# Mutaciones, variantes y cepas: así evoluciona el coronavirus

Variante británica, sudafricana, brasileña… ¿Alguien dijo que el [**coronavirus**](https://cuidateplus.marca.com/enfermedades/infecciosas/coronavirus.html) SARS-CoV-2 es muy estable? En realidad, varía más que algunos tipos virus pero menos que otros. A medida que avanza la pandemia y aumenta el número de personas infectadas, se elevan sus **oportunidades para evolucionar y adquirir nuevas ventajas que le permitan propagarse de forma más eficiente**. Tal y como argumenta **Ignacio López-Goñi**, catedrático de Microbiología de la [**Universidad de Navarra**](https://www.unav.edu/) ,“es cierto que este coronavirus muta menos que el de la [**gripe**](https://cuidateplus.marca.com/enfermedades/infecciosas/gripe.html) y el [**VIH**](https://cuidateplus.marca.com/enfermedades/infecciosas/sida.html), pero eso no quiere decir que no mute”.

Los cambios del virus que se conocen como mutaciones **se producen al azar**, pero están influidos por la presión a la que está sometido el virus. Uno de los factores que puede impulsar esos cambios es [**la vacunación**](https://cuidateplus.marca.com/medicamentos/2020/08/18/como-logra-acelerar-desarrollo-vacunas-pandemia-174429.html). Por eso, en palabras de **Raúl Rivas**, profesor de Microbiología del Departamento de Microbiología y Genética de la [**Universidad de Salamanca**](https://www.usal.es/), “**no podemos dilatar en el tiempo la vacunación** porque esa presión selectiva va a hacer que el virus busque salidas y van a empezar a surgir variantes capaces de *escapar* y transmitirse mucho mejor”.

**Qué es una mutación, una variante y una cepa**

Antes de seguir explicando las consecuencias de las mutaciones y variantes de los virus, tal vez sea mejor explicar qué es una mutación y **cuál es la diferencia entre una cepa y una variante**.

**Mutación**

**“Los virus viven mutando”**, reseña López-Goñi. “De hecho, cuando hablamos de virus no hablamos de especies víricas -tal y como hacemos con las especies de animales o plantas-, sino de cuasiespecies porque, en realidad, un virus es **una nube de mutantes**”. En virología no se tienen en cuenta los individuos o partículas virales, sino las poblaciones, es decir, miles de millones de partículas virales que se multiplican a una velocidad de vértigo.

Pero esa replicación viral no es perfecta;**los virus cometen errores al copiar su material genético**. “Una mutación es **un cambio en una de las letras (nucleótidos) que forman el código genético** de un organismo”, explica Rivas. En el caso de los coronavirus, al tratarse de virus que usa el ácido ribonucleico (ARN) como material genético, las letras son la adenina, la guanina, la citosina y el uracilo (A, G, C y U). Estas letras se unen de tres en tres formando tripletes (codones), que son los que **conforman los diferentes tipos de aminoácidos**que, a su vez, son los que **forman las proteínas**. Y las proteínas están implicadas tanto en la estructura como en las funciones de un virus. “Por ejemplo, el coronavirus utiliza proteínas como **llaves para interactuar con las células humanas**”, cita Rivas. Las mutaciones que afectan a esas proteínas pueden servir para que el virus **entre mejor en la célula**.

Hay que tener en cuenta, según destaca López-Goñi, que las enzimas (proteínas que catalizan reacciones químicas) “que copian el ARN suelen cometer más errores, **son más *torpes***. Por eso, la frecuencia de mutación es mucho más alta que en otros virus”.

**Variante**

Al estar multiplicándose continuamente, la evolución y la selección natural operan en los virus **“a alta velocidad o en cámara rápida”**, indica López-Goñi. Muchas de esas mutaciones no tienen ningún efecto, mientras que otras pueden hacer que el virus se multiplique menos y, por lo tanto, acaban desapareciendo. “La mayoría de las veces las mutaciones no tienen significado biológico, pero **cuanta mayor sea la tasa de mutaciones**, es posible que, por mero azar o por presión selectiva, **surjan cambios que sean importantes**”, alega Rivas. “Cuando se modifica el código genético de una manera notable, **dando lugar a alguna propiedad diferente**, es cuando hablamos de linajes o variantes”.

**Cepa**

Cuando los cambios producidos por las mutaciones son muy acentuados, hasta el punto de que**inciden en factores clave del virus** como su virulencia, su letalidad, su capacidad de desencadenar una respuesta inmunológica (antigenicidad), su transmisión… es cuando se habla de nuevas cepas.

Por lo tanto, la diferencia entre variantes y cepas es **una cuestión de grados**. La variante es una modificación del virus original con una relevancia limitada, mientras que**la cepa supone cambios importantes** y bien definidos en la biología del virus.

