

Fecha: 30-03-2021

Fuente: La Tercera Online

Título: **Británica, brasileña, sudafricana: ¿existe también una variante chilena?**

Visitas: 697.475

Favorabilidad: No DefinidaLink: <https://www.latercera.com/que-pasa/noticia/britanica-brasilena-sudafricana-existe-tambien-una-variante-chilena/H4CWK4WZFFHYBKG5OT3UIXCWRE/>

Analizar el genoma del virus que produce Covid-19, es la forma de saber si éste ha mutado o no y es la razón que explica la importancia de la vigilancia genómica que realizan los países. En Chile, autoridades de salud y universidades ya están comenzando un trabajo coordinado para conocer qué variantes están circulando en el país. Ya van cinco días en los que Chile supera los 7 mil casos de nuevos contagios y mantiene más de 42 mil casos activos. El poco apego a las medidas sanitarias, la circulación de nuevas variantes más contagiosas que ingresaron al país, son parte de la explicación. Sin embargo, la posibilidad de que surja una variante chilena también cobra fuerza, sobre todo cuando se siguen acumulando más y más casos. Según el último informe de circulación de variantes publicado este lunes por el Ministerio de Salud, al 26 de marzo en Chile se han identificado 64 casos de la variante británica B. 1.1.7. De ellos 37 corresponden a viajeros, 18 a casos comunitarios y 9 a casos secundarios. El 55% de estos casos han sido sintomáticos y el 9% requirió hospitalización. De la variante brasileña, conocida como P. 1, se han encontrado 45: 34 corresponden a viajeros, 8 casos comunitarios y 3 a casos secundarios. De ellos, el 71% presentó síntomas y 4 casos requirieron hospitalización.

A juicio de la infectóloga del Hospital Clínico de la Universidad de Chile, Jeannette Dabanch, la variante británica está circulando en el país, probablemente desde fines de noviembre, aunque se detectó por primera vez en diciembre del año pasado. Lo mismo ocurre con la variante brasileña.

Variante chilena “Con la habilidad que tiene este virus para poder mutar, su capacidad de contagio y la cantidad de casos demostrados en Chile al día de hoy, tiene la capacidad de multiplicarse y en la medida en que tengamos un alto número de personas infectadas que le permitan al virus replicarse, le damos la oportunidad para que genere nuevas variantes”, indica Dabanch. En esa lógica, la posibilidad que surja una variante chilena es alta. Imagen microscópica del Sars-CoV-2. Foto: AFP “Mientras más dejas circular el virus, más chances le das de que cometa errores y mute.

Como ocurrió en Manaus (Brasil) y las otras variantes que se generaron en el Reino Unido o Sudáfrica”, señala Ricardo Soto-Rifo, virólogo del Instituto de Ciencias Biomédicas de la Facultad de Medicina de la U. de Chile.

Sobre la posibilidad de una variante propia circulando en el país, el investigador señala que no se puede asegurar que ya no exista una variante chilena, sobre todo considerando que estamos atrasados con la cantidad de secuenciaciones que se realizan. Por lo mismo, dice, es sumamente relevante realizar vigilancia genómica.

