

Actualización sobre la evolución y circulación de sublinajes del SARS-CoV-2

16 de enero de 2024

Mensajes claves

En el contexto de la constante evolución y propagación de nuevos sublinajes del SARS-CoV-2, la OPS/OMS reitera que la nomenclatura establecida para abordar los posibles impactos de las variantes en la salud pública no ha cambiado. Los sublinajes circulantes son evaluados periódicamente y pueden designarse como variantes de preocupación (VOC, por sus siglas en inglés), variantes de interés (VOI) o variantes bajo vigilancia (VUM) en función del potencial evaluado de expansión y reemplazo de variantes anteriores, de causar nuevas olas con mayor circulación y de la necesidad de ajustes en las medidas de salud pública. Las nomenclaturas basadas en análisis filogenéticos (por ejemplo, Pango Network y Nextstrain) también pueden utilizarse para designar linajes o sublinajes. Sin embargo, otras nomenclaturas o sobrenombres no son oficiales y no deben utilizarse.

La OPS/OMS evalúa periódicamente los nuevos sublinajes de SARS-CoV-2. Actualmente, ningún sublinaje circulante está clasificado como VOC; cinco están clasificados como VOI y otros cinco como VUM. Las designaciones más recientes incluyen los VOI **BA.2.86** y **JN.1**. Sin embargo, según la información disponible, el **riesgo para la salud pública que representan estas variantes se evalúa actualmente como bajo a nivel global y no se ha documentado un aumento de la gravedad o la virulencia**. Las vacunas siguen siendo efectivas y la vacunación debe mantenerse como parte de las medidas de control.

Las recomendaciones para COVID-19 se mantienen sin cambios. En particular, la OPS **alienta encarecidamente** a todos los países de la Región a que sigan recolectando muestras representativas para la secuenciación y a que mantengan una vigilancia genómica adecuada del SARS-CoV-2.

Clasificación de las variantes del SARS-CoV-2

La clasificación de los linajes del SARS-CoV-2 incluye la nomenclatura de la red Pango, que se basa únicamente en el análisis de la composición genética del virus (filogenética). Esta nomenclatura asigna una letra o combinación de letras seguida de números a cada linaje (por ejemplo, B.1.1.529). La nomenclatura de la OMS establecida para abordar las posibles repercusiones de las variantes en la salud pública se basa en las letras griegas designadas a partir de las evaluaciones de riesgos realizadas por el Grupo Asesor Técnico de la OMS sobre la evolución del virus del SARS-CoV-2 (TAG-VE, por sus siglas en inglés)¹.

La gran mayoría de los virus SARS-CoV-2 que circulan a nivel mundial pertenecen a sublinajes de Ómicron. Por lo tanto, desde marzo de 2023, el sistema de seguimiento de variantes de la OMS considera la clasificación de los sublinajes de Ómicron de manera independiente como **variantes bajo vigilancia** (VUM, por sus siglas en inglés), **variantes de interés** (VOI, por sus siglas en inglés) o **variantes de preocupación** (VOC, por sus siglas

¹ OMS. Seguimiento de las variantes del SARS-CoV-2. Disponible en: <https://www.who.int/es/activities/tracking-SARS-CoV-2-variants/tracking-SARS-CoV-2-variants>

en inglés), mientras que los linajes Alfa, Beta, Gamma, Delta y el linaje original de Ómicron se clasifican como VOCs “previamente circulantes”². Las definiciones operativas para estas variantes también se actualizaron recientemente³. Sólo se asignan letras griegas a los sublinajes clasificados como VOCs que circulan actualmente. Sin embargo, en la actualidad, ningún sublinaje Ómicron está clasificado en esta categoría.

Actualmente, cinco sublinajes de Ómicron están clasificados como VOI circulantes: XBB.1.5, XBB.1.16, EG.5, BA.2.86 y JN.1. Desde la última actualización de la OPS sobre los sublinajes del SARS-CoV-2⁴, se han designado dos VOI adicionales:

- BA.2.86 fue designado el 21 de noviembre de 2023, pero anteriormente había sido designado como VUM el 17 de agosto de 2023 debido a una gran cantidad de mutaciones en la proteína *spike*.
- JN.1 es un sublinaje de BA.2.86 (BA.2.86.1.1) y fue designado VOI el 18 de diciembre de 2023.

