

Información actualizada sobre la nueva variante P.1 del virus SARS-CoV-2 detectada en Venezuela

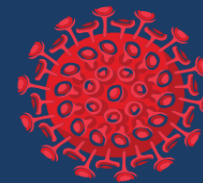
Por: Ángel Álvarez, coordinador de la respuesta a la COVID-19 de la OPS en Venezuela

Fecha de actualización: 16 de marzo de 2021

Variantes SARS-CoV-2

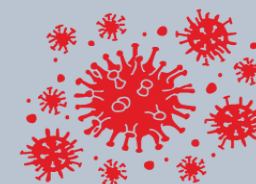
- ¿Cuáles son las variantes más importantes encontradas?
- ¿Afectará la eficacia de la vacuna?
- ¿Cualquier variante más transmisible aumentará el número de muertos?
- ¿Qué nuevas medidas debo tomar?
- ¿Qué medidas toma la OMS?

¿QUÉ SON LAS
MUTACIONES,
VARIANTES Y
CEPAS?



MUTACIONES

Son cambios que tienen los virus a nivel genético



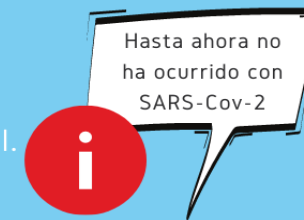
VARIANTES

Distintas mutaciones se agrupan en variantes, ramas o linajes

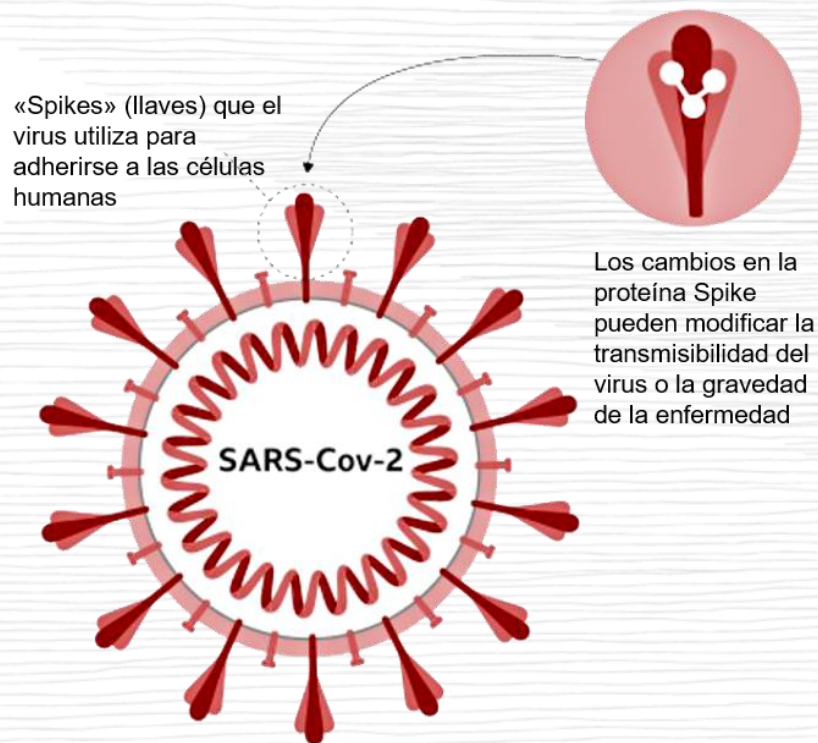


CEPAS

Demasiadas mutaciones que provocan un cambio sustancial. Entonces, se forma una nueva cepa o especie de virus.



