

Plataforma Europea de secuenciación de genoma completo en la vigilancia de patógenos

La EFSA ha publicado el informe final del proyecto INNUENDO, enmarcado en la convocatoria de “*Nuevos enfoques para identificar y caracterizar los peligros microbiológicos y químicos*”, que ha sido cofinanciado por el Gobierno Vasco, en el que ha participado la Universidad del País Vasco (UPV/EHU) con otros centros de investigación y laboratorios de referencia, así como Agencias Europeas de Seguridad Alimentaria.

Objetivo

Diseñar una plataforma analítica y procedimientos estándar para el uso de la *secuenciación de genoma completo* (WGS) en la vigilancia y la investigación de brotes de patógenos transmitidos por los alimentos.

Fases

En primer lugar, los participantes identificaron las **lagunas y necesidades existentes para poder proporcionar soluciones intersectoriales aplicables**. Con dicha información de partida, desarrollaron una plataforma para países pequeños con recursos económicos y humanos limitados. Para lograr dicho objetivo, se aplicó una estrategia centrada en cada fase del proceso (diseño, desarrollo e implementación) en los usuarios finales, como los laboratorios y microbiólogos responsables de la salud pública y animal.

Resultados

El resultado final fue la **Plataforma INNUENDO V1.0**, un **sistema independiente, portátil, de código abierto para la gestión, análisis e intercambio de datos genómicos procedentes de bacterias patógenas**.

Se han desarrollado varios módulos (disponibles en <https://github.com/TheInnuendoProject>) que incluyen:

- Ensamblaje del genoma y confirmación de la especie
- Agrupamiento rápido del genoma
- Tipificado “in silico”
- Estructuras filogenéticas específicas de las especies estandarizadas para *Campylobacter jejuni*, *Yersinia enterocolitica*, *Salmonella enterica* y *Escherichiacoli* basadas en una innovadora metodología gen por gen
- Medidas de control de calidad desde lecturas en bruto
- Sistema de reporte
- Protocolo de comunicación
- Sistema de clasificación de las cepas patógenas que permite una comunicación fluida durante la investigación de brotes.

La herramienta diseñada se ha probado exhaustivamente en brotes simulados por varias agencias de salud pública y veterinarias de Europa.

Conclusión

La plataforma INNUENDO V1.0 es un modelo muy eficaz para el uso de software de código abierto en epidemiología genómica.

