

## Vigilancia genómica del SARS-COV-2 en el Perú

---

*Dr. Pablo Tsukayama Cisneros <sup>1</sup>*

Muchas gracias. Muy buenas noches. Muchas gracias a la Academia por la invitación, muchas gracias por acompañarnos un viernes por la noche.

Vamos a hablar un poco de variantes, de genomas, de lo que podemos hacer con esa información, de la situación de toda la vigilancia en Perú que se ha mejorado bastante. Pero vamos por pasos.

Genoma, el genoma del virus. Un organismo no es el genoma más pequeño que conocemos, no es el virus más grande que conocemos, es bastante promedio en ese sentido. Codifica unos 29 genes y esto es el virus. Un poco más que material genético rodeado de proteínas, una membrana y las famosas proteínas *spike* que le dan esa característica de corona, de coronavirus. Pero el genoma del virus se conoció recién en enero 2020, poco después de unos reportes de una neumonía atípica que preocupaba mucho en Wuhan a fines de 2019. Es importante indicar que, para SARS 1 por ejemplo, alrededor del año 2003, identificar el organismo y determinar su código genético tardó unos 7 meses. Ahora, para este caso, tardó 3 semanas y ese

avance nos ha permitido avanzar mucho en temas de diagnóstico y de prevención, como les voy a decir

. Pero el primer reporte desde Wuhan es un caso que fue hospitalizado el 12 de diciembre de 2019, y poco después se secuenció su genoma. Se ingresó al hospital el 26 de diciembre y para el 7 de enero ya se tenía un genoma completo, el primero en conocerse de este organismo que hasta ese entonces era desconocido. Y eso se consigue mediante lo que ahora conocemos como secuenciación de siguiente generación NGS. Como no conocemos el organismo que lo está causando estamos yendo a pescar algo nuevo, a ver qué identificamos allí. Fue un método que todavía no logramos implementar en el Perú pero que en Wuhan está muy bien desarrollado. Es allí donde se pudo reconstruir un genoma y dimos con que -o dieron con que- era un nuevo corona virus. Y es así como uno ahora puede llegar a identificar un organismo desconocido hasta ese entonces y, bueno, ese proceso tomó un par de semanas y ha permitido adelantar muchos de temas importantes.

---

<sup>1</sup> Investigador principal del Laboratorio de Genómica Microbiana, profesor auxiliar del departamento de ciencias celulares y moleculares de la Facultad de Ciencias y Filosofía de la Universidad Peruana Cayetano Heredia. International Fellow del Wellcome Sanger Institute del Reino Unido, PhD en microbiología molecular en la Washington University, Saint Louis, Estados Unidos

Fue lo primero el admitir “bueno, sí es un coronavirus, pero no es otro coronavirus más de los que ya se han visto antes; no es el SARS 1, no es”. Se sabía que estos virus tienden a circular en poblaciones de murciélagos, y definitivamente la organización del genoma es similar. Sin embargo, no es un patógeno antiguo, no es que haya resucitado otro virus, sino que pertenece a la misma familia y es muy probable que haya sido un salto reciente al humano, sabiendo ahora que esta secuencia del corona virus del SARS Cov-2 es muy similar a secuencias identificadas en poblaciones silvestres de murciélagos, sobre todo en el sur asiático. Esta información, y aunque todavía es un tema bastante debatido, fortalece mucho en parte el argumento de que esto es efectivamente una zoonosis, que no se trata de una creación del virus en laboratorio; un accidente en laboratorio es un poco más probable, pero lo más probable es que ocurrió una zoonosis de probablemente un murciélago a un hospedero intermedio que todavía no se ha determinado bien, y de allí ha saltado al humano en este contexto de compra y venta de animales salvajes. Animales vivos en mercados en condiciones bastante precarias.

¿Qué más? Este primer genoma permitió diseñar los primeras PCR para esta nueva enfermedad, y PCR significa diagnóstico temprano. Esto abrió la puerta a todos los millones de PCR que se han hecho en todo el mundo desde ese entonces. De manera similar, en Alemania había un laboratorio que ya tenía desarrollada esta técnica de vacunas de mRNA. Teniendo la secuencia de la espícula del corona virus, que se sabía por estudios anteriores que era la proteína más inmunogénica, entonces pueden poner este mRNA mensajero, el nuevo, de la nueva espícula y empezaron sus ensayos en animales muy, muy rápido. Una semana después se convirtió en la vacuna de BioTech-Pfizer. Probablemente esta historia termine en un Premio Nobel este o el próximo año.

