



Entrevista en profundidad

La variante ómicron se extiende entre la duda y el temor de un aumento de casos

Karla Richmond

El Dr. José Arturo Molina Mora, bioinformático del Centro de Investigación en Enfermedades Tropicales (CIET) de la Facultad de Microbiología, habla sobre el nuevo escenario

3 DIC 2021 Salud

El 26 de noviembre de 2021, la Organización Mundial de la Salud (OMS) designó a una nueva variante del SARS-CoV-2 como de preocupación internacional. A esta variante hoy se le conoce con el nombre de **Ómicron**.

De acuerdo con la OMS, ómicron tiene varias mutaciones (**28 más que su hermana delta**) que podrían generar un impacto mayor en cómo se comporta, en la facilidad de su propagación y hasta en la gravedad de la enfermedad que causa.

“Las personas que no se encuentran bien, que no han sido vacunadas por completo o que no tienen pruebas de infección previa por SARS-CoV-2, **tienen un mayor riesgo de desarrollar una enfermedad grave**, incluidas las personas de 60 años o más o aquellas con comorbilidades (enfermedad cardíaca, cáncer y diabetes). Estas últimas presentan un mayor riesgo de COVID-19 grave”, aseguró la Organización en su [sitio oficial](#).

La evidencia preliminar divulgada por la OMS sugiere que también puede haber una mayor amenaza de reinfección. Es decir, las personas que previamente han tenido COVID-19 **podrían volverse a enfermar más fácilmente con este mismo padecimiento**, en comparación con otras variantes de preocupación.

No obstante, aunque la Organización Mundial de la Salud destaca la probabilidad que **ómicron genere una mayor transmisión y contagio**, también es firme en la necesidad de más evidencia científica.

Por ese motivo y para esclarecer más el tema, el **Dr. José Arturo Molina Mora**, bioinformático del Centro de Investigación en Enfermedades Tropicales (CIET) de la Facultad de Microbiología de la Universidad de Costa Rica (UCR), brindó algunas explicaciones en relación con lo que se conoce hasta el momento sobre esta variante, sus riesgos y proyecciones.

Asimismo, aprovechó para reiterar el mensaje dado por el [Ministerio de Salud de Costa Rica](#) el 30 de noviembre de 2021, en el que se destaca la relevancia de la **vacunación como principal herramienta para contener la pandemia**.

En ese sentido, el ministro de Salud, el Dr. Daniel Salas Peraza, fue contundente al indicar que las “personas que aún no han podido ser inmunizadas se convierten en el **terreno fértil para que nuevas variantes puedan surgir**”.

Contexto

-Dr. Molina, empecemos con lo más básico. Esta variante ómicron es por primera vez identificada en Sudáfrica el 24 de noviembre de 2021. ¿Por qué se cree que su origen proviene de un paciente con COVID-19 prolongado e inmunosupreso (que toma medicamentos orientados a reducir la actividad del sistema inmune o enfermedades como el HIV)?

José Arturo Molina Mora (JAMM): “En efecto. Una de las hipótesis con mayor relevancia es que el origen de esta nueva mutación podría deberse a una infección crónica de COVID-19 en una persona inmunosupresa; es decir, una persona cuyo sistema inmune no estaba funcionando bien.

Entonces, se cree que esta persona poseía meses de tener COVID-19 y que el virus se estaba enfrentando a un sistema inmune que no es tan bueno. Cuando el virus encuentra a este tipo de personas tan particulares, pasa que el patógeno empieza a hacer loco, si lo queremos decir más coloquialmente. El virus no logra prosperar, pero tampoco el sistema inmune del paciente puede matar al virus.

Como resultado, se empiezan a originar una serie de mutaciones que se van acumulando y eso podría hacer que, en una persona o paciente crónico de COVID-19 e inmunosupreso, se dé este fenómeno en el cual aparecen más mutaciones de las esperadas porque el virus intenta volverse más fuerte y escapar. Si logra esto con éxito, pasa a infectar a otra persona y, así, se genera así toda la cadena de replicación del virus.

