

[COVID Information Commons \(CIC\) Research Lightning Talk](#)

Transcript of a Presentation by Jennifer Surtees (University at Buffalo), January 31, 2023



Title: [Center for Ecosystems Data Integration and Pandemic Early Warning Systems](#)

[Jennifer Surtees CIC Database Profile](#)

NSF Award #: [2200173](#)

[YouTube Recording with Slides](#)

[January 2023 CIC Webinar Information](#)

Transcript Editor: Lauren Close

Transcript

Slide 1

Bon après-midi à tous, merci d'être ici. Je suis ravi de vous parler un peu de ce que nous faisons. Il s'agit de notre projet PIPP pour la prévention des pandémies financé par la NSF dont Mark [Lurie] a parlé plus tôt. Donc, c'est un autre de ces mécanismes. Je m'appelle Jennifer Surtees et je suis à l'Université de Buffalo.

Slide 2

Je voulais simplement commencer par partager avec vous quel est notre grand défi pour la prévention des pandémies. Fondamentalement, nous sommes le Centre d'intégration des données des écosystèmes (CEDI) pour les systèmes d'alerte précoce des pandémies. Notre grand défi est essentiellement de développer plusieurs flux de données à différents niveaux. Pour développer cela, nous pouvons intégrer pour créer un système d'alerte précoce pour les épidémies et les pandémies. L'idée est d'intégrer de multiples bases de données diverses qui augmentent l'écosystème viral - je suis désolé -

Slide 3

L'écosystème viral qui est dérivé d'échantillons d'eaux usées et d'échantillons de patients. L'écosystème humain basé sur des données massives, des données GPS, des données de téléphones portables, ainsi que des informations sur l'écosystème communautaire, basées sur des discussions avec la communauté et des membres différents de notre communauté. Nous voyons ce développement de données et leur intégration dans un système d'alerte précoce combiné à la communication de nos résultats, à la sollicitation des commentaires de nos membres de la communauté, et à la génération d'informations de nos membres de la communauté pour les

intégrer dans notre système d'alerte précoce. Comme mécanisme de boucle de rétroaction pour générer ce système d'écosystème ou de système d'alerte précoce plus robuste. Notre objectif est donc de développer ce système d'alerte précoce, mais également un objectif tout aussi important est de collaborer avec nos communautés et de construire de véritables partenariats, non seulement pour la génération de données pour notre système d'alerte précoce, mais aussi comme un mécanisme pour avoir de véritables partenariats et une relation de confiance avec nos différents membres de la communauté. Peu importe à quel point notre système d'alerte précoce est bon, si, lorsque nous émettons des avertissements, la communauté ne réagit pas. Donc, reconstruire cette confiance est vraiment essentiel.

Slide 4

Je ne vais pas passer en revue cette diapositive entière, je veux juste partager avec vous le fait que c'est un groupe très interdisciplinaire et un groupe en croissance de toute l'université, de toutes les disciplines, allant de la génomique à la modélisation mathématique, à l'apprentissage automatique, à l'ingénierie, à la virologie, à l'histoire, aux études sur le handicap, à la chimie, etc. C'est une équipe formidable.

Slide 5

En dehors de l'université, nous avons des partenariats avec différents systèmes de soins de santé. Dans l'État de New York, nous faisons partie d'un consortium de séquençage complet du génome à l'heure actuelle, et avec l'approvisionnement en eau du comté de Buffalo et Erie.

Slide 6

Nous avons ce réseau fantastique pour nous aider à générer et mettre en œuvre les données dont nous parlons. Nous essayons d'utiliser notre région dans l'ouest de l'État de New York - donc encore une fois, je suis à Buffalo et nous sommes dans le comté d'Erie - en essayant d'utiliser notre région comme un laboratoire communautaire et pour générer des données sur notre écosystème microbien. Ce qui se passe en termes de virus et de microbes présents à la fois dans les eaux usées, dont je parlerai, et dans les échantillons individuels de patients. Je parlerai davantage de cela dans quelques minutes. Comprendre également notre écosystème humain, notre relation communautaire et le renforcement des capacités. Nous, grâce à un conseil consultatif communautaire, au développement d'enquêtes et de groupes de discussion, encore une fois, dont je parlerai un peu plus tard, mais aussi à l'exploitation des données, à la surveillance GPS et à la construction de réseaux à des fins de modélisation. Développer ces différents types de jeux de données au niveau microbien, au niveau humain, puis les intégrer dans ce Hub de modélisation prédictive basé sur la modélisation mathématique et l'apprentissage automatique. Ensuite, faire sortir cette production vers nos membres de la communauté, nos parties prenantes, ainsi que retourner dans notre analyse de nos écosystèmes. La communication avec nos parties prenantes - avec nos membres de la communauté - est vraiment cruciale pour tout cela.

