

JORNADA: *LISTERIA MONOCYTOGENES*. UN RETO PARA LA SEGURIDAD ALIMENTARIA

Gestión de datos de brotes de transmisión alimentaria de *Listeria monocytogenes* a través del sistema de vigilancia SIEGA

J. ALBERTO CHAVES SÁNCHEZ.
SERVICIO DE SEGURIDAD ALIMENTARIA.
DIRECCION GENERAL DE SALUD PUBLICA Y ORDENACION FARMACEUTICA.
CONSEJERIA DE SALUD Y CONSUMO. JUNTA DE ANDALUCIA
04.06.24



Contenidos

1. Introducción
 2. Sistema de vigilancia SIEGA
 1. Funcionalidades del sistema SIEGA
 2. Circuito de secuenciación de SIEGA
 3. Procesamiento de datos en SIEGA
 4. Detección, gestión y seguimiento de brotes usando siega
 3. Casos de estudio
 4. Beneficios del sistema SIEGA
 5. Retos y propuestas de mejora
 6. Conclusiones
-

Introducción

- Listeria es una bacteria muy ubicua presente en suelo, agua y tracto digestivo de animales
- Importancia de su capacidad de generar biofilms, variable entre genotipos
- Especial preocupación los alimentos RTE
- La distribución geográfica de las cepas puede diferir de ahí la importancia de una vigilancia precisa



Introducción

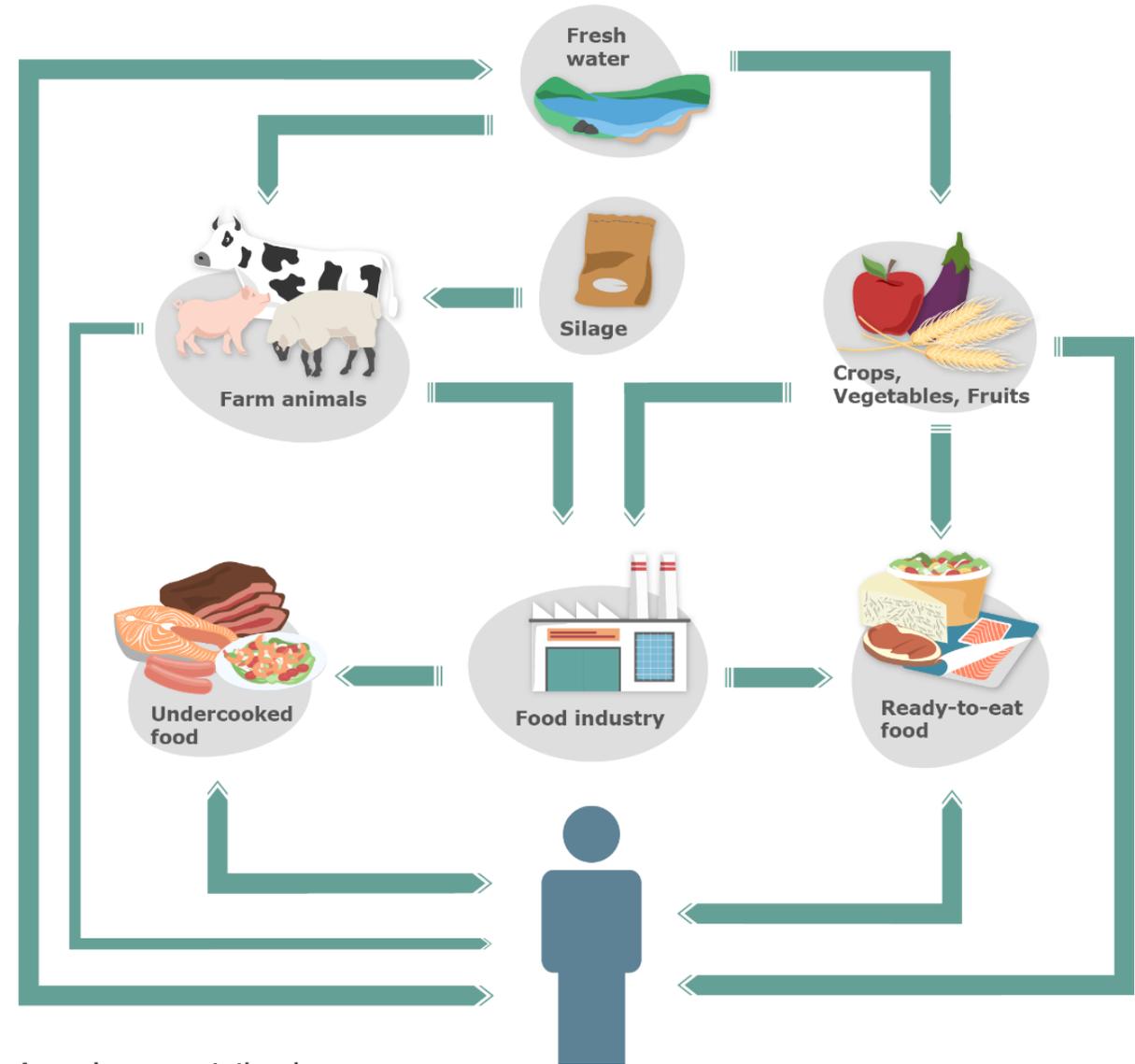
En humanos puede originar enfermedad más o menos grave dependiendo de si son en sus **formas invasivas o no invasiva**

