

REVISTA
INFORMATIVA

ESTACIÓN

VIGILANCIA GENÓMICA



Revista en Línea

Edición N°04
Agosto 2024

Contenido:

Bolivia cuenta con una plataforma digital para informar sobre la situación actual del COVID-19.

INSPI LIP: Un pilar en la Salud Pública de Ecuador.

Panorama actual del SARS-CoV-2 en Perú: Análisis de la evolución y su impacto en la Salud Pública.



PANORAMA DE LA NUEVA VARIANTE KP.3 Y SU POSIBLE IMPACTO EN COLOMBIA



ORGANISMO ANDINO DE SALUD - CONVENIO HIPÓLITO UNANUE
PROYECTO "FORTALECIMIENTO DE LA TOMA DE DECISIONES EN EL CONTROL
DE LA PANDEMIA COVID-19 MEDIANTE LA VIGILANCIA GENÓMICA
EN BOLIVIA, COLOMBIA, ECUADOR Y PERÚ"





LA REGIÓN ANDINA Y EL VALOR DEL EQUIPO DE VIGILANCIA GENÓMICA

En un mundo donde la ciencia y la tecnología avanzan a pasos colosales, la vigilancia genómica se ha convertido en una herramienta clave para la salud pública. En la región andina, un territorio de rica biodiversidad y complejidad geográfica, esta tarea cobra una importancia crucial. Aquí, en el corazón de los Andes, existe un equipo multidisciplinario y dedicado, cuyo trabajo no solo es vital para nuestra región, sino que también tiene repercusiones globales. Este editorial está dedicado a destacar y celebrar a este equipo, un grupo de profesionales comprometidos con la misión de proteger la salud de nuestra población.

El equipo del proyecto “Fortalecimiento de la toma de decisiones en el control de la pandemia COVID-19 mediante la vigilancia genómica en los países de Bolivia, Colombia, Ecuador y Perú”, trabaja con científicos de diversas disciplinas: biólogos moleculares, bioinformáticos, epidemiólogos, médicos, comunicadores, especialistas en salud pública, entre otros profesionales de los Institutos Nacionales de Salud. Cada uno de estos profesionales aporta una perspectiva única y una experiencia invaluable. La colaboración interdisciplinaria e interregional es la clave de nuestro éxito; sin ella, no podríamos interpretar los complejos datos genómicos ni responder eficazmente a las amenazas emergentes en nuestros países andinos.

La vigilancia genómica no es solo un esfuerzo técnico; es, sobre todo, un compromiso con la salud y el bienestar de nuestras naciones, es por ello, que el equipo del proyecto trabaja con el objetivo de asegurar que los resultados de las investigaciones se traduzcan en políticas efectivas y acciones concretas. La comunicación efectiva con el público es igualmente crucial, y nuestro equipo se esfuerza por ser transparente y accesible, proporcionando información clara y precisa sobre los riesgos y las medidas preventivas de las enfermedades emergentes y reemergentes, a través de productos comunicacionales como la revista informativa “Estación Vigilancia Genómica”, el podcast “VIGEN: La Era de la Vigilancia Genómica” y otros.

El equipo del proyecto de vigilancia genómica de Bolivia, Colombia, Ecuador y Perú es un ejemplo de cómo la ciencia y la colaboración pueden unirse para enfrentar desafíos de salud pública. Con un enfoque en la innovación, el compromiso con la población y una visión para el futuro, seguimos adelante con la firme convicción de que “juntos somos más fuertes, juntos llegamos más lejos”. Celebramos y agradecemos a cada miembro de este equipo por su dedicación y esfuerzo incansable.

Dr. Walter Vigo Váldez
Coordinador General del Proyecto

**ORGANISMO ANDINO DE SALUD
CONVENIO HIPÓLITO UNANUE**

DRA. MARÍA DEL CARMEN CALLE
Secretaria Ejecutiva

DRA. MARISELA MALLQUI
Secretaria Adjunta

DR. LUIS BEINGOLEA
Coordinador de Vigilancia
Epidemiológica

LIC. YANETH CLAVO
Responsable del Área de
Comunicaciones

**PROYECTO VIGILANCIA
GENÓMICA**

DR. WALTER VIGO
Coordinador General del Proyecto

LIC. ALONDRA TRIBEÑOS
Especialista Técnico del
Componente 1

LIC. MIRIAN FELIX
Especialista Técnico del
Componente 2

LIC. ROSA RIVERA
Especialista Técnico del
Componente 3

EQUIPO EDITORIAL

LIC. KAROLAY RAMOS
Bolivia

LIC. FABIO GÓMEZ
Colombia

LIC. ANGGIE GAONA
Ecuador

LIC. LIZBETH DE LA CRUZ
Perú

Bolivia cuenta con una plataforma digital para informar sobre la situación actual del COVID-19

