

Investigaciones realizadas para enfrentar la pandemia del COVID-19

Compilación de investigaciones elaboradas
por los diferentes Centros y Oficinas
del Instituto Nacional de Salud



PERÚ Ministerio de Salud



INSTITUTO NACIONAL DE SALUD

EL PERÚ PRIMERO

Motivación para realizar el estudio



El diagnóstico de COVID-19 se basa en la prueba molecular (PCR-RT); sin embargo, las "pruebas serológicas rápidas" pueden ser un gran apoyo al diagnóstico, considerando su bajo costo y rapidez. Sin embargo, se requiere evaluar su rendimiento en condiciones de campo.

¿Cómo se hizo?



Se realizaron pruebas moleculares y pruebas serológicas rápidas a:

- ° Pacientes hospitalizados
- ° Trabajadores de salud
- ° Casos sospechosos de COVID-19

Se comparó el rendimiento diagnóstico de ambos tipos de pruebas

Principales hallazgos



- ° Las pruebas serológicas rápidas pudieron detectar 56,8 % más de casos con respecto a las pruebas moleculares.
- ° Su capacidad para detectar casos enfermos (sensibilidad), aumenta conforme pasa el tiempo de enfermedad.
- ° Su capacidad para detectar pacientes sanos (especificidad), fue del 98,9 %.

Implicancias



- ° Las pruebas serológicas rápidas son útiles para la detección de COVID-19, de manera complementaria con las pruebas moleculares (PCR-RT).
- ° Las pruebas serológicas rápidas son especialmente útiles a partir de la segunda semana de enfermedad, y su utilidad aumenta con el tiempo

Motivación para realizar el estudio



Encontrar un tratamiento efectivo y seguro para COVID-19. El Instituto Nacional de Salud, a solicitud del Ministerio de Salud, realiza la búsqueda, selección y análisis de evidencia respecto al tratamiento de COVID-19 para contribuir a la toma de decisiones en su manejo en nuestro país.

¿Cómo se hizo?



- ° Se realizó una búsqueda sistemática de la información científica sobre tratamientos de COVID-19, publicados entre el 1/12/19 hasta el 20/03/20
- ° Se clasificó la evidencia encontrada de acuerdo a los niveles GRADE, que incluyen: evidencia de calidad alta, moderada, baja y muy baja. La búsqueda estuvo limitada a estudios en idioma español e inglés y PubMed.

Principales hallazgos



- ° De 947 referencias potencialmente relevantes, 43 fueron revisadas a texto completo, seleccionándose 15 estudios relevantes: 3 ensayos clínicos, 5 series de casos y 7 reportes de casos.
- ° Se evaluaron estudios acerca de la hidroxicloroquina, lopinavir/ritonavir (con o sin interferón o arbidol), interferón, arbidol, favipiravir, entre otros medicamentos.
- ° A la fecha de la realización de la búsqueda, no se identificaron estudios que demuestren fehacientemente la eficacia y seguridad de alguna intervención farmacológica frente a COVID-19

Implicancias

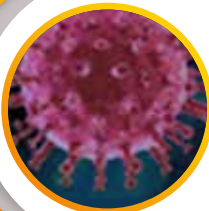


- ° La búsqueda fue realizada de manera rápida para la toma de decisiones con información hasta el 20 de marzo.
- ° Esta revisión brinda un panorama de la evidencia disponible hasta ese momento sobre los tratamientos farmacológicos específicos para la enfermedad de COVID-19.
- ° Según estos hallazgos, no existe evidencia para recomendar un tratamiento específico para COVID-19.

Near-Complete Genome Sequence of a 2019 Novel Coronavirus (SARS-CoV-2) Strain Causing a COVID-19 Case in Peru

Carlos Padilla-Rojas, Priscila Lope-Pari, Karolyn Vega-Chozo, Johanna Balbuena-Torres, Omar Caceres-Rey, Henri Bailon-Calderon, Maribel Huaranga-Nuñez, Nancy Rojas-Serrano

Motivación para realizar el estudio



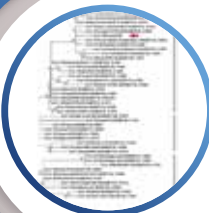
Contribuir al control del COVID-19 en nuestro país, a través del conocimiento de los genes de virus que lo causa, para implementar nuevos métodos de diagnóstico, nuevos tratamientos y vacunas. Por ello, se informa la secuencia casi completa del genoma de una cepa SARS-CoV-2 de un paciente peruano.

¿Cómo se hizo?



