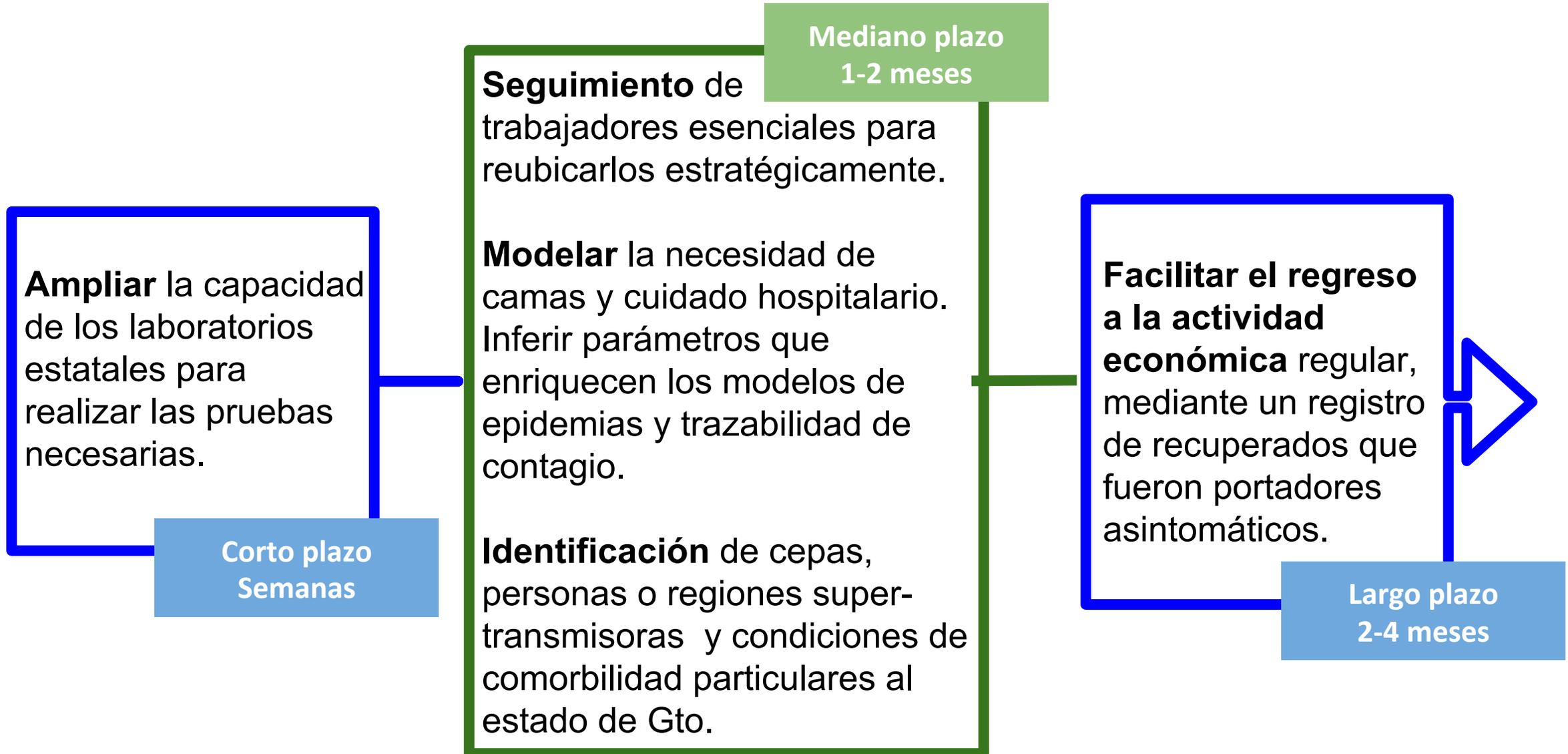


Pruebas masivas y vigilancia epidemiológica del COVID19

Dr. Alfredo Heriberto Herrera Estrella
Director Langebio-Cinvestav



Pruebas a población con/sin síntomas y a personas recuperadas



Propuesta: Proveer vigilancia epidemiológica a corto y mediano plazo a través de un muestreo estratégico de test COVID-19 para la detección oportuna y monitoreo ciudadano.

