

# Artículos de revisión

## Variantes del SARS-CoV-2.

Mendoza-Sánchez Ma. de Jesús.

Directora de Planeación y Normatividad en CEVECE.

### Resumen

La Organización Mundial de la Salud (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 identificar sustituciones significativas en los 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 prevenir su propagación. La aparición de variantes que suponían un mayor riesgo para la salud pública mundial, a finales del 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.

El 26 de noviembre del 2021 se convocó al Grupo Consultivo Técnico sobre la Evolución del Virus SARS-CoV-2 para estudiar la variante B.1.1.529 del SARS-CoV-2 que actualmente conocemos como Omicron, misma que fue clasificada como VOC por considerar que da lugar a cambios perjudiciales en la epidemiología de la COVID-19.

**Palabras clave:** Variante, variante de interés, variante de preocupación., transmisibilidad, virulencia.

### Summary

The WHO and its international networks of experts monitor the changes that SARS-CoV-2 undergoes so that, if significant substitutions in amino acids are identified, countries and the public can be informed about the measures that they must be adopted in order to react to the variant and prevent its spread. The emergence of variants that posed a greater risk to global public health, at the end of 2020, led to the use of the specific categories of "variant of interest" (VOI) and "variant of concern" (VOC), in order to prioritize global monitoring and investigation and ultimately guide the response to the COVID-19 pandemic.

On November 26, 2021, the Technical Consultative Group on the Evolution of the SARS-CoV-2 Virus was convened to study variant B.1.1.529 of SARS-CoV-2 that we currently know as Omicron, which was classified as VOC by considering that it leads to detrimental changes in the epidemiology of COVID-19.

**Key words:** Variant, variant of interest, variant of concern, transmissibility, virulence.

### Antecedentes

Una característica fundamental de los virus, es su capacidad para mutar o adquirir un cambio en su código genético y con ello crear una variante de sí mismos. Esto es así debido a que están formados de material genético que pueden ser moléculas de ADN (ácido desoxirribonucleico) como por ejemplo, el virus causante de la viruela, la hepatitis B y la varicela; mientras que en otros virus su material genético es a base de ARN (ácido ribonucleico), como el virus causante del sarampión, el del VIH o sida y el propio SARS-CoV-2 de la COVID-19.

Un cambio o grupo de cambios ayudará a que una versión del virus supere a otras variantes; esto puede hacer que el virus se reproduzca más rápidamente o desarrolle una forma más eficiente para infectar a las células ya que necesita de un hospedero para reproducirse, pudiendo tratarse de un ser vivo animal, planta o hasta una bacteria. A veces, un cambio modificará su estructura lo suficiente como para que los anticuerpos que fabrica el sistema

inmunitario no puedan adherirse a él. Cuando esto ocurre, puede causar más enfermedades o éstas pueden ser más graves.

El primer genoma del SARS-CoV-2 se anunció el 13 de enero del 2020 y hacia finales de septiembre del mismo año se habían reportado en la base de datos pública, del repositorio de secuencias genómicas del nuevo coronavirus (GISAID), más de 126.000 genomas a nivel mundial, de los cuales más de 2.200 provenían de Latinoamérica y el Caribe.

Gracias a los avances científicos y tecnológicos, actualmente existe abundante información sobre la genética de los organismos y seres que habitan el planeta, lo que facilita también una más rápida generación de datos genómicos como ha ocurrido en la actual pandemia por COVID-19 de modo que los visualizadores, plataformas y sistemas de información, permiten mantener un conocimiento casi al instante, del avance de la pandemia en el mundo así como del comportamiento del virus que la origina;





elementos que orientan a la investigación farmacológica para identificar aquellos medicamentos y vacunas que puedan hacer frente al virus, incidiendo justamente en su estructura genética.

La información temprana aportada por países como Brasil, Panamá, Chile y Colombia, sobre la composición genética de las cepas de SARS-CoV-2 que llegaron durante los primeros meses de la pandemia, fue crucial para monitorear la diversificación regional, la fijación de linajes y la importación entre países vecinos de la región. Además, el estudio genómico del SARS-CoV-2 permitió identificar los cambios acumulados en el genoma del virus, desde su origen en China, su dispersión por el mundo y la llegada a Latinoamérica.