Al igual que para los otros VOI, el TAG-VE ha realizado evaluaciones de riesgo para BA.2.86⁵ y JN.1⁶. Estas evaluaciones de riesgos toman en consideración la información disponible sobre tres indicadores: la ventaja de crecimiento, el escape a la respuesta inmune y consideraciones clínicas, de gravedad y de diagnóstico. Las evaluaciones de riesgos señalan que JN.1 ha mostrado una ventaja de crecimiento en todas las regiones de la OMS y que tanto BA.2.68 como JN.1 podrían haber aumentado sus propiedades de escape inmunológico. Por lo tanto, estas variantes pueden estar asociadas con un aumento en la incidencia de casos en algunos países⁷ y volverse dominantes. Sin embargo, no hay informes de aumento de la gravedad asociado con estas variantes. Por lo tanto, según la evidencia disponible, **el riesgo para la salud pública que representan BA.2.68 y JN.1 se evaluó como bajo a nivel global, en consonancia con el riesgo asociado con otros VOI actualmente en circulación.**

Además, cinco sublinajes de Ómicron se clasifican como VUM circulantes: sublinajes XBB.1.9.1, XBB.1.9.2, XBB.2.3, DV.7 y XBB no incluidos en otros VOI o VUM. La última designación en esta categoría fue el linaje DV.7 el 23 de octubre de 2023. Estas variantes, así como otros sublinajes circulantes o emergentes, son monitoreados continuamente por el TAG-VE, y las evaluaciones de riesgo se publican/actualizan a medida que hay nueva información disponible.

² OMS. Declaración sobre la actualización de las definiciones de trabajo y del sistema de seguimiento de las variantes preocupantes y las variantes de interés del SARS-CoV-2. 16 de marzo de 2023. Disponible en:

<https://www.who.int/es/news/item/16-03-2023-statement-on-the-update-of-who-s-working-definitions-and-tracking-system-for-sars-cov-2-variants-of-concern-and-variants-of-interest>

³ OMS. Updated working definitions and primary actions for SARS-CoV-2 variants. 4 de octubre de 2023. Disponible en inglés en: <https://www.who.int/publications/m/item/updated-working-definitions-and-primary-actions-for--sars-cov-2-variants>

⁴ OPS. Actualización sobre la emergencia de sublinajes de la variante Ómicron del SARS-CoV-2. 22 de agosto de 2023. Disponible en: <https://www.paho.org/es/documentos/actualizacion-sobre-emergencia-sublinajes-variante-omicron-sars-cov-2-22-agosto-2023>

⁵ OMS. BA.2.86 Initial Risk Evaluation. 21 de noviembre de 2023. Disponible en inglés en: https://www.who.int/docs/default-source/coronaviruse/21112023_ba.2.86_ire.pdf

⁶ OMS. JN.1 Initial Risk Evaluation. 18 de diciembre de 2023. Disponible en inglés en: https://www.who.int/docs/default-source/coronaviruse/18122023_jn.1_ire_clean.pdf

⁷ OPS. Actualización Epidemiológica: SARS-CoV-2 y otros virus respiratorios en la Región de las Américas. 8 de enero del 2024. Disponible en: <https://www.paho.org/es/documentos/actualizacion-epidemiologica-sars-cov-2-otros-virus-respiratorios-region-america-8>

Circulación de los sublinajes de Ómicron en las Américas

Desde la introducción de Ómicron en las Américas a finales de 2021, diferentes sublinajes han predominado y luego han sido reemplazados progresivamente por nuevos sublinajes. En 2023, la Región ha visto el aumento y la posterior disminución de la circulación de los VOI XBB.1.5, XBB.1.16 y EG.5 (Figura 1). Estas variantes cocircularon en gran medida, pero alcanzaron su pico en diferentes momentos: finales de marzo para XBB.1.5 (proporción semanal máxima del 73% de las secuencias), finales de agosto para XBB.1.16 (con un 25%) y mediados de noviembre para EG.5 (con un 45%). En los últimos meses de 2023 también se ha producido la expansión de los VOI BA.2.86 (desde finales de septiembre) y JN.1 (desde finales de octubre). Las proporciones de las secuencias BA.2.86 y JN.1 en la semana del 17 de diciembre de 2023 fueron del 7% y el 30%, respectivamente. Como se señala anteriormente, es probable que estas proporciones continúen aumentando, en particular en el caso de JN.1.

