

UNIVERSIDAD DE EL SALVADOR
FACULTAD DE MEDICINA
ESCUELA DE CIENCIAS DE LA SALUD
CARRERA LABORATORIO CLINICO



APORTE DE LA SECUENCIACIÓN GENÓMICA EN LAS VARIANTES
COVID - 19 DURANTE LA PANDEMIA EN EL SALVADOR EN EL MES DE
JULIO DE 2023.

Presentado por:

CAMILA ANDREA GONZÁLEZ AMAYA

Para optar al grado de:

LICENCIADA EN LABORATORIO CLÍNICO

Asesor:

LICDA. DELMY PATRICIA PINEDA DE SORIANO

Ciudad Universitaria “Dr. Fabio Castillo Figueroa”, El Salvador, agosto, 2023

AUTORIDADES DE LA UNIVERSIDAD DE EL SALVADOR

Rector

Msc. Roger Armando Arias

Vicerrector Académico

PhD. Raúl Ernesto Azcúnaga López

Vicerrector Administrativo

Ing. Juan Rosa Quintanilla

Secretario General

Ing. Francisco Antonio Alarcón

AUTORIDADES DE LA FACULTAD DE MEDICINA

Decana

MsC. Josefina Sibrían de Rodríguez

Vicedecano

Dr. Saúl Díaz Peña

Secretaria

MsC. Aura Marina Miranda de Arce

Director de Escuela

MsC. José Eduardo Zepeda Avelino

Directora de Carrera

MsP. Miriam Cecilia Recinos de Barrera

AGRADECIMIENTOS

A Dios,

Por haberme acompañado y guiado a lo largo de mi carrera, por ser mi fortaleza en los momentos de debilidad y por brindarme una vida llena de aprendizaje, experiencias y sobre todo felicidad.

A mis padres,

Les agradezco que siempre me han brindado su apoyo incondicional para poder cumplir todos mis objetivos personales y académicos. Ellos son los que con su cariño me han impulsado siempre a perseguir mis metas y nunca abandonarlas frente a las adversidades.

A mis primas especialmente a Glenda y Carolina,

Por ser parte fundamental en mi vida y por creer en mí, por estar siempre presentes, acompañándome y por el apoyo moral que me brindaron a lo largo de esta etapa de mi vida.

A mis docentes,

Son muchos los docentes que han sido parte de mi camino universitario, y a todos ellos les quiero agradecer por transmitirme los conocimientos necesarios para hoy poder estar aquí. Sin ustedes los conceptos serían solo palabras.

A mis compañeros y amigos,

Agradecerles a todos mis compañeros los cuales muchos de ellos se han convertido en mis amigos, cómplices y hermanos. Gracias por las horas compartidas, los trabajos realizados en conjunto y las historias vividas.

A mi asesor,

Licenciada Delmy Patricia Pineda de Soriano, le agradezco muy profundamente por su dedicación y paciencia, sin sus palabras y correcciones precisas no hubiese podido lograr llegar a esta instancia tan anhelada.

Camila Andrea González Amaya

RESUMEN

Durante la pandemia, la biología molecular tomó auge con la incorporación de técnicas de secuenciación genómica, mediante secuenciación de nueva generación. Esta secuenciación completa del genoma del virus, tuvo un impacto directo en la respuesta de la salud pública en la pandemia. En este trabajo se presenta la importancia de la aplicación de la biología molecular en la secuenciación del genoma viral del SARS-CoV-2, en El Salvador describiéndose cómo se realizó dicho proceso con muestras de pacientes salvadoreños, con el objetivo de obtener resultados de forma más rápida y conocer el curso de la enfermedad.

Palabras claves

Genoma, secuenciación genómica, SARS-CoV-2, pandemia, técnicas de secuenciación

ABSTRACT

During the pandemic, molecular biology took off with the incorporation of genomic sequencing techniques through new generation sequencing, which had a direct impact on the public health response to the pandemic. This work presents the importance of the application of molecular biology in the sequencing of the viral genome of SARS - CoV-2 in El Salvador, describing how this process was carried out with samples from Salvadoran patients, in order to obtain results more quickly and to know the course of the disease.

