

Ocurrencia de variantes de SARS-CoV-2 en las Américas. Información preliminar

11 de enero de 2021

A través de este documento, la Organización Panamericana de la Salud / Organización Mundial de la Salud (OPS/OMS) comunica a los Estados Miembros información preliminar sobre la detección en las Américas de dos variantes de interés de SARS-CoV-2 que han sido asociadas al incremento de transmisión en el Reino Unido y en la República de Sudáfrica.

OPS/OMS recomienda a los Estados Miembros continuar con la secuenciación de muestras, según las pautas de la red regional de vigilancia genómica y monitorear los cambios repentinos en la incidencia de la COVID-19, a la luz de las medidas de salud pública y de distanciamiento social implementadas y cumplidas por la población.

Introducción

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 (**Tabla 1** y **Figura 1**). 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 la denominación de clado, linaje, variante, etc., son arbitrarias y no corresponden a una jerarquía taxonómica oficial.

Cita sugerida: Organización Panamericana de la Salud / Organización Mundial de la Salud. Ocurrencia de variantes de SARS-CoV-2 en las Américas. Información preliminar al 11 de enero de 2021, Washington, D.C. OPS/OMS. 2021.

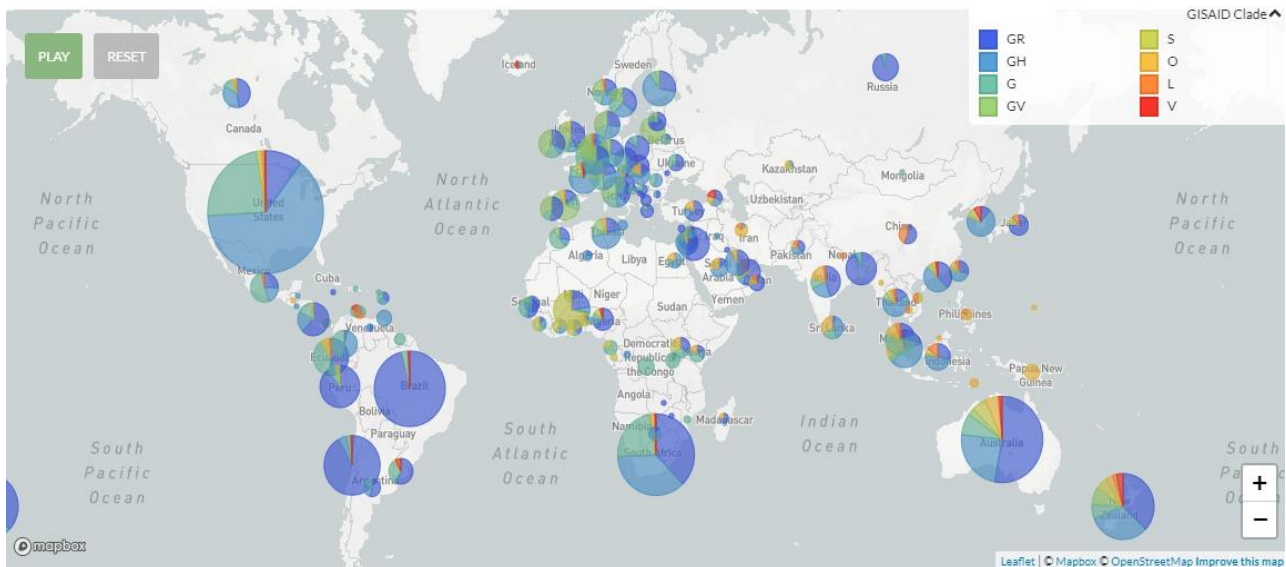
Tabla 1. Mutaciones que definen las variantes genéticas de SARS-CoV-2

| Grupo Genético | | Mutaciones de referencia para el grupo genético | Mutaciones en la proteína S |
|----------------|---------|--|---|
| S | A | C8782T, T28144C, NS8-L84S | |
| L | B | C241, C3037, A23403, C8782, G11083, G25563, G26144, T28144, G28882 | |
| V | B.2 | G11083T, G26144T, NSP6-L37F, NS3-G251V | |
| G | B.1 | C241T, C3037T, A23403G, S-D614G | E484Q E484G N501I A475S N439K G496C S494L A475V G446V S477I S477N F490L Q506K N487I F490V N501Y L455F N487D N437I Q493L T478K P499S |
| GH | B.1* | C241T, C3037T, A23403G, G25563T, S-D614G + NS3-Q57H | N501T E484Q K417N G504Y T478I N501Y E484K N439K T478K S494P G446V S477I S477N |
| GR | B.1.1.1 | C241T, C3037T, A23403G, G28882A, S-D614G + N-G204R | N501T Y505H V445I L455F N501Y E484K T478K A475V S494P F490S S477R F490L S477N S477I |
| GV | B.1.177 | C241T, C3037T, A23403G, C22227T, S-D614G + S-A222V | E484Q E484G N501I A475S N439K G496C S494L A475V G446V S477I S477N F490L Q506K N487I F490V N501Y L455F N487D N437I Q493L T478K P499S |

