

REVISTA
INFORMATIVA

ESTACIÓN

VIGILANCIA GENÓMICA



Revista en Línea

Edición N°05
Septiembre 2024

Contenido:

Avances del Grupo Genómica de Microorganismos Emergentes del INS Colombia.

El rol crucial del INSPI LIP en la salud pública de Ecuador: Respuesta rápida y eficaz ante emergencias sanitarias.

INS Perú refuerza la vigilancia genómica ante la alerta epidemiológica por nuevo linaje de viruela símica (Mpox).

INLASA BOLIVIA EMPLEA SECUENCIACIÓN MASIVA PARA DETECTAR MUTACIONES EN VIH Y TB DE PACIENTES CON RESISTENCIA A TRATAMIENTOS



ORGANISMO ANDINO DE SALUD
CONVENIO HIPÓLITO UNZUÉ

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"



EDITORIAL

LA VIGILANCIA GENÓMICA: UN NUEVO HORIZONTE PARA LA SALUD PÚBLICA EN LA REGIÓN ANDINA



En los últimos años, la vigilancia genómica se ha consolidado como una herramienta fundamental en el ámbito de la salud pública, transformando nuestra capacidad para prevenir, detectar y controlar enfermedades. Esta tecnología, que permite el análisis detallado de genomas a gran escala, ofrece una nueva perspectiva sobre la evolución de patógenos, la aparición de variantes genéticas y la susceptibilidad a enfermedades. Sin embargo, junto con estas oportunidades, surgen también desafíos significativos que requieren atención inmediata.

La vigilancia genómica ha demostrado su importancia en la gestión de brotes infecciosos, durante la pandemia de COVID-19, por ejemplo, el seguimiento de las variantes del SARS-CoV-2 mediante la secuenciación genómica fue esencial para adaptar estrategias de intervención y vacunas. Esta técnica no solo ha mejorado nuestra capacidad para responder a emergencias sanitarias, sino que también nos ha proporcionado datos fundamentales para entender la dinámica de transmisión y resistencia de los patógenos.

No obstante, la implementación efectiva de la vigilancia genómica en la salud pública de la región andina enfrenta varios retos. En primer lugar, la infraestructura necesaria para la secuenciación y el análisis de grandes volúmenes de datos puede ser costosa y compleja, especialmente en países con recursos limitados. Además, la integración de datos genómicos en los sistemas de salud existentes requiere no solo tecnología avanzada, sino también formación especializada para el personal sanitario.

Otro desafío significativo es la gestión de la privacidad y la ética. La recopilación de datos genéticos plantea preocupaciones sobre el manejo seguro de la información personal y la posible discriminación genética. Por ello, es fundamental que las políticas de protección de datos sean robustas para salvaguardar la privacidad individual y evitar el uso indebido de la información genómica.

Asimismo, la vigilancia genómica debe estar acompañada de estrategias que garanticen la equidad en el acceso a sus beneficios. Es crucial que los avances en esta área no agraven las desigualdades existentes, sino que contribuyan a un sistema de salud regional más justo y accesible.

Finalmente, el potencial transformador de la vigilancia genómica en la salud pública es innegable, ofreciendo herramientas poderosas para la prevención y el manejo de enfermedades. Sin embargo, para que este potencial se materialice plenamente, es esencial abordar los desafíos técnicos, éticos y sociales que conlleva. En este sentido, resulta urgente promover la colaboración a escala regional y global, desplegar políticas públicas adecuadas y diseñar soluciones integrales que permitan a esta tecnología ofrecer sus máximos beneficios, protegiendo los derechos individuales y asegurando la justicia en el acceso a la salud.

Dr. Walter Vigo Valdez
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

Avances del Grupo Genómica de Microorganismos Emergentes del INS Colombia

Desde su creación en 2021, el Grupo Genómica de Microorganismos Emergentes de la Dirección de Investigación del Instituto Nacional de Salud (INS) de Colombia lidera significativos avances en la investigación, fortaleciendo la capacidad de respuesta del país en el campo de la salud pública.