El virus del COVID-19 continúa circulando en todo el mundo, por eso es clave tenerlo bajo constante vigilancia a fin de evaluar los posibles riesgos ante la aparición de nuevas variantes. Es aún más importante compartir la información que se genera en este proceso de seguimiento e investigación. Actualmente, la población boliviana tiene a su alcance esos datos que son publicados por el Instituto Nacional de Laboratorios de Salud (INLASA) en la plataforma de vigilancia genómica <https://vigilancia.inlasa.gob.bo>. En ese contexto, la directora general ejecutiva del INLASA, doctora Evelin Fortún, informó que esta página web ofrece información clara y precisa sobre la situación del SARS-CoV-2 dentro del territorio boliviano. Estos datos se obtienen a través de la vigilancia genómica que está basada en un sistema de recolección y selección de muestras en coordinación con la red de laboratorios de los nueve departamentos.

El dashboard, que es una herramienta de gestión de la información que muestra de manera visual indicadores y datos fundamentales, es actualizado mensualmente y presenta datos del COVID-19 a escala nacional y departamental, trabajo que se convierte en una importante estrategia de vigilancia de salud pública. Al respecto, la directora general del INLASA señaló que Bolivia fue habilitada “como laboratorio de referencia en vigilancia genómica del SARS-CoV-2 desde 2021, lo que ha permitido utilizar la ciencia como lenguaje común. Este dashboard favorece la visualización de la secuenciación del virus del COVID-19 y, además, permite presentar los cambios que han experimentado los datos a lo largo del tiempo para la toma de decisiones de las autoridades de salud en el país”.

Asimismo, Fortún recordó que durante la pandemia la vigilancia genómica ayudó a caracterizar las variantes, sobre todo aquellas calificadas como “preocupantes”. En ese sentido, explicó que el INLASA enfrenta nuevos desafíos para secuenciar otras patologías, como el dengue y la influenza, lo



que en un futuro próximo permitirá contar con información valiosa para controlar cualquier brote o amenaza epidemiológica.

Finalmente, la autoridad hizo hincapié en la importancia de seguir las recomendaciones emitidas por el Ministerio de Salud y Deportes respecto al uso del barbijo y el lavado de manos, sobre todo en esta época invernal, periodo en el que se incrementa la tasa de transmisión de enfermedades respiratorias, que pusiera en riesgo la salud de la población.

Fuente: Archivo del INS Colombia



Panorama de la nueva variante KP.3 y su posible impacto en Colombia

A principios de mayo, la Organización Mundial de la Salud (OMS) actualizó la información sobre las nuevas variantes del SARS-CoV-2, recomendando un estricto monitoreo para las variantes JN.1.7, KP.2, KP.3 y JN.1.18, todos linajes de Ómicron y descendientes de la variante JN.1. Este conjunto de variantes se conoce como FLiRT, un acrónimo derivado de las letras designadas para las mutaciones en la proteína espiga (spike) del virus SARS-CoV-2.

La actualización ha suscitado varias preguntas: ¿Qué se debe saber sobre estas nuevas variantes? ¿Siguen siendo efectivas las vacunas actuales? ¿Cómo están circulando las nuevas variantes a nivel mundial, especialmente en Sudamérica? Para responder estas interrogantes se consultó a expertos del Grupo Genómica de Microorganismos Emergentes del Instituto Nacional de Salud de Colombia, quienes lideran el análisis genómico de las muestras en el programa de caracterización genómica del SARS-CoV-2. Entre ellos se encuentran los bioinformáticos Paola Rojas y Héctor Ruiz, y el virólogo Diego Álvarez.

Respecto a la aparición de nuevas variantes, la bioinformática Paola Rojas explicó que “al igual que otros virus respiratorios de fácil transmisión, el SARS-CoV-2 presenta cambios que le pueden permitir evadir el sistema inmunológico de quienes han sido vacunados o han tenido infecciones previas”. Esto significa que nuevas mutaciones aparecen dando origen a nuevas variantes.

Por su parte, el virólogo Diego Álvarez señaló que “los virus con genomas de RNA, como lo es el SARS-CoV-2, son más inestables genéticamente y tienden a acumular mutaciones en su genoma a una tasa mayor que los virus con genomas de DNA”.

