



<https://doi.org/10.24245/mim.v39i1.7965>

Variante ómicron y el escape inmunológico

Omicron variant and the immune scape.

Alfredo Cabrera-Rayó

Resumen

La incidencia de la variante ómicron del SARS-CoV-2 se ha incrementado rápidamente en todo el planeta, aun en personas vacunadas. Los resultados de la secuenciación indicaron que todas eran de un linaje nuevo y genéticamente distinto de SARS-CoV-2. Este linaje fue designado variante de preocupación y nombrado ómicron por recomendación del Grupo Asesor Técnico sobre SARS-CoV-2. Se indican las subvariantes predominantes en México, las causas del escape inmunológico y las propuestas actuales para tratar de contener el SARS-CoV-2.

PALABRAS CLAVE: SARS-CoV-2; COVID-19; vacunas.

Abstract

The incidence of the omicron variant of SARS-CoV-2 has increased rapidly around the entire planet, even in vaccinated people. Sequencing results indicated that they were all from a new and genetically distinct lineage of SARS-CoV-2. This lineage was designated variant of concern and named omicron on the recommendation of the Technical Advisory Group on SARS-CoV-2. The main predominant subvariants in Mexico, the reasons for the immune escape and the current proposal to contain SARS-CoV-2 are presented.

KEYWORDS: SARS-CoV-2; COVID-19; Vaccines.

Internista-intensivista. Coordinador auxiliar de investigación en salud, IMSS.

Recibido: 17 de julio 2022

Aceptado: 26 de julio 2022

Correspondencia

Alfredo Cabrera Rayó
cabrerarayoalfredo@yahoo.com.mx

Este artículo debe citarse como:

Cabrera-Rayó A. Variante ómicron y el escape inmunológico. Med Int Méx 2023; 39 (1): 167-169.

La incidencia de la variante ómicron del SARS-CoV-2 se ha incrementado rápidamente en todo el planeta, aun en personas vacunadas.

Desde mediados de noviembre de 2021 se observó aumento de casos de COVID-19 en la provincia de Gauteng, el centro económico de Sudáfrica que contiene las ciudades de Tshwane (Pretoria) y Johannesburgo.¹

Esta oleada de casos estuvo acompañada por una mayor falla diagnóstica en el objetivo del gen S (SGTF) durante las pruebas de PCR de diagnóstico basadas en TaqPath. Recordemos que recientemente la FDA otorgó la autorización para “uso de emergencia” a la prueba TaqPath SARS-CoV-2 para el diagnóstico de COVID-19 en muestras de saliva. La prueba se utiliza también para la detección del SARS-CoV-2 en hisopo orofaríngeo y nasofaríngeo. De acuerdo con los informes de la FDA, la concordancia fue del 100% con las muestras naso y orofaríngeas.²

Esta falla diagnóstica comentada por parte de los reactivos ya se había observado con la variante Alpha debido a una eliminación en las posiciones de aminoácidos 69 y 70 ($\Delta 69-70$) en la proteína pico del SARS-CoV-2. Debido a la baja prevalencia de Alfa en Sudáfrica, se priorizó la secuenciación específica del genoma completo de estos especímenes.³

Los resultados de la secuenciación indicaron que todas eran de un linaje nuevo y genéticamente distinto de SARS-CoV-2. De tal forma que estos genomas de SARS-CoV-2 fueron designados como pertenecientes a un nuevo linaje PANGO (B.1.1.529), que luego se dividió en sublinajes con BA.1, BA.2 y BA.3. El 26 de noviembre de 2021, el linaje fue designado variante de preocupación y nombrado ómicron por recomendación del Grupo Asesor Técnico sobre SARS-CoV-2.^{4,5}

En México, de acuerdo con el reporte de vigilancia genómica del virus SARS-CoV-2, al cierre de la semana 24 del año 2022 había 161 secuencias registradas y el 100% de la variante ómicron. Los linajes predominantes incluyen BA.5, BA.2.12.1 y BA.4.⁶

Las mutaciones y la recombinación viral son responsables de los cambios en el código genético del virus SARS-CoV-2 durante la replicación de su genoma. Estos “errores” genéticos se asocian con:⁷

1. Incremento de la virulencia.
2. Potencial escape inmunológico.
3. Aumento de la transmisibilidad.
4. Variación en la manifestación clínica de la enfermedad.
5. Disminución de la eficacia de los medios de diagnóstico.
6. Cambio perjudicial en la epidemiología del COVID-19.
7. Riesgo de reinfectarse por esta variante mayor que con otras.

Recientemente Hachmann y colaboradores evaluaron los títulos de anticuerpos neutralizantes contra la referencia WA1/2020 del SARS-CoV-2 subvariantes BA.1, BA.2, BA.2.12.1 y BA.4 o BA.5 en 27 participantes que ya habían sido vacunados con BNT162b2 y en 27 participantes que habían sido infectados por subvariantes BA.1 o BA.2. Seis meses después de la inmunización doble con BNT162b2, la mediana del título de anticuerpos neutralizantes fue de 124 frente a WA1/2020, pero inferior a 20 frente a todas las subvariantes de ómicron analizadas. Dos semanas después de la tercera dosis, los títulos se incrementaron sustancialmente en las subvariantes, pero mucho menor en las BA.4



o BA.5. El mismo fenómeno inmunológico se observó en los pacientes postinfectados, en los que los títulos mostraron elevación para las subvariantes diferentes a BA.4 o BA.5 y además para BA.2.12.1, todas variantes predominantes en México.⁸

