

## [Información de la COVID Commons \(CIC\) Discurso Relampago](#)

[Transcripción de una presentación de Jennifer Surtees \(Universidad de Buffalo\), January 31, 2023](#)



[Título: Centro de Integración de Datos de Ecosistemas y Sistemas de Alerta Temprana Pandémica](#)

[Jennifer Surtees CIC Database Perfil](#)

[NSF Award #: 2200173](#)

[Grabación de YouTube con diapositivas](#)

[January 2023 CIC Webinar Información](#)

Transcripción Editor: Lauren Close

---

### Transcripción

#### *Diapositiva 1*

Buenas tardes, gracias a todos por estar aquí. Estoy emocionado de hablar un poco sobre lo que estamos haciendo. Este es nuestro proyecto PIPP para la prevención de pandemias financiado por la NSF del que Mark [Lurie] habló antes. Este es otro de estos mecanismos. Me llamo Jennifer Surtees y estoy en la Universidad de Buffalo.

#### *Diapositiva 2*

Solo quería empezar compartiendo con ustedes cuál es nuestro gran desafío para la prevención de pandemias. Así que básicamente somos el Centro de Integración de Datos de Ecosistemas (CEDI) para Sistemas de Alerta Temprana Pandémica. Nuestro Gran Desafío consiste básicamente en desarrollar una serie de flujos de datos a diferentes niveles. Para desarrollar esto - que podemos integrar para desarrollar un sistema de alerta temprana para brotes y pandemias. Así que la idea es integrar múltiples bases de datos diversas que aumentan el viral - Lo siento -

#### *Diapositiva 3*

Ecosistema viral derivado de muestras de aguas residuales y muestras de pacientes. El ecosistema humano basado en big data, datos GPS, datos de teléfonos celulares, así como información de ecosistemas a nivel comunitario, basado en hablar con la comunidad y los miembros de diferentes miembros de nuestra comunidad. Vemos este desarrollo de datos y la integración en un sistema de alerta temprana combinado con la comunicación de nuestros

hallazgos, la solicitud de retroalimentación de los miembros de nuestra comunidad, y la generación de información de los miembros de nuestra comunidad para integrarse en nuestro sistema de alerta temprana. Como este mecanismo de bucle de retroalimentación para generar este ecosistema más robusto o sistema de alerta temprana. Así que tenemos como objetivo desarrollar este sistema de alerta temprana, pero también como un objetivo igualmente importante es comprometernos con nuestras comunidades y construir asociaciones reales, no solo para la generación de datos para nuestro sistema de alerta temprana, sino también como un mecanismo para tener asociaciones reales y una relación de confianza con nuestros diversos miembros de la comunidad. No importa cuán bueno sea nuestro sistema de alerta temprana si, cuando emitimos advertencias, la comunidad no responde. Así que construir esa confianza es realmente crítico.

#### *Diapositiva 4*

No voy a pasar por toda esta diapositiva, solo quiero compartir con ustedes el hecho de que este es un grupo altamente interdisciplinario y un grupo creciente de toda la Universidad, a través de las disciplinas, que van desde la genómica hasta el modelado matemático aprendizaje automático, ingeniería, virología, historia, estudios de discapacidad, química, etc. Este es un equipo excelente.

#### *Diapositiva 5*

Fuera de la universidad tenemos alianzas con diferentes sistemas de salud. Estado de Nueva York - somos parte de un estado de Nueva York todo el genoma secuenciación consorcio en el momento - y el Buffalo y Erie County Water Supply.

#### *Diapositiva 6*

Tenemos esta fantástica red para ayudarnos a generar e implementar - integrar e implementar los datos de los que estamos hablando. Estamos tratando de utilizar nuestra región en el oeste de Nueva York - así que de nuevo estoy en Buffalo y estamos en el condado de Erie - tratando de utilizar nuestra región como un laboratorio comunitario y para generar datos basados en nuestro ecosistema microbiano. ¿Qué está sucediendo en términos de los virus y microbios que están presentes a través de las aguas residuales, que voy a hablar y muestras individuales de pacientes. Hablaré más sobre eso en unos minutos. También comprenderemos nuestro ecosistema humano. Nuestra relación con la comunidad y el desarrollo de capacidades. Nosotros, a través de una junta asesora de la comunidad, el desarrollo de encuestas y grupos de discusión, de nuevo, de lo que voy a hablar en un poco, sino también la minería de datos y monitoreo de GPS y la construcción de GPS y la red para los fines de modelado. Desarrollar estos diferentes tipos de conjuntos de datos en el sistema microbiano, a nivel humano, y luego ponerlos en este centro de modelado predictivo basado en el modelado matemático y el aprendizaje automático. Nosotros que tenemos que salida salir a nuestros miembros de la comunidad, nuestras partes interesadas, así como para ir pero retroalimentar en nuestro análisis de nuestros ecosistemas. Realmente crítico para todo esto es la comunicación a nuestros grupos de interés - a nuestros miembros de la comunidad. Comunicación de la ciencia, comunicación del riesgo. ¿En qué nivel de riesgo estamos?

