

Vigilancia genómica del SARS-CoV-2 en Andalucía: origen, hitos y estado actual

Javier Perez-Florido^{1,2,3}, Carlos S. Casimiro-Soriguer^{1,2}, Francisco M. Ortuño^{1,4}, Jose Luis Fernandez-Rueda¹, María Lara¹, Pedro Camacho⁵, Laura Merino Diaz⁵, Adolfo de Salazar⁶, Laura Viñuela⁶, Natalia Chueca⁶, Ana Fuentes⁶, Nicola Lorusso⁷, Dolores Muñozyerro Muñoz⁸, Federico Garcia⁶, Jose A. Lepe⁵, Joaquin Dopazo^{1,2,3,9}

¹ Plataforma de Medicina Computacional, Fundación Progreso y Salud, Sevilla ² Computational Systems Medicine, Instituto de Biomedicina de Sevilla ³ BieR - centro de Investigaciones Biomédicas en Red en Enfermedades Raras ⁴ Dpto. de Arquitectura y Tecnología de Computadores, Univ. de Granada ⁵ Servicio de Microbiología, Unidad Clínica de Enfermedades Infecciosas, Microbiología y Parasitología, Hospital U. Virgen del Rocío, Sevilla ⁶ Servicio de Microbiología, Hospital U. San Cecilio, Granada ⁷ Dirección General de Salud Pública, Consejería de Salud y Consumo, Junta de Andalucía ⁸ Subdirección Técnica Asesora de Gestión de la Información, Servicio Andaluz de Salud, Sevilla ⁹ FPS/ELIXIR-ES, Fundación Progreso y Salud, Sevilla

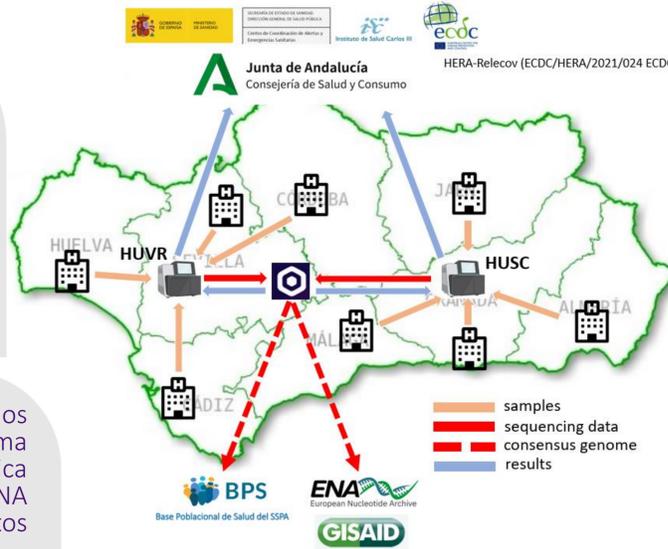
INTRODUCCIÓN

En el año 2021, la Comisión de Salud Pública del Consejo Interterritorial hace la recomendación de integrar la secuenciación del genoma en la **vigilancia epidemiológica** del SARS-CoV-2. Entonces, se puso en marcha un consorcio que incluye a los **hospitales terciarios principales** de las 8 provincias de Andalucía, a la **Plataforma de Medicina Computacional** de la Fundación Progreso y Salud, al registro de la COVID-19 de la D.G. de Salud Pública de la Consejería de Salud y Consumo y a la Base Poblacional de Salud (BPS) de la de la Subdirección Técnica Asesora de Gestión de la Información del SAS, para **secuenciar sistemáticamente genomas de SARS-CoV-2** y contribuir a la vigilancia epidemiológica.