Keywords:

genome, genomic sequencing, SARS-CoV-2, pandemic, sequencing techniques

INTRODUCCIÓN

En diciembre de 2019 surgió el nuevo virus SARS-CoV-2 en la ciudad de Wuhan (11 millones de habitantes), situada en la provincia de Hubei (China central), que al parecer comenzó a propagarse a partir de algún producto comercializado desde el mercado de Huanan de pescado y marisco (Huanan Seafood Wholesale Market) donde además se vendían animales vivos. Debido al importante número de casos de neumonía que se diagnosticaron, a finales del mes de diciembre, se notificó el brote a la OMS. El SARS-CoV-2 es un virus que se ha clasificado dentro del género *betacoronavirus* (subgénero *sarbecovirus*), perteneciente a la familia *Coronaviridae*. Se trata de un virus encapsulado con ácido ribonucleico o ARN de cadena sencilla en sentido positivo, cuyo genoma consta de 30 kb aproximadamente. El SARS-CoV-2, al igual que el resto de los virus ARN, sufre cambios constantes en su genoma durante la replicación a través de mutaciones, es por eso que la secuenciación genómica del SARS-CoV-2 ha sido una herramienta fundamental en la lucha contra esta enfermedad (Salud, 2021). El COVID-19, causado por el virus SARS-CoV-2, se ha convertido en una pandemia global, y entender su genoma considero que es de mucha importancia ya que ha sido crucial para comprender su origen, su propagación y para desarrollar estrategias efectivas de diagnóstico, tratamiento y prevención.

La secuenciación genómica es el proceso de determinar la secuencia exacta de nucleótidos en el ADN de un organismo. En el caso del SARS-CoV-2, se trata de un virus de ARN, por lo que se secuencia su genoma de ARN. Esta técnica permite identificar las mutaciones y variaciones genéticas del virus, lo que resulta fundamental para rastrear su evolución y propagación. La secuenciación genómica del SARS-CoV-2 se ha llevado a cabo a gran escala en todo el mundo. Los científicos han secuenciado miles de genomas del virus,

compartiendo la información en bases de datos públicas para su análisis y estudio colaborativo. Gracias a esta colaboración global, se ha logrado obtener una imagen detallada de las diferentes variantes del virus que han surgido en distintas regiones geográficas y en distintos momentos, lo que resalta la importancia de la secuenciación genómica para monitorear y controlar la propagación del virus (III, 2020).

Al conocer la secuencia genómica del virus, se pueden identificar los fragmentos específicos del virus que pueden ser utilizados como objetivos para las pruebas de detección o para el desarrollo de vacunas.

Por tales motivos, la secuenciación genómica del SARS-CoV-2 ha sido una herramienta esencial para comprender la biología y la evolución del virus, identificar variantes de preocupación y desarrollar estrategias eficaces de diagnóstico, tratamiento y prevención. La colaboración global en la secuenciación genómica ha permitido un avance rápido en nuestro conocimiento sobre el virus y ha sido clave en la respuesta global a esta pandemia. En razón de esto, la secuenciación genómica ha sido de gran importancia para el desarrollo de pruebas de diagnóstico más precisas y sensibles, así como para el diseño de vacunas eficaces.

Por tanto, el objetivo que se persigue, es presentar cómo el equipo de la facultad de medicina de la Universidad de El Salvador, en conjunto con el Instituto Nacional de Salud de El Salvador, realizaron la secuenciación del SARS-CoV-2 a partir de muestras respiratorias de pacientes locales, con la infección causada por el SARS-CoV-2, utilizando un tipo de secuenciación masiva, ayudando a obtener resultados de forma más rápida y así poder tener una pronta respuesta, además de saber cómo actuar ante la pandemia, saber el curso de la enfermedad y cómo esta se propagaba. Asimismo, esa secuenciación permitió evaluar la variabilidad genética del virus a nivel del país, su evolución y algunos factores pronósticos