Y eso es lo que tenemos solamente con la información de un genoma. Un genoma de 30kb que codifica 29 proteínas, varias proteínas no estructurales que se transcriben a un polipéptido grande, y una proteasa las va cortando. Está la ya conocida proteína espita. Hay una serie de proteínas accesorias que van dentro y fuera del virus que le ayudan a empaquetar, y todas estas 29 proteínas van a ser responsables del ciclo de vida que

ya es bien conocido. Desde la unión al receptor ACE2, internalización, creación de múltiples copias del virus, empaquetamiento y liberación. Todo esto mediado por el manual de instrucciones que es el genoma del virus. Y hay varias proteínas, pero definitivamente la que más suena, la más inmunogénica y la más importante para el contacto del virus con la célula es esta proteína spike, ya muy estudiada y que es justamente la que hace el contacto con el receptor ACE2. Entonces, se pueden imaginar que mutaciones que ocurren de la replicación del virus y afectan a esta proteína spike pueden tener un efecto importante sobre cómo interactúa el virus con su hospedero, y eso es justamente lo que vamos a ver con las variantes en un momento. Entonces, al final de esto, un virus maduro que está listo ya para infectarnos es una nueva célula. Esa es la historia de un primer genoma. Un par de semanas después apareció un segundo genoma de otro paciente tomado el 26 de diciembre, otro también de los primeros casos de Wuhan. Un segundo paciente fue secuenciado y le encontraron una mutación, el genoma empieza a mutar. Y solamente con esa información de que todo el resto del genoma era igual, nos va dando pistas de una epidemia desconocida. Esta información bastante simple nos dice que son iguales excepto por una base, nos dice que los genomas descienden del mismo ancestro común, que probablemente aquí ya hay un efecto de transmisión de persona a persona, y que podemos rastrear hacia atrás, hacer estimaciones de que este virus ha aparecido en la población humana en algún momento de fines de noviembre del año 2019. Solamente hay información muy valiosa con un segundo genoma. Después empiezan a aparecer nuevos genomas adicionales, esta vez en febrero y a unos 500 km al sur de Wuhan. Este genoma ya tenía un par de mutaciones adicionales, efecto o evidencia de que el virus ha seguido transmitiéndose, ha seguido replicándose y ha seguido acumulando mutaciones.

Han sido unos cuantos genomas. Pero avancemos a setiembre de 2021. Perdón, una más antes. Esta información de los genomas ha servido también en Estados Unidos. El primer caso fue en Seattle, que tiene mucho intercambio con la costa de China. Ese caso era idéntico a un caso identificado en Guangdong y Fujian, solamente unos días antes. Estamos ya hablando de los primeros eventos de exportación demostrada de este nuevo virus.

Y ahora sí, vayamos a setiembre de 2021, unos meses más, y vemos que las mutaciones, como es normal, las mutaciones ocurren como errores en la replicación del virus. Cuando el virus tiene que copiarse millones de veces, en ese proceso de copiado, tarde o temprano, se empiezan a introducir de forma aleatoria mutaciones y la mayoría de las mutaciones son deletéreas o no hacen nada y unas muy pocas empiezan a tener este efecto importante. Lo que vemos aquí, producto de analizar 4 mil y tantos genomas, es que hay lugares en el genoma donde las mutaciones tienden a acumularse más, y esto es que las proteínas en general son relativamente flexibles a cambios en las regiones; sin embargo, hay regiones del genoma donde no vemos mutaciones, por lo tanto, esas regiones son altamente observadas y en ellas no se pueden realizar cambios, no toleran cambios en el circuito de la proteína.

Ahora sí, avancemos al día de hoy. Es algo sin precedentes realmente. Tenemos 3 millones y medio de secuencias del coronavirus generado por casi 200 países en todo el mundo; y esto en un portal, en una base de datos libre donde todos los países colaboran, aportan las secuencias que generan. Esto de lejos lo convierte en el virus más estudiado en la historia de la humanidad, lo cual permite un nivel de análisis muy fino acerca de cómo se está moviendo el virus y hacia dónde está evolucionando. Es un proceso que podemos observar casi en tiempo real. En el pasado, para tener este tipo de información de los genomas de los virus, normalmente hemos tenido que estudiarlos en retrospectiva, después de que ya la pandemia hubiera terminado; podemos entender mucho más, pero antes hay mucho caos y poco entendimiento. Ahora, el nivel de entendimiento que tenemos del virus, en parte por saber tanto del código genético, es algo sin precedentes y muy bueno, es algo que ha contribuido mucho al entendimiento del control de la pandemia. Esta información nos permite, casi en tiempo real como les decía, que cada país pueda ir rastreando las variantes que tiene y se van generando dentro de su territorio.