La forma no invasiva: asintomática o cursar síntomas pseudogripales o Gastrointestinales. El período de incubación de uno a unos pocos días.

La forma invasiva es grave y afecta principalmente **a grupos de población de alto riesgo**: personas mayores y recién nacidos, personas inmunocomprometidas, pacientes con cáncer o diabetes, y mujeres embarazadas. Puede cursar con sepsis, meningitis o meningoencefalitis, periodo de incubación largo, Altas tasas de letalidad

Introducción

Vías de transmisión



Inrtoducción

Unos datos

Human cases

2,738 Cases of illness

1,778 Infections acquired in the EU

12 Infections acquired outside the EU

948 Unknown travel status or unknown country of infection

Notification rate (per 100,000 population) **0.62**

Trend (2018-2022) **Increasing**

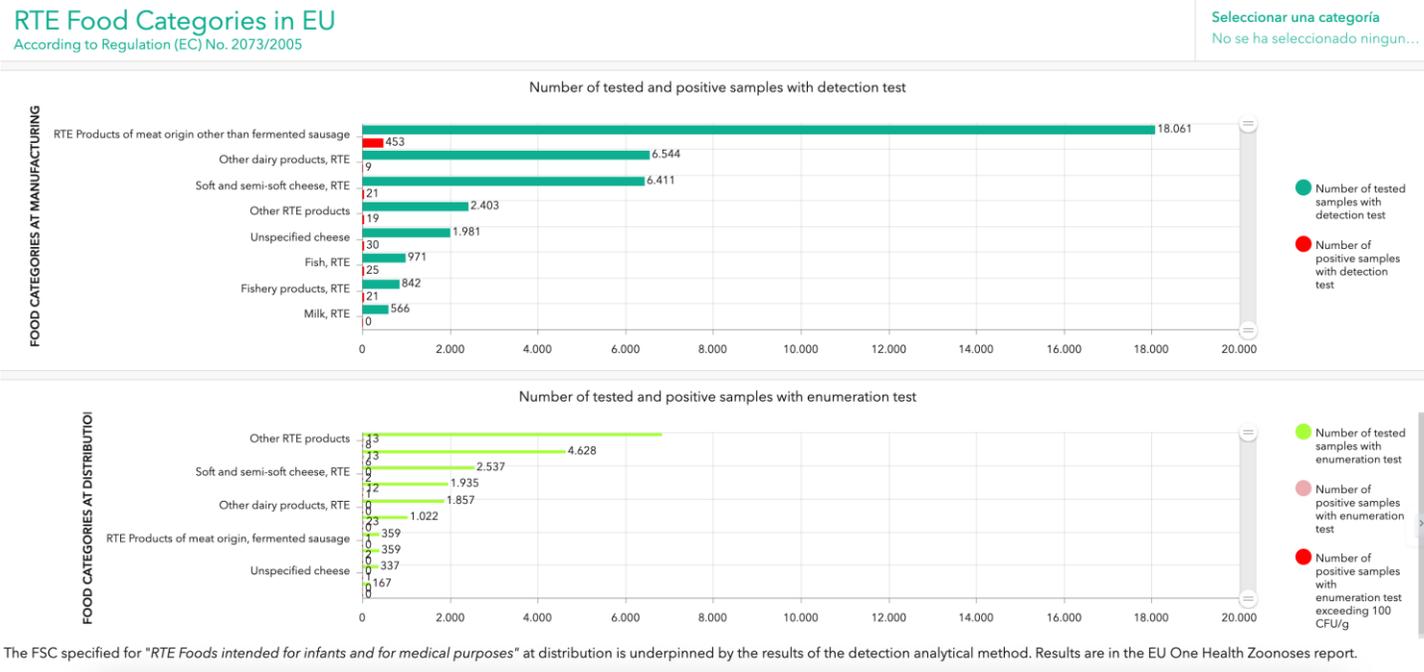
Foodborne outbreaks and related cases

35 Foodborne outbreaks
17 Strong-evidence outbreaks
18 Weak-evidence outbreaks

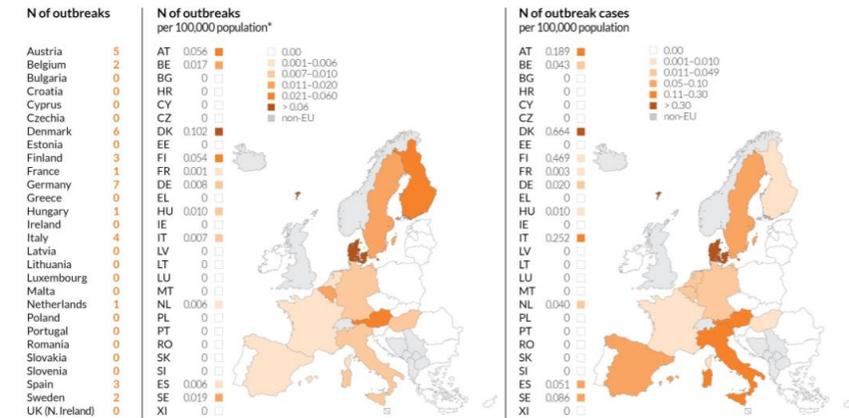
296 Cases of illness
242 Hospitalisations
28 Deaths

Implicated food vehicles (Strong-evidence outbreaks)

Top food vehicles:
Pig meat and products thereof: 5 Outbreaks
Fish and fish products: 4 Outbreaks
Mixed food: 3 Outbreaks
Vegetables and juices and other products thereof: 2 Outbreaks
Dairy products (other than cheeses): 2 Outbreaks



The FSC specified for "RTE Foods intended for infants and for medical purposes" at distribution is underpinned by the results of the detection analytical method. Results are in the EU One Health Zoonoses report.



* Differences among countries shall be interpreted with caution as this indicator depends on several factors including the type of outbreaks under surveillance and does not necessarily reflect the level of food safety in each country.

EFSA data

Introducción

Nucleic acid extraction



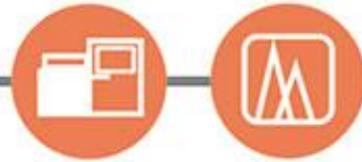
- Samples collection
- Nucleic acid extraction
- Quality Control

Library preparation



- Adaptor ligation/barcoding
- Size selection
- Amplification/purification
- Quality control

