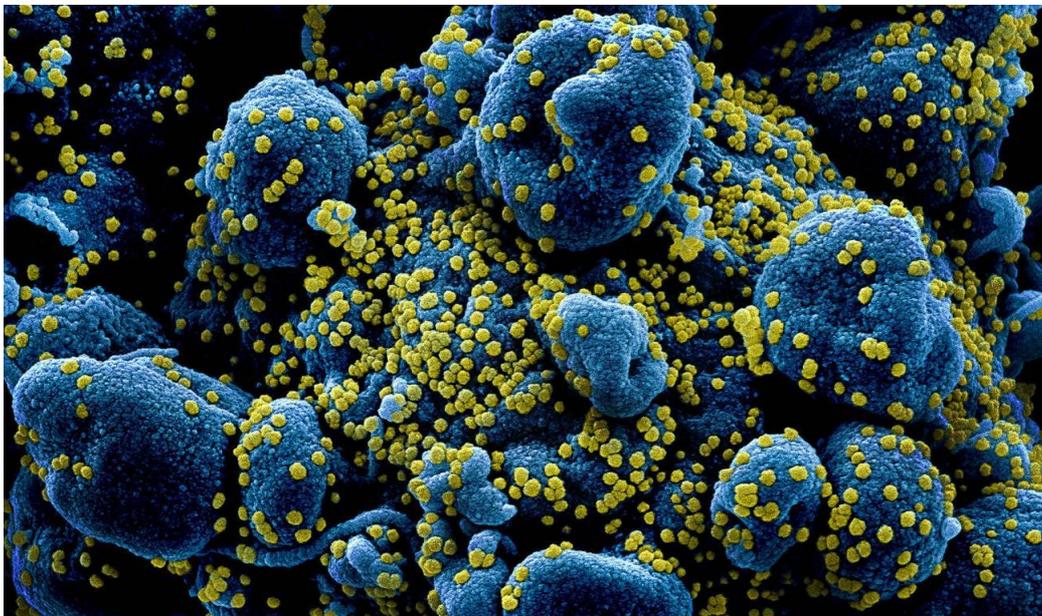


Un nuevo test genómico diagnostica casi cualquier infección

La técnica permite detectar en una sola prueba todo el espectro de patógenos, como bacterias, hongos, virus y parásitos. La secuenciación metagenómica de nueva generación podría acelerar la identificación de futuras pandemias víricas. Además, ha mostrado eficacia en la identificación temprana de infecciones neurológicas.

Ana Hernando

13/11/2024 10:00 CEST



Partículas del virus SARS-COV-2 (en amarillo) infectando células (azuladas) aisladas de un paciente y vistas a través del microscopio electrónico de barrido con corrección de color. / NIAID

Investigadores de la Universidad de California en San Francisco (UCSF) han desarrollado un **test genómico** capaz de detectar rápidamente casi cualquier tipo de **patógeno**.

Esta prueba, cuyos resultados se han publicado en la revista *Nature Medicine*, podría acelerar la detección de **futuras pandemias víricas** y mejorar la atención a las **infecciones neurológicas** que causan enfermedades como la **meningitis** y la **encefalitis**, señalan los autores.

El equipo ha utilizado una potente técnica de secuenciación genómica,

llamada secuenciación metagenómica de nueva generación (mNGS, por sus siglas en inglés). "Su ventaja es que, en vez de buscar un tipo de patógeno cada vez, analiza todos los ácidos nucleicos, ARN y ADN, presentes en una muestra", indica **Charles Chiu**, catedrático de Medicina de Laboratorio y Enfermedades Infecciosas de la UCSF y autor principal del estudio.

En el artículo de Nature Medicine, el equipo demostró que el test identifica correctamente el 86 % de las infecciones neurológicas

"A diferencia de otros métodos diagnósticos, el test mNGS utiliza un enfoque no dirigido que no requiere sospecha clínica previa sobre la causa de la infección. Además, permite detectar en una sola prueba todo el espectro de patógenos causantes de infecciones, como bacterias, hongos, virus y parásitos", explica Chiu a SINC.

Los científicos desarrollaron inicialmente una prueba clínica mNGS para analizar el **líquido cefalorraquídeo**, que baña el cerebro y la médula espinal. El test se ha aplicado a miles de pacientes con síntomas neurológicos inexplicables, tanto en la UCSF como en otros hospitales de EE UU durante un ensayo de siete años de duración. En el trabajo, los autores han demostrado que identifica correctamente el 86 % de estas infecciones.

Patógenos en fluidos respiratorios

En un estudio complementario publicado en *Nature Communications*, el equipo también utilizó la **secuenciación metagenómica de nueva generación** para identificar patógenos en fluidos respiratorios que pueden causar **neumonía**, y lo automatizó para obtener resultados más rápidamente.

Chiu comenta que "la **covid-19** aceleró el desarrollo test mNGS aplicable a infecciones respiratorias, con el fin de detectar virus antes de su

propagación o para asistir en la respuesta ante una pandemia”.

Esta tecnología, agrega, “es capaz de identificar virus emergentes incluso sin genomas de referencia humanos, debido a la similitud genética con virus de animales y otros organismos”.

“ *La secuenciación metagenómica es capaz de identificar virus emergentes incluso sin genomas de referencia humanos, debido a la similitud genética con virus de animales y otros organismos*

Charles Chiu, autor principal (Universidad de California en San Francisco)

”

Uno de los principales desafíos fue automatizar la prueba mNGS para que pueda realizarse en un laboratorio clínico típico. La meta era reducir el tiempo de procesamiento a menos de 24 horas y minimizar la intervención manual, simplificando el proceso de más de 100 pasos a menos de 30, explica el investigador.

Licencia de la tecnología

Para que esta tecnología esté ampliamente disponible, la UCSF ha licenciado la prueba a la *start up* [Delve Bio](#), de la que Charles Chiu es cofundador. El objetivo sería ofrecerla como prueba de referencia en hospitales y clínicas. “En el futuro, esperamos que la simplificación y automatización permitan su uso en laboratorios locales y en puntos de atención sanitaria”, afirma el coautor.

Referencias:

Patrick Benoit et al. “Seven-year performance of a clinical metagenomic next-generation sequencing test for diagnosis of central nervous system infections”. *Nature Medicine* (2024).

Jessica Karielle Tan et al. “Laboratory validation of a clinical metagenomic next-generation sequencing assay for respiratory virus detection and discovery” *Nature Communications*

Derechos: **Creative Commons.**

TAGS

GENES | GENOMA | SECUENCIACIÓN | VIRUS | BACTERIAS | PARÁSITOS |
TEST | COVID-19 |

Creative Commons 4.0

Puedes copiar, difundir y transformar los contenidos de SINC. [Lee las condiciones de nuestra licencia](#)