

Fecha: 09/07/2021

Fuente: Diario Estrategia

Título: Científico UDLA integra proyecto que investiga la distribución de variantes del Covid-19 en Chile

Visitas: 11.637

VPE: 38.984

Favorabilidad:  NeutraLink: <http://www.diarioestrategia.cl/texto-diario/mostrar/3043484/cientifico-udla-integra-proyecto-investiga-distribucion-variantes-covid-19-chile>

“Científico UDLA integra proyecto que investiga la distribución de variantes del Covid-19 en Chile La iniciativa, denominada Consorcio Genomas CoV-2, reúne a equipos de investigación de diversos centros de excelencia y universidades del país con conocimiento en genómica, bioinformática, virología y epidemiología.

El organismo, respuesta de la comunidad académica y de salud a la pandemia, tiene como objetivo crear un repositorio nacional de muestras de material genético del virus SARS-CoV-2 (causante del coronavirus), y una plataforma informática que procese, recopile y almacene las secuencias de los genomas del virus en Chile.

“Esta herramienta nos permite identificar si cada genoma del virus secuenciado en Chile corresponde a una variante nueva o a una ya conocida en el mundo; permitiéndonos saber si proviene de Asia, Estados Unidos, Brasil, u otra parte del mundo”, asegura investigador de la **Universidad de Las Américas**. Agrega, que con ella además se pone a disposición de la comunidad científica y la sociedad, los análisis filogenómicos (de parentesco por secuencias) derivados de las secuencias obtenidas. Sobre el funcionamiento de la plataforma online (<https://auspice.cov2.cl/ncov/chile-global>), Travisany explica que esta permite acceder a datos muy importantes sobre los genomas chilenos del virus, filtrando por localidad, linaje o fecha de muestra. Esta información es relevante para comprender la distribución de las variantes a nivel local.

“Uno de los resultados obtenidos a partir de las 3 mil 500 secuencias genómicas procesadas al día de hoy, nos indica que la variante predominante en Chile es la Gamma (Brasil), seguida de Alpha (Reino Unido) y de C. 37, identificada por primera vez en Perú y la parte andina de Latinoamérica”, agrega.

Sobre el ingreso de nuevas variantes, el investigador explicó que “la plataforma se actualiza todos los viernes, por lo que las estadísticas van a ir cambiando, sobre todo con el ingreso de la nueva variante Delta a nuestro país.

En un futuro cercano, si se fortalece el plan de vigilancia genómica, como lo ha dicho el ministro Enrique Paris, podríamos estar actualizando la página incluso diariamente”. Relevancia de los datos de cara al control de la pandemia Respecto a la toma de muestras de nuevas variantes, el académico explica que el ISP ha secuenciado más del 80% de los genomas y hay muchas universidades que cuentan con laboratorios que complementan la vigilancia.

Así, a través de los PCR se obtienen datos como sexo, edad, fecha y lugar donde se tomó la muestra o si fue contacto de una persona que estuvo afuera del país, permitiendo secuenciar el ARN del virus y compararlo con la primera secuencia genómica reportada en Wuhan, China. “Además de esto, comparamos nuestra información con una base de datos de más de 2 millones de secuencias disponibles a nivel mundial. Ahí vemos las diferencias que existen o los cambios de una secuencia u otra. De esa manera podemos identificar todas las variaciones que ha tenido respecto a la original, y si otras bases de datos ya identificaron determinada variante”, agrega Travisany. Sobre la importancia de conocer la secuencia genómica de las distintas variantes, el investigador afirma que es tan relevante como las vacunas.

“Nos permite mantener una vigilancia constante sobre las variantes que circulan en Chile y conocer la evolución del virus a medida que se transmite; saber si algunas variantes del virus que hayan sufrido mutaciones genéticas cambian las características o el comportamiento de este y, también, identificar si es posible que algunas variaciones en la secuencia del RNA viral afecten la capacidad de detectar su presencia por medio de PCR o test de anticuerpos. Travisany explica que este trabajo ha sido puesto a disposición de las autoridades de salud.

