Fuente: Académicos
Fecha: Junio 2021

Covid-19 y la variante que afecta a México.

El número de casos de Covid-19, enfermedad causada por el coronavirus SARS-CoV-2, ya sobrepasa los 2.42 millones de casos con más de 228 mil muertes por esta causa en México. Este virus muta moderadamente pudiendo adquirir elementos que lo hagan más peligroso. Es por esto que durante la pandemia los investigadores y funcionarios de salud pública monitorean constantemente las mutaciones que puedan conducir a una mayor tasa de transmisibilidad y / o resistencia a las vacunas.

En los últimos meses la Organización Mundial de la Salud (OMS) ha alzado la alarma sobre variantes del coronavirus SARS-CoV-2 que considera de alta peligrosidad, como la variante B.1.1.7 detectada en el Reino Unido por primera vez a finales del año pasado, la variante B.1.351 detectada en Sudáfrica a finales del año pasado, la variante P.1 detectada a principios de año en Japón de viajeros provenientes de Brasil, y la variante más reciente B .1.1.617 detectada en la India. Actualmente, en nuestro país tenemos casos representados de cada una de estas variantes que han sido reportados en el repertorio de información abierta GISAID.

Debido al rápido aumento y aparición de estas variantes, es de suma importancia rastrear mutaciones importantes que pueden tener un efecto adverso en la pandemia. A través de este artículo queremos hacer énfasis en una variante de interés presente principalmente en México y Estados Unidos, la variante B.1.1.519. Esta variante contiene mutaciones de alto riesgo para la salud y que están presentes y han sido ya estudiadas en las variantes de alto riesgo categorizadas por la OMS (ver tabla).

Mutación	Variantes	Lo que sabemos
T478K	B.1.617+ (India), B.1.1.519 (México)	Resistencia moderada /completa a los anticuerpos monoclonales/ suero convaleciente
P681H	B.1.1.7 (UK), B.1.1.519 (México)	Posible rol en la transmisión e infección
D614G	B.1.1.7 (UK), B.1.351 (Sudáfrica), P.1 (Brasil), B.1.617+ (India), B.1.1.519 (México)	Mejora la replicación viral, la densidad del virus y la infectividad

En nuestro análisis encontramos que al menos 60 % de las secuencias en GISAID de México son de variante B.1.1.519, esta estimación es conservadora dado que a principios de año el Instituto de Diagnóstico y *Referencia Epidemiológicos* informó que el 80 % de los casos actuales de COVID-19 en México se debían a esta variante. Además, es importante tomar en cuenta que los datos a los que tenemos acceso, son números estimados del controvertido modelo epidemiológico "centinela". Por lo tanto, es difícil estimar el número real de casos reales de COVID-19 en México y tener una imagen real del problema actual con las variantes. Aún con el escaso acceso a la información disponible en este momento, nuestro análisis de las mutaciones presente en la variante B.1.1.519 en México, muestra que el virus y las mutaciones que definen este linaje aún están evolucionando, sin embargo, la mayoría de las secuencias tienen presente la mutación T478K y P681H que se ha encontrado que generan resistencia a los anticuerpos monoclonales y al suero convaleciente y potencialmente juegan un papel en el aumento de la transmisión e infección en variantes de alto riesgo del coronavirus SARS-CoV-2. Por lo tanto, es de primordial importancia que las autoridades sanitarias continúen el monitoreo de esta variante, así como investigar su posible implicación clínica y efecto en terapias o vacunación. De esta forma podemos mejorar nuestro conocimiento, y ayudar a prevenir futuros brotes, y salvar vidas.

Referencias

[1] GISAD. (2021). Recuperado 2 de junio de 2021, de GISAID INITIATIVE website: https://www.gisaid.org/

Autores: Dra. Carmina A. Pérez-Romero: Departamento de Investigación, Universidad Central de Querétaro (UNICEQ), Av. 5 de Febrero 1602, San Pablo, 76130 Santiago de Querétaro, Qro., Mexico.

Dr. Alejandro López Rincón: Researcher, Pharmaceutical sciences, Pharmacology Utrecht University. Researcher, Julius Center,Utrecht Medical Center. Attached Scientist Brain Science Institute,Nagoya Toyota Collaboration Center, Intelligent Behaviour Control Unit

Tags:
Covid-19, análisis, variantes covid, estudios, México, mutación, virus.