Fuente: GISAID. Disponible en: <https://platform.gisaid.org>. Accedida el 11 de enero de 2021.

Con la información disponible a la fecha, la mayoría de los cambios del SARS-CoV-2 ha tenido poco o ningún impacto en cómo se transmite o en la gravedad de la enfermedad que causa.

Figura 1. Distribución geográfica de las variantes genéticas de SARS-CoV-2



Fuente: GISAID. Disponible en: <https://www.gisaid.org/phylogenetics/global/nextstrain/>

Desde la identificación inicial del SARS-CoV-2, hasta la fecha, se han compartido, a nivel mundial, más de 280.000 secuencias genómicas completas a través de bases de datos de acceso público. La capacidad de monitorear la evolución viral casi en tiempo real tiene un impacto directo en la respuesta de salud pública a la pandemia de COVID-19.

La comprensión, cada vez mayor, de cómo los datos de secuenciación genómica (GSD por sus siglas en inglés) pueden contribuir a mejorar la salud pública justifica e insta a expandir la capacidad de secuenciación; sin embargo, persisten los desafíos para la implementación generalizada (suficiente personal entrenado, disponibilidad de equipos, reactivos e infraestructura bioinformática, garantía de la calidad del dato, y capacidades para su interpretación y utilización). Actualmente, la capacidad de secuenciación y los datos no se distribuyen uniformemente en todo el mundo, con una representación sesgada del SARS-CoV-2 GSD de países de ingresos altos¹. Este sesgo, debe considerarse cuando se evalúa la presencia o ausencia en una variante determinada en un lugar y su frecuencia relativa.

Caracterización genómica del SARS-CoV-2

Variantes genéticas del SARS-CoV-2 en las Américas

La región de las Américas ha contribuido a la generación de datos de secuenciación genómica mediante la Red Regional de Vigilancia Genómica de COVID-19²³, la cual está abierta a todos los países de la región, a través de los Laboratorios Nacionales de Salud Pública o instituciones públicas equivalentes. Esta Red incluye dos Laboratorios Regionales de Secuenciación (Fiocruz-Brasil y el Instituto de Salud Pública-Chile), los que brindan secuenciación externa para los laboratorios participantes de la red que no tienen la capacidad para secuenciar⁴.

Hasta el 11 de enero de 2021, países y territorios de las Américas han publicado en la plataforma GISAID 79.144 genomas del SARS-CoV-2, recolectados entre febrero y diciembre de 2020. Los países y territorios que han contribuido son: Antigua y Barbuda, Argentina, Aruba, Belice, Bermuda, Brasil, Canadá, Chile, Colombia, Costa Rica, Cuba, Curazao, Ecuador, El Salvador, Estados Unidos de América, Guadalupe, Guatemala, Jamaica, México, Panamá, Perú, República Dominicana, San Bartolomé, San Eustaquio, San Kitts y Nieves, San Martín, San Vicente y Granadinas, Surinam, Trinidad y Tobago, Uruguay y Venezuela.

Los informes recientes de diferentes variantes del SARS-CoV-2 han vuelto a despertar interés y preocupación por el impacto de los cambios virales. En los últimos meses, dos variantes diferentes de SARS-CoV-2 han sido notificadas a la OMS como eventos inusuales de salud pública: en el Reino Unido e Irlanda del Norte, denominada VOC 202012/01, perteneciente al linaje B.1.1.7 y en la República de Sudáfrica, denominada 501Y.V2, perteneciente al linaje B.1.35.