Las primeras diez secuencias del SARS-CoV-2 en Colombia se obtuvieron de muestras captadas en ocho ciudades del país (Cartagena, Santa Marta, Ibagué, Bogotá, Medellín, Cali, Palmira y Popayán), donde se confirmaron los primeros casos de COVID-19 importados desde Europa, como parte de la vigilancia virológica de rutina liderada por el Instituto Nacional de Salud de Colombia. En México, de acuerdo con el 17º informe epidemiológico de la situación de la COVID-19 emitido en abril del 2021, se informó que al cambiar constantemente a través de mutaciones, se esperaba que aparecieran nuevas variantes del SARS-CoV-2 con el paso del tiempo, aunque también concedía que en ocasiones, emergen nuevas variantes y luego desaparecen pero las que permanecen, permiten documentar la evolución de la pandemia. El virus que causa la COVID-19 al ser un tipo de coronavirus, es decir de una gran familia de virus, requería de un monitoreo especialmente respecto de los cambios en los picos de la superficie del virus.

La Organización Mundial de la Salud (OMS) y su red internacional de expertos dan seguimiento a los cambios que experimenta el SARS-CoV-2 de modo que, si se detectan mutaciones importantes, deben notificarlas para que los países, sus instituciones y las comunidades mismas, generen estrategias tendientes a prevenir la propagación de cada variante. Para una mejor homologación y conocimiento público de las mutaciones que van ocurriendo en el virus, la OMS y representantes de GISAID, Nextstrain, Pango (plataformas de bases de datos públicas) y expertos adicionales en nomenclatura virológica, microbiana y comunicación, de varios países y agencias, coincidieron en etiquetar de manera fácil para su pronunciación y sin estigmatización para Variantes de Preocupación (VOC) y Variantes de Interés (VOI), según letras del alfabeto griego: Alpha, Beta, Gamma, Delta, que serían más fáciles y prácticas para ser discutidas por audiencias no científicas.

Cabe recordar que por VOC se entiende a una variante del SARS-CoV-2 que cumple con la definición de un VOI y, a través de una evaluación comparativa, se ha demostrado que está asociada con uno o más de los siguientes cambios en un grado de importancia para la salud pública mundial: aumento de la transmisibilidad o cambio perjudicial en la epidemiología de COVID-19; aumento de la virulencia o cambio en la presentación clínica de la enfermedad; disminución de la eficacia de las medidas sociales y de salud pública o de los diagnósticos, vacunas y terapias disponibles.

Y por VOI, a la variante del SARS-CoV-2 con cambios genéticos que se predice o se sabe que afectan las características del virus, tales como transmisibilidad, gravedad de la enfermedad, escape inmunológico, escape diagnóstico o terapéutico; y además, identificado por causar una transmisión comunitaria significativa en varios países, con una prevalencia relativa creciente junto con un número creciente de casos a lo largo del tiempo, u otros

impactos epidemiológicos aparentes que sugieren un riesgo emergente para la salud pública mundial.

De tal modo que, conforme a las características de VOC o VOI, se encuentran actualmente las siguientes variantes:

**Cuadro No.1 Variante de preocupación**

Variantes de preocupación actualmente designadas (VOC) <sup>1</sup>

Etiqueta de la OMS	Pango linaje <sup>2</sup>	Clado GISAID	Nextstrain clado	Cambios de aminoácidos adicionales monitorizados <sup>3</sup>	Más temprano documentado muestras	Fecha de designación
Alfa	B.1.1.7	GRV	20I (V1)	+ S: 484K + S: 452R	Reino Unido, septiembre de 2020	15-dic-2020
Beta	B.1.351	GH / 501Y.V2	20H (V2)	+ S: L18F	Sudáfrica mayo de 2020	18-dic-2020
Gamma	P.1	GR / 501Y.V3	20J (V3)	+ S: 681H	Brasil, nov-2020	11 de enero de 2021
Delta	B.1.617.2	G.1.278K.V1	21A, 21I, 21J	+ S: 417H + S: 404K	India, octubre de 2020	VOI: 4-abril-2021 VOC: 11-mayo-2021
Omicrón <sup>4</sup>	B.1.1.529	GRA	21K, 21L, 21M	+ S: R346K	Varios países, noviembre de 2021	VUM: 24 de noviembre de 2021 VOC: 26 de noviembre de 2021

<sup>1</sup> Incluye todos los linajes descendientes. Consulte [cov-lineages.org](http://cov-lineages.org) y los sitios web de la red Pango para obtener más detalles.