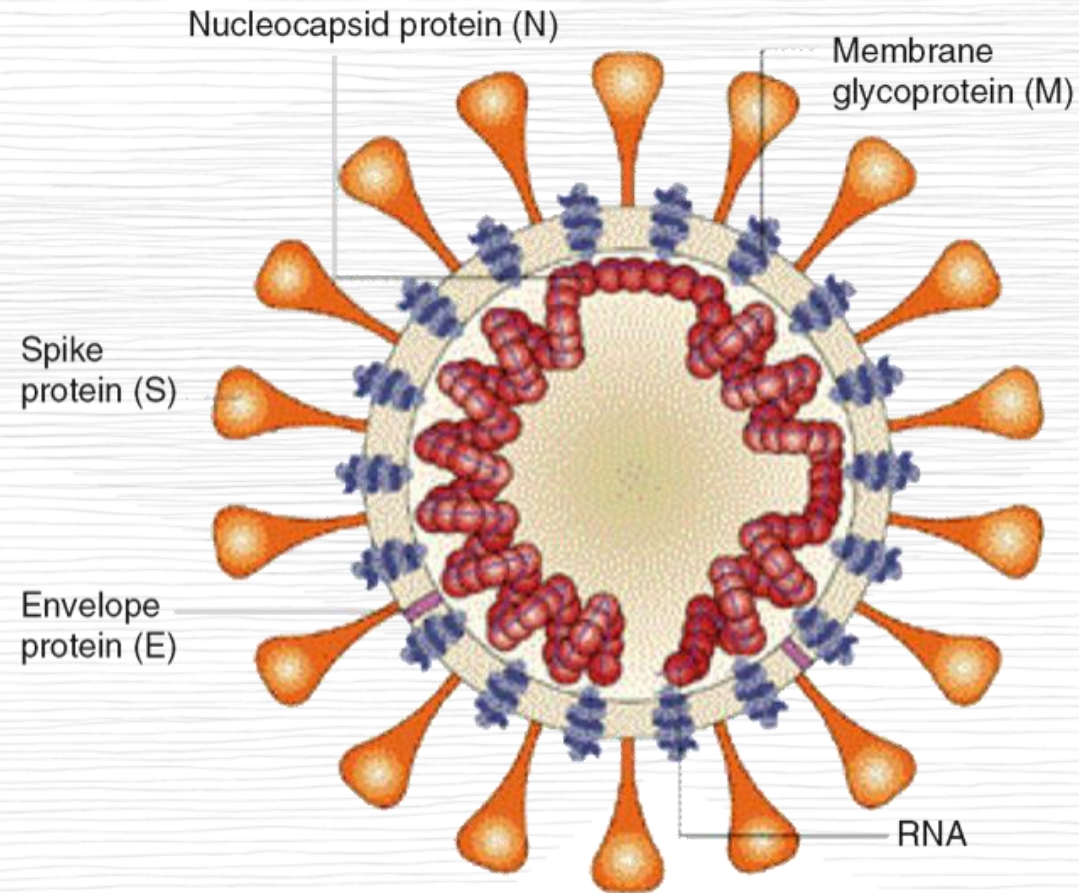
Caracterización genética de SARS-CoV-2



Consideraciones:

