



GRUPO PARLAMENTARIO

PREGUNTA CON RESPUESTA POR ESCRITO

A LA MESA DEL CONGRESO DE LOS DIPUTADOS

D. JUAN LUIS STEEGMANN OLMEDILLAS en su condición de **Diputado** del **Grupo Parlamentario VOX (GPVOX)**, al amparo de lo establecido en los artículos 185 y siguientes del vigente Reglamento del Congreso de los Diputados, presenta la siguiente **pregunta para la que solicita respuesta por escrito**.

EXPOSICIÓN DE MOTIVOS

El primer genoma de SARS-CoV-2 se obtuvo en Wuhan a finales de diciembre de 2019. Esto permitió identificar al virus como un **coronavirus** y comprobar que era **diferente a los otros coronavirus conocidos**. El análisis evolutivo demostró que estaba emparentado con virus cuyo hospedador primario son especies de murciélagos, lo que llevó a postular que éstos son también el reservorio original del SARS-CoV-2.

Sin embargo, tanto el SARS-CoV como el MERS-CoV (los otros dos coronavirus que han causado brotes epidémicos recientemente) saltaron a la especie humana a través de especies intermediarias, civetas y camellos, respectivamente, lo que hace sospechar que lo mismo ha sucedido en el origen del COVID-19. Aún no se ha identificado ese hospedador intermediario.



CONGRESO DE LOS DIPUTADOS

XIV LEGISLATURA

VOX

GRUPO PARLAMENTARIO

El análisis comparado del genoma con el de otros virus permite identificar qué mutaciones hacen diferente al SARS-CoV-2 y cuáles le asemejan a otros virus. Esto nos permite buscar dianas terapéuticas, **entender cómo entra el virus en las células o explicar por qué afecta más a hombres que a mujeres.**

Gracias a la elevada tasa de mutación de los virus con genoma de RNA, **los cambios en sus genomas se acumulan en cuestión de días.** Aunque el ritmo de evolución del SARS-CoV-2 es más lento que el de la gripe o el VIH, aún es lo bastante rápido para que podamos observar las mutaciones acumuladas desde que se produjeron las primeras infecciones en Wuhan.

Para hacerlo es preciso comparar las secuencias de muchos virus y, para ello, es esencial poder acceder a la información que se va generando desde distintas partes del mundo. Esto se realiza gracias a la colaboración desinteresada de muchos científicos, que comparten las secuencias que obtienen en una plataforma establecida previamente para la vigilancia de la gripe GISAID (siglas de *Global Initiative on Sharing All Influenza Data*).

Los datos genómicos en bruto son imprescindibles, pero aún más su análisis en tiempo real, que es posible gracias a un programa que aprovecha los datos de GISAID para establecer las rutas de transmisión del virus.

Al igual que se estudia la evolución a largo plazo, a corto plazo podemos estudiar la epidemiología según los virus. Obtendremos así, una potentísima herramienta, para contrastar los resultados de la epidemiología clásica, basada en el estudio de contactos, y fortalecer las medidas de control de la epidemia y su efectividad. Esta coordinación de datos en Europa corre a cargo del **Centro Europeo de Prevención y Control de Enfermedades (ECDC)** y sus funciones son:

Grupo Parlamentario VOX, Carrera de San Jerónimo s/n 28071 Madrid

Tel. 91 390 57 63 /91 390 76 42

gpvox@congreso.es

C.DIP 31537 21/05/2020 13:03



CONGRESO DE LOS DIPUTADOS

XIV LEGISLATURA

VOX

GRUPO PARLAMENTARIO

- **Analizar e interpretar los datos** de los países de la UE sobre 52 **enfermedades transmisibles**, a través del Sistema Europeo de Vigilancia (TESSy).
- **Proporcionar asesoramiento científico** a los gobiernos e instituciones de la UE.
- **Garantizar la detección precoz** y el análisis de las amenazas emergentes para la UE.
- Coordinar el **Programa Europeo de Formación en Epidemiología de Intervención (EPIETen)** y el **Programa Europeo de Formación en Microbiología para la Salud Pública (EUPHEMen)**.
- **Ayudar a los gobiernos de la UE** a prepararse contra los brotes de enfermedades.
- Organizar cada año la **Conferencia científica europea sobre epidemiología aplicada de las enfermedades infecciosas (ESCAIDE)**, de tres días de duración.

Facilita datos de vigilancia y asesoramiento científico sobre 52 enfermedades transmisibles de declaración obligatoria y sobre brotes de enfermedades y amenazas para la salud pública. La Agencia actúa basándose en la experiencia y conocimientos de sus propios expertos, de las redes paneuropeas de enfermedades transmisibles y de los organismos nacionales de salud pública.

Por todo ello, se formulan las siguientes:



CONGRESO DE LOS DIPUTADOS

XIV LEGISLATURA

VOX

GRUPO PARLAMENTARIO

PREGUNTAS

1. ¿Ha comunicado el Ministro de Sanidad datos sobre la secuenciación genómica de las poblaciones del virus SARS-Cov-2 aislados en España, al Centro Europeo de Control de Enfermedades, como es preceptivo?
2. ¿Tiene el Ministro de Sanidad constancia de diferencias en las secuencias genómicas entre los virus SARS-CoV-2 aislados en diferentes poblaciones españolas?
3. ¿Tiene el Ministro de Sanidad constancia de diferencias en las secuencias genómicas entre los virus SARS-CoV-2 aislados en diferentes poblaciones europeas, americanas, africanas, asiáticas, australianas o neozelandesas?
4. ¿Tiene el Ministro de Sanidad constancia de diferencias en las secuencias genómicas entre los virus SARS-CoV-2 aislados en otras partes del mundo cuando se comparan con los virus aislados en España?
5. ¿Tiene el Ministro de Sanidad constancia de alguna correlación entre el cuadro clínico y las variantes genómicas detectadas en el virus, en España o en alguna parte del mundo?

Grupo Parlamentario VOX, Carrera de San Jerónimo s/n 28071 Madrid

Telf. 91 390 57 63 /91 390 76 42

gpvox@congreso.es

C.DIP 31537 21/05/2020 13:03



CONGRESO DE LOS DIPUTADOS


XIV LEGISLATURA


VOX

GRUPO PARLAMENTARIO

6. En caso de inexistencia de dichos datos, ¿qué medidas adoptará el Gobierno para obtener esa información?

Palacio del Congreso de los Diputados, a 20 de mayo 2020.


Juan Luis Steegman Olmedillas
Diputado GP VOX


V.B. Macarena Olona Choclán
Portavoz Adjunta GP VOX