

Circuito de vigilancia por secuenciación genómica de virus en Andalucía: origen y estado actual

Javier Perez-Florado¹, Carlos S. Casimiro-Soriguer¹, Francisco M. Ortuño^{1,2}, Jose Luis Fernandez-Rueda¹, María Lara¹, Andrea Aguado Marín¹, Pedro Camacho³, Laura Merino Díaz³, Adolfo De Salazar⁴, Laura Viñuela⁴, Natalia Chueca⁴, Ana Fuentes⁴, Lucía Pérez Rodríguez⁴, Sara Sanbonmatsu Gámez⁵, Irene Pedrosa Corral⁵, Vicente Guillot Sulay⁵, Nicola Lorusso⁶, Dolores Muñozerro Muñoz⁷, Jose María Navarro Mari⁵, Federico García⁴, Jose Antonio Lepe³, Joaquin Dopazo¹

¹ Plataforma de Medicina Computacional, Fundación Progreso y Salud
⁴ Hospital Universitario San Cecilio, Granada
 Consejería de Salud y Consumo, Junta de Andalucía

² Universidad de Granada

⁵ Hospital Universitario Virgen de las Nieves, Granada

⁷ Subdirección Técnica asesora de gestión de la Información, Consejería de Salud y Consumo

³ Hospital Universitario Virgen del Rocío, Sevilla

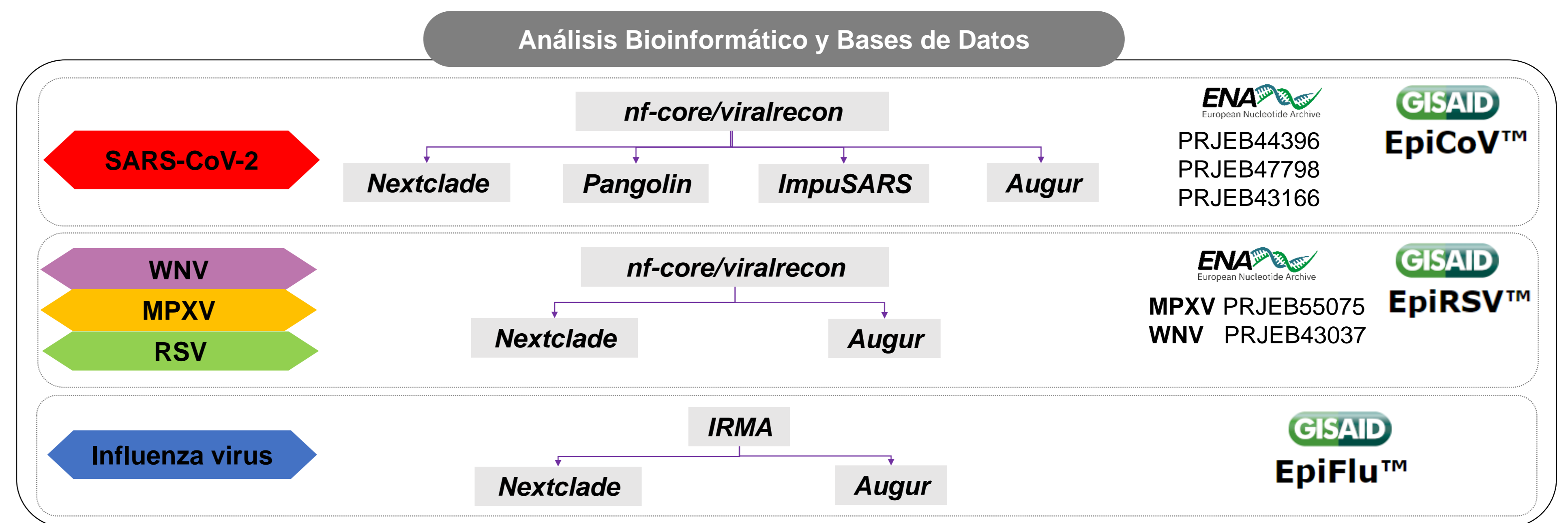
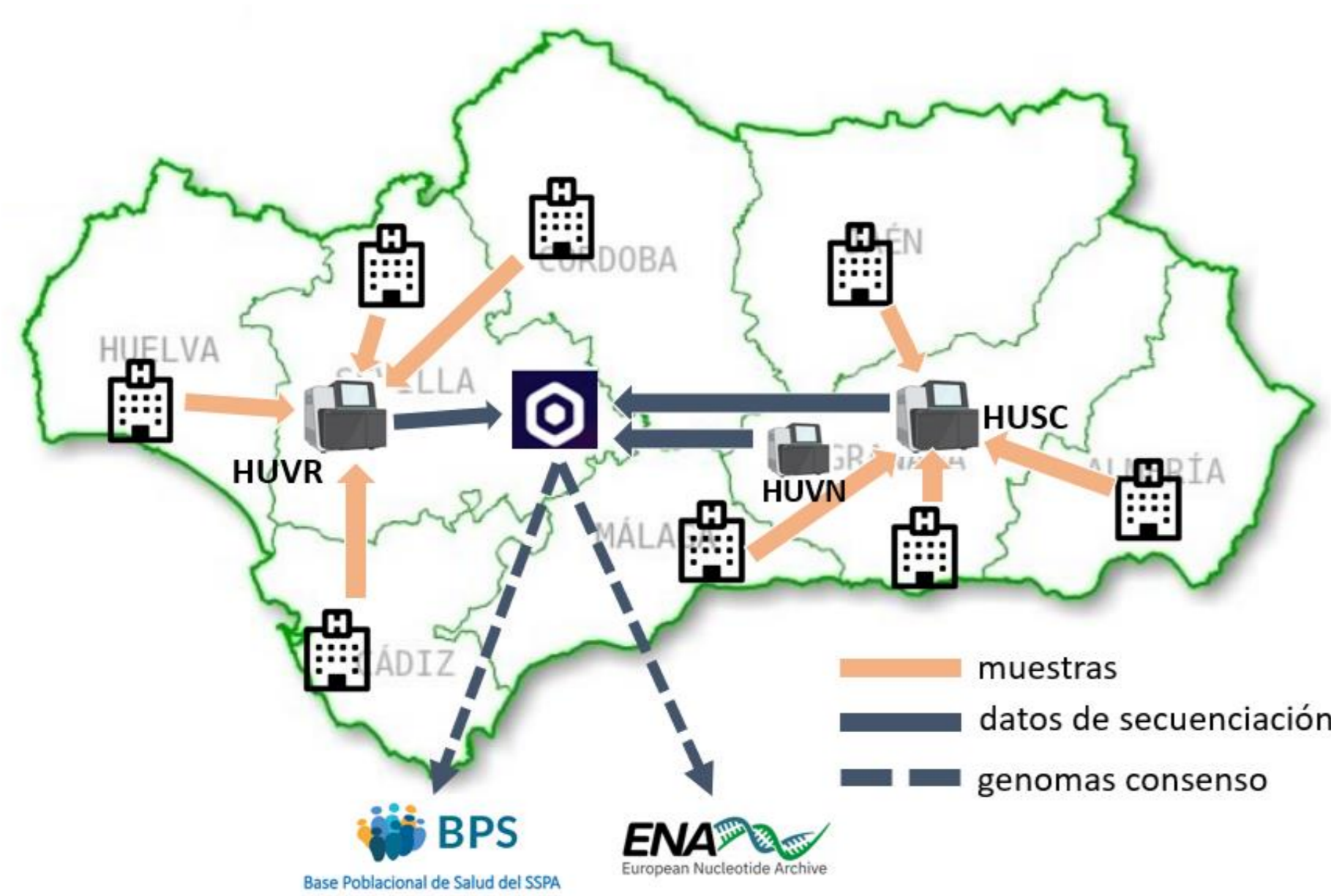
⁶ Dirección General de Salud Pública,

INTRODUCCIÓN

En Febrero de 2021, se puso en marcha un circuito clínico para secuenciar genomas de **SARS-CoV-2** en toda la geografía andaluza y reportar las variantes con información sobre su potencial riesgo para la salud. En este circuito los hospitales de cada provincia mandan una selección de muestras tomadas de pacientes positivos a los hospitales con capacidad de secuenciación. Los datos se transfieren a la Plataforma de Medicina Computacional para su análisis. Posteriormente, se amplió la funcionalidad de vigilancia epidemiológica a otros virus de interés como el **Virus de la Fiebre del Nilo (WNV)**, el brote del **virus de la viruela del mono (MPXV)**, y más recientemente el **virus respiratorio sincitial (RSV)** y el **virus de la gripe** (influenza virus).

