

Científicos costarricenses logran en secuenciar genoma completo de viruela símica

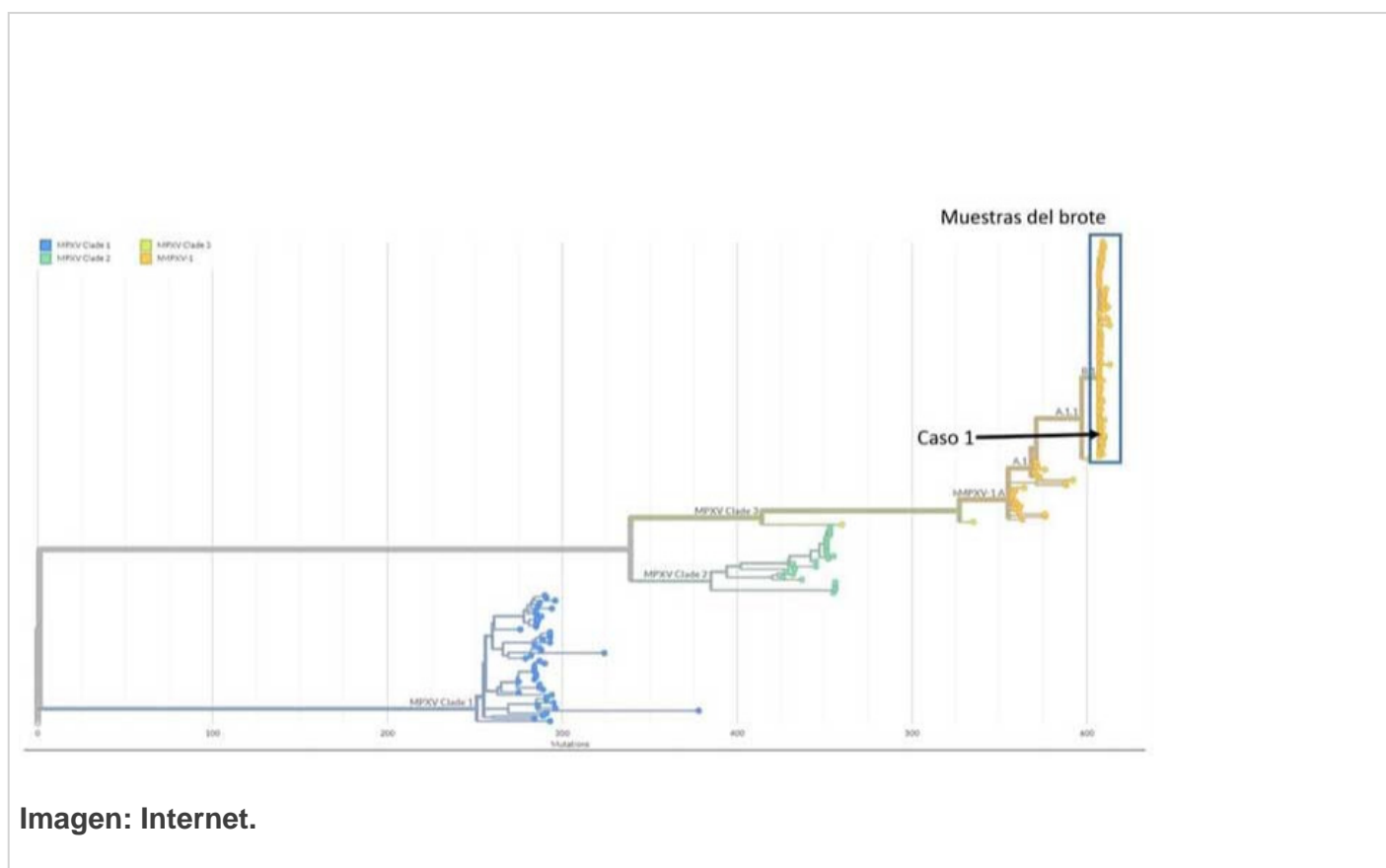


Imagen: Internet.

San José, 11 ago (RHC) El Instituto Costarricense de Investigación y Enseñanza en Nutrición y Salud - Inciensa-, secuenció el genoma completo del primer caso de la viruela símica detectado en Costa Rica, informó este jueves el Ministerio de Salud.

En un vídeo distribuido por esa cartera, Franciso Duarte, coordinador del laboratorio de genómica y biología molecular de Inciensa, calificó de gran importancia epidemiológica la secuenciación de este virus, ya que permite identificar el clado al cual pertenece el virus.

De acuerdo con ello, la secuencia del primer caso detectado en Costa Rica según esta nomenclatura pertenece al clado 3, que corresponde al que está produciendo el reciente brote de la enfermedad a nivel mundial.

Duarte sostuvo que los clados se han asociado con diferentes grados de severidad de la enfermedad y tasas de mortalidad: para el 1 se reporta una letalidad de una de cada 10 personas infectadas en los países de África central.

Los clados 2 y 3, prosiguió, causan una enfermedad más leve y una tasa de mortalidad más baja (estimada en alrededor de uno por ciento) y se ha descrito principalmente en África occidental.

El Ministerio de Salud destaca que Costa Rica es el primer país centroamericano en completar el genoma de la viruela del mono y explica que la muestra se secuenció por la técnica de metagenómica en escopeta.

Esta metodología -precisa- consiste en tomar la muestra del paciente, hacer una extracción de todo el material genético presente (ADN del paciente, del microbiota acompañante y del virus).

Tras secuenciarlo por la tecnología de secuenciación de siguiente generación, los especialistas del Inciensa realizaron los análisis computacionales (bioinformáticos), identificaron el material genético del virus y reconstruyeron su genoma, refiere Salud.

Resalta que una vez reconstruido el genoma viral completo se comparó contra los genomas reportados por los demás países donde se han presentado casos de viruela símica y se determinó a cuál clado o rama evolutiva pertenecía el virus.

El Ministerio de Salud adelanta que el Centro Nacional de Referencia de Virología del Inciensa continuará en coordinación con la red de laboratorios tanto públicos como privados para identificar y diagnosticar oportunamente los posibles casos de esta enfermedad, para una correcta aplicación de las medidas de prevención y control adecuadas. (**Fuente:** [Prensa Latina](#)).

<https://www.radiohc.cu/noticias/ciencias/296329-cientificos-costarricenses-logran-en-secuenciar-genoma-completo-de-viruela-simica>



Radio Habana Cuba