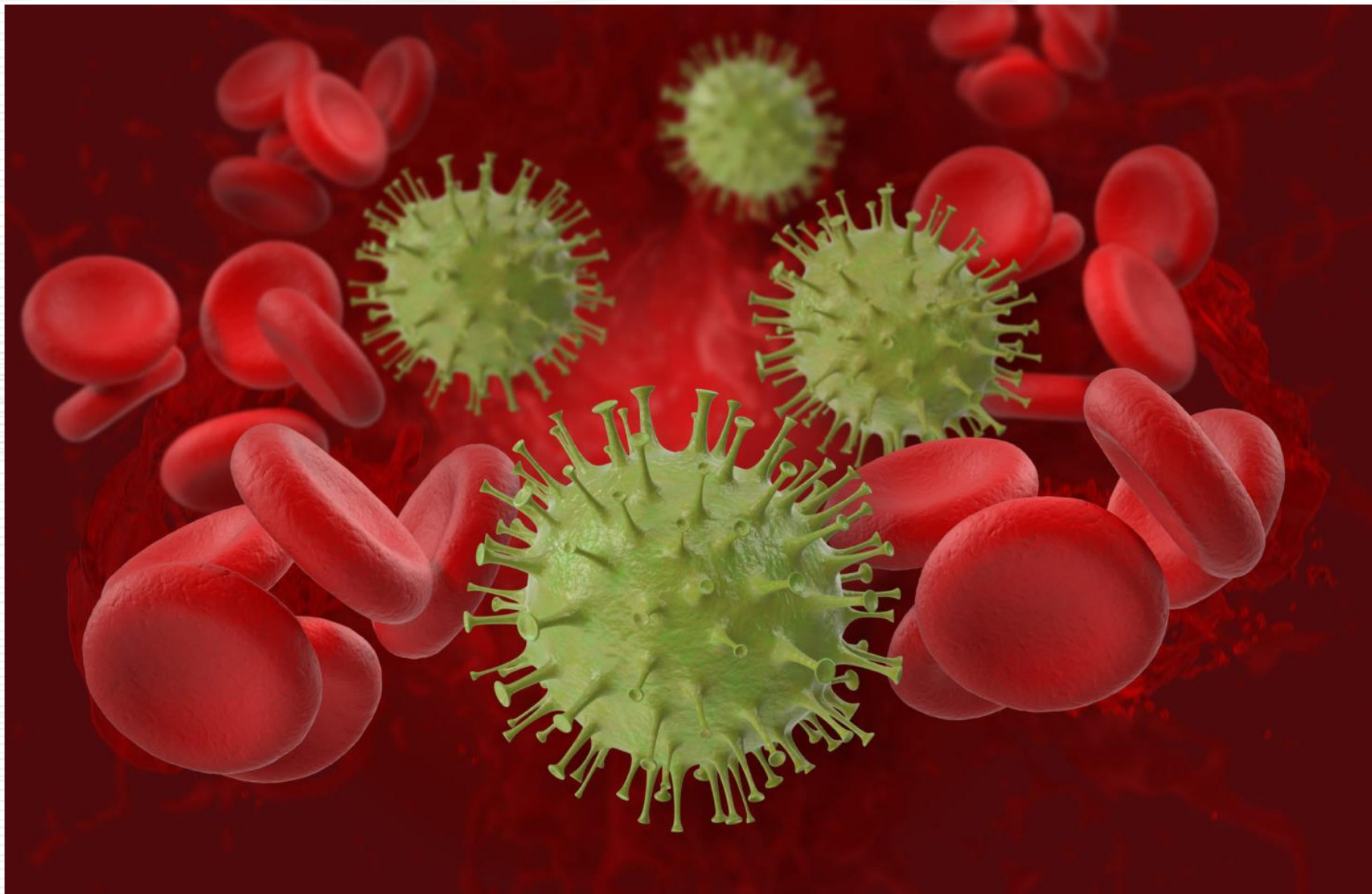
- Desde la caracterización inicial del COVID-19, el virus a divergido en diferentes clados (***linajes***).
- Debido a repetidos procesos de microevolución y presiones de selección, mutaciones adicionales aparecen y se acumulan, generando diferencias dentro de cada linaje: ***Variantes***.
- Importante mencionar que las denominaciones de *clado*, *linaje*, *variante*, etc., son arbitrarias y no corresponden a una categoría taxonómica oficial.

Estructura del virus SARS-CoV-2



Nature Reviews | Microbiology

El SARS-CoV-2 utiliza una “llave vírica” para introducirse en las células humanas



Lo que sabemos...

Los virus cambian constantemente a través de la mutación, y se espera que aparezcan nuevas variantes del virus con el paso del tiempo

En Sudáfrica apareció otra variante llamada B.1.351 (agosto)



