

Actualización sobre la emergencia de sublinajes de la variante ómicron del SARS-CoV-2 y eventos de recombinación

18 de noviembre de 2022

Mensajes claves

En el contexto de la emergencia continua de sublinajes adicionales de ómicron, la OPS/OMS reitera que no ha cambiado la nomenclatura establecida para abordar los impactos potenciales de las variantes en la salud pública (con denominación basada en letras griegas). Las nomenclaturas basadas en el análisis filogenético (es decir, Pango, GISAID y Nextstrain) también se pueden usar para designar linajes o sublinajes. Sin embargo, otras nomenclaturas o sobrenombres no son oficiales y no deben usarse.

La OPS/OMS evalúa con regularidad los nuevos sublinajes de ómicron. Hasta la fecha, no hay evidencia de cambios significativos en el impacto de estos sublinajes en la salud pública y no hay justificación para la asignación de una nueva letra de variante.

La ocurrencia de mutaciones es un evento natural y esperado dentro del proceso evolutivo de los virus. Desde la emergencia del SARS-CoV-2, este virus se ha dividido en diferentes grupos o clados genéticos. De hecho, los grupos genéticos virales (también llamados linajes) que circulan actualmente a nivel mundial, están definidos por algunas mutaciones específicas. Debido a varios procesos de microevolución y presiones de selección, pueden aparecer mutaciones adicionales, generando diferencias dentro de cada grupo genético (llamadas variantes). Además, pueden ocurrir recombinaciones entre linajes y dar así lugar a linajes recombinantes.

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 seguidas de números a cada linaje (p. ej., B.1.1.529). Más importante aún, la nomenclatura de la OMS establecida para abordar los impactos potenciales en la salud pública de las variantes no ha cambiado y asigna letras griegas en base a evaluaciones de riesgo realizadas por el Grupo Técnico Asesor de la OMS sobre la evolución del SARS-CoV-2 (TAG-VE por su sigla en inglés)¹. Esta clasificación incluye las variantes de preocupación y de interés (VOC y VOI respectivamente por sus siglas en inglés). Actualmente, la única VOC o VOI que circula es la VOC ómicron. A nivel global, se han identificado cinco sublinajes principales de ómicron, clasificados como BA.1, BA.2, BA.3, BA.4 y BA.5 en la nomenclatura Pango.

Como era de esperar, los patrones de alta transmisión y reinfección demostrados para ómicron han facilitado la aparición de mutaciones adicionales que impulsan la emergencia de múltiples sublinajes dentro de la variante ómicron. Por lo tanto, se estableció una nueva categoría de “Subvariantes de la variante ómicron bajo vigilancia” para identificar linajes que pueden requerir un monitoreo prioritario porque tienen

¹OMS. 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>

mutaciones adicionales que podrían conferir alguna ventaja evolutiva. Actualmente, esta categoría incluye las subvariantes BA.5 con mutaciones adicionales (incluyendo BQ.1), BA.2.75, BJ.1 (un sublinaje de BA.2), BA.4.6, BA.2.3.20 y XBB (un recombinante entre dos sublinajes de BA.2). Sin embargo, la inclusión de una subvariante particular en esta categoría no significa que la subvariante represente una amenaza adicional para la salud pública. De hecho, las evaluaciones recientes de BQ.1 y XBB realizadas por el TAG-VE encontraron que su fenotipo general no divergía lo suficiente como para justificar la designación de una nueva VOC y la asignación de una nueva letra griega². Por lo tanto, todas las “Subvariantes de la variante ómicron bajo vigilancia” siguen siendo parte de ómicron. Las evaluaciones de riesgo de estos y de nuevos sublinajes emergentes se actualizarán periódicamente.

En resumen, no se han demostrado cambios significativos en el impacto en la salud pública con respecto a los sublinajes de ómicron, además de la alta capacidad de transmisión ya demostrada por ómicron. Aunque algunos tratamientos basados en anticuerpos monoclonales pueden verse afectados por cambios estructurales específicos en el virus, la vacunación y las medidas no farmacológicas, incluido el uso adecuado de mascarillas, siguen siendo extremadamente útiles para controlar la transmisión del virus y los aumentos de casos.

