

## **Dinámica evolutiva del SARS-CoV-2 en Valle del Cauca, Colombia**

David Esteban Valencia Valencia<sup>1</sup>, Nelson Rivera Franco<sup>1,2</sup>, Andres Castillo<sup>1</sup>, Melissa Solarte Cadavid<sup>1</sup>, Erica M. Aristizábal, Flor Saa<sup>1</sup>, Beatriz Parra Patiño<sup>2</sup>, Diana López Alvarez<sup>1,2</sup>

1) Laboratorio de Técnicas y Análisis Ómicos - TAOLab/CiBioFi, Facultad de Ciencias Naturales y Exactas, Universidad del Valle, Calle 13 No 100-00, Cali, Colombia

(2) Grupo VIREM - Virus Emergentes y Enfermedad, Escuela de Ciencias Básicas, Facultad de Salud, Universidad del Valle, Calle 4B # 36-00, Cali, Colombia

([david.esteban.valencia@correounivalle.edu.co](mailto:david.esteban.valencia@correounivalle.edu.co))

El estudio de la dinámica evolutiva del coronavirus SARS-CoV-2 responsable de la actual pandemia COVID-19 y su posibilidad de una continua transmisión en ciertas poblaciones humanas, ha permitido monitorear diferentes variantes virales que en algunos casos se han relacionado con un aumento en el número de casos positivos e indirectamente en el aumento de la mortalidad por la falta de respuesta efectiva de los servicios de salud debido a la alta demanda que ha generado la enfermedad. Para Colombia se han identificado variantes de preocupación (VOC, por sus siglas en inglés) Alfa, Gamma, Delta y Omicron. Igualmente, variantes de interés como Lambda y Mu, (VOI, por sus siglas en inglés) predominantes en Sur América. El objetivo del presente estudio fue analizar la dinámica evolutiva de linajes de SARS-CoV-2 identificados en la población del departamento del Valle del Cauca, Colombia, en una ventana temporal de un año. Para ello, se recopilaron y alinearon secuencias completas con disponibilidad de metadatos en las bases de datos de GISAID y NCBI. Se examinaron patrones relacionados con la dinámica mutacional del virus mediante estadísticos genéticos descriptivos como el cambio de las frecuencias de los polimorfismos de único nucleótido (SNPs) a través del tiempo y se estimó la variabilidad nucleotídica a partir de modelos de evolución molecular y filogenómicos. Además, se analizó las posibles rutas de migración del virus en el departamento del Valle del Cauca. Se identificaron 65 linajes según la asignación de Pangolin, entre los cuales se encontraron dos VOI (Lambda y Mu), y cuatro VOC (Alpha, Gamma, Delta y Omicron). Estableciendo que el mayor recambio de linajes estuvo asociado con el pico epidémico observado entre abril y agosto de 2021. La mayor diversidad, de 26 linajes, fue observada en agosto de 2021, con un aumento paulatino de Delta hasta lo reportado para mediados de noviembre, siendo la variante más predominante para la región en la actualidad (enero de 2022). Se espera que el linaje Omicron, la más reciente VOC reportada en el departamento, pase a ser el linaje dominante en el primer semestre del 2022.