



Descifran el genoma de variantes genéticas del virus SARS-CoV-2 presentes en la población mexicana

Como parte de los proyectos científicos impulsados por el grupo de trabajo de la Secretaría de Salud, encargado de la preparación y respuesta ante la pandemia de COVID-19, se integró un equipo de científicos para caracterizar la secuencia del genoma de los variantes del virus SARS-CoV-2 que circulan en nuestro país. Este equipo está integrado por investigadores y especialistas del Instituto de Diagnóstico y Referencia Epidemiológicos, el Instituto Nacional de Enfermedades Respiratorias, el Instituto Mexicano del Seguro Social, el Instituto Nacional de Ciencias Médicas y Nutrición y la Universidad Nacional Autónoma de México. También participan investigadores mexicanos trabajando en la Universidad de Oxford.

Como una aproximación inicial, recientemente se concluyó el análisis del genoma completo de 17 virus. El análisis detallado de estos datos se publicará en breve en una revista científica. Sin embargo, dentro de las observaciones más importantes se encuentran las siguientes:

- Se analizaron 10 casos de introducción del virus al país. Tomando en cuenta el historial de viaje de los pacientes, junto con el análisis genético de los virus, fue posible determinar y corroborar que la mayor parte de dichas introducciones vienen de diferentes regiones de Europa.
- Se encontró evidencia de que la transmisión local entre personas que viajaron al extranjero y personas que residen en la misma zona en México, ocurrió posiblemente desde la segunda semana de marzo.
- Las secuencias de los genomas obtenidos muestran una alta conservación (un mínimo de identidad de 99.97%) en relación a la primera cepa del virus SARS-CoV-2, caracterizada en Wuhan, China. Los cambios identificados en los genomas definen la circulación en el país de dos de los tres genotipos reportados hasta ahora, el linaje A (también llamado G) y el linaje B (también llamado S).
- Es importante continuar vigilando la evolución del genoma del virus para detectar mutaciones que pudieran asociarse a cambios en su comportamiento biológico (niveles de contagio, virulencia, estabilidad), a la aparición de variantes resistentes a fármacos, y variantes que disminuyan la eficacia de las vacunas, una vez que estas medidas de prevención y tratamiento hayan sido aprobadas y se apliquen.
- Mantener la vigilancia epidemiológica y genómica del virus en nuestro país es también relevante para identificar variantes que puedan circular de manera predominante en México al adaptarse a ciertas características ambientales, así como a determinantes genéticos y epidemiológicos de la población mexicana.