de los pacientes, las secuencias genéticas también permiten evaluar el grado de la conservación de las regiones del genoma viral, las cuales son importantes para el estudio de antivirales, elaboración de vacunas y tratamiento, así como estudio de métodos diagnósticos. A partir de muestras de secreción nasofaríngea, se reportaron las primeras seis secuencias completas del genoma del SARS- CoV -2 de seis casos de COVID -19 detectados en el país. Un aporte importante de esta investigación fue el realce que le dio al país, siendo este, el primer virus secuenciado en El Salvador, así como la importancia de incorporar las técnicas de biología molecular y cómo estas pueden ser de utilidad en la medicina y muy importante también en el abordaje de la pandemia, en el diagnóstico de enfermedades y en conocer el comportamiento de los virus y su variabilidad. También se dio la incorporación de la tecnología de secuenciación masiva con un kit que emplea menos tiempo y es más fácil de ejecutar, trayendo un beneficio a la población, ya que a través de ella se podrán diagnosticar distintas enfermedades que afecten a la ciudadanía, y la necesidad de preparar al personal de salud para un rápido diagnóstico.

CONTENIDO

AUTORIDADES DE LA UNIVERSIDAD DE EL SALVADOR	ii
AUTORIDADES DE LA FACULTAD DE MEDICINA.....	iii
AGRADECIMIENTOS.....	iv
RESUMEN	v
INTRODUCCIÓN	vii
I. DESARROLLO.....	1
II. CONCLUSIONES.....	8
III. FUENTES DE INFORMACIÓN.....	9

I. DESARROLLO

Secuenciación genómica: bases metodológicas.

El genoma constituye el material genético propio de un organismo, el cual viene determinado por las bases nucleotídicas que se unen entre sí y conforman su ADN.

La secuenciación genómica es una técnica que ha revolucionado la biología molecular. En El Salvador no es la excepción puesto que es el avance más reciente, ya que antes nunca se había hecho la secuenciación de un virus, como hasta ahora con las primeras seis secuencias completas del genoma del SARS-CoV-2, siendo la primera secuenciación realizada en el país que fue de gran ayuda para el abordaje que se le dio a la pandemia. Pero ¿qué es la secuenciación genómica y por qué es tan importante? La secuenciación genómica es un proceso que permite la identificación, el orden y la secuencia completa del ADN o ARN en el caso del SARS-coV-2, lo que proporciona información importante sobre la caracterización del virus, estimar la prevalencia de una determinada población, investigar la propagación del virus durante los brotes (III, 2020).

Es por eso, que se ha convertido en una herramienta fundamental en la investigación en el campo de la biología molecular, que nos permite la identificación de las mutaciones genéticas del virus y así poder entender las bases moleculares de las enfermedades, en este caso, las bases de la enfermedad causada por el SARS-CoV-2, y eso nos brinda información sobre cómo actúa el virus una vez que este penetra las células humanas.

Necesidad de la secuenciación genómica en el covid-19

El estudio de las secuencias genómicas ha adquirido un papel fundamental en la detección y en el manejo de los brotes de enfermedades infecciosas. Con la aparición del SARS-CoV-2, se ha visto subrayada la importancia del análisis y estudio de las secuencias genéticas. A medida que el virus se fue diseminando por el mundo, gracias a la secuenciación genómica fue posible evidenciar la rápida acumulación de cambios en su genoma (Covid-19, 2021)

Desde la identificación inicial del SARS-CoV-2, hasta la fecha, se han compartido, a nivel mundial, más de 414.575 secuencias genómicas completas a través de bases de datos de acceso público. La capacidad de monitorizar la evolución viral casi en tiempo real tiene un impacto directo en la respuesta de salud pública a la pandemia de COVID-19.

Principales tipos de secuenciación genómica utilizados en la biología molecular

Existen diferentes tipos de secuenciación genómica, pero todas comparten el mismo objetivo: determinar la secuencia de los nucleótidos que componen el ARN de nuestro organismo en estudio. Los principales tipos de secuenciación genómica son:

La secuenciación de Sanger, esta técnica fue desarrollada por el británico Frederick Sanger a mediados del siglo XX. Esta técnica se basa en la acción de las ADN polimerasas, es una técnica muy precisa, pero tiene sus limitaciones ya que es una técnica costosa y que requiere mucho tiempo.