Slide 7

Ce qui sous-tend beaucoup de ce que nous faisons, c'est le séquençage. Et donc, je veux simplement vous orienter très rapidement vers le séquençage du SARS-CoV2, puis au-delà vers d'autres approches de nettoyage microbien. Je veux simplement vous orienter vers ce que nous regardons lorsque nous examinons ces arbres phylogénétiques. Fondamentalement, nous commençons avec un SARS-CoV2 original, le virus de Wuhan, si vous voulez, et puis au fil du temps, à mesure que le virus se propage, il accumule des mutations. Nous obtenons ces différentes lignées et variants d'intérêt en fin de compte. À mesure que nous apportons des modifications, nous obtenons la ramification de cet arbre phylogénétique. Donc, dans ce cas particulier, nous commençons avec cette séquence bleue. Mais ensuite, sur cette clade, il a accumulé une nouvelle mutation - ce cercle orange - et ensuite une autre mutation, ce cercle vert. Donc, ces deux individus, A et B, ont la même lignée. C'est cette combinaison de mutations. La lignée C est similaire, mais au lieu d'avoir ce cercle vert, elle a ce cercle rouge. Donc, bien qu'elle soit étroitement liée, elle est distincte des lignées A et B. De même, nous avons ce autre point de branchement où nous avons des lignées apparentées mais avec des différences.

Slide 8

Ce que nous avons fait ici dans l'ouest de l'État de New York - et les gens l'ont fait partout dans le monde, mais cela concerne l'ouest de l'État de New York - c'est notre analyse phylogénétique de ce que nous avons observé tout au long de la pandémie. Nous avons pu construire ces arbres phylogénétiques pour évaluer vraiment ce qui est présent dans nos communautés.

Slide 9

Ce que nous avons également fait - et cela s'inscrit dans notre modélisation - ce que nous avons également pu faire, c'est regarder de plus près les différentes lignées pour effectuer une analyse de cluster. En prenant dans ce cas toutes les variantes alpha que nous avons identifiées dans notre région et en les regroupant en fonction de la similarité des séquences en utilisant ces arbres phylogénétiques, nous voyons des groupes distincts. Plus il est jaune, plus les lignées alpha sont similaires. Nous voyons ces groupes distincts étiquetés un, deux, trois et quatre, qui sont toutes des variantes Alpha. Ensuite, nous avons des mutations de fond qui les rendent distinctes. En regardant ces différences, cela suggère qu'il y a eu plusieurs introductions dans notre communauté ainsi que des transmissions communautaires. Différentes versions ont été introduites et une fois introduites, elles se propagent à d'autres personnes. Cela est simplement montré et vous pouvez le voir dans ces arbres phylogénétiques. Ces flèches pointent en fait vers des mutations uniques qui ne sont observées qu'environ dans l'ouest de l'État de New York, ce qui est assez cool.

L'autre chose que nous pouvons réellement faire est d'utiliser la propagation - le suivi de la propagation du SARS-CoV2 - pour effectuer une modélisation basée sur les agents, dont je parlerai dans un instant, pour comprendre comment ces différentes versions de SARS-CoV2 se déplacent dans notre communauté et modéliser ce mouvement en fonction de certaines des données humaines que nous intégrerons également.

Slide 10

Une des choses que nous avons remarquées - donc c'est en fait un regard sur les différentes lignées de SARS-CoV2 à travers l'État de New York. Donc, ce sont les différentes régions à l'intérieur de l'État de New York et les différents panneaux représentent les lignées au fil du temps, dans ce cas en 2020, dans ces différentes régions. Si vous regardez simplement les motifs de couleurs, vous pouvez voir qu'il y a des différences vraiment significatives dans les motifs de présence de la version de SARS-CoV2, même dans des régions très proches les unes des autres. Et cela était encore plus évident lorsque nous regardons notre [données] de 2021. Je ne vais pas montrer [cela], mais c'est également vrai en 2022.

Slide 11

Nous pensons que nous pouvons utiliser cette distribution et la variation de distribution au fil du temps comme moyen de modéliser la propagation de SARS-CoV2 dans tout l'État ainsi qu'au sein du comté d'Erie au fil du temps. Donc, cela montre simplement à nouveau un instantané en accéléré de la variante Alpha dans l'État de New York, où elle était localisée et quand, avec le jaune étant plus prévalent. Vous pouvez voir qu'il commence dans le sud et l'est de l'État de New York, puis se propage progressivement. La chronologie de cette variante est distincte en fonction de la partie de New York dans laquelle vous vous trouvez. Cela montre simplement - c'est juste un fichier .gif montrant la variante Alpha se déplaçant dans tout l'État de New York au fil du temps. C'est simplement la variante de New York pour comparer. Vous pouvez voir une migration différentielle et un mouvement différentiel de ces deux lignées au fil du temps.

