

Virus SARS-CoV-2: Nuevas variantes de preocupación

18 de julio 2022

Todos hemos sido testigos de la evolución natural que sufren los virus, particularmente la que ha experimentado el virus SARS-CoV-2. La evolución viral se refiere a la aparición de cambios en el código genético (por mutaciones genéticas o recombinación viral) durante la replicación viral y este es, sin duda, un evento natural y esperado. De esta evolución surgen los siguientes conceptos: el **linaje** que corresponde a un grupo de variantes de un virus estrechamente relacionado desde el punto de vista genético, derivados de un ancestro en común, por otro lado, una **variante** es un virus que tiene una o más mutaciones que la diferencian de las otras variantes del virus SARS-CoV-2.

En este momento de la pandemia por el virus SARS-CoV-2, el linaje B.1.1.529, con el nombre asignado de Ómicron, es la variante mayoritariamente circulante en todo el mundo. Esta variante se caracteriza por tener un elevado número de mutaciones, especialmente en el gen de la proteína *Spike* (S) y se ha demostrado que puede tener una capacidad de transmisión hasta 3 veces mayor que la variante Delta, puede evadir la respuesta inmune e incrementar el número de casos, aún en poblaciones con alta cobertura de vacunación. En Chile de los casos de variante Ómicron analizados genéticamente, el 55,4% (n=16.366) presentaron síntomas al momento de la notificación, 624 casos se hospitalizaron (2,1%), 86 ingresaron a UCI (0,3%) y 172 fallecieron (0,6%).

Esta variante a su vez ha evolucionado, y a principios del año 2022, investigadores en Sudáfrica advirtieron la aparición de nuevos integrantes de la familia Ómicron: las sub-variantes o linaje **B.4** y **B.5**, ambas genéticamente relacionadas con el linaje B.2, más que con el linaje B.1.

Los linajes BA.4 y BA.5 han reemplazado rápidamente a B.2 en Sudáfrica, alcanzando más del 50% de las muestras secuenciadas en este país, a principios de abril del 2022. Ambas variantes tienen mutaciones idénticas en el sitio que codifica a la proteína *Spike* (69-70 del; L452R; F486V y Q493) y las siguientes diferencias fuera de *Spike*: BA.4: ORF7b: L11F, N: P151S y BA.5: M: D3N. Ambas tienen reversiones nsp4: L438 and ORF6:D61.

En el mundo y en los últimos 30 días (10 de junio al 10 de julio del 2022), 15.848 secuencias fueron reportadas por GISAID, base de datos de libre acceso alimentada por los mismos países, con las secuencias genéticas de SARS-CoV-2.

En esta base de datos de secuencias de SARS-CoV-2, Ómicron es la variante circulante predominante a nivel global. Sin embargo, los linajes de Ómicron BA.2 y BA.2.12.1 muestran tendencia a disminuir, mientras que en el mismo periodo de tiempo, los linajes BA.4 y BA.5 muestran tendencia al aumento. El linaje BA.5 ya ha sido reportado en 89 países. En el último informe epidemiológico del país de vigilancia genómica del 29 de junio del 2022, se detectó la presencia de BA.4 en 0.5% de las muestras y BA.5 en 0.2%.

En el ámbito experimental hay resultados incipientes de que la inmunidad inducida por los linajes BA.1 y BA.2 es menos efectiva contra BA.4 y BA.5. El efecto en la transmisión, mortalidad y hospitalizaciones que puedan tener estos linajes será diferente en los países, debido a las diversas cepas circulantes y los perfiles de vacunación de cada país, por lo que habrá que esperar un poco más, antes de que la comunidad científica tenga certezas de cómo se comportarán estos linajes en la población general. Recientemente la OMS (12-07-2022) se pronunció en relación a la importancia que el estudio genómico tiene a nivel mundial, particularmente en lo referente al virus SARS-CoV-2 e instó a los países a promover su uso e invertir en ella.

Comité COVID-19 SOCHINF

Sociedad Chilena de Infectología

Referencias

1. Variantes SARS-CoV-2 - ISP. Disponible en <https://vigilancia.ispch.gob.cl/app/varcovid>. Accedido el 15 de julio del 2022.
2. Tegally H, Moir M, Everatt J et al. Emergence of SARS-CoV-2 Omicron lineages BA.4 and BA.5 in South Africa. *Nat Med*. 2022 Jun 27. doi: 10.1038/s41591-022-01911-2.
3. Tracking SARS-CoV-2 variants - WHO | World Health Organization. <https://www.who.int/activities/tracking-SARS-CoV-2-variants>. Accedido el 15 julio del 2022.
4. Callaway E. What Omicron's BA.4 and BA.5 variants mean for the pandemic. *Nature*. 2022 jun;606(7916):848-849. doi: 10.1038/d41586-022-01730-y.
5. Desingu PA, Nagarajan K. The emergence of Omicron lineages BA.4 and BA.5, and the global spreading trend. *J Med Virol*. 2022 Jun 30. doi: 10.1002/jmv.27967
6. Cao, Y., Yisimayi, A., Jian, F. et al. BA.2.12.1, BA.4 and BA.5 escape antibodies elicited by Omicron infection. *Nature* (2022). <https://doi.org/10.1038/s41586-022-04980-y>
7. Izumi Kimura, Daichi Yamasoba, Tomokazu Tamura et al. Virological characteristics of the novel SARS-CoV-2 Omicron variants including BA.2.12.1, BA.4 and BA.5. <https://www.biorxiv.org/content/10.1101/2022.05.26.493539v1>
8. Informe epidemiológico número 33. Vigilancia genómica de SARS-CoV-2 (COVID-19). Chile 28 de junio del 2022. Disponible en https://www.minsal.cl/wp-content/uploads/2022/07/Informe_Variantes-N%C2%B033-V4.pdf. Accedido el 16 de julio del 2022.
9. WHO Director-General's opening remarks at the COVID-19 media" 12 jul. 2022, <https://www.who.int/director-general/speeches/detail/who-director-general-s-opening-remarks-at-the-covid-19-media-briefing--12-july-2022>. Accedido el 15 de julio del 2022.