A su turno, el especialista Héctor Ruiz informó que “la aparición de la variante JN.1 en el segundo semestre de 2023 causó el reemplazo de las variantes previamente dominantes descendientes del linaje XBB. La variante JN.1, con la sustitución en la proteína de la espícula (spike) L455S, tuvo mayor adaptabilidad que el linaje XBB. Desde su introducción en 2023, esta variante se ha diversificado, lo que ha llevado a la aparición de nuevos sublinajes”. Es así como distintos linajes

descendientes de JN.1 han ganado mutaciones puntuales y han convergido en combinaciones que les dan una ventaja sobre los linajes circulantes.

Alertas ante la propagación de KP.3

Actualmente, la variante KP.3 se está propagando en epidemias por todo el mundo. Por ejemplo, los Centros para el Control y la Prevención de Enfermedades de Estados Unidos (CDC, por sus siglas en inglés) informaron a mediados de junio que están monitoreando la nueva variante KP.3 del SARS-CoV-2, ya que los datos obtenidos hasta esa fecha mostraban su prevalencia en todo el territorio estadounidense. Asimismo, la bioinformática Paola Rojas acotó que este descendiente de Ómicron es la variante de mayor circulación en Europa y en otras zonas de Norteamérica.

La variante KP.3 es más infecciosa que las cepas anteriores y posee la capacidad de evadir los anticuerpos generados por infecciones previas y vacunas; se trata de una cepa con características similares a la JN.1 pues ha evolucionado a partir de esta, razón por la que los síntomas asociados con KP.3 son idénticos a los de JN.1.

La aparición dominante de la variante KP.3 dio lugar a una reunión del panel de expertos de la Administración de Alimentos y Medicamentos (FDA, por sus siglas en inglés) de EEUU para discutir sobre las actualizaciones de una vacuna COVID-19. A ese respecto, los expertos en salud de los fabricantes de vacunas Pfizer, Moderna y Novavax dijeron a ese panel que estaban preparados para que las vacunas dirigidas a JN.1 estén disponibles en agosto de este año, antes del periodo invernal en el hemisferio norte.

Con referencia a la efectividad de las vacunas, Paola Rojas indicó que “la actividad cambiante a nivel inmunológico del virus hace que sea necesaria la actualización de las vacunas”. Por tanto, el continuo estudio del coronavirus por parte de los científicos es crucial, dada su notable capacidad de mutación. La actualización de las vacunas es esencial para mantener su eficacia contra nuevas variantes.

Considerando lo anterior, también se sugiere a la población estar atenta a las actualizaciones de vacunas contra el virus SARS-CoV-2, ya que la vacunación previene la enfermedad grave y reduce la probabilidad de secuelas a largo plazo. Además, continúa vigente la recomendación de seguir las



Grupo Genómica de Microorganismos Emergentes del INS-Colombia

prácticas de higiene, como el lavado de manos frecuente y el uso de barbijos o cubrebocas en caso de síntomas respiratorios.

En cuanto a la situación en Sudamérica, el Grupo Genómica de Microorganismos Emergentes del INS Colombia informó que “a escala mundial aún predomina la variante JN.1 con el 47,1% de las muestras. Sin embargo, sus linajes descendientes muestran una prevalencia creciente. En Sudamérica, durante el mes de junio, se reportó la aparición de KP.2 en Brasil, Ecuador y Colombia. Los primeros reportes indican que los pacientes están estables y sin complicaciones patológicas”.

En relación con lo anteriormente señalado, Giovanni Rubiano García, director del Instituto Nacional de Salud (INS-Colombia), dijo que “la variabilidad del virus hace que encuentre espacio para evolucionar y adaptarse a los retos impuestos por la inmunidad adquirida por vacunas e infecciones previas. Por esta razón, la actualización de las vacunas con variantes virales nuevas resulta importante para Colombia y el mundo entero. El comportamiento del virus ha mostrado generar varios picos en un año, con variantes novedosas que superan y desplazan a las anteriores. La vigilancia genómica nos permite rastrear estas mutaciones, su dispersión y evolución para fortalecer la toma de decisiones en salud pública”.

En tal sentido, la vigilancia genética y genómica del SARS-CoV-2 sigue siendo vital a nivel mundial. Es crucial apoyar estos esfuerzos, así como los estudios sobre vacunas, para enfrentar los desafíos de la adaptación del virus y mantener la salud pública bajo control.

INSPI LIP: Un pilar en la Salud Pública de Ecuador

La vigilancia genómica en Ecuador se implementó oficialmente en mayo de 2021 bajo el nombre de Vigilancia Genómica Sistemática y Rutinaria. En medio de la pandemia por la COVID-19, el Centro de Referencia Nacional de Influenza y otros Virus Respiratorios del Instituto Nacional de Investigación en Salud Pública “Leopoldo Izquieta Pérez” (INSPI LIP) fue la entidad encargada de llevar a cabo este trabajo de monitoreo de la dinámica del virus SARS-CoV-2, en colaboración con el Ministerio de Salud Pública y la Red Pública Integral de Salud.