Pero esa es solo una hipótesis. Otro escenario pudo haber sido mutaciones que iban pasando de persona a persona, que se estaban acumulando y que no se detectaron hasta ahora.

Por lo tanto, esta pregunta tal vez no la podamos responder con exactitud porque falta más evidencia científica, pero esos son los dos posibles escenarios de cómo llegamos a esto. Lo que sí sorprende a la comunidad científica internacional es que hubo un brinco

muy abrupto. Pasamos de ocho mutaciones que veníamos viendo a 28 muy exclusivas en la variante ómicron”.

-Ese cambio abrupto es una de las razones del por que ha llamado la atención a nivel mundial, tanto, que incluso la OMS la denomina como una variante de preocupación.

JAMM: “Sí. Conforme el virus del SARS-CoV-2 se mantiene circulando entre las poblaciones, es esperable que vaya acumulando mutaciones. De ahí, no es sorprendente el reporte cada vez más rápido de nuevas versiones que llamamos variantes.

Lo que ha sido particular en los últimos días con la variante ómicron, es que no se había reconocido antes un cambio tan abrupto en el número de mutaciones. Esto no lo habíamos visto tan drásticamente en las otras variantes.

Por eso se ponen las alertas máximas, por la cantidad grande de mutaciones en el genoma (el material genético del virus) pero, particularmente, en la molécula de la espícula (la llave que le permite al virus entrar a la célula) y que es la misma que encontramos en las vacunas.

El cambio abrupto de 8 a 32 mutaciones solamente en la espícula genera la alerta, junto con el alto número con los casos reportados en esta variante. En dos o tres días los casos aumentaron relativamente rápido”.

-Si la comparamos con su antecesora delta, ¿cómo usted podría describir el cambio?

JAMM: “Delta reportaba ocho mutaciones en la espícula (los picos del virus). ¿Nosotros qué esperábamos ver? Pues, nuevas variantes que tuviera mutaciones paulatinas. Primero once o doce. En otro reporte quince y en otro dieciocho. No obstante, ómicron brincó de una vez a tener 32 mutaciones en la espícula, cuatro veces más de lo que tiene delta, lo cual es un cambio muy drástico.

