprano y un tratamiento clínico adecuado. [1-4].

El proceso de enquistamiento en E.histolytica no ha sido reportado hasta la fecha, sin embargo este conocimiento es importante debido a que ayudaría a “bloquear” el proceso morfológico y entender diversos aspectos moleculares los cuales divergen enormemente entre ambos estadios. Por otro lado, se ha descrito el proceso de enquistamiento en E. invadens (ref); una amiba descubierta en reptiles y que hasta la fecha ha funcionado como un modelo para el proceso de enquistamiento en E. histolytica. Sin embargo cabe recalcar que aún no han sido descritas otras similitudes moleculares; este es el caso de las proteínas MYB (MYeloBlastoma) descritas en E. histolytica (ref) ; este sesgo de información es de importancia clínica ya que se ha descrito que las proteínas MYB están relacionadas con procesos de regulación transcripcional y algunas modifican su expresión dependiendo del nicho de desarrollo de este protozoario parásito (ref). E. histolytica tiene un ciclo de vida que está estrechamente relacionado con la propagación o reproducción del parásito, la infección del hospedero y la morfología que la amiba tome en los diferentes entornos en los que se encuentre. E. histolytica tiene 2 “estadios o etapas” morfológicas: el trofozoito es pleomórfico además de tener una gran actividad móvil; por otro lado, el quiste es la morfología que la amiba utiliza para su “encapsulamiento”, la cual es una esfera de quitina proporcionándole la facultad para resistir ambientes adversos [2]. El ciclo de vida de E. histolytica inicia cuando un organismo ingiere material contaminado con los quistes de la amiba, estos se desenquistan en el intestino delgado en trofozoítos con la finalidad de alimentarse y reproducirse. Posteriormente algunas amibas se enquistarán para segregarse en las heces y continuar con su ciclo de vida [4]. El trofozoíto mide aproximadamente 20 a 40μm presenta una morfología pleomórfica que produce su movimiento característico por seudópodos (proyección del citoplasma para desplazamiento) las amibas incorporan nutrientes por pinocitosis a través de invaginaciones en la membrana celular) (6). Presentan uno o más núcleos los cuales miden aproximadamente 7 μm, presentan una cadena de RNA en el perímetro interno del núcleo, en la zona central del núcleo se localiza el DNA el cual no se condensa en cromosomas, también se pueden encontrar esférulas nucleares con función desconocida (1,3). La membrana del trofozoito presenta lípidos únicos que le permiten la flexibilidad en su movimiento [5]. El quiste es una estructura esférica la cual tiene como componente principal en su membrana extracelular un polímero de N-acetil-D glucosamina o quitina, esta membrana tiene aproximadamente 150 nm de espesor y ésta forma contiene de 1 a 4 núcleos. La amiba utiliza esta morfología para su diseminación a sus hospederos [5 ].

E.histolytica tiene un genoma de 20.8Mb y codifica para 8,333 proteínas, 1.2% pseudo-genes y 1% codifica para RNA’s pequeños. Se tiene el conocimiento que esta amiba desarrollo un elemento GAAC-box reportándose aproximadamente 43 genes y otros 4000 similares que mantienen una función análoga a la TATA-box, estos factores fungen como coordinadores de la regulación de la transcripción, también se cree que organismos multicelulares han desarrollado proteínas TBP las cuales han desarrollado una función análoga a la TATA-box, así mismo se descubrió que TRF2 regula selectivamente a promotores que carecen de TATA-box impulsando la transcripción de genes esenciales para la organización cromosómica.[5]

~~Impacto y beneficio:~~

La obtención de acceso remoto a libre demanda a los servidores de cómputo científico de la Universidad Autónoma de la Ciudad de México del Planel Cautepec tendría un impacto significativo en términos de avance científico y generación de conocimiento. Los resultados obtenidos en este proyecto se espera se ven reflejados en la publicación de artículos científicos en revistas internacionales arbitradas, lo que contribuirá al cuerpo de conocimiento existente y consolidará el prestigio de nuestra institución.