El trabajo del Centro de Referencia Nacional ha sido reconocido por diversas instituciones a escala nacional e internacional; por ello, es oportuno resaltar la labor que ha permitido a Ecuador estar mejor preparado para enfrentar desafíos sanitarios y proteger la salud de su población. En este contexto también sobresale el esfuerzo del Centro de Referencia Nacional de Genómica, Secuenciación y Bioinformática (CRN-GENSBIO) del INSPI LIP, que trabaja como laboratorio especializado y de referencia para la secuenciación y análisis bioinformáticos en aporte a la vigilancia genómica de distintos agentes infecciosos.

El sistema de vigilancia genómica en Ecuador ha sido crucial para integrar y consolidar datos genómicos provenientes de laboratorios públicos, privados y académicos, con o sin capacidad de secuenciación a nivel nacional. La selección de muestras del SARS-CoV-2 se basa en una estrategia de muestreo por conveniencia o aleatorio de diagnóstico residual y toma en cuenta factores como grupos de edad, ubicaciones geográficas, severidad del virus y otras consideraciones epidemiológicas.

Actualmente, la vigilancia genómica está cobrando notoriedad porque ha permitido identificar y rastrear variantes de patógenos emergentes y reemergentes, lo cual es vital para la detección temprana de brotes, la implementación de medidas

de control efectivas y la toma de decisiones informadas en salud pública.

Por ejemplo, a inicios del mes de julio, el Ministerio de Salud Pública (MSP) de Ecuador reportó que el Centro de Referencia Nacional de Genómica, Secuenciación y Bioinformática del INSPI LIP había identificado los primeros dos casos de la subvariante KP.2 del nuevo coronavirus. Con ese anuncio, el MSP también daba a conocer que mantendría activa la vigilancia epidemiológica comunitaria para garantizar una respuesta oportuna de contención de esa nueva variante.

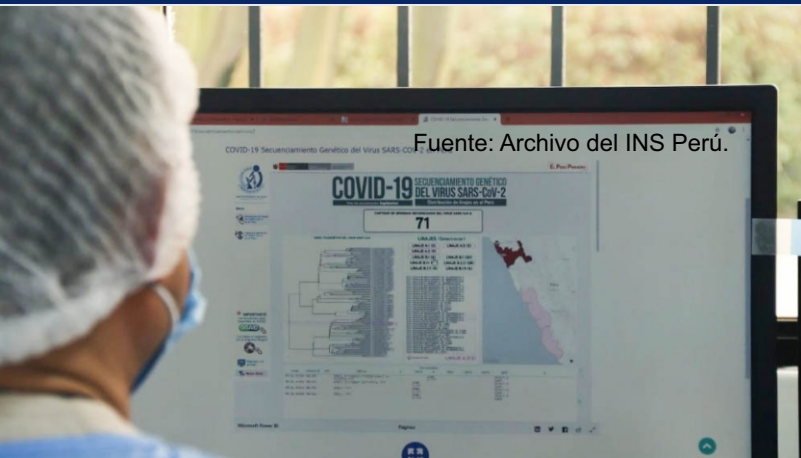
El INSPI LIP reafirma su compromiso con la protección de la salud pública en el país y la contribución a la salud pública global. La dedicación del INSPI LIP a la investigación, la vigilancia y la respuesta a las enfermedades infecciosas es fundamental para construir un futuro más seguro y saludable para todos. En esta línea, se ha delineado varios pasos y objetivos futuros en relación con la Vigilancia Genómica: ampliación de la capacidad de secuenciación, desarrollo de infraestructura, fortalecimiento de la Red de Vigilancia, capacitación continua, investigación y desarrollo y colaboración internacional.

Estos pasos y objetivos están diseñados para garantizar que Ecuador esté mejor preparado para enfrentar desafíos sanitarios futuros y para proteger la salud de su población de manera efectiva y sostenible.



Fuente: Archivo del INSPI LIP Ecuador

Panorama actual del SARS-CoV-2 en Perú: Análisis de la evolución y su impacto en la Salud Pública



Desde el inicio de la pandemia, Perú ha enfrentado varias olas de infección por SARS-CoV-2, marcadas por la aparición de nuevas variantes. Actualmente, el país se enfrenta a sublinajes de Ómicron que, aunque son menos virulentos que las variantes iniciales, siguen siendo altamente transmisibles. En este sentido, las autoridades de salud han reportado un aumento en la circulación de estas subvariantes, lo que ha resultado en un leve incremento de casos en algunas regiones.