**Efectos en la transmisión y virulencia del virus**

Las variantes de los virus -y en mucha mayor medida las cepas- pueden incorporar cambios significativos en aspectos fundamentales para la evolución de una epidemia o una pandemia como la de Covid-19: **mejor capacidad de transmisión, mayor virulencia, más letalidad**… Se pueden hacer predicciones, pero solo hasta cierto punto. “Lo esperable en la deriva evolutiva es que un virus se vaya haciendo cada vez más transmisible y que mate menos a su hospedador porque eso no le conviene para seguir transmitiéndose”, comenta López-Goñi. No obstante, recalca que los virus “no piensan” y la evolución “es al azar”, por lo que no descarta que el SARS-CoV-2 todavía **“nos pueda dar algún susto”**.

“Nos queda mucho por andar y van a seguir apareciendo variantes”, apostilla Rivas. “El problema es qué tipo de variantes surgen”.

**La famosa proteína S y sus mutaciones**

Entre las variantes que pueden resultar más preocupantes destacan las que afectan al gen que codifica la proteína S del virus. Se trata de **la proteína que está en la corona o envoltura del coronavirus**, que es la que, en palabras del catedrático de Microbiología de la Universidad de Navarra, “es la llave que utiliza el virus para entrar dentro de las células”. Es preciso estar al tanto y vigilar estrechamente los posibles cambios en esa proteína, ya que determinadas mutaciones pueden permitir **que el virus entre mejor en las células**y sea más virulento o más transmisible. Además, al ser la proteína más expuesta del virus, es contra la que el organismo genera más anticuerpos y, por ese motivo, **en ella se basan la mayoría de las vacunas**.

**Necesidad de adaptar las vacunas**

Una mutación decisiva en la proteína S puede conferir al coronavirus la capacidad de escapar de la acción de las vacunas que actualmente se están administrando en todo el mundo. Aparentemente, si esa variante se propaga rápidamente por todo el mundo, el resultado sería potencialmente catastrófico, pero los expertos creen que no hay motivos para alarmarse en exceso. Si eso ocurre, lo que habrá que hacer es **modificar las vacunas, tal y como se hace con la de la gripe**, para que sean eficaces frente a las nuevas variantes o cepas del coronavirus. Y, lógicamente, volver a vacunar a quienes hayan recibido las vacunas más antiguas.

Las vacunas de Pfizer y Moderna presentan una ventaja en este aspecto, ya que**la tecnología de ARN mensajero** con la que están hechas permite modificarlas en un plazo muy corto de tiempo. En las otras vacunas, como la de AstraZeneca, lleva más tiempo cambiar su composición, pero también se pueden adaptar.

**Cambios más allá de las mutaciones**

El ritmo de mutación del coronavirus es, según el profesor de Microbiología de la Universidad de Salamanca, “considerable”, ya que se multiplica y copia su información constantemente y, a diferencia de otros patógenos, la mayoría de los virus de ARN **no tienen “sistemas de reparación de los errores que cometen”**. Se producen en torno a dos mutaciones al mes, lo que ha llevado a que en estos momentos ya se estén viendo variantes con 20-24 mutaciones.

La cosa se complica porque los virus no solo varían cambian su información genética a través de la mutación, sino que también pueden contar con otros sistemas. Por ejemplo, los coronavirus **tienen la capacidad de recombinarse**. “Esto significa que son capaces de intercambiar segmentos de material genético entre ellos, y esto se logra cuando dos variantes diferentes infectan la misma célula”, explica Rivas.

El virus de la gripe tiene otra herramienta muy poderosa de la que, afortunadamente, no dispone el coronavirus: **la redistribución genética**. “Es un mecanismo que es como barajar los genes”, apunta Rivas.

# **¿Cuántas cepas del Covid-19 se han detectado?**

Según informa el Centro para el Control y la Prevención de Enfermedades (CDC), se han documentado **diversas variantes del virus que causa el Covid-19** a nivel mundial durante esta pandemia. Esto se debe, tal y como detalla el organismo, a que el virus que causa la enfermedad es un tipo de coronavirus (nombre que recibe debido a los picos en forma de corona que se encuentran en la superficie).  
  
Desde su aparición, los científicos monitorean los cientos de cambios del virus -incluidos los de su superficie- a través de análisis genéticos que ayuden a entender cómo evoluciona y cómo puede incidir **en la forma en la que se propaga y contagia a la población**. Tras estos análisis, en estos momentos en el mundo [hay tres tipos de variantes diferentes del Covid-19](https://espanol.cdc.gov/coronavirus/2019-ncov/transmission/variant.html) en circulación que son potencialmente más peligrosas que el resto de cepas, explica el CDC.  
  