<sup>2</sup> Ver declaración de TAG-VE emitida el 26 de noviembre de 2021

<sup>3</sup> Solo se encuentra en un subconjunto de secuencias

**Cuadro No.2 Variante de interés**

Variantes de interés designadas actualmente (VOI):

Etiqueta de la OMS	Pango linaje <sup>2</sup>	Clado GISAID	Nextstrain clado	Más temprano documentado muestras	Fecha de designación
Lambda	C.37	GR / 452Q.V1	21G	Perú, dic-2020	14-junio-2021
Mu	B.1.621	GH	21H	Colombia, ene-2021	30 de agosto de 2021

<sup>1</sup> Incluye todos los linajes descendientes. Consulte [cov-lineages.org](http://cov-lineages.org) y los sitios web de la red Pango para obtener más detalles.

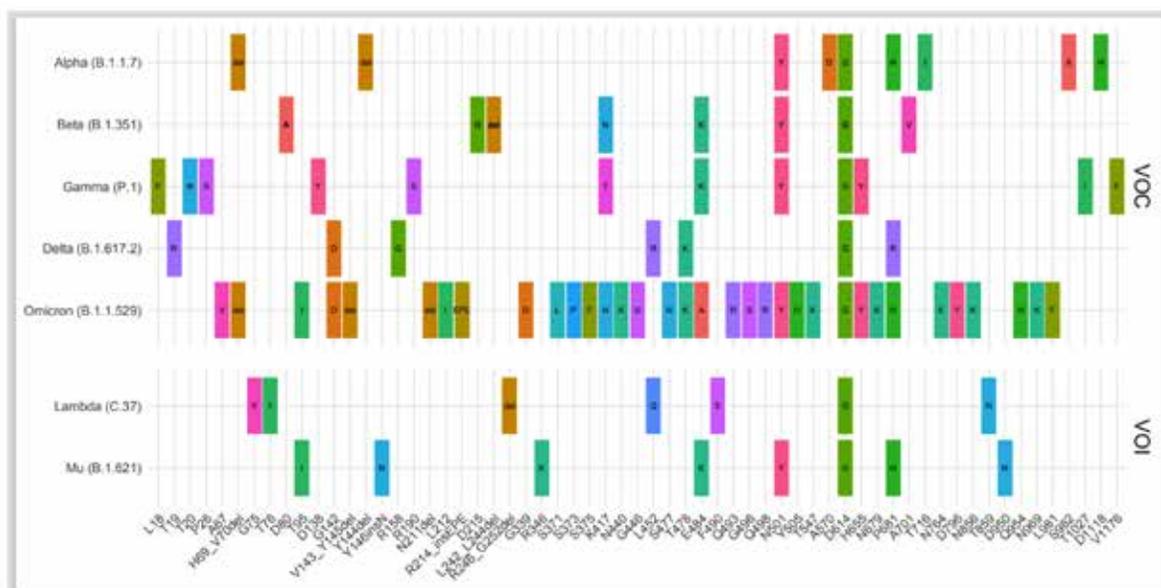
De igual modo, la OMS advierte que se puede reclasificar una variante de interés (VOI) previamente designada o una variante de preocupación (VOC) que haya demostrado de manera concluyente que ya no representa un riesgo agregado importante para la salud pública mundial, en comparación con otras variantes circulantes del SARS-CoV-2.

Las mutaciones que definen VOC y VOI en la proteína de pico del virus, se analiza para cada variante a través del perfil de cambios de aminoácidos en relación con el virus de tipo salvaje; ello con base en los primeros 1,000 genomas disponibles en GISAID (se excluyeron los genomas con menos de 29,000 nucleótidos y > 5% de N) y muestran los cambios de aminoácidos que están presentes en  $\geq 85\%$  de las secuencias analizadas. La OMS destaca que los cambios de aminoácidos relevantes pueden estar presentes en otras regiones del genoma del SARS-CoV-2, y no todos los cambios de aminoácidos en la proteína de pico están asociados a cambios potenciales en las características de la variante del virus.