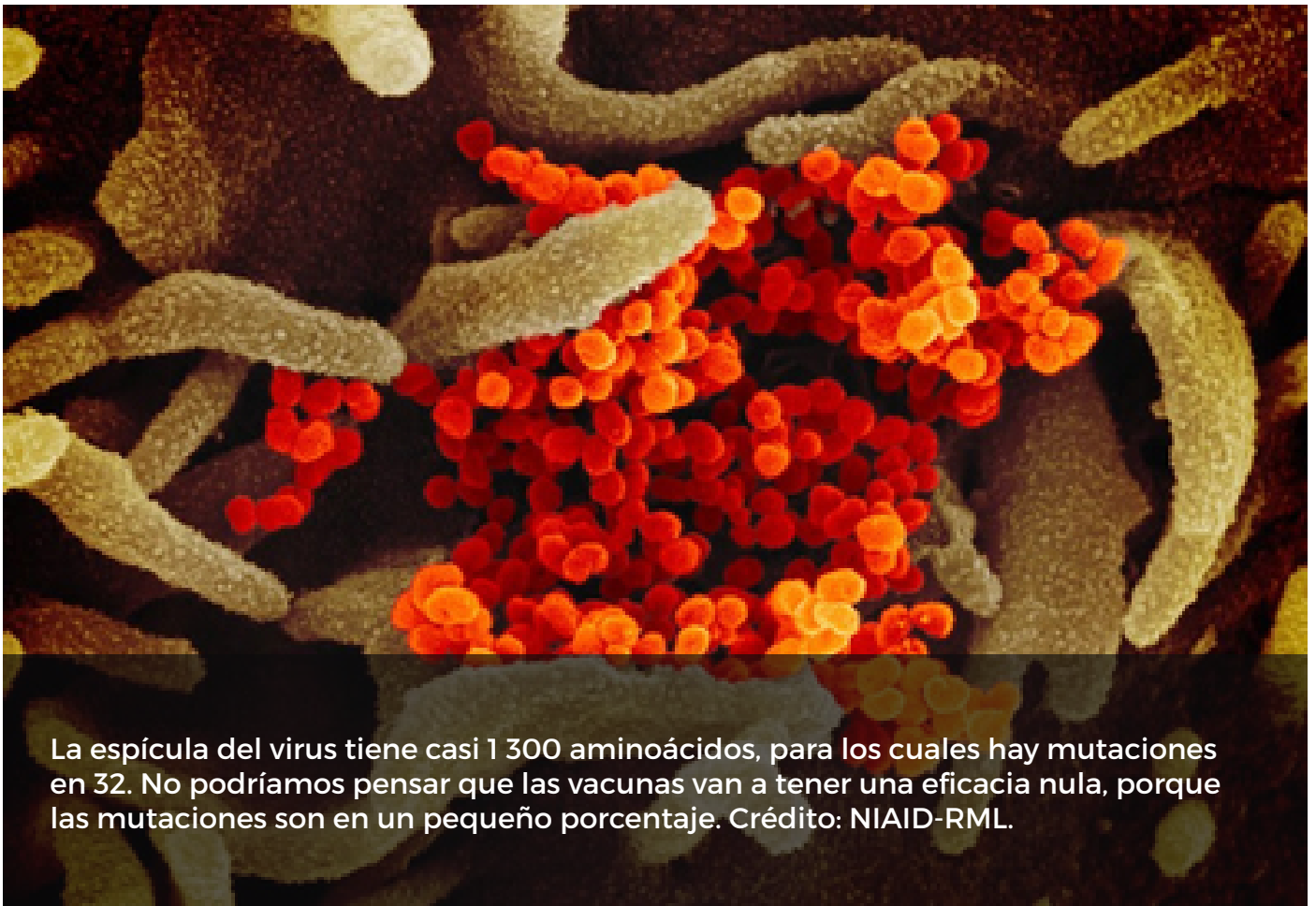
Estamos hablando de mutaciones únicamente en la espícula. Recordemos que las mutaciones no necesariamente significan algo positivo o negativo. De hecho, la mayoría no tienen un efecto. Entonces, tampoco es que reportar 32 es, por sí solo, un número significativo. Hay que darle un contexto.

Tenemos pistas en evidencia científica preliminar que nos dice que sí puede haber un cambio en la transmisión y que las vacunas sean menos eficaces, pero no hay exactitud. Sin embargo, si algo tenemos en Costa Rica es una gran ventaja”.

-¿En qué sentido es esa ventaja?

JAMM: “Los países europeos y los africanos en donde se inicia el reporte de ómicron están a ciegas. En cambio, nosotros en Latinoamérica hemos tenido una pandemia retrasada con respecto a esas latitudes.

Por lo tanto, si aquí los primeros casos de ómicron se reportan en dos o tres semanas, eso es un tiempo suficiente para que ya vaya teniendo nuevos estudios. La ventaja está en el hecho de que tengamos una pandemia un poco retrasada con lo que se vive en Europa. Tenemos tiempo de prepararnos”.



La espícula del virus tiene casi 1 300 aminoácidos, para los cuales hay mutaciones en 32. No podríamos pensar que las vacunas van a tener una eficacia nula, porque las mutaciones son en un pequeño porcentaje. Crédito: NIAID-RML.

Auge

-En las últimas semanas, Dr. Molina, en Sudáfrica las infecciones han aumentado de forma pronunciada, coincidiendo con la detección de dicha variante. Si bien falta ahondar con más evidencia científica como usted lo dijo antes, ¿qué características genéticas podrían estar incidiendo?

JAMM: “Esto es muy interesante. Primero que todo hay que tener cuidado con el sesgo de selección, porque el que busca encuentra.

Si usted va en un lugar en donde ya encontró dos casos y deja de ir a otros lugares, entonces su porcentaje va a ser de 90 % positivos por una determinada variante. Pero puede ser porque se centralizó en esa población.

En estos momentos podríamos tener un sesgo en los reportes porque se están buscando estos casos en particular. La realidad es que aún falta información para llegar a una conclusión.

