



## CURSO INTERNACIONAL

Secuenciación y Análisis de Datos Genómicos para la Detección Microbiológica de Enfermedades transmitidas por Alimentos y Aguas

# **EVALUACIÓN MOLECULAR DE NUEVOS BROTES DE INFECCIÓN POR EL VIRUS DE LA HEPATITIS C EN UNIDADES DE HEMODIÁLISIS**

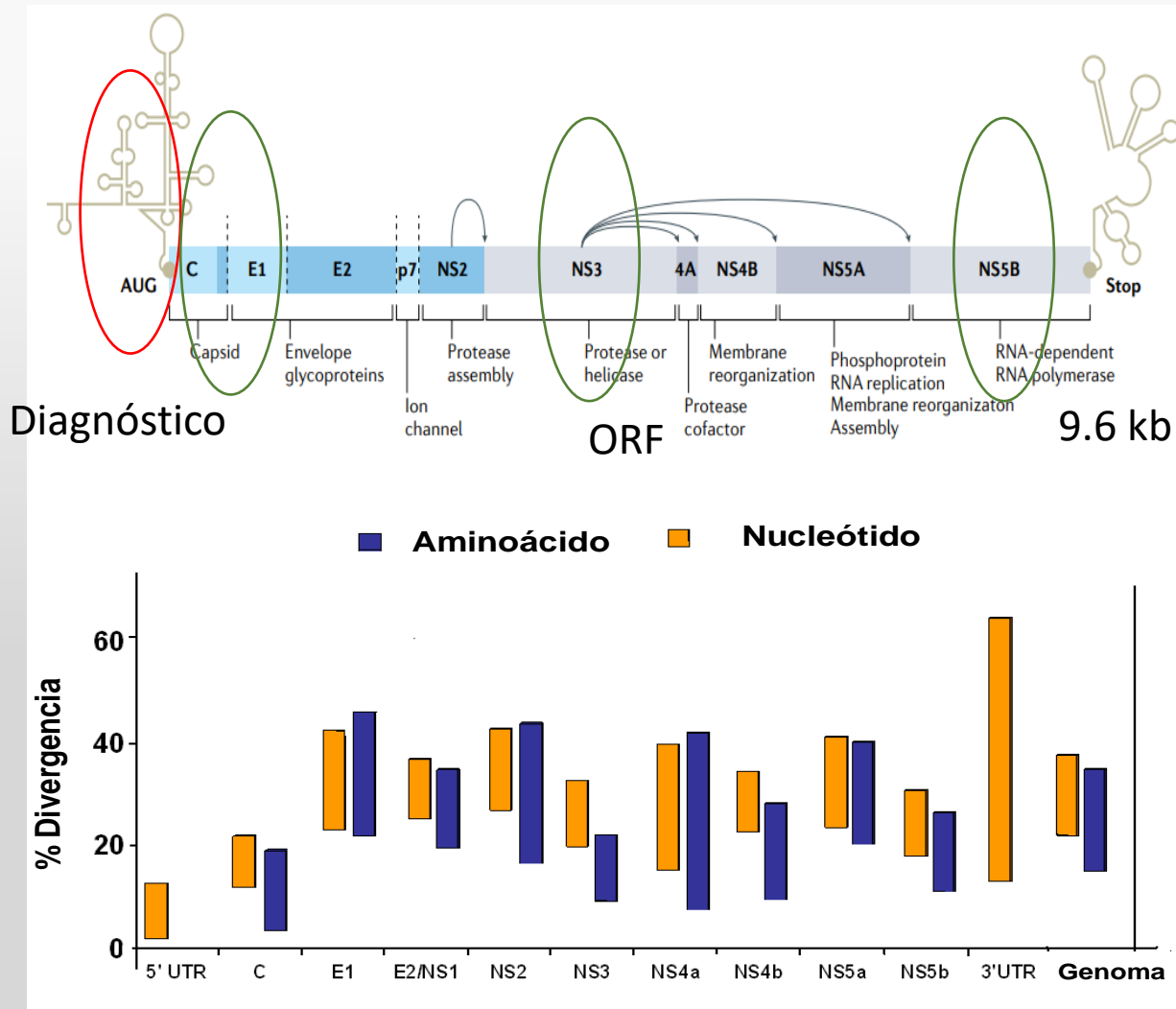
## **Venezuela**

Dra. María Zulay Sulbarán