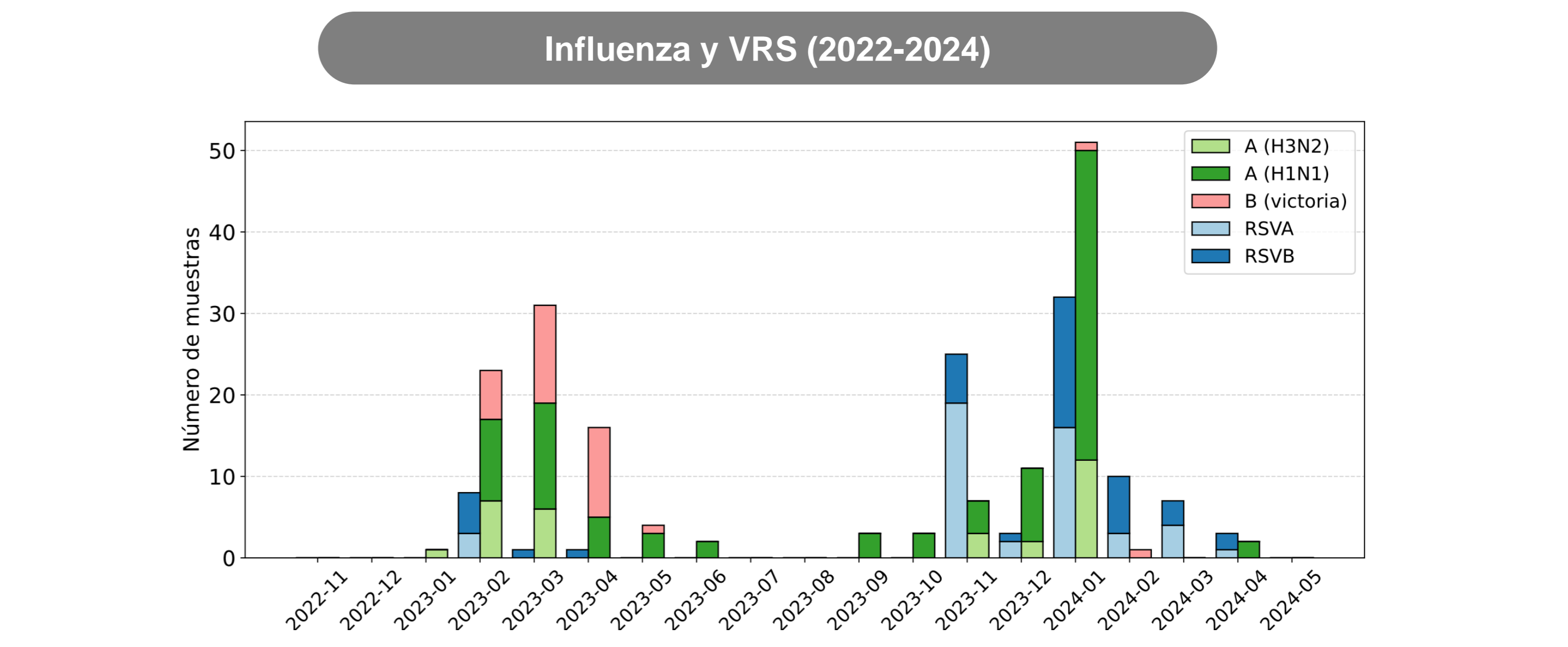