La primera de ella es **la cepa de Reino Unido**, una variante llamada B.1.1.7 que experimentó una gran cantidad de mutaciones en el otoño de 2020. A diferencia de las otras variantes, ésta se caracteriza por su **rápida y fácil propagación**. De hecho, a España llegó por primera vez a finales de 2020 y tal es su expansión, que el Ministerio de Sanidad asegura que [será mayoritaria en el mes de marzo](https://www.redaccionmedica.com/secciones/ministerio-sanidad/covid-19-espana-cepa-inglesa-sera-mayoritaria-marzo-2534).  
  
Asimismo, en el mes de enero de 2021, [la comunidad científica informó](https://www.redaccionmedica.com/secciones/sanidad-hoy/covid-19-cepa-britanica-johnson-confirma-30-mas-mortal-5442) que **la cepa británica está asociada a un mayor riesgo de muerte**, en comparación con las otras variantes.

**¿Cuáles son las otras dos cepas detectadas del Covid-19?**

La segunda es **la cepa sudafricana**, o también conocida como B.1.351. Esta variante fue detectada originalmente en octubre de 2020 y comparte algunas mutaciones con la B.1.1.7. En España, [el primer caso diagnosticado de esta cepa](https://www.redaccionmedica.com/autonomias/galicia/covid-primer-caso-espana-variante-sudafricana-9378) se produjo el pasado 28 de enero, **en Vigo**, en un hombre de 30 años, vinculado a la industria del naval y que había viajado a Sudáfrica por motivos laborales. A su regreso del viaje refirió síntomas compatibles con el virus pero**no requirió hospitalización**, informó en su momento el Servizo Galego de Saúde (Sergas).  
  
Finalmente, la tercera, es **la cepa brasileña**, una variante llamada P.1, que se identificó por primera vez en viajeros provenientes de Brasil sometidos a pruebas de detección del Covid-19 rutinarias en el aeropuerto de Japón. Según informa el CDC, esta variante “contiene un juego de **mutaciones adicionales** que podrían afectar su capacidad de ser reconocida por los anticuerpos". Tal es así, que **España ya ha anunciado que prohíbe los vuelos procedentes de Sudáfrica y Brasil**para detener la expansión de estas cepas en concreto.

# Seguimiento de las variantes del SARS-CoV-2

Todos los virus cambian con el paso del tiempo, y también lo hace el SARS-CoV-2, el virus causante de la COVID-19. La mayoría de los cambios tienen escaso o nulo efecto sobre las propiedades del virus. Sin embargo, algunos cambios pueden influir sobre algunas de ellas, como por ejemplo su facilidad de propagación, la gravedad de la enfermedad asociada o la eficacia de las vacunas, los medicamentos para el tratamiento, los medios de diagnóstico u otras medidas de salud pública y social.

La OMS, en colaboración con asociados, redes de expertos, autoridades nacionales, instituciones e investigadores, ha estado vigilando y evaluando la evolución del SARS‑CoV-2 desde enero de 2020. La aparición de variantes que suponían un mayor riesgo para la salud pública mundial, a finales de 2020, hizo que se empezaran a utilizar las categorías específicas de «variante de interés» (VOI) y «variante preocupante» (VOC), con el fin de priorizar el seguimiento y la investigación a escala mundial y, en última instancia, orientar la respuesta a la pandemia de COVID-19.

La OMS y sus redes internacionales de expertos llevan a cabo un seguimiento de los cambios que experimenta el SARS-CoV-2 para que, en caso de que se detecten sustituciones significativas en aminoácidos, se pueda informar a los países y a la población acerca de las medidas que se deban adoptar a fin de reaccionar ante la variante y de prevenir su propagación. Se han establecido sistemas de ámbito mundial, cuya eficacia se está reforzando actualmente, para detectar «señales» de posibles variantes preocupantes y de interés y para evaluarlas en función del riesgo que supongan para la salud pública mundial. No obstante, las autoridades nacionales pueden optar por designar otras posibles variantes preocupantes y de interés a escala local.

Se debe reducir la transmisión mediante medidas de control establecidas y de eficacia demostrada, así como previniendo la introducción en poblaciones animales como parte importante de la estrategia mundial para reducir la aparición de mutaciones que tienen consecuencias negativas para la salud pública.

Las estrategias y las medidas que recomienda actualmente la OMS siguen funcionando contra las variantes del virus detectadas desde el comienzo de la pandemia. Se ha demostrado en muchos países con amplia transmisión de variantes preocupantes que las medidas sociales y de salud pública, como las de prevención y control de la infección, reducen eficazmente el número de casos, hospitalizaciones y muertes por COVID-19, por lo que animamos a las autoridades locales y nacionales a continuar intensificándolas. Además, las autoridades deben reforzar la capacidad de vigilancia y de secuenciación, adoptar un enfoque sistemático para proporcionar una indicación representativa de la amplitud de la transmisión de las variantes del virus basada en los contextos locales y detectar cualquier suceso epidemiológico inusual.

