

BOLETÍN DE PRENSA

Variante B.1.621, identificada y caracterizada por primera vez en Colombia fue clasificada como variante de interés.

La OMS denominó como Mu (letra del alfabeto griego) a la variante B1.621, que fue identificada, estudiada y descrita por científicos del Instituto Nacional de Salud de Colombia.

Bogotá, agosto 31 de 2021. Esta variante identificada por primera vez en Colombia, el pasado mes de enero, está emparentada con el linaje B.1 que circula tradicionalmente en el país desde el inicio de la pandemia. Lo que llamó la atención a los científicos del INS sobre esta variante es que presenta tres mutaciones de interés en la proteína S del virus, que se conoce como proteína Spike, por lo que la B.1.621, ahora Mu, fue siempre objeto de especial seguimiento y observación por el grupo de genómica y microorganismos emergentes del INS.

Ese interés de los expertos y sus hallazgos acaban de ser confirmados nuevamente porque al ser definida por la OMS como variante de interés mundial, significa que su presencia está asociada a características como alta transmisibilidad.

Fue en el mes de julio, cuando la B.1 comenzó a existir bajo la denominación B.1.621 y es mediante análisis filogenéticos y evolutivos realizados por el INS, que se logra su plena caracterización y se observa su rápida dispersión por los distintos departamentos de país. Tanto así que la B.1.621 es, junto con otros factores, la responsable de que el país viviera un tercer pico de la pandemia con una gran número de contagios, muy superior a los anteriores.

El INS inició la vigilancia genómica intensificada del virus SARS-CoV-2 en el país desde el comienzo de la pandemia y trece meses después, en el mes de abril de este año, solicitó a los administradores de la Plataforma Pangolín, la codificación y asignación de un nombre para las secuencias provenientes del linaje B.1 en las que se observaban las mutaciones de interés y que hoy ha pasado a ser la variante de interés Mu (B.1.621).

El sistema de clasificación de los linajes del SARS-CoV-2 conocido como Pangolín, es un algoritmo propuesto por virólogos de mucho reconocimiento mundial y fue diseñado para la asignación filogenética de los distintos linajes detectados en la pandemia. Lo que hace ese sistema es unificar y universalizar un nombre exclusivo. Luego se realiza la clasificación como de interés o preocupación, por las autoridades en salud internacionales, que es precisamente lo que acaba de suceder con Mu.

Para la directora general del INS, Martha Ospina, el anuncio hecho por parte de la Organización Mundial de la Salud, OMS, de clasificar la variante B.1.621 como un linaje de interés para el mundo, confirma la calidad técnica de los análisis de vigilancia genómica hechos por el país.

“Este aporte científico nos confirma varias cosas, que la estrategia de vigilancia genómica definida por Colombia funciona y que gracias a la rigurosidad de nuestros análisis, el país genera evidencia útil y práctica para tomar decisiones en medio de la pandemia”, concluyó la directora del INS.