Este escenario subraya que el COVID-19 continúa siendo una amenaza para la salud a nivel mundial y destaca la necesidad de que los científicos sigan vigilando de cerca las nuevas variantes. En este contexto, cobra relevancia la jornada científica realizada a mediados de julio en Lima, en conmemoración del 128° aniversario de la creación del Instituto Nacional de Salud (INS) de Perú. En este evento, participó el biólogo molecular Omar Alberto Cáceres Rey, investigador principal del equipo de vigilancia genómica.

Durante la conferencia titulada “Panorama general de la evolución del SARS-CoV-2”, Cáceres Rey destacó que, desde su aparición a finales de 2019, el SARS-CoV-2 ha experimentado múltiples mutaciones, “algunas de las cuales han dado lugar a variantes que afectan la transmisibilidad, la gravedad de la enfermedad y la eficacia de las vacunas”. Además, señaló que las “variantes de preocupación” —como Alpha, Beta, Gamma, Delta y Ómicron— presentan características que las hacen más transmisibles o capaces de evadir la inmunidad previa, razón por la cual “han sido monitoreadas de cerca debido a su potencial impacto en

la salud pública”.

El especialista también explicó que en Perú, al igual que en otras partes del mundo, se ha detectado la circulación de variantes preocupantes con mutaciones en la proteína de espiga (Spike) del virus, clave para su entrada en las células humanas. Estas mutaciones pueden mejorar la capacidad del virus para unirse a los receptores celulares o evadir la respuesta inmunitaria. Por ejemplo, Ómicron, con un número excepcionalmente alto de mutaciones en la espiga, ha mostrado una ventaja en términos de transmisión y escape inmunitario, lo que ha llevado a ajustes continuos en las estrategias de respuesta.

El sistema de salud peruano ha tenido que adaptarse a una situación en constante cambio, intensificando los esfuerzos de vigilancia genómica para identificar y monitorear estas variantes de manera oportuna. Este trabajo incluye la recolección y secuenciación de muestras representativas de casos de COVID-19 en diversas regiones del país, utilizando tecnología de secuenciación de nueva generación para obtener datos detallados sobre la composición genética del virus en circulación. Además, se ha colaborado con redes internacionales para intercambiar información y analizar conjuntamente los datos genómicos, lo que permite estar al tanto de las tendencias globales y regionales.

En su intervención, Cáceres Rey subrayó la importancia de la cooperación internacional, afirmando que “el intercambio rápido de datos genómicos a través de plataformas seguras, como GISAID, permite a los científicos de todo el mundo identificar rápidamente nuevas variantes y evaluar sus características (...) Esta colaboración también facilita el acceso a tecnologías y recursos que pueden no estar disponibles localmente, mejorando nuestra capacidad de respuesta a nivel nacional”.

Mirando hacia el futuro, Perú continúa enfrentando desafíos en la lucha contra el SARS-CoV-2. No obstante, con estrategias adaptadas y un enfoque en la prevención, el país sigue avanzando en su respuesta a la pandemia. La cooperación entre autoridades, profesionales de la salud y la población será fundamental para afrontar este reto continuo.



ORGANISMO ANDINO DE SALUD
CONVENIO HIPÓLITO UNANUE

PROYECTO VIGILANCIA GENÓMICA
EN BOLIVIA, COLOMBIA, ECUADOR Y PERÚ

¿Sabías que la vigilancia genómica es clave para nuestra **SEGURIDAD**?

Nos ayuda a detectar variantes de virus
como el SARS-CoV-2 de forma rápida y
precisa, manteniéndonos protegidos y
asegurando que los tratamientos y las
vacunas sean efectivas.

"Protegiendo nuestro futuro: Vigilancia Genómica"

Más información:



<https://www.orasconhu.org/>

ORGANISMO ANDINO DE SALUD-CONVENIO HIPÓLITO UNANUE

Av. Paseo de la República N° 3832, Lima 27-Perú
Telf.(0051-1) 422-6862/611 3700
contacto@conhu.org.pe
<http://www.orasconhu.org>

- Organismo Andino de Salud
- orasconhu
- @orasconhu
- Organismo Andino de Salud
- Organismo Andino de Salud



INLASA - BOLIVIA



INS - COLOMBIA

INSTITUTO
NACIONAL DE
SALUD



Instituto Nacional
de Investigación en
Salud Pública INSPI
Dr. Leopoldo Izquieta Pérez

INSPI - ECUADOR



INS - PERÚ