

Respuesta a carta sobre el artículo “Tiempo de ciclado y carga viral en pacientes infectados por SARS-CoV-2 en Sonora, México”

Reply to the letter about the article “Cycle threshold and viral load in SARS-CoV-2-infected patients in Sonora, Mexico”

Denica Cruz-Loustaunau,¹ Gerardo Álvarez-Hernández,^{1*} Ma. del Carmen Candia-Plata¹ y Marcia Leyva-Gastelum²

¹Departamento de Medicina y Ciencias de la Salud, Universidad de Sonora; ²Servicios de Salud de Sonora, Laboratorio Estatal de Salud Pública del Estado de Sonora. Sonora, México

He leído con interés los comentarios de Ramírez García respecto al artículo “Tiempo de ciclado y carga viral en pacientes infectados por SARS-CoV-2 en Sonora, México”. Comparto su opinión acerca de la conveniencia de integrar un algoritmo de diagnóstico clínico-genético a las actuales herramientas de análisis clínico y de laboratorio. La sugerencia de considerar las variantes del genoma viral del SARS-CoV-2 en futuros estudios es particularmente interesante, en cuyo caso la metagenómica proveería de información más detallada sobre la relación entre tales variantes del genoma viral y el valor del tiempo de ciclado (Ct, *cycle threshold*), lo que fortalecería la detección temprana y la implementación de medidas preventivas.¹

Es relevante la observación respecto a la prolongada presencia del virus en los tejidos y su posible relación con COVID-19 prolongado. Comprobar la reactivación viral meses después del control de la infección puede ofrecer una nueva perspectiva sobre cómo la determinación del Ct y de la carga viral apoyaría el seguimiento y la atención de casos de COVID-19 prolongado. Si bien es interesante su sugerencia de incluir las muestras de heces como un marcador potencial de COVID-19 prolongado, aún no existe evidencia suficiente para su empleo poblacional.

Es necesario que se integren pruebas moleculares como el valor del Ct mediante PCR cuantitativa en

tiempo real en las estrategias de seguimiento y manejo de COVID-19 y su variante prolongada, ya que ayudaría a comprender mejor la dinámica de la enfermedad y tomar decisiones informadas en la salud pública.² Incluir sistemáticamente al valor del Ct en los resultados positivos a SARS-CoV-2, ampliar la disponibilidad de pruebas para el diagnóstico y seguimiento, y evaluar la presencia de SARS-CoV-2 en diferentes tejidos, puede incidir positivamente en la vigilancia epidemiológica y la toma de decisiones en políticas de salud pública.

Agradecimientos

Los autores agradecen al Laboratorio Estatal de Salud Pública del estado de Sonora por su disposición a compartir datos para la realización del presente estudio.

Financiamiento

Esta investigación no dispuso de fuentes de financiamiento.

Conflicto de intereses

Los autores declaran no tener conflicto de intereses.

*Correspondencia:

Gerardo Álvarez-Hernández

E-mail: gerardo.alvarez@unison.mx

0016-3813/© 2023 Academia Nacional de Medicina de México, A.C. Publicado por Permanyer. Este es un artículo *open access* bajo la licencia CC BY-NC-ND (<http://creativecommons.org/licenses/by-nc-nd/4.0/>).

Fecha de recepción: 31-08-2023

Fecha de aceptación: 27-10-2023

DOI: 10.24875/GMM.23000361

Gac Med Mex. 2024;160:116-117

Disponible en PubMed

www.gacetamedicademexico.com

Responsabilidades éticas

Protección de personas y animales. Los autores declaran que para esta investigación no se realizaron experimentos en seres humanos ni en animales.

Confidencialidad de los datos. Los autores declaran que en este artículo no aparecen datos de pacientes.

Derecho a la privacidad y consentimiento informado. Los autores declaran que en este artículo no aparecen datos de pacientes.

Uso de inteligencia artificial para generar textos.

Los autores declaran que no han utilizado ningún tipo de inteligencia artificial generativa en la redacción de este manuscrito ni para la creación de figuras, gráficos, tablas o sus correspondientes pies o leyendas.

Bibliografía

1. Sen R, Garbati M, Bryant K, Lu Y. Epigenetic mechanisms influencing COVID-19. *Genome*. 2021;64(4):372-385.
2. Yong SJ. Long COVID or post-COVID-19 syndrome: putative pathophysiology, risk factors, and treatments. *Infect Dis*. 2021;53(10):737-754.