Sequencing and analysis

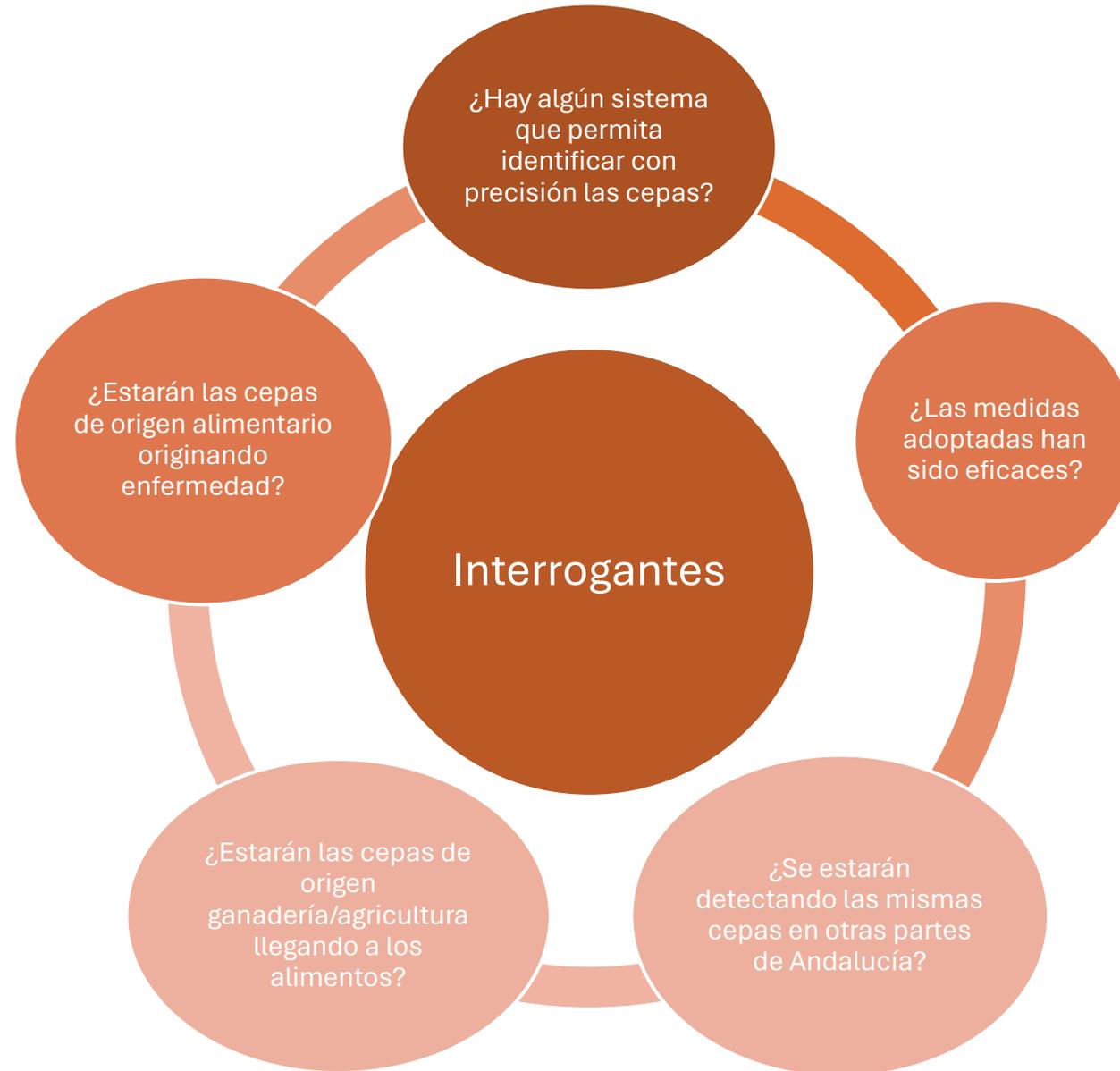


- Sequencing
- Data analysis
 - Base calling
 - Read alignment
 - Variant calling
 - Variant annotation