### *Diapositiva 7*

Lo que subyace a gran parte de lo que hacemos es secuenciar y, por lo tanto, quiero orientarlos rápidamente a la secuenciación del SARS-CoV2 y luego a otros enfoques de limpieza microbiana. Solo quiero orientarte a lo que estamos viendo cuando miramos estos árboles filogenéticos. Básicamente, empezamos con un SARS-CoV2 original, el virus Wuhan, si se quiere, y luego con el tiempo a medida que el virus se propaga, acumula mutaciones. Obtenemos estos diferentes linajes y variantes de preocupación en última instancia. A medida que obtenemos cambios, obtenemos la ramificación de este árbol filogenético. En este caso en particular, comenzamos con esta secuencia azul. Pero luego en este clado se ha acumulado otra nueva mutación - este círculo naranja - y luego otra mutación, este círculo verde. Estos dos individuos, A y B, tienen el mismo linaje. Es esta combinación de mutaciones. El linaje C es similar, pero en lugar de tener este círculo verde tiene este círculo rojo. Así que, aunque está estrechamente relacionado, es distinto de los linajes A y B. Del mismo modo, tenemos este otro punto de rama donde tenemos linajes relacionados, pero con algunas diferencias.

### *Diapositiva 8*

Así que lo que hemos hecho aquí en el oeste de Nueva York es - y la gente ha hecho esto en todo el mundo, pero esto es mirando al oeste de Nueva York - este es nuestro análisis filogenético de lo que hemos visto a lo largo de la pandemia. Hemos sido capaces de construir estos árboles filogenéticos para evaluar realmente lo que está presente en nuestras comunidades.

### *Diapositiva 9*

Lo que también hemos hecho - y esto se relaciona con nuestro modelado - lo que también hemos sido capaces de hacer es mirar más de cerca a los diferentes linajes para hacer un análisis de clúster. Así que al tomar en este caso todas las variantes alfa que hemos identificado en nuestra región y agruparlas en base a la similitud de las secuencias usando esos árboles filogenéticos, vemos grupos distintos. Así que cuanto más amarillo sea, más similares serán los linajes lineales alfa. Vemos estos distintos grupos etiquetados como uno, dos, tres y cuatro, que son todas variantes alfa. Luego tenemos mutaciones de fondo que las hacen distintas. Al observar estas diferencias, se sugiere que hay múltiples introducciones en nuestra comunidad, así como propagación de la comunidad. Así que se han introducido diferentes versiones y una vez que se introducen se propagan a otras personas. Esto solo se muestra que puedes ver esto en estos árboles filogenéticos. Estas flechas están apuntando a mutaciones únicas que en realidad solo se ven en el oeste de Nueva York, lo cual es genial.

La otra cosa y en realidad podemos utilizar la propagación - el seguimiento de la propagación de SARS-CoV2 para realmente hacer el modelado basado en agentes, que voy a hablar en un segundo, para entender realmente cómo estas diferentes versiones de SARS-CoV2 moverse en nuestra comunidad y modelar ese movimiento basado en algunos de los datos humanos que también vamos a integrar.

### *Diapositiva 10*

Una de las cosas que sí notamos - así que esto es en realidad ver los diferentes linajes de SARS-CoV2 en todo el estado de Nueva York. Así que estas son las diferentes regiones del estado de Nueva York y los diferentes paneles representan los linajes en el tiempo, en este caso en 2020, en estas diferentes regiones. Si nos fijamos en los patrones de color se puede ver que estos - y en realidad también incluimos Ontario porque está cerca de Buffalo -pero si nos fijamos en todos los diferentes patrones, los patrones de color en estas diferentes regiones, Pueden ver que son diferencias realmente significativas en los patrones de qué versión de SARS-CoV2 está presente, incluso en regiones que están muy juntas. Y esto fue aún más evidente cuando miramos en nuestros 2021 [datos]. No voy a mostrar [eso] pero nosotros esto también es cierto en 2022.

### *Diapositiva 11*

Creemos que podemos utilizar esta distribución y variación en la distribución a lo largo del tiempo como una forma de modelar la propagación del SARS-CoV2 en todo el estado, así como dentro del condado de Erie a lo largo del tiempo. Así que esto es solo de nuevo mostrando una instantánea de lapso de tiempo de la variante Alpha en el estado de Nueva York, donde se localizó y cuando con el más amarillo es el más frecuente. Se puede ver que comienza en el sur del estado y el este de Nueva York y luego se extiende gradualmente. El momento de esta variante es distinto dependiendo de en qué parte de Nueva York se encuentre. Esto es solo una demostración - esto es solo un . gif que muestra la variante Alpha moviéndose alrededor del estado de Nueva York con el tiempo. Esta es solo la variante de Nueva York para comparar. Se puede ver migración diferencial y movimiento diferencial de estos dos linajes a lo largo del tiempo.

