



LA SECUENCIACIÓN GENÓMICA TIENE ALTO IMPACTO EN LA SALUD PÚBLICA: BLANCA TABOADA

- A tres años de la exploración genómica del SARS-CoV-2 en México, la doctora **Blanca Taboada Ramírez**, del **Instituto de Biotecnología de la UNAM**, ofreció un viaje científico a través de la pandemia y subrayó la importancia de la vigilancia genómica para el cuidado de la salud humana.
- La sesión formó parte del ciclo **El maravilloso mundo de los virus**, coordinado por **Susana López Charretón**, miembro de **El Colegio Nacional**, y se transmitió en vivo el 22 de agosto por las plataformas digitales de la dependencia.
- “Nunca antes se había secuenciado un patógeno, hay miles de secuencias de SARS-CoV-2 y se sigue necesitando su monitoreo para estudiar que no surja una nueva variante y se desarrollen vacunas”, detalló Taboada Ramírez.

“En una pandemia, es importante hacer vigilancia genómica, porque permite detectar el surgimiento de variantes del virus que pudieran tener cambios en su comportamiento biológico como la transmisibilidad, la virulencia o el rango de huésped; o que le permitan al patógeno escapar a la inmunidad natural o inducida por las vacunas”, así los expuso la doctora **Blanca Taboada Ramírez**, al impartir la conferencia **Tres años de exploración genómica del SARS-CoV-2 en México: un viaje científico a través de la pandemia**.

La sesión, transmitida en vivo el 22 de agosto por las plataformas digitales de **El Colegio Nacional**, formó parte del ciclo **El maravilloso mundo de los virus**, coordinado por la colegiada **Susana López Charretón**. La investigadora del Instituto de Biotecnología de la UNAM subrayó que “un programa de secuenciación genómica mantenido a largo plazo ofrece la posibilidad de tener un alto impacto en la salud pública”.

Se refirió al análisis genómico del coronavirus en México y a su contextualización a nivel global. Recordó que, a la fecha, se tienen registrados cerca de 770 millones de casos de COVID-19, y más de 6.9 millones de defunciones. En México, se registraron alrededor de **7 millones de casos positivos**, y más 330 mil muertes.

La experta en el diagnóstico molecular y metagenómica viral habló de la secuenciación genómica, que se obtiene a partir de las muestras de los pacientes con casos positivos. Explicó que, de estas muestras, se extrae el ARN del virus, algo parecido a jalarlo con un imán, para después construir una especie de bibliotecas y hacer una secuenciación masiva. “Se ensamblan genomas completos o se buscan genes asociados a una enfermedad. Todo con la tecnología llamada **Illumina**, que genera en promedio mil millones de lecturas por muestra de nucleótidos de 150 bases. Así se puede identificar a qué muestra pertenece cada secuencia”.

De acuerdo con la experta, **actualmente se pueden secuenciar entre 500 y 600 muestras de una corrida** y cada una de éstas va a generar alrededor de un millón de lecturas. Después interviene la fase de análisis computacional. “**Cada genoma tiene una huella única y es como ensamblar un rompecabezas**, para hacerlo se necesitan algoritmos computacionales”. El genoma del SARS-CoV-2, por ejemplo, tiene 29 mil 900 nucleótidos y las mutaciones ocurren todo el tiempo, es un proceso natural. “Cuando un grupo de virus comparten un mismo conjunto de mutaciones forman lo que se conoce como **variante o nuevo linaje**”.

Agregó que, durante la pandemia por coronavirus, existió la circulación de linajes con propiedades biológicas estables. “Creemos que mucho fue porque los humanos no eran los hospederos naturales, sabíamos que el virus iba a cambiar para adaptarse a su nuevo hospedero y después se identificaron las variantes de preocupación, que acumularon rápidamente un conjunto de cambios que le concedieron beneficios”. Estas variantes fueron Alfa, Beta, Gama, Delta y Ómicron. Las **causantes** de nuevas olas de contagio.