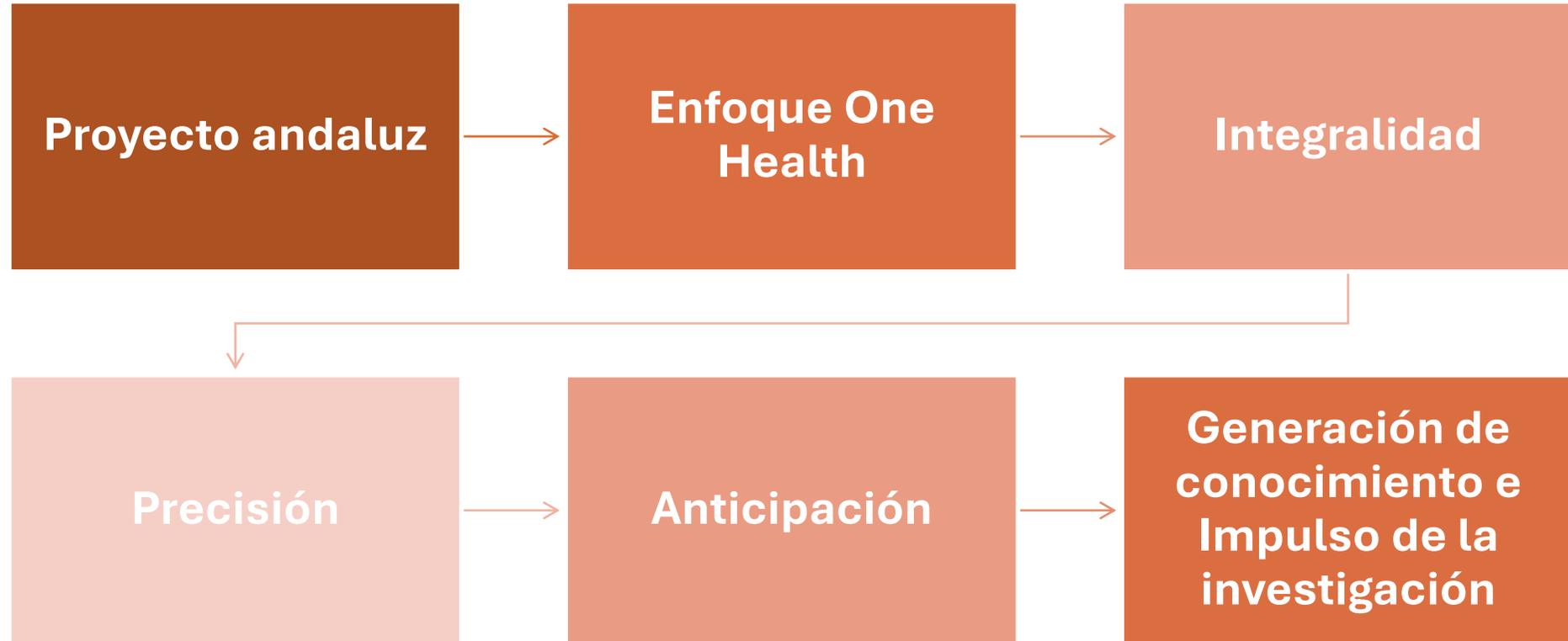
SIEGA

Origen



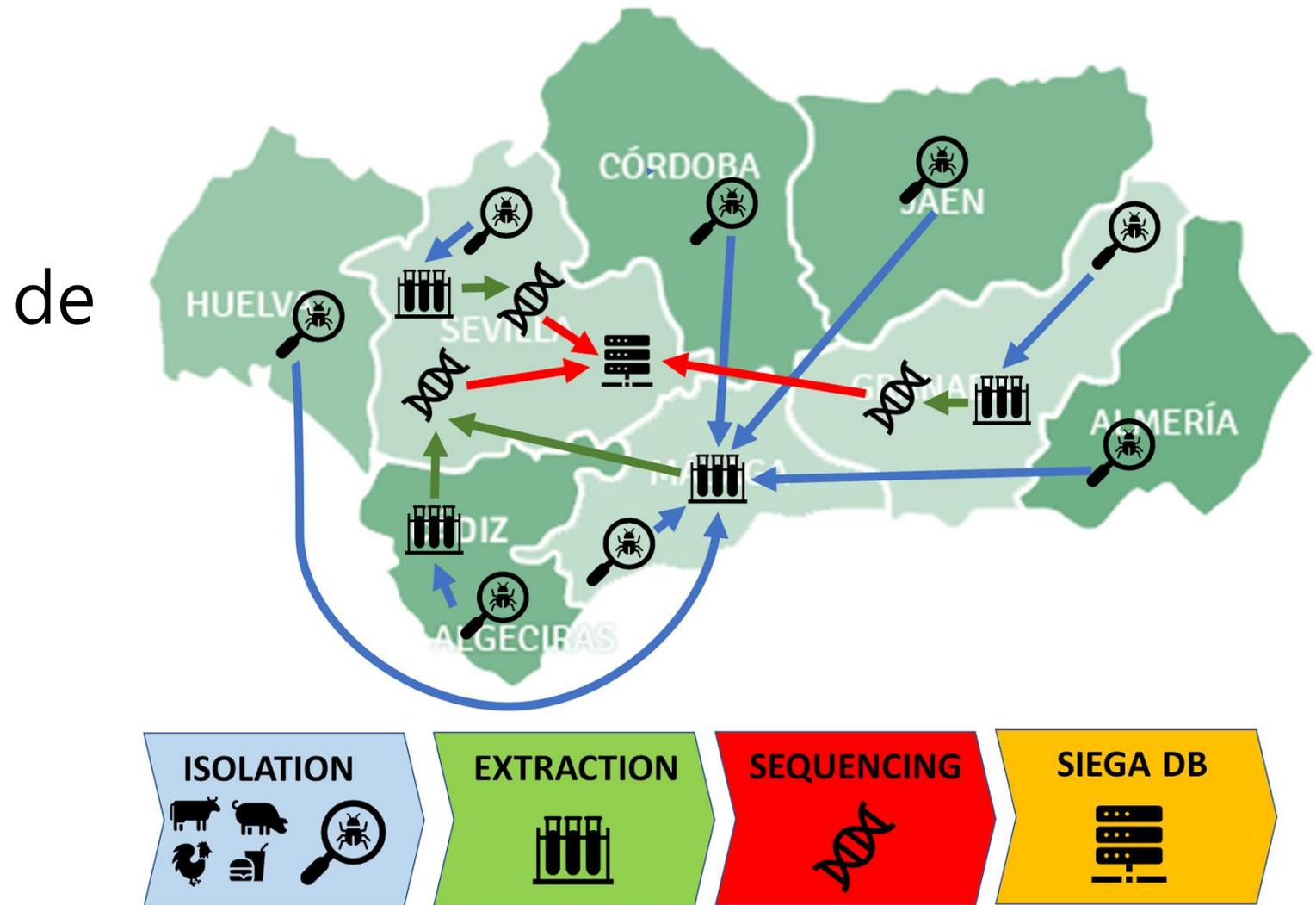
SIEGA

Ideas fuerza



SIEGA

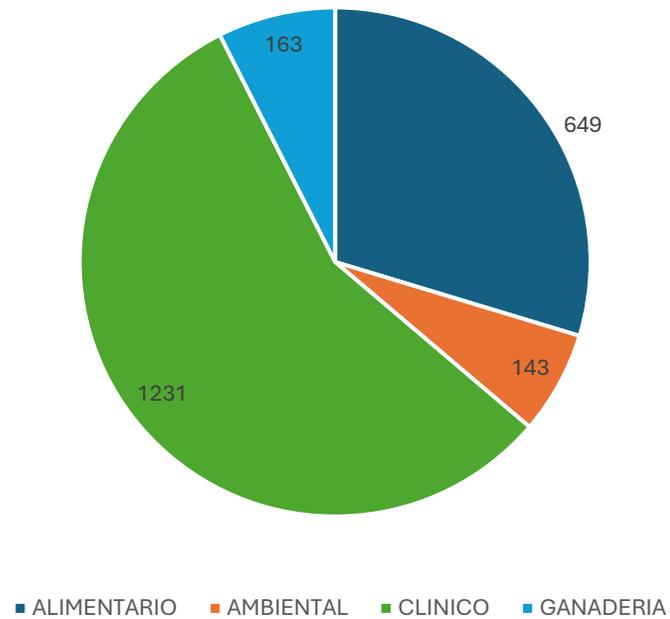
Circuito
de
secuenciación



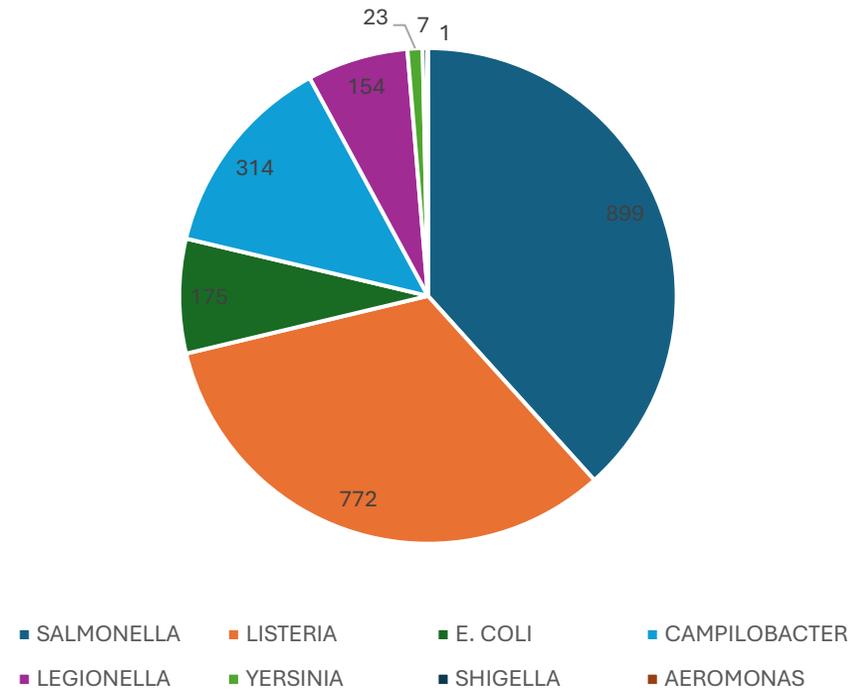
SIEGA

UNOS DATOS

Nº DE SECUENCIAS POR ORIGEN EN SIEGA



Nº DE SECUENCIAS POR GERMEN EN SIEGA



SIEGA

Principales funcionalidades

Interfaz de SIEGA

- 5 subsecciones

Gestión de usuarios

- Gestión por dominios y grupos
- Autogestión de visibilidad

Subida de datos

- Subida autónoma de datos

Procesamiento de datos y control de calidad

Trazabilidad de los datos