- ° Se extrajo y purificó el ARN (ácido ribonucleico) del virus causante del COVID-19 (SARS-CoV-2) de un paciente infectado.
- ° Como el ARN extraído es minúsculo, fue amplificado (mediante el método SISPA) y convertido en ADN para poder ser analizado.
- ° Este ADN fue caracterizado, mediante un proceso de secuenciación, el cual permite obtener el orden de los nucleótidos.
- ° Lo que nos permite conocer el funcionamiento del virus es la secuencia de ADN obtenida.

Principales hallazgos



- Se obtuvo una cobertura de 84,9x, lo cual indica un buen proceso de secuenciación. El genoma casi completo del SARS-CoV-2 peruano tiene:
- ° 29 856 pares de bases, con una cobertura promedio de 84,9x; no se detectaron indeles.
 - ° 8 915 adenosinas (28%), 5 490 citosinas (19%), 5 859 guaninas (19%) y 9 592 timinas (34%).
 - ° Se agrupa en el clado G, como otros casos en América del Sur; y se encontraron algunas mutaciones con respecto a la cepa de Wuhan.

Implicancias



- ° Actualmente, se vienen secuenciando y analizando genomas más completos de diferentes regiones del Perú.
- ° Estos resultados nos ayudan a comprender la propagación del virus en Sudamérica y en todo el mundo.
- ° Conocer el genoma del virus local, permitirá direccionar esfuerzos a la hora de buscar un tratamiento o vacuna.

Early transmission dynamics of COVID-19 in a southern hemisphere setting: Lima-Peru: February 29th–March 30th

César V. Munayco, Amna Tariq, Richard Rothenberg, Gabriela G. Soto-Cabezas, Mary F. Reyes, Andree Valle, Leonardo Rojas-Mezarina, César Cabezas, Manuel Loayza, Gerardo Chowell, Peru COVID-19 working group

Motivación para realizar el estudio



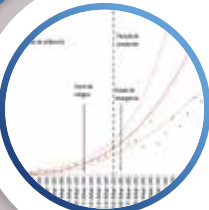
El Perú fue uno de los primeros países en Latinoamérica en implementar el distanciamiento social ante la pandemia COVID-19; sin embargo, los casos no han dejado de aumentar. Por lo que es necesario medir cuál fue el impacto para poder direccionar estas medidas.

¿Cómo se hizo?



- ° Se analizaron los datos de casos reportados antes del estado de emergencia, en base a casos autóctonos en Lima.
- ° Se realizó un modelo de predicción del crecimiento proyectado de los casos si no se hubiera dado el distanciamiento social.
- ° Se compararon los datos de la predicción sin distanciamiento con los datos reales de contagio después del distanciamiento social.

Principales hallazgos



- ° Los datos proyectados sin estado de emergencia, muestran un crecimiento acelerado, casi exponencial.
- ° Los datos reales después del estado de emergencia muestran un crecimiento más lento, con tendencia cercana a la lineal.

Implicancias



- ° Las medidas tomadas de distanciamiento social parecen haber desacelerado la transmisión en Lima, pudiendo salvar muchas vidas.
- ° Se necesitan reforzar las medidas de distanciamiento social y buscar estrategias para disminuir el riesgo de la tasa de transmisión.

Motivación para realizar el estudio



El conocimiento de cepas del SARS-CoV-2 (el virus causante del COVID-19) a nivel Sudamericano, a través de sus relaciones y variaciones de su genoma (es decir, su material genético) con los de otros lugares geográficos.

¿Cómo se hizo?



- ° Se analizaron 30 genomas del virus del covid-19 de países sudamericanos, de 691 de diferentes continentes, disponibles al 20 de abril de 2020 en la base de datos de genomas .
- ° Se clasificaron las cepas según alteraciones puntuales y se describieron las regiones de donde llegaron.

Principales hallazgos



- ° Los genomas sudamericanos tuvieron una gran similitud entre si, con 29 846 sitios conservados, indicando un 99,98% de identidad. Las cepas del clado G fueron las más comunes, lo que sugeriría que estas cepas son mas contagiosas.
- ° La mayoría de los virus ingresaron a Sudamérica desde Europa y Oceanía. Sólo los genomas aislados en Chile estuvieron relacionados con los asiáticos.

Implicancias



- ° Algunos cambios en los genomas sudamericanos están cerca de dominios específicos relacionados con la replicación o la proteína S. Lo cual podría influir en la infectividad y patogenicidad del virus.
- ° Los países sudamericanos deben fortalecer sus laboratorios de epidemiología genética, para así ayudar a controlar la pandemia actual o alguna futura.



"Investigar para proteger la salud"

<https://web.ins.gob.pe/>

Instituto Nacional de Salud

Oficina Ejecutiva de Información y Documentación Científica - OGIS

 Calle Cápac Yupanqui 1400,
Lima 11, Perú

 748 1111