

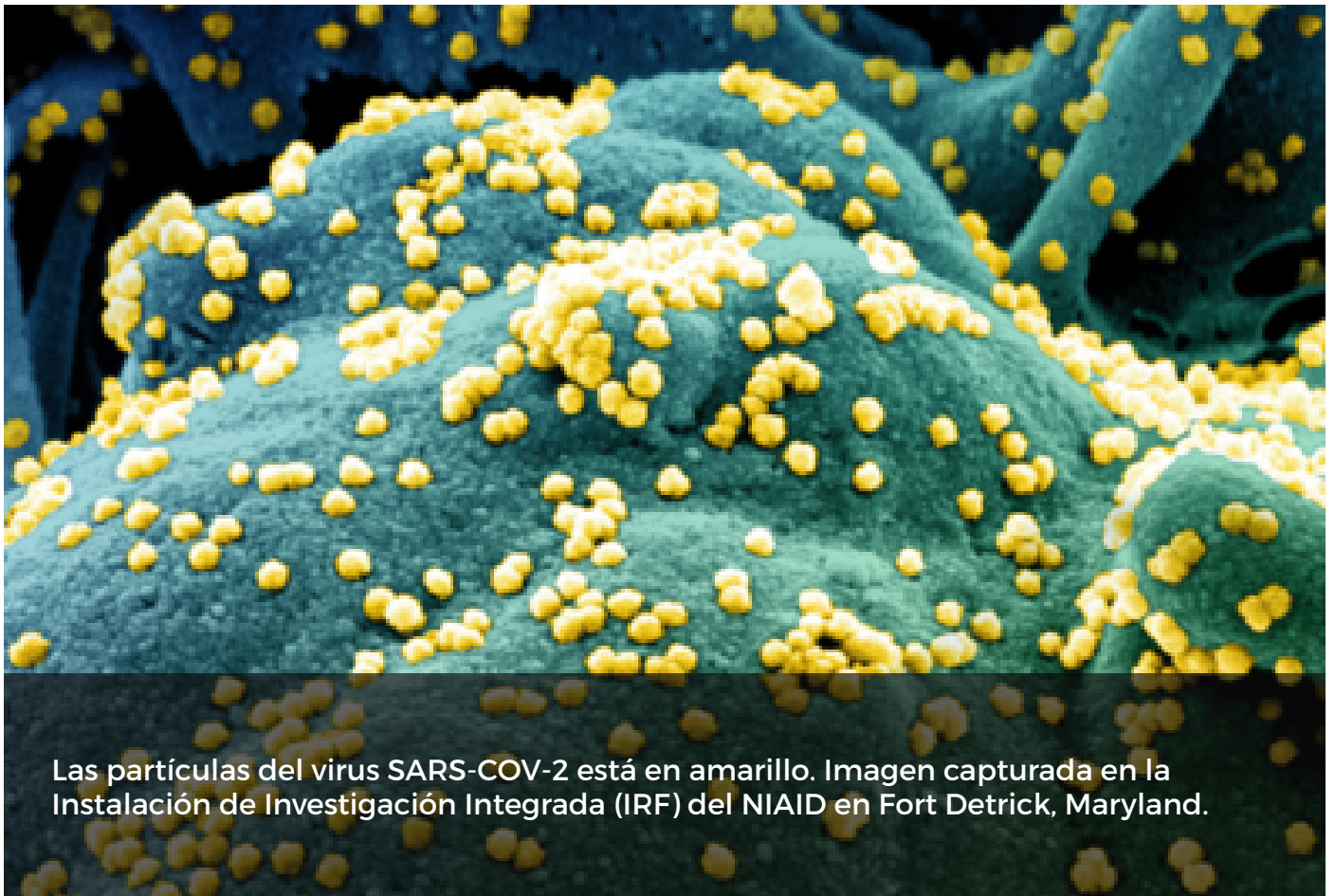


UNIVERSIDAD DE COSTA RICA

Dr. José Arturo Molina Mora

¿Es de preocuparse que en Costa Rica existan las variantes del SARS-CoV-2 descritas, originalmente, en el Reino Unido y Sudáfrica?

