

Fecha: 06-04-2021  
Medio: La Segunda  
Supl.: La Segunda  
Tipo: Actualidad

Pág.: 6  
Cm2: 690,2  
VPE: \$ 1.532.842

Tiraje: 11.692  
Lectoría: 33.709  
Favorabilidad: ☒ Positiva

Título: Chile y detección de nuevas variantes: "Hace meses que estamos listos para colaborar"

**Miguel Allende, coordinador de consorcio de Ues que estudia genoma del covid:**

# Chile y detección de nuevas variantes: "Hace meses que estamos listos para colaborar"

El postdoctorado en genética molecular advierte: "estamos a ciegas" y dice que hay que estudiar a pacientes en UCI y a recontagiados que recibieron dosis de las vacunas.

Por Jéssica Henríquez D.

**N**o antes de un mes, en el mejor escenario, se podría aumentar de manera sustantiva el volumen de análisis para secuenciar las nuevas variantes en Chile. Así lo advierte el coordinador de Consorcio Genomas CoV2, Miguel Allende, quien lidera a un grupo de universidades que a mitad del año pasado se constituyó como consorcio para hacer secuenciación genómica del virus. Aún, dice, están a la espera de la entrega de financiamiento.

Según el último reporte de las variantes entregado por el Minsal -con datos hasta el 26 de marzo-, son han detectado seis variantes en el país, cuyos casos se focalizan principalmente en la británica B117 (64) y la brasileña PI (45).

Aunque desde el inicio de la pandemia se hace secuenciación genómica del virus en Chile, ésta es muy baja: 0,12% de todas las muestras (la Unión Europea recomienda 5% y el país más avanzado es Inglaterra con 6%). El reducido ejercicio de secuenciación se debe básicamente a que es un procedimiento caro (si un PCR cuesta cerca de \$25 mil por muestra, una secuenciación genómica se acerca a los \$150 mil).

**"Estamos bien atrasados"**

Y aunque un catastro levantado re-

cientemente identificó 32 centros de investigación y universidades disponibles para aportar en esta labor, el mayor trabajo -hasta ahora- se lo ha llevado el ISP. Ese organismo -al 26 de marzo- hacía cerca del 60% de las muestras con un promedio mensual de 200, pero ahora está doblando su capacidad. También hay otras iniciativas de menor escala que con fondos propios han incursionado en ello: la Red de Salud CHRISTUS UC, la Universidad de Magallanes, la Universidad de Chile (a través del Centro de Regulación del Genoma) y la Universidad Andrés Bello, entre otras.

"Nosotros como consorcio hace tiempo que estamos listos para colaborar en la vigilancia genética (detectar nuevas variantes) y así se lo hemos hecho ver al gobierno. En diciembre nos convocó a formar parte de un plan de vigilancia, para complementar el trabajo del ISP que no puede cubrir todas las necesidades que hay. Desde entonces hasta marzo hemos tenido reuniones de coordinación y se planteó firmar convenios con algunas universidades para la transferencia de recursos", cuenta el académico de la U. de Chile (postdoctorado en genética molecular en el MIT).

**-¿En qué etapa está hoy la idea?**

-Se están definiendo todos los requisitos que deben tener los laboratorios (universitarios) que van a entrar a secuenciar. Eso lo está viendo un grupo apoyado por Epidemiología del Minsal y por el Ministerio de Ciencias. La verdad, estamos bien atrasados, porque aunque se firman los convenios ahora e incluso se traspasan recursos, hay un periodo de latencia de al menos un mes porque debemos importar los insumos necesarios, además de escalar equipos humanos para hacer un volumen grande de muestras.

**-Pero el fin de semana el ministro Paris dijo que esta semana se sumaba el consorcio**

de universidades.

-Ninguna posibilidad que eso ocurra.

**Los tres grupos**

**¿Dónde y cómo se secuencian?**

Explica que desde hace meses se estaba haciendo este procedimiento en el aeropuerto (a los PCR positivos para ver el tipo de variantes). "Está muy bien vigilar los puntos de entradas al país, pero el aeropuerto no es el único, también hay migración terrestre, incluso ilegal", dice.

Un segundo foco, agrega, debe estar puesto donde se producen alzas muy repentinas de casos, personas en UCI y re infectados. "Eso se está haciendo parcialmente, pero no sé cuán masivo es aquello".

Y el tercer grupo debieran ser muestras tomadas al azar para determinar si hay contagio comunitario, "y ver cual es el porcentaje o frecuencia de las variantes versus el total de la infección. Lo más importante ahora es aumentar el volumen de secuenciación para mirar esas tres cosas. Y claramente el ISP no va a ser capaz de hacerlo solo".

**-El alza de casos ¿es por nuevas variantes? ¿relajo en las medidas? ¿hay una variante chilena que no conocemos?**

-Quizás es una mezcla de todo eso, no lo sabemos. Hay que incrementar la capacidad de testeo genético para contestar esas preguntas. Saber, por ejemplo, si los pacientes UCI tienen las nuevas variantes o si los contagios tras haberse inculcado con alguna de las dosis de la vacuna responden a nuevas variantes.

-Es muy importante en este minuto saber si en el aumento de casos críticos en personas más jóvenes, hay correspondencia con alguna de las variantes y cuál predomina. Saber las causas es lo único que nos aclara el panorama para poder tomar medidas eficientes. Mientras, estamos a ciegas. Estamos en un escenario donde hay demasiadas incógnitas y debemos despejar al menos una de ellas: saber la secuencia genómica de los virus que están infectando a los chilenos.

**¿Y las vacunas?**

**-¿Qué pasa con las vacunas?**

-No hay evidencia que las vacunas no estén funcionando, pero hay algunos indicios de que las variantes son capaces de escapar un poquito a la inmunidad que generan las infecciones previas y en algunos casos a la vacuna también. Si eso es así, es muy importante saberlo para ver qué medidas podemos tomar.

**-En el mejor escenario ¿cuándo se puede sumar el consorcio de universidades para aumentar masivamente el volumen de secuenciación genómica?**

-Un mes más.

**-Pero en un mes más podemos estar todos contagiados...**

-Totalmente de acuerdo.

Venimos diciendo esto desde hace mucho... de cuando aún no había variantes en Chile. Y tampoco hay mucha información de qué es lo que se está haciendo en esta materia. Cuando se dice que hay tantos casos de tal variante, uno se pregunta ¿cuál es el universo total de virus que ha secuenciado el ISP para llegar a esos números? Hay que ver si las variantes británica o brasileña están aumentado o no en frecuencia y cuánto. Si es así, nos hablaría, tal como dijo la canciller alemana, de una epidemia dentro de otra.



“

Quando se dice que hay tantos casos de tal variante, uno se pregunta ¿cuál es el universo total de virus que ha secuenciado el ISP para llegar a esos números?”