En cuanto a las características genéticas, hay algunas mutaciones que son compartidas. ómicron tiene 41 mutaciones exclusivas, incluyendo todos los genes. Delta, en cambio, tenía 25. Solo unas pocas variantes son compartidas con las otras como beta, gamma, alfa y delta. Aproximadamente ocho son compartidas.

Ahora, si nos fijamos solo en la espícula, un reducido número de mutaciones son compartidas entre las variantes. Por ejemplo, entre Beta y gamma solo comparten una mutación. Lo mismo ocurre para otras combinaciones. Si nos vamos al detalle, al describir las mutaciones hay tres posibles escenarios moleculares”.

-¿Cuáles serían esos escenarios moleculares y su relevancia?

JAMM: “Los escenarios moleculares son relevantes porque nos explican esos cambios en el virus. En este caso son tres. Uno es que se cambie una letra a nivel de proteína que tienen los aminoácidos por otro.

Otro escenario es una deleción. En otras palabras, se pierden unos nucleótidos que hacen que perdamos un aminoácido.

Finalmente, tenemos las inserciones, que es cuando se le incorpora un adicional. Esto es producto de algún error durante la copia del material genético dentro de la célula a nivel de detalle molecular.

Por lo tanto, tenemos: cambio de aminoácido, que se pierda un pedacito de aminoácido o, por último, que se meta un pedacito. Esos son los tres escenarios.

En ómicron, el número de deleciones es de cuatro en la espícula y delta solo 2, por ejemplo. Además, ómicron tiene una inserción. Esto nos quiere decir que hay todavía más cambios”.

-Cuando vemos los números de contagio en Sudáfrica desde que se identificó ómicron, se calcula casi 11 500 de personas contagiadas solo el jueves 2 de noviembre, según la [BBC de Londres](#). Más allá de la mutación propia del virus, ¿puede existir algún otro elemento sociodemográfico que esté incidiendo y que, de cierta forma, también se tenga en Costa Rica y nos haga un terreno fértil para la propagación de la variante?

JAMM: “El éxito de la variante en su propagación en Sudáfrica está en tres factores fundamentales. El primero es la parte molecular. Las mutaciones que lleva ómicron ya habían sido reportadas individualmente en otros linajes. Estas mostraron tener un efecto en los procesos relacionados con la transmisión y con la reducción de la efectividad de las vacunas.

Número dos, la sociedad en Sudáfrica tiene una tasa muy baja de vacunación. Cerca de un 25 % tiene las vacunas, de acuerdo con el último reporte dado. El hecho de que el virus circule en personas susceptibles y de que no haya un freno en esa propagación le da esa oportunidad de generar nuevas versiones. Entre más se replique el virus, más oportunidad de mutar.

Finalmente, un tercer factor tiene que ver más del sistema de vigilancia. El sistema de vigilancia de Sudáfrica fue muy eficiente en cuestión de unos pocos días de haber procesado la muestra y el reporte. Hay países donde ni siquiera existe el sistema de vigilancia por secuenciación. Si no se hace, pues no nos vamos a dar cuenta de nuevas variantes. En este caso, el sistema de vigilancia fue muy bueno”.

-Dr. Molina, al comparar la baja tasa de vacunación de Sudáfrica con los últimos datos de vacunación dados por el Ministerio de Salud y de la Caja Costarricense de Seguro Social, con un 62,27 % con el esquema de completo, ¿la población costarricense podría ser menos susceptible a la variante?

JAMM: “Muy probablemente. Cuando llegó delta, dos o tres meses después de que se hicieran los reportes, en ese tiempo nos dimos cuenta de que las personas con la segunda dosis completa tenían una muy buena protección. Eso hizo que en Costa Rica se tomara la decisión de acelerar la segunda dosis.

Parte de eso contribuyó con lo que hemos estado viviendo esta semana. Hay una reducción notoria en casos, en los cuales un alto porcentaje de personas están vacunadas y han impactado en esa reducción”.

-¿Y las vacunas, ante esta nueva variante, podrían ser igualmente eficaces?