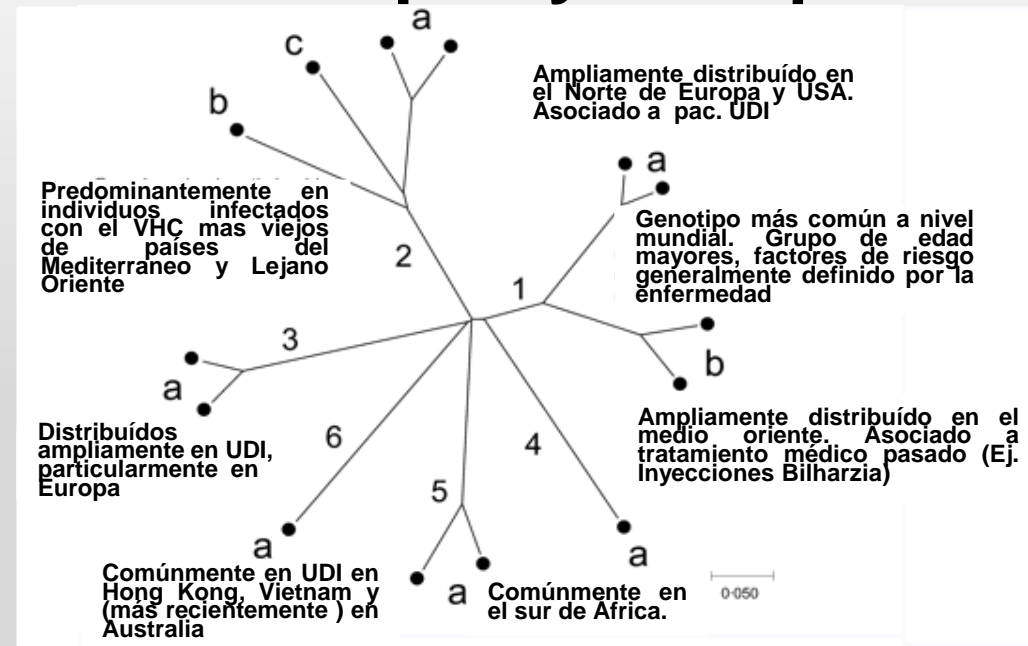
Caracas, Noviembre 2023

# Virus de la hepatitis C

## Organización genómica

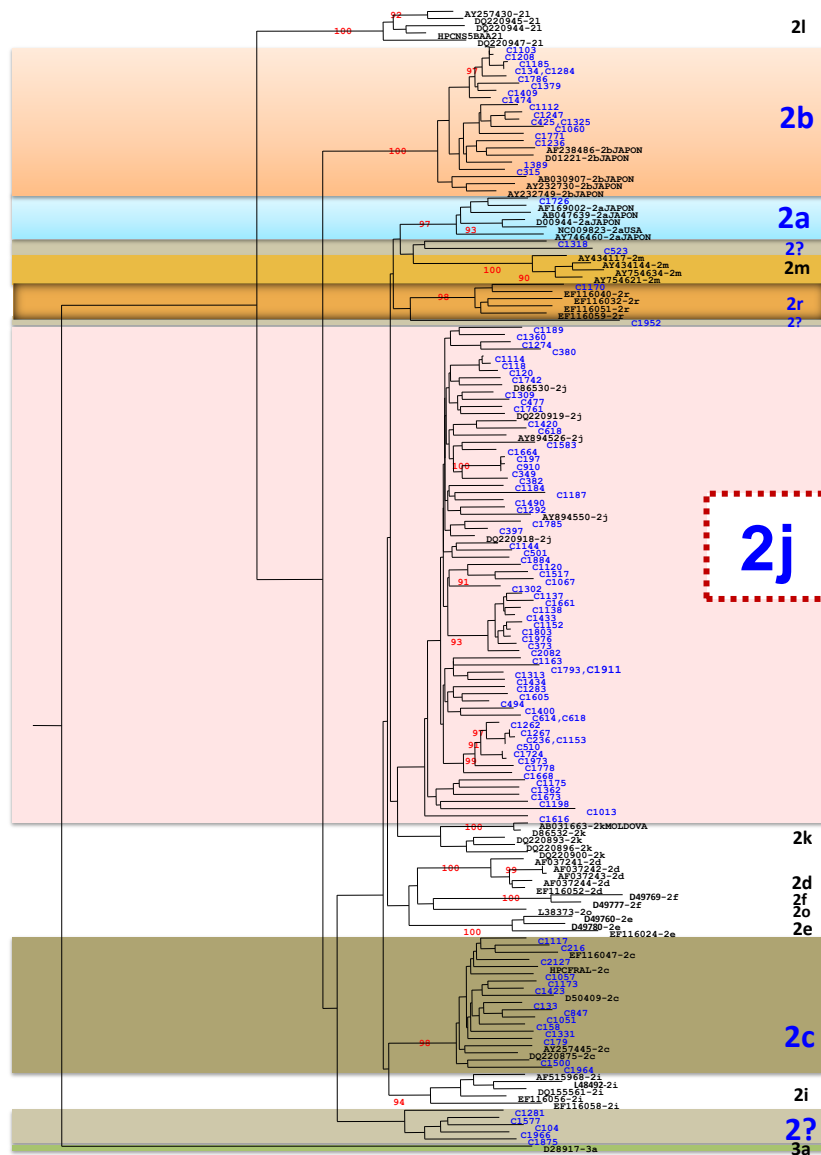


## Genotipos y subtipos

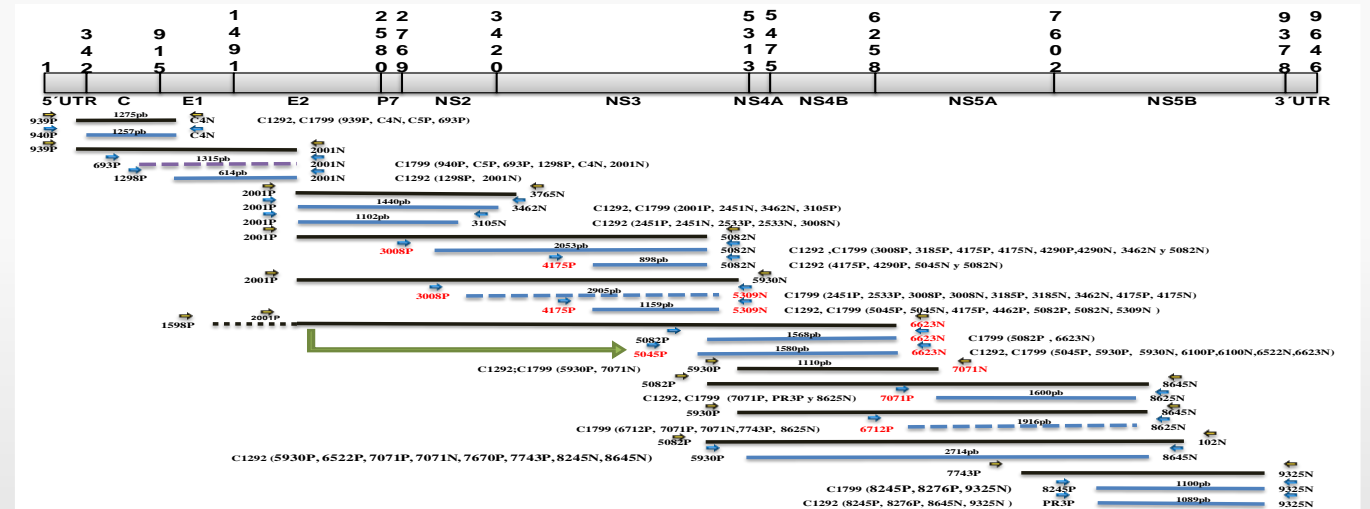


# Región NS5B

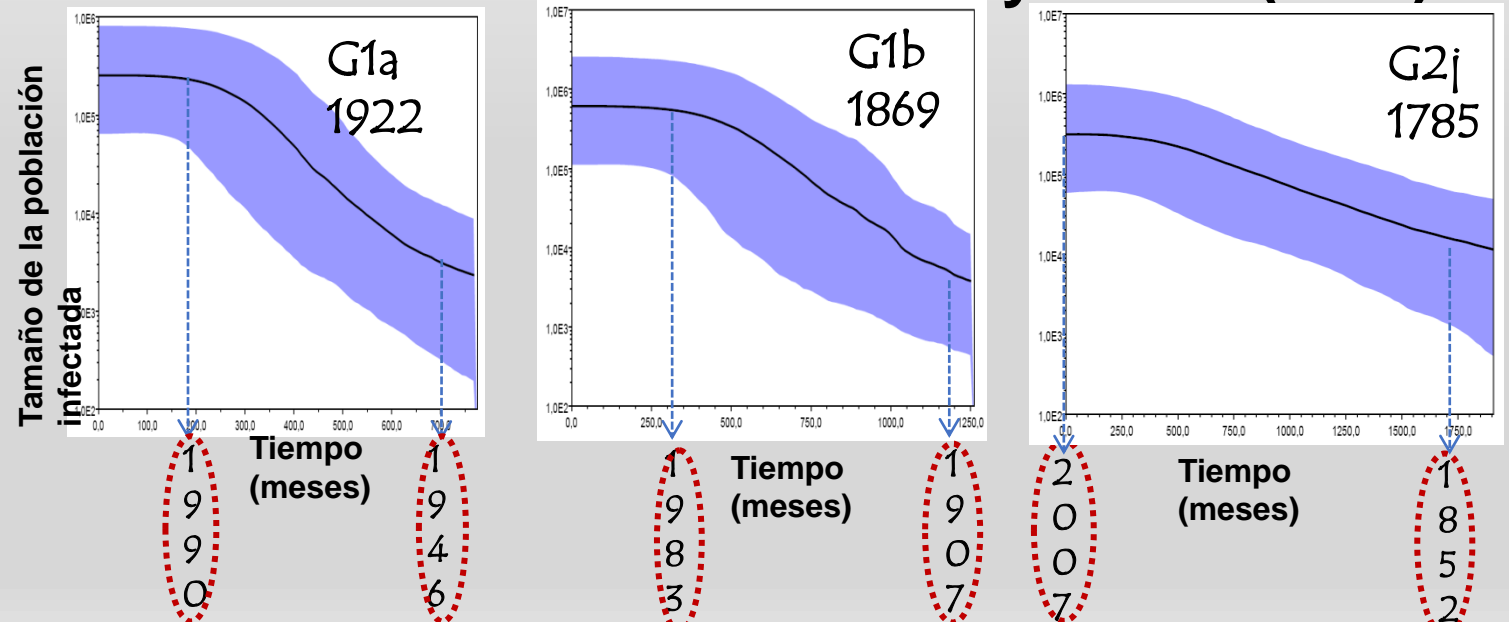
**Figura 30. Árbol filogenético de 110/322 aislados del VHC (genotipo 2, 300pb. Secuencias de referencias parciales)**



## Obtención de genoma completo de dos muestras (C1292 y C1799) del genotipo 2j del VHC



## Análisis de Skyline Plot Bayesiano (BSP)



# Laboratorio de Virología Molecular IVIC en colaboración con:



iSeq 100



Vigilancia genómica del  
SARS-CoV-2  
Estrategia combinada  
Sanger/NGS  
›10000 sec/ ›1000 sec

Mpox  
3 Genomas completos

Influenza H5N1  
18 Genomas completos



**LA SECUENCIACION MASIVA O NGS PARA LA GENERACIÓN DE GENOMA COMPLETOS DEL VIRUS DE LA HEPATITIS C, PERMITIRÍA IDENTIFICAR, MONITOREAR Y DETERMINAR EL GRADO DE DISPERSION DE LAS VARIANTES VIRALES EN NUEVOS BROTES DE INFECCIÓN POR EL VIRUS DE LA HEPATITIS C EN UNIDADES DE HEMODIÁLISIS, Y ASI PODER ANALIZAR REDES DE TRANSMISIÓN EN ESTAS PERSONAS EN RIESGO DE CONTAGIO**