Pero no todo es tan bueno como suena, y es que hay una gran disparidad en quién secuencia y quién vigila. Y la gran mayoría de las secuencias viene de países ricos. Menos del 2% son de Sudamérica y menos del 1% son de África. Entonces hay países que secuencian mucho más. Perú está allí como en el medio, como solíamos estar siempre en la tabla mundial, pero

podríamos hacerlo mucho mejor. Además, esto quiere decir que, si bien estamos a un nivel sin precedentes de herramientas, de vigilancia y de datos a nuestra disposición, la cantidad de datos que tenemos para Sudamérica es muy limitada en comparación con otras regiones; nuestra capacidad de vigilar y de ver lo que está circulando es muy limitada, solamente vamos a ver lo más abundante.

Y eso, en contraste con países donde hay muchos menos casos y que tienen mucha mayor capacidad de secuenciamiento. Tal vez el ejemplo más extremo es Australia y Nueva Zelandia, países que han tenido muy pocos casos, que han controlado muy bien la pandemia y que tienen una alta capacidad de secuenciamiento. Estos países están alrededor del 60% de todos los casos, tienen un genoma asociado a estos casos y, por supuesto, desde el punto epidemiológico con esa información pueden hacer muchísimo, se pueden seguir cadenas de transmisión, se puede hacer un rastreo de contactos brutal. Bien por ellos. Pero la realidad es muy distinta para nosotros en cuya región, por el altísimo número de casos que hemos tenido, en toda la región se está secuenciando menos del 0.5% de casos y, por lo tanto, nuestra representatividad o la capacidad que tenemos de detectar variantes es muy baja con este nivel de cobertura. Definitivamente yo creo que deberíamos tener más capacidad como región en subir al menos al 1% o al 2%, pero eso requiere bastante coordinación.

Y uno de los países que, a lo largo de toda la pandemia, mejor lo ha hecho es el Reino Unido, país que ha tenido muchísimos casos, pero también ha tenido muchísima capacidad de secuenciamiento. Allí están alrededor del 10% al 20% dependiendo de cuántos casos estén atendiendo. Y es importante resaltar el hecho de que en Latinoamérica tenemos poca gente, menos del 10% de la población mundial, pero tenemos aproximadamente 30% de todos los casos y muertes por Covid a lo largo de la pandemia. Entonces, la transmisión del Covid en Latinoamérica en la primera y segunda ola ha sido altísima y las posibilidades de generar variantes también son altísimas. Vemos números excesivos de muertes. Muchos países de Latinoamérica están en el top 10. Entonces, esto nos habla de que la transmisión ha sido muy intensa y, por lo tanto, nuestra capacidad de generar variantes es muy alta; sin embargo, nuestra capacidad de detectar las variantes es muy baja. Esto

de las variantes empezó a sonar recién a finales de 2020, en diciembre, cuando empieza la variante inglesa versus la africana, y todo eso.

Esta es la misma representación del virus, en forma circular. La espiga está en rojo y la primera que empezamos a escuchar es la Alfa del B.1.1.7, la determinación por el sistema, un poco más técnico. Empezó a crecer rápidamente en el sur de Inglaterra, llegó a Londres, se convirtió en el virus dominante y allí empezó a ser exportada hacia todo el planeta. ¿Qué tiene de especial o, en ese entonces, qué tenía de especial? Miren. El virus, conforme ha ido transmitiéndose, ha ido acumulando aproximadamente 1 a 2 mutaciones por mes. Entonces, a diciembre de 2020, vemos que muta aquí, muta aquí y muta aquí; pero sobre todo muta aquí en la proteína espiga. Interesante, hay algún tipo de selección ocurriendo en la proteína espiga y –digamos– hay buena información sobre las regiones, los puntos en la proteína que son importantes para el contacto con el receptor. Por ejemplo, la mutación 501 se sabe que aumenta la afinidad de la espiga por el receptor humano. Si aumenta la afinidad, entonces es más fácil que entre el virus y, por lo tanto, eso lo hace más transmisible y allí se explica la mayor transmisibilidad de Alfa. Esta 681 favorece un corte que crea un cambio conformacional que le permite al virus transmitirse más fácilmente.

