

Título	Análisis evolutivo de las secuencias del genoma viral para establecer los determinantes de la transmisión del virus Zika en Colombia
Estado	En ejecución
Investigadores	INS: Marcela M. Mercado-Reyes, Maritza A. González-Duarte, Katherine Laiton-Donato, Dioselina Peláez-Carvajal, Mauricio Beltrán, Franklyn Prieto. Fred Hutchinson Cancer Research Center: Trevor Bedford, Ira M. Longini, Diana P. Rojas, Allison Black, Elizabeth Halloran.
Resumen	Colombia fue el segundo país más afectado durante la epidemia del virus del Zika (ZIKV) de las Américas, con más de 109,000 casos reportados. A pesar de la magnitud del brote, los datos de secuencias genómicas de cepas Colombianas son escasos. En este proyecto se secuenciaron genomas de ZIKV directamente de muestras clínicas y de <i>Aedes aegypti</i> infectados para cubrir la amplitud temporal y geográfica del brote colombiano. Se realizaron análisis filogeográficos de estos genomas, junto con otros genomas de ZIKV de las Américas disponibles públicamente, para estimar la frecuencia y el momento de las introducciones de ZIKV a Colombia.
Objetivo General	Realizar un análisis filogenético y filogeográfico completo del brote de ZIKV en Colombia
Financiación	Instituto Nacional de Salud – Dirección de Investigación e Innovación, Fred Hutchinson Cancer Research Center – University of Washington