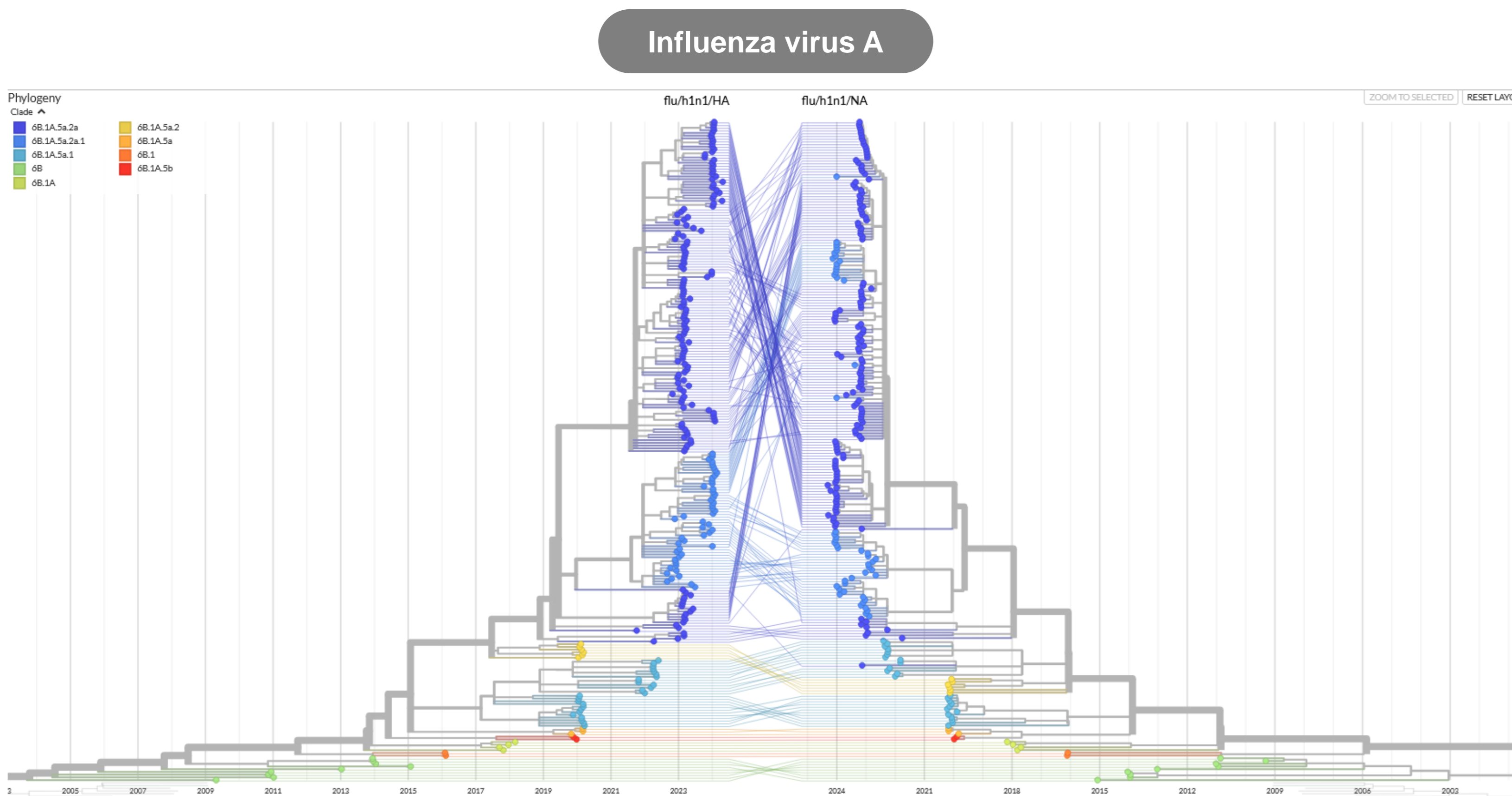
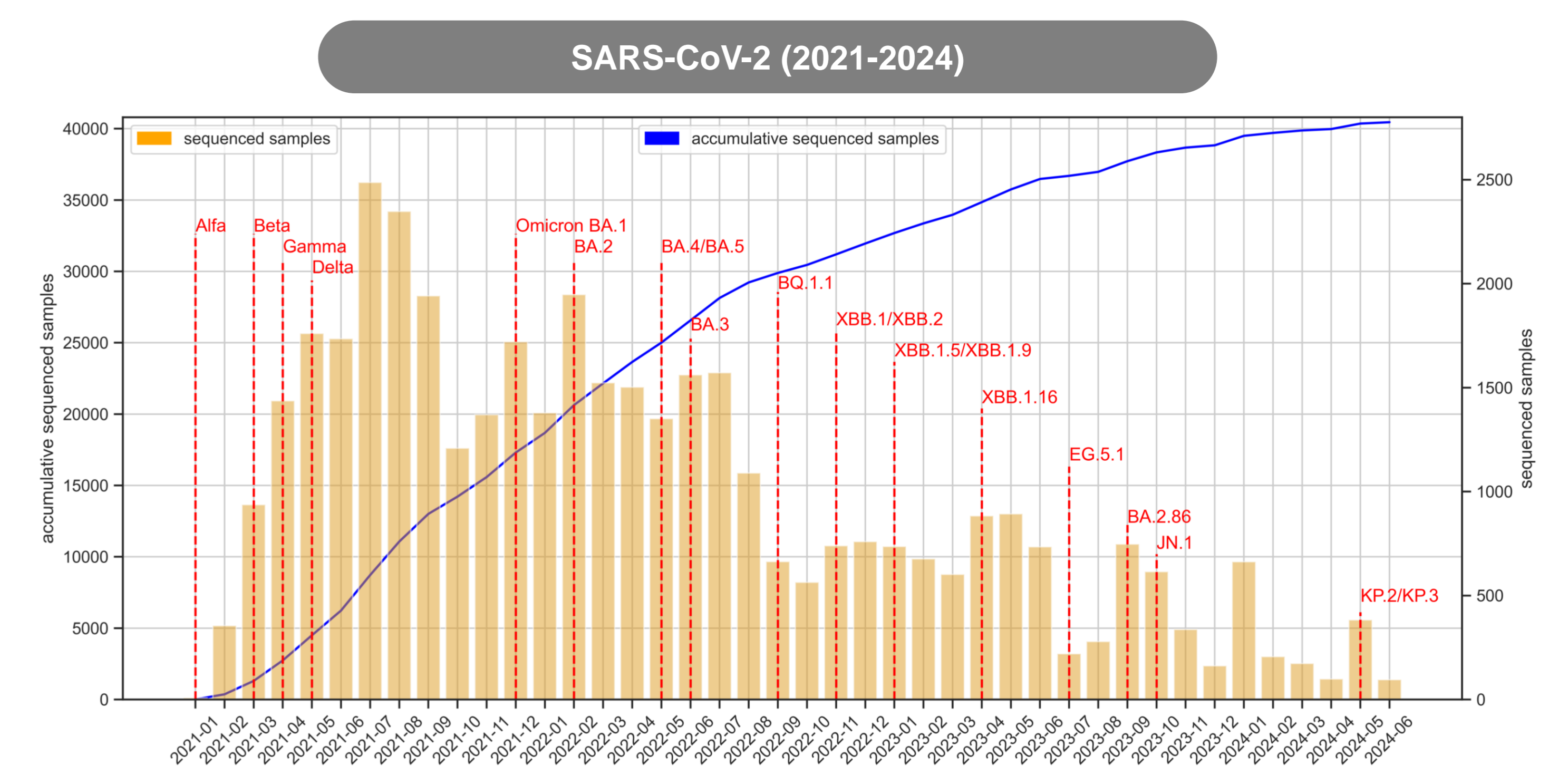
