

Fecha: 14-05-2021

Fuente: usach

Título: Especialista destaca importancia de identificar nuevas variantes del Sars-Cov-2 en webinar Campus Seguro

Visitas: 7.570

Favorabilidad: No Definida

Link: https://www.usach.cl/news/especialista-destaca-importancia-identificar-nuevas-variantes-del-sars-cov-2-webinar-campus

La vicerrectora de Investigación, Desarrollo e Innovación, Dra. María José Galotto, dio inicio a la actividad destacando el trabajo que la Universidad de Santiago ha desarrollado desde el comienzo de la pandemia colaborando con el Ministerio de Salud y con el Ministerio de Ciencias. "Muestra de ello es el trabajo de dos laboratorios que han apoyado el diagnóstico del Sars-Cov-2 a través de la técnica PCR", destacó.

Este miércoles 12 de mayo se realizó una cuarta jornada de webinar, organizado por el Comité Campus Seguro, equipo multidisciplinario de nuestra Universidad que vela por la mantención del Campus y la salud de la comunidad universitaria. En esta ocasión el tema se centró en "Variantes genéticas del COVID-19, ¿qué son y cómo nos afectan?", y contó con la participación especial del Dr. Ricardo Soto Rifo, especialista en genómica y profesor de la Universidad de Chile, que a su vez se formó en nuestro Plantel como egresado de Bioquímica. La vicerrectora de Investigación, Desarrollo e Innovación, Dra.

María José Galotto, dio inicio a la actividad destacando el trabajo que la Universidad de Santiago ha desarrollado desde el comienzo de la pandemia colaborando con el Ministerio de Salud y con el Ministerio de Ciencias. "Muestra de ello es el trabajo de dos laboratorios que han apoyado el diagnóstico del Sars-Cov-2 a través de la técnica PCR", destacó.

Por otro lado, anunció la participación de la Usach en la creación de una red nacional de laboratorios, en conjunto con el Minsal, el Ministerio de Ciencias y otras universidades, que "tendrá por objetivo hacer seguimiento de nuevas variantes del virus, que están circulando en Chile, para no solo identificar, sino prevenir. Esta labor, actualmente se hace, pero la capacidad del país es pequeña. Por eso, esta nueva red va a aumentar las capacidades y la Universidad de Santiago participará en ello", relató. Tras ello, se dio inicio a la exposición del Dr.

Ricardo Soto Rifo, bioquímico de nuestra Universidad y académico del Instituto de Ciencias Biomédicas, ICBM, de la Facultad de Medicina de la Universidad de Chile, quien comentó que ya a inicios de la pandemia se encontraron cambios genéticos en el Sars-Cov-2, cuando se analizaba la secuencia genética del virus, cuestión que dio indicios previos acerca de su comportamiento. Cuando el agente patógeno, responsable de la enfermedad de COVID-19, entra a la célula y comienza a hacer copias de su material genético, pueden ocurrir ciertos errores. "Los coronavirus, a diferencia de otros virus como el de la influenza, por ejemplo, tienen la capacidad de corregir los errores, sin embargo, esta (capacidad) no es perfecta", advirtió el experto.

Los errores que no son corregidos se traducen en mutaciones, y se van acumulando y generando nuevas variantes o linajes (término más apropiado para abordar este tema). Agregó que, "se trata de un agente patógeno con una tasa de mutación menor a la de otros virus que ya conocemos, como el VIH por ejemplo". Vigilancia genómica La vigilancia genómica es el monitoreo a los cambios genéticos que realizan laboratorios especializados, cada cierto número de pruebas, al trabajar con un virus que circula entre la población. Se trata de realizar un secuenciamiento completo, un análisis genómico en este caso del Sars-Cov2 para detectar sus mutaciones y comunicar las nuevas variantes.

Hay países como Estados Unidos, donde existe una alta tasa de circulación del virus y alta tasa de secuencias obtenidas (vigilancia genómica). India o Brasil, en cambio, tienen alta tasa de circulación, pero baja de secuenciación. Según el bioquímico esto "dificulta la vigilancia genómica, por ende, no se está monitoreando variantes que puedan ser de preocupación". Las variantes genómicas, reciben su nombre por el lugar donde fueron identificadas. Ellas se clasifican en variantes de investigación, variantes de interés y variantes de preocupación. Las primeras se dan, por ejemplo, cuando la mutación conduce a cambios de aminoácidos, por ejemplo, en la proteína spike del Sars-cov-2, como causante de la transmisión comunitaria.

"Esto podría pasar a variante de preocupación si se asocia con el aumento de transmisibilidad, o cambio en epidemiología, o cambio en la virulencia, o cambios en la manifestación clínica de la enfermedad, o con cambios en la efectividad de las medidas sociales, diagnósticos, vacuna o terapia", explicó el especialista. Prevalencia de linajes y la cepa andina Hoy nos encontramos con un escenario donde existen 4 variantes importantes a nivel mundial: la del Reino Unido, brasileña, la sudafricana y la de India. En Chile, en tanto, hay un porcentaje importante de un nuevo linaje, identificado como C37 o, también llamada, cepa andina (Perú y Chile). El Dr. Soto señaló que "esto refleja secuencias depositadas en bases de datos chilenas.

Esta variante circula en nuestro territorio, más que la variante británica". El especialista también aclaró que, la variante C37 ha sido identificada en varios países, pero "del total de secuencias disponibles, que a nivel mundial son más de un millón, Chile ha aportado el 27% de las secuencias de C37". Esta "contribución" fue descubierta por un grupo de científicos del Perú, que alertaron sobre la circulación de un sublinaje de la variante B. 1.1 .1, que pasó a ser el C37" y esta sería lo que se ha llamado la variante Andina o de Chile o de Perú, y que está circulando de manera similar a la variante B1 de Brasil. Sobre las posibilidades de hacer un seguimiento más extensivo a nivel nacional, el Dr.

