

Madrid, jueves 15 de abril de 2021

El INIA-CSIC evalúa una técnica de secuenciación rápida para la detección de variantes del coronavirus

- Un estudio ha comprobado la validez de la tecnología basada en nanoporos, que permite secuenciar el genoma completo del SARS-CoV-2 en menos de 8 horas
- La técnica, complementaria a la PCR, ya se está probando en hospitales españoles para identificar variantes sospechosas del virus, como la británica, la brasileña o la sudafricana



Secuenciador mediante nanoporos / Óscar González Recio (INIA-CSIC)

Un proyecto liderado por investigadores del Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria del CSIC del Consejo Superior de Investigaciones Científicas (INIA-CSIC), ha evaluado la eficacia de la secuenciación del virus SARS-CoV-2

basada en nanoporos, una técnica con la que es posible determinar el orden exacto o secuencia de los componentes básicos del ARN y diferenciar las variantes del virus de forma rápida. Esta tecnología, que ya se está probando en distintos hospitales españoles, permite complementar otros métodos de diagnóstico como la PCR para identificar y detectar la transmisión de nuevas variantes del virus. El estudio ha sido publicado recientemente en la revista [*Applied Microbiology and Biotechnology*](#).

La secuenciación por nanoporos ha ganado protagonismo en los últimos años en la investigación de brotes como los del ébola o el zika y recientemente para la detección del coronavirus SARS-CoV-2, responsable de la actual pandemia. Esta técnica se basa en el uso de poros de un nanómetro de diámetro colocados sobre una membrana de polímeros resistente a la electricidad. Cuando una hebra de ADN o ARN atraviesa estos poros, se crea una alteración en la corriente eléctrica que permite determinar el orden de la secuencia de los componentes del genoma del virus.

El equipo investigador, liderado por **Óscar González-Recio**, del INIA-CSIC, ha valorado la eficacia de la técnica como alternativa a otros métodos de secuenciación del SARS-CoV-2. “Se trata de una tecnología bastante robusta, pues su fiabilidad depende en gran medida de la biocomputación para corregir los errores de la secuenciación. Además, permite secuenciar el ARN directamente y acelerar así el proceso de diagnóstico del virus, e incluso se pueden detectar las modificaciones (mutaciones) en las bases del ARN viral”, explica el investigador del INIA-CSIC.

Una característica importante del sistema es que permite prescindir del paso de conversión a ADN y no es necesario disponer, a diferencia de la PCR, de una secuencia de referencia para obtener la secuenciación completa del genoma del virus, “aunque ambas tecnologías no son comparables, ya que su objetivo es diferente”, puntualiza.

Mientras que la PCR sirve para realizar un diagnóstico, es decir, para detectar la presencia del virus en un paciente, la secuenciación por nanoporos trata de detallar qué variantes genéticas están presentes en la muestra. Esto es interesante para la vigilancia epidemiológica, la detección y la transmisión de nuevas variantes. “Se podría usar también para diagnóstico, pero su coste no es lo suficientemente bajo como para sustituir a la PCR. Sin embargo, sí es más económica que otros métodos de secuenciación más tradicionales y permite la identificación de variantes en menos de ocho horas”, matiza **González-Recio**.

Diagnóstico rápido de la variante del virus en centros hospitalarios

Algunos países como el Reino Unido, Dinamarca, o Chile ya han adoptado la secuenciación con nanoporos como alternativa al sistema estándar más frecuente (tecnología Illumina). En España se está implantando en algunos hospitales, aunque de manera esporádica, ya que existe un mayor error que en otras tecnologías más establecidas, y es necesario suplir los fallos con procesos bioinformáticos más complejos.

“La secuenciación por nanoporos se puede emplear cuando se requiere una respuesta rápida para identificar variantes sospechosas en pacientes con covid-19. La comunidad

científica está desarrollando protocolos cada vez más rápidos y fiables con esta tecnología e incluso podría usarse para la vigilancia del coronavirus en aguas residuales. Otra ventaja importante es que permite la secuenciación simultánea de virus y bacterias a bajo coste, con lo que podría servir para analizar qué tipos de patógenos son más frecuentes en una infección por SARS-CoV-2", concluye **González-Recio**.

Óscar González-Recio, Mónica Gutiérrez-Rivas, Ramón Peiró-Pastor, Pilar Aguilera-Sepúlveda, Cristina Cano-Gómez, Miguel Ángel Jiménez-Clavero & Jovita Fernández-Pinero. **Sequencing of SARS-CoV-2 genome using different nanopore chemistries**. *Appl Microbiol Biotechnol*. DOI: [10.1007/s00253-021-11250-w](https://doi.org/10.1007/s00253-021-11250-w)

INIA Comunicación / CSIC Comunicación