Estamos viendo mutaciones que le dan una ventaja competitiva al virus sobre la versión original de Wuhan en 2020; sobre todo, lo hacen más transmisible. Y esto se empezó a ver rápidamente en el Reino Unido a finales de octubre. Alfa en rojo crece, crece, crece hasta convertirse en casi el 100% de infecciones en el Reino Unido. El Reino Unido exporta rápidamente casos hacia el resto de Europa. Y aquí vemos el caso de Dinamarca que recibe a partir de diciembre Alfa, y en cuestión de 10 a 12 semanas Alfa se come a todas las otras, o sea, se impone sobre las otras variantes. La historia se repite virtualmente en todos los países de Europa.

Esta es la otra representación lineal del genoma. Alfa ya ha infectado en todos los países que pudo, y después de 6 meses ha sido en todo el planeta. Nos habla nuevamente de qué tan rápido se mueve el virus. Estos son los primeros casos en el Reino Unido, y en el momento que empieza a exportarse crece exponencialmente hasta volverse casi el 80% de todos

los casos en el mundo. A partir de abril-mayo empieza a bajar el número de los casos en todo el mundo. También en algunas regiones Alfa empieza a caer muy rápidamente siendo desplazada por Delta. Y eso lo vamos a ver en un ratito.

La siguiente que nos concierne es Gamma P.I, variante brasilera en ese momento. Historia similar, otra serie de mutaciones, pero sobre todo en la proteína espiga. Interesante es que vemos esta misma mutación 501 que está presente en Alfa, y no es que estén relacionadas, se han desarrollado más bien de manera independiente. Este fenómeno se denomina convergencia evolutiva y por lo tanto se puede encontrar la misma mutación en distintas partes del mundo y hay convergencia. Y estas otras mutaciones 416, 484 están justamente en regiones que se sabe se unen los anticuerpos. Gamma empieza a sonar a partir de Manaus, ciudad muy grande de la Amazonía de Brasil. Tuvo una primera ola muy severa. En estudios posteriores determinaron que tres cuartos de la población de Manaus resultaron infectados. Según lo que se pensaba hace un año en el umbral de la “inmunidad de rebaño”, entonces no debería haber una segunda ola con muchas infecciones, como se dijo acá en el Perú. Sin embargo, a finales de diciembre empieza a subir, subir, subir y no paraba de subir hasta que el sistema colapsó. Esto en parte se debe a que empezó a crecer la variante P.I Gamma que contribuyó a una mayor tasa de infecciones y, por supuesto, multiplicó los casos porque era más transmisible. El problema con las variantes más transmisibles es que, sin ser más mortales, automáticamente llevan a una mayor cantidad de casos que causan más hospitalizaciones, más UCI y más fallecimientos. Gamma ya está presente en 80 países, aunque su patrón presenta una distribución un poco más limitada que el de Alfa. Partiendo desde Europa, Alfa ha conquistado a todo el mundo. Gamma se ha enquistado en los destinos frecuentes de las conexiones de Sudamérica.

Gamma llegó a lograr el 100% de las infecciones en Brasil en algún momento, un poquito de Alfa o casi 100%. Gamma ha sido exportada también a Perú, a Chile, a Argentina, sobre todo a países de la región. Y hemos visto un crecimiento muy rápido en la región nuevamente pero no llegaba a ser el 10% de los casos en todo el mundo y también lo hemos visto caer en las últimas semanas conforme ha ido creciendo Delta.

Una más. Esta es nuestra Lambda, variante C.37, patrón similar a lo que ya hemos visto. Patrón muy similar a lo largo del genoma, pero sobre todo aquí en la proteína espiga. Ha sido exportada –creemos– del Perú. No tenemos toda la evidencia, pero yo creo que se ha originado en Perú, y ha sido exportada a cuarentaitantos países. Tiene su propia combinación de mutaciones en la proteína espiga. No les puedo dar todos los detalles porque son demasiadas mutaciones, pero cada variante tiene su propia combinación única de mutaciones y la Lambda tiene la suya.

