Alertan que la variante ómicron «ya mutó» y puede ser más difícil de detectar

La variante ómicron no sólo sería mucho más contagiosa que su antecesora, la Delta, sino que además está desarrollando habilidades para no ser fácilmente detectada. Esto es porque hay mutaciones que se encontraban en el genoma original que ahora no aparecen.

De esta manera, la ómicron logra, de alguna manera, «escabullirse» de los métodos de detección más convencionales y necesita de una secuenciación más compleja, lo que lleva un tiempo de diagnóstico mayor.

En el caso del contagiado en San Luis, su caso pudo ser descifrado mediante el análisis de la prueba de PCR, con un «tamizaje». En cambio, si se hubiera tratado de un nuevo sublinaje de la variante, ya detectado en varios países, eso no hubiera sido posible.

Jorge Quarleri, virólogo y doctor de la Universidad de Buenos Aires, explicó a Clarín: «En los últimos días, Sudáfrica, Australia y Canadá han registrado genomas que, si bien tienen muchas de las mutaciones definitorias de la variante ómicron, no tienen el conjunto completo y también tienen varias mutaciones únicas».

El experto continuó: «ómicron como variante tenía una característica (una eliminación de dos aminoácidos en las posiciones 69-70) que compartía con la variante Alfa. Por supuesto que esta es «una» de las más de 50 variaciones que presenta. Ahora están encontrando un «sub-linaje» donde esa deleción no está presente». Pero según Quarleri, «esa no es la única diferencia».

Particularmente, «la deleción en 69-70 hace que una reacción en cadena de la polimerasa que detecta tres genes (uno de ellos es el gen S) no amplifique el gen S pero sí lo hagan los otros dos. Este resultado, permitía sospechar la presencia de ómicron -de hecho así llegaron al caso de la persona de San Luis llegada de Sudafrica-. Ahora, la presencia de un sublinaje que no tiene esa deleción, echa por tierra el uso de esa estrategia de «tamizaje» para sospechar la presencia de ómicron».

De esa manera habría que proceder a una secuenciación

completa del genoma del virus para corroborar si efectivamente se trata de Ómicron. Esto, claro, siempre en los casos en que se trate de este nuevo sublinaje. Sin embargo, podría haber opciones previas para ya tener indicios de que podría tratarse de esta variante.

Un experto en secuenciaciones genómicas explicó a Clarín que, en realidad, desde el comienzo Sudáfrica había advertido que la variante Ömicron podía presentarse en casos con o sin la mencionada «delación», por lo que ahora lo que estaría ocurriendo es el registro de una mayor cantidad de casos de estas características, que ya habrían sido descriptos originalmente.

Esas alternativas previas a la secuenciación completa del genoma serían «el uso de los ensayos K417N y P681H, que si bien, no son mutaciones específicas para ómicron, pueden servir para generar sospechas de muestras Ómicron como un screening previo a la secuenciación», explicó la fuente consultada.

Y agregó: «La mutación K417N ha sido descrita anteriormente en variante Beta y en algunos sub-linajes Delta, mientras que la mutación P681H está presente en variante Alfa y variante Mu, pero la combinación de ambas mutaciones estaría presente sólo en ómicron».

¿Por qué en esos casos no interferiría la deleción? «La deleción es la pérdida de dos nucleótidos en la posición 69 y 70. Es una mutación. Y estas son otras independientes. Si bien están todas en la espícula del virus, están en distintos lugares. Entonces se puede tener estas otras mutaciones», añadió .

El experto lo ilustró con un ejemplo: «Viene un viajero y le hacés un test de PCR común de tiempo real que evalúa el gen N, el gen S y el gen E. Si el gen S no está presente pero los otros dos sí, es un ensayo positivo muy sugestivo de Ömicron. Si el ensayo es positivo para los tres y las mutaciones K417N y P681H están presentes la sugerencia de que sea ómicron es altísima aunque la deleción no esté».

Con información de El Clarín.