JAMM: “Se podría esperar que exista una reducción en la efectividad de las vacunas, pero no a tasa de cero. Lo más seguro es que vaya a sugerirse un refuerzo más periódico.

Pensar en que solamente dos vacunas van a ser suficientes para acabar con la pandemia es irreal. Este agente se va a quedar como la influenza, en el cual tenemos una vacuna anual.

Como decía antes, las mutaciones que lleva ómicron y que ya habían sido reportadas individualmente en otros linajes señalan que esa posibilidad de una vacuna con menor eficacia. La caracterización molecular sugiere una mayor transmisión, pero no se puede asegurar en un 100 % que se va a reducir la eficacia de las vacunas o que va a ser más transmisible el virus”.

-¿Y qué sabemos de los síntomas?

JAMM: “Los síntomas que se han reportado para estos casos son un poco diferentes y más generales: fatiga, malestar, sin pérdida del olfato o gusto. Habrá que ver si es que sistemáticamente se va a sostener, porque los estudios preliminares son observaciones en pocas personas. Hay que hacer un análisis en un gran número de personas y ver si es algo regular en esta variante”.

¿Una PCR con menor potencial?

-Dr. Molina, ¿la prueba de PCR seguirá siendo efectiva? El Grupo Asesor Técnico sobre la Evolución del Virus del SARS-CoV-2 (TAG-VE) reporta que varios laboratorios indican que uno de los tres genes diana del virus ya no se detecta. Pareciera que la PCR está perdiendo su capacidad de detección.

JAMM: “Esta es una pregunta muy importante. Podría haber mutaciones que hagan de la PCR arroje falsos negativos. Nosotros cuando hacemos la PCR usamos una estrategia que consiste en leer un pedacito muy específico del virus y, si esas mutaciones ocurren en esas zonas, los resultados se alteran y podemos tener pacientes mal diagnosticados que tienen el virus, pero que la prueba arrojó de que no.

Lo anterior sería gravísimo, pues si una persona que tiene COVID-19 le estaríamos diciendo que no. Por el momento, estas pruebas no se han comprometido. No hay ningún problema y la PCR sigue dando los resultados correctos sin problema para todas las variantes identificadas, incluidas ómicron”.

-Entonces, que la PCR no identifique un gen no genera grandes cambios. La PCR puede seguir detectando el virus.

JAMM: “Veámoslo así. Usted me ve en una computadora y me quiere identificar. Yo le podría decir, mi nombre es José Arturo Molina Mora. Otra opción es darle mi cédula y la otra alternativa es darle mi carnet de la UCR. Los tres, inequívocamente, me hacen pensar en la misma persona.

Podría suceder que cuando aplique la estrategia no me salga un dato. Por decir algo, resulta que una persona viene del Tecnológico de Costa Rica (TEC) y, claramente, no tienen un registro del carnet de la UCR. Sin embargo, yo puedo saber que es la persona porque tengo el nombre y la cédula.

Lo mismo ocurre con la variante. Yo voy a buscarle tres pedacitos de los genes y, si solo me salen dos, quiere decir que es el virus con una variante”.

-Con esto tan claro como usted explicó, me llama la atención que otros grupos científicos y la OMS mencionen que el no poder identificar un gen hace que, incluso, se pueden utilizar la PCR como un marcador para ómicron. ¿Por qué?

JAMM: “Cuando hacemos un PCR evaluamos tres regiones del genoma. Hay cierto patrón de análisis de esas tres regiones que nos sugieren la presencia de esa variante. Si falta una, como es este caso con ómicron, se utiliza como una forma de inferir o sospechar que es dicha variante. A eso se refiere la OMS con tamizaje, como sospechoso de Ómicron, aunque no se le haya hecho la secuenciación”.

-Ahora bien, ¿y si se pierden los tres genes que la PCR usa para detectar el virus?

JAMM: “Si se pierde la capacidad de detectar las tres secciones de los genes, la PCR deja de ser útil para identificar al virus, pero para eso hay protocolos. Se empieza a evaluar y a cambiar los pedacitos que va a buscar. Se pueden ir modificando según la necesidad y evolución del virus.

