

El Centro Nacional de Microbiología realiza la secuenciación completa del SARS-CoV2 en muestras de pacientes de diversas zonas de España

| 31/03/2020 |



Miguel Juliá, Sara Monzón, Sarai Varona, Pilar Jiménez, Mercedes Jiménez, Inmaculada Casas, Mar Molinero y María Iglesias, parte del equipo del Centro Nacional de Microbiología que ha trabajado en la secuenciación.

Científicos del [Laboratorio de Virus Respiratorios](#) del Centro Nacional de Microbiología (CNM) del ISCIII han realizado la secuenciación completa del nuevo coronavirus SARS-CoV-2 gracias al uso de muestras respiratorias de pacientes procedentes de diferentes áreas geográficas de España. Su trabajo, al aportar una secuencia muy completa y sin indeterminaciones, permitirá conocer mejor las características del virus, analizar pequeños cambios específicos que definen su comportamiento y comprender mejor su circulación y difusión entre la población.

Según explica María Iglesias, investigadora del citado laboratorio, se ha logrado la secuencia del virus completo gracias al uso de nuevos métodos de trabajo optimizados y desarrollados en el CNM para la secuenciación completa del virus, entre los que se incluyen nuevos procesos de análisis bioinformático para la obtención de las secuencias genómicas del SARS-CoV-2.

El conocimiento que se tiene hasta ahora del virus revela que las secuencias del SARS-CoV-2 se agrupan en 9 clados distintos. Los clados son grupos filogenéticos que definen la evolución biológica de un organismo, y en ellos se pueden observar las diferencias genéticas de los coronavirus circulantes de todo el mundo, que explican cómo actúa y se comporta. Según han determinado los investigadores del CNM, las secuencias españolas del SARS-CoV-2 se han relacionado en 3 clados diferentes, denominados S, G y V.

El estudio de secuenciación se ha realizado directamente sobre muestras clínicas del virus (no con cultivos de laboratorio) con apoyo de las Unidades de Bioinformática y Genómica del CNM. Se ha llevado a cabo con muestras clínicas procedentes de País Vasco, Madrid, Andalucía, Castilla-La Mancha, Castilla y León, Cataluña y Galicia, y permite observar un mapa de la circulación y características de circulación del virus por toda España.

Entre otras cuestiones, el análisis realizado permite caracterizar cómo se relacionan las diferentes secuencias publicadas hasta el momento, tanto entre sí como con secuencias internacionales, y aporta nuevo conocimiento sobre la circulación del virus a nivel autonómico y nacional. También revela informaciones más concretas, como la ubicación de secuencias procedentes de Andalucía en un clado distinto al del resto de secuencias españolas, que se asocian filogenéticamente con secuencias procedentes de virus analizados en pacientes ingleses.

Punto de partida para futuras investigaciones

Conocer mejor el virus para mejorar el manejo de la enfermedad El desarrollo y la validación de nuevos métodos de secuenciación masiva permitirán aumentar, en un futuro muy próximo, el número de secuencias españolas disponibles en las bases de datos procedentes de todas las comunidades autónomas. Haber logrado esta secuenciación del SARS-CoV2 también facilitará el estudio de pequeños cambios específicos del virus, comprender mejor su difusión y circulación, y conocer más en profundidad sus características genéticas.

La secuenciación llevada a cabo en el CNM "es muy completa y ofrece información sin ningún tipo de indeterminaciones, lo que

permitirá su uso en estudios comparativos globales", explica Iglesias. La investigadora señala que esta secuencia ofrece más información en torno al virus, algo fundamental para poder desarrollar nuevas herramientas que mejoren el manejo de la enfermedad.

Toda la información de las secuencias obtenidas por el CNM ya es de acceso público desde diferentes plataformas, como GISAID y Nextstrain, entre otras. En España hay otras iniciativas en torno a la secuenciación completa del nuevo coronavirus, como, entre otras, la de la Comunidad de Madrid y un proyecto liderado por la Fundación Fisabio de la Comunidad Valenciana, que ya obtuvo hace unas semanas una primera secuenciación del virus, en su caso obtenido de tres muestras de un mismo hospital.

Noticias relacionadas:

- [Primeros ensayos financiados por el Fondo COVID-19 del ISCIII: terapia precoz en combinación y plasma de pacientes recuperados](#)
- [Coronavirus: el ISCIII coordina los estudios virológicos en el proyecto europeo I-MOVE-COVID-19](#)
- [Todos los proyectos del ISCIII para dar respuesta al manejo del coronavirus](#)
- [Pruebas de diagnóstico del coronavirus: ¿qué es la PCR?, ¿qué son los test rápidos? ¿en qué se diferencian?](#)
- [Accede a la Guía COVID-19 de la Biblioteca Nacional de Ciencias de la Salud del ISCIII.](#)