¹ OMS. Secuenciación genómica del SARS-CoV-2 para objetivos de salud pública. Guía provisional, 8 de enero de 2021. Disponible en inglés en: <https://bit.ly/38ulAr0>

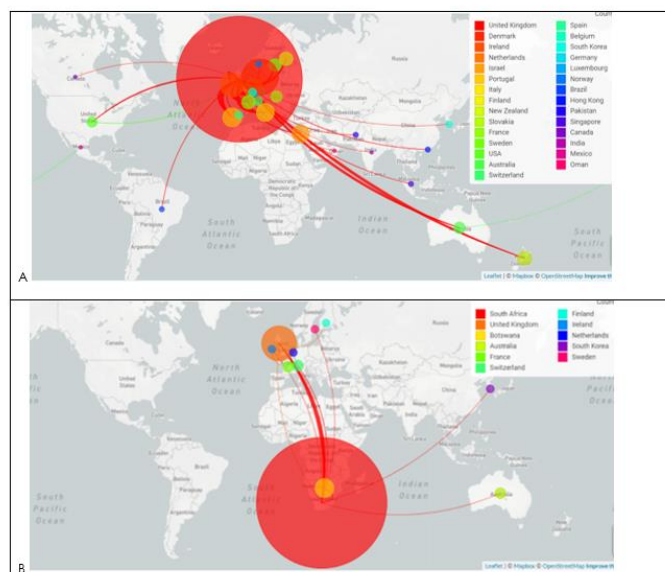
² Red Regional de Vigilancia Genómica de COVID-19. Disponible en: <https://bit.ly/3bu0qez>

³ Según la Resolución CD58.R9 - La pandemia de COVID-19 en la Región de las Américas, "El 58.º Consejo Directivo resuelve solicitar a la Directora que: mantenga la red regional para la vigilancia de la influenza y otros virus respiratorios, y la amplíe mediante la creación de una red regional de vigilancia genómica;"

⁴ OPS/OMS. Nota Técnica: Caracterización genómica del SARS-CoV-2 y variantes circulantes en la Región de las Américas. Disponible en: <https://bit.ly/3i4klf>

Hallazgos y datos preliminares, tanto epidemiológicos, de modelización, filogenéticos y clínicos sugieren que el SARS-CoV-2 VOC 202012/01 posee mayor transmisibilidad. Sin embargo, los análisis preliminares hasta la fecha no indican cambios en la gravedad de la enfermedad (medida por la duración de la hospitalización y la tasa de letalidad a los 28 días), o la aparición de reinfección entre los casos positivos a esta variante en comparación con casos por otros linajes de SARS-CoV-2 que circulan en el Reino Unido. Aun sin que se observe mayor gravedad en los casos, preocupa el aumento de transmisibilidad, porque se asocia a un importante impacto de salud pública, debido al aumento de casos en un plazo de tiempo limitado. Hasta la fecha, fuera del Reino Unido, 40 países de cinco de las seis regiones de la OMS han notificado casos de VOC 202012/01, mientras que fuera de Sudáfrica, seis países, en dos de las seis regiones de la OMS, han notificado casos de la variante 501Y.V2⁵ (**Figura 2**).

Figura 2. Distribución geográfica de las nuevas variantes genéticas de SARS-CoV-2: VOC 202012/01 (A) y 501Y.V2 (B), 11 de enero de 2021.



Fuente: GISAID. Disponible en: <https://platform.gisaid.org> Accedida el 11 de enero de 2021.

Los países continúan realizando más investigaciones epidemiológicas y virológicas para seguir evaluando la transmisibilidad, gravedad, riesgo de reinfección y respuesta de anticuerpos a estas nuevas variantes, así como el impacto potencial sobre las medidas de salud pública, incluidos el diagnóstico, el tratamiento y las vacunas.

Con relación a la situación en las **Américas**, hasta el 11 de enero de 2021, 8 países han notificado la detección de la variante VOC 202012/01 (**Tabla 2**), un país la detección de la variante 501Y.V2 y un país la detección de mutaciones de potencial interés para la salud pública (**Tabla 2**).

⁵ OMS. Actualización epidemiológica semanal de COVID-19. Publicada el 5 de enero de 2021. Disponible en: <https://bit.ly/3oGtAeg>

Tabla 2. Detección de la variante SARS-CoV-2 VOC 202012/01, la variante 501Y.V2 y otras mutaciones de interés para la salud pública en la Región de las Américas, al 11 de enero de 2021.

| País | Variante SARS-CoV-2 VOC 202012/01 | Variante 501Y.V2 | Otras mutaciones de potencial interés para la salud pública |
|---------------------------|-----------------------------------|------------------|---|
| Brasil | Si | Si | Si (Mutaciones del SARS-CoV-2 (E484K)) |
| Canadá | Si | Si | No |
| Chile | Si | No | No |
| Ecuador | Si | No | No |
| Estados Unidos de América | Si | No | No |
| Jamaica | Si | No | No |
| México | Si | No | No |
| Perú | Si | No | No |

Fuente: Información compartida por los Centros Nacionales de Enlace para Reglamento Sanitario Internacional (RSI) o publicada en los sitios web de los Ministerios de Salud, Agencias de Salud o similares y reproducidos por la OPS/OMS.

