

PROGRAMA DE VINCULACIÓN DE CIENTÍFICOS Y TECNÓLOGOS - Convocatoria 2018

WGS en el análisis de aislamientos de *S. aureus* que causaron infecciones invasivas en niños paraguayos

Dpto. de Microbiología - Instituto de Investigaciones en Ciencias de la Salud, UNA

Dra. Rosa María Guillén Fretes, rmgullenf@gmail.com

RESUMEN

La estancia de investigación se dió en la División Genómica del Instituto de Tecnológico y de Energías Renovables, Granadilla, España, con la finalidad de realizar secuenciación masiva de ADN de aislamientos de *S. aureus* que infectaron a niños paraguayos. Estos aislados son el resultado de proyectos de investigación previos llevados a cabo por pediatras, microbiólogos y biólogos moleculares desde el año 2009 en Paraguay. La estancia no sólo permitió el entrenamiento en tecnología de avanzada y análisis bioinformático, sino que además ha generado datos de alto valor epidemiológico a partir del estudio de genes asociados a resistencia a antibióticos y factores de virulencia en un tiempo record.

OBJETIVOS

Aplicar secuenciación de nueva generación a aislamientos de *S. aureus* que causaron infecciones invasivas en niños paraguayos y analizar los resultados desde el punto de vista epidemiológico

Palabras clave: Secuenciación de genoma completo (WGS), *S. aureus*, infecciones invasivas, niños

APORTES DE LA ESTANCIA

La estancia ha permitido no sólo el entrenamiento en técnicas de secuenciación masiva y el uso de herramientas informáticas para el control de calidad, el ensamblado de secuencias y la anotación de las mismas, sino que ha permitido generar los primeros resultados de genomas completos, a nivel nacional, de un patógeno considerado dentro del nivel de amenaza seria como es *Staphylococcus aureus* y que produjo infecciones invasivas en niños paraguayos. Estos análisis fueron realizados en tiempo record gracias al acceso a plataformas informáticas como ION Gap, y a la capacidad de computo del superordenador TEIDE HPC del ITER.



Integrantes del grupo de investigación de la División Genómica del ITER y la Dra. Rosa Guillén, posterior a seminario de trabajo

ACTIVIDADES REALIZADAS

- Reuniones de trabajo y discusión de posibles colaboraciones con grupo de investigadores de división genómica del ITER.
- Entrenamiento básico en plataformas de secuenciación masiva: con base de plataformas illumina (MiSeq y HiSeq) y Secuenciación masiva de ADN de aislamientos de *S. aureus* causantes de infecciones invasivas en niños paraguayos:
- Análisis bioinformático con plataformas externas y propias del ITER como IONGAP, empleando la capacidad de almacenamiento y computo informático del superordenador TEIDE HPC del ITER. :
- Actividades de difusión de resultados realizadas al retorno a Paraguay: Seminario abierto a todo público en 18/10/18, información difundida en redes sociales y página web del IICS.



RESULTADOS OBTENIDOS

Se han obtenido secuencias de genomas completos de aislados de *S. aureus* que causaron infecciones invasivas y que permiten determinar MLST, spatipo, factores de virulencia y genes de resistencia a antibióticos presentes en estos patógenos. El entrenamiento recibido en el uso de estas plataformas de secuenciación y del análisis bioinformático será empleado en próximos proyectos de investigación. Se han consolidado lazos de colaboración con un grupo de investigación de referencia en el área.



Secuenciador HiSeq – División Genómica - ITER

CONCLUSIÓN

La secuenciación masiva permite evaluar de forma rápida y eficiente determinantes genéticos que colaboran en la patogenicidad de bacterias como *S. aureus*, y que no podrían ser evidenciados por técnicas moleculares convencionales con la misma rapidez y eficiencia.

VISIÓN Y PLANES FUTUROS

Los resultados obtenidos son de un valor epidemiológico incalculable. Los mismos corresponden a un salto cualitativo importante para la línea de investigación de nuestro grupo y nos permite ampliar el horizonte de nuevos proyectos que un futuro próximo permitirán no sólo afianzar la red de investigación nacional vigente desde el 2009, sino que además ser parte de redes regionales como StaphNET.

“Esta estancia de (Investigación, Transferencia tecnológica o Internacionalización de la Educación superior) fue cofinanciado por el Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología - CONACYT con recursos del FEEI”