Por otro lado, está la secuenciación de tercera generación, en esta técnica se utiliza una tecnología de nanoporos, que permite secuenciar secuencias de ADN individualizadas de forma directa, más rápida y precisa que las demás técnicas.

La secuenciación de nueva generación (NGS) , es un método que permite la secuenciación masiva y paralela de los fragmentos de ADN , esta es una de las técnicas más utilizadas en la actualidad, debido a su alta eficiencia y bajo costo comparada con la secuenciación de Sanger y requiere menor cantidad de tiempo, por lo anteriormente mencionado ha tenido una aplicación importante en la salud convirtiéndose en una herramienta importante para el diagnóstico e investigación de enfermedades en las que es de utilidad conocer sus bases genéticas (Resource, 2023)

Tipo de secuenciación genómica que se utilizó en El Salvador

En el país, la secuenciación que se llevó a cabo por un equipo de la Universidad de El Salvador en conjunto con el Instituto Nacional de Salud en El Salvador fue la Secuenciación masiva. Esta secuenciación, para llevarla a cabo se analizaron las muestras obtenidas de los pacientes positivos a la prueba qRT-PCR para SARS-CoV-2, diagnosticados en el Laboratorio Nacional de Salud Pública del Instituto Nacional de Salud (INS) y la Sección de Virología y Microbiología Molecular, Departamento de Microbiología de la Facultad de Medicina, Universidad de El Salvador, y la extracción que se llevó a cabo con el kit PureLink Viral RNA/DNA Mini Kit Invitrogen de ThermoFisher Scientific. Posterior a esto realizaron una preparación de librería o generación de librería, un elemento clave cuando se utiliza la secuenciación masiva (NGS), que con preparación de librería se están refiriendo en fragmentar y marcar, empleando unos adaptadores únicos a las muestras de ADN que se quieren conocer. La finalidad de este ensayo sobre la secuenciación genómica de las variantes del SARS-CoV-2, aparte de conocer como esta tecnología de la biología molecular fue de gran utilidad para las primeras seis secuencias del genoma del virus SARS-CoV-2, es también reconocer la labor de los profesionales que llevaron a cabo esta investigación y la

importancia que se le dio a la biología molecular en el país, ya que aquí no se le daba mucho realce a la biología molecular y de hecho son pocos los laboratorios en el país que cuentan con dicha tecnología, asimismo de esta forma se conocieron las diferentes mutaciones, fue así como se dio a conocer que la mutación G614 es la que estaba presente en el país, que provoca un cambio pequeño pero efectivo en la proteína que el virus usa para ingresar a las células humanas. De igual forma, conocer cuál fue el tipo de secuenciación que se usó acá en el país, debido a sus ventajas que se mencionarán más adelante. La metodología que se utilizó en el país para las primeras seis secuencias del genoma completo del SARS-CoV-2, fue la secuenciación masiva, que se utilizó por primera vez en El Salvador, esta secuenciación se ejecutó con la plataforma MiniSeq Illumina con el MiniSeq Rapid High Output Reagent Kit (Rivera, Pérez, López, & Hernández, 2021), es un kit de reactivos que permite mayor rapidez en el tiempo de ejecución para mejorar la eficiencia del laboratorio y de esta manera obtener resultados más rápidos (illumina, illumina INNOVATIVE TECHNOLOGIES, 2023). La secuenciación de nueva generación en comparación con los otros tipos de secuenciación es más fácil de utilizar, más rápida y de menor costo, debido a esto fue que se utilizó esta secuenciación y se implementó dicha técnica en el país que nos servirá para el abordaje de otras enfermedades o distintas situaciones en las que se vea comprometida la salud de la población.

MiniSeq Illumina: Esta plataforma la utilizaron como control interno para la secuenciación y alineación, seguido del proceso de secuenciación se realiza un análisis bioinformático; la bioinformática es un campo de las ciencias computacionales en el que se refiere a todas las técnicas y herramientas que se utilizaron para procesar, analizar y almacenar los datos que fueron obtenidos durante la secuenciación (III, 2020). Normalmente esta bioinformática se

aplica a los genes, al ADN o ARN, ya que es útil para comparar secuencias de genes. El análisis y almacenamiento de los datos que fueron obtenidos en el país los hicieron en el formato FASQ, producto de la secuenciación y en la que se utilizó una plataforma informática llamada Base Space Sequence de Illumina , siendo esta una plataforma en la que se permite analizar y administrar los datos fácilmente (illumina, BaseSpace Sequence Hub, 2023).