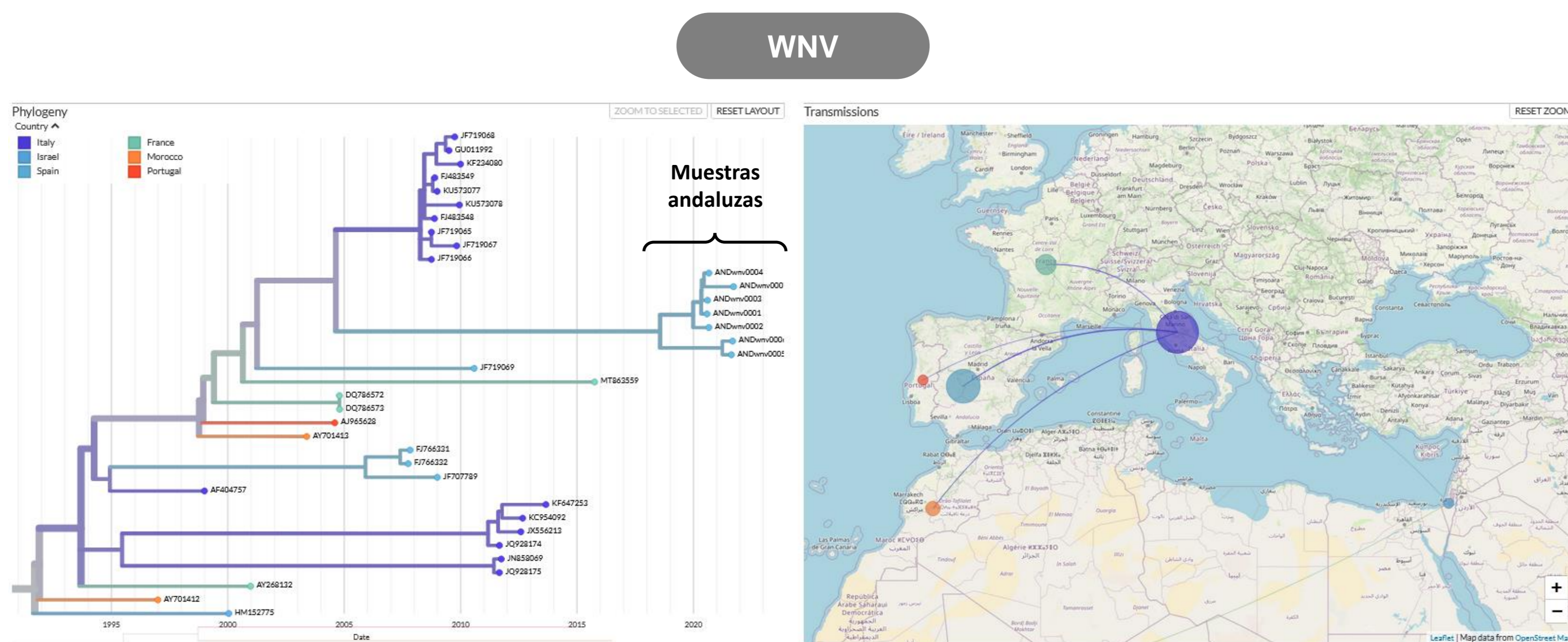
MÉTODOS

