

LA ÓMICRON VISTA CON UN ANÁLISIS MOLECULAR.

OMICRON VIEW A MOLECULAR ANALYSIS.

Britto Ebert Falcón-Guerrero^{1,a}

¹ Doctor en Estomatología, Especialista en periodoncia e implantología.

^a Asociación peruana de periodoncia y oseointegración-APPO.

Correspondencia: Britto Ebert Falcón-Guerrero. ✉ artden2000@hotmail.com

Recibido: 05/02/2022

Aceptado: 12/02/2022

Citar como: Falcón-Guerrero B. La ómicron vista con un análisis molecular. *Rev méd Trujillo*.2022;17(1):007-008. doi: <https://doi.org/10.17268/rmt.2022.v17i1.4260>

Sr. Editor:

La variante preocupante Omicron, fue un hallazgo del SARS-COV-2 dentro del síndrome respiratorio agudo severo, se obtuvieron las secuencias del genoma completo de las variantes del SARS-CoV-2, se alinearon con Clustal Omega, se calculó la comparación por pares, se observaron las diferencias, el porcentaje de identidad, las brechas y las mutaciones, y se generó la matriz de identidad [1].

Los resultados de las pruebas de reacción rápida en cadena de la polimerasa (PCR) podrían mejorar las estimaciones de la prevalencia de Omicron en todo el mundo. El ampliamente utilizado ensayo de PCR COVID-19 de Thermo Fisher TaqPath fue valioso para rastrear la propagación del síndrome respiratorio agudo severo (COV Alfa) porque una delección de los aminoácidos 69 y 70 en el gen espiga de Alfa ($\Delta 69-70$) produce un gen S distinto ausente a pesar de los resultados positivos de las pruebas. El Delta VOC carece de esta delección y, por lo tanto, es positivo para el gen S (S) en las pruebas de PCR TaqPath [2]. El COV de Omicron comparte el pico de eliminación $\Delta 69-70$ con Alpha, que ha caído a niveles insignificantes en todo el mundo. Por lo tanto, la frecuencia de S⁺ los resultados se pueden utilizar como un indicador rápido de la frecuencia de los casos de Omicron, siempre que la detección inicial de la circulación local se haya confirmado mediante secuenciación [3].

Traer todos los resultados de la Omicron se agrupan en una forma más casual estudiada; los datos del gen S podrían servir como un proxy para las estimaciones de la prevalencia de Omicron COV y ayudarnos a comprender la fracción de infecciones causadas por Omicron (versus Delta) y la gravedad de los casos de Omicron, medida por la mortalidad y la hospitalización. En entornos de bajos recursos donde el muestreo genómico está ausente, es poco frecuente o se caracteriza por largos tiempos de respuesta [4]. los datos del gen S ayudarán a revelar el riesgo que Omicron representa para el control de la pandemia. Finalmente, a través de la síntesis con datos serológicos, [5] los datos del gen S, compartidos en tiempo real, podrían ayudar a evaluar el grado de protección inmune conferido por la inmunidad natural y provocada por la vacuna en los casos de Omicron.

La variante Omicron también comparte varias mutaciones con las variantes VOC Alpha, Beta y Gamma anteriores, lo que inmediatamente generó preocupaciones globales sobre la transmisibilidad viral, la patogenicidad y la evasión inmune; los depositantes de la base de datos de la Iniciativa Mundial para compartir todos los datos sobre la influenza (GISAID) deben utilizar el campo de "estrategia de muestreo" no obligatorio recientemente introducido observar cómo se seleccionan y muestrean virus, incluido si las muestras fueron asos para la secuenciación del genoma del específicamente dirigidas para la secuenciación

basada en S⁻ Resultados de PCR [6]. Los conjuntos de datos genómicos de virus se pueden compilar a partir de casos que se sabe han sido muestreados aleatoriamente de una población determinada y analizados para generar estimaciones más precisas del crecimiento de Omicron en relación con otras variantes. Las estrategias de muestreo estándar incluyen el muestreo comunitario aleatorio [6, 7], la vigilancia específica de subpoblaciones definidas y el muestreo mejorado para investigar brotes o grupos específicos.

El seguimiento de linajes y variantes del SARS-CoV-2, ha proporcionado información valiosa sobre su propagación casi en tiempo real. Sin embargo, las intensidades de secuenciación del genoma y los tiempos de respuesta varían sustancialmente en todo el mundo; en la mayoría de los países, se tarda más de 21 días después de la recolección de la muestra en depositar los datos en GISAID. Además, las estrategias de muestreo utilizadas para seleccionar muestras para su secuenciación son heterogéneas entre regiones geográficas y, a menudo, no se informan en los metadatos del genoma del virus [8].

En estos momentos de alta capacidad de riesgo y guiar la política, existe una necesidad urgente de incentivar el intercambio rápido de datos de vigilancia genómica y estratificada por genes S bien anotados a nivel mundial. Al actuar con

rapidez, transparencia y consistencia, podemos establecer normas para apoyar mejores respuestas globales a las nuevas variantes emergentes que aparezcan en cambios de nuestra población.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- [1] Kandeel M, Mohamed MEM, Abd El-Lateef HM, Venugopala KN, El-Beltagi HS. Omicron variant genome evolution and phylogenetics. *J Med Virol*. 2021 Dec 10. doi: 10.1002/jmv.27515
- [2] Chen J, Wang R, Gilby NB, Wei GW. Omicron (B.1.1.529): Infectivity, vaccine breakthrough, and antibody resistance. *ArXiv [Preprint]*. 2021 Dec 1:arXiv:2112.01318v1
- [3] Kannan S, Shaik Syed Ali P, Sheeza A. Omicron (B.1.1.529) - variant of concern - molecular profile and epidemiology: a mini review. *Eur Rev Med Pharmacol Sci*. 2021 Dec;25(24):8019-8022. doi: 10.26355/eurrev_202112_27653
- [4] Thakur V, Ratho RK. OMICRON (B.1.1.529): A new SARS-CoV-2 variant of concern mounting worldwide fear. *J Med Virol*. 2021 Dec 22. doi: 10.1002/jmv.27541
- [5] Ferré VM, Peiffer-Smadja N, Visseaux B, Descamps D, Ghosn J, Charpentier C. Omicron SARS-CoV-2 variant: What we know and what we don't. *Anaesth Crit Care Pain Med*. 2021 Dec 10;41(1):100998. doi: 10.1016/j.accpm.2021.100998
- [6] He X, Hong W, Pan X, Lu G, Wei X. SARS-CoV-2 Omicron variant: Characteristics and prevention. *MedComm (2020)*. 2021 Dec 16;2(4):838-45. doi: 10.1002/mco2.110
- [7] Wang Y, Zhang L, Li Q, Liang Z, Li T, Liu S y et al. The significant immune escape of pseudotyped SARS-CoV-2 variant Omicron. *Emerg Microbes Infect*. 2022 Dec;11(1):1-5. doi: 10.1080/22221751.2021.2017757
- [8] Burki TK. Omicron variant and booster COVID-19 vaccines. *Lancet Respir Med*. 2021 Dec 17;10(2):e17. doi: 10.1016/S2213-2600(21)00559-2