El protocolo de investigación fue aprobado y sometido por el comité local de ética del INS. Los investigadores no tuvieron acceso a la identidad de los pacientes u otros datos sensibles. Las muestras fueron manejadas por un número de referencia asignado por el Laboratorio Nacional de Salud Pública. Los datos de secuenciación están disponibles en la plataforma GISAID bajo los siguientes registros: EPI_ISL_671974, EPI_ISL_671978, EPI_ISL_672012, EPI_ISL_672570, EPI_ISL_672572, EPI_ISL_672573.

Las seis secuencias fueron revisadas y dadas de alta en GISAID (Global Initiative on Sharing All Influenza Data), es una plataforma de almacenamiento genómico, que permite compartir datos para garantizar y mejorar la salud de la población, así surge GISAID con un primer objetivo de compartir secuencias genómicas de virus gripales que permiten seguir la evolución de los mismos y predecir el diseño de vacunas para anticiparse a la epidemia del año venidero (Hernández, García-Morán, Abad, & Eiros, 2021)

Esta información de SARS-CoV-2 apoya la calidad del proceso de secuenciación, robustece la vigilancia epidemiológica y permitió seleccionar para el país la vacuna más representativa. Con el análisis en la plataforma SOPHiA, ninguna de las mutaciones se asoció a mayor virulencia o patogenicidad; sin embargo, sí se encontró la mutación Spike_D614G que actualmente está siendo ampliamente estudiada por su posible relación con mayor infectividad de la proteína espícula, lo cual aumentaría su transmisibilidad. Los resultados

demonstraron que las seis secuencias fueron clasificadas como clado GISAID GH, linaje pangolín B.1.2 y B.1.370, ambos linajes con una alta prevalencia en EUA (Rivera, Pérez, López, & Hernández, 2021).

Mutación Spike D614G.

La mutación D614G en la proteína Spike del SARS-CoV-2, comúnmente conocida como la “variante G”, se detectó por primera vez en Europa a principios de 2020 y ahora es la forma más prevalente y dominante del virus del SARS-CoV-2 en muchos países del mundo.

La mutación D614G se caracteriza por un cambio de ácido aspártico a glicina en la posición de aminoácido 614 de una proteína. Los estudios han demostrado que la mutación D614G en la proteína espiga del SARS-CoV-2 del síndrome respiratorio agudo severo, puede aumentar la infectividad del virus y su capacidad de propagación, lo que sugiere que puede ser más transmisible en comparación con otras variantes, sin embargo, no se ha demostrado que esta mutación cause una enfermedad más grave.

La mutación D614G es relevante por varias razones:

- Mayor transmisibilidad; esto significa que el virus puede propagarse más fácilmente entre las personas.
- Dominancia global, desde que se detectó por primera vez en Europa en el año 2020, la variante con la mutación D614G ha llegado a convertirse en la forma más dominante del virus a nivel mundial.
- Impacto en las vacunas; si bien las vacunas desarrolladas contra el COVID-19 han demostrado ser efectivas contra las variantes que contienen la mutación D614G, se han realizado estudios para evaluar su respuesta inmunitaria frente a esta variante.

Unas de las implicaciones más significativas que tuvo esta mutación fue que los pacientes infectados con la variante G614 tienen mayor carga viral en el tracto respiratorio superior que las personas infectadas con la variante D614. Sin embargo, la mutación D614G no está asociada con una mayor gravedad de la enfermedad (Dr. Sanchari Sinha Dutta, 2022).

En el país, cuando después de realizar las seis secuencias completas del genoma del SARS-CoV-2, se encontró que la mutación D614G fue la que más predominó en las secuencias que realizaron, por lo que se realizó un análisis de esta mutación en secuencia del genoma completo del SARS-CoV-2 y de esta manera se concluyó que esta mutación fue la más prevalente a nivel mundial y en El Salvador.

