



ÁREA TEMÁTICA: Epidemiología molecular y genómica.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.700.425>

ACV-2025-112

Vigilancia genómica mediante secuenciación de siguiente generación y análisis bioinformático del virus SARS-CoV-2 en Ecuador desde 2023 en el Instituto Nacional en Salud Pública “Leopoldo Izquieta Pérez”

GÉNESIS GARCÍA-DÍAZ¹, DIANA GUTIÉRREZ-PALLO¹, GABRIELA ECHEVERRÍA-GARCÉS¹, BYRON FUERTES-FLÓREZ¹, CAMILA LARA-CAZORLA¹, ANDRÉS CARRAZCO-MONTALVO¹

¹ Centro de Referencia Nacional de Genómica, Secuenciación y Bioinformática, Instituto Nacional de Investigación en Salud Pública “Leopoldo Izquieta Pérez”, Quito (Ecuador).

Correspondencia: Génesis García Díaz. genegardadi@gmail.com

RESUMEN

Introducción: La secuenciación de genomas de SARS-CoV-2 ha permitido clasificar el virus en diferentes grupos genéticos o clados, basándose en mutaciones específicas en algunos de sus genes. Las mutaciones representan un fenómeno inherente y predecible en el contexto de la evolución viral. La vigilancia y monitoreo constantes, especialmente a nivel genético, son esenciales para rastrear la aparición de nuevas variantes (1). La evolución de SARS-CoV-2 ha dado lugar a la aparición de diferentes linajes, algunos de ellos han sido clasificados por la OMS como Variantes de Preocupación (VOC por sus siglas en inglés), Variantes de Interés (VOI por sus siglas en inglés) y Variantes Bajo Monitoreo (VUM por sus siglas en inglés) en salud pública (2). El objetivo de este trabajo fue monitorear los cambios genéticos del virus del SARS-CoV-2, mediante la vigilancia genómica periódica, para comprender su comportamiento y evolución a lo largo del tiempo.

Métodos: Se secuenciaron muestras de ARN viral, con el ensayo CovidSeq de Illumina en la plataforma Illumina MiSeq. Para el análisis bioinformático de las lecturas FASTQ, se utilizó una adaptación del protocolo ViralFlow, empleando el genoma de referencia del virus SARS-CoV-2 con el número de acceso NC_045512.2.

Resultados: En un análisis nacional a través de los datos genómicos depositados en GISAID (Global Initiative to Share All Influenza Data) se identificó que Ecuador ha reportado 12 706 genomas en total, de los cuales 7605 correspondientes a la variante Ómicron. A inicios de 2023, se destaca la presencia de las subvariantes XBB.1.5.92 y XBB.1.5.92.1 (HQ.1), que en la asignación de linajes dada por pangolín las designan como Variantes ecuatorianas (8). En 2024 se observa la circulación de la subvariante de interés JN.1*, la cual predominó desde su primer registro en el país en la semana epidemiológica (SE) 49-2023 hasta la SE 10 de 2025, a partir de la cual se han identificado las nuevas subvariantes KP.2, XEC, LP.8*, LF.7*, XFC, XFG y XFT.

Conclusiones: Hasta la fecha, en Ecuador se han detectado las Variantes de Interés XBB.1.5*, XBB.1.16*, EG.5# y BA.2.86/JN.1, así como las Variantes Bajo MB*, XBB.1.9.1, XBB.2.3, JN.1.7, KP.2, KP.3, KP.3.1.1, LB.1*, XFG*.

Palabras clave: vigilancia genómica, secuenciación de siguiente generación, SARS-CoV-2, epidemiología, diversidad genética.