En resumen, si hay alguna alteración, lo que se hace es modificar el PCR para que siga siendo efectiva. Por decirlo así, simplemente se actualiza”.

-Justo eso que usted me comenta es una de las importancias de esta vigilancia genómica del virus. En otras palabras, ir adaptando los protocolos del PCR conforme se presenta nuevas variantes.

JAMM: “Exactamente. Ese es uno de los factores de la relevancia de la vigilancia genómica en conocer la biología del virus y, desde el punto de vista técnico, implementar estrategias de diagnóstico. También, reportar cambio en los síntomas y hasta en la definición de caso sospecho.

Siempre están los casos asintomáticos, pero para estas variantes hay algo muy interesante y es que los síntomas reportados son muy generales y relativamente leves: fatiga y malestar.

Cuando nosotros hablamos de patógenos a lo largo del tiempo, uno espera que se vuelvan menos virulentos, que nos produzcan una enfermedad menos fuerte. Ojalá fuera este el escenario de que esta nueva versión se le asocia a una presentación clínica menos severa”.



En el año del 2020, la tasa de mutación era de una a tres veces por mes. En el 2021 se reportó de hasta 10 veces por mes. ¿Por qué aumenta esa mutación? Porque el ser humano ejerce una presión con las medidas de contención, las vacunas y los tratamientos. Solamente aquellos virus que muten más, van a ser los predominantes. Crédito: NIAID-RML.

Reinfecciones

-Dr. Molina, también tenemos otro panorama muy inquietante. Se ha visto casos de personas reinfectadas del virus con la variante ómicron. ¿Qué tienen en particular estos pacientes? ¿Ya se sabe algo al respecto del por qué se da?

JAMM: “Empecemos con dos términos. La reinfección es que usted tuvo una vez COVID-19, se curó y le vuelve a dar. El otro término es una coinfección que puede ser por diversos patógenos. Es decir, una persona tiene COVID-19 y al mismo tiempo una bacteria u otro virus.

También puede haber una coinfección por SARS-CoV-2. Es decir, una persona que tiene COVID-19 con la variante delta y le llega la otra variante (ómicron, por ejemplo).

Lo que se ha visto con esos pacientes reinfectados es que son muy particulares. Los inmunosopresos o aquellos con un cúmulo de factores de riesgo (hipertensión, diabetes u obesidad), en el cual el panorama se vuelve muy distinto.

Primero, hay que ver cómo quedó esa persona después de la primera infección. Si la persona quedó muy resentida a nivel de sus pulmones y está recuperando con algunas secuelas, sí podría reinfectarse con la llegada de ómicron y verse un poco más perjudicada porque quedó muy débil”.

-¿Se podría interpretar que la reinfección sería la excepción y en casos muy específicos?

JAMM: “Correcto, eso es lo esperable. Otra cosa que se podría esperar en un persona relativamente sana que tenga una segunda infección, es un manejo mucho mejor porque ya tuvo una activación previa del sistema inmune. Esto sucedería mejor con personas que por primera vez tienen COVID-19 y que tienen la vacuna. Estas personas están más protegidas de una enfermedad grave o de la muerte.

Sí es necesario resaltar que, a diferencia de la vacunación, una infección natural por COVID-19 nos da en promedio tres meses de protección inmune a nivel de anticuerpos. Si ya pasaron cinco o seis meses y ya no se tienen anticuerpos, esa reinfección va a cursar similar como una primera infección debido a que el sistema inmune ha perdido mucho sus defensas”.

-Decir ‘a mí ya me dio COVID-19’ como justificación para no vacunarse no sería válido.

JAMM: “Tal cual. El sistema inmune no va a quedar tan estimulado como lo hace una vacuna. La vacuna es una inmunización artificial. Aquí se induce intencionalmente al sistema inmune a niveles mucho mayores de lo que va a suceder en una infección natural.

Que a una persona se enferme por COVID-19, claro que va a estimular su sistema, pero esa protección va a ser de meses menores, mientras que en una vacuna va a ser mucho mayor. No hay justificación de que, por haber tenido COVID-19, alguien no se vaya a vacunar”.