II. CONCLUSIONES

Lo expuesto a lo largo de este ensayo, nos permite concluir que:

- La biología molecular ha sido una herramienta importante en la medicina, tanto así, que gracias a esta parte de la biología se pudo entender las bases moleculares del virus SARS-CoV-2, realizando la secuenciación genómica de este, que resultó en un avance muy importante para el país, ya que fue el primer reporte de secuencias completa del genoma SARS-CoV-2 hecho en El Salvador.
- Se obtuvo más información sobre cómo actuaba el virus, se pudo entender mejor su evolución, epidemiología molecular y se pudo dar una respuesta rápida y efectiva a la pandemia.
- Se incorporaron técnicas de biología molecular tal como la secuenciación genómica que resultó un éxito en el abordaje de la pandemia, se acortaron tiempos, se pudo y se podrá mantener el diagnóstico de distintas enfermedades, por lo tanto, será de gran ayuda para la población.
- Los datos de secuenciación genómica pueden ser almacenados y por lo tanto ser compartidos para saber cómo actuar ante futuras enfermedades o epidemias.
- Gracias a la secuenciación genómica pudo determinar que la mutación D614G fue la que más predominó en El Salvador y fue una de las más transmisibles a nivel mundial pero no significó mayor gravedad de la enfermedad.

III. FUENTES DE INFORMACIÓN

1. Álvarez-Díaz, D. A., Laiton-Donato, K., Franco-Muñoz, C., & Mercado-Reyes, M. (2020). Secuenciación del SARS-CoV-2: la iniciativa tecnológica para fortalecer los sistemas de alerta temprana ante emergencias de salud pública en Latinoamérica y el Caribe. *Biomedica: revista del Instituto Nacional de Salud*, 40(Supl. 2), 188–197. <https://doi.org/10.7705/biomedica.5841>
2. Covid-19, e. C. (2021). COVID-19. *actualidad medica* .
3. Dr. Sanchari Sinha Dutta, P. (2022). D614G Mutation in SARS-CoV-2 Spike Protein. *News-Medical life sciences*.
4. García Vallejo, F., & Domínguez, M. C. (2008). El conocimiento del genoma humano y la sociedad: Un conflicto inevitable. *Universidad Autónoma de Occidente*.
5. GISAID - hCov19 variants. (s/f). Gisaid.org. Recuperado el 13 de julio de 2023, de <https://gisaid.org/hcov19-variants/>
6. Harcourt, J. T. (2020). *Centros para el Control y Prevención de Enfermedades*. Obtenido de Centros para el Control y Prevención de Enfermedades: https://wwwnc.cdc.gov/eid/article/26/6/20-0516_article
7. Hernández, M., García-Morán, E., Abad, D., & Eiros, J. M. (2021). GISAID: iniciativa internacional para compartir datos genómicos del virus de la gripe y del SARS-CoV-2. *revista española de salud publica* .
8. Instituto de salud San Carlos III, I. d. (20 de abril de 2020). <https://www.isciii.es>. Recuperado 10 de junio de 2023, <https://www.isciii.es/InformacionCiudadanos/DivulgacionCulturaCientifica/DivulgacionISCIII/Paginas/Divulgacion/InformeCoronavirusSecuenciacion.aspx>
9. BaseSpace sequence hub. (s/f). Illumina.com. Recuperado el 14 de julio de 2023, de <https://www.illumina.com/products/by-type/informatics-products/basespace-sequence-hub.html>
10. MiniSeq reagent kit. (s/f). Illumina.com. Recuperado el 18 de julio de 2023, de <https://www.illumina.com/products/by-type/sequencing-kits/cluster-gen-sequencing-reagents/miniseq-reagent-kit.html>

