El Instituto Malbrán identificó la circulación de tres cepas diferentes del Covid-19 en Argentina

8 abril, 2020

La secuenciación exitosa del genoma completo SArs Cov-2, obtenido por científicos y técnicos del Instituto ANLIS-Malbrán, logró "identificar tres cepas distintas del virus que circula en Argentina, una de Asia, otra de Europa y otra de Estados Unidos".

El Instituto ANLIS-Malbrán identificó tres cepas diferentes del virus del Covid-19 que circula en la Argentina, una de Asia, otra de Europa y la restante de los Estados Unidos, al lograr la secuenciación exitosa del genoma completo del SArs Cov-2 , lo que permitirá acelerar el proceso de hallazgo de la vacuna y facilitar la producción de reactivos con los cuales identificar el virus, dijo a Télam Claudia Perandones, la directora científico técnica del organismo.

“Este hallazgo es muy importante, se logró identificar el genoma completo del virus y las tres cepas diferentes de tres pacientes distintos en la Argentina. Ya fue publicado en la Plataforma Mundial de la Ciencia para el coronavirus”, agregó Perndones a esta agencia.

El presidente Alberto Fernández estuvo hoy en el Instituo ANLIS-Malbrán y felicitó a los científicos por el hallazgo y escribió, luego, en su cuenta de la red social Twitter: “Ustedes están haciendo historia”.

Un equipo de 25 científicos lograron en solo seis días secuenciar en forma completa el virus SArs Cov-2 , causante del coronavirus, con lo que se facilitará la obtención de reactivos en la Argentina, a la vez que publicaron el hallazgo en la plataforma Globakl Initiative on Sharing Alkl Influenza Data (GISAID), entidad que lo aprobó en forma inmediata.

Perandones destacó que “este es un logró muy importante y fuimos los primeros del país en hallarlo. En seis días logramos la puesta a punto de la secuenciación del genoma y en 20 minutos fue aprobado por la la plataforma mundial en la que todos los países publican sus hallazgos y que contribuye a que se acelere el descubrimiento de la formula vacunal”.

Este hallazgo es muy importante, se logró identificar el genoma completo del virus y las tres cepas diferentes de tres pacientes distintos en la Argentina. Ya fue publicado en la Plataforma Mundial de la Ciencia para el coronavirus.

La científica explicó, además, que “seguimos analizando muestras en otros pacientes que nos lleguen, cuantas más muestras podamos analizar más sabremos del comportamiento del virus en nuestro país”, y aclaró que “de los tres pacientes que analizamos, pudimos identificar cepas diferentes, de Europa, Asia y Estados Unidos”.

Perandones destacó que “cuando tengamos más muestras vamos a poder sacar más conclusiones en relación a si existen

asociaciones entre distintos cambios en el genoma del virus y la gravedad del cuadro de los pacientes, la razón por la cual en algunos pacientes el virus ataca en forma más leve y en otros de manera más agresiva, y si esto se asocia a cambios en el genoma del virus".

Explicó también que "saber las cepas que circulan en los países es una información crítica porque se tiene que saber esto para hacer la fórmula vacunal", y agregó: "Cuando tengamos una mayor cantidad de muestras estudiadas podremos saber, además, ciertas características de los genomas que condicionan que en algunos individuos la contiagiosidad sea mucho mayor que en otros".

Perandones puntualizó que, "seguramente debe haber otros orígenes en el país, pero nosotros secuenciamos estos tres y nos pareció que era suficientemente relevante para incluirlo en la plataforma global".

"Con esto, el mundo sabe cuáles son las cepas que circulan en el país y en la región", apuntó Perandones, y agregó que también "estamos viendo los anticuerpos que son una respuesta del organismo a la presencia de ese genoma", explicó, y agregó que esto permite, también, saber "qué anticuerpos tiene el organismo ante determinadas cepas".

Este conocimiento también ayuda a obtener, en forma más rápida, los test diagnósticos, cuándo un reactivo es más eficiente que otro. La puesta a punto de la secuencia fue tan buena que es como evaluar cinco mil veces cada región del gen. Esa es la profundidad de lo que se pudo lograr", explicó.

La científica remarcó, además, que "seguiremos secuenciando más muestras a partir de los hisopos que nos lleguen, y así podremos saber el origen geográfico y las mutaciones que puedan condicionar los distintos comportamientos del virus", concluyó.

Fuente: Télam