**Figura. 1 Perfiles de cambios de aminoácidos de Spike**



A partir de la propagación de la enfermedad de la COVID-19 en el mundo, era previsible la existencia de diferentes variantes en circulación. El Reino Unido identificó en diciembre del 2020 una variante llamada B.1.1.7 con una gran cantidad de mutaciones y desde entonces, se detectó en muchos otros países del mundo. En Sudáfrica se identificó por primera vez otra variante llamada B.1.351. P.1 y por primera vez en Japón en viajeros provenientes de Brasil; variante que contiene un grupo de mutaciones adicionales.

En México, académicos de la Coordinación Regional Mazatlán, del Centro de Investigación en Alimentación y Desarrollo (CIAD) lograron secuenciar el material genético del virus SARS-CoV-2, causante de la COVID-19 y gracias a este esfuerzo, se pudo obtener la primera secuencia del genoma del virus realizada totalmente en Sinaloa y la segunda para el Estado. La muestra analizada fue de una persona que presentaba síntomas de COVID-19 y que acudió a un hospital en Mazatlán, Sinaloa, para realizarse la prueba los primeros días de febrero del año 2021. Esta secuencia permitió asignar esta variante del virus dentro de uno de los varios grupos o clados que existen en el mundo; en este caso al denominado 20G, clasificado también como del linaje B.1.2. Este clado está ampliamente distribuido en el mundo, pero preponderantemente en Estados Unidos y no se ha considerado como de mayor preocupación. La siguiente etapa de la investigación fue la secuenciación de muestras históricas en el Estado de Sinaloa para conocer la evolución de las variantes del virus, así como realizar una vigilancia epidemiológica específica. El 07 de abril del 2021 durante el informe técnico sobre el comportamiento de la epidemia de COVID-19, se presentó la actualización de la vigilancia genómica de SARS-CoV-2, por la Secretaría de Salud federal, señalando que en México se habían secuenciado ya, cuatro mil 407 muestras, de las cuales se habían detectado 38 variantes de preocupación, lo que refería una proporción baja y, por lo tanto, sin predominio en la transmisión en el país.

De acuerdo con información de la Organización Mundial de la Salud, en 130 países se han identificado variantes del virus.

Hasta mayo del 2021 la B.1.1.7 o Alfa, era la de mayor dispersión circulando en 130 naciones, incluido México, lo que representaba 67 por ciento de las naciones a nivel global.

En Reino Unido surgió una clasificación adicional que se refiere a Variantes en investigación (aquellas que se han identificado recientemente y son objeto de estudios en curso, pero las y los científicos aún no saben nada sobre su importancia para la salud pública). De hecho, el Gobierno británico informó el 16 de marzo del 2021 que había identificado dos casos más de la variante preocupante VOC-21JAN-02 (P.1) en Inglaterra: uno en West Midlands y otro en Haringey, Londres. Ambos casos relacionados con viajes internacionales a Brasil. Los equipos de rastreo de contactos llevaron a cabo una investigación exhaustiva para identificar otros contactos. Los últimos casos elevaron el número total de casos de variantes P.1 en el Reino Unido a 12, 9 en Inglaterra y 3 en Escocia, todos los cuales tuvieron vínculos de viaje o por un caso previamente confirmado que había estado en Brasil.

Un estudio preprint publicado el 20 de marzo 2021 en la revista médica medRxiv, sobre la evolución en curso de variantes de preocupación e interés del SARS-CoV-2 en Brasil, señala que los linajes de SARS-CoV-2 que circulan en Brasil con mutaciones preocupantes en el dominio de unión al receptor (RBD) adquirieron de forma independiente delecciones e inserciones convergentes en el dominio terminal amino (N) (NTD) de la proteína S, que alteraron el super sitio antigénico del DNT y otros epítomos predichos en esta región. Estos hallazgos respaldan que la transmisión generalizada en curso del SARS-CoV-2 en Brasil estaba generando nuevos linajes virales que podrían ser más resistentes a la neutralización que las variantes parentales de interés.