Su capacidad tecnológica, infraestructura de laboratorio y talento humano, le permitieron ampliar su campo de investigación y dar un salto hacia las ciencias ómicas, que incluyen estudios de caracterización genómica de virus, bacterias y parásitos de interés. Las llamadas ciencias ómicas han permitido avances notables en el área de la salud; por ejemplo, se ha logrado describir los genomas de una gran variedad de organismos, estudiar los efectos de diversos compuestos químicos en la síntesis de proteínas y analizar los efectos de las interacciones entre huéspedes y patógenos.

Las ciencias ómicas son un nuevo campo de investigación en el que todos los datos biológicos obtenidos a partir de varios estudios están ampliamente recogidos, integrados y analizados para descifrar la naturaleza biológica de los organismos vivos. Una de las técnicas ómicas empleadas por el Grupo para analizar muestras con bajo contenido de ácido nucleico, o en ausencia de un protocolo específico de secuenciación, ha sido la metagenómica de ARN (metatranscriptómica), que permite recuperar información genómica de los organismos y virus presentes en una muestra a partir de su ARN.

Un estudio reciente del laboratorio incluyó dos muestras obtenidas durante un brote de Infección Respiratoria Aguda (IRA) a inicios de este año en Bogotá. En este evento, el análisis metatranscriptómico reveló una coinfección/sobreinfección con influenza A (H3N2) y *Haemophilus influenzae* en uno de los casos, lo que ayudó a entender la gravedad del cuadro clínico observado. Las secuencias ensambladas se caracterizaron con Nextclade v3.2.0, utilizando para ello un conjunto de datos de influenza A (H3N2) y la secuencia de referencia A/Darwin/6/2021 (EPI1857216). Este análisis permitió identificar el clado y subclado de las secuencias, así como su ubicación dentro de un árbol filogenético.

El uso de las herramientas ómicas permite identificar asociaciones entre diversos patógenos (virus, bacterias, hongos, parásitos, levaduras) en una misma muestra, lo cual facilita la detección precisa de coinfecciones o sobreinfecciones con otros microorganismos. Sin duda, esto mejora nuestra comprensión del curso de las infecciones y optimiza las estrategias de control y tratamiento.

Estos avances subrayan el compromiso del Grupo de Genómica de Microorganismos Emergentes del INS Colombia con la salud pública y consolidan su liderazgo en la investigación genómica a escala nacional. Sus contribuciones son fundamentales para la vigilancia, control y respuesta ante amenazas emergentes.