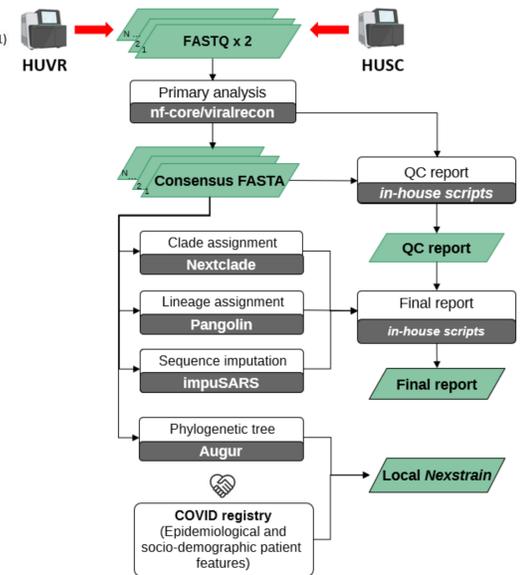
MÉTODOS

1. Los hospitales terciarios principales mandan una selección de muestras tomadas de pacientes positivos a dos hospitales de referencia (Virgen del Rocío-HUVR y San Cecilio-HUSC), donde se secuencian con un protocolo común. Los datos se transfieren a la **Plataforma de Medicina Computacional**, donde se procesan y analizan. Los resultados, incluyendo variantes de preocupación (VOCs) y de sospecha (VOIs), así como las mutaciones de preocupación, se devuelven a los hospitales de referencia. Las secuencias se utilizan para obtener una filogenia de los virus, que se actualiza cada semana en un servidor **Nextstrain** local.

2. La Plataforma de Medicina Computacional envía todos los genomas virales a la BPS, donde se almacenan de forma permanente en un nodo local EGA, junto con la información clínica de los pacientes, y a las bases de datos GISAID y ENA (PRJEB44396, PRJEB47798, PRJEB43166). De esta forma, los datos genómicos están a disposición de la comunidad científica.



Análisis Bioinformático en un entorno HPC



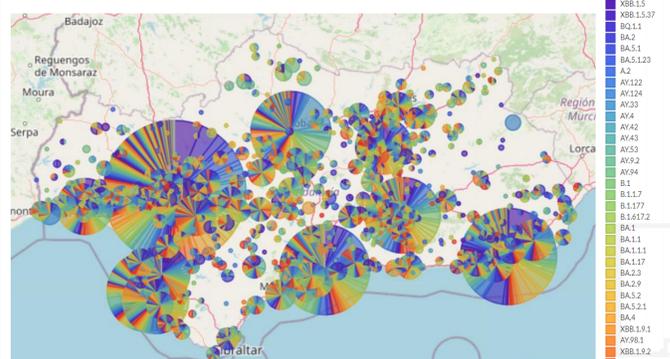
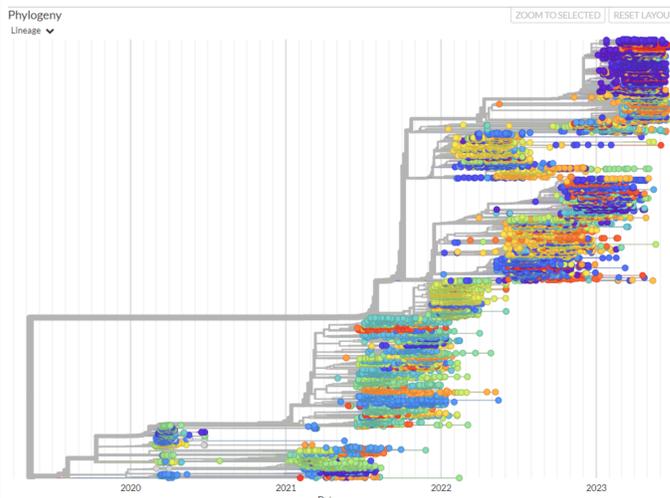
RESULTADOS

Nextstrain Local (2020-2023)

SARS-COV-2 outbreak in Andalucía

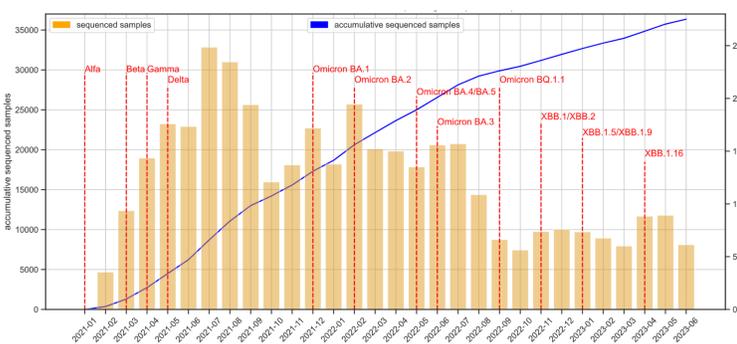
Maintained by Clinical Bioinformatics Area.

Showing 11495 of 11495 genomes sampled between Feb 2020 and Jun 2023.