Como se refiere en el Cuadro No. 1, el 31 de mayo del 2021, la Organización Mundial de la Salud (OMS) creó los nombres para las variantes del coronavirus. La que fue detectada por primera vez en el Reino Unido la llamaron "Alpha". La que se detectó por primera vez en la India se llama ahora "Delta", con gran presencia





en Estados Unidos y en más de 60 países. Al igual que otras variantes, Delta parece ser más peligrosa que el virus original y también se creía que podría ser más resistente a las vacunas.

El gobierno de Inglaterra informó el 22 de mayo del 2021, los resultados de su estudio sobre la eficacia de las vacunas contra la variante Delta (B.1.617.2) a través de los cuales refiere que entre el 5 de abril y el 16 de mayo, la vacuna Pfizer / BioNTech fue 88% efectiva contra la enfermedad sintomática de la variante Delta dos semanas después de la segunda dosis, en comparación con el 93% de efectividad contra la variante Alpha. Dos dosis de la vacuna AstraZeneca tuvieron una efectividad del 60% contra la enfermedad sintomática de la variante Delta en comparación con un 66% de efectividad contra la variante Alpha. Ambas vacunas tuvieron un 33% de efectividad contra la enfermedad sintomática de Delta tres semanas después de la primera dosis en comparación con alrededor del 50% de efectividad contra la variante de Kent.

La prueba de ensayo de genotipo es una nueva tecnología que ayuda a identificar mutaciones vinculadas a variantes de interés, anunciada por el Departamento de Salud y Asistencia Social del Reino Unido el 22 de marzo del 2021. Así, el Reino Unido es líder mundial en secuenciación genómica, lo que significa que está encontrando más mutaciones que muchos otros países.

El 19 de abril del 2021, el Instituto Nacional de Salud (INS) de Colombia, confirmó la circulación de 50 linajes o variantes del virus SARS-CoV-2, mientras en el mundo había circulando 1.500 linajes. Los linajes de interés especial como son la variante brasileña y la británica, se habían confirmado en varios territorios colombianos. El INS además explicó que estas variantes muy reconocidas, la sudafricana (Beta) la del Reino Unido (Alpha) y la brasileña (Gama), tenían mayor capacidad de transmisión y eran más eficientes porque requerían menor tiempo de contacto y menos inóculo o menos gotículas de persona a persona, sin que fueran más agresivas, ni más letales, y las vacunas existentes habían demostrado ser efectivas contra todas esas variantes.

Según se informó el 10 de mayo del 2021, los estudios preliminares mostraban que la mutación B.1.617 -que ya se había extendido a más de 30 países- se propagaba más fácilmente que otras variantes, pero se requería más investigación. Se recordó entonces que una mutación se eleva de "variante de interés" a variante de preocupación" cuando muestra evidencia de que cumple al menos uno de varios criterios, entre los que se incluye que se transmita con más facilidad, que provoque una enfermedad más grave, que muestre una neutralización reducida por anticuerpos o eficacia reducida de tratamiento y vacunas.

La Organización de las Naciones Unidas (ONU) informó los primeros días del mes de septiembre del 2021, que la variante Mu, también conocida como B.1621, se había agregado a la lista de vigilancia después de detectarse en 39 países, apuntando que aún se daría seguimiento para saber si las mutaciones hacían que fuera más transmisible o virulenta o que reducía la eficacia de las vacunas. Si bien para entonces en el listado oficial de la OMS aún figuraba dentro de las variantes con vigilancia reforzada, pocos días después la agregó a la lista de variantes de interés.

Esta variante Mu presenta una constelación de mutaciones que indican propiedades potenciales de escape inmunológico, sin embargo, era necesaria mayor investigación para comprender

qué significan las mutaciones en la vida real. Identificada por primera vez en Colombia en enero del 2021 desde entonces se ha informado sobre su presencia en 39 países, según informe de la OMS. Si bien la prevalencia global de esta variante había disminuido hasta llegar por debajo del 0,1%, su prevalencia en Colombia había aumentado al 39% y en Ecuador al 13%.