El primer caso de Lambda se empezó a ver a finales de diciembre, cuando ya empezaban a surgir los primeros casos que terminarían en la segunda ola en Perú. Hacia el pico de esta segunda ola, a finales de abril, Lambda ya dominaba el 80% de los casos. Entonces, la mayoría de casos de la segunda ola han sido atribuidos a la variante Lambda, variante que sabemos es más transmisible. Sabemos también que ha sido exportada ya a más de 40 países; el caso más notorio es Chile, pero también ha estado en Argentina y se ha reportado en Ecuador.

Y patrón de crecimiento similar es el de Gamma. Ha llegado realmente a esparcirse por el mundo. Por eso no ha sonado mucho Lambda realmente, ha sido un problema localizado, regional, menos del 1% de todas las secuencias en el mundo. Ha subido y ha vuelto a caer en algún momento. Y algunos estudios preliminares ya empiezan a indicar en el laboratorio, a confirmar que Lambda efectivamente es más transmisible. Era presumible esto por el rápido aumento de casos en el Perú en presencia de otras variantes, pero sería bueno tener evidencia de laboratorio, de alguna manera efectividad, mayor efectividad por el receptor AC2 y mayor nivel de elevación de anticuerpos asociados a algunas mutaciones que tenemos por allí.

Penúltima es la variante Mu. Historia muy similar. Miren cuánto varía aquí la proteína espiga. Un patrón de exportación a casi 49 países muy similar a lo que hemos visto con Lambda y con Gamma. O sea, mucho se comunica Sudamérica con el resto del mundo, principalmente con Norteamérica y Europa, y puede haber cortes en otras regiones por supuesto.

En Colombia se detecta por primera vez en enero, y Colombia ha tenido dos picos de casos en 2021. El

primero en enero, que ahora se sabe fue causado por variantes de 2020; en parte también por Gamma, y ha tenido un nuevo repunte alrededor de julio, el cual estuvo fuertemente asociado al aumento de la variante Mu. Entonces, así como Perú, Colombia también ha sido un país de alta transmisión, tarde o temprano generó su propia variante como en su momento hizo Brasil.

Y la variante Mu, aquí en amarillo, ha llegado a cubrir la mayoría en los casos en Colombia. Miren: en Ecuador, que está al lado, también se ha extendido bastante. En Costa Rica y en Perú se detectan algunos casos, aunque son menos del 10%. No sabemos realmente qué va a pasar con Mu, pero es probable que siga el mismo patrón de crecimiento y luego la caída de las otras dos variantes.

Y, por último, la variante Delta B.1.617.2, el nombre técnico. Junto con Alfa es la otra variante global. Ya está en casi todos los países, sobre todo en Europa donde causa nuevos brotes, pero está en todo el mundo.

Apareció a fines de 2020 en la India, también asociado al trágico y enorme pico de casos y muertes que hubo en la India donde se llegaron a registrar más de 350 mil casos por día. Y lo que preocupa muchísimo es Delta, hasta ahora la variable más transmisible que conocemos, lo cual por supuesto tiene implicancias enormes para el control de la pandemia en 2021 y preocupa mucho. Como es tan transmisible ha entrado a países dominados por la variante Alfa. Miren al Reino Unido. Rápidamente Alfa ha desplazado a todas. La historia se ha repetido una y otra vez en toda Europa. Primero ha empezado a través del Reino Unido por el nivel de conectividad del Reino Unido con la India, pero luego de allí la historia se ha repetido en todo el mundo y fuera de Europa también. Es la forma más predominante en el nuevo pico de casos en Estados Unidos, en la India es obvio y, en Sudáfrica donde se originó, la variante Beta ha sido desplazada. También está causando muchos brotes en el resto de Asia.

El problema que ha causado Delta, que asusta y preocupa a todos, es que está causando brotes en países que pensaban que lo tenían controlado a punta de vacunas, como el Reino Unido. El Reino Unido –miren– ha tenido un aumento muy rápido de casos, desde junio, que coincide con el gran avance de su vacunación, pero

tuvieron un momento de casos en paralelo a Indonesia que empezó a tener su segunda o tercera ola; ya no estoy seguro de cómo van en Indonesia. El gran efecto de las vacunas fue demostrado cuando las muertes en Indonesia empezaron a levantar rápidamente; sin embargo, las muertes en el Reino Unido se han mantenido muy bajas a pesar del aumento de casos. Delta causa brotes de estas nuevas infecciones, pero gracias a las vacunas ya no está causando tantas muertes ni hospitalizaciones. Ese es el gran efecto de las vacunas ilustrado de una manera muy trágica aquí para Indonesia.