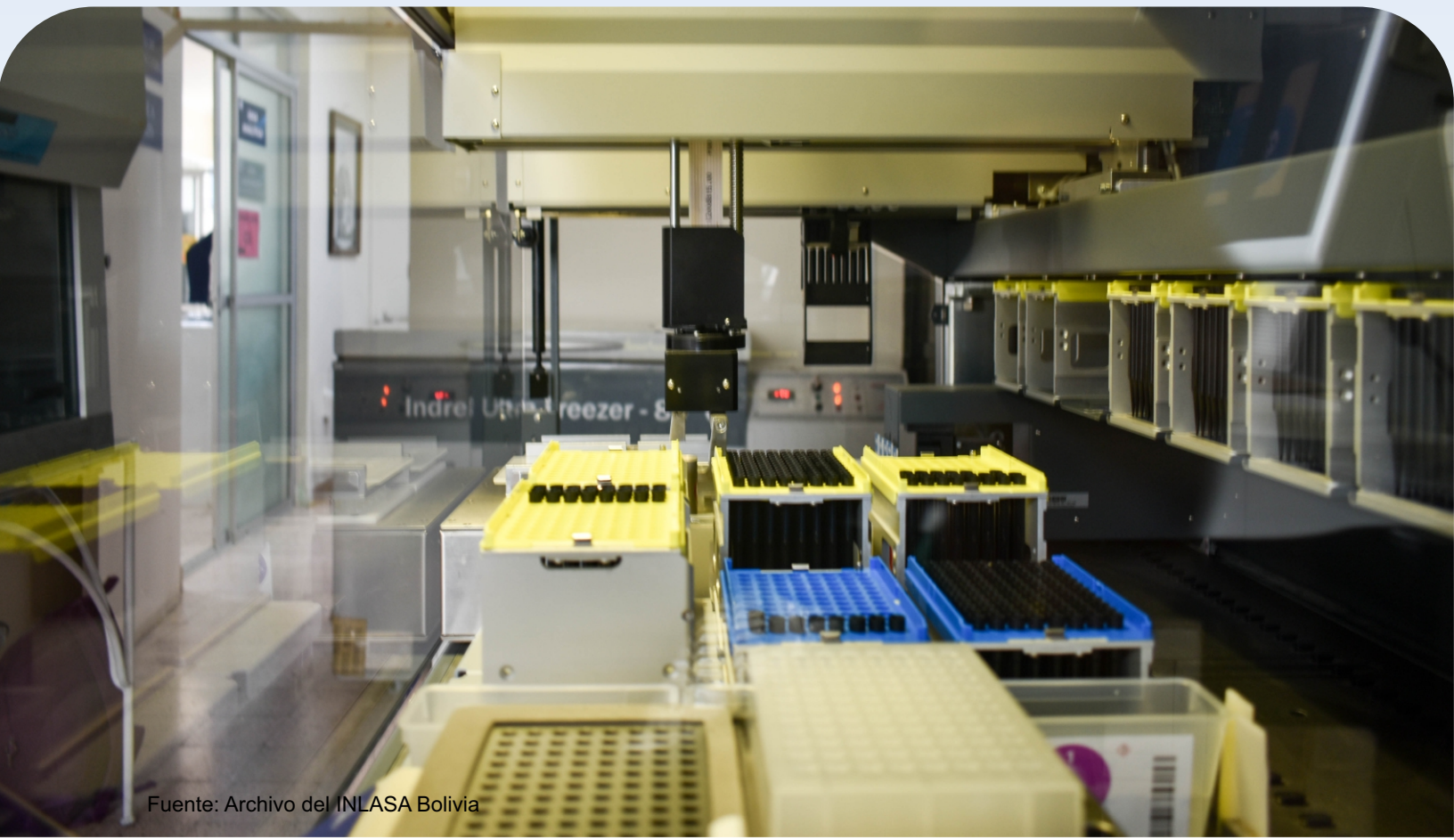
INLASA Bolivia emplea secuenciación masiva para detectar mutaciones en VIH y TB de pacientes con resistencia a tratamientos

El fortalecimiento en equipamiento y recursos humanos que se puso en marcha para la implementación de la secuenciación e identificación de los linajes circulantes de SARS-CoV-2 en el Instituto Nacional de Laboratorios de Salud - INLASA, no solo ha logrado resultados en cuanto al COVID-19 se refiere, sino que también ha permitido ampliar las aplicaciones de esta tecnología para la mejora del tratamiento de pacientes infectados con el Virus de la Inmunodeficiencia Humana (VIH) y pacientes con Tuberculosis (TB) que aún está en desarrollo. Las pruebas basadas en secuenciación ofrecen un gran potencial para proporcionar una detección integral de resistencia adaptada a regímenes de tratamiento nuevos y personalizados a las necesidades de cada paciente. Esto cobra relevancia si se considera que los microorganismos resistentes a fármacos constituyen una amenaza muy seria para la salud pública.

La doctora Evelin Fortún Fernández, Directora General Ejecutiva del INLASA, manifestó que este logro ha dado lugar al desarrollo de tratamientos individualizados para pacientes que no presentan una evolución favorable con los esquemas de tratamiento (fracaso terapéutico); es decir que ahora es posible ajustar la medicación de acuerdo a los resultados de secuenciación. El Programa Nacional de Enfermedades Infectocontagiosas (PNEI) del Ministerio de Salud y Deportes y el INLASA, como laboratorio nacional de referencia para TB y VIH, son los responsables del monitoreo y seguimiento de pacientes afectados por estas patologías.

¿Por qué se presta atención a estas dos enfermedades?