26 FEB 2021 Salud



Las partículas del virus SARS-COV-2 está en amarillo. Imagen capturada en la Instalación de Investigación Integrada (IRF) del NIAID en Fort Detrick, Maryland.

“Las variantes del SARS-CoV-2 descritas originalmente en el Reino Unido y Sudáfrica (que ahora están en suelo costarricense) **no representan un peligro adicional para el país, pero deben vigilarse de cerca**”.

Así lo indicó el Dr. José Arturo Molina Mora, microbiólogo bioinformático y coordinador del proyecto de análisis genómico del virus desde la Universidad de Costa Rica (UCR), en relación con **las nuevas variantes del SARS-CoV-2 recientemente detectadas en suelo nacional** y comunicadas oficialmente por el Ministerio de Salud el 23 de febrero de 2021.

Los análisis fueron liderados por el Instituto Costarricense de Investigación y Enseñanza en Nutrición y Salud (Inciensa), con el apoyo del Centro de Investigación en Enfermedades Tropicales (CIET), de la Facultad de Microbiología de la UCR.

En esta ocasión, las variantes encontradas son las **VOC202012/01 (del linaje B.1.1.7)** originalmente descrita en el Reino Unido y hallada en una paciente costarricense de 35 años de edad. La mujer no requirió hospitalización y ya se encuentra recuperada.

La otra es la variante **501Y.V2 (del linaje B.1.351)** encontrada por primera vez en Sudáfrica. Esta variante estuvo alojada en un paciente extranjero de 65 años de edad y fue atendido por la Caja Costarricense de Seguro Social (CCSS).

Pero, ¿son estas variantes enemigas más fuertes?

Tal vez, pero no hay total seguridad. De acuerdo con información de la Organización Mundial de la Salud (OMS), y replicada por el Ministerio de Salud en su comunicado de prensa del 23 de febrero, hasta el momento **la variante Sudafricana no ha mostrado generar un aumento en la severidad de los casos.**

No obstante, se ha documentado la posibilidad de una mayor transmisión y disminución en la capacidad de los anticuerpos neutralizantes. Lo anterior, según el Ministerio de Salud, **podría presentar un mayor potencial para causar reinfecciones.**

Lo mismo pasa con la variante del Reino Unido, la cual indica **un posible aumento en la transmisibilidad del virus y una probable presentación clínica más grave;** información que aún debe confirmarse con más datos de análisis.

“Estas variantes tienen el reporte de varias mutaciones acumuladas en la espícula, que es la región del virus que interactúa con la célula humana para entrar y multiplicarse. Además, es la zona que reconoce el sistema inmune para atacar al virus. La inquietud que causan es que ambas variantes se ubican en las regiones de interacción, ya sea para la entrada del virus o, inclusive, donde se reconocen los anticuerpos. **De ahí se desprende el temor de que esas variantes hagan al virus más transmisible, cause una enfermedad más severa o que las vacunas tengan menos eficacia.** Sin embargo, por el momento Costa Rica no se debe preocupar por esto”, señaló el Dr. Molina.

Llamado a la calma

Para el especialista, si bien los estudios actuales resaltan una mayor capacidad de transmisión del virus, **hay que ver este fenómeno con lupa y contemplar los aspectos sociales que podrían estar influyendo.**

Una está en la apertura de las fronteras y en una mayor movilidad de las personas. Esta razón podría ser parte de los verdaderos motivos del porqué el virus se transmite más fácil y no, necesariamente, **por la variante o mutación.**

“Los estudios que asocian cambios en la mortalidad, una mayor severidad o, inclusive, una reducción en la efectividad de las vacunas, todavía están en desarrollo. En parte, porque las vacunas llevan con nosotros casi dos meses, entonces no ha sido suficiente tiempo para ver toda la evolución del virus y su efecto en la vacuna. **De momento, no hay ningún cambio reportado con respecto a la severidad del virus o que vaya a fallar la vacuna con algunas de estas variantes.** En cuanto a la mayor transmisión, pienso que este aspecto está vinculado a un contexto de mayor apertura social. Entonces, podemos estar tranquilos pero no bajar la guardia”, amplió el Dr. Molina.