Los datos que se generan en los hospitales con capacidad de secuenciación se procesan y analizan en la **Plataforma de Medicina Computacional** con herramientas bioinformáticas que varían en función del genoma viral. En general, el análisis incluye un filtrado de lecturas por calidad y alineamiento al genoma de referencia, para posteriormente extraer las variantes y obtener la secuencia consenso con las variantes genéticas más frecuentes entre las lecturas. Los genomas generados se depositan en las bases de datos públicas **ENA** y/o **GISAID** y en la **Base de Datos Poblacional (BPS)** junto con la información clínica de los pacientes para un potencial uso secundario.



RESULTADOS

El número de genomas secuenciados, hasta la fecha, lo lidera el SARS-CoV-2 (**40.732**), seguido por MPXV (**388**), influenza virus (**308**), RSV (**136**) y WNV (**7**). En un servidor *nextstrain* local están disponibles los árboles filogenéticos de los genomas completos de los virus que se encuentran bajo el circuito de vigilancia. En el caso del virus de la gripe se ha dibujado un árbol filogenético de la *hemaglutinina* (HA) y la *neuraminidasa* (NA) para cada tipo (A o B) y subtipo (A/H1N1 y A/H3N2). Del mismo modo, se ha hecho distinción entre RSV-A y RSV-B.



CONCLUSIONES

- El número de virus que están bajo este sistema de vigilancia andaluz se encuentra en aumento, reflejando el esfuerzo de los últimos años dirigido a la secuenciación y análisis continuado de patógenos que suponen un riesgo para la salud de la población.
- La coordinación entre hospitales terciarios, de referencia y la Plataforma de Medicina Computacional posibilita una respuesta rápida ante futuros brotes de enfermedades infecciosas

* Se muestran segmentos de influenza virus recolectados en varios países. Las muestras de virus de la gripe A secuenciadas en Andalucía pertenecen a los clados 6B.1A.5a.2a y 6B.1A.5a.2a.1