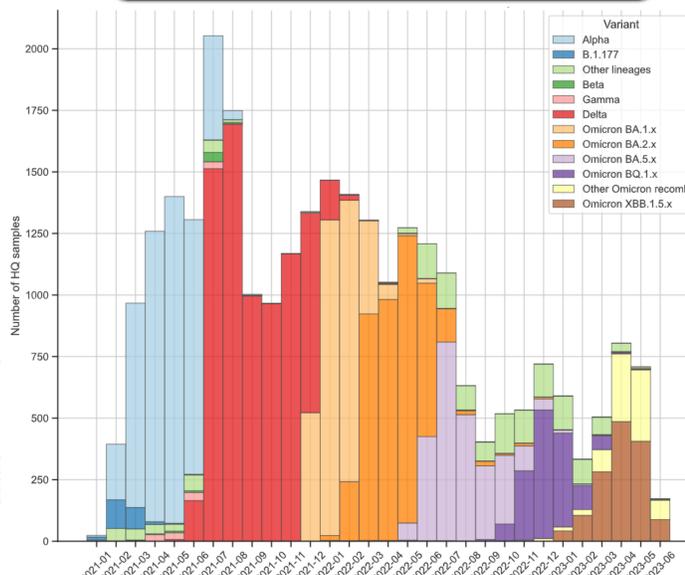


https://www.clinbioinfospa.es/COVID_circuit/
<http://nextstrain.clinbioinfospa.es/SARS-COV-2-latest>

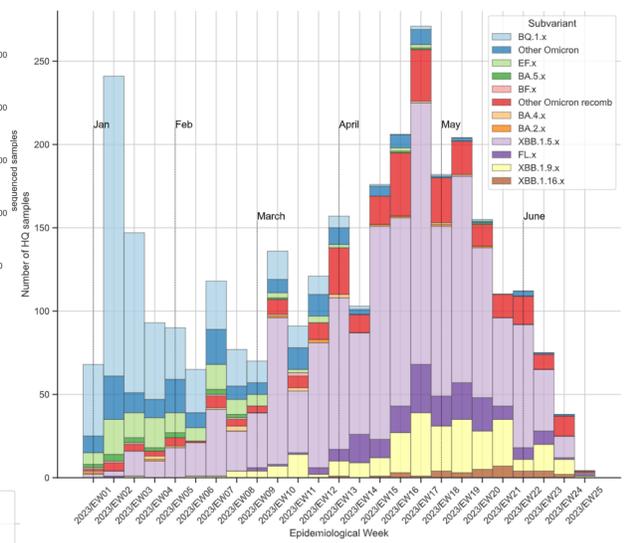
Evolución de secuenciación (desde enero, 2021)



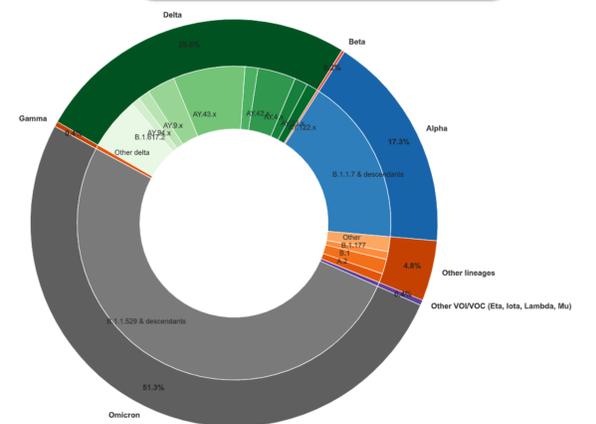
Evolución de linajes principales (Ene 2021- Jun 2023)



Evolución de variantes Omicron (Ene 2023- Jun 2023)



Distribución de linajes (2020-2023)



CONCLUSIONES

- Se han secuenciado más de 36,500 genomas de SARS-CoV-2, cubriendo toda la región andaluza.
- Se han detectado los principales VOIs y VOCs y nuevos recombinantes.
- Los datos genómicos junto con los epidemiológicos, socio-demográficos y clínicos extraídos de la Base Poblacional de Salud de Andalucía constituyen un recurso de Big Data que puede ser usado tanto para la vigilancia epidemiológica como para la obtención de biomarcadores de diagnóstico y pronóstico.

Estudios derivados



Impacto de mutaciones y linajes en la supervivencia del paciente

Eventos de coinfección y recombinación en Andalucía



CONTACTO

javier.perez.florido.sspa@juntadeandalucia.es
maria.lara.jimenez@juntadeandalucia.es

@clinbioinfo

