

# VARIANTES DEL VIRUS SARS-COV-2 FUTURO Y RETOS

Aneth María , Vásquez Michel <sup>1</sup>

<https://www.doi.org/10.55209/CEIlibro2.9>

## RESUMEN

La pandemia por COVID-19 nos ha llevado a vivir una situación sin precedentes que además en muchos casos ha dirigido a cambios en nuestro comportamiento como seres sociales. La pandemia se caracterizó por la falta de información con evidencia científica; una de ellas y quizás la principal fue el surgimiento y circulación de las diferentes variantes genéticas del virus SARS-CoV-2, cuyo origen se debe simplemente a cambios evolutivos y adaptativos que el virus experimenta con el único objetivo de lograr ventaja genética para poder sobrevivir.

El grupo de instituciones de referencia como: Centros de Control y la Prevención de enfermedades (CDC), Institutos Nacionales de Salud (NHI), la Administración de Alimentos y Medicamentos (FDA), se centraron en la caracterización de las variantes emergentes en tiempo real, monitoreando su impacto epidemiológico, clínico, incluidas las vacunas, tratamientos y el diagnóstico.

El presente artículo tiene por objetivo, aclarar algunos conceptos y definiciones importantes que guíen a la comprensión de ciertos aspectos relevantes que permitan comprender cuan significativa es la aparición de nuevas variantes, el futuro de éstas, así como los retos que representan para la comunidad científica y la sociedad.

**PALABRAS CLAVE:** SARS-CoV-2, COVID-19, variante genética, secuenciación genómica, epidemiología genómica.

---

<sup>1</sup> Bioquímica . Maestría en Ciencias Biológicas y Biomédicas U.M.S.A Miembro Titular de la Organización Boliviana de Mujeres en Ciencia. Academia Nacional de Ciencias. Universidad Mayor de San Andrés. <https://orcid.org/0000-0002-3743-262X>

# **SARS-COV-2 VIRUS VARIANTS FUTURE AND CHALLENGES**

## **ABSTRACT**

The COVID-19 pandemic has led us to live an unprecedented situation that in many cases has also led to changes in our behavior as social beings. The pandemic was characterized by the lack of information with scientific evidence; one of them and perhaps the main one was the emerge and circulation of the different genetic variants of the SARS-CoV-2 virus, whose origin is simply due to evolutionary and adaptive changes that the virus undergoes with the sole objective of achieving genetic advantage in order to survive.

The group of reference institutions such as the Centers for Disease Control and Prevention (CDC), National Institutes of Health (NHI), Food and Drug Administration (FDA), focused on real-time characterization of emerging variants, monitoring their epidemiological and clinical impact, including vaccines, treatments and diagnostics.

In this sense; the present article aims to clarify some important concepts and definitions that guide us to the understanding of certain relevant aspects that allow us to understand how significant is the emergence of new variants, the future of these, as well as the challenges they represent for the scientific community and society

**KEY WORDS:** SARS-CoV-2, COVID-19, genetic variant, genomic sequencing, genomic epidemiology.

## **INTRODUCCION**

SARS-CoV-2, es el nombre científico del virus que produce la enfermedad COVID-19, sigla que significa Síndrome Respiratorio Agudo Severo Coronavirus-2 (Diaz, 2020).

El término variante en microbiología, se utiliza para describir un subtipo de un microorganismo que es genéticamente distinto de un ancestro principal, pero que no es lo

suficientemente distinto como para ser considerado una nueva cepa, por lo tanto, lo que ahora se tienen variantes nuevas en circulación y no así cepas (Llanos, 2021).

Cuando los virus se propagan, “mutan”, es decir producen cambios únicos en sus genomas que pueden llegar a desembocar en ciertas características como: la modificación de la transmisión del virus, severidad de la enfermedad, compromiso de la eficacia de la respuesta del sistema inmune, cobertura de las vacunas. }, lo que los hace diferentes a el microorganismo inicial, con cualidades también diferenciadas, aunque con morfología en ocasiones similar.

Constantemente surge una nueva variante del virus, por lo que la Organización Mundial de la Salud (OMS), le asigna un nombre basado en una letra del alfabeto griego, que permite identificarlos en función al orden de aparición. De este modo, las principales variantes circulantes en la actualidad son delta y ómicron con sus linajes BA.2, BA.4 BA.5 y un recombinado que está en estudio entre BA.1 y BA.2, los mismos que se han notificado ya en varios países y serían las variantes responsables de la última ola de la enfermedad hasta julio de 2022 (Llanos, 2021).

