

BOLETÍN DE PRENSA

Colombia es tercero en Suramérica en estudios genómicos sobre SARS-CoV2 con 155 secuencias realizadas

El Instituto Nacional de Salud anunció que continúan los estudios genómicos del virus en el país, que junto con los estudios epidemiológicos permitirán precisar, entre otras utilidades, la dinámica de introducción del virus al país.

Bogotá, junio 3 de 2020. El Instituto Nacional de Salud confirmó que investigadores de la Unidad de Secuenciación y genómica del INS en la última semana realizaron 24 secuencias adicionales del virus SARS-CoV2 en el país, completando así 155 en total, 131 de las cuales ya se encuentran publicadas en la base de datos GISAID.

Según los datos reportados, Suramérica ha realizado en total 746 secuencias y Colombia es el tercer país con más estudios realizados (155 hechos por el INS y por universidades y centros de investigación asociados).

Los estudios genómicos permiten determinar cadenas de transmisión, determinar la variabilidad genética y evolución viral para la comprensión de la enfermedad y el diseño de test diagnósticos y vacunas e identificar dinámicas de introducciones y dispersión viral.

En lo concerniente a entender la dinámica de introducción del virus, es decir las fechas probables de ingreso al país, entendiéndose que en esta, como en todas las enfermedades emergentes, ocurren numerosas importaciones, el 28 de marzo pasado, investigadores del Instituto Nacional de Salud (INS), en asocio con expertos del Instituto Von Humboldt, de la Universidad Cooperativa de Colombia, del Imperial College London, del London School of Medicine and Tropical Hygiene, entre otros, informaron, que el primer ejercicio de secuenciación del virus hecho en Colombia junto con el correspondiente análisis epidemiológico arrojó, que la introducción al país había ocurrido en el mes de febrero y tenía como origen una segunda cadena de transmisión proveniente de España.

Datos que se obtuvieron 20 días de haberse confirmado el primer caso de Covid-19 en Colombia, y luego de completar un estudio filogenético y epidemiológico requerido para sacar conclusiones como esta.

Según la Directora del INS, Martha Lucía Ospina, “no es suficiente con hacer una secuenciación para aventurarse a decir una fecha de introducción, la fecha reportada por la base de datos internacional lo que indica es que la persona se contagió en ese lugar de origen con un virus con esa fecha, pero es necesario además, con la correspondiente investigación epidemiológica, identificar en qué fecha llegó esa persona a Colombia portando ese virus o si es un caso derivado de una importación, ese es el estudio completo necesario”

“Los estudios genómicos funcionan como una especie de dial de radio, en el que hay que sintonizar y desintonizar, haciendo numerosas secuenciaciones que arrojan diferentes fechas y lugares de origen, información que permite ajustar los modelos matemáticos”.

En un virus de las características del SARS-Cov2, es posible a través de múltiples estudios genómicos, identificar más de cien importaciones y distintas procedencias del virus “en este momento, hemos secuenciado ya virus

BOLETÍN DE PRENSA

provenientes de Estados Unidos, China, Italia, además de España y hemos identificado más de 10 introducciones distintas”, agregó la Directora del INS. Juan David Ramírez, director del Laboratorio de Microbiología de la Universidad del Rosario, se refirió a los recientes resultados publicados por la Universidad del Rosario en colaboración con el INS: “Obtuvimos 88 secuencias adicionales que mostraron la circulación de 11 linajes distintos en Colombia y permitieron observar al menos ocho posibles introducciones durante la dispersión de SARS-CoV-2 en el país, que concuerdan con lo previamente reportado por el Instituto Nacional de Salud, en donde se confirmó que el virus ingresó al país en el mes de febrero”.

Estas últimas secuencias reportadas por la Universidad del Rosario y que corresponde a un genoma viral del pasado 17 de febrero, podría señalar ésta como la fecha más temprana probable de ingreso del virus al país, sin embargo solo se podrá afirmar esto con el respectivo estudio epidemiológico y los resultados de las nuevas secuencias genómicas que sean investigadas.

Gracias a la colaboración interinstitucional en la cual participan diversas universidades y centros de investigación, el país seguirá obteniendo datos relevantes sobre la pandemia. Tanto el Instituto Nacional de Salud (INS) como la Universidad del Rosario continuarán obteniendo secuencias genómicas del virus que permitan ajustar los análisis y tomar de manera oportuna nuevas medidas para hacerle frente a la pandemia.