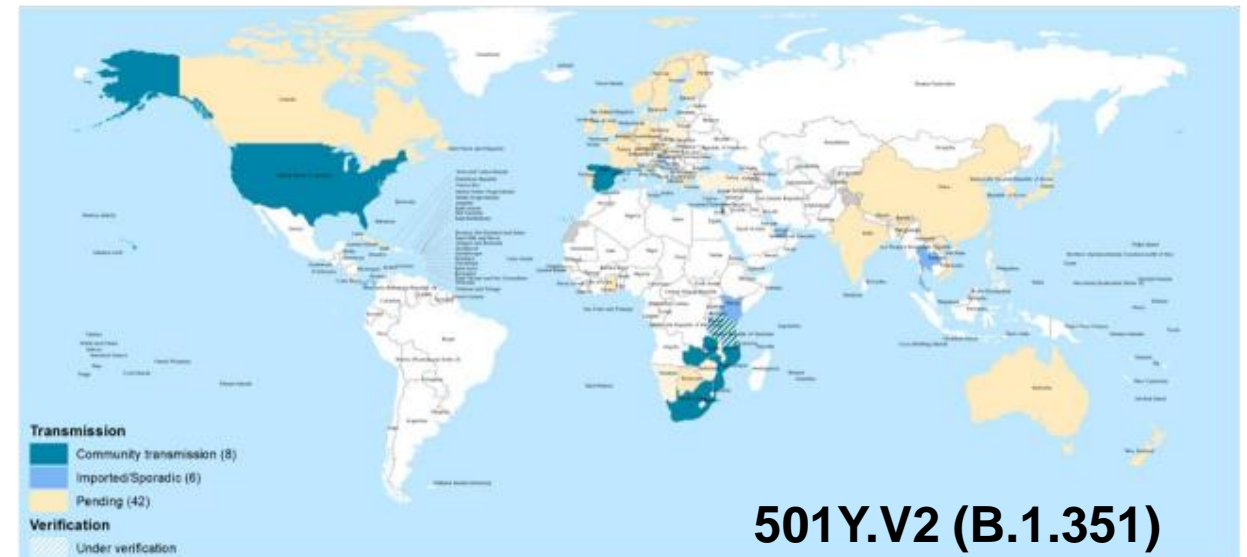
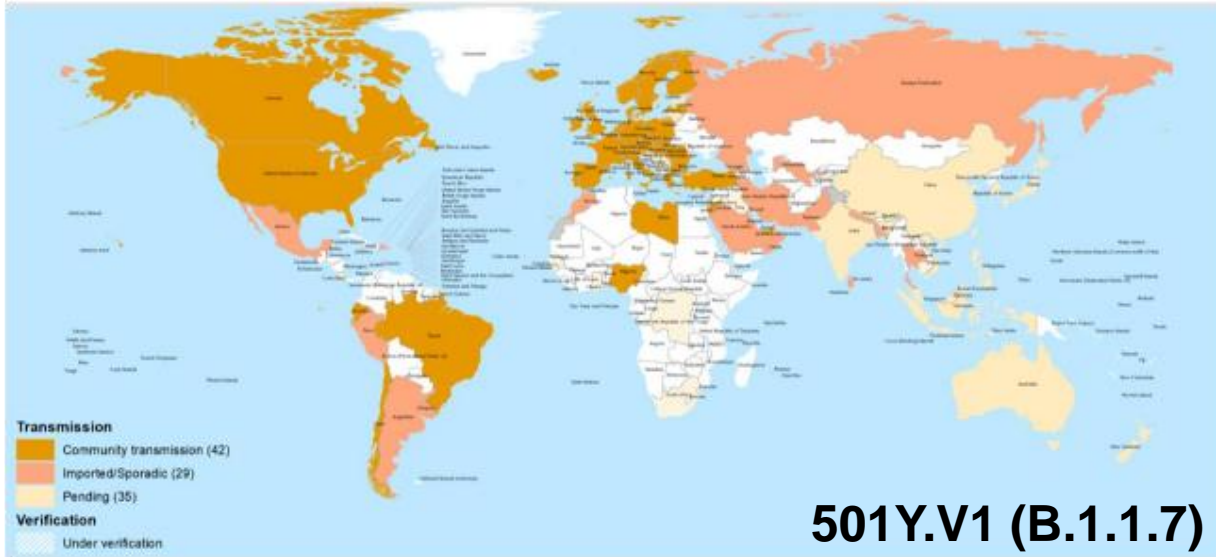
El Reino Unido (RU) identificó una variante llamada B.1.1.7 con una gran cantidad de mutaciones en el otoño del 2020 (septiembre)



En Brasil (diciembre) apareció una **variante llamada P.1**, detectada en aeropuerto de Japón a principios de enero.



Transmission of SARS-CoV-2 variants of concern, as of 2 March 2021



WHO, COVID-19 weekly epidemiological update, 2 March 2021.

Pais	VOC 202012/01	501Y.V2	P.1
Argentina	Si	No	Si
Aruba	Si	No	No
Barbados	Si	No	No
Belice	Si	No	No
Brasil	Si	No	Si
Canadá	Si	Si	Si
Chile	Si	No	Si
Colombia	No	No	Si
Costa Rica	Si	Si	No
Cuba	No	Si	No
Curazao	Si	No	No
Ecuador	Si	No	No
Estados Unidos de América	Si	Si	Si
Guadalupe	Si	No	No
Guayana francesa	Si	No	Si
Islas Caimanes	Si	No	No
Islas Turcas y Caicos	Si	No	No
Jamaica	Si	No	No
Martinica	Si	No	No
México	Si	No	Si
Panamá	No	Si	No
Puerto Rico	Si	No	No
Perú	Si	No	Si
República Dominicana	Si	No	No
San Bartolome	Si	No	No
San Martin	Si	No	No
Santa Lucia	Si	No	No
Trinidad y Tabago	Si	No	No
Uruguay	Si	No	No
Venezuela	No	No	Si

SARS-CoV-2 variants at the Americas Region, as of 26 January 2021

Source: Information shared by the International Health Regulations (IHR) National Focal Points (NFPs) or published on the websites of the Ministries of Health, Health Agencies or similar and reproduced by PAHO/WHO. 3 DE MERZO 2021

Sobre la variante P.1

Nombre correcto: Variante P-1 (evitar llamarla por el país de origen). Linaje B.1.1.28.