Científico UDLA integra proyecto que investiga la distribución de variantes del Covid-19 en Chile

Viernes, 09 de julio de 2021, Fuente: Diario Estrategia



“Científico UDLA integra proyecto que investiga la distribución de variantes del Covid-19 en Chile La iniciativa, denominada Consorcio Genomas CoV-2, reúne a equipos de investigación de diversos centros de excelencia y universidades del país con conocimiento en genómica, bioinformática, virología y epidemiología. El organismo, respuesta de la comunidad académica y de salud a la pandemia, tiene como objetivo crear un repositorio nacional de muestras de material genético del virus SARS-CoV-2 (causante del coronavirus), y una plataforma informática que procese, recopile y almacene las secuencias de los genomas del virus en Chile. Esta herramienta nos permite identificar si cada genoma del virus secuenciado en Chile corresponde a una variante nueva o a una ya conocida en el mundo; permitiéndonos saber si proviene de Asia, Estados Unidos, Brasil, u otra parte del mundo”, asegura investigador de la Universidad de Las Américas. Agrega, que con ella además se pone a disposición de la comunidad científica y la sociedad, los análisis filogenómicos (de parentesco por secuencias) derivados de las secuencias obtenidas. Sobre el funcionamiento de la plataforma online (<https://auspice.cov2.cl/ncov/chile-global>), Travisany explica que esta permite acceder a datos muy importantes sobre los genomas chilenos del virus, filtrando por localidad, linaje o fecha de muestra. Esta información es relevante para comprender la distribución de las variantes a nivel local. “Uno de los resultados obtenidos a partir de las 3 mil 500 secuencias genómicas procesadas al día de hoy, nos indica que la variante predominante en Chile es la Gamma (Brasil), seguida de Alpha (Reino Unido) y de C. 37, identificada por primera vez en Perú y la parte andina de Latinoamérica”, agrega. Sobre el ingreso de nuevas variantes, el investigador explicó que “la plataforma se actualiza todos los viernes, por lo que las estadísticas van a ir cambiando, sobre todo con el ingreso de la nueva variante Delta a nuestro país. En un futuro cercano, si se fortalece el plan de vigilancia genómica, como lo ha dicho el ministro Enrique Paris, podríamos estar actualizando la página incluso diariamente”. Relevancia de los datos de cara al control de la pandemia Respecto a la toma de muestras de nuevas variantes, el académico explica que el ISP ha secuenciado más del 80% de los genomas y hay muchas universidades que cuentan con laboratorios que complementan la vigilancia. Así, a través de los PCR se obtienen datos como sexo, edad, fecha y lugar donde se tomó la muestra o si fue contacto de una persona que estuvo afuera del país, permitiendo secuenciar el ARN del virus y compararlo con la primera secuencia genómica reportada en Wuhan, China. “Además de esto, comparamos nuestra información con una base de datos de más de 2 millones de secuencias disponibles a nivel mundial. Ahí vemos las diferencias que existen o los cambios de una secuencia u otra. De esa manera podemos identificar todas las variaciones que ha tenido respecto a la original, y si otras bases de datos ya identificaron determinada variante”, agrega Travisany. Sobre la importancia de conocer la secuencia genómica de las distintas variantes, el investigador afirma que es tan relevante como las vacunas. “Nos permite mantener una vigilancia constante sobre las variantes que circulan en Chile y conocer la evolución del virus a medida que se transmite; saber si algunas variantes del virus que hayan sufrido mutaciones genéticas cambian las características o el comportamiento de este y, también, identificar si es posible que algunas variaciones en la secuencia del RNA viral afecten la capacidad de detectar su presencia por medio de PCR o test de anticuerpos. Travisany explica que este trabajo ha sido puesto a disposición de las autoridades de salud.