Objetivo 1

Proveer **indicadores clave** por municipio y estatal. Número de ciudadanos con condición de COVID-19: **POSITIVOS ASINTOMÁTICOS, POSITIVOS SINTOMÁTICOS, RECUPERADOS y DEFUNCIONES.**

Conocer el número de personas por condición de COVID-19 en el **Estado de Guanajuato** y para cada uno de sus municipios.

Objetivo 2

Determinar la tendencia en el tiempo de estas 4 condiciones a nivel Estatal, Municipal y Localidad para efectos de **planeación estratégica** en aspectos de **equipamiento de Salud Pública y de Desarrollo Económico** para el regreso paulatino a las actividades económicas a nivel Estatal, municipal y por Localidad.

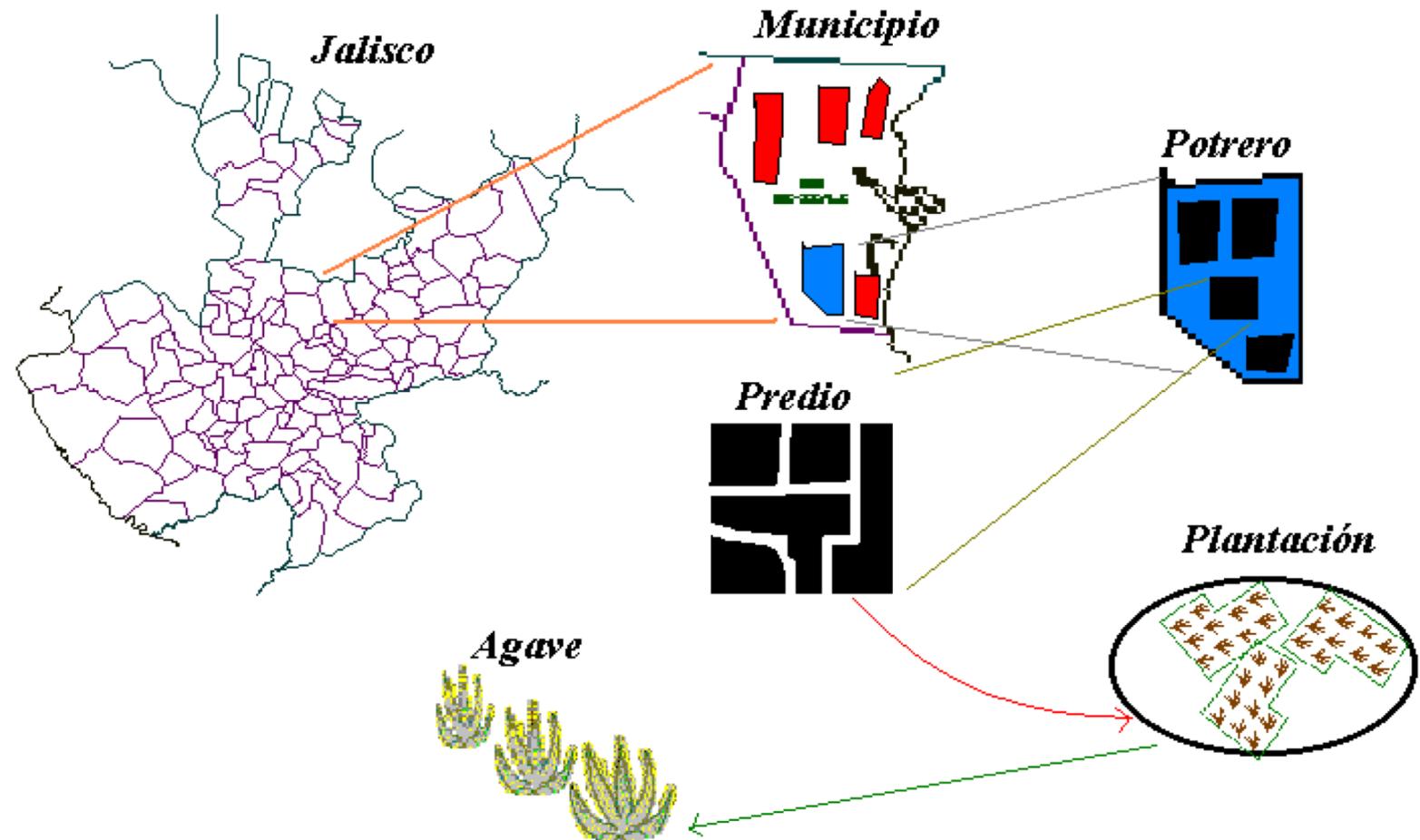
Identificar mediante secuenciación las **cepas específicas** de COVID-19 y sus mutaciones, así como de otros virus co-ocurrentes que infectan a la **población de Guanajuato** para determinar si las diferencias entre cepas o las coinfecciones virales explican una parte de los factores de comorbilidad. Así como trazar su trayectoria y su origen, e identificar regiones del genoma de COVID-19 útiles para el desarrollo de fármacos y vacunas estacionales.

