

Preocupación en la región por la cepa andina: ¿puede llegar a Argentina?



Un grupo de científicos de Perú empezó a registrar en diciembre de 2020 un nuevo linaje del coronavirus SARS-CoV-2, causante de la pandemia de Covid-19. Aunque todavía no está confirmado que sea una variante distinta a la de Wuhan, como lo son las de Manaus o Kent, la «cepa andina» ya es motivo de alerta en la región.

El linaje en cuestión fue denominado C.37 y ya aparece como responsable de cinco casos de Covid-19 en Ecuador, 133 en Estados Unidos, varios más en Brasil, y un gran número en Chile, informó el doctor en microbiología molecular Pablo Tsukayama, quien integra el equipo que lo detectó.

«En Perú tenemos un proyecto de vigilancia genómica del coronavirus. Desde julio de 2020 estamos tratando de procesar 100 genomas por mes para ver qué variantes están circulando. A partir de diciembre observamos una variante que presentaba una serie de mutaciones muy particulares», explicó Tsukayama al canal C5N este martes.

«El hecho de que comparta estas mutaciones muy específicas de una región, que además se presenta con otras en la proteína espiga, ya sonaron algunas alarmas. Entre enero y marzo procesamos unas 150 muestras adicionales y el 40% de ellas correspondían a este nuevo linaje», señaló el doctor en Microbiología.

Aunque todavía no es posible determinar si se trata de una cepa en sí misma, el linaje C.37 es motivo de «interés» por parte de la Organización Mundial de la Salud (OMS) y desde la Universidad Peruana Cayetano Heredia (donde dicta clases Tsukayama) y otros institutos de ese país se busca cotejar la información sobre las cepas de Covid-19 con otros centros de la región.

«Preguntamos dónde más se observa y nos dimos cuenta de que en Chile está en crecimiento, de que Estados Unidos ya está reportando bastantes partes de la misma secuencia,; en Argentina hemos visto un caso hasta ahora; en Ecuador, Brasil, Alemania y hasta Australia», enumeró el científico.

Tsukayama señaló que «de algún lugar de Latinoamérica, de la región andina, tal vez, se ha originado a finales de 2020 y se ha establecido ya en varios países» por lo que «lo que corresponde ahora es monitorear su crecimiento en las próximas semanas».

«De momento es imposible determinar a partir de la secuencia si es más transmisible o más patogénica. Pero lo primero que nos llamó la atención fue el crecimiento muy rápido de esta variante. De casi el 0% en diciembre al 40% en marzo. En Chile estamos hablando del 25% de muestras. Esta es la primera señal que nos dice que algo está pasando, y que probablemente eso esté asociado a una mayor transmisibilidad. Para confirmar estos datos necesitamos hacer estudios adicionales», convino.

«Hace unos días estaba viendo unos reportes del consorcio argentino que hace el secuenciamiento genómico (Proyecto PAIS, el Consorcio Argentino de Genómica de SARS-CoV-2), y en su reporte mencionaban que en las últimas semanas han notado el crecimiento de una mutación muy específica que le llaman 452 U», comentó Tsukayama.

«Esta variante, la C.37, presenta esa mutación, entonces mi curiosidad es: tal vez esto es lo que están identificando en la Argentina. Leí el reporte de que en febrero la 452 U estaba en aumento. Sugeriría ver si con el secuenciamiento del genoma completo pueden confirmar si esta es efectivamente C.37 o es alguna otra variante que sea única de Argentina que todavía no estamos detectando en la región», propuso.