Informes automatizados

Informes filogenéticos a medida

Sistema de alarmas

- Alarmas a medida del usuario
-

SIEGA

Procesamiento de datos

Extracción de ADN + análisis cuantitativo y cualitativo

Secuenciación: Nextera DNA Flex Library prep kit (Illumina) + NextSeq 500 Sequencing System

Procesamiento de datos de secuenciación: Fastp + kraken + braken+qualimap2+SPAdes+QUAST

Tipado de las muestras: MentaLiST + CgMLST (Chewbbaca + BLAST+)LisSero, Seqsero Serotypefinder

genes de resistencia: Resfinder + ABRicate (CARD, MegaRES, ATRG-ANNOT

Genes de virulencia: Virulencefinder +. VFDB

Plasmidos: Plasmidfinder + Mash Screen (PlasDB database)

Determinación del CG y realización de análisis filogenéticos: parSNP + custom script + grapetree + ETE3

SIEGA

Detección, gestión y seguimiento de brotes

jalberto.chaves@juntadeandalucia.es

ORGANISMS
Analyzed organisms

- Listeria monocytogen... 778
- Sample Status**
- Metadata
- Application Control
- Flexible Table
- Results
- Yersinia enterocolitica 23
- Salmonella enterica 1097
- Legionella pneumophila 174
- Escherichia coli 209

★

EN TT ↺ 🔍 🔔

Jesús Alberto
Protección (M) - Junta De Andalucía

Lmon Samples Status

View Drafts

+ Columns Filters Density Export Search...