El VIH es un problema importante de salud pública con transmisión continua a nivel mundial. La infección por VIH no tiene cura, es una enfermedad crónica



pero tratable, con un número de casos en aumento a pesar de las diversas medidas de prevención y concientización. En Bolivia, hasta el 2022 se han registrado más de 39.000 casos y más de 1.000 pacientes fallecidos. La tuberculosis es la segunda causa de muerte en el mundo originada por un solo agente infeccioso (después del COVID-19) a pesar de ser prevenible, tratable y curable. Esta enfermedad está estrechamente ligada a características socio-económicas de países en desarrollo. De acuerdo al Reporte Global de Tuberculosis publicado por la Organización Mundial de la Salud (OMS), en Bolivia se notificaron 8.283 casos durante la gestión 2022, sin embargo, para el 2024 se estima 13.000 casos nuevos con una tasa de letalidad del 11%.

¿En qué consiste la prueba de secuenciación masiva que realiza el INLASA para los pacientes con VIH y TB?

El PNEI organiza y lidera al Comité Fármaco Terapéutico Nacional de VIH y al Comité Nacional de Tuberculosis Drogo Resistente y Reacciones Adversas a Fármacos Antituberculosos (TB-DR/RAFA), que están conformados por médicos especialistas en VIH y TB, además del Laboratorio Nacional de Referencia - INLASA. Estos comités tienen reuniones periódicas donde analizan casos clínicos complejos y toman decisiones en cuanto a solicitudes de pruebas laboratoriales y tratamiento a seguir.



Al identificar a las personas que viven con VIH (PVVs) se requiere la prueba de genotipaje VIH, la muestra se remite al INLASA donde se realiza el procedimiento de secuenciación masiva para la identificación de mutaciones que confieren resistencia al tratamiento antiretroviral. Esta información es remitida al PNEI y permite que el Comité Fármaco Terapéutico Nacional de VIH pueda analizar el caso y ajustar el tratamiento antiretroviral con el fin de disminuir la carga viral y mejorar la calidad de vida de PVVs. El INLASA ha implementado la prueba de genotipaje VIH desde la gestión 2021 y trabaja en la mejora continua de los procedimientos con el objetivo de brindar resultados confiables y oportunos.

Por otro lado, el INLASA está implementando la secuenciación masiva para la identificación de mutaciones asociadas a la resistencia a los fármacos antituberculosos. Actualmente, el PNEI ha introducido nuevos esquemas (recomendados por la OMS) para el tratamiento de la TB drogo resistente, sin embargo, las pruebas moleculares utilizadas por la Red Nacional de Laboratorios de Tuberculosis no tienen la capacidad de detectar resistencia a las nuevas drogas. Por lo que el uso de secuenciación masiva permitirá caracterizar y predecir la resistencia a fármacos antituberculosos de manera integral y con bases genéticas.

Finalmente, la directora del INLASA mencionó que desde que Bolivia inició el trabajo de la secuenciación genómica se han dado grandes avances permitiendo realizar el estudio de otros patógenos, lo cual brinda la posibilidad de desarrollar acciones en beneficio de la salud del pueblo boliviano.





Fuente: Archivo del INSPI LIP Ecuador

El rol crucial del INSPI LIP en la salud pública de Ecuador: Respuesta rápida y eficaz ante emergencias sanitarias

El Instituto Nacional de Investigación en Salud Pública “Leopoldo Izquieta Pérez” (INSPI LIP) de Ecuador se ha consolidado como un pilar esencial en la protección y promoción de la salud pública del país, especialmente en contextos de crisis. A través de su participación activa en talleres y su respuesta a emergencias internacionales, el INSPI LIP demuestra su compromiso con la seguridad sanitaria y su preparación para enfrentar amenazas biológicas y otros riesgos emergentes.

Un ejemplo reciente de este compromiso fue su intervención en el taller intersectorial "Simulacro de Eventos Nucleares, Biológicos, Químicos y Radiológicos", cuyo objetivo fue fortalecer las capacidades de respuesta ante emergencias de salud pública de alto impacto. El evento contó con la participación del doctor Alfredo Bruno, representante del INSPI LIP, quien compartió estrategias clave y lecciones aprendidas por el laboratorio en la gestión de riesgos biológicos, posibles ataques bioterroristas y la gestión de incidentes. Durante su presentación, el doctor Bruno abordó temas cruciales como la respuesta en situaciones de emergencia y los planes de capacidad de reacción, fundamentales para una gestión eficiente y coordinada en escenarios críticos, en el marco del Reglamento Sanitario Internacional.

