

# SIEGA: Sistema Integrado de Epidemiología Genómica de Andalucía

Carlos S. Casimiro-Soriguer (1,2), Javier Perez-Florido (1,2,3), Maria Lara (1), Enrique Ángel Robles Rodríguez (4), Subdirección de Protección (8). Servicio de Vigilancia y Salud Laboral (8), Jose A Lepe (2,10,5), Federico Garcia (5,6,7), Joaquín Dopazo (1,2,9,11)

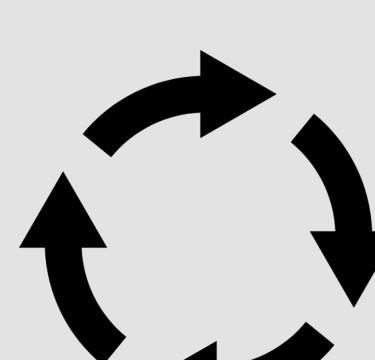
(1) Plataforma de Medicina Computacional, Fundación Progreso y Salud. (2) Instituto de Biomedicina de Sevilla (IBiS). (3) BIE-R - centro de Investigaciones Biomédicas en Red en Enfermedades Raras. (4) iass365. (5) Centro de Investigación Biomédica en Red en Enfermedades Infecciosas (CIBERINFEC), ISCIII. (6) Servicio de Microbiología, HUSC. (7) Instituto de Investigación Biosanitaria, ibs.GRANADA. (8) Consejería de Salud y Consumo. Junta de Andalucía. (9) FPS/ELIXIR-ES, Andalusian Public Foundation Progress and Health-FPS. (10) Servicio de Microbiología. Unidad Clínica EnfermedadesInfecciosas, Microbiología y Medicina Preventiva. HUVR. (11) FPS/ELIXIR-ES, Fundación Progreso y Salud

## Antecedentes

Tiempo



## Objetivos



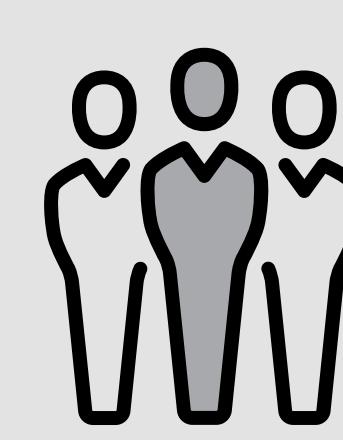
**Enfoque "One Health":** Crear una única base de datos con los resultados de secuenciación genómica completa de las muestras de origen alimentario, ambiental y clínico en Andalucía.



**Precisión:** Identificar la cepa del microrganismo de forma más precisa e inequívoca, gracias a la utilización del genoma completo, permitiendo incluso la atribución de la fuente y vías de transmisión.



**Investigación:** Dar un salto cualitativo en la investigación, no sólo estudios prospectivos sino también retrospectivos relacionados con la salud, incluso avanzar en la resistencia a antimicrobianos o presencia de genes de virulencia.

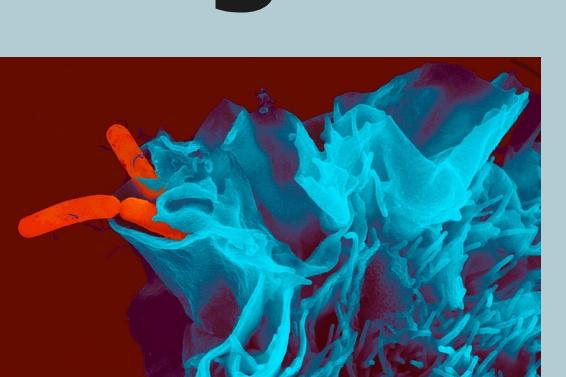


**Colaboración:** Generar un espíritu de colaboración entre las distintas unidades de la Junta de Andalucía y otros ámbitos académicos y de investigación a nivel autonómico y nacional.



**Rapidez:** Adelantar el momento de intervención en el caso de brotes de enfermedad transmitidas por patógenos, disminuyendo la aparición de nuevos casos asociados.

