





Rev. Inst. Salud Pública Chile. 21, 5(1):2-3 Volumen 5 | número 1 | 2021 Publicado el 30 de 06 de 2021 DOI: https://doi.org/10.34052/rispch.v5i1.141 ISSN: 0719-9317



Copyright © 2020. Este es un artículo open-access distribuído bajo los términos de la Creative Commons Attribution License (CCENY). El uso, distribuíción o reproducción en otros foros esta permitido, siempre que el/los Autor/es y el/los dueño/s de los derechos de autor sean acreditados y que la publicación original sea citada, en concordancia con la práctica académica aceptada. No usar, distribuir o reproducir si no se cumplen con estos términos.

SARS-CoV-2: Importancia de la vigilancia genómica de variantes

La pandemia generada por el virus SARS-CoV-2 no nos deja de sorprender, hoy somos observadores de la aparición de nuevos linajes del virus los que están afectando a la población. En el proceso de evolución de los virus, la aparición de mutaciones es un evento natural y esperado pues el virus requiere replicarse para sobrevivir. Las mutaciones son cambios en el código genético del virus que en forma natural ocurren con el tiempo cuando personas o animales están infectados. Una nueva variante de SARS-CoV-2 puede tener una o más mutaciones que la diferencian de la variante predominante que se encuentra circulando en la población general. Estas variaciones genéticas son importantes pues pueden incidir en la estructura de las proteínas superficiales del virus, modificando así las características; éstas a su vez pueden incidir en la capacidad de transmisión de los virus, la susceptibilidad a los tratamientos y escape a la acción de las vacunas, una mayor virulencia o cambios en la patogenicidad.

De acuerdo a estas características, la Organización Mundial de la Salud (OMS) las ha ido clasificando como variantes de preocupación y variantes de interés. Las primeras, justamente son las que producen cambios en la infección como los antes señalados.

Uno de los aspectos que más nos preocupa de estas variantes es la capacidad de propagarse por el mundo, donde encuentra nuevas oportunidades para mutar, generando nuevos linajes.

Desde mediados del 2020 se comenzó a identificar linajes del virus, el primero fue de Sud África, denominada Beta (B.1.351) en mayo del 2020, posteriormente la del Reino Unido, Alpha (B.1.1.7), en septiembre 2020. En noviembre del 2020 se reconoce la variante Gamma (P1) proveniente de Brasil y en octubre del 2020 se identifica la variante Delta (B.1.617.2); esta última fue reconocida inicialmente como variante de interés y recién en mayo del 2021 se le reconoce como variante de preocupación, dado su alta transmisibilidad comparado con las otras variantes; el número reproductivo básico Ro del virus SARS-CoV-2 se estimó en 2.3, el de la variante gama 3.5 y el de la variante delta en 6-8.

Sin embargo, ningún país del mundo puede ser un observador, por el contrario, más que nunca se requiere fortalecer la vigilancia genómica, disponer de capacidades para investigar el impacto de estas variantes en la pandemia y en la salud pública.

En Chile el Ministerio de Salud, mediante la Resolución Nº 403 del 27 de abril 2021 dio a conocer la estrategia de cómo enfrentar esta nueva situación epidemiológica y aprobó el proyecto de Vigilancia Genómica SARS-CoV-2, en la que activamente participa el Ministerio de Ciencias fortaleciendo las capacidades de los laboratorios universitarios del país y el Instituto de Salud Publica de Chile quien como laboratorio de referencia nacional ha estado estudiando las muestras provenientes de la comunidad, de quienes ingresan a través del aeropuerto y de casos especiales, rigiéndose por protocolos estandarizados de alta calidad y conectado a través de la plataforma internacional GISAID.

Según el último informe del Instituto de Salud Pública que comprende el período entre el 1° de enero al 13 de junio 2021, reporta haber recibido 3.448 muestras de casos de todas las regiones de Chile, 2.650 han sido secuenciadas (76,9%). De las muestras de vigilancia comunitaria, las variantes más prevalentes son Gamma (P1), 44,04% y Lambda (C37), 29,9%; en la última semana epidemiológica se agrega una muestra cuyo resultado fue Delta, mientras que continúa hacia el alza la Gamma, y Lambda va al descenso.

El rápido aumento de nuevos linajes del virus SARS-CoV-2 genera la necesidad imperiosa de aumentar más y a mayor velocidad las coberturas de vacunación, mejorar la vigilancia genómica, epidemiológica e investigaciones de laboratorio a nivel mundial sobre la infectividad y otras características de las nuevas variantes. Se requiere fortalecer los mecanismos de coordinación entre instituciones a nivel mundial que monitoreen la evolución del virus, investigación y desarrollo, aspectos regulatorios, manejo clínico, extraer experiencias de vigilancias de virus respiratorios tales como la de influenza, entre algunos

aspectos.

Lo que no debemos olvidar sino por el contrario hay que reforzar las medidas no farmacológicas: uso de mascarillas adecuadas y bien colocadas, distanciamiento físico, lavado frecuente de manos, evitar todo tipo de aglomeraciones, realizar actividades al aire libre en lugares ventilados.

Dra. María Teresa Valenzuela B.

