

Actualización sobre la emergencia de sublinajes de la variante Ómicron del SARS-CoV-2

22 de agosto de 2023

Mensajes claves

En el contexto de la emergencia de nuevos sublinajes de Ómicron, la OPS/OMS reitera que la nomenclatura establecida para abordar los posibles impactos de las variantes en la salud pública no ha cambiado. 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 Ómicron. Recientemente se han identificado dos nuevas variantes: EG.5, clasificada como variante de interés (VOI, por sus siglas en inglés), y BA.2.86, clasificada como variante bajo vigilancia (VUM, por sus siglas en inglés). Con base en la evidencia disponible, el riesgo para la salud pública que plantea EG.5 se ha evaluado como bajo y es similar al de otras variantes de interés circulantes. Se dispone de información limitada para BA.2.86; y la evaluación inicial del riesgo se generará en breve. Hasta la fecha, no hay evidencia de cambios significativos en el impacto para la salud pública de estos sublinajes y no hay justificación para la asignación de una nueva "variante de preocupación".

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 mantener 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 son 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 en inglés), mientras que los linajes Alfa, Beta, Gamma, Delta y el linaje original de Ómicron se clasifican como

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>

VOCs “previamente circulantes”². 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.

Los sublinajes recombinantes XBB.1.5 y XBB.1.16 se clasificaron como VOIs actualmente en circulación en enero y abril de 2023, respectivamente, mientras que el sublinaje **recombinante EG.5 se clasificó como VOI el 9 de agosto de 2023**. Además, BA.2.75 y CH.1.1 (dos sublinajes de BA.2), y los recombinantes XBB, XBB.1.9.1, XBB.1.9.2 y XBB.2.3 se incluyeron en la lista de VUMs actualmente en circulación antes de agosto de 2023, mientras que **BA.2.86 se clasificó como VUM el 17 de agosto de 2023**. Esta actualización se centra en EG.5 y BA.2.86.

Variante de interés EG.5

EG.5 es un linaje descendiente de XBB.1.9.2 y se reportó por primera vez en febrero de 2023. La proteína spike de EG.5 es similar a la de XBB.1.5. A nivel mundial, se ha producido un aumento constante en la proporción reportada de EG.5. Esta tendencia también se ha observado en algunos países de la Región de las Américas, entre ellos, Canadá, Colombia, Costa Rica, República Dominicana y Estados Unidos.

Con base en la evidencia disponibles, **el riesgo para la salud pública planteado por EG.5 se evalúa como bajo a nivel mundial³, en consonancia con el riesgo asociado a otros VOIs actualmente en circulación**. Aunque EG.5 ha mostrado una mayor prevalencia, ventaja de crecimiento y es probable que tenga mayores propiedades de escape inmunológico, hasta la fecha no se han reportado cambios en la gravedad de la enfermedad. Se han observado aumentos concurrentes en la proporción de infecciones por EG.5 y de hospitalizaciones por COVID-19 en países como Japón y la República de Corea; sin embargo, el aumento de hospitalizaciones ha sido menor que durante oleadas anteriores y no se han establecido asociaciones entre estas hospitalizaciones y EG.5. Debido a su ventaja de crecimiento, EG.5 puede provocar un aumento de la incidencia de casos en algunos países y convertirse en dominante.

Variante bajo vigilancia BA.2.86

Esta variante fue reportada inicialmente en una muestra tomada en Dinamarca a finales de julio de 2023. Desde entonces se ha detectado en Israel, Reino Unido y Estados Unidos, pero sólo se han reportado un total de siete secuencias. Presenta un número significativo (más de 30) de mutaciones en la proteína spike y se ha denominado BA.2.86 en la nomenclatura de la red Pango. La OMS ha designado BA.2.86 como VUM debido al gran número de mutaciones que porta, pero por el momento se dispone de poca información adicional.

Actualmente no se conoce ningún vínculo epidemiológico entre los casos identificados. Sin embargo, el hecho de que BA.2.86 se haya identificado en países distantes sugiere que está presente en otros lugares. Dado el escaso número de casos, **actualmente no es posible determinar si BA.2.86 se asocia a algún cambio en la transmisibilidad, el escape inmunitario o la gravedad**. También es difícil inferir si el gran número de

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. EG.5 Initial Risk Evaluation, 9 de agosto de 2023. Disponibles en inglés en: https://www.who.int/docs/default-source/coronaviruse/09082023eg.5_ire_final.pdf

mutaciones identificadas aumentará o disminuirá la aptitud viral. Para comprender la importancia de esta variante se necesitan datos adicionales sobre la secuencia y la caracterización epidemiológica de los casos.

En resumen, para EG.5, no se han demostrado cambios significativos en el impacto sobre la salud pública, además de la alta capacidad de transmisión ya demostrada por Ómicron. Para **BA.2.86**, se requiere información adicional para caracterizar mejor esta variante en términos de capacidad de transmisión, escape inmunitario y gravedad. Ambas variantes, así como otros sublinajes circulantes o emergentes, son objeto de monitoreo continuo por parte del TAG-VE, y las evaluaciones de riesgo se publicarán/actualizarán a medida que se disponga de nueva información.

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)⁴. 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 OPS⁵ y la OMS⁶; ii) garantizar la publicación inmediata de las secuencias genómicas producidas en la plataforma GISAID; y iii) utilizar la clasificación de variantes del SARS-CoV-2 de la OMS al comunicarse al público.

⁴ 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))

⁵ 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>

⁶ 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>