

Valencia, 3 de abril de 2020

El CSIC impulsa un proyecto de epidemiología genómica del nuevo coronavirus liderado por científicos valencianos

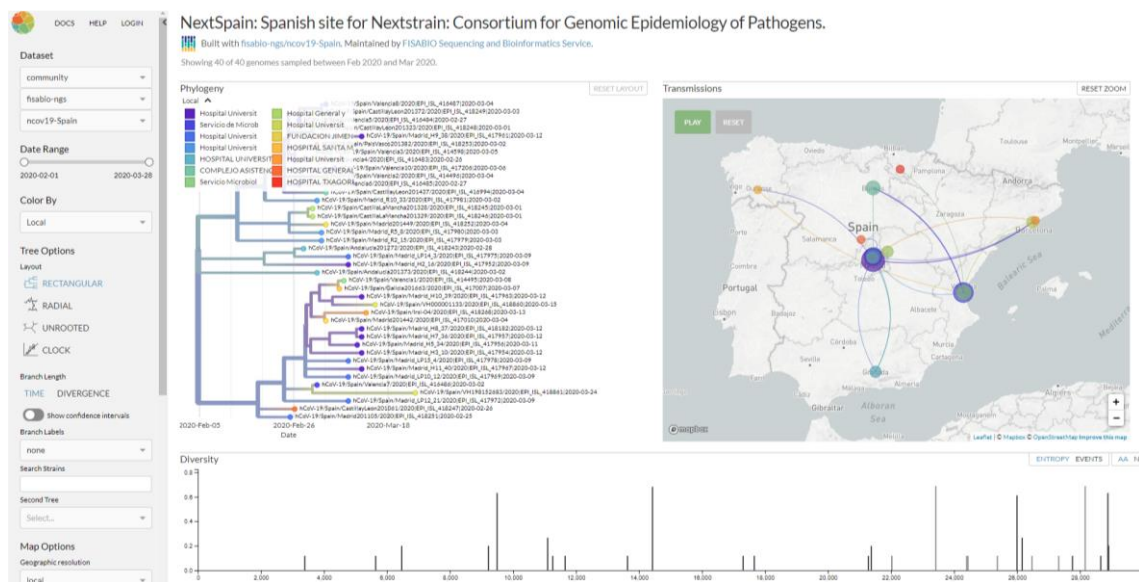
- **El proyecto está liderado por Iñaki Comas (IBV, CSIC), junto con Fernando González Candelas (I2SysBio, CSIC-UV), e integra a FISABIO y a una amplia red de hospitales de toda España**
- **La plataforma Salud Global del CSIC, cofinanciada por la Fundación MAPFRE, ha seleccionado el proyecto, junto con otros 11, como parte de las iniciativas para abordar la pandemia de COVID-19**

Investigadores del Instituto de Biomedicina de Valencia (IBV) del Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC), junto con el Instituto de Biología Integrativa de Sistemas (I2SysBio) del CSIC y la Universitat de València, y la Fundación para el Fomento de la Investigación Sanitaria y Biomédica (FISABIO) de la Generalitat Valenciana, en colaboración con más de 40 unidades de microbiología clínica de hospitales de toda España y centros de secuenciación, llevarán a cabo el proyecto de investigación *Addressing unknowns of COVID-19 transmission and infection combining pathogen genomics and epidemiology to inform public health interventions*. El proyecto, que tiene un presupuesto de 740.800 euros, ha sido seleccionado por la Plataforma Temática Interdisciplinar (PTI) Salud Global del CSIC, que cuenta con una importante financiación de la Fundación MAPFRE. El objetivo es el estudio comparado de los genomas del nuevo coronavirus de los pacientes con la enfermedad COVID-19 para entender y predecir su evolución y epidemiología en el espacio y el tiempo.

Iñaki Comas, científico del CSIC en el IBV e investigador principal del proyecto, explica que “este proyecto nos permitirá incorporar la epidemiología genómica como una herramienta para entender el curso de la epidemia, cómo se originó y cómo está evolucionando en el tiempo y en el espacio.” Destaca además que “esta investigación no tiene solamente un aspecto académico, sino que también plantea el reto de generar resultados que sirvan para informar a las autoridades de salud pública”. Por su parte, Fernando González Candelas, catedrático de la Universitat de València e investigador del I2SysBio y de FISABIO, ha destacado la escala geográfica del proyecto que abarca hospitales de toda España, y señala que “si bien hay una afectación general por COVID-19, la realidad es que cada comunidad está en una fase epidémica diferente y, por tanto, las soluciones a medio plazo han de ser diferentes”.

Los datos generados serán depositados en repositorios públicos, así como en la plataforma global NextStrain (nextstrain.org) de la que se ha derivado un nodo español que ya está integrando los datos de secuencias española (nextspain.uv.es). La plataforma implementa herramientas de visualización muy potentes para poder seguir la evolución del virus en el espacio y en el tiempo. Ambos investigadores responsables del proyecto, especialistas en epidemiología genómica, destacan la potencia de la combinación de los datos genómicos, la microbiología clínica, la epidemiología y la filogenética. “La epidemiología genómica representará a las enfermedades infecciosas en el siglo XXI lo que representaron las vacunas en el siglo XIX o los antibióticos en el siglo XX”, ha añadido Iñaki Comas.

Este proyecto ha sido financiado, junto con otros 11, por la Plataforma Temática Interdisciplinar (PTI) Salud Global del CSIC, en la que colaboran más de 150 grupos de investigación y que cuenta con el apoyo de la Fundación MAPFRE. Jesús Marco, vicepresidente de Investigación Científica y Técnica del CSIC ha destacado que “una de las claves de esta PTI Salud Global es contar con una visión global que permita enlazar todos los aspectos de la pandemia: origen, prevención, enfermedad, medidas de contención, tratamiento, impacto social, y por último la necesidad de comunicación a la sociedad, en particular en educación”. La plataforma, impulsada desde la Vicepresidencia de Investigación Científica y Técnica del CSIC, está coordinada por la investigadora del Centro de Biología Molecular Severo Ochoa (CBMSO) Margarita del Val, apoyada por un comité de expertos en las diferentes áreas implicadas.



nextspain.uv.es es la plataforma de análisis de datos derivados de secuencias españolas basada en la plataforma internacional nextstrain.org. Integra el análisis genómico y filogenético (izquierda) de las secuencias para inferir patrones de movimiento geográfico (derecha). Crédito: Giuseppe D’Auria, FISABIO.

CSIC Comunicación Valencia
casadelacienciavalencia@dicv.csic.es

Más información:
Javier Martín López
 Tel.: 96.362.27.57

<http://www.dicv.csic.es>
jmartin@dicv.csic.es