El especialista enfatizó que, indistintamente de la versión del virus que llegue, lo único que le debe preocupar a la población costarricense es mantener las medidas de distanciamiento, el lavado de manos y el uso de la mascarilla para contener la propagación, **mientras se vigilan de cerca a las variantes.**

“Claro que hay que vigilar si las variantes toman fuerza y si se empiezan a propagar en el país. Pueden haber cambios en la carga viral pero no es la posición definitiva. Si bien hay estudios que sugieren ese hecho, son investigaciones realizadas en un contexto particular muy alejado del costarricense. Entonces, **todavía no se llega a una conclusión definitiva**”, dijo el Dr. Molina.



La vigilancia es vital para generar un panorama del país, al secuenciar los genomas e identificar las distintas versiones del virus.

Laura Rodríguez Rodríguez

¿Unión de variantes?

Otro aspecto que ha elevado la preocupación es que las distintas variantes se unan y le den al virus una mayor agresividad. Ante esto, el Dr. Molina deja claro que **ese fenómeno suele pasar con otros virus, pero no con el SARS-CoV-2.**

“Esto se debe al tipo de virus. En otros virus el genoma está en pedacitos entonces, cuando distintas variantes entran a una misma célula humana de forma simultánea, se puede dar una mezcla y que el virus tome varios pedacitos de distintos lugares. **En el SARS-CoV-2 no pasa porque es una sola oración de material genético.** En la influenza, en cambio, esto sí puede suceder y es una de las razones del porqué escapa más de las vacunas”, manifestó el experto.

Esfuerzo sostenido

Desde hace más de un año la UCR apoya al Inciensa con la vigilancia de las variantes mediante **la bioinformática y la inteligencia artificial.** Los resultados han sido cruciales.

Por ejemplo, en diciembre de 2020, once científicos de la Facultad de Microbiología y del Inciensa le dieron a la comunidad científica internacional el reporte de que en **Costa Rica existe una variante del SARS-CoV-2 casi exclusiva del país** que aumentó su presencia y que sobrepasó el estándar mundial.

El nombre de la variante es T1117I, se ubica en la espícula (corona) del virus, y no hace al virus más letal, contagioso o agresivo. A enero de 2021, la presencia de esta variante aumentó de manera significativa. Se pasó de tener **14,5 % en los 138 casos estudiados hasta agosto de 2020**, a un 29.2 % con los 47 nuevos genomas secuenciados hasta el mes de noviembre de ese mismo año. **Ya para enero 2021, la cifra llegó al 36.0%.**

Ahora, con las variantes de Sudáfrica y Reino Unido presentes, la UCR se enfocará en descubrir cómo se ubican esos genomas y comparar esa ubicación con todas las secuencias que ya se han secuenciado. **Luego, se hará un análisis integral de la estructura de las proteínas de las variantes para ver posibles efectos.**

“En el proyecto también estamos evaluando, por algoritmos de inteligencia artificial, la parte clínica de estos pacientes. Ya tenemos datos preliminares que esperamos compartir en el futuro y son importantes porque nos da información más específica sobre el genoma del virus y el perfil clínico de esos pacientes con base en variantes específicas. **Es decir, qué síntomas han tenido, cómo ha sido el asunto de los fallecimientos y los factores de riesgo**”, concluyó el Dr. Molina.



[Jennifer Jiménez Córdoba](#)

Periodista, Oficina de Divulgación e Información

Área de cobertura: ciencias de la salud

jennifer.jimenezcordoba@ucr.ac.cr