A nivel subregional, las tendencias en **Norteamérica** y el **Caribe** son similares a las tendencias regionales (Figura 2). La expansión de JN.1 es notable en estas subregiones, y las proyecciones basadas en modelos estiman que JN.1 representa el 62% (IC 95%: 55-68%) de las secuencias de EE. UU. en el período de dos semanas que finaliza el 6 de enero de 2024⁸. La VUM DV.7 también ha estado circulando en América del Norte (no se muestra en la Figura 2 debido a sus bajas proporciones), en particular en Canadá. Sin embargo, la proporción de DV.7 en Canadá alcanzó un máximo del 2,6 % en la semana del 19 de noviembre de 2023 y las estimaciones basadas en modelos para la semana del 31 de diciembre fueron del 0,2 % (IC del 95 %: 0,1-0,3 %)⁹.

En **Sudamérica**, la circulación de XBB.1.5 ha sido más extensa mientras que XBB.1.6 y EG.5 han circulado menos. La expansión de JN.1 parece haber comenzado más tarde que en Norteamérica y el Caribe y se han reportado pocas secuencias de BA.2.86.

En **Centroamérica**, XBB.1.5, XBB.1.16 y EG.5 han representado la mayoría de las secuencias caracterizadas a lo largo del 2023. Las tendencias de los últimos meses son difíciles de evaluar debido al bajo número de secuencias disponibles. Hay pocas secuencias reportadas de BA.2.86 y JN.1.

Es importante señalar que la cantidad de secuencias de SARS-CoV-2 depositadas en GISAID por los Estados Miembros de la OPS ha disminuido significativamente desde principios de 2023 (Figuras 1 y 2). Esta disminución, que está relacionada en parte con la disminución en el número de casos, la integración con la influenza y otros virus respiratorios, y la migración de la vigilancia universal a la centinela, podría sesgar las estimaciones de prevalencia de sublinajes reportadas en este documento y reducir nuestra capacidad colectiva para identificar oportunamente nuevos linajes emergentes o nuevas variantes. En este contexto, la OPS alienta encarecidamente a todos los países de la Región a continuar recolectando muestras representativas para la secuenciación, garantizando la calidad de las muestras y la cadena de frío durante el transporte de las mismas, y fortaleciendo la vigilancia genómica de la COVID-19.

⁸ US CDC. COVID Data Tracker - Variant Proportions. Disponible en inglés en: <https://covid.cdc.gov/covid-data-tracker/#variant-proportions>

⁹ Public Health Agency Canada. Variants in Canada. Disponible en inglés en: <https://health-infobase.canada.ca/covid-19/testing-variants.html>

La información sobre la situación del COVID-19 en las Américas, incluida la circulación de las variantes del SARS-CoV-2 (basada en las secuencias reportadas a GISAID), se compila semanalmente y está disponible en: <https://www.paho.org/en/covid-19-weekly-updates-region-americas>.

Orientaciones para las autoridades nacionales

Las directrices generales relacionadas con la COVID-19 se pueden encontrar en las Recomendaciones permanentes para la COVID-19 publicadas por la OMS de conformidad con el Reglamento Sanitario Internacional (2005) (RSI)¹⁰. En particular, la OPS/OMS reitera a los Estados Miembros la necesidad de (i) mantener las actividades de vigilancia genómica del SARS-CoV-2 de conformidad con las orientaciones de la OPS¹¹ y la OMS¹²; ii) garantizar la publicación oportuna de los datos genómicos en la plataforma GISAID; y iii) utilizar la clasificación de variantes del SARS-CoV-2 de la OMS al comunicarse al público.