Según el Rastreador de mutaciones de GISAID, la variante Mu se identificó por primera vez en Colombia el 11 de enero del 2021 y al 04 de agosto 2021 registraba 850 casos y una prevalencia acumulada del 39%. En todo el mundo, para septiembre del 2021 se contabilizaban 4,711 casos (prevalencia acumulada menor al 0.5%). En Reino Unido se registró desde el 23 de mayo del 2021 contando con 55 casos al 24 de agosto del 2021 y una prevalencia acumulada menor del 0.5%. Pango asoció dos linajes con la variante Mu: B.1.621 y B.1.621.1 de modo que esta cepa se había detectado en al menos 26 países y 37 estados de EE. UU.

Actualmente, la variante ómicron detectada inicialmente en Sudáfrica y que fue denominada el 26 de noviembre 2021 como variante de preocupación (VOC) era reconocida como variante B.1.1.529 del SARS-CoV-2 y desde finales de ese mes, la OMS afirmó que "la probabilidad de que Ómicron se siga propagando a nivel mundial es alta". De acuerdo con las pruebas iniciales, ómicron presenta un alto número de mutaciones, algunas de ellas preocupantes que pueden asociarse a "una potencial fuga inmunológica" y a una "mayor transmisibilidad" como se ha observado en casi todas las provincias sudafricanas en donde ya es la variante dominante, por encima de la Delta. Hasta diciembre del 2021 las pruebas de diagnóstico por PCR continúan detectando esta variante, pero diversos laboratorios han informado que una prueba de PCR frecuentemente utilizada no consigue detectar el gen S, uno de los tres genes diana del virus, por lo que se requieren pruebas adicionales para su confirmación o descarte.

Por otra parte, se cree que las mutaciones en la variante Ómicron pueden afectar ciertas pruebas moleculares para COVID-19, según refiere la FDA y espera que una prueba de Tide Laboratories produzca resultados falsos negativos para esta variante, por lo que está trabajando con el fabricante para abordar el problema. La agencia señala que no cree que la prueba se utilice para pruebas de alto volumen y enumera los laboratorios que la aplican, de modo que también identifica ciertas pruebas que son menos sensibles a una mutación en la variante Ómicron, por lo que no espera que esta variante afecte la sensibilidad general de esas pruebas.

Las farmacéuticas implicadas en la producción e investigación de vacunas frente a la COVID-19 están siguiendo muy de cerca la evolución de esta nueva cepa ómicron, de tal modo que un portavoz de BioNTech afirmó en declaraciones, que su compañía se encuentra a la espera de disponer de más datos para determinar si es necesario reelaborar la vacuna que han producido junto a su socio, Pfizer. Moderna, por su parte, también ha anunciado a través de un comunicado, actualizaciones de su estrategia para abordar las variantes preocupantes del SARS-CoV-2, dada la aparición de la variante Ómicron, que podría promover un "escape inmunológico".

La detección oportuna de variantes de Ómicron es actualmente posible gracias a investigadores de Botswana, Hong Kong





y Sudáfrica, que compartieron los primeros genomas de la variante, según refieren los expertos de GISAID. Y aclaran que la combinación única de cambios de aminoácidos de pico en Ómicron (clado GRA, linaje B.1.1.529 y descendientes BA.1 y BA.2) es de interés ya que comprende varios que se identificaron previamente para afectar la unión del receptor y el escape de anticuerpos. Las variantes de Ómicron con y sin una deleción en el pico y algunos otros cambios, BA.1 y BA.2 respectivamente, están co-circulando, lo que complica el uso de las pruebas de PCR para diagnosticar Ómicron en función de la "falla de la diana del gen S". En suma, ómicron circula en seis continentes.

En México, el Instituto Nacional de Medicina Genómica (INMEGEN) refiere que la mejor forma de identificar, monitorear y determinar el grado de dispersión de las variantes virales, es mediante el establecimiento de programas de vigilancia epidemiológica de base genómica, en las cuales se apliquen tecnologías de secuenciación de ácidos nucleicos que permitan analizar la secuencia completa del genoma viral y con ello detectar los perfiles mutacionales que caracterizan a cada variante. El INMEGEN estableció un programa de vigilancia genómica del virus SARS-CoV-2 desde agosto del 2020 en la Ciudad de México y área metropolitana y con protocolos de secuenciación de genoma completo del SARS-CoV-2 en dos plataformas: secuenciación con nanoporos (Oxford Nanopore) y secuenciación por síntesis de Illumina.

