

# Circuito de vigilancia por secuenciación genómica de virus en Andalucía

Javier Perez-Florado<sup>1,2,3</sup>, Carlos S. Casimiro-Soriguer<sup>1,2</sup>, Francisco M. Ortuño<sup>1,4</sup>, Jose Luis Fernandez-Rueda<sup>1</sup>, María Lara<sup>1</sup>, Pedro Camacho<sup>5</sup>, Laura Merino Diaz<sup>5</sup>, Adolfo de Salazar<sup>6</sup>, Laura Viñuela<sup>6</sup>, Natalia Chueca<sup>6</sup>, Ana Fuentes<sup>6</sup>, Sara Sanbonmatsu-Gámez<sup>7</sup>, Irene Pedrosa-Corral<sup>7</sup>, Vicente Guillot-Sulay<sup>7</sup>, Nicola Lorusso<sup>8</sup>, Dolores Muñozerro Muñoz<sup>9</sup>, Jose M. Navarro-Mari<sup>7</sup>, Federico Garcia<sup>6</sup>, Jose A. Lepe<sup>5</sup>, Joaquin Dopazo<sup>1,2,3,10</sup>

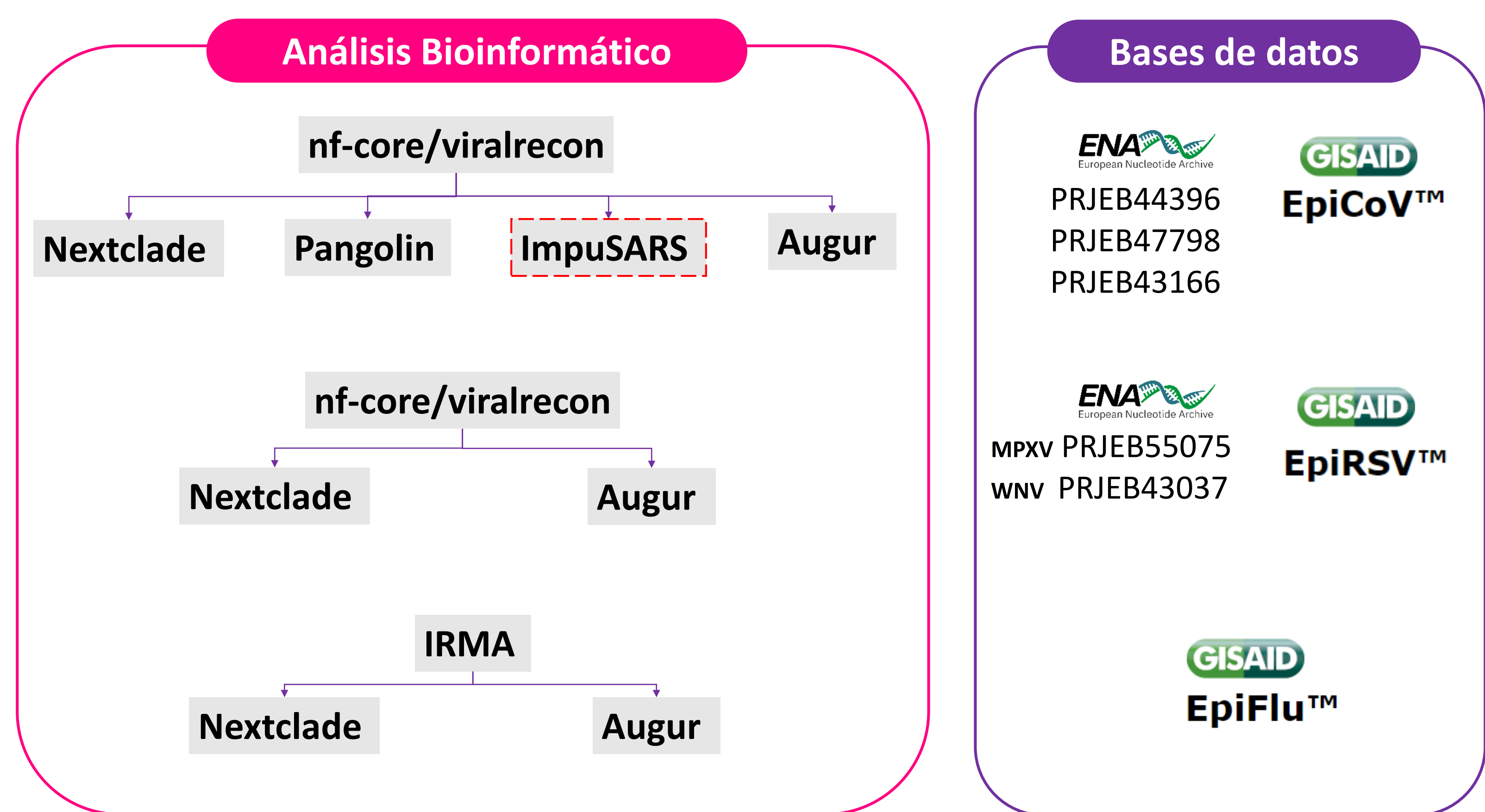
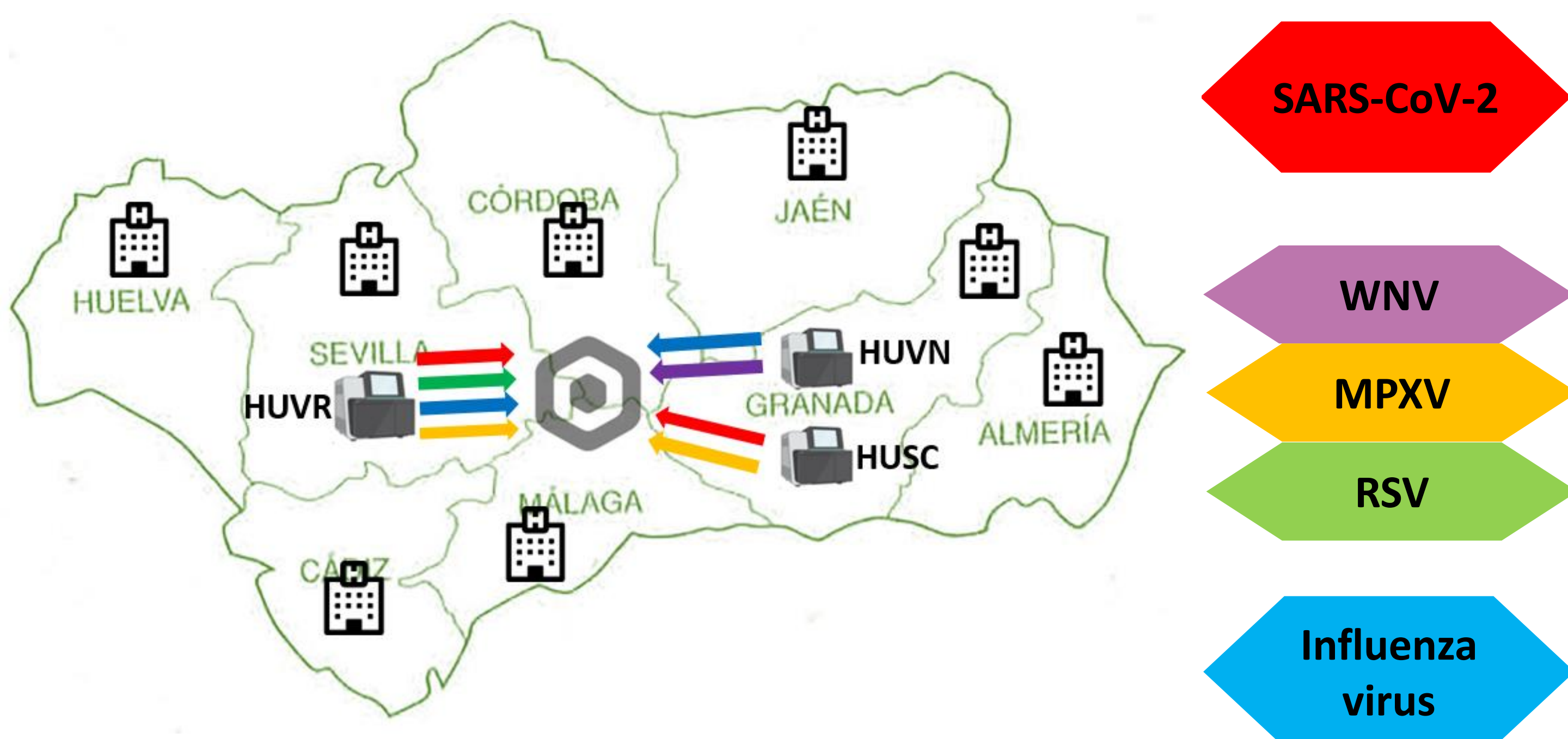
<sup>1</sup> Plataforma de Medicina Computacional, Fundación Progreso y Salud, Sevilla <sup>2</sup> Computational Systems Medicine, Instituto de Biomedicina de Sevilla <sup>3</sup> BieR - centro de Investigaciones Biomédicas en Red en Enfermedades Raras <sup>4</sup> Dpto. de Arquitectura y Tecnología de Computadores, Univ. de Granada <sup>5</sup> Servicio de Microbiología, Unidad Clínica de Enfermedades Infecciosas, Microbiología y Parasitología, Hospital U. Virgen del Rocío, Sevilla <sup>6</sup> Servicio de Microbiología, Hospital U. San Cecilio, Granada <sup>7</sup> Laboratorio de Referencia de Virus de Andalucía, Servicio de Microbiología, Hospital Virgen de las Nieves, Granada <sup>8</sup> Dirección General de Salud Pública, Consejería de Salud y Consumo, Junta de Andalucía <sup>9</sup> Subdirección Técnica Asesora de Gestión de la Información, Servicio Andaluz de Salud, Sevilla <sup>10</sup> FPS/ELIXIR-ES, Fundación Progreso y Salud, Sevilla