<input type="checkbox"/>	Siega ID	QC	Processed	Progress	Incoming Date	Fastp filters
<input type="checkbox"/>	lmon24_41	KF FA FF QC QT QN QO QM CA CC	done	100%	2024-05-07	
<input type="checkbox"/>	lmon24_40	KF FA FF QC QT QN QO QM CA CC	done	100%	2024-05-07	
<input type="checkbox"/>	lmon24_39	KF FA FF QC QT QN QO QM CA CC	done	100%	2024-05-07	
<input type="checkbox"/>	lmon24_38	KF FA FF QC QT QN QO QM CA CC	remove	100%	2024-05-07	
<input type="checkbox"/>	lmon24_37	KF FA FF QC QT QN QO QM CA CC	remove	100%	2024-05-07	
<input type="checkbox"/>	lmon24_36	KF FA FF QC QT QN QO QM CA CC	done	100%	2024-05-07	
<input type="checkbox"/>	lmon24_35	KF FA FF QC QT QN QO QM CA CC	remove	100%	2024-05-07	
<input type="checkbox"/>	lmon24_34	KF FA FF QC QT QN QO QM CA CC	done	100%	2024-05-07	
<input type="checkbox"/>	lmon24_33	KF FA FF QC QT QN QO QM CA CC	done	100%	2024-05-07	

Lancet Microbe. 2023 May; 4(5): e349–e357.

Published online 2023 May. doi: 10.1016/S2666-5247(22)00380-9: 10.1016/S2666-5247(22)00380-9

PMCID: PMC10156608

PMID: [37003286](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/37003286/)

New Results

[Follow this preprint](#)

Defining genomic epidemiology thresholds for common-source bacterial outbreaks: a modelling study

[Audrey Duval](#), PhD,^{a,b,c} [Lulla Opatowski](#), Prof, PhD,^{a,b} and [Sylvain Brisse](#), PhD^{c,*}

^aEpidemiology and Modelling of Bacterial Escape to Antimicrobials Laboratory, Institut Pasteur, Université Paris Cité, Paris, France

^bAnti-infective Evasion and Pharmacoepidemiology Team, CESP, Université Paris-Saclay, UVSQ, INSERM U1018, Montigny-le Bretonneux, France

^cInstitut Pasteur, Université Paris Cité, Biodiversity and Epidemiology of Bacterial Pathogens, Paris, France

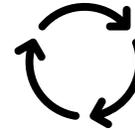
Sylvain Brisse: sylvain.brisse@pasteur.fr

*Correspondence to: Dr Sylvain Brisse, Institut Pasteur, Université Paris Cité, Biodiversity and Epidemiology of Bacterial Pathogens, Paris F-75724, France

sylvain.brisse@pasteur.fr

Copyright © 2023 The Author(s). Published by Elsevier Ltd. This is an Open Access article under the CC BY 4.0 license

This is an open access article under the CC BY license (<http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>).



ListPred: A predictive ML tool for virulence potential and disinfectant tolerance in *Listeria monocytogenes*

[Alexander Gmeiner](#), [Mirena Ivanova](#), [Rolf Sommer Kaas](#), [Yinghua Xiao](#), [Saria Otani](#), [Pimlapas Leekitcharoenphon](#)

doi: <https://doi.org/10.1101/2024.01.29.577690>

This article is a preprint and has not been certified by peer review [what does this mean?].



Abstract

Full Text

Info/History

Metrics

[Preview PDF](#)



[Pathogens](#). 2022 Jun; 11(6): 691.

Published online 2022 Jun 16. doi: [10.3390/pathogens11060691](https://doi.org/10.3390/pathogens11060691)

PMCID: PMC9230378

PMID: [35745545](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/35745545/)

A Machine Learning Model for Food Source Attribution of *Listeria monocytogenes*

[Collins K. Tanuj](#),^{1,2} [Edmund O. Benefo](#),¹ [Shraddha Karanth](#),¹ and [Abani K. Pradhan](#)^{1,2,*}

Patrick Njage, Academic Editor

SIEGA

Casos de estudio

POSIBILIDAD DE ADOPCIÓN DE MEDIDAS CON ANTELACIÓN

- CASO DE LISTERIA EN MORCILLAS DE HUELVA
- CLUSTER DE LISTERIA EN CARNICERIA FAMILIAR EN GRANADA
- LISTERIA EN SALA DE DESPIECE HUELVA

DESCARTAR IMPLICACIÓN EN BROTOS

- LISTERIA EN SALMON DE EMBARAZADA

ASOCIAR BROTOS ORIGINADOS EN OTROS ORIGENES

- LISTERIA EN SALMON (2019) Y CANAPE DE SALMON (2022)
-

SIEGA

BENEFICIOS

Precisión y anticipación

Mejora en la
vigilancia de
rutina

Detección de
brotes

Mejora de
respuesta
ante brotes

Identificación
fuente de
origen

Ahorro en Costes en
salud

Los beneficios en salud en 2019, se estimaron en casi 500 M \$, en comparación con una inversión de 22 M.