Especialista destaca importancia de identificar nuevas variantes del Sars-Cov-2 en webinar Campus Seguro

miércoles, 12 de mayo de 2021, Fuente: usach



Los miembros de Investigación, Desarrollo e Innovación, Dra. María José Galotto, dio inicio a la actividad destacando el trabajo que la Universidad de Santiago ha desarrollado desde el comienzo de la pandemia colaborando con el Ministerio de Salud y con el Ministerio de Ciencias. "Muestra de ello es el trabajo de dos laboratorios que han apoyado el diagnóstico del Sars-Cov-2 a través de la técnica PCR", destacó. Este miércoles 12 de mayo se realizó una cuarta jornada de webinar, organizado por el Comité Campus Seguro, equipo multidisciplinario de nuestra Universidad que vela por la mantención del Campus y la salud de la comunidad universitaria. En esta ocasión el tema se centró en "Variantes genéticas del COVID-19, ¿qué son y cómo nos afectan?", y contó con la participación especial del Dr. Ricardo Soto Rifo, especialista en genómica y profesor de la Universidad de Chile, que a su vez se formó en nuestro Plantel como egresado de Bioquímica. La vicerrectora de Investigación, Desarrollo e Innovación, Dra. María José Galotto, dio inicio a la actividad destacando el trabajo que la Universidad de Santiago ha desarrollado desde el comienzo de la pandemia colaborando con el Ministerio de Salud y con el Ministerio de Ciencias. "Muestra de ello es el trabajo de dos laboratorios que han apoyado el diagnóstico del Sars-Cov-2 a través de la técnica PCR", destacó. Por otra parte, anunció la participación de la Usach en la creación de una red nacional de laboratorios, en conjunto con el Minsal, el Ministerio de Ciencias y otras universidades, que "tendrá por objetivo hacer seguimiento de nuevas variantes del virus, que están circulando en Chile, para no solo identificar, sino prevenir. Esta labor, actualmente se hace, pero la capacidad del país es pequeña. Por eso, esta nueva red va a aumentar las capacidades y la Universidad de Santiago participará en ello", relató. Tras ello, se dio inicio a la exposición del Dr. Ricardo Soto Rifo, bioquímico de nuestra Universidad y académico del Instituto de Ciencias Biomédicas, ICBM, de la Facultad de Medicina de la Universidad de Chile, quien comentó que ya a inicios de la pandemia se encontraron cambios genéticos en el Sars-Cov-2, cuando se analizaba la secuencia genética del virus, cuestión que dio indicios previos acerca de su comportamiento. Cuando el agente patógeno, responsable de la enfermedad de COVID-19, entra a la célula y comienza a hacer copias de su material genético, pueden ocurrir ciertos errores. "Los coronavirus, a diferencia de otros virus como el de la influenza, por ejemplo, tienen la capacidad de corregir los errores, sin embargo, esta (capacidad) no es perfecta", advirtió el experto. Los errores que no son corregidos se traducen en mutaciones, y se van acumulando y generando nuevas variantes o linajes (término más apropiado para abordar este tema). Agregó que, "se trata de un agente patógeno con una tasa de mutación menor a la de otros virus que ya conocemos, como el VIH por ejemplo". Vigilancia genómica La vigilancia genómica es el monitoreo a los cambios genéticos que realizan laboratorios especializados, cada cierto número de pruebas, al trabajar con un virus que circula entre la población. Se trata de realizar un secuenciamiento completo, un análisis genómico en este caso del Sars-Cov2 para detectar sus mutaciones y comunicar las nuevas variantes.

Soto señaló que además de lo que hace el ISP, científicos de diversas universidades a lo largo del país han agrupado sus capacidades para secuenciar genomas del virus, hacer análisis bioinformáticos y revisar datos desde distintos puntos de vista, y que a la fecha, ese Consorcio ha contribuido con la identificación de 500 secuencias en lo que va de la pandemia.

Impacto de las variantes en la efectividad de las vacunas Las vacunas para combatir COVID-19 fueron fabricadas con el genoma y primera secuencia obtenidas del virus, como referencia, cuando existía solo la cepa original denominada Linaje A o Linaje de Wuhan.

Si se entrena el sistema inmune con el linaje original, para que la proteína spike, que tienen ciertas características propias, sea neutralizada por los anticuerpos desarrollados por la vacuna, se logra un porcentaje de efectividad para evitar el contagio y las vacunas desarrolladas con base a esa secuencia son efectivas.

Sin embargo, el experto advirtió que si las mutaciones logran modificar características del linaje original del virus “tendré anticuerpos para combatir a ese linaje en específico, pero como me enfrento a un virus que tiene variaciones, necesitare un anticuerpo específico para combatir dichas variaciones”. Las variantes reducen la eficacia de los anticuerpos creados por las vacunas, he ahí la relevancia del proceso por identificarlas oportunamente. El Dr. Ricardo Soto concluyó la actividad destacando que “ninguna vacuna previene infección ni transmisión del virus, se deben evitar aglomeraciones, hay que lavarse las manos y mantener distancia social.

La vacuna no es suficiente para contener al virus”. La grabación de este webinar está disponible en el canal YouTube de la Universidad de Santiago, al igual que los seminarios anteriores: Autor: Ignacio Vallejos Tags: Variantes COVID-19