



Boletín **37**

Variantes de  
**SARS-CoV-2**



Colmena  
Seguros



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

denominaciones de clado, linaje, variante, etc., son arbitrarias y no corresponden a una jerarquía taxonómica oficial.

Desde la identificación inicial del SARS-CoV-2, hasta el 17 de mayo de 2021, se han compartido, a nivel mundial, más de 1.578.988 secuencias genómicas completas a través de bases de datos de acceso público. Hasta el 17 de mayo de 2021, 43 países y territorios de las Américas han publicado en la plataforma GISAID, 505.008 genomas del SARS-CoV-2, recolectados entre febrero 2020 y mayo 2021.

## **Los virus cambian constantemente por mutación:**

Una variante tiene una o más mutaciones que la diferencian de otras variantes en circulación. Como era de esperar, se han documentado múltiples variantes de SARS-CoV-2 en los Estados Unidos y en todo el mundo a lo largo de esta pandemia. Para informar las investigaciones de brotes locales y comprender las tendencias nacionales, los científicos comparan las diferencias genéticas entre los virus para identificar variantes y cómo se relacionan entre sí.

El esquema de clasificación de variantes define **tres clases** de variantes del SARS-CoV-2:

1. Variante de interés.
2. Variante de preocupación.
3. Variante de alta consecuencia.

## 1. Variante de interés

Una variante con marcadores genéticos específicos que se han asociado con cambios en la unión del receptor, neutralización reducida por anticuerpos generados contra infecciones o vacunas previas, eficacia reducida de los tratamientos, impacto diagnóstico potencial o aumento previsto de la transmisibilidad o la gravedad de la enfermedad.



Posibles **atributos** de una variante de interés:

- Marcadores genéticos específicos que se predice que afectarán la transmisión, el diagnóstico, la terapéutica o el escape inmunológico.
- Evidencia de que es la causa de una mayor proporción de casos o grupos de brotes únicos.
- Prevalencia o expansión limitada en los EE.UU. o en otros países.

Una variante de interés puede requerir una o más acciones de salud pública apropiadas, incluida la vigilancia mejorada de la secuencia, la caracterización mejorada de laboratorio o investigaciones epidemiológicas para evaluar la facilidad con que el virus se propaga a otros, la gravedad de la enfermedad, la eficacia de la terapéutica y si las vacunas actualmente autorizadas ofrecen protección.

## 2. Variante de preocupación

Una variante para la cual hay evidencia de un aumento en la transmisibilidad, enfermedad más severa (por ejemplo, aumento de hospitalizaciones o muertes), reducción significativa en la neutralización por anticuerpos generados durante una infección o vacunación previa, efectividad reducida de tratamientos o vacunas, o fallas en la detección del diagnóstico.

### Posibles atributos de una variante de preocupación:

Evidencia de impacto en diagnósticos, tratamientos o vacunas.

- Interferencia generalizada con los objetivos de las pruebas de diagnóstico.
- Evidencia de susceptibilidad sustancialmente disminuida a una o más clases de terapias.
- Evidencia de una disminución significativa de la neutralización por anticuerpos generados durante una infección o vacunación previa.
- Evidencia de protección reducida inducida por vacunas contra enfermedades graves.

Evidencia de una mayor transmisibilidad.

Evidencia de una mayor gravedad de la enfermedad.

Las variantes de preocupación pueden requerir una o más acciones de salud pública apropiadas, como la notificación a la OMS en virtud del Reglamento Sanitario Internacional, la notificación a los CDC, los esfuerzos locales o regionales para controlar la propagación, el aumento de las pruebas o la investigación para determinar la eficacia de las vacunas y los tratamientos contra la variante. Según las características de la variante, las consideraciones adicionales pueden incluir el desarrollo de nuevos diagnósticos o la modificación de vacunas o tratamientos.



### 3. Variante de alta consecuencia

Una variante de alta consecuencia tiene pruebas claras de que las medidas de prevención o las contramedidas médicas (MCM) han reducido significativamente la eficacia en relación con las variantes que circulaban anteriormente.

Posibles atributos de una variante de alta consecuencia (además de los posibles atributos de una variante de interés):

#### Impacto en las contramedidas médicas (MCM).

- Fallo de diagnóstico demostrado.
- Evidencia que sugiere una reducción significativa en la efectividad de la vacuna, un número desproporcionadamente alto de casos de avance de la vacuna o una protección muy baja inducida por la vacuna contra la enfermedad grave.
- Susceptibilidad significativamente reducida a múltiples autorizaciones de uso de emergencia (EUA) o terapias aprobadas.
- Enfermedad clínica más grave y aumento de las hospitalizaciones.



Una variante de gran consecuencia requeriría una notificación a la OMS de conformidad con el Reglamento Sanitario Internacional, un informe a los CDC, un anuncio de estrategias para prevenir o contener la transmisión y recomendaciones para actualizar los tratamientos y las vacunas.

Actualmente no hay variantes del SARS-CoV-2 que se eleven al nivel de alta consecuencia.

Ahora que tenemos claro que el virus va mutando y que, aunque el virus ya esté en Colombia, del exterior pueden llegar variantes con mayor transmisibilidad, como sucedió con la variante brasilera que ha demostrado que es lo suficientemente fuerte como para reinfectar de forma significativa. O como la variante Delta procedente de India.

Las mutaciones son naturales y frecuentes sin embargo, los linajes se hacen más eficientes y terminan reemplazando los más débiles: Un linaje sustituye a otro cuando tiene la oportunidad; esta oportunidad se logra pasando de persona a persona. De esta manera entre más contagio, más linajes, entre más linajes estos son más transmisibles y por tanto más posibilidad de mutación y de contagios.

Por esto sigue siendo relevante evitar la mayor transmisibilidad del virus posible, y por ende fortalecer las medidas de prevención al máximo.

#### Fuentes

- <https://www.paho.org/es/file/88667/download?token=bFaWY4XT>
- [https://cov-lineages.org/lineages/lineage\\_B.1.617.1.html](https://cov-lineages.org/lineages/lineage_B.1.617.1.html)
- <https://www.cdc.gov/coronavirus/2019-ncov/variants/variant-info.html>
- <https://www.gisaid.org/>