Objetivo 3

Diseño de muestras estadísticas

Selección probabilística de municipios y dentro de municipios unidades secundarias, terciarias, etcétera.

Proponemos unidades móviles de toma de muestra.



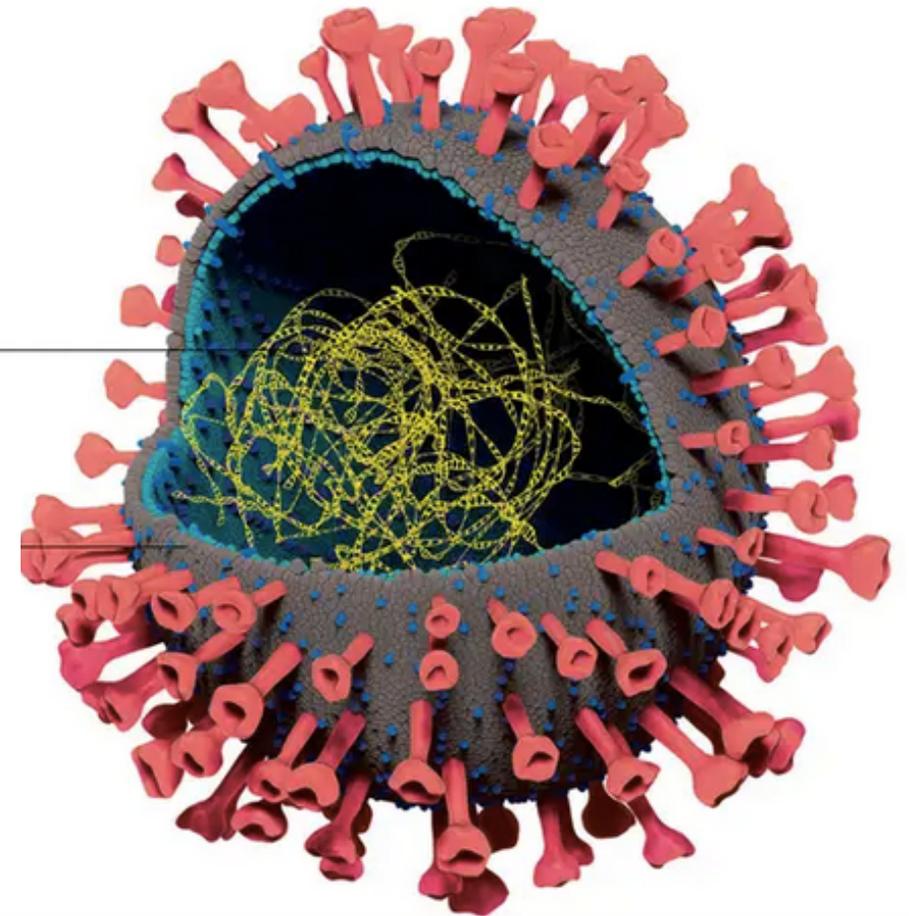
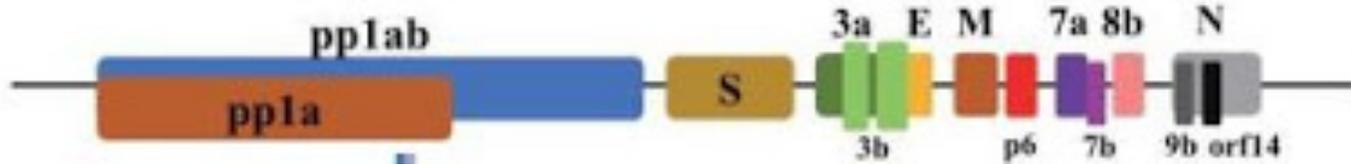
Del genoma del virus al diagnóstico y la vigilancia epidemiológica