La primera secuencia de genoma completo con la que el INMEGEN contribuyó a la plataforma pública de datos GISAID fue depositada el día 26 de agosto del 2020 y actualmente ha secuenciado y depositado 4,481 secuencias de la Ciudad de México y Estado de México, provenientes de pacientes atendidos en las Jurisdicciones Sanitarias de la CDMX, de la Unidad Temporal COVID-19 de CITIBANAMEX, del Hospital Ajusco Medio y de laboratorios de la red de Salud Digna. Hasta finales del mes de marzo 2021 la variante B.1.1.519 representaba el 86% de los genomas secuenciados. A partir de la segunda semana de abril, esta variante comienza a disminuir llegando al 5% en la segunda semana de junio. Las variantes de preocupación (Alfa, Gamma y Delta) comenzaron a aumentar a partir de la tercera semana de abril, y en la primera mitad de agosto 2021 la variante Delta representó el 95.5%, Gamma 1.35% y la Alfa 0.3%.

## Comentarios y conclusiones

Ante la evidencia científica que continúa surgiendo en torno a nuevas variantes del virus SARS-CoV-2 en el mundo y su eventual llegada a México, resulta conveniente que la Secretaría de Salud estatal se incorpore a grupos de investigación para la generación de estudios epidemiológicos que permitan identificar las variantes que circulan en territorio mexiquense, la relación en su caso de mutaciones nuevas y el impacto que generan en la población.

A la par de la investigación en torno a variantes, es necesario que el estudio del comportamiento de la pandemia en México, se realice también respecto de los diversos tratamientos farmacológicos que se instrumentan para la contención de la COVID-19, pues ello es especialmente importante para el diagnóstico, tratamiento y comprensión de los brotes, así como la identificación de los grupos de riesgo, la transmisibilidad de persona a persona, el contagio al personal de salud y la letalidad, entre otras cosas, que abonan datos sobre las características de las variantes, según epigenética de las poblaciones mexicanas y mexiquenses.

La Secretaría de Salud del Estado de México, debe gestionar la dotación de recursos para que la investigación en salud realizada en la Entidad en torno a la COVID 19, su tratamiento y variantes del virus, generen evidencia científica tendiente a garantizar eficacia y seguridad apoyada por ensayos clínicos con metodología propia, lo que permitirá eliminar mitos respecto de la prescripción de ciertos fármacos, la eficacia de las vacunas y por supuesto, la evaluación de interacciones farmacológicas, vigilancia y reporte de eventos adversos. Incluir a la industria farmacéutica podría ser recomendable a fin de que cuenten con datos específicos sobre los cuales puedan sustentar la reformulación de medicamentos y vacunas, en su caso, para estar a la altura de los retos que supone la pandemia.

La Secretaría de Salud estatal debe convocar al sector académico de la entidad para que participe de los estudios epidemiológicos, virológicos y clínicos necesarios para identificar, mediante modelos epidemiológicos, el impacto que pueda tener cada variante del virus que origina la COVID-19 en la población mexiquense.

