

ANEXO III

FICHA TÉCNICA DE PROYECTO (A LOS EFECTOS DE PUBLICIDAD)

<u>Modalidad tecnólogo</u>	AYUDAS DE FORMACIÓN A PERSONAL TECNÓLOGO
Código de proyecto	T7
Título	Salud Global: Caracterización de genomas completos de <i>Coxiella burnetii</i> y mejora de la vigilancia de esta zoonosis en Europa
Centro	NEIKER - INSTITUTO VASCO DE INVESTIGACIÓN Y DESARROLLO AGRARIO-Centro de Derio (BIZKAIA)
Departamento/Dirección/Área	Departamento de Sanidad Animal
Grupo investigador	Zoonosis
Tutor/es de proyecto	ANA HURTADO
Resumen	<p>La fiebre Q es una importante enfermedad zoonótica causada por la bacteria <i>Coxiella burnetii</i>. Los signos clínicos en humanos varían desde síntomas similares a los de la gripe hasta infecciones persistentes y potencialmente mortales. Los rumiantes, y en particular las ovejas y las cabras, son la principal fuente de infecciones humanas, aunque <i>C. burnetii</i> puede infectar a una amplia gama de otros animales, incluidos los animales salvajes. En los rumiantes, <i>C. burnetii</i> puede causar abortos, mortinatos y crías débiles, principalmente en pequeños rumiantes, aunque, si los animales no están gestantes, la infección cursa de forma asintomática.</p> <p>Los conocimientos actuales sobre hasta qué punto la manifestación de la fiebre Q depende del genotipo de <i>C. burnetii</i> son limitados. El uso de diferentes metodologías, algunas de ellas no estandarizadas, hace que la tipificación actual proporcione poca información. La secuenciación del genoma completo ofrece una prometedora alternativa, ya que es más fácil de estandarizar y proporciona información más exhaustiva. En la actualidad, sólo se han publicado unas pocas secuencias del genoma completo de Coxiellaceae, la mayoría de las cuales se limitan a antiguos aislados de laboratorio. Esto se debe a que el aislamiento de este patógeno a partir de muestras de campo es a menudo complicado. Por todo ello, en este proyecto se desarrollarán e implementarán técnicas novedosas que permitan una mejor caracterización de este importante patógeno.</p> <p>El candidato seleccionado se incorporará a un grupo multidisciplinar integrado por expertos en bacteriología, diagnóstico, vigilancia epidemiológica, y genómica de <i>C. burnetii</i> de seis países europeos. El proyecto tiene entre sus objetivos crear un biobanco con el mayor número posible de muestras positivas a <i>C. burnetii</i> procedentes de diferentes especies de hospedadores. Para ello, se mejorarán los métodos de aislamiento de <i>C. burnetii</i> a partir de distintos tipos de muestras, tanto en cultivo celular como en medio axénico. Para la secuenciación del genoma completo de las cepas aisladas durante el proyecto y de otras cepas ya disponibles en las colecciones de los distintos socios, se combinarán técnicas de secuenciación masiva de lecturas cortas y largas. Además, se desarrollarán métodos de secuenciación directa sobre muestras clínicas. En base al análisis de los genomas se seleccionarán cepas de interés para su caracterización fenotípica. La combinación de datos genotípicos y fenotípicos permitirá la identificación de determinantes moleculares del rango de hospedadores y la virulencia. Los resultados obtenidos en el proyecto se traducirán en recomendaciones para optimizar la vigilancia molecular de <i>C. burnetii</i> en Europa.</p>
Otra información	PROYECTOS DE COLABORACIÓN INTERNACIONAL 2023: Q-NET-ASSESS PCI2023-143391

Datos de contacto

Programa internacional: ERA-Net cofund ICRAD 2022. Título proyecto transnacional: Improved molecular surveillance and assessment of host adaptation and virulence of <i>Coxiella burnetii</i> in Europe
ahurtado@neiker.eus