## Denominación de las variantes del SARS-CoV-2

Los sistemas de nomenclatura establecidos para nombrar y rastrear los linajes genéticos del SARS-CoV-2 por [GISAID](https://www.gisaid.org/), [Nextstrain](file:///C:\\Users\\rousseauc\\Downloads\\Nextstrain) y Pango se siguen utilizando en círculos científicos y en la investigación científica, y así se continuará haciendo. Con el fin de contribuir a los debates públicos sobre las variantes, la OMS convocó a algunos científicos del Grupo Consultivo Técnico sobre la Evolución de los Virus y de la Red de Laboratorios de Referencia de la OMS para la COVID-19, a representantes de GISAID, Nextstrain y Pango, y a otros expertos en nomenclatura virológica y microbiana y en materia de comunicación procedentes de varios países y organismos, y les encargó que buscaran denominaciones para los VOI y los VOC que fueran fáciles de pronunciar y no generasen estigmas. Por el momento, este grupo de expertos convocado por la OMS ha recomendado el uso de denominaciones basadas en las letras del alfabeto griego, es decir, alfa, beta, gamma, que serán más fáciles de usar y más prácticas para los debates del público no científico.

## Variantes del SARS-CoV-2, definiciones funcionales y medidas adoptadas

Es posible que las definiciones funcionales de las variantes del SARS-CoV-2 que se presentan aquí se modifiquen periódicamente para adaptarse a la evolución continua de este virus y los nuevos conocimientos al respecto. Siempre que sea necesario, cualquier variante que no cumpla todos los criterios que se mencionan en estas definiciones se podrá designar como variante preocupante, de interés o bajo vigilancia, mientras que aquellas que entrañen riesgos menores que otras variantes circulantes se podrán reclasificar, tras solicitar asesoramiento al [Grupo Consultivo Técnico de la OMS sobre Evolución de los Virus](https://www.who.int/publications/m/item/terms-of-reference-for-the-technical-advisory-group-on-sars-cov-2-virus-evolution-(tag-ve))- en inglés, (este grupo se denominaba anteriormente Grupo de Trabajo sobre la Evolución de los Virus).

En las [actualizaciones epidemiológicas semanales de la OMS](https://www.who.int/emergencies/diseases/novel-coronavirus-2019/situation-reports)- en inglés, se proporciona regularmente información actualizada sobre las clasificaciones del SARS-CoV-2, la distribución geográfica de las variantes preocupantes y los resúmenes de sus características fenotípicas (transmisibilidad, gravedad de la enfermedad, riesgo de reinfección e impactos en el diagnóstico y la eficacia de la vacuna) basada en los estudios publicados.

**Variantes preocupantes (VOC, por sus siglas en inglés)**

**Definición funcional:**

Una variante del SARS-CoV-2 que cumple con los criterios para ser definida como una VOI (véase abajo) y en relación con la cual se ha demostrado, tras una evaluación comparativa, que está asociada a uno o más de los siguientes cambios en un grado que resulte significativo para la salud pública mundial

* Aumento de la transmisibilidad o cambio perjudicial en la epidemiología de la COVID-19; o
* Aumento de la virulencia o cambio en la presentación clínica de la enfermedad; o
* Disminución de la eficacia de las medidas sociales y de salud pública o de los medios de diagnóstico, las vacunas y los tratamientos disponibles.

**Principales medidas que adopta la OMS ante una variante posiblemente preocupante:**

* Evaluación comparativa por la OMS y el Grupo Consultivo Técnico de la OMS sobre Evolución de los Virus de las características de la variante y de los riesgos que entraña para la salud pública.
* Si se considera necesario, coordinación de estudios adicionales en laboratorio realizados por los Estados Miembros y los asociados.
* Comunicación de los resultados y las nuevas denominaciones a los Estados Miembros y a la población en general, mediante los sistemas establecidos.
* Exámenes y, si es necesario, revisión de las orientaciones de la OMS mediante los mecanismos establecidos en la Organización.
* Facilitación del intercambio de aislados víricos a través del BioHub de la OMS.

**Principales medidas para los Estados Miembros si se detecta una variante preocupante:**

* Envío de las secuencias completas del genoma y de metadatos conexos a una base de datos públicamente disponible, como la GISAID.
* Notificación a la OMS de los casos o conglomerados de casos asociados con la infección por la variante preocupante, por medio del mecanismo del Reglamento Sanitario Internacional.
* Si se dispone de capacidad suficiente, y en coordinación con la comunidad internacional, realización de estudios en el terreno y de análisis en laboratorio para conocer mejor los efectos de la variante preocupante en las características epidemiológicas de la COVID-19, la gravedad de los síntomas que produce, la eficacia de las medidas sociales y de salud pública, los métodos diagnósticos, la respuesta inmunitaria, la neutralización por anticuerpos y otras cuestiones pertinentes.
* Intercambio de aislados víricos a través del BioHub de la OMS y/u otras iniciativas de intercambio de virus.