“Nunca se había secuenciado un patógeno, hay miles de secuencias de SARS-CoV-2 y se ha hecho un esfuerzo a nivel mundial por la importancia de la pandemia. Se sigue necesitando su monitoreo para estudiar que no surja una nueva variante”, sostuvo la especialista. Expuso que hay más de 16 millones de secuencias del virus depositadas en una base de datos de acceso libre, que provienen de 2011 países. “Existen actualmente 3 mil 668 linajes, es decir variantes registradas, y se han identificados más de 80 mil mutaciones”.

En palabras de Taboada Ramírez, la evolución ocurre a través de la selección de aquellas mutaciones, recombinaciones que le confieren características favorables, como una mejor replicación, transmisión o evasión de la respuesta inmune. La científica también se refirió al Consorcio Mexicano de Vigilancia Genómica, coordinado por el doctor Carlos Federico Arias, que inició en el año 2021 de manera formal, recién identificada la pandemia. “**Logramos secuenciar mil genomas en**

el primer año y, a partir del 2021, dos mil genomas hasta el mes de enero de 2023”.

Detalló que el consorcio lo formaron investigadores de **distintas instituciones**. “Nos juntamos para reunir esfuerzos, conocimientos y poder apoyar al gobierno en esta vigilancia genómica. Hasta junio de este año, de todos los genomas que hay disponibles en la base de datos de México, nosotros abarcamos el 37% del total de lo secuenciado. Es un logro importante para quienes hemos trabajado en el consorcio. Hemos contribuido de manera importante”.

Expuso que, durante la **primera ola** epidémica en México, se identificaron **96 linajes** en el 2020 y se identificó que existió una diferencia genómica en función a la zona geográfica. Se encontraron 4 mil 278 mutaciones diferentes en las secuencias de esta ola. “Curiosamente, sólo se identificaron 65 cambios en más de 1% de las secuencias y 17 en más del 5%. Hubo muchas variantes del virus únicas, en un solo paciente, y pocas variantes frecuentes”.

Durante la **segunda ola**, que sucedió de enero a mayo de 2021, en México, dominó **la variante llamada B.1.1.519**, conocida como la **variante mexicana**, “se llamó así, porque no se dio en otra parte. Fue la que provocó el pico más alto de defunciones, aunque no de más contagios; sin embargo, no había vacunas. Esta variante tiene dos de los cambios el 478 y el 681 que comparte con la variante Alpha y Ómicron, un cambio que permitió la afinidad entre el emisor y el receptor, y la entrada del virus a la célula”.

La experta aseguró que los análisis filodinámicos apuntan a que, probablemente, surgió en el centro del país y se distribuyó primero al Sur y finalmente al resto de México. Para la tercera ola, llegó la variante Delta y empezaron a desaparecer todas las variantes de la región. “**La vigilancia genómica nos ha permitido llevar a cabo de manera oportuna el análisis de la evolución del virus en México.** Para que los datos de secuencia sean realmente de provecho, se deben generar rápidamente y mantener actualizadas las intervenciones de salud pública. No es sólo México, existen regiones marcadas dentro de la República con diversidades distintas de SARS-CoV-2 y su evolución, influenciadas por factores como la movilidad y la densidad poblacional, entre otros”.

“Nuestra labor ha sido determinante para la optimización y actualización constante de métodos diagnósticos, estrategias de prevención y tácticos de control frente a un virus que ha desencadenado la crisis sanitaria de mayor relevancia mundial en el último siglo”, concluyó Blanca Taboada Ramírez.

La conferencia **Tres años de exploración genómica del SARS-CoV-2 en México: un viaje científico a través de la pandemia** se encuentra disponible en el Canal de YouTube de la institución: [elcolegionacionalmx](https://www.youtube.com/channel/UColegionacionalmx).

Sigue las transmisiones en vivo a través de las plataformas digitales de El Colegio Nacional: Página web: www.colnal.mx,

YouTube: elcolegionacionalmx,
Facebook: ColegioNacional.mx,
Twitter: @ColegioNal_mx,
prensa@colnal.mx