



**LAS MUESTRAS DE PACIENTES ARGENTINOS INFECTADOS FUERON DERIVADAS AL LABORATORIO NACIONAL DE REFERENCIA EN EL MARCO DE LA VIGILANCIA NACIONAL DE COVID-19. FOTO: CEDOC DE PACIENTES ARGENTINOS**

## **Científicos argentinos lograron secuenciar el genoma completo del coronavirus**

El avance de especialistas del ANLIS-Malbrán permite conocer la evolución local del virus, asegurar la calidad del diagnóstico y contribuir al desarrollo de una vacuna.

POR FLORENCIA BALLARINO

7/04/2020

Científicos y técnicos de la [Administración Nacional de Laboratorios e Institutos de Salud \(ANLIS\)](#), Doctor Carlos G. Malbrán, **lograron secuenciar de forma exitosa el genoma completo del SARS COV-2, causante del coronavirus, de tres pacientes argentinos.** Esta información será clave para asegurar la calidad del diagnóstico, complementar la vigilancia epidemiológica y contribuir al desarrollo de una vacuna representativa de las cepas circulantes en nuestro país y la región.

“Hace seis años venimos trabajando con esta tecnología. Lograr secuenciar el genoma del virus es un logro institucional que permite poner a la Argentina en el mapa mundial, para poder hacer trazabilidad global”, le dijo a PERFIL **Josefina Campos**, **coordinadora de la Plataforma Genómica y Bioinformática del Instituto Nacional de Enfermedades Infecciosas del Anlis – Malbran**, en referencia a la iniciativa GISAID que promueve el intercambio internacional de todas las secuencias del virus que circula en cada país para ayudar a los investigadores a comprender cómo evoluciona y se propaga.



“A nivel nacional nos permite poder seguir la epidemia en tiempo real, porque estos son los primeros genomas, pero la idea es seguir con más muestras. Con lo cual vamos a poder ver la evolución local, asegurar el diagnóstico –podremos saber si los test diagnósticos que están usando hoy y que se están desarrollando están enfocados en nuestro genoma, están respondiendo correctamente- y, a su vez, van a permitir que nuestro genoma sea considerado en la selección de cepas para

**el desarrollo de vacunas”, explicó Campos, una de las protagonistas del avance.**

El genoma de cualquier organismo, virus incluidos, son las instrucciones moleculares necesarias para su funcionamiento y la transmisión a la descendencia. Toda esta información está escrita -en código genético- en forma de ARN. **Secuenciar el genoma del virus permite ‘leer’ ese manual de instrucciones.** “Es conocer la información que tiene el virus en su genoma; esa es la diferencia entre otras tecnologías de secuenciación. Esta tecnología está revolucionando la pandemia, ya que permite estudiar el virus en tiempo real”, aseguró la especialista.

La secuenciación del genoma es clave para conocer la dinámica y diversidad de la población viral de SARS-CoV-2 y las rutas de transmisión en la Argentina. “Las introducciones que se pudieron ver son las que esperábamos por el contexto epidemiológico. Secuenciamos el genoma del virus de los primeros pacientes que tuvimos en el país, con las introducciones de Europa y EE.UU. principalmente y también algún contacto primario. **Pertenecen a un linaje que es el más predominante después de que salió de China, que es el 2A**”, sostuvo la especialista.

El replicarse el ARN del virus, al copiarse a sí mismo, a veces se producen errores. A esos errores se les conoce como "mutaciones". Todos los virus sufren mutaciones, cambios que no necesariamente están asociados a una mayor severidad de la infección. “Se han estudiado algunas mutaciones en España que podrían estar asociadas epidemiológicamente a cuadros más graves pero no está descrito ni probado científicamente todavía”, señaló Campos. **A su vez, como parte de un consorcio de investigadores que nuclea a varias universidades argentinas desde el Malbrán están haciendo un estudio puntual de las mutaciones que vieron localmente.** Para esto, además de la secuenciación genómica, van a analizar los datos clínicos y epidemiológicos de cada uno de los

pacientes. Otro de los objetivos será estudiar los reservorios zoonóticos (en animales) y ambientales del coronavirus.

Claudia Perandones, directora científica del ANLIS-Malbrán, valoró todo el esfuerzo de los científicos y técnicos del Malbrán: “en esta pandemia estuvimos muy ligados y con una gran responsabilidad desde el punto de vista diagnóstica y de capacitación a recursos humanos en esa área. **En este contexto que hayamos podido hacer esta actividad científica y tecnológica que es la secuenciación del genoma con toda la dificultad, tiempo y recursos que implica, para mí y para el sistema científico es un logro muy importante**”