11. Castro L., R. (2020). Coronavirus, una historia en desarrollo. *Revista Medica de Chile*, 148(2), 143–144. <https://doi.org/10.4067/s0034-98872020000200143>
12. Martínez, V. M. (2006). Guía para la elaboración de ensayos de investigación. *Revista del Centro de Investigación*.
13. Petroni, D. A. (2022). *Regional Representation for the Americas*. Recuperado 14 julio de 2023, https://rr-americas.woah.org/wp-content/uploads/2022/12/sp_secuenciacion-de-nueva-generacion-a-petroni.pdf
14. Resource, t. O. (2023). *Libro Biología General*. LibreTexts.
15. Rivera, N. R., Pérez, C. A., López, X. S., & Hernández, C. E. (2021). Primeras seis secuencias del genoma completo de SARS-CoV-2 por NGS en El Salvador . *Universidad de El Salvador* .
16. Rubén Megía González, F. G. (2020). *El Blog de Genotipia*. Obtenido de NGS: Secuenciación de Nueva Generación: <https://genotipia.com/ngs-secuenciacion/>
17. Rubén Megía González, F. G. (10 de enero de 2023). *El Blog de Genotipia*. Recuperado 15 julio de 2023, de El Blog de Genotipia: <https://genotipia.com/sanger/>
18. Rubio, S., Pacheco, R., Gómez, A., & Perdomo, S. (2020). secuenciación de nueva generación (NGS) de ADN: presente y futuro en la práctica clínica. *Pontificia Universidad Javeriana*.
19. Salud, O. M. (2021). Secuenciación del genoma del SARS-CoV-2 con fines de salud pública. *Organizacion Mundial de la Salud*.

ANEXOS



Inicio > DePaís

Minsal y UES secuencian genoma del SARS-CoV-2

EL ESTUDIO PERMITE CONOCER DE MEJOR MANERA LAS CARACTERÍSTICAS DE LA COVID-19. Esta es la primera vez que se logra un resultado así en El Salvador.

por Boris Lozano — 25 de noviembre de 2020

AA



Fotos DES: David Martínez



**Acceso / Enfermedades /
Nuevo coronavirus 2019**



SECUENCIACIÓN DE GENOMAS COMPLETOS SARS-COV-2

¿Qué es?

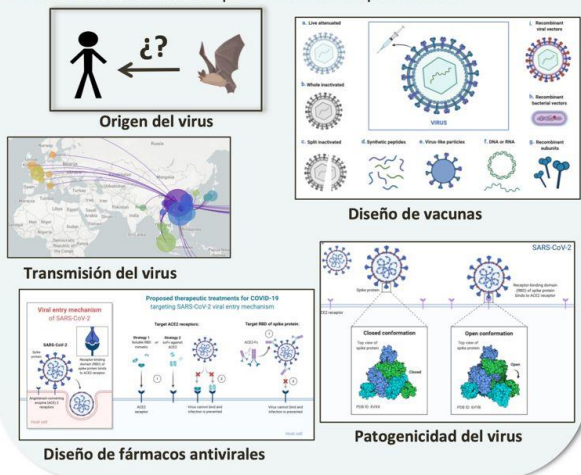
El genoma o la secuencia genética completa del SARS-CoV-2 es una molécula de ARN, una especie de código de 30.000 letras que necesita para poder formar muchas copias de sí mismo y lograr multiplicarse una vez que infecta a una célula diana.

¿Cómo se hace?

Una vez conseguido el ARN de la muestra, el objetivo es purificar el ARN del virus y separarlo del ARN del paciente siguiendo diferentes estrategias. A continuación se determina la secuencia de la molécula mediante procesos químicos y análisis bioinformáticos

¿Para qué sirve?

Una vez conseguida la secuencia del genoma del virus, se puede utilizar esta información para diferentes aplicaciones:





In Focus

Since lifting the zero-COVID policy, data from China continues to resemble globally seen patterns

The genomic surveillance of data from China with preliminary [phylogenetic analyses](#) over recent months demonstrated a pattern of variant introduction and emergence risk which is substantially similar to that observed globally. Therefore, the daily updates will no longer be shown in the In Focus section. Future GISAID analyses for China will be viewable on the dedicated page accessible [here](#).

Global public health relies on timely genomic surveillance efforts in all countries and regions of the world to detect new evolutionary trends early on.



We gratefully acknowledge the Authors from Clustering and Submitting laboratories of sequence data on which the analysis is based.