## Organismos



Salmonella  
enterica  
(671)



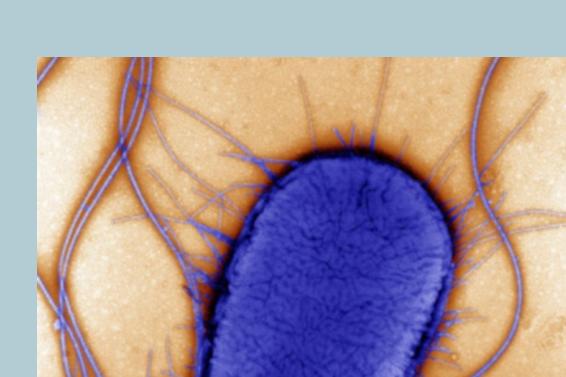
Listeria  
monocytogenes  
(670)



Campylobacter  
jejuni  
(274)



Escherichia  
coli  
(191)



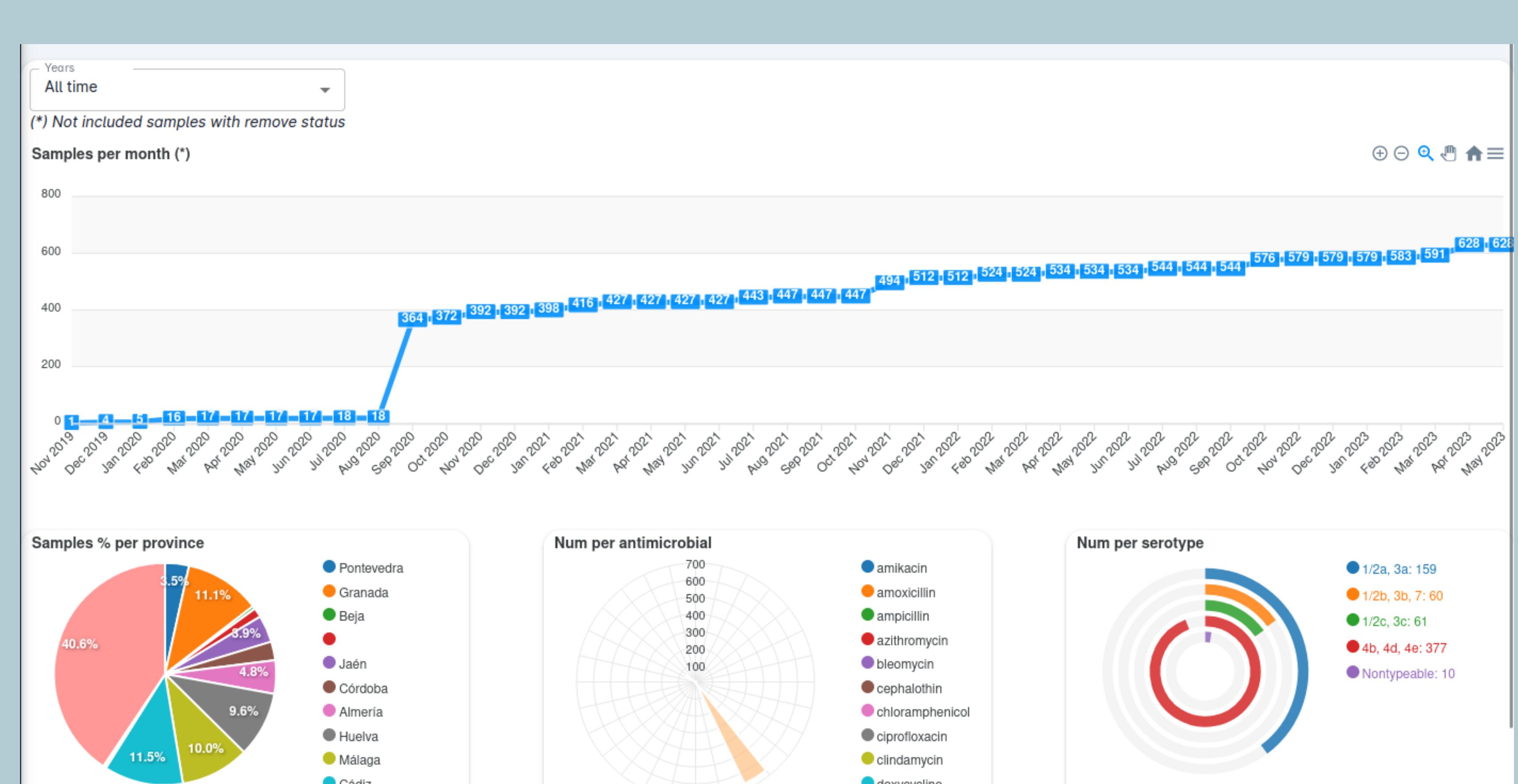
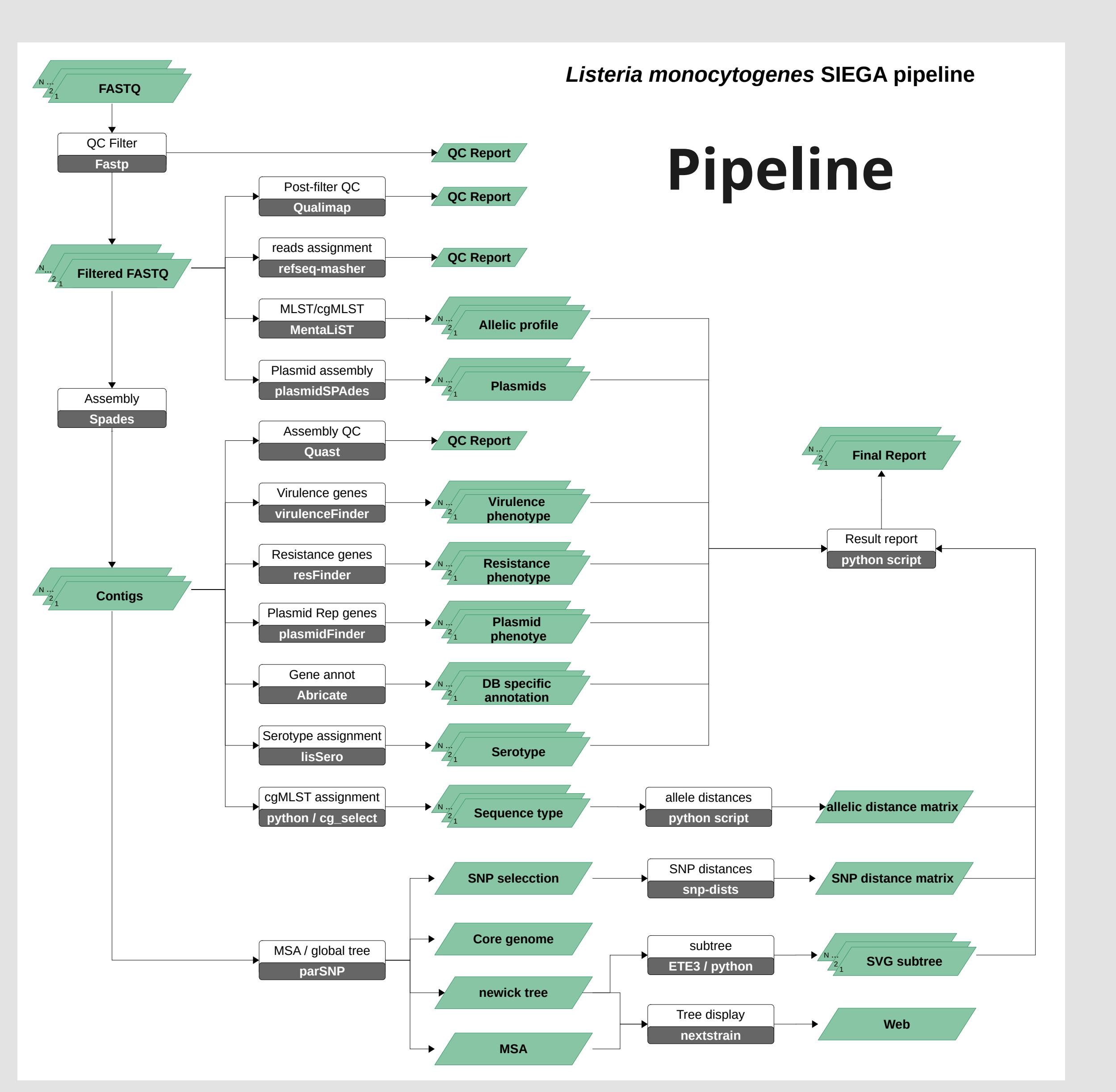
Legionella  
pneumophila  
(55)



Yersinia  
enterocolitica  
(23)

Listeria monocytogenes SIEGA pipeline

## Pipeline



## Aplicación web

- Acceso privado
- Gestión por dominios y grupos
- Subida de secuencias y metadatos
- Gestión de Alarmas
- Autogestión de visibilidad de cepas
- Exportación de informes y tablas
- Generación de árboles filogenéticos a medida
- Análisis bioinformático eficientes y estandarizados
- Seguridad en el almacenamiento de secuencias

## Árboles filogenético personalizados de *Listeria monocytogenes*