¹⁰ OMS. WHO. Recomendaciones permanentes en relación con la COVID-19 emitidas por el Director General de la Organización Mundial de la Salud (OMS) de conformidad con el Reglamento Sanitario Internacional (2005). 9 de agosto de 2023. Disponible en: [https://www.who.int/es/publications/m/item/standing-recommendations-for-covid-19-issued-by-the-director-general-of-the-world-health-organization-\(who\)-in-accordance-with-the-international-health-regulations-\(2005\)-\(ihr\)](https://www.who.int/es/publications/m/item/standing-recommendations-for-covid-19-issued-by-the-director-general-of-the-world-health-organization-(who)-in-accordance-with-the-international-health-regulations-(2005)-(ihr))

¹¹ OPS. Orientaciones para la selección de muestras de SARS-CoV-2 para caracterización y vigilancia genómica. 1 de febrero de 2021. Disponible en: <https://www.paho.org/es/documentos/orientaciones-para-seleccion-muestras-sars-cov-2-para-caracterizacion-vigilancia>

¹² OMS. Genomic sequencing of SARS-CoV-2: a guide to implementation for maximum impact on public health. 8 de enero de 2021. Disponibles en inglés en: <https://www.who.int/publications/i/item/9789240018440>

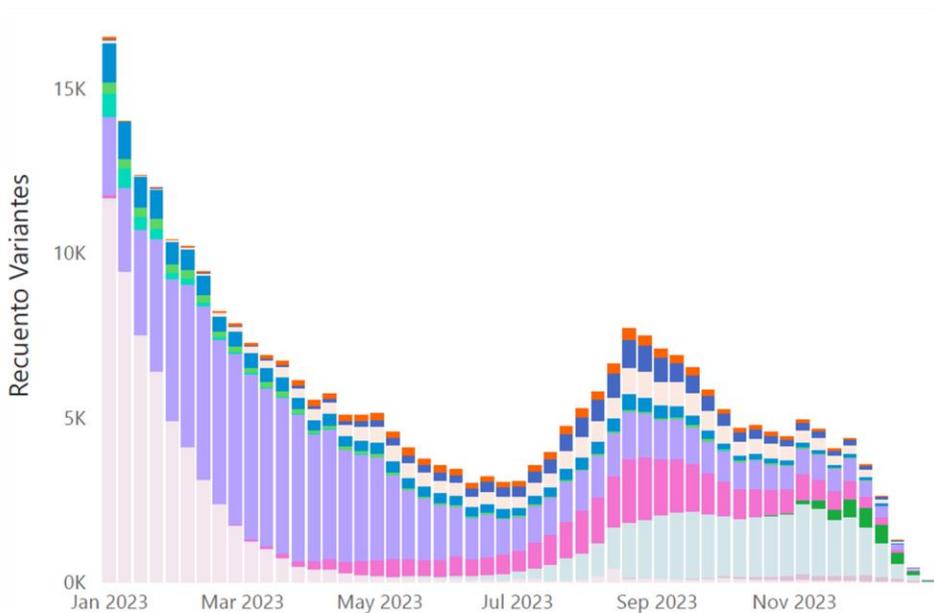
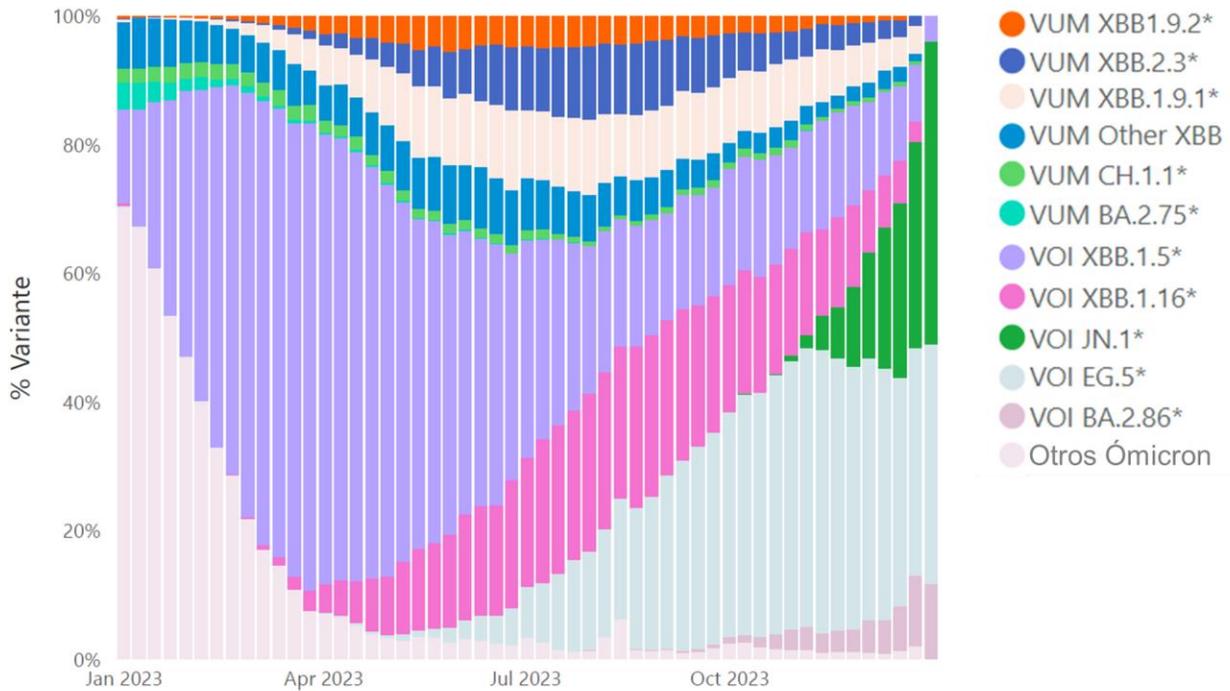