**Subvariantes de la variante ómicron bajo vigilancia**

Las últimas variantes preocupantes han sustituido en gran medida a otras variantes cocirculantes del SARS-CoV-2. En octubre de 2021 la variante delta representaba casi el 90% de todas las secuencias víricas remitidas a GISAID, mientras que actualmente la variante dominante en todo el mundo es ómicron, que representa >98% de las secuencias víricas remitidas a dicha iniciativa a partir de febrero de 2022. El mantenimiento de la transmisión de esas variantes preocupantes ha dado lugar a una considerable evolución interna. Desde que el 26 de noviembre de 2021 la OMS la clasificara la variante ómicron como variante preocupante, los virus que forman parte del complejo ómicron han seguido evolucionando, lo que ha dado lugar a linajes descendientes con diferentes constelaciones genéticas de mutaciones. Cada constelación puede suponer o no un riesgo diferente para la salud pública, y posiblemente cada linaje con sustituciones en sitios clave tenga que investigarse más a fondo para evaluar si sus características difieren o no de las que definen la variante preocupante de la que proceden.

Habida cuenta de la transmisión generalizada de la variante preocupante ómicron por todo el planeta y el consiguiente aumento –esperable– en la diversidad vírica, la OMS ha añadido a su sistema de seguimiento de las variantes una nueva categoría, denominada «linajes de variantes preocupantes bajo vigilancia» (VOC-LUM), con el fin de señalar a las autoridades de salud pública de todo el mundo los linajes de variantes preocupantes que pueden requerir atención y vigilancia prioritarias. El objetivo principal de esta categoría es investigar si esos linajes pueden suponer una amenaza adicional para la salud pública mundial en comparación con otros virus circulantes. Si se demuestra que alguno de esos linajes tiene características distintas en comparación con la variante preocupante original de la que procede, el Grupo Consultivo Técnico sobre la Evolución del Virus SARS-CoV-2 se reunirá y podría recomendar a la OMS que le atribuyera una denominación distinta.

**Definición funcional:**

Variante que, con arreglo a un análisis filogenético, se enmarca dentro de una variante preocupante actualmente en circulación

Y

muestra señales de ventaja en la transmisión en comparación con otros linajes de variantes preocupantes en circulación

Y

presenta otros cambios en aminoácidos que, según se sabe o se sospecha, confieren el cambio observado en las características epidemiológicas y una ventaja adaptativa en comparación con otras variantes circulantes.

**Principales medidas que adopta la OMS ante el linaje de una variante preocupante bajo vigilancia:**

• Evaluación de las características epidemiológicas mundiales del linaje de la variante preocupante bajo vigilancia

• Seguimiento mundial de la propagación del linaje de la variante preocupante bajo vigilancia

• Si se considera necesario, coordinación de estudios adicionales en laboratorio realizados por los Estados Miembros y los asociados

• Facilitación del intercambio de aislados víricos a través del BioHub de la OMS

• En consulta con el Grupo Consultivo Técnico sobre la Evolución del Virus SARS-CoV-2, examen de las características del linaje de la variante preocupante bajo vigilancia en comparación con la variante preocupante a la que pertenece, y atribución de denominación distinta si las características son considerablemente diferentes.

**Principales medidas que deben adoptar los Estados Miembros si detectan el linaje de una variante preocupante bajo vigilancia:**

• Presentación de información a la OMS a través de los canales de notificación establecidos con sus oficinas en el país o en la región.

• Envío de las secuencias completas del genoma y de metadatos conexos a una base de datos públicamente disponible, como GISAID.

• Realización de estudios en el terreno para conocer mejor los posibles efectos del linaje de la variante preocupante bajo vigilancia en las características epidemiológicas de la COVID-19, la gravedad de los síntomas que produce, la eficacia de las medidas sociales y de salud pública y otras cuestiones pertinentes.

• Realización de análisis en laboratorio, si se dispone de capacidad para ello, o puesta en contacto con la OMS para que preste apoyo a fin de estudiar en laboratorio los efectos del linaje de la variante preocupante bajo vigilancia en las características pertinentes del virus.

• Intercambio de aislados víricos a través del BioHub de la OMS y/u otras iniciativas de intercambio de virus.

**Variantes de interés (VOI, por sus siglas en inglés)**

**Definición funcional:**

Son variantes del SARS-CoV-2 que:

* presentan cambios en el genoma que, según se ha demostrado o se prevé, afectan a características del virus como su transmisibilidad, la gravedad de la enfermedad que causa y su capacidad para escapar a la acción del sistema inmunitario, ser detectado por medios diagnósticos o ser atacado por medicamentos; Y
* según se ha comprobado, dan lugar a una transmisión significativa en medio extrahospitalario o causan varios conglomerados de COVID-19 en distintos países, con una prevalencia relativa creciente y ocasionando números cada vez mayores de casos con el tiempo, o bien que presentan, aparentemente, otras características que indiquen que pueden entrañar un nuevo riesgo para la salud pública mundial.