Y por supuesto aparece esta pregunta: ¿Qué tanto van a resistir las vacunas frente a las nuevas variantes? Hay muchísimos estudios en marcha, salen evidencias nuevas todas las semanas. La tendencia es a creer que en general las vacunas funcionan, pero sí es cierto que la eficacia de las vacunas o la eficiencia en el mundo real está cayendo. Y esto se ha medido en varios países con distintas vacunas y mantienen un alto nivel de protección; entonces, se ha visto que mantienen su efecto de proteger contra la hospitalización y las muertes, lo cual es muy bueno. Pero también pueden indicar una trayectoria que preocupa mucho y es que, si el virus sigue mutando, si sigue transmitiendo, entonces, en algún momento sí va a caer la eficacia de las vacunas por debajo de niveles óptimos, y ya se está hablando de una tercera dosis y todo eso. Pero la realidad es que sí, las variantes están reduciendo la eficacia de las vacunas lentamente. Es muy poco probable que aparezca una variante que por completo burle las vacunas, eso es mucho más difícil. Pero sí se trata de un proceso gradual y que, si le damos tiempo al virus, puede el virus llegar allí.

Entonces, tenemos una alta capacidad de secuenciamiento y podemos llegar a detectar todas las variantes que estén dando vueltas por nuestros barrios. Y aquí déjenme explicarles un poquito, porque no tengo datos suficientes para hacer predicciones y no es saludable hacer predicciones sobre esto, pero estoy en conexión un poco con lo que mencionó el Dr. Munayco. Casi todos los países de la región están de baja y todos están a la espera de un nuevo aumento de casos asociado también a la llegada de la variante Delta. Países que han tenido una segunda ola muy trágica como Brasil, o Perú también que está en su punto más bajo del año. Es más, tenemos una vacunación que

está avanzando y va a seguir avanzando y al menos un 60% de la población tiene ya una dosis y algún nivel de inmunidad parcial y, además, lo que no tenemos claro, porque no hay datos actualizados, es que en general toda la región debe tener niveles muy altos de cero prevalencias. Este es un estimado de hace un año. Hace un año se estimaba que varios países de la región tenían niveles más altos de cero prevalencias como producto de primeras olas devastadoras. Entonces, luego de segundas olas devastadoras, los países de la región de Latinoamérica deberían tener los niveles más altos de cero prevalencias del mundo o al menos de los más altos. Pero todavía no sabemos cuáles son esos niveles. Pero esto definitivamente tiene que estar contribuyendo a la susceptibilidad de una mayor infección, junto con las vacunas.

Es muy difícil hacer predicciones, pero sí es obvio que la variante Delta es la que está dominando por completo, si bien Alfa en los primeros meses del año dominó todo el mundo. Delta rápidamente ha desplazado a Alfa en casi todos los países, excepto en Sudamérica hasta hace poco. En Brasil, el hogar de la variante Gamma, ya se está desplazando. En las grandes ciudades de Brasil ya Gamma están en menos del 10% y Delta está aumentando muchísimo.

México hace rato que fue desplazado ya por Delta. En Perú, desde mayo, empiezan a subir los casos de Delta y también apunta en esa dirección. Colombia, otra fábrica de variantes, también apunta en esa dirección. Delta ha tardado en llegar en parte porque nosotros fabricamos nuestras propias variantes; pero, una vez que ha llegado su alta transmisibilidad, es muy difícil de superar, e historias similares se dan en estos momentos en Chile, Argentina y Ecuador.

Y estos son los datos más actualizados que no están disponibles en Isaid, pero los sacamos del portal del INS: hay un claro descenso de Lambda, ligero aumento de Mu y un aumento notorio de la variante Delta. O sea, hay una tendencia al crecimiento y es muy probable que termine Delta dominando en las próximas semanas.