En conclusión, los gobiernos y sobre todo la población debemos estar preparados para convivir con esta nueva epidemia, capaz de ser más transmisible, hacer en ocasiones menos eficaces los medios diagnósticos e incrementar el riesgo de reinfecciones como consecuencia de mutaciones y escape inmunológico. ¿Deberíamos pensar en una nueva vacuna? Yo pienso que sí. La próxima generación de vacunas deberá tener una cobertura de epítomos más amplia para proporcionar inmunidad cruzada contra las nuevas variantes y subvariantes del SARS-CoV-2, conferir una protección de mayor duración y ser fácil de actualizar.⁹

REFERENCIAS

1. Viana R, Moyo S, Amoako DG, Tegally H, Scheepers C, Althaus CL, Anyaneji UJ, Bester PA, Boni MF, Chand M, Choga WT, Colquhoun R, Davids M, Deforche K, Doolabh D, du Plessis L, Engelbrecht S, Everatt J, Giandhari J, Giovanetti M, Hardie D, Hill V, Hsiao NY, Iranzadeh A, Ismail A, Joseph C, Joseph R, Koopile L, Kosakovsky Pond SL, Kraemer MUG, Kuate-Lere L, Laguda-Akingba O, Lesetedi-Mafoko O, Lessells RJ, Lockman S, Lucaci AG, Maharaj A, Mahlangu B, Maponga T, Mahlakwane K, Makatini Z, Marais G, Maruapula D, Masupu K, Matshaba M, Mayaphi S, Mbhele N, Mbulawa MB, Mendes A, Mlisana K, Mnguni A, Mohale T, Moir M, Moruosi K, Mosepele M, Motsatsi G, Motswaledi MS, Mphoyakgosi T, Msomi N, Mwangi PN, Naidoo Y, Ntuli N, Nyaga M, Olubayo L, Pillay S, Radibe B, Ramphal Y, Ramphal U, San JE, Scott L, Shapiro R, Singh L, Smith-Lawrence P, Stevens W, Strydom A, Subramoney K, Tebeila N, Tshiabula D, Tsui J, van Wyk S, Weaver S, Wibmer CK, Wilkinson E, Wolter N, Zarebski AE, Zuze B, Goedhals D, Preiser W, Treurnicht F, Venter M, Williamson C, Pybus OG, Bhiman J, Glass A, Martin DP, Rambaut A, Gaseitsiwe S, von Gottberg A, de Oliveira T. Rapid epidemic expansion of the SARS-CoV-2 Omicron variant in southern Africa. *Nature* 2022; 603 (7902): 679-686. doi: 10.1038/s41586-022-04411-y.
2. FDA. TaqPath SARS-CoV-2. [Emergency Use Authorization]. [2020]. Disponible en: <https://www.fda.gov/media/136112/download>
3. Volz E, Mishra S, Chand M, Barrett J, et al. Assessing transmissibility of SARS-CoV-2 lineage B.1.1.7 in England. *Nature* 2021; 593: 266-269. doi: 10.1038/s41586-021-03470-x.
4. Rambaut A, Holmes EC, O'Toole A, Hill V, et al. A dynamic nomenclature proposal for SARS-CoV-2 lineages to assist genomic epidemiology. *Nat Microbiol* 2020; 5: 1403-1407. <https://doi.org/10.1038/s41564-020-0770-5>.
5. WHO. Classification of Omicron (B.1.1.529): SARS-CoV-2 Variant of Concern; [https://www.who.int/news-room/statements/26-11-2021-classification-of-omicron-\(b.1.1.529\)-sars-cov-2-variant-of-concern](https://www.who.int/news-room/statements/26-11-2021-classification-of-omicron-(b.1.1.529)-sars-cov-2-variant-of-concern) (2021).
6. <https://www.gisaid.org/>.
7. Tegally H, Wilkinson E, Giovanetti M, Iranzadeh A, Fonseca V, Giandhari J, Doolabh D, Pillay S, San EJ, Msomi N, Mlisana K, von Gottberg A, Walaza S, Allam M, Ismail A, Mohale T, Glass AJ, Engelbrecht S, Van Zyl G, Preiser W, Petruccione F, Sigal A, Hardie D, Marais G, Hsiao NY, Korsman S, Davies MA, Tyers L, Mudau I, York D, Maslo C, Goedhals D, Abrahams S, Laguda-Akingba O, Alisoltani-Dehkordi A, Godzik A, Wibmer CK, Sewell BT, Lourenço J, Alcantara LCJ, Kosakovsky Pond SL, Weaver S, Martin D, Lessells RJ, Bhiman JN, Williamson C, de Oliveira T. Detection of a SARS-CoV-2 variant of concern in South Africa. *Nature* 2021; 592 (7854): 438-443. doi: 10.1038/s41586-021-03402-9.
8. Marjorie R, Bondzie EA, Surve N, Hall K, Barouch DH. Neutralization escape by SARS-CoV-2 Omicron subvariants BA.2.12.1, BA.4, and BA.5. *N Engl J Med* 2022; 386: 2526-2528. DOI: 10.1056/NEJMc2206725.
9. Nohynek H, Wilder-Smith A. Does the world still need new Covid-19 vaccines? *N Engl J Med* 2022; 386: 2140-2142 DOI: 10.1056/NEJMe2204695.