Este taller permitió a diversas instituciones adquirir conocimientos y habilidades esenciales para enfrentar potenciales crisis sanitarias. La capacitación

ofrecida por el INSPI LIP no solo subrayó la importancia de la preparación ante el bioterrorismo, sino que también destacó la necesidad de una colaboración intersectorial efectiva para mitigar los riesgos asociados a estos eventos.

Además de su papel en simulacros y capacitaciones, el INSPI LIP ha liderado iniciativas clave en diagnóstico y vigilancia epidemiológica. En el marco de la red PulseNet América Latina y el Caribe (PNALC), organizó el taller "Fortalecimiento en el Diagnóstico Microbiológico y Epidemiología Genómica del *Campylobacter*", impartido por la bióloga Alma Arreaga, analista del Centro de Referencia Nacional de Bacteriología del INSPI LIP.

Este evento se centró en mejorar las capacidades técnicas de los profesionales en el diagnóstico microbiológico y la vigilancia genómica del *Campylobacter*. También se abordaron técnicas fenotípicas y genotípicas avanzadas, fundamentales para asegurar que el personal de salud esté preparado para enfrentar desafíos técnicos específicos en el manejo de patógenos, garantizando así una respuesta sanitaria oportuna y efectiva.

El INSPI LIP sigue siendo una institución clave en la defensa de la salud pública en Ecuador, demostrando su capacidad para liderar y colaborar en respuestas ante emergencias sanitarias de alto impacto.

INS Perú refuerza la vigilancia genómica ante la alerta epidemiológica por nuevo linaje de viruela símica (Mpox)

Toda persona que tenga contacto físico estrecho con alguien infectado por Mpox (término derivado del inglés monkeypox) corre el riesgo de contagio. Ante esta amenaza creciente, los servicios de salud han solicitado fortalecer la operatividad de los laboratorios y garantizar la atención a las personas afectadas por esta enfermedad infecciosa, que se ha propagado en varios países.

En respuesta a esta situación, el Instituto Nacional de Salud (INS) del Perú ha intensificado sus esfuerzos en

la vigilancia genómica para la detección y control del virus de la viruela símica. Al respecto, el doctor Víctor Suárez Moreno, presidente ejecutivo del INS, subrayó: "La identificación oportuna de las variantes del virus es fundamental para adaptar nuestras estrategias de respuesta y proteger la salud pública."

Este refuerzo en la vigilancia se enmarca dentro de un conjunto de acciones preventivas que incluyen la implementación de medidas adicionales para la secuenciación genómica de muestras sospechosas de Mpox.



Fuente: Archivo del INS Perú.

Con ello, se realiza un seguimiento exhaustivo de la evolución de la viruela símica, un virus que ha mostrado variaciones genéticas que podrían afectar la transmisibilidad y la efectividad de las vacunas e intervenciones actuales.

A mediados de agosto, el Ministerio de Salud de Perú emitió una alerta epidemiológica en todos los centros de salud del país, ante el riesgo de la introducción de un nuevo linaje o clado Ib de Mpox en el territorio nacional. Por ello, el INS, a través de su Unidad de Virología y el Laboratorio de Referencia Nacional,

está colaborando estrechamente con centros de investigación internacionales para monitorear y estudiar estos cambios genéticos.

El fortalecimiento de la vigilancia genómica incluye la capacitación del personal técnico, la ampliación de la capacidad de secuenciación y la activación de nuevas plataformas tecnológicas que permiten un análisis más rápido y preciso. Además, se ha intensificado la comunicación con los servicios de salud en todo el país para asegurar una detección temprana y una respuesta efectiva ante posibles casos.



ORGANISMO ANDINO DE SALUD
CONVENIO HIPÓLITO UNANUE



PODCAST



VIGEN

LA ERA DE LA
VIGILANCIA GENÓMICA

En septiembre
seguimos
en línea



Escúchalo en
Spotify



orasconhu

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