## 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 de referencia. Los datos se transfieren a la Plataforma de Medicina Computacional para su análisis. Posteriormente, la estructura del circuito se usó para ampliar su 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)**.

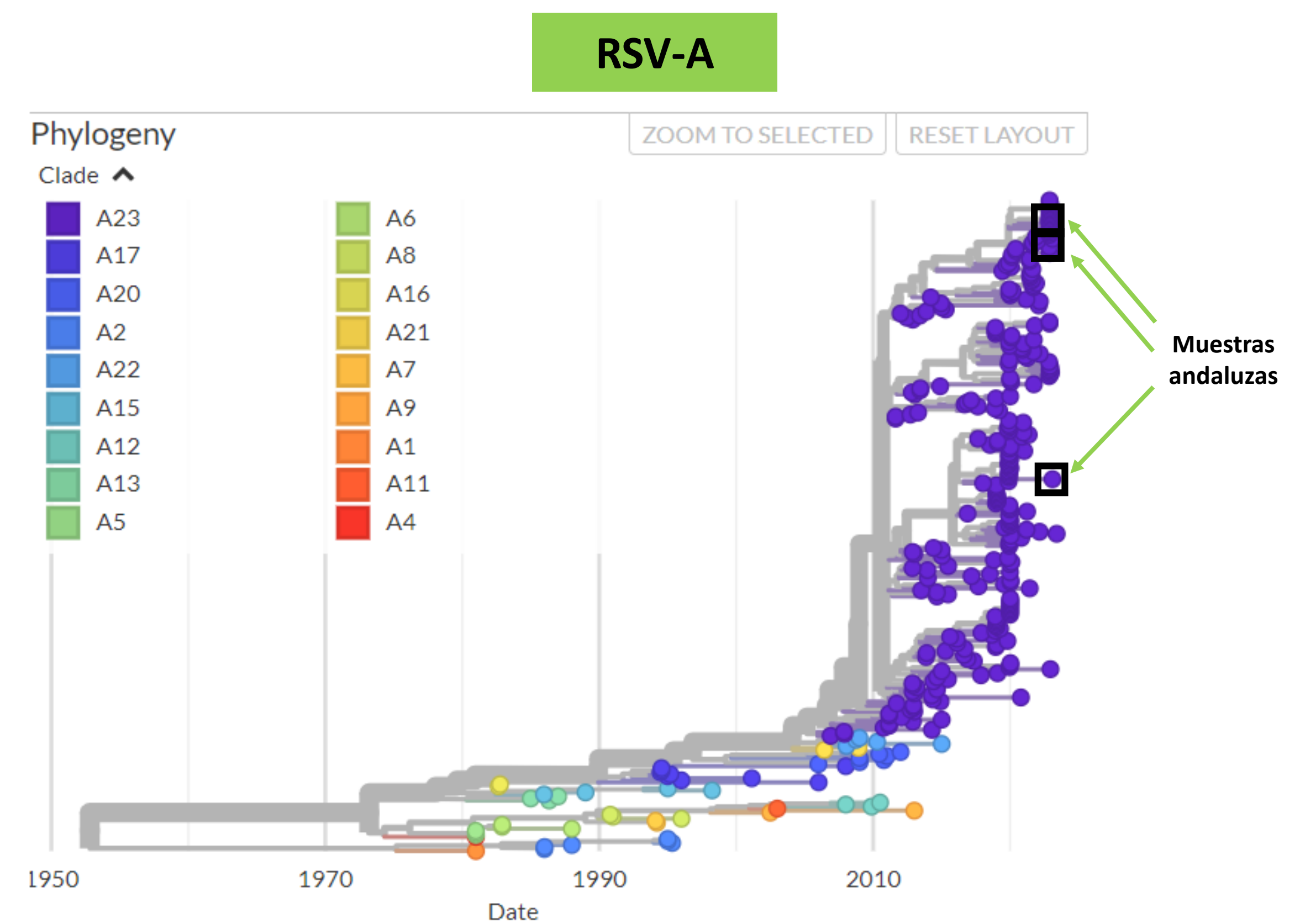
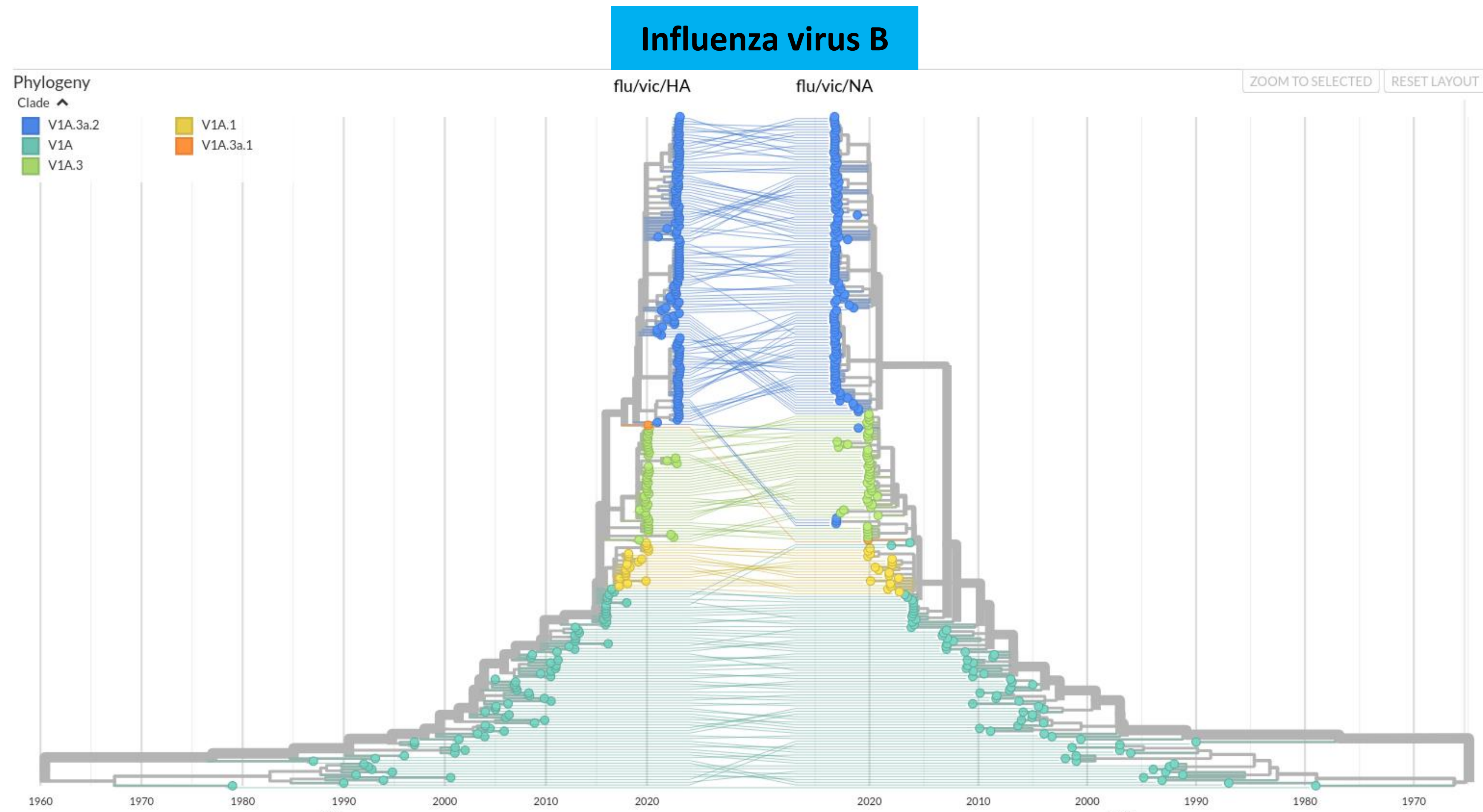
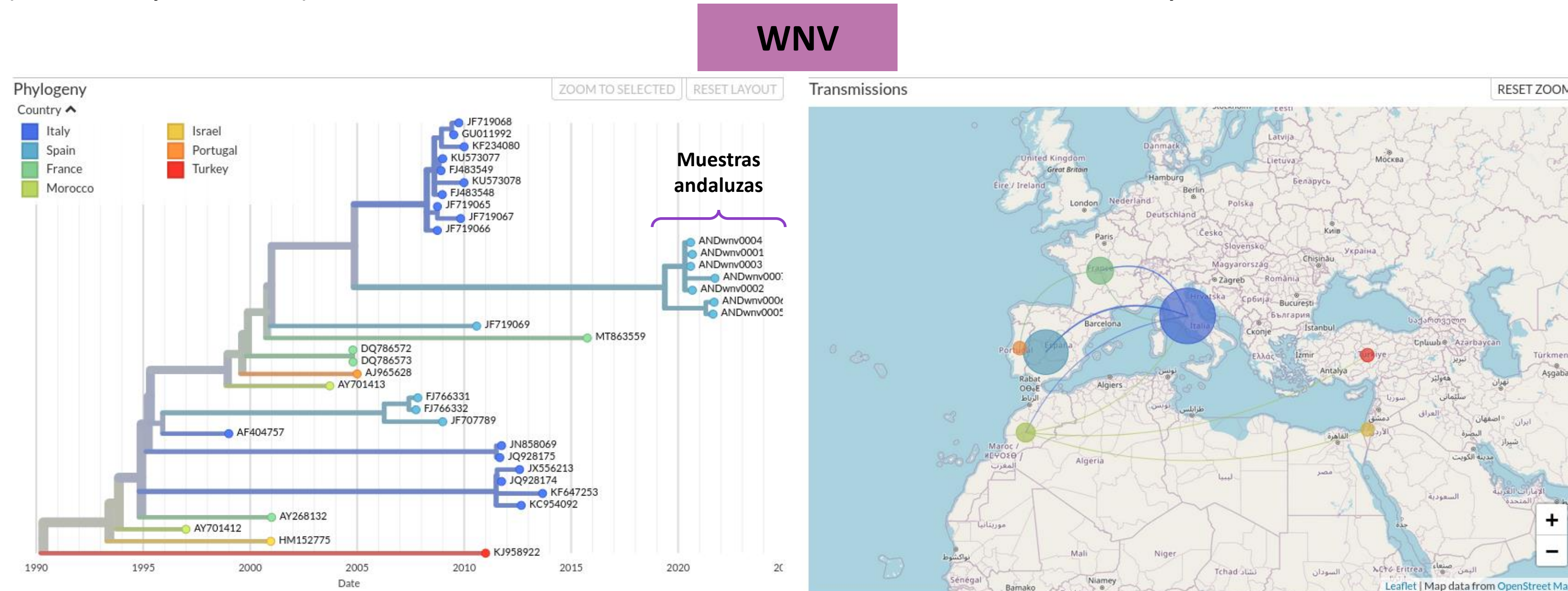
## MÉTODOS