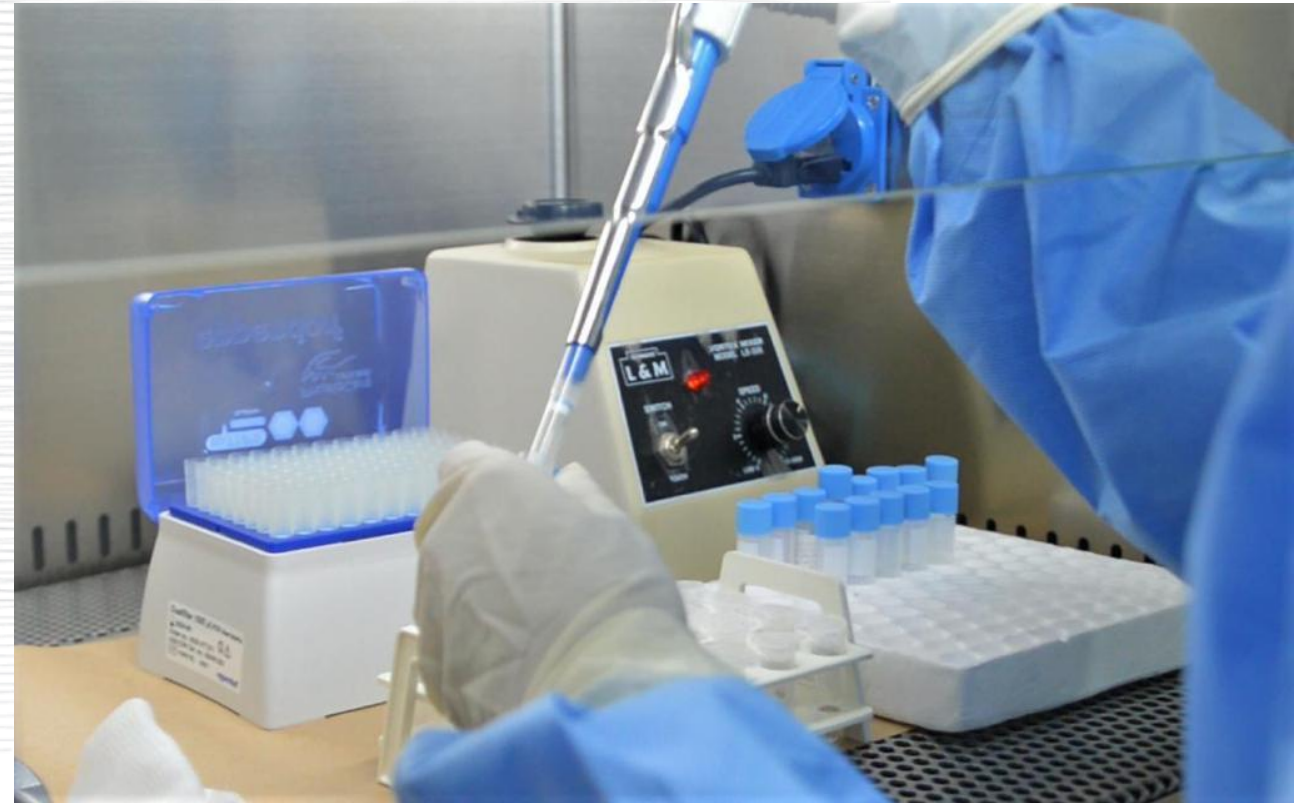


- En América, hasta la fecha se había detectado la variante P.1 en 10 países, incluyendo a Venezuela. Fuera de la región en: Japón, Reino Unido, Italia, Alemania, Corea del Sur, Irlanda.
- **Transmisibilidad:** Hasta el momento, algunos hallazgos indican una mayor transmisibilidad; sin embargo, este aspecto aún sigue en investigación.

Sobre la variante P.1

Nombre correcto: Variante P.1 (evitar llamarla por el país de origen). Linaje B.1.1.28.