Variantes en Costa Rica

-Dr. Molina, antes de cerrar, le quiero consultar si en el estudio que ustedes realizan a nivel nacional se han encontrado nuevas variantes del SARS-CoV-2 y si hay alguna que predomine.

JAMM: “Con los resultados con el Inciensa, hemos analizado más de 1 500 genomas desde el inicio de la pandemia. Yo también participo en un proyecto, con otros investigadores de la Escuela de Biología de la UCR, en el cual estamos evaluando el SARS-CoV-2 en Latinoamérica.

De igual manera participa el Inciensa y yo estoy a cargo de la parte de los análisis. En todos los casos, para Costa Rica y Latinoamérica, hasta noviembre del 2021 los reportes apuntaban a más de un 95 % de casos son dados por delta en Costa Rica, México y Perú, entre otros. Delta predomina.

Hemos visto en delta algunas subdivisiones con mutaciones adicionales y con sus propias características, pero sigue siendo delta. Este es un patrón que se ve en toda Latinoamérica.

Con la llegada de alfa, esta empezó a predominar y luego fue desplazada por delta. Ese es el escenario que tenemos. Hay que esperar a ver qué pasará con la llegada de ómicron, si va a desplazar a las otras variantes, como alfa que fue desplazada por completo por delta.

-¿Hay algún pronóstico de cuándo podría llegar ómicron al país?

JAMM: “No sabemos cuándo podría llegar ómicron al país. Si hacemos una comparación con las variantes anteriores, depende mucho de la movilidad de las personas. Podríamos calcular unas tres semanas o un mes para hacer el primer reporte de la variante Ómicron en Costa Rica. Asimismo, depende mucho de la recolección de muestras. Los resultados podríamos verlos un mes, pues ya hasta podría estar circulando sin darnos cuenta”.

-El 23 de junio de este año ustedes describieron siete perfiles clínicos de COVID-19 en el país. ¿De qué manera ómicron podría alterar esos perfiles tan necesarios en la toma de decisiones políticas para afrontar la pandemia?

JAMM: “Nosotros proyectamos que esos perfiles clínicos vayan a cambiar. Ese trabajo que hicimos era con personas no vacunadas. En enero vamos a actualizar los perfiles clínicos con las personas que tienen vacuna y ahí veremos cómo pasó esa migración de los perfiles con respecto con personas vacunadas y no vacunadas. Va a ser una nueva categoría para comparar.

Lo que se ha visto, en general, es que las personas con la enfermedad más severa son las que no tenían las dosis completa. Nosotros esperaríamos respaldar eso y, de forma similar, explicar esto la generación de las variantes, la no vacunación y más ante la llegada de ómicron.

Para el estudio que haremos de todo el 2021, definitivamente ómicron no va a tener un papel principal porque es muy probable que esté en una minoría de casos (si es que ya llegó a Costa Rica para finales del 2021). Así, el estudio solo va a estar concentrado en todo el 2021, pero un muy buen referente ante el panorama actual.

Sí esperamos que cambien los perfiles clínicos hacia síntomas que, muy posiblemente, bajen en intensidad por las personas vacunadas”.

-Ya para cerrar, Dr. Molina, ¿qué mensaje le envía a la población costarricense? ¿Debemos preocuparnos?

JAMM: “Las consecuencias que podríamos prever del virus que es la transmisión y la reducción de la efectividad de las vacunas. Estas solo las podemos lidiar si mantenemos las medidas y completamos el esquema de vacunación.

A nivel de la sociedad, lo que nos debe alertar es el hecho de cuidarnos, que estemos vacunados y que en las fiestas seamos selectivos con quién quieren ver. Si vamos a abrir las burbujas, que sea siempre con las medidas de prevención para eso”.



[Jenniffer Jiménez Córdoba](#)
Periodista, Oficina de Divulgación e Información
Área de cobertura: ciencias de la salud
jenniffer.jimenezcordoba@ucr.ac.cr

Etiquetas: [omicron](#), [sars-cov-2](#), [covid-19](#), [variante](#), [sudafrica](#), [costa rica](#).