El genoma codifica una enorme cantidad de información sobre un individuo

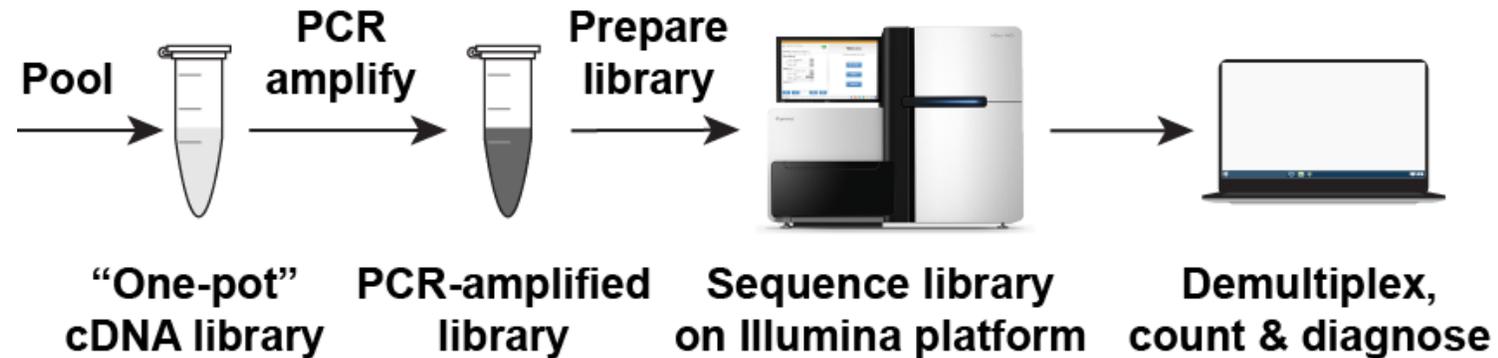
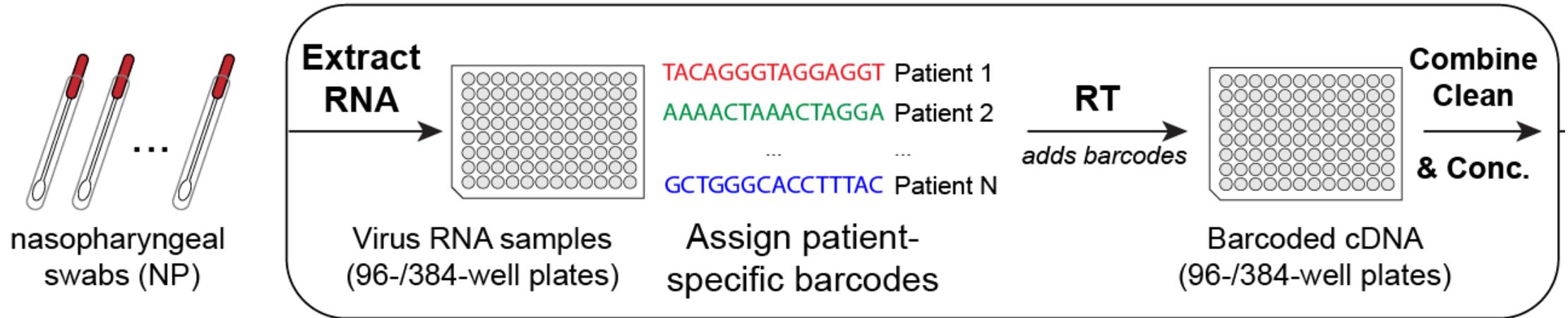
como se ve
su tamaño
como funciona

....
su salud
su comportamiento
... que es!