- **Severidad:** En este sentido, aún no se ha tenido evidencia de que la variante P.1 cause un cuadro de gravedad diferente. Sobre la base de investigaciones preliminares realizadas en Manaus, donde esta variante se detectó inicialmente, los investigadores han registrado un aumento brusco en las hospitalizaciones en esta segunda oleada, lo que ha dado lugar a un colapso del sistema de salud en Manaus. Por consiguiente, es difícil determinar la causa de la elevada mortalidad, ya que podría deberse a la variante P.1, al colapso de los sistemas de salud o a ambos factores.



Sobre la variante P.1

Nombre correcto: Variante P.1 (evitar llamarla por el país de origen). Linaje B.1.1.28.

- **Vacunas:** No hay evidencias de la pérdida de la efectividad de las vacunas actuales ante este fenómeno, se realizan estudios de casos y control que nos puede dar alguna información importante. Sin embargo, no parece difícil hacer ajustes a las formulaciones de las vacunas si fuera necesario.



Lo que sabemos..

Los científicos están trabajando para obtener más información acerca de estas variantes, y es necesario realizar estudios adicionales para comprender:

- Cuánto se han propagado estas nuevas variantes
- Cómo la enfermedad causada por estas nuevas variantes difiere de la enfermedad causada por las otras variantes que están circulando actualmente
- De qué manera pueden afectar estas variantes a los tratamientos, vacunas y pruebas disponibles en la actualidad



Lo que significa...

Los funcionarios de salud pública están estudiando estas variantes rápidamente para obtener más información que les permita controlar su propagación. Buscan comprender si estas variantes:

- Se propagan más fácilmente de persona a persona
- Causan manifestaciones más leves o más graves de la enfermedad en las personas
- Pueden detectarse con las pruebas virales disponibles
- Responden a los medicamentos usados actualmente para tratar a las personas con COVID-19
- Inciden en la efectividad de las vacunas contra el COVID-19



Respuesta mundial a la aparición de nuevas variantes

La OMS está trabajando con los países para:

- Reforzar los sistemas de vigilancia con el fin de evaluar las variaciones del virus
- Establecer la capacidad de secuenciación genética cuando sea posible
- Proporcionar acceso a los servicios internacionales de secuenciación con el fin de que los países puedan enviar muestras para su secuenciación y análisis



Organización
Mundial de la Salud

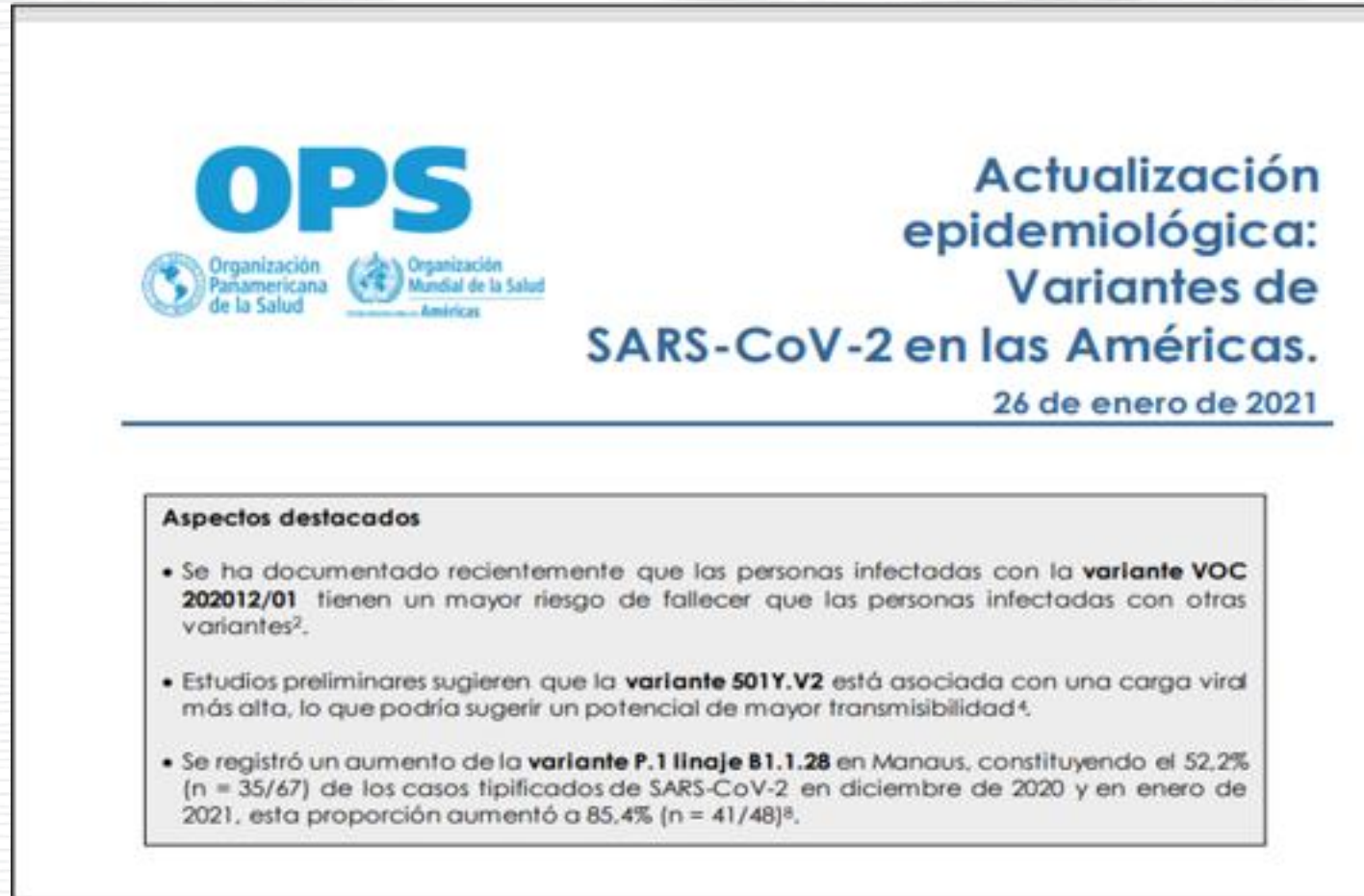
Comunicación de información al público sobre las variantes del SARS-CoV-2

