

Universidad de Los Andes confirman presencia de variantes Alpha, Beta y Gamma 19 en Bogotá

Johana Hernández,
profesional
líder de la Unidad de Vigilancia Genómica;
Lucy Gabriela Delgado,
subdirectora del Laboratorio de Salud Pública
de la Secretaría Distrital de Salud;
Marcela Guevara y Silvia Restrepo,
profesionales del Laboratorio Gencore de la
Universidad de los Andes.

El Laboratorio de Salud Pública de la SDS de Bogotá y el laboratorio Gencore de la Universidad de los Andes, en una alianza para desarrollar la estrategia Vigilancia Genómica en el Distrito Capital, implementaron un protocolo de reacción en cadena de la polimerasa o PCR (sigla en inglés) y transcripción reversa-reacción en cadena de la polimerasa o RT-PCR (sigla en inglés) para detectar mutaciones/deleciones reportadas en genes estructurales, genes de la espícula (S) y en el marco abierto de lectura ORF 1ab, las cuales se encuentran presentes en las variantes del Reino Unido, Brasil y Sudáfrica.

Luego de los análisis realizados, se encontraron 6 genomas correspondientes a la variante Alpha y 5 genomas a la variante Gamma. Las 11 secuencias fueron sometidas a revisión de la Iniciativa Internacional para Compartir Datos Genómicos de la Influenza (GISAID por sus siglas en inglés), y el 17 de abril del año en curso fueron aceptadas por esta plataforma, en la cual se registran todos los genomas secuenciados en el mundo. Cada una de las personas de donde se aislaron estas variantes son seguidas conforme los protocolos epidemiológicos. Ninguna ha fallecido. Varias de las pruebas analizadas corresponden a los tamizajes rutinarios que realiza la Secretaría Distrital de

Salud, como parte de la estrategia Detectar, aislar y reportar (DAR).

Bajo el protocolo de PCR y RT-PCR, se tamizaron previamente muestras que pasaron a secuenciación, con el fin de optimizar de este modo este proceso. Se han analizado 443 muestras (de tamizajes de los meses de diciembre de 2020 y de enero al 7 abril de 2021) que cumplieron con los criterios establecidos por el Instituto Nacional de Salud (PCR positivo con *Cycle of Threshold* o CT, ciclo umbral menor o igual a 25, valor inversamente proporcional a la cantidad de RNA detectado en la muestra-correlacionado con la carga viral, y requerido para obtener una cantidad de RNA), las que, además, se caracterizaron preferentemente por ser:

- 1) Muestras de individuos con larga estancia hospitalaria.
- 2) Muestras de profesionales de la salud.
- 3) Muestras de individuos con antecedente de viaje al exterior, de preferencia Reino Unido, Brasil, Estados Unidos y Europa.

De estas muestras, se han secuenciado 36 genomas en Bogotá en el laboratorio Gencore, y se remitieron 10 muestras más al Instituto Nacional de Salud para su correspondiente análisis.

Se resalta que, de las 36 muestras secuenciadas, 15 han sido identificadas por el tamizaje implementado en el Distrito Capital, por tener las mutaciones de interés. Luego de los análisis bioinformáticos realizados, se encontraron 6 genomas correspondientes a la variante Alpha y 5 genomas a la variante Gamma.

Se resalta que 3 de los individuos portadores de la variante del Reino Unido fueron identificados mediante los tamizajes rutinarios que realiza la Secretaría Distrital de Salud, como

parte de la estrategia DAR, y corresponden a individuos con antecedente de viaje reciente a los Estados Unidos.

La confirmación de la presencia de este tipo de variantes virales en Bogotá debe considerarse no solo como un acierto en los esfuer-

zos de vigilancia epidemiológica y genómica de la ciudad (debido a la importancia de identificar variantes de interés o preocupación que pudieran estar asociadas con mayor transmisión o con la probable evasión de la respuesta inmune a la infección natural o a la inducida por la vacunación).