**Medidas adoptadas por la OMS y los Estados Miembros:**

**Principales medidas que deben adoptar los Estados Miembros si detectan una variante de interés:**

* Informar a la OMS a través de las vías de notificación establecidas con sus oficinas en el país o en la región, con el fin de facilitar información sobre los casos causados por la variante de interés, por ejemplo: la persona infectada, el lugar y el momento de la infección, y otras características clínicas y de otra índole.
* Envío de las secuencias completas del genoma y de metadatos conexos a una base de datos públicamente disponible, como la GISAID.
* Realización de estudios en el terreno para conocer mejor los posibles efectos de la variante de interés en las características epidemiológicas de la COVID-19, la gravedad de los síntomas que produce, la eficacia de las medidas sociales y de salud pública y otras cuestiones pertinentes.
* Realización de análisis en laboratorio, si se dispone de capacidad para ello, o puesta en contacto con la OMS para que preste apoyo a fin de estudiar en laboratorio los efectos de la variante de interés en cuestiones pertinentes.
* Intercambio de aislados víricos a través del BioHub de la OMS y/u otras iniciativas de intercambio de virus.

**Principales medidas que adopta la OMS ante una posible variante de interés:**

* + Evaluación comparativa por la OMS de las características de la variante y de los riesgos que entraña para la salud pública.
  + Si se considera necesario, coordinación de estudios adicionales en laboratorio realizados por los Estados Miembros y los asociados.
  + Evaluación de las características epidemiológicas mundiales de la variante de interés.
  + Seguimiento mundial de la propagación de la variante de interés.
  + Facilitación del intercambio de aislados víricos a través del BioHub de la OMS.

# **Coronavirus ¿Qué es, dónde surgió y cómo protegerse?**

Coronavirus COVID-19, una nueva mutación que se propaga rápidamente por todo el planeta. Descubre las sintomatologías, como prevenirlo.

El **coronavirus** o SARS-CoV-2, es una enfermedad viral respiratoria perteneciente a la misma familia genética de los virus SARS-CoV y MERS-CoV, surgidos en **China** y **Arabia Saudí** en los años 2002 y 2012 respectivamente. El primero tiene su origen en los murciélagos, mientras que el MERS-CoV provino de los camellos o dromedarios, quienes a su vez transmitieron el virus a los humanos por zoonosis, pero antes de entrar de lleno en la materia, es necesario explicar un término importante.

## Nuevo coronavirus o COVID-19

El virus COVID-19 fue **reportado por** **primera vez** el martes 7 de enero de 2020, por el CDC de **China** (Centro para el Control y la Prevención de Enfermedades), luego de que el 31 de diciembre de 2019 la Comisión de Salud Municipal de la ciudad de Wuhan en la provincia de Hubei, notificara 27 casos de un tipo de neumonía de etiología desconocida, siete de los cuales eran severos.

Un mes después, el número de infectados había aumentado a 9.692 casos, de ellos, 1.527 enfermaron de gravedad. El vínculo común de todos estos casos, es que se trataba de personas con algún tipo de relación con el **Mercado de Huanan** en Wuhan, en el cual se vende al mayoreo pescados, mariscos y animales vivos.

Las autoridades sanitarias del lugar, tomaron muestras en el mencionado mercado y el 1 de enero fue cerrado al público, ya que las mismas dieron positivas para el nuevo coronavirus.

Para el diez de enero, la primera secuencia genómica del coronavirus COVID-19 estuvo disponible al público en general.

**La** **primera muerte** por causa del virus, se reportó el 11 de enero.

Cabe destacar, que casi todos los casos reportados fuera de China, tienen el antecedente común de haber sido personas que viajaron a ese país y/o a la provincia de Hubei, antes del inicio de los síntomas.

Síntomas del coronavirus 2019

A su vez, las personas deben estar alerta ante la presencia de los siguientes síntomas:

* Fiebre.
* Tos seca
* Dificultad para respirar (disnea)
* Fatiga (mialgia)

Muchas personas presentan otra clase de síntomas, te los dejaremos a continuación para que estés alerta:

* Dolor en la garganta
* Diarrea
* Conjuntivitis
* Pérdida del sentido del gusto y el olfato
* Cambio en la coloración de los dedos de los pies y las manos

Ya para las personas que se encuentran en estado de gravedad, los síntomas son más complicados:

* Presión y dolor en el pecho
* Incapacidad de moverse y a veces hasta de hablar
* Falta de aire

Para todas las personas que presentan los síntomas leves, lo más recomendable es que se resguarden en casa, pero las que tienen una sintomatología más grave, se les recomienda asistir inmediatamente al médico.

