



Enfermedades Infecciosas y Microbiología Clínica

www.elsevier.es/eimc



Noticias SEIMC

Procedimientos en Microbiología Clínica (número 71, 2.^a edición 2021)

Procedures in Clinical Microbiology (number 71, 2nd edition 2021)

Editores: Emilia Cercenado y Rafael Cantón

Aplicaciones de las técnicas de secuenciación masiva en la Microbiología Clínica

Coordinador: A. Oliver Palomo^{a*}

Autores: C. López Causapé^a, F. González Candelas^b, M. Tomás Carmona^c, A. Oliver Palomo^a

^a Servicio de Microbiología, Hospital Universitario Son Espases, Instituto de Investigación Sanitaria Illes Balears (IdISBa), Palma de Mallorca, España

^b Unidad Mixta Infección y Salud Pública FISABIO/Universidad de Valencia, Valencia, España

^c Servicio de Microbiología-Instituto de Investigación Biomédica A Coruña (INIBIC), Hospital A Coruña (CHUAC), Universidad de A Coruña (UDC), A Coruña, España

*Autor para correspondencia:

Antonio Oliver Palomo

Correo electrónico: antonio.oliver@ssib.es

En los últimos años el constante desarrollo y la continua mejora de los métodos de secuenciación del ADN ha permitido que la obtención de la secuencia de genoma completo sea accesible en la rutina de los servicios de microbiología clínica, introduciendo así un nuevo paradigma en el diagnóstico microbiológico. Este nuevo paradigma implica el manejo de una gran cantidad de información, cuya gestión y análisis demanda inexorablemente el uso de herramientas bioinformáticas, lo cual no debiera ser un obstáculo para su implementación en los servicios de microbiología clínica, ya que en los últimos años se han desarrollado aplicaciones web y/o interfaces que permiten una fácil utilización de muchas de estas herramientas sin requerir grandes conocimientos en lenguajes de

programación. Este procedimiento incluye un documento científico y 2 documentos técnicos. En el documento científico se describen las diferentes tecnologías de secuenciación, los flujos de trabajo en la secuenciación masiva y sus aplicaciones en el diagnóstico de las enfermedades infecciosas, la detección de genes de resistencia y virulencia y el estudio de la relación clonal y caracterización de brotes. En el documento se analizan también los retos y limitaciones actuales en la implementación de la secuenciación masiva en la rutina del servicio de microbiología. La segunda parte del documento recoge 2 procedimientos normalizados de trabajo, adaptables a cualquier laboratorio de microbiología. En el primero, titulado «Procesamiento de muestras para secuenciación de genoma completo» se describen todos los pasos (extracción de ADN, preparación de librerías, normalización y carga en secuenciador) para la secuenciación de genoma completo de bacterias aisladas en cultivo microbiológico, utilizando como base la plataforma de secuenciación Miseq (Illumina®). En el segundo, titulado «Análisis bioinformático de secuencias de genoma completo aplicado a la microbiología clínica» se describe la metodología a seguir para la obtención de la secuencia de genoma completo a partir de las lecturas crudas generadas en la plataforma de secuenciación Miseq, así como la utilización de las herramientas bioinformáticas para la detección de mecanismos de resistencia a los antibióticos, de factores de virulencia o el tipado molecular.

El desarrollo de todos estos aspectos se puede consultar en el procedimiento microbiológico SEIMC número 71: «Aplicaciones de las técnicas de secuenciación masiva en la Microbiología Clínica» (2.^a edición 2021) (www.seimc.org/protocolos/microbiologia).