Conclusiones y orientaciones preliminares para las autoridades nacionales

La información y los datos preliminares sugieren que ambas variantes de interés (202012/01 y 501Y.V2) se han identificado en las Américas. Sin embargo, la frecuencia de detección de estas variantes es aún muy limitada hasta la fecha. No obstante, existe la posibilidad de que gradualmente se incremente la detección de estas variantes en las próximas semanas y meses.

Así como de los patrones de circulación global, la detección de las variantes del SARS-CoV-2 en un país y lugar específico también dependen de la capacidad que cada país tenga de realizar vigilancia genómica.

La OPS/OMS ha venido fortaleciendo la capacidad que cada país realice vigilancia genómica desde marzo de 2020 en el marco de la Red Regional de Vigilancia Genómica de la COVID-19 e insta a los Estados Miembros a participar en esta Red y a realizar la secuenciación, de acuerdo con las muestras recomendadas y los planteamientos técnicos de esta Red.

Además de recomendar la publicación oportuna de las secuencias en la plataforma GISAID, la OPS/OMS solicita a los países la notificación inmediata de la primera detección de las variantes VOC 202012/01 y 501Y.V2 al primer nivel subnacional en base a datos mínimos de acuerdo con el documento de la OMS, disponible en: <https://bit.ly/3sd4Psb>

Igualmente se recomienda monitorear constantemente los cambios repentinos e importantes de incidencia (por ejemplo, del 50% en un periodo de 2–4 semanas) que ocurran a la luz de las medidas de salud pública y de distanciamiento de social implementadas, cumplidas por la

población. El cálculo y monitoreo de la incidencia en base a fecha de inicio de síntomas (comparado a la fecha de notificación) debería contribuir a mejorar la oportunidad del monitoreo.

La OPS/OMS recomienda que en caso de síntomas que sugieran una enfermedad respiratoria aguda durante o después del viaje, se recomienda a los viajeros que busquen atención médica y compartan su historial de viajes con su proveedor de atención médica. Las autoridades sanitarias deben trabajar con los sectores de transporte y turismo para proporcionar a los viajeros información para reducir el riesgo de infección.

De conformidad con el asesoramiento proporcionado por el Comité de Emergencia sobre COVID-19 en su reunión más reciente, la OMS recomienda que los Estados Parte reconsideren periódicamente las medidas aplicadas a los viajes internacionales de conformidad con el artículo 43 del Reglamento Sanitario Internacional (2005) y continúen proporcionando información y justificación a la OMS sobre las medidas que interfieren significativamente con el tráfico internacional. Los países también deben garantizar que las medidas que afectan al tráfico internacional se basen en el riesgo, en la evidencia, sean coherentes, proporcionadas y tengan un límite de tiempo.

En todas las circunstancias, los viajes esenciales (p. Ej., Personal de emergencia; proveedores de apoyo técnico de salud pública; personal crítico en el sector del transporte y la seguridad, como la gente de mar; repatriaciones; y transporte de carga para suministros esenciales como alimentos, medicinas y combustible) identificados por los países deben ser siempre priorizados y facilitados.

Adicionalmente, la OPS/OMS mantiene las recomendaciones publicadas a través de las alertas y actualizaciones epidemiológicas de COVID-19 emitidas a la fecha y disponibles en: <https://bit.ly/3dErsyG>

A continuación, se listan los enlaces a una serie de guías, informes científicos y otros recursos publicados por la OPS/OMS y la OMS.