## Bibliografía

- REVISTA UNAM. Consuelo Daddoli. Coronavirus. Las mutaciones de los virus y el papel que juegan en una pandemia. 22/Jun/2021. <http://ciencia.unam.mx/leer/1128/coronavirus-las-mutaciones-de-los-virus-y-el-papel-que-juegan-en-una-pandemia>
- Revista Biomédica. GOBIERNO DE MÉXICO. 26/Abril/2021. [https://www.gob.mx/cms/uploads/attachment/file/633382/Informe\\_COVID-19\\_2021.04.26.pdf](https://www.gob.mx/cms/uploads/attachment/file/633382/Informe_COVID-19_2021.04.26.pdf)
- (CIAD) <https://www.ciad.mx/notas/item/2519-obtienen-genoma-del-virus-sars-cov-2-circulante-en-sinaloa>
- ANUIES. Obtienen genoma del virus SARS-COV-2 circulante en Sinaloa. Bruno Gómez Gil R. S., Alejandra García Gasca y M. en C. Juliisa Enciso-Obarra. Laboratorio de Genómica Microbiana del CIAD, A.C., Unidad Mazatlán. [http://www.anui.es.mx/noticias\\_ies/obtienen-genoma-del-virus-sars-cov-2-circulante-en-sinaloa](http://www.anui.es.mx/noticias_ies/obtienen-genoma-del-virus-sars-cov-2-circulante-en-sinaloa)
- OMS. Nombrar variantes de SARS-CoV-2. 31/mayo/2021. <https://www.who.int/en/activities/tracking-SARS-CoV-2-variants/>
- CONSULTOR SALUD. OMS Y CDC ESTABLECEN NUEVA CLASIFICACIÓN DE VARIANTES DEL SARS-COV-2. 19/Marzo/2021. <https://consultorsalud.com/oms-cdc-clasificacion-variantes-sars-cov-2/>
- GOB-UK. Casos confirmados de variantes de COVID-19 identificados en el Reino Unido. 16/MARZO/2021. <https://www.gov.uk/government/news/confirmed-cases-of-covid-19-variants-identified-in-uk>
- MEDRXIV. La evolución en curso de variantes de preocupación e interés de SARS-CoV-2 en Brasil revelada por indels convergentes en el dominio amino (N)-terminal de la proteína Spike. 20/Marzo/2021. <https://www.medrxiv.org/content/10.1101/2021.03.19.21253946v1>
- BBC. la variante india como de "preocupación mundial". 10/mayo/2021. <https://www.bbc.com/mundo/noticias-internacional-57052842>
- INS: "Hay preocupación, pero las medidas para enfrentar la covid y sus variantes ya las tenemos". 19/abril/2021. <https://www.ins.gov.co/BibliotecaDigital/boletin-prensa-ins-19-04-2021-variantes-covid-en-colombia.pdf>
- ONU. Mu, la nueva variante del coronavirus que se detectó en Colombia. 02/SEPT/2021. <https://news.un.org/es/story/2021/09/1496172>
- OUTBREAK.INFO. Informe de variante de Mu. <https://outbreak.info/situation-reports/mu?loc=COL&loc=GBR&selected=COL>
- [https://www.gob.mx/cms/uploads/attachment/file/665685/2021.09.01\\_17h00\\_ComunicadoTecnicoDiario\\_Covid19.pdf](https://www.gob.mx/cms/uploads/attachment/file/665685/2021.09.01_17h00_ComunicadoTecnicoDiario_Covid19.pdf)
- INMEGEN. Vigilancia epidemiológica basada en secuenciación de genoma completo de SARS-CoV-2 en Ciudad de México y área metropolitana. Consultado 02/sept/2021. <https://www.inmegen.gob.mx/el-frente-del-inmegen-ante-el-covid-19/vigilancia-epidemiologica/>
- CODIGO FARMA. Mantener y reforzar medidas de salud pública, la mejor acción ante la variante omicron B.1.1.529. 30/Nov/2021. <https://codigofarma.com/mantener-y-reforzar-medidas-de-salud-publica-la-mejor-accion-ante-la-variante-omicron-b-1-1-529/>
- ASOCIACION AMERICANA DE HOSPITALES. La FDA identifica pruebas moleculares afectadas por la variante omicron de COVID-19. 07/Dic/2021. [https://www.aha.org.translate.google/news/headline/2021-12-07-fda-identifies-molecular-tests-impacted-covid-19-omicron-variant?\\_x\\_tr\\_sl=en&\\_x\\_tr\\_tl=es&\\_x\\_tr\\_hl=es-419&\\_x\\_tr\\_pto=sc](https://www.aha.org.translate.google/news/headline/2021-12-07-fda-identifies-molecular-tests-impacted-covid-19-omicron-variant?_x_tr_sl=en&_x_tr_tl=es&_x_tr_hl=es-419&_x_tr_pto=sc)
- BBVA. La economía global ante la nueva variante Omicron. 03/Dic/2021. <https://www.bbva.com/es/mx/la-economia-global-ante-la-nueva-variante-omicron/>
- MODERNA. MODERNA ANUNCIA UNA ESTRATEGIA PARA ABORDAR LA VARIANTE OMICRON (B.1.1.529) DEL SARS-COV-2. 26/nov/2021. <https://investors.modernatx.com/news/news-details/2021/Moderna-Announces-Strategy-to-Address-Omicron-B.1.1.529-SARS-CoV-2-Variant/default.aspx>
- GISAID. Omicron descubierto en los seis continentes. <https://www.gisaid.org/>