Además, este proyecto brindará importantes oportunidades de formación académica para estudiantes de licenciatura y posgrado, ya que podrán desarrollar sus tesis y trabajos de investigación en el campo de la genómica y el análisis computacional de datos genéticos. También fomentará la colaboración y el trabajo conjunto con posdoctorantes, enriqueciendo el ambiente académico y promoviendo el intercambio de conocimientos con investigadores e investigadoras del Instituto Politécnico Nacional (IPN) así como de otros profesores investigadores y profesoras investigadoras dentro de nuestra Universidad.

El acceso remoto sin restricción de horarios a los servidores de cómputo científico de la Universidad Autónoma de la Ciudad de México también fortalecerá la relación de trabajo entre el Posgrado en Ciencias Genómicas y la Academia de Matemáticas. La colaboración interdisciplinaria entre ambos grupos colegiadosimpulsará el desarrollo de herramientas computacionales avanzadas y de Bionformática, incluyendo técnicas de aprendizaje automático (machine learning), que serán fundamentales en el análisis y la interpretación de los datos genómicos obtenidos de E. histolytica.

~~Duración del acceso:~~

Nuestra solicitud abarcaría un período de 12 años, con la posibilidad de extender el acceso en función de las necesidades del proyecto y la disponibilidad de los recursos por seis meses.

~~Responsabilidades:~~

Como solicitantes, nos comprometemos a utilizar los servidores de cómputo científico de manera responsable, respetando las políticas y regulaciones establecidas por la universidad. Garantizamos la confidencialidad y seguridad de los datos genéticos de E. histolytica, y nos comprometemos a cumplir con todas las normativas y procedimientos en materia de protección de datos y privacidad.

~~Plan de uso:~~

Presentamos un plan detallado sobre cómo utilizaremos los servidores de cómputo científico de manera remota y sin restricción de horarios para el procesamiento de información genética de E. histolytica. Dicho plan incluye la ejecución de algoritmos de análisis estadístico desarrollados tanto en R como en Python, la implementación de técnicas de aprendizaje automático y la visualización de resultados mediante herramientas gráficas relacionadas con Bioinformática. Además, nos comprometemos compartir los métodos y resultados obtenidos como parte de nuestra contribución a la comunidad científica a través de conferencias, pláticas o publicaciones en revistas científicas del área.

En resumen, la publicación de artículos científicos en revistas arbitradas, la realización de tesis de licenciatura y posgrado, el trabajo de posdoctorantes, así como el fortalecimiento de la relación de trabajo con investigadores del IPN y al interior de la Universidad, son beneficios acequibles derivados de esta colaboración. Estos avances contribuirán al desarrollo del conocimiento científico y al desarrollo de herramientas computacionales de Bioinformática y Machine Learning, acercándonos cada vez más a la obtención de resultados significativos en el estudio de E. histolytica.

Agradecemos de antemano su atención a esta solicitud y esperamos contar con su apoyo para acceder de manera remota y sin restricción de horarios a los servidores de cómputo científico de la Universidad Autónoma de la Ciudad de México en el Plantel Cuautepec. Estamos convencidos de que esta colaboración será beneficiosa tanto para nuestra investigación como para el prestigio y desarrollo científico de su institución.

Adjuntamos nuestros datos de contacto y quedamos a su disposición para ampliar cualquier información adicional que se requiera.

Agradeciendo su atención, quedamos a la espera de su favorable respuesta.

Atentamente,

Dra. Elisa Azuara Liceaga

Posgrado en Ciencias Genómicas

[elisa.azuara@uacm.edu.mx](mailto:elisa.azuara@uacm.edu.mx)

M. en C. Carlos E. Martínez Rodríguez

Academia de Matemáticas

[carlos.martinez@uacm.edu.mx](mailto:carlos.martinez@uacm.edu.mx)