Los datos que se generan en los hospitales con capacidad para secuenciación (Virgen del Rocío de Sevilla, y San Cecilio y Virgen de las Nieves de Granada) 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. En el caso del virus de la gripe, el proceso se lleva a cabo con el meta ensamblador **IRMA**, mientras que el resto de virus del circuito se analizan con el software **viralrecon**. Los datos genómicos obtenidos se comparten en las bases de datos ENA y/o GISAID.



## RESULTADOS

El ranking de virus con mayor número de genomas secuenciados, a fecha de este póster, lo lidera el **SARS-CoV-2** (más de **36500** muestras), seguido por **MPXV (356)**, **influenza virus (52)**, **RSV (10)** 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 circuito de vigilancia de virus en Andalucía permite el seguimiento tanto de brotes virales puntuales como de brotes estacionales
- La coordinación entre hospitales terciarios, de referencia y la Plataforma de Medicina Computacional posibilita una respuesta rápida ante futuros brotes de enfermedades infecciosas

Más información en:



✉ [maria.lara.jimenez@juntadeandalucia.es](mailto:maria.lara.jimenez@juntadeandalucia.es)

\* Se muestran segmentos de influenza virus recolectados en varios países. Las 14 muestras de virus de la gripe B del circuito pertenecen al clado V1A.3a.2