Mediante la incorporación de cosas como los patrones de tráfico y el desarrollo de asentamiento basado en agentes, estamos haciendo análisis de red en todo el estado de Nueva York y dentro del condado de Erie para entender el movimiento del virus a través del tiempo.

### *Diapositiva 12*

La otra cosa que hemos estado haciendo y esto es trabajar con nuestros colaboradores de ingeniería Yin Yin Yi e Ian Bradley que, en el transcurso de la pandemia, estaban rastreando los niveles de ARN en nuestras aguas residuales. Esta es una caricatura de aguas residuales - la recogida de datos de aguas residuales. Estas son nuestras aguas residuales y luego estos son los virus SARS-CoV2 que están presentes en nuestras aguas residuales. Durante el curso de la pandemia, miraron los niveles del ARN a través como función del tiempo. Entonces hace un año y medio desarrollamos técnicas para hacer la secuencia del SARS-CoV2 en las aguas residuales también.

### *Diapositiva 13*

Esto muestra muestras de pacientes, muestras individuales, y de nuevo los colores son diferentes linajes de SARS-CoV2. Esto es en función del tiempo en el eje x. Cuando miramos cuatro

cobertizos de alcantarillado diferentes podemos ver que el tipo - el tipo de virus en sí - es similar entre los cobertizos de alcantarillado, aunque hay algunas diferencias. Los patrones son realmente diferentes de lo que vemos en las muestras de pacientes. Así que las muestras de aguas residuales son en realidad una muestra común de todo en nuestra comunidad y por lo que es muy interesante ver las diferencias entre un paciente y las muestras de aguas residuales, Las muestras de pacientes están un poco más sesgadas en términos de quién está siendo secuenciado.

Las aguas residuales se pueden usar para monitorear diferentes patógenos conocidos y nuevos. Esto es lo que estamos haciendo ahora. Para hacer esto realmente de una manera significativa necesitamos la cooperación y la confianza de la comunidad.

#### *Diapositiva 14*

Ahora les estoy mostrando el mismo diagrama, pero aquí he añadido un montón de garabatos y triángulos para indicar que ya no estamos secuenciando COVID. Estamos secuenciando todo el ARN que está presente en las aguas residuales después de agotarse para ARNm y RRNA para que podamos enriquecernos para algunos de los ARNs microbianos y particularmente virales. La idea aquí es desarrollar una imagen longitudinal del ecosistema microbiano viral con el tiempo para que podamos tener una idea de lo que está normalmente allí. Si se interrumpe podemos notar y thenstart mirando n más detalle en lo que podría estar presente. Esta es una forma de detectar no solo patógenos conocidos, sino también un patógeno potencialmente desconocido. Una de las otras cosas que estamos muy emocionados de hacer es incorporar espectrometría de masas para detectar productos farmacéuticos en las aguas residuales también. Parece que el aumento en el ibuprofeno y ese tipo de cosas en realidad precede a este un aumento o un pico en los casos.

#### *Diapositiva 15*

También estamos mirando al nivel de la comunidad para tratar de entender realmente qué biomarcadores - qué preguntas clave necesitamos hacer a nuestros socios de la comunidad con el fin de alimentarse en el modelado y anticipar un brote. Estamos recopilando historias orales, estamos haciendo grupos de enfoque y entrevistas con diferentes comunidades en el oeste de Nueva York. Esto implica una discusión de las preocupaciones e intereses de la comunidad, incluyendo las cuestiones éticas que se mencionaron anteriormente. Tenemos un fuerte Consejo Asesor de la Comunidad, así como para asesorar y ayudarnos con nuestra comunicación. Una vez más, estos datos se alimentan de nuevo en nuestros modelos.

#### *Diapositiva 16*

También mencioné la importancia de la participación comunitaria. En realidad, tenemos un historial muy sólido y un conjunto de socios para hacer el compromiso comunitario tanto en nuestras escuelas de K-12 como dentro de nuestra comunidad en términos más generales. Estas son solo algunas imágenes de algunos de los eventos y actividades de participación comunitaria que hemos realizado en los últimos siete u ocho años.

*Diapositiva 17*

Estamos aprovechando esos socios ahora, así como una asociación con el Museo de Ciencia de Buffalo para hacer una gran cantidad de creación de asociaciones comunitarias, manos en la investigación de tipo.

*Diapositiva 18*

Esta es una de nuestras primeras demostraciones de compromiso comunitario en el Museo de la Ciencia. Acabamos de tener esta demostración de lo que es realmente el agua residual y cómo recolectamos todas esas muestras dentro de un vecindario para obtener una visión general - una visión general de lo que está sucediendo a nivel viral y a nivel microbiano en nuestras comunidades. [Muestra] cómo usamos eso para predecir y, con suerte, prevenir pandemias. Así que me detendré ahí.