

INFORME D'EXCLUSIVITAT RELATIVA A LA CONTRACTACIÓ DE LA PLATAFORMA COMPUTACIONAL SIEGA PER PORTAR A TERME EL PROJECTE SEQÜENCIACIÓ GENÒMICA DE MICROORGANISMES PATÒGENS DE TRANSMISSIÓ ALIMENTÀRIA

1. Definir una miqueta la necessitat de l'IRTA (4 RATLLES)

En el projecte Seqüenciació genòmica de microorganismes patògens de transmissió alimentària es preveu, durant el 2024, el desenvolupament d'una plataforma computacional associada a la base de dades que permeti emmagatzemar i analitzar bioinformàticament les seqüències del genoma complet obtingudes en anys anteriors, enguany i en el futur.

2. Proposta

La plataforma que s'ofereix deriva del Sistema Integral d'Epidemiologia Genòmica d'Andalusia, es tracta de l'única plataforma computacional associada a una base de dades que integra:

- Seqüències genòmiques de diferents tipologies de microorganismes patògens (incloent-hi Gram positius i Gram negatius, aïllats de tota la cadena alimentària (sector primari fins a aliments comercialitzats) i clínics (associats amb casos il·luminats de toxiinfecció alimentària) d'àmbit estatal (Espanya), amb les quals analitzar i comparar els genomes de les soques seqüenciades per l'IRTA. La plataforma allotja de partida més de 2200 genomes rellevants (diferents patògens i orígens).
- Metadades epidemiològiques associades a cadascuna de les seqüències genòmiques disponibles, d'acord amb els requeriments de l'Autoritat Europea de Seguretat Alimentària (EFSA) en relació, entre d'altres, a la codificació, la mostra d'origen, programa de mostreig, proveïdor de la seqüència i/o de la mostra, data, país/regió de mostreig, etc. Tot això és imprescindible per poder realitzar les associacions epidemiològiques necessàries en la investigació d'alertes de seguretat alimentària i brots de toxiinfecció alimentària.

La plataforma proporciona la informació, capacitat d'emmagatzematge i computacional necessària per dur a terme l'activitat del projecte sobre seqüenciació de microorganismes provinents dels programes oficials de vigilància i control de l'Agència de Salut Pública de la Generalitat de Catalunya (codi d'activitat I1365).

En concret, ofereix en una sola plataforma les funcionalitats i possibilitats necessàries per dur a terme l'activitat en temps i forma requerits, com son:

- a. Control de qualitat de les dades i les seqüències disponibles a la base de dades i de totes les de nova incorporació per part dels usuaris
- b. Enfocament "one health" integrant genomes de microorganismes provinents de ramaderia, agricultura, aliments i clínics, amb les metadades epidemiològiques associades
- c. Processament i anàlisi bioinformàtica de forma automatitzada mitjançant algorismes específics per a cada tipus de microorganismes, tant d' identificació, serotipat, associacions filogenètiques com determinants de virulència i de resistència a antimicrobians.
- d. Elaboració d' informe detallat dels resultats. Possibilitat de personalitzar informes i descarregar seqüències i metadades.
- e. Possibilitat d'ampliar funcionalitats en relació a l'anàlisi bioinformàtica, consultes i/o elaboració d'informes segons necessitats.
- f. Configuració personalitzada d'un sistema d'alerta automàtica quan la base de dades rep una seqüència que compleix amb determinats criteris preestablerts.
- g. Gestió de permisos en funció de la tipologia d' usuari, assegurant la confidencialitat necessària (no és una plataforma que pública la informació recollida).
- h. Interoperabilitat amb el SIEGA a nivell estatal
- i. Actualització constant. La plataforma és alimentada amb noves dades fruit dels programes de vigilància i control tant per part de l'autoritat sanitària i agrària competent com per part de qualsevol altre stakeholder (e.g. empreses elaboradores, laboratoris d'anàlisi).

Per aquest motiu, la Fundación Pública Andaluza Progreso y Salud, M.P. (FPS) desenvolupadora del Sistema Integrado de Epidemiología Genómica de Andalucía (SIEGA) és l'única en el mercat

que pot proveir a l'IRTA d'una plataforma amb les característiques abans esmentades per poder portar a terme el projecte sobre Seqüenciació genòmica de microorganismes patògens de transmissió alimentària.

Signat: Sara Bover i Cid

Càrrec: Cap de programa de Funcionalitat i Seguretat Alimentària