Puntos clave que hay que comunicar

- **Mutaciones:** Todo virus evoluciona con el tiempo
- **Incertidumbre:** Mantener transparencia en la información
- **Empoderar a las personas:** Mantener medidas preventivas, reducir transmisión
- **Evitar la estigmatización:** Utilizar nombres apropiados que no asocien a lugares de origen ni a fronteras
- **Comunicación:** Dar información a grupos destinatarios específicos de baja percepción, reforzar medidas de salud pública



Variantes SARS-CoV-2 en las Américas, hasta enero 26, 2021



OPS
Organización Panamericana de la Salud
Organización Mundial de la Salud
Américas

Actualización epidemiológica:
Variantes de
SARS-CoV-2 en las Américas.
26 de enero de 2021

Aspectos destacados

- Se ha documentado recientemente que las personas infectadas con la **variante VOC 202012/01** tienen un mayor riesgo de fallecer que las personas infectadas con otras variantes².
- Estudios preliminares sugieren que la **variante 501Y.V2** está asociada con una carga viral más alta, lo que podría sugerir un potencial de mayor transmisibilidad⁴.
- Se registró un aumento de la **variante P.1 linaje B.1.1.28** en Manaus, constituyendo el 52,2% (n = 35/67) de los casos tipificados de SARS-CoV-2 en diciembre de 2020 y en enero de 2021, esta proporción aumentó a 85,4% (n = 41/48)⁸.

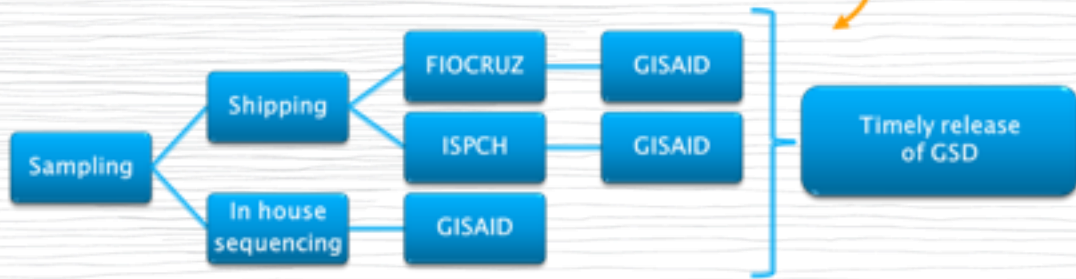
<https://www.paho.org/es/file/81083/download?token=TiS4tiRi>