Miren, hay dos tipos de variantes aquí. Las variantes globales, que vienen desde fuera y han sido muy exitosas, y las variantes locales. Alfa dominó el mundo en la primera mitad del año, pero en Sudamérica no llegó a tener una mayor dominancia, no llegó a más del

10%, porque Sudamérica creó sus propias variantes. La variante Gamma, la Lambda y la Mu que han tenido su apogeo, pero también se han visto cayendo en las últimas semanas conforme la variante Delta empieza a levantar en la región. Sudamérica ha sido la última región; con todo, una vez que ha llegado, parece que está dominando por completo o va a terminar dominando por completo, aunque siempre van a mantenerse en algunos lugares donde circulen en forma limitada estas variantes. Pero lo que estamos empezando a ver es que, en menos de un año, la variante Delta ha salido de la India y ha reemplazado a todas las otras variantes del virus. Esto no es nada nuevo, esto ocurre con la influenza, por ejemplo. El virus de la influenza hace esto cada 3 años aproximadamente y no esperábamos ver algo tan rápido, un reemplazo total en menos de un año. Esto tiene consecuencias importantes para el resto de la pandemia. Las industrias farmacéuticas harían bien en diseñar sus nuevas vacunas contra la variante Delta, porque claramente es la que va a ser la dominante. Supongo que ya están haciendo esa estrategia.

Bueno, aquí termina mi reseña. Sólo quiero hablarles un momento más sobre el proyecto, porque tenemos muchos datos, pero ¿cómo se generan los datos? Los datos se generan en colaboración. Está nuestro grupo en la Universidad Peruana Cayetano Heredia, la Pontificia Universidad Católica del Perú, el INS, y Fondecyt-Concytec. Ahora Pro-Ciencias financió todo esto, hay instituciones del extranjero y estamos trabajando, tratando de expandir la red a otras regiones, que no se quede todo en Lima.

Hay un trabajo muy interesante en marcha con la UNSA y con la Universidad Toribio Rodríguez de Chachapoyas. Hay un equipo excelente en la Cayetano, equipos de laboratorios que tenemos en varias universidades del país. Entonces, lo que estamos tratando de hacer es expandir. En Lima hay tres universidades y el INS y hay capacidad de secuenciar, podemos duplicar la capacidad de secuenciar de Lima, podemos también implementar en Chachapoyas y en Arequipa. Ya hemos entrenado a estos equipos en la Cayetano para estandarizar los protocolos. Y también hace poco hemos estado con nuestros colegas de la UNSA, para estandarizar esto y tener básicamente ojos y oídos por todo el país.

Entonces, este consorcio junto con el INS ya ha generado más de 5 mil genomas en el Perú. Estamos creando, pues, estos mapas de distribución de variantes por región, y esta información permite -idealmente permite- diseñar mejores medidas de control y de prevención de la pandemia.

El punto importante con el que quiero cerrar es que -así como cuando todo se centralizó en Lima, hace un año con los PCRs, hubo un cuello de botella enorme- creo que estamos empezando a ver lo mismo con la generación de los genomas: todo está ocurriendo en Lima. Lo que tenemos que promover es descentralizar todo esto porque hay laboratorios habilitados en todo el país y es una pena que solamente haya en la realidad 6 laboratorios de universidades. Pero estamos tratando de trabajar con las universidades, para desarrollar capacidades y tener vigilancia genómica en regiones. Porque, una vez que se acabe este virus, van a venir otros y las mismas técnicas se aplican para distintos patógenos. Entonces, a lo que deberíamos apuntar es a descentralizar y generar capacidad de forma regional. No mandar todo a Lima, que se haga todo en Lima como siempre hemos hecho, porque eso va a generar cuellos de botella y podríamos desarrollar esto de una forma mucho más bonita, como generalmente hacen en otros países. Otros países han buscado una colaboración interinstitucional. El caso más notorio es el del Reino Unido. Esta diapositiva es vieja, pero el Reino Unido ya secuenció 1 millón de genomas y lo hacen porque trabajan en colaboración. España a menor escala también tiene algo así. Incluso más cerca, Argentina firmó un consorcio interinstitucional financiado por el Ministerio de Ciencias, donde participan Academia, Gobierno y privados. Lo que buscamos aquí es colaboración. Entonces, creo que ese es el modelo que deberíamos adoptar, creo que deberíamos abrirnos todos un poco más.

Aquí cierro toda mi presentación, y creo que las preguntas vienen al final. Muchas gracias nuevamente por la invitación, y con eso acabo. Gracias.