



INDICASAT AIP

INSTITUTO DE INVESTIGACIONES CIENTÍFICAS
Y SERVICIOS DE ALTA TECNOLOGÍA AIP

Betacoronavirus, claves para comprender el COVID-19

Un nuevo estudio realizado por el Instituto de Investigaciones Científicas y Servicios de Alta Tecnología (INDICASAT-AIP), junto a las universidades de Florida y Tennessee recopila sistemáticamente información genómica del grupo de los **betacoronavirus**, que incluye al SARS-CoV-2 causante de la actual pandemia de COVID-19, acercándonos a posibles diagnósticos, vacunas y medicamentos.

Panamá, 30 de junio, 2020.- El rompecabezas de la cura para los coronavirus se está armando lentamente desde 2002 gracias a la secuenciación genómica y a la bioinformática. Al mejor estilo detectivesco, los científicos del mundo intentan trazar su origen, entender cómo cambian, quiénes los hospedan y dónde atacarán nuevamente. Ahora, un nuevo estudio realizado por un equipo del INDICASAT-AIP, las universidades de Florida y Tennessee conecta los rastros que los cinco tipos de betacoronavirus dejan a su paso, incluyendo el más reciente y devastador de los últimos tiempos: SARS-CoV-2. El estudio titulado **Genomas del Betacoronavirus: cómo la información genómica ha sido utilizada para lidiar con los pasados brotes y la pandemia de COVID-19**, fue publicado recientemente en la revista especializada International Journal of Molecular Sciences.

Los investigadores Alejandro Llanes, Carlos Restrepo, Zuleima Caballero y Ricardo Leonart de INDICASAT-AIP, junto a las científicas Sreekumari Rajeev y Melissa Kennedy de Estados Unidos, abordan los brotes causados por tipos emergentes de betacoronavirus en los últimos 18 años. Este tipo de patógeno emergente es uno de los cuatro géneros de coronavirus existentes en la naturaleza, los cuales tienen la capacidad de causar enfermedades a diversos vertebrados, incluyendo a los humanos. La genómica estudia la información de la secuencia completa del genoma de estas partículas infecciosas para comprender aspectos como la transmisión, orígenes y hospederos. Mediante un análisis de comparación genómico conocido como filogenética de SARS-CoV, MERS-CoV y SARS-CoV-2, se recopilaron y sistematizaron características compartidas de estos patógenos, que a su vez alimentan el *GenBank*, el más grande banco internacional de secuencias genéticas. Esta base de datos del Instituto Nacional de Salud de Estados Unidos es una colección de secuencias genéticas disponible al público. Para llevar a cabo este trabajo, los autores crearon además un repositorio de los genomas disponibles en *GenBank*, accesible de manera pública en el sitio web de INDICASAT (<http://bioinfo.indicasat.org.pa/cov/index.html>).

Conocer el genoma de estos virus ayuda a su comprensión y a la aplicación de esta información epidemiológica, aportando al diseño de sistemas de diagnóstico, posibles fármacos y vacunas. Antes de la pandemia del COVID-19, se conocían aproximadamente unos 1,200 genomas completos del betacoronavirus depositados en este banco genético. Gracias al trabajo colaborativo de la comunidad científica, el número de genomas disponibles ha aumentado a unas 6,000 secuencias disponibles en *GenBank* y llegando hasta 50,000 en otros repositorios públicos, explica el Dr. Ricardo Leonart, biólogo molecular especializado en genómica para el INDICASAT-AIP.

“Esa pluralidad de genomas nos permite ver cómo varía y evoluciona el virus, si se adapta para una mayor capacidad de diseminación en el ser humano, si aumenta o disminuye en virulencia”, agrega Leonart.

Este estudio es una revisión integral de las características del grupo de betacoronavirus. La última vez que se realizó un análisis tan extenso de los mismos fue en 2010, publicado en la revista internacional **Viruses**. Según señala el Dr. Alejandro Llanes, bioquímico y bioinformático de INDICASAT-AIP, este compendio es un trabajo general sobre coronavirus que no incluye genomas específicos de un país u otro. Aclara que la variabilidad genómica del coronavirus en Panamá la estudia exitosamente el Instituto Conmemorativo Gorgas y que no tiene relación con este análisis académico, que está pensado más como una guía que aporte a las investigaciones de otros científicos en el mundo. Uno de los principales objetivos del artículo es mostrar, de manera general, cómo se ha usado toda esa información, cuáles son las herramientas y metodologías genómicas disponibles, y finalmente, cómo esta información puede ser utilizada para el diagnóstico, el desarrollo de nuevos antivirales, o en el desarrollo de vacunas.

“Conocer tanto el genoma del coronavirus nos permite crear sistemas de genética reversa y modelar lo que ocurre en el virus en el laboratorio. Es un punto crítico para trabajar en diagnósticos, diseño de medicamentos y vacunas. Si no tenemos el genoma, no podemos lograr eso”, concluye Llanes.

Información de contacto:

José Guillermo Sánchez

J&J Strategic Communication

jjstrategiccommunication@gmail.com

Tel. +507-69807399



Sofía Kalormakis de Kosmas

Tink Comunicaciones

tink.comunicaciones@gmail.com

Tel. +507-6676-0870