| | |
|---|---|
| <p>Vigilancia, equipos de respuesta rápida e investigación de casos</p>  | <p>Manejo Clínico</p>  |
| <p>Acceda a los documentos en inglés en este enlace: https://bit.ly/30zjmCj</p> <p>Acceda a los documentos en español en los siguientes enlaces: https://bit.ly/2SyV6Mg y https://bit.ly/33AsZCL</p> | <p>Acceda a los documentos en inglés en este enlace: https://bit.ly/3li6wQB</p> <p>Acceda a los documentos en español en los siguientes enlaces: https://bit.ly/2SyV6Mg y https://bit.ly/3i8IJR</p> |
| <p>Laboratorio</p>  | <p>Prevención y control de infecciones</p>  |
| <p>Acceda a los documentos en inglés en este enlace: https://bit.ly/3d3TJ1g</p> <p>Acceda a los documentos en español en los siguientes enlaces: https://bit.ly/2SyV6Mg y https://bit.ly/2LgILNX</p> | <p>Acceda a los documentos en inglés en este enlace: https://bit.ly/3d2ckuV</p> <p>Acceda a los documentos en español en los siguientes enlaces: https://bit.ly/2SyV6Mg y https://bit.ly/3oARxDH</p> |
| <p>Preparación crítica y respuesta</p>  | <p>Viajes, puntos de entrada y salud de fronteras</p>  |
| <p>Acceda a los documentos en inglés en este enlace: https://bit.ly/3ljWHBT</p> <p>Acceda a los documentos en español en los siguientes enlaces: https://bit.ly/2SyV6Mg y https://bit.ly/3i5rNN6</p> | <p>Acceda a los documentos en inglés en este enlace: https://bit.ly/3ivDivW</p> <p>Acceda a los documentos en español en los siguientes enlaces: https://bit.ly/2SyV6Mg y https://bit.ly/3i5rNN6</p> |
| <p>Escuelas, lugares de trabajo y otras instituciones</p>  | <p>Otros recursos</p> |
| <p>Acceda a los documentos en inglés en este enlace: https://bit.ly/3d66iJO</p> <p>Acceda a los documentos en español en los siguientes enlaces: https://bit.ly/2SyV6Mg y https://bit.ly/3i5rNN6</p> | <p>Acceda a los documentos en inglés en este enlace: https://bit.ly/33zXgRQ</p> <p>Acceda a los documentos en español en los siguientes enlaces: https://bit.ly/2SyV6Mg y https://bit.ly/3i5rNN6</p> |

Referencias

1. OMS. Secuenciación genómica del SARS-CoV-2 para objetivos de salud pública. Guía provisional, 8 de enero de 2021. Disponible en inglés en: <https://bit.ly/38ulAr0>
2. OMS. Secuenciación genómica del SARS-CoV-2: una guía de implementación para lograr el máximo impacto en la salud pública, 8 de enero de 2021. Disponible en inglés en: <https://bit.ly/3sd4Psb>
3. OMS. Pruebas diagnósticas para el SARS-CoV-2. Orientaciones provisionales, 11 de septiembre de 2020. Disponible en: <https://bit.ly/2HjNb33>
4. OPS/OMS. Red Regional de Vigilancia Genómica de COVID-19. Disponible en: <https://bit.ly/3bu0qez>
5. Ministerio de Salud de **Brasil**. Comunicado de prensa. Disponible en: <https://bit.ly/3bsVpCQ>
6. Agencia de Salud Pública de **Canadá**. Declaración del Director de Salud Pública de Canadá el 11 de enero de 2021. Disponible en: <https://bit.ly/3i1ECrM>
7. Ministerio de Salud de **Chile**. Comunicado de prensa. Disponible en: <https://bit.ly/38zb6qf>
8. Secretaría General de Comunicación de Ecuador. Conferencia de prensa. Disponible en: <https://bit.ly/3sflLgm>
9. Centros para el Control y Prevención de Enfermedades de los **Estados Unidos de América**. Casos de COVID-19 en EE. UU. causados por variantes. Disponible en: <https://bit.ly/2XvvaqCC>
10. Ministerio de Salud y Bienestar de **Jamaica**. Comunicado de prensa. Disponible en: <https://bit.ly/356tzlM>
11. Secretaría de Salud de **México**. Comunicado de prensa. Disponible en: <https://bit.ly/3i39mlO>
12. Ministerio de Salud de **Perú**. Comunicado de prensa. Disponible en: <https://bit.ly/3nCdIqE>
13. Instituto Nacional de Enfermedades Infecciosas de Japón. Disponible en: <https://bit.ly/3q8BxZH>
14. Ministerio de Salud, Trabajo y Bienestar de Japón, Comunicado de prensa. Disponible en: <https://bit.ly/3bu2qU7>
15. WHO. Considerations for implementing a risk-based approach to international travel in the context of COVID-19: interim guidance, 16 December 2020. Available at: <https://bit.ly/35uzMy4>

16. WHO. Annex Risk assessment tool to inform mitigation measures for international travel in the context of COVID-19: <https://www.who.int/publications/i/item/WHO-2019-nCoV>
17. WHO. Risk based international travel assessment_tool-2020.1 • Scientific brief COVID-19 diagnostic testing in the context of international travel: <https://bit.ly/39l6dAp>