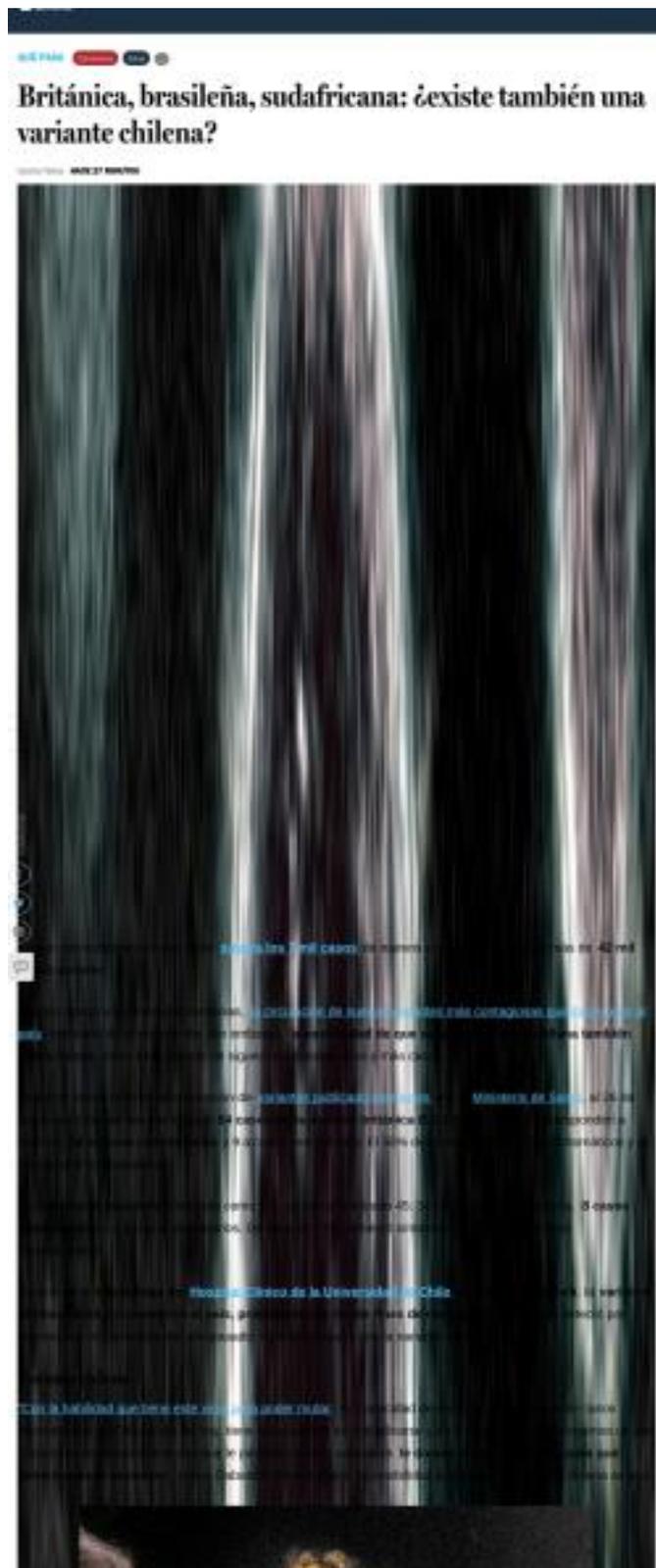
Christian García, académico y médico doctorado en Salud Pública de la Universidad de Santiago, explica que es muy difícil saber si ya surgió una variante chilena y esté circulando en el país, porque “no hay una vigilancia sistemática”. En todo caso, cree que las actuales cifras no se deben a que, pero a mi parecer el alza no es necesariamente porque haya alguna cepa especial “sino que es la evolución natural de la curva con los contagios por mayor contacto y relajamiento de medidas, igual que en Europa a la vuelta del verano”. Estrategia nacional Para poder saber qué variante está circulando en el país y por cuáles hay que preocuparse, el Ministerio de Ciencia, el Ministerio de Salud, el Instituto de Salud Pública (ISP) y algunas universidades, vienen trabajando en un Programa de Vigilancia Genómica. La idea es poder secuenciar más muestras de las que ahora secuencia el ISP y poder disponibilizar todos esos datos en el sistema que ya maneja el Ministerio de Ciencia.

A la fecha, ya llevan al menos tres sesiones de trabajo para coordinar todo este trabajo y se hizo un catastro único de capacidades nacionales (Consortio de Universidades y la Sociedad Chilena de Genética) y un documento que establece

estándares para la toma y procesamiento de muestras (liderado por la UC y la Universidad de Magallanes). Además, este grupo ha sostenido varias reuniones con expertos investigadores de Estados Unidos y del Reino Unido, que son dos de los países que más secuenciación realizan, y en el caso específico de este último país, hubo una vinculación importante entre la capacidad de análisis públicos y de las universidades.

El ministro de Ciencia, Andrés Couve, explica que durante los últimos meses han trabajado en la articulación entre el sector público (Ministerio Ciencia y Ministerio de Salud) y la academia para complementar la capacidad de secuenciación genética que tiene el ISP, que ya realiza y publica periódicamente la detección de variantes del Sars-CoV-2 circulando en nuestro país.