La amplia distribución de los coronavirus, su diversidad, su constante recombinación genómica así como  el aumento y estrechamiento de las interacciones entre los humanos y los animales, han favorecido el surgimiento de nuevos coronavirus de tipo zoonótico.

En el caso de los brotes del MERS y el SARS, la transmisión de humano a humano se produjo a través del contacto directo con personas infectadas y objetos contaminados o fómites, por lo que se cree que el COVID-19 podría transmitirse de manera semejante. Por tanto, tomar las medidas indicadas previamente, resulta crucial para todos.

¿Qué hacer para prevenir la enfermedad?

La [**Organización Mundial de la Salud**](https://www.who.int/es/emergencies/diseases/novel-coronavirus-2019) (OMS) recomienda a todos los países que intensifiquen la vigilancia sobre las infecciones respiratorias agudas graves, como la neumonía, haciendo un seguimiento a cualquier manifestación desacostumbrada de estas enfermedades y que les sean notificados los casos confirmados o probables de COVID-19.

Medidas de precaución contra el COVID-19

* Lavarse muy bien las manos con agua y jabón o usar algún gel antibacterial con un mínimo de 60% de alcohol
* Cubrirse la boca y la nariz al toser o estornudar, usando el antebrazo o con un pañuelo
* Evitar tocarse la cara con las manos
* Mantenerse a una distancia de un metro de otras personas
* Evitar el contacto cercano con alguien resfriado
* En caso de presentar los síntomas es mejor quedarse en casa o acudir a un médico especialista
* No asistir a actos públicos
* Es necesario desinfectar las superficies con las que se hace contacto frecuentemente
* Cocinar muy bien las proteínas animales
* Usar mascarillas para prevenir ser contagiado o en caso de estarlo, propagar el virus

¿Cómo usar la mascarilla?

Luego de que el virus se propagara por todo el mundo, muchas personas han tenido que salir de sus casas para realizar sus labores diarias y llevar el pan de cada día, por lo que es sumamente indispensable y obligatorio el uso de las mascarillas. ¿Quieres saber cómo usarlas? ¡Presta mucha atención!

* Debes lavarte las manos antes de colocártela y cada vez que la toques. Recuerda no pasarte la manos por ninguna parte de tu cara
* No solo debes cubrir tu boca, también debes cubrir la nariz y el mentón
* Si la mascarilla es de tela es importante que la laves cada vez que la uses y si es un tapabocas médico, solo debes usarlo una sola vez

Nuevas medidas de contingencia, ante la declaración de pandemia de COVID-19 decretada por la OMS

Ante tal panorama, la OMS ha incrementado [**nuevas medidas de prevención**](https://policlinicametropolitana.org/multimedia/recomendaciones-de-policlinica-metropolitana-para-combatir-el-covid-19/) para evitar que el virus siga extendiéndose cada vez más y más entre la población. Estas medidas son las siguientes:

* Limpiar el espacio de trabajo meticulosamente (teclado, mouse, mesa, etc.)
* Incrementar el lavado de manos, ya no solo antes de comer o después de ir al baño, sino también al momento de tocar objetos de uso común, como manijas de puertas, por ejemplo
* Evitar ingresar a espacios muy cerrados y con poca ventilación, como subterráneos o metros
* Al momento de lavarse las manos, hacerlo de forma minuciosa, durante al menos 40 segundos
* Usar gel antibacterial con alcohol
* Evitar los saludos con contacto físico
* Limpiar con frecuencia el teléfono celular

Coronavirus previos al SARS-CoV-2

Hasta 2019, se conocían seis especies de coronavirus patógenas perjudiciales para el ser humano. De ellas, cuatro causan síntomas de resfriado común en personas que antes estaban sanas.

Por el contrario, las dos especies restantes, de origen zoonótico, producen una enfermedad severa que en ocasiones resulta mortal: el **coronavirus del síndrome respiratorio severo** (SARS-CoV) y el **coronavirus del síndrome respiratorio del Medio Oriente** (MERS-CoV).

Estos dos tipos de coronavirus que infectan animales (aves y varias especies de mamíferos especialmente), evolucionaron provocando brotes en los humanos también.

El SARS-CoV, se manifestó en los años 2002 y 2003 infectando a 8096 personas y ocasionando 774 muertes, con un índice de fatalidad del 10%.

Se cree que los murciélagos fueron el origen de este virus, los cuales infectaron a felinos del Himalaya que a su vez lo transmitieron a hurones y perros mapache que se vendían en el mercado de Guandong, en China.

En cuanto al virus MERS-CoV, apareció por primera vez en 2012 en Arabia Saudí y desde entonces se han reportado casos en toda la Península Arábica.

## Nuevos descubrimientos

De todos modos, gracias a un estudio hecho a partir de 24 casos mortales con los que se contaba con mayor información al inicio, se pudo determinar que el **rango de edad promedio** de las personas afectadas es de **36 a 89 años**, con una media de 71.5 años y que **el número de hombres infectados supera al de mujeres** en una proporción de 2 a 1.