El verdadero impacto de las variantes, es la generación de nuevas olas de la enfermedad, por lo que es posible que las medidas restrictivas sean menos efectivas ante las nuevas variantes, la que tendrán mayor infectividad o bien porque la inmunidad de rebaño alcanzada con una variante previa ya no resulte efectiva.

## **DESARROLLO**

La OPS/OMS recomienda realizar el seguimiento constante de las variantes a través de la secuenciación genómica del virus. Para fundamentar las investigaciones de brotes locales y comprender las tendencias nacionales, los científicos comparan las diferencias genéticas entre los virus para identificar las variantes y su relación entre ellas (OPS /OMS, 2021).

### **Importancia de las variantes genéticas del SARS- CoV- 2**

Si bien muchos científicos se encontraban escépticos acerca de la importancia de la circulación de las nuevas variantes del virus, la aparición de las ultimas variantes delta y ómicron, ha suscitado preocupación generalizada debido a aspectos como: la relación con el

desenlace de la pandemia, cambio en el comportamiento clínico, necesidad de evaluación no solo del virus sino también del huésped, evaluación de la infectividad, riesgo de mortalidad y efectividad de las vacunas; además de aspectos como el COVID prolongado, impulso de los estudios del síndrome post COVID-19 y efectos en la esfera psicoafectiva tanto en usuarios internos y externos de Centros de Salud (Nicholas G, 2021).

### **Identificación y seguimiento de las variantes**

El surgimiento e identificación de variantes nuevas se monitorea de manera rutinaria a través de la vigilancia genómica, vigilancia epidemiológica y estudios de laboratorio.

Desde el año 2020 se ha realizado la identificación de más de 845.000 secuencias genómicas completas generadas a nivel mundial a través de plataformas de acceso público GISAID y Nextstrain. La capacidad de monitorear la evolución del virus casi en tiempo real tiene impacto directo en la respuesta de salud pública a la pandemia (OMS, 2020).

Dada la continua evolución del virus y la comprensión en el impacto de las variantes sobre la salud pública, estas pueden clasificarse en base a sus atributos y prevalencia a nivel mundial en : variantes de preocupación (VOC), variantes de interés (VOI), variante bajo monitoreo (VBM), variante con grandes consecuencias (VOHC), hasta la fecha, no se ha identificado ninguna variante de gran consecuencia mundial ( (OPS /OMS, 2021) (Center for Disease Control and Prevention, 2022).

### **CONCLUSIONES**

El surgimiento de nuevas variantes del SARS-CoV-2 con características epidemiológicas y clínicas notables continuará dándose mientras permanezca en contagio masivo.

Es imperativo que continúe la secuenciación genómica exhaustiva para vigilar la aparición de nuevas variantes a través de sistemas de alerta genómica temprana. Se necesita evaluar la efectividad de las vacunas contra las nuevas variantes y reformularlas periódicamente, además de recomendar que se desarrollen de acuerdo a las necesidades regionales, para dar respuesta a brotes generados en diferentes países.

## REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- CDC. (2022). SARS-CoV-2 variant classifications and definitions. Centers for Disease Control and Prevention. <https://www.cdc.gov/coronavirus/2019-ncov/variants/variant-classifications.html>
- Documentos técnicos de la OPS - Enfermedad por el Coronavirus (COVID-19)*. (s/f). Paho.org. Recuperado el 25 de septiembre de 2022, de <https://www.paho.org/es/documentos-tecnicos-ops-enfermedad-por-coronavirus-covid-19>
- Llanos-Tejada, F., & Villanueva-Villegas, R. (2021). Variants in COVID: Research Opportunity. *Revista de la Facultad de Medicina Humana*, 21(2), 257–258. <https://doi.org/10.25176/rfmh.v21i2.3743>
- Médico, E., Médicas, P., Clínica, E., & Profesor, V. (2020) SARS-Cov-1/COVID-19: el virus, la enfermedad y la pandemia . 24(3): 183-205. *Microbiology* . Artículo de revisión. Bvsalud.org. Recuperado el 25 de septiembre de 2022, de <https://docs.bvsalud.org/biblioref/2020/05/1096519/covid-19.pdf>
- Abott, S., Barnard, R., Jaris, C. ( 2021) Estimated transmissibility and impacto f SARS-CoV-2 lineage B.1.1.7 in England . *Science* 372 (149): 1-54 DOI:[10.1126/science.abg3055](https://doi.org/10.1126/science.abg3055)
- OMS/OPS Seguimiento de las variantes del SARS-CoV-2. (s/f). Who.int. Recuperado el 25 de septiembre de 2022, de <https://www.who.int/es/activities/tracking-SARS-CoV-2-variants>