“El objetivo es aumentar nuestra capacidad de secuenciación que hoy es de un 0,12% y acercarnos a países como Estados Unidos que está a un nivel de un



0,49%. Primero, hemos avanzado en coordinar las capacidades del ISP y la comunidad académica. Hay que considerar que una colaboración en secuenciación génica requiere coordinar diferentes aspectos de una tecnología compleja con procedimientos que requieren altos estándares. Por eso hemos establecido un grupo de trabajo público-académico. Este grupo no solo coordinará secuenciación y consideraciones técnicas, sino que también podrá aportar en el análisis de las distintas variantes y su relación con el comportamiento del virus”, detalla el ministro.

Según explicó el asesor estratégico de Covid en el Minsal, Rafael Araos, durante una presentación al Senado y la Comisión de Desafíos del Futuro, Ciencia, Tecnología e Innovación, el ISP realiza “un esfuerzo gigante para llegar a los 400 genomas mensuales, está bien pero necesitamos llegar a más que eso”. El Reino Unido, del total de muestras de PCR que toma, logra secuenciar entre el 5 y el 7%, pero para Chile es necesario una vigilancia genómica más realista y en los grupos que son de interés. “Lo que estamos tratando de hacer es a través de convenios con las universidades complementar la vigilancia que hoy realiza el ISP.

No queremos secuenciar por secuenciar, el objetivo es identificar precozmente el ingreso de nuevas variantes, variantes que se puedan convertir en linajes de virus que se comporten distinto”, explicó en esa durante su presentación el pasado 18 de marzo. “En cuanto a referentes, estamos estudiando el modelo de Reino Unido que se desprende por lejos de la norma de otros países con un 6% de capacidad de secuenciación.

A la fecha, ya hemos tenido dos reuniones con la directora ejecutiva del grupo Covid-19 Genomics UK (COG UK), Sharon Peacock, gracias a las gestiones del embajador David Gallagher, y las instituciones que han avanzado en secuenciar”, agrega Couve. La tarea no es sencilla y es además costosa.

Las 400 secuenciaciones que realiza el ISP cuestan alrededor de 500 millones de pesos. ¿Cuál es la meta de las secuenciaciones? Un número razonable y a lo que se aspira, es llegar a realizar 1.000 secuenciaciones mensuales, lo que le costará al país, alrededor de mil millones de pesos.

La propuesta es hacer secuenciaciones dirigidas y no todas por secuenciación completa, sino con exámenes PCR que además de buscar trazas del virus para determinar si el dueño de esta muestras es positivo o no al Sars-CoV-2, busque mutaciones específicas y características de las variantes que preocupan.

Así, entre pacientes hospitalizados se puede realizar estos test específicos (y así determinar cuál es la variante que está afectando más gravemente a la población). Lo mismo se podría aplicar a las personas que ingresen al país, por cuanto se sabe las variantes que están circulando en otros países y ahí la búsqueda puede ser dirigida. Otro grupo de interés en esta estrategia son las personas que tienen su inmunidad comprometida, personas que aun cuando se vacunaron, enfermaron con Covid. Estos grupos podrían beneficiarse de la secuenciación completa, tarea que será desarrollada por el ISP. Más de 1.000 genomas Hasta la semana pasada, en la base de datos internacional www.gisaid.org, nuestro país dispone de alrededor de 1.458 genomas completos a marzo 2021. De ellos, el ISP ha depositado 1.006 genomas.

El director (s) de esta institución, Heriberto García Escorza, señala que durante la vigilancia activa de Sars-CoV-2 en diferentes regiones del país, en los meses de enero, febrero y hasta el 11 de marzo del 2021, el Instituto de Salud Pública ha obtenido el genoma completo en 258 muestras” y solo durante los primeros 11 días de marzo, en 45 genomas completos obtenidos de muestras recolectadas en la Región Metropolitana, se identificaron 11 linajes diferentes: se detectaron los linajes de preocupación B. 1.1 .7 en 7 casos y P. 1 en 5 casos.

“Se puede concluir que estas variantes están presentes en la comunidad, al igual que en toda Sudamérica, lo que implica que son adecuadas las medidas de mayor control y desincentivo de viajes al extranjero, pero es importante reiterar el llamado a la población: reforzar el autocuidado para evitar contagios que puedan generar nuevos linajes o variantes”, explica García. Sin embargo, estas nuevas variantes no son las que predominan en el país. “Nosotros hemos logrado controlar la variante, la velocidad de aumento no es la que ocurrió en los otros países, avanzó más lento.