En incorporant des éléments tels que les modèles de trafic et le développement d'un règlement basé sur les agents, nous effectuons une analyse de réseau à travers l'État de New York et dans le comté d'Erie pour comprendre le mouvement du virus au fil du temps.

Slide 12

L'autre chose que nous avons faite, et cela s'inscrit dans le travail avec nos collaborateurs en ingénierie Yin Yin Yi et Ian Bradley qui, au cours de la pandémie, suivaient les niveaux d'ARN dans nos eaux usées. C'est un dessin animé des eaux usées - collecte de données sur les eaux usées. Ce sont nos eaux usées, puis ce sont les virus SARS-CoV2 présents dans nos eaux usées. Au cours de la pandémie, ils ont examiné les niveaux d'ARN au fil du temps. Puis, il y a environ un an et demi, nous avons développé des techniques pour séquencer également le SARS-CoV2 dans les eaux usées.

Slide 13

Cela montre des échantillons de patients, des échantillons individuels, et encore une fois, les couleurs représentent différentes lignées de SARS-CoV2. C'est en fonction du temps sur l'axe des x. Lorsque nous regardons quatre différents bassins versants, nous pouvons voir que le type de virus lui-même est similaire entre les bassins versants, bien qu'il y ait quelques différences. Les motifs sont en fait différents de ce que nous voyons dans les échantillons de patients. Les échantillons d'eaux usées sont en fait un échantillon regroupé de tout dans notre communauté, et il est donc vraiment intéressant de regarder les différences entre un patient et les échantillons

d'eaux usées, les échantillons de patients étant un peu plus biaisés en termes de qui est effectivement séquencé.

Les eaux usées peuvent être utilisées pour surveiller différents agents pathogènes connus et nouveaux. Donc, c'est ce que nous faisons actuellement. Pour le faire de manière significative, nous avons besoin de la coopération et de la confiance de la communauté.

Slide 14

Maintenant, je vous montre simplement le même diagramme, mais ici j'ai ajouté beaucoup plus de gribouillis et de triangles pour indiquer que nous ne séquençons plus seulement le COVID - nous séquençons tout l'ARN présent dans les eaux usées après épuisement pour l'ARNm et l'ARNr afin que nous puissions enrichir certains des ARN viraux et particulièrement microbien. L'idée ici est de développer une image longitudinale de l'écosystème viral et microbien au fil du temps afin que nous puissions avoir une idée de ce qui est normalement présent. S'il est perturbé, nous pouvons le remarquer et ensuite commencer à examiner plus en détail ce qui pourrait être présent. C'est une façon de détecter non seulement les agents pathogènes connus, mais potentiellement aussi un agent pathogène inconnu. L'une des autres choses que nous sommes vraiment excités de faire est d'incorporer la spectrométrie de masse pour détecter également des produits pharmaceutiques dans les eaux usées. On dirait que la hausse de l'ibuprofène et ce genre de choses précède effectivement une augmentation ou une hausse des cas.

Slide 15

Nous examinons également au niveau de la communauté pour vraiment essayer de comprendre quels biomarqueurs - quelles questions clés devons-nous poser à nos partenaires communautaires afin de nourrir la modélisation et d'anticiper une épidémie. Nous recueillons des histoires orales, nous faisons des groupes de discussion et des entretiens avec différentes communautés à travers l'ouest de l'État de New York. Cela implique une discussion sur les préoccupations et les intérêts de la communauté, y compris les problèmes éthiques qui ont été mentionnés précédemment. Nous avons également un solide conseil consultatif communautaire pour nous aider à conseiller et à nous aider dans notre communication. Encore une fois, ces données sont réinjectées dans nos modèles.

Slide 16

J'ai également mentionné l'importance de l'engagement communautaire. Nous avons en fait un historique et des partenaires vraiment solides pour mener des activités d'engagement communautaire à la fois dans nos écoles K-12 et au sein de notre communauté de manière plus générale. Ce ne sont que quelques images de certains des événements et activités d'engagement communautaire que nous avons réalisés au cours des sept ou huit dernières années.

Slide 17

Nous exploitons ces partenaires maintenant ainsi qu'un partenariat avec le Buffalo Museum of Science pour mener beaucoup de construction de partenariats communautaires, de recherche pratique.

Slide 18

C'est l'une de nos premières démonstrations d'engagement communautaire au Museum of Science. Nous avons simplement cette démo de ce qu'est réellement l'eau usée et comment nous collectons tous ces échantillons à l'intérieur d'un quartier pour avoir une idée générale de ce qui se passe au niveau viral et microbien dans nos communautés. [Cela montre] comment nous utilisons cela pour prédire et espérons prévenir les pandémies. Je m'arrêterai là.