De los 24 fallecidos con los que se hizo el estudio, 10 presentaban alguna comorbilidad como diabetes, insuficiencia renal o hepática, o tuberculosis.

Por otro lado, aunque las investigaciones están en pleno desarrollo, los científicos calculan que **cada individuo** infectado con el virus, **puede contagiar de 1.5 a 3.5 personas**, de no tomarse medidas de contención rigurosas al respecto, ya que se transmite a través de las mínimas gotas de saliva que escupe una persona al estornudar, toser, hablar, reír, etc.

Lo anterior, convierte al COVID-19 en un virus tan contagioso como el SARS surgido en 2002 y más fácil de contraer que el VIH o la hepatitis, que solo se propagan a través del contacto directo con los fluidos corporales de alguien infectado.

La diferencia entre el SARS de 2002 con este nuevo tipo de coronavirus, es que mientras el primero presentaba síntomas a los pocos días de contagio, con el COVID-19 pueden pasar hasta dos semanas sin que la persona muestre síntomas y aún así contagiar la enfermedad, haciéndolo mucho más difícil de controlar.

Descripción general

Los coronavirus son una familia de virus que pueden causar enfermedades como el resfriado común, el síndrome respiratorio agudo grave (SARS, por sus siglas en inglés) y el síndrome respiratorio de Oriente Medio (MERS, por sus siglas en inglés). En 2019 se identificó un nuevo coronavirus como la causa del brote de una enfermedad que se originó en China.

El virus se conoce como coronavirus 2 del síndrome respiratorio agudo grave (SARS-CoV-2). La enfermedad que causa se llama enfermedad por coronavirus 2019 (COVID-19). En marzo de 2020, la Organización Mundial de la Salud (OMS) declaró el brote de la COVID-19 como pandemia.

Los grupos de salud pública, incluidos los Centros para el Control y la Prevención de Enfermedades (CDC, por sus siglas en inglés) de los Estados Unidos y la OMS, controlan la pandemia de la COVID-19 y publican información actualizada en sus sitios web. Estos grupos también emitieron recomendaciones para la prevención y el tratamiento del virus que causa la COVID-19.

## Causas

La infección con coronavirus del síndrome respiratorio agudo grave de tipo 2 (SARS-CoV-2) causa la enfermedad por coronavirus 2019 (COVID-19).

El virus que causa la COVID-19 se propaga con facilidad entre las personas. Según los datos, el virus de la COVID-19 se propaga principalmente de una persona a otra cuando hay contacto estrecho. El virus se propaga a través de las gotitas respiratorias que se liberan cuando una persona que tiene el virus tose, estornuda, respira, canta o habla. Estas gotitas pueden inhalarse o caer en la boca, la nariz o los ojos de alguien que esté cerca.

En algunos casos, el virus de la COVID-19 puede propagarse cuando una persona está expuesta a gotitas o aerosoles muy pequeños que permanecen en el aire por varios minutos u horas (trasmisión por el aire).

El virus también se propaga si tocas una superficie donde se encuentra el virus y luego te tocas la boca, la nariz o los ojos. Sin embargo, el riesgo es bajo.

Una persona que está infectada, pero no presenta síntomas puede trasmitir el virus de la COVID-19 (trasmisión asintomática). Una persona infectada pero que aún no presenta síntomas también puede trasmitir el virus de la COVID-19 (trasmisión presintomática).

Es posible tener COVID-19 más de una vez.

Cuando un virus tiene una o más mutaciones nuevas, dichas mutaciones se conocen como variantes del virus original. La variante ómicron (B.1.1.529) se trasmite con mayor facilidad que el virus original de la COVID-19 y la variante delta. Sin embargo, parece que causa un cuadro menos grave de la enfermedad. Las personas que tienen el esquema completo de vacunación pueden contraer infecciones posvacunación y trasmitir el virus a otros. Sin embargo, las vacunas contra la COVID-19 son eficaces para evitar enfermarse gravemente. Esta variante también reduce la eficacia de algunos tratamientos con anticuerpos monoclonales. La variante ómicron tiene algunas subvariantes (sublinajes) importantes, entre las que se incluyen la BA.5 y la BA.2.12.1. Según los Centros para el Control y la Prevención de Enfermedades (CDC, por sus siglas en inglés), la subvariante BA.5 constituyó aproximadamente el 88 % de las infecciones por COVID-19 que tuvieron secuenciación genética en los EE. UU. en agosto de 2022.

En abril, los Centros para el Control y la Prevención de Enfermedades (CDC, por sus siglas en inglés) degradaron la variante delta de una variante preocupante a una variante bajo supervisión. Esto significa que, en la actualidad, la variante delta no se considera una amenaza importante contra la salud pública en los Estados Unidos.