Ni la variante británica ni la brasileña son las predominantes, están dentro de las que estamos estudiando, pero la variante N4 sigue siendo predominante desde hace varios meses y es la que llegó desde Europa”, dice el director.

El trabajo que viene realizando el ISP desde el año pasado, es gracias a un fondo de 90 millones de pesos otorgado por la Agencia Nacional de Investigación y Desarrollo (ANID), destinado a impulsar la investigación sobre el virus Sars-CoV-2 vinculado al diagnóstico, control, prevención, tratamiento, monitoreo y otros aspectos relacionados con Covid-19 y sus consecuencias. Hoy, este trabajo se ha reforzado destinando presupuesto propio, para aumentar la cantidad de muestras a procesar a nivel nacional.

Según García, “este secuenciamiento debe relacionarse con los estudios de brote, hospitalizaciones, eficiencia de la vacuna, entre otras dudas que debemos resolver en corto tiempo”. Respecto de la crítica que realizan algunos investigadores por la poca secuenciación que se realiza y lo tardío de éstas (ampliación cuando se detectan más de 7 mil casos diarios), el director del ISP dice que la tarea que realizan es “importante porque secuenciamos las variantes de interés, que iban a llegar tarde o temprano a nuestro territorio”. Destaca que Chile es el segundo país en Sudamérica que más investiga en secuenciación genómica: “Nuestro secuenciamiento equivale al 0,12% de la cantidad de contagios, Brasil secuencia el 0,45% al igual que Estados Unidos”. A su juicio, “la relevancia es que no sólo es un asunto de número de muestras, es tener una vigilancia activa y aplicada a los estudios epidemiológicos”. Las autoridades coinciden en que no se trata de secuenciar por secuenciar.

“Muchas variantes no son de importancia porque no se ha generado ningún cambio epidemiológico, como aumento de hospitalización, o aumento de la transmisibilidad, por lo anterior, lo fundamental es tener adecuados diseños que permitan detectar lo que se requiere determinar, como por ejemplo la vigilancia de aeropuerto, que permitió detectar que las variantes no solo llegaron de sus países de origen, sino de otros con menor vigilancia genómica”, insiste García.

El director del ISP dice que de las variantes de preocupación que hoy circulan en el país, la más preocupante es la amazónica, ya que esta variante es la que han encontrado entre personas que están hospitalizadas, mientras que en este mismo grupo no han encontrado la variante británica. Sobre la posibilidad de aparición de una variante chilena, García dice que el aumento de casos es multifactorial y se puede explicar por nuevas variantes pero también por el comportamiento humano.

“La variante chilena, siempre es una probabilidad, pero no hemos visto mutaciones distintas reportadas en la base de datos de Gisaid, pero siempre hay más riesgos con mayor número de contagio porque hay más posibilidades de mutación”, indica.

Capacidad de secuenciación y participantes De acuerdo al catastro realizado por la coordinación de la Vigilancia Genómica (ya publicado en la web del Ministerio de Ciencia), hoy día existen en el país 32 laboratorios capaces de secuenciar muestras: 3 de ellos están en la Macrozona norte del país, 1 en Macrozona Centro, 18 en la Región Metropolitana, 4 en la Macrozona Centro Sur, 5 en la Macrozona Sur y 1 en Magallanes. La mesa de coordinación, está integrada por el ministro de Ciencia Andrés Couve; la seremi Olga Barbosa, el asesor Nelson José Campos. Desde el Minsal, participan Johanna Acevedo; Rafael Araos; desde el ISP, su director Heriberto García y el jefe del Sub Departamento de Genética Molecular, Jorge Fernández.

Por la Academia, Miguel Allende del Consorcio Genomas CoV2 y Universidad de Chile; Francisco Cubillos de la Sociedad Chilena de Genética y Universidad

de Santiago. ; Alejandro Jara y Rafael Medina de la Universidad Católica; Andrea Silva de la Universidad Austral; Cristina Dorador de la Universidad de Antofagasta; y Andrea Galloto de la Universidad de Santiago.