Figura 1. Proporciones y recuentos de variantes de interés (VOI) y variantes bajo vigilancia (VUM) identificadas por los países de la Región de las Américas (enero – diciembre de 2023). Las secuencias de Ómicron no clasificadas como VOI o VUM se agrupan en "Otros Ómicron". Datos: GISAID.

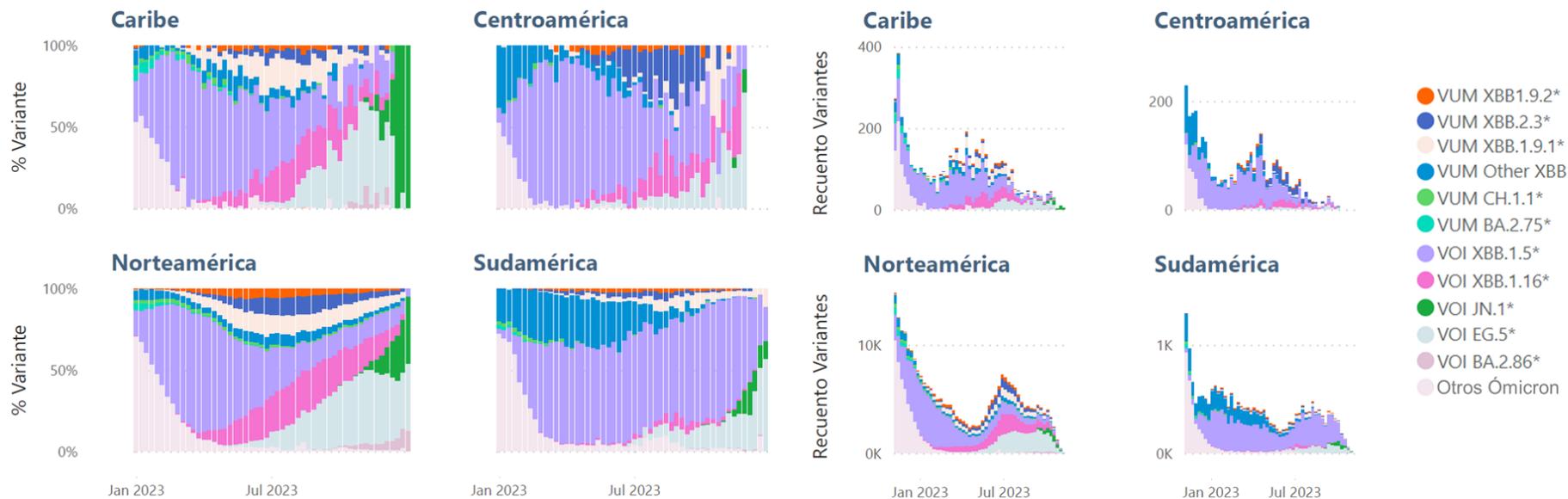


Figura 2. Proporciones y recuentos de variantes de interés (VOI) y variantes bajo vigilancia (VUM) identificadas por subregión (enero – diciembre de 2023). Las secuencias de Ómicron no clasificadas como VOI o VUM se agrupan en "Otros Ómicron". Datos: GISAID.