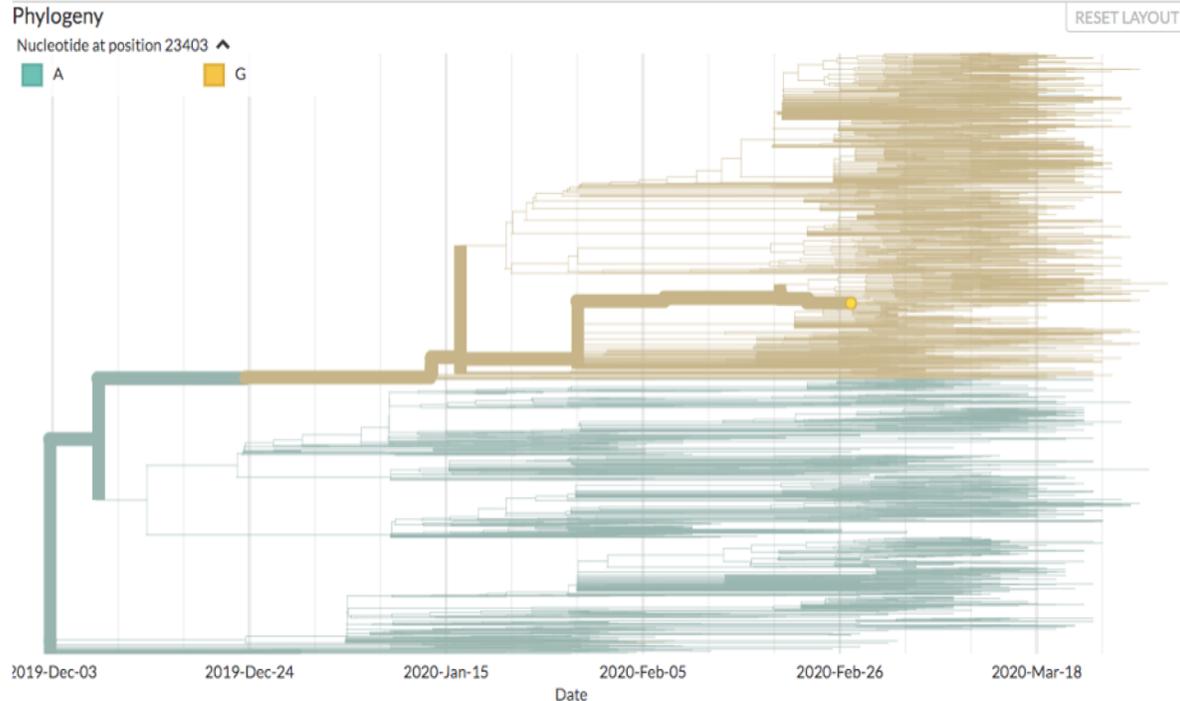
RNA enclosed in protein



Secuenciación masiva 19,200 pruebas por ciclo de trabajo



Secuenciación de genomas completos y detección de otros virus respiratorios



La secuenciación puede determinar qué tan rápido se está adaptando el virus a medida que se propaga. Esta información permite a los funcionarios de salud pública determinar la probabilidad de que el virus evite la detección de los ensayos de PCR establecidos y se vuelva resistente a las terapias (Stellrecht, 2018).

Conocer el genoma viral es esencial para comprender la eficacia terapéutica desde la terapéutica de moléculas pequeñas dirigidas a proteínas virales específicas hasta vacunas dirigidas contra antígenos virales.

Se requiere una vigilancia basada en la secuencia para comprender el papel de la co-infección. COVID-19 puede variar de asintomático a fatal.

Gracias

Dr. Alfredo Herrera Estrella
Director de Langebio-CInvestav
alfredo.herrera@cinvestav.mx