Circulación de los sublinajes de ómicron en la Región de las Américas

Ómicron se introdujo en las Américas a fines de 2021 y reemplazó rápidamente a Delta y otros linajes en toda la Región y en todo el mundo. Ómicron ha sido notificada oficialmente por 54 países o territorios y ha predominado en todos los países de las Américas desde principios de 2022. El sublinaje BA.1 circuló a finales de 2021 y principios de 2022 y fue reemplazado por BA.2 entre las semanas 12 y 15 de 2022. BA.2 luego fue reemplazado en gran medida por una combinación de sublinajes BA.4 y BA.5 entre las semanas 25 y 34 (Figura 1). En particular, en las últimas cuatro semanas, BA.4 y BA.5 (y sus sublinajes) combinados representan el 96%, 99%, 96% y 96% de las muestras caracterizadas en América del Norte, el Caribe, América Central y Suramérica, respectivamente.

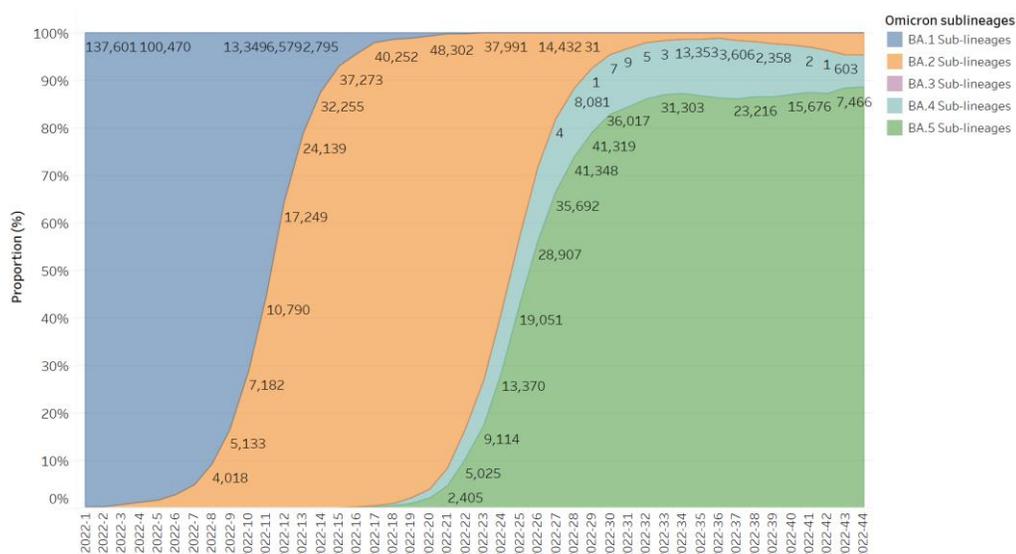


Figura 1. Proporciones de sublinajes de la VOC ómicron identificados por los países de la Región de las Américas (enero-noviembre de 2022). Fuente: GISAID.

² OMS. TAG-VE statement on Omicron sublineages BQ.1 and XBB. 27 de octubre de 2022. Disponible en inglés en: <https://www.who.int/news/item/27-10-2022-tag-ve-statement-on-omicron-sublineages-bq.1-and-xbb>

Información adicional sobre la circulación de variantes del SARS-CoV-2 en las Américas se puede encontrar en las actualizaciones epidemiológicas semanales de COVID-19 de la OPS³.

Orientaciones para las autoridades nacionales

La OPS/OMS reitera a los Estados Miembros la necesidad de: (i) mantener las actividades de vigilancia genómica del SARS-CoV-2 de acuerdo con las orientaciones de la OPS⁴ y la OMS⁵; (ii) asegurar la publicación inmediata de secuencias genómicas producidas en la plataforma GISAID; y (iii) utilizar la clasificación de variantes del SARS-CoV-2 de la OMS al comunicarse con el público.

³ OPS. Weekly COVID-19 Epidemiological Update – Region of the Americas. Disponibles en inglés en: <https://www.paho.org/en/covid-19-weekly-updates-region-americas>

⁴ 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>

⁵ 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>