



Revista Médica de Trujillo

Publicación oficial de la Facultad de Medicina de la Universidad Nacional de Trujillo - Perú

Editorial

Variantes del SARS-COV-2

SARS-COV-2 variants

Juan Jorge Huamán-Saavedra

El mundo padece un aumento importante de casos del Covid 19. Al día de hoy 7 de febrero a las 13.23, el Coronavirus Resource Center de la Johns Hopkins University¹ reporta 105.962.538 casos en 192 países con 2.313.136 muertes con un incremento de 70% y 50 % respectivamente en 71 días. Estados Unidos, India, Brazil, Reino Unido y Rusia ocupan los primeros lugares. Perú ocupa el lugar 18 con 1.180.478 casos y 42.121 muertes con un incremento en el mismo tiempo de 23,18% y 17,52% respectivamente.

La aparición de mutaciones es un evento natural y esperado dentro del proceso de evolución de los virus. Desde la caracterización del genoma inicial del SARS-CoV-2, este virus se ha dividido en diferentes grupos genéticos. De hecho, algunas mutaciones específicas definen los grupos genéticos virales (también denominados linajes) que circulan actualmente a nivel global. Por microevolución y presiones de selección, pueden aparecer algunas mutaciones adicionales, generando diferencias al interior de cada grupo genético (denominadas variantes)².

En enero se reportó la variante danesa³. Posteriormente se han reportado la aparición de tres variantes del Covid-19, denominadas británica, sudafricana y brasileña^{2,3,4}. El 14 de diciembre de 2020, las autoridades del Reino Unido notificaron a la OMS una variante denominada por el Reino Unido como SARS-CoV-2 VOC 202012/01 B.1.1.7. Contiene 23 sustituciones de nucleótidos y no está relacionada

filogenéticamente con el virus SARS-CoV-2 que circulaba en el Reino Unido en el momento en que se le detectó³. Se propaga con mayor facilidad y rapidez que las otras variantes. En enero del 2021, los expertos del RU informaron que puede estar asociada a un mayor riesgo de muerte⁵, pero se requieren mayores investigaciones. Hasta el 25 de enero de 2021, fuera del Reino Unido, 62 países y territorios de las seis regiones de la OMS han notificado casos importados o transmisión comunitaria de VOC 202012/01. En el Perú el MINSA anunció el primer caso de esta variante británica el 8 de enero⁶.

En Sudáfrica el 18 de diciembre fue oficialmente anunciada la aparición de una nueva variante llamada B.1.351, independientemente de la B.1.1.7. Sudáfrica ha denominado a esta variante 501Y.V2, debido a una mutación N501Y. Si bien la variante VOC 202012/01 también tiene la mutación N501Y, el análisis filogenético ha demostrado que 501Y.V2 detectada en Sudáfrica es una variante diferente. La B.1.351 comparte algunas mutaciones con la B.1.1.7. Sin embargo se refiere su existencia desde noviembre y que se había expandido por toda la región, asociada a una mayor carga viral y potencialmente una mayor transmisibilidad^{2,3,4}. Hasta el 25 de enero de 2021, fuera de Sudáfrica, 30 países de cinco de las seis regiones de la OMS han notificado casos de variante 501Y.V2.

El 9 de enero de 2021, Japón notificó a la OMS sobre una nueva variante del SARS-CoV-2, B.1.1.28

(inicialmente informada como B.1.1.248) o P1, detectada en cuatro viajeros procedentes de Brasil. Esta variante, no está relacionada de manera cercana a las variantes SARS-CoV-2 VOC 202012/01 ni a la variante 501Y.V2 y había sido identificada en diciembre de 2020 en Manaus, estado de Amazonas, Brasil. Esta variante tiene 12 mutaciones en la proteína espícula, que incluyen tres mutaciones de interés en común con 501Y.V2, es decir, K417N / T, E484K y N501Y, que pueden afectar la transmisibilidad y respuesta inmune del huésped ^{2,4}. Hasta el 25 de enero de 2021, 8 países y territorios en tres de las seis regiones de la OMS han notificado casos de variante P.1, linaje B.1.1.28. Brasil y Estados Unidos han notificado casos⁴, en el Perú se informó el 4 de febrero que la variante ha sido detectada en pacientes positivos a covid-19 en Loreto, Huánuco y Lima ⁷

El estudio de las variantes genéticas es una manera de seguir la evolución de la pandemia ya que puede afectar la propagación, la contagiosidad, el grado de compromiso de los pacientes y la mortalidad por consiguiente. Significa un trabajo en red de los laboratorios de biología molecular. Hasta el 25 de enero de 2021, 32 países y territorios de las Américas, incluyendo al Perú, han publicado en la plataforma GISAID 94.183 genomas del SARS-CoV-2, recolectados entre febrero 2020 y enero 2021⁴.

Nuestro país enfrenta una segunda ola del Covid-19, habiéndose decretado una cuarentena focalizada en

Lima y algunas regiones del país. Se requiere implementar con esmero las medidas de bioseguridad en la población general. La llegada de la vacuna es una esperanza para el inicio del fin de esta pandemia, que tanto ha afectado a nuestro país y al mundo.

1. John Hopkins University. Coronavirus Research Center. Covid-19. 7 febrero 9.22 a.m 2021 (Citado 7 de febrero 2021) Disponible en <https://coronavirus.jhu.edu/map.html>
2. CDC. Variantes nuevas del virus que causa el COVID-19 . Actualizado al 2 de febrero. (Citado 7 de febrero 2021). Disponible en <https://espanol.cdc.gov/coronavirus/2019-ncov/transmission/variant.html>
3. WHO. SARS-CoV-2 Variants. Disease Outbreak News 31 December 2020 <https://www.who.int/csr/don/31-december-2020-sars-cov2-variants/en/>
4. OPS. Actualización epidemiológica: Variantes de SARS-CoV-2 en las Américas. 26 de enero de 2021
5. Gobierno del Reino Unido. NERVTAG paper on COVID-19 variant of concern B.1.1.7. Publicado el 22 de enero de 2021. Disponible en: <https://bit.ly/39fT5hd>
6. Minsa confirma primer caso en el país de variante del covid 2019 hallada en Europa. El Peruano 7 de febrero. <https://elperuano.pe/noticia/113120-minsa-confirma-primer-caso-en-el-pais-de-variante-del-covid-2019-hallada-en-europa-video>
7. Minsa confirma variante brasileña del covid-19 en Loreto, Huánuco y Lima. Andina febrero 4 <https://andina.pe/agencia/noticia-minsa-confirma-variante-brasilena-del-covid19-loreto-huanuco-y-lima-832533.aspx>