Red OPS de Vigilancia Genómica COVID-19



- Main objectives:**
- Develop and strengthen a COVID-19 genomic surveillance network in the Americas region
 - Contribute to timely make available more genetic sequencing data (GSD) from the Latin America and Caribbean countries.
- Analysis Objectives:**
- Clarification on transmission patterns, especially in signal events (cruise ship-related or other cluster events, importations, etc.);
 - Identification of mutations putatively involved in host adaptation, virulence or transmissibility;
 - Identification of mutations potentially affecting diagnostic protocols;

- Participating countries:**
- 19 countries from each subregion:
 - North America: Mexico
 - Caribe: Bahamas, Barbados, Haiti and Jamaica
 - Central America: Costa Rica, Guatemala, Honduras and Panama
 - Andean Region: Colombia, Ecuador, Perú and Venezuela
 - South Cone: Argentina, Bolivia, Brazil, Chile, Paraguay and Uruguay



Page on PAHO website dedicated to the COVID-19 Genomic Surveillance Regional Network:
<https://www.paho.org/en/topics/influenza/covid-19-genomic-surveillance-regional-network>
<https://www.paho.org/es/temas/influenza/red-regional-vigilancia-genomica-covid-19>

Red OPS de Vigilancia Genómica COVID-19

COVID-19 Genomic Surveillance Regional Network



Criterios para seleccionar muestras:

- Muestras de la vigilancia regular en áreas de transmisión
- Áreas con incremento significativo de casos en las últimas semanas (no explicadas por relajamiento de las MSP)
- Casos en niños de áreas con incremento en afectación pediátrica
- Conglomerados de casos severos en <60 años con comorbilidades
- Casos en personas completamente inmunizadas o donde se confirme re infección
- Antecedente de viaje en los últimos 14 días



Caracterización genética de SARS-CoV-2

Comentarios finales:

- Las mutaciones son esperadas en los procesos de evolución y adaptación viral
- Aunque algunas variantes han demostrado mayor capacidad para transmitirse y replicar, no son mas agresivas o severas; el impacto en reinfecciones o escape de la respuesta inmune aun debe ser establecido
- Hasta el momento, no hay evidencia para inferir que las vacunas existentes no protejan contra las variantes circulando a nivel global

Caracterización genética de SARS-CoV-2

Comentarios finales:

- El diagnóstico virológico (hasta el momento) no ha sido afectado:
 - La mayoría de los protocolos de PCR se basan en la detección de sitios conservados; aquellos basados en la detección del gen S , deben ser revisados*
 - *TaqPath Thermofisher V2 ha disminuido sensibilidad para S, pero sigue detectando bien Orf1 y N
 - Ag RDT detectan la proteína N que es muy conservada
- Cuanto más se transmita el virus, hay más probabilidades de que ocurran mutaciones: Más variantes son esperadas (vacuna como presión de selección y variantes de escape)
- Mantener todas las medidas de salud pública y fortalecer la vigilancia (genómica y epidemiológica).

¡ Y... qué hacemos ante esta nueva variante llamada P.1??

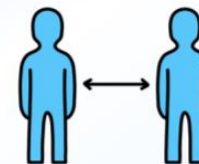


Medidas de protección contra la COVID-19

Protéjase y proteja a los demás



Utilice una mascarilla



Mantenga la distancia



Lávese las manos frecuentemente



Tosa y estornude en el pliegue del codo



Ventile los espacios o abra las ventanas

¡ Y... si llega otra de las variantes conocidas??

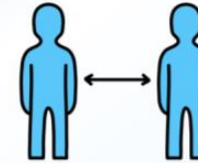


Medidas de protección contra la COVID-19

Protéjase y proteja a los demás



Utilice una mascarilla



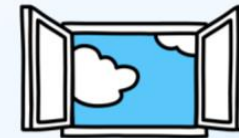
Mantenga la distancia



Lávese las manos frecuentemente



Tosa y estornude en el pliegue del codo



Ventile los espacios o abra las ventanas

¡Protégete y protege a los demás!

Para más información consulte:

www.paho.org/venezuela
www.paho.org/coronavirus

OPS



Organización
Panamericana
de la Salud



Organización
Mundial de la Salud
OFICINA REGIONAL PARA LAS Américas

#UniversalHealth