An economic analysis of salmonella detection in fresh produce, poultry, and eggs using whole genome sequencing technology in Canada

Sonali Jain^a, Kakali Mukhopadhyay^{a,b,*}, Paul J. Thomassin^a

^aDepartment of Agricultural Economics, McGill University, Canada

^bGokhale Institute of Politics and Economics, Pune-411004, India

An economic evaluation of the Whole Genome Sequencing source tracking program in the U.S.

Brad Brown^a, Marc Allard^a, Michael C. Bazaco^a, Joseph Blankenship^a, Travis Minor^a

Published: October 6, 2021 • <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0258262>

SIEGA

RETOS TECNICOS Y FINANCIEROS



INFRAESTRUCTURA DE
ALTA TECNOLOGÍA



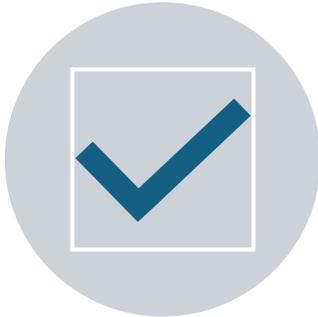
CAPACIDADES EN
BIOINFORMÁTICA



COSTES

SIEGA

BARRERAS PARA LA INTEGRACIÓN DE DATOS



INTEGRACIÓN DE DATOS
GENÓMICOS CON OTROS



AUSENCIA DE ESTÁNDARES
INTERNACIONALES



DIFICULTAD PARA ANÁLISIS
COMPARATIVOS

SIEGA

PROPUESTAS DE MEJORA



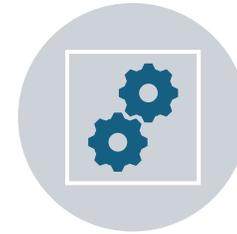
TRABAJO COLABORATIVO Y
DESARROLLO DE
ESTANDARES



INVERSIONES Y
UNIVERSALIZACION DE LA
SECUENCIACIÓN



DESARROLLO DE
TECNOLOGÍAS FIABLES Y
ASEQUIBLES



DESARROLLO DE
HERRAMIENTAS
BIOINFORMÁTICAS QUE
PERMITAN INTEGRACIÓN DE
DATOS: IA Y ML



COLABORACIÓN
INTERDISCIPLINAR.
GENOMICA,
BIOINFORMÁTICA,
MICROBIOLOGÍA,
EPIDEMIOLOGIA

SIEGA

CONCLUSIONES

NOS HA SITUADO A NIVEL DE ALGUNOS EEMM EN CUANTO AL USO DE LA WGS APLICADO DE FORMA RUTINARIA **PERO CON EL PLUS DEL CONCEPTO “ONE HEALTH” Y CON LA MIRADA PRINCIPAL DE SALUD PÚBLICA**

DEBE SER ENTENDIDA COMO UNA HERRAMIENTA COMPLEMENTARIA QUE NO SUSTITUYE A OTRAS HERRAMIENTAS CLASICAS

QUEDA MUCHO TRABAJO POR REALIZAR EN LA “UNIVERSALIZACIÓN” DE LA SECUENCIACIÓN Y EN ROMPER LAS BARRERAS PARA COMPARTIR

SE CONSIDERA ÓPTIMO UNA ÚNICA “PIPELINE” A NIVEL NACIONAL EN ARAS DE PERMITIR LA MEJOR INTERCOMPRACIÓN O EN SU DEFECTO UN MECANISMO PARA PODER COMPARTIR

HAY QUE AVANZAR EN LA POSIBILIDAD DE REALIZAR “CALIBRACIONES”

HAY QUE AVANZAR EN EL TRABAJO COLABORATIVO CON LOS GRUPOS DE INVESTIGACIÓN Y LAS AACC

JORNADA: *LISTERIA MONOCYTOGENES*. UN RETO PARA LA SEGURIDAD ALIMENTARIA

GRACIAS POR SU ATENCIÓN

Tarjeta de visita  



Jesús Alberto Chaves Sánchez



Jefe de Servicio de Seguridad Alimentaria y Laboratorios

Consejería de Salud y Consumo. Dirección General de Salud Pública y Ordenación Farmacéutica

Avda. de la Innovación 5. Edif. Arena 1, Sevilla, Sevilla. 41020
M: 670946499
jalberto.chaves@juntadeandalucia.es

