



UNIVERSIDAD TÉCNICA DE AMBATO
FACULTAD DE CIENCIAS DE LA SALUD
CARRERA DE MEDICINA

“COVID-19: Principales variantes genéticas”

Requisito previo para optar por el Título de Médico

Modalidad: Artículo Científico

Autor: Núñez Medina Jefferson Alexander

Tutora: Md. Mg. Alicia Monserrath Zabala Haro

Ambato – Ecuador

Junio, 2023

APROBACIÓN DEL TUTOR

En mi calidad de Tutora del Artículo Científico sobre el tema: **“COVID-19: Principales variantes genéticas”** desarrollado por JEFFERSON ALEXANDER NUÑEZ MEDINA, estudiante de la Carrera de Medicina, considero que reúne los requisitos técnicos, científicos y corresponden a lo establecido en las normas legales para el proceso de graduación de la Institución; por lo mencionado autorizo la presentación de la investigación ante el organismo pertinente, para que sea sometido a la evaluación de docentes calificadores designados por el H. Consejo Directivo de la Facultad de Ciencias de la Salud.

Ambato, junio del 2023

LA TUTORA

.....

Md. Mg. Alicia Monserrath Zabala Haro

AUTORÍA DEL TRABAJO DE TITULACIÓN

Los criterios emitidos en el Artículo de Revisión “**COVID-19: Principales variantes genéticas**” como también los contenidos, ideas, análisis, conclusiones, son de autoría y exclusiva responsabilidad de la compareciente, los fundamentos de la investigación se han realizado en base a recopilación bibliográfica y antecedentes investigativos

Ambato, junio del 2023

EL AUTOR

.....

Jefferson Alexander Nuñez Medina

CESIÓN DE DERECHOS DE AUTOR

Yo, Alicia Monserrath Zabala Haro con CC: 0602897928 en calidad de autora y titular de los derechos morales y patrimoniales del trabajo de titulación “**COVID-19: Principales variantes genéticas**”, Autorizo a la Universidad Técnica de Ambato, para que haga de este Artículo de Revisión o parte de él, un documento disponible con fines netamente académicos para su lectura, consulta y procesos de investigación.

Cedo una licencia gratuita e intransferible, así como los derechos patrimoniales de mi Artículo de Revisión a favor de la Universidad Técnica de Ambato con fines de difusión pública; y se realice su publicación en el repositorio Institucional de conformidad a lo dispuesto en el Art. 144 de la Ley Orgánica de Educación Superior, siempre y cuando no suponga una ganancia económica y se realice respetando mis derechos de autora, sirviendo como instrumento legal este documento como fe de mi completo consentimiento.

Ambato, junio del 2023

.....

Md. Mg Alicia Monserrath Zabala Haro
CC: 0602897928

CESIÓN DE DERECHOS DE AUTOR

Yo, Jefferson Alexander Nuñez Medina con CC: 1804788279 en calidad de autor y titular de los derechos morales y patrimoniales del trabajo de titulación “**COVID-19: Principales variantes genéticas**”, Autorizo a la Universidad Técnica de Ambato, para que haga de este Artículo de Revisión o parte de él, un documento disponible con fines netamente académicos para su lectura, consulta y procesos de investigación.

Cedo una licencia gratuita e intransferible, así como los derechos patrimoniales de mi Artículo de Revisión a favor de la Universidad Técnica de Ambato con fines de difusión pública; y se realice su publicación en el repositorio Institucional de conformidad a lo dispuesto en el Art. 144 de la Ley Orgánica de Educación Superior, siempre y cuando no suponga una ganancia económica y se realice respetando mis derechos de autora, sirviendo como instrumento legal este documento como fe de mi completo consentimiento.

Ambato, Junio del 2023

.....
Jefferson Alexander Nuñez Medina

CC: 1804788279

APROBACIÓN DEL TRIBUNAL EXAMINADOR

Los miembros del Tribunal Examinador, aprueban en el informe del Artículo científico: “**COVID-19: Principales variantes genéticas**” del estudiante Jefferson Alexander Nuñez Medina, estudiante de la Carrera de Medicina

Ambato, junio del 2023

Parar su constancia firma

.....

Presidente

.....

1er Vocal

.....

2 do Vocal



06-02-2023

Ciencia Latina Revista Científica Multidisciplinar

ISSN 2707-2207 / ISSN 2707-2215 (en línea)

Asociación Latinoamérica para el Avance de las Ciencias, ALAC

Editorial

Ciudad de México, México

Código postal 06000

CERTIFICADO DE APROBACIÓN PARA PUBLICACIÓN

Por la presente se certifica que el artículo titulado:

COVID-19: PRINCIPALES VARIANTES GENÉTICAS

de los autores:

Jefferson Alexander Nuñez Medina y Alicia Zabala-Haro

Ha sido

Arbitrado por pares Académicos mediante el sistema doble ciego y aprobado para su publicación.

El artículo será publicado en la edición enero-febrero, 2023, Volumen 7, Número 1. Verificable en nuestra plataforma: <http://ciencialatina.org/>

Dr. Francisco Hernández García,
Editor en Jefe

Para consultas puede contactar directamente al editor de la revista editor@ciencialatina.org
o al correo: postulaciones@ciencialatina.org



DEDICATORIA

Dedico mi tesis principalmente a Dios, por darme la fuerza necesaria para culminar esta meta.

A mis padres, por todo su amor y por motivarme a seguir hacia adelante.

También a mis hermanos, por brindarme su apoyo moral en esas noches que tocaba investigar.

Y, finalmente, a los que no creyeron en mí, con su actitud lograron que tomará más impulso.

AGRADECIMIENTO

El presente trabajo investigativo lo dedico principalmente a Dios, por ser el inspirador y darnos fuerza para continuar en este proceso de obtener uno de los anhelos más deseados.

A mis padres, por su amor, trabajo y sacrificio en todos estos años, gracias a ustedes hemos logrado llegar hasta aquí y convertirnos en lo que somos. Ha sido el orgullo y el privilegio de ser su hijo, son los mejores padres.

RESUMEN

La infección por SARS-CoV-2 constituye una patología de afección respiratoria que es transmitida por aerosoles contagiosos entre personas cuando se realizan acciones como toser, estornudar o llevar las manos contagiadas hacia la boca, nariz u ojos. El virus en cuestión se originó en Wuhan, China, por zoonosis a partir del murciélago. En enero del 2020 se logró realizar la secuencia del genoma vírico y debido a su rápida diseminación, la Organización Mundial de la Salud lo declaró pandemia en marzo del 2020. El presente artículo analiza la estructura del virus, así como sus variantes genéticas identificadas hasta la actualidad y distribución geográfica de los casos positivos para la infección en América Latina en el 2022. Del mismo modo, se estudia la epidemiología correspondiente a Ecuador y Latinoamérica, y la interacción que existe entre las distintas variantes del virus y las vacunas desarrolladas para el control de la infección y/o propagación.

PALABRAS CLAVE: SARS-Cov-2; Variantes; Vacunas; Epidemiología

ABSTRACT

SARS-CoV-2 infection constitutes a respiratory disease pathology that is transmitted by contagious aerosols between people when actions such as coughing, sneezing or bringing infected hands to the mouth, nose or eyes are carried out. The virus in question originated in Wuhan, China, by zoonosis from the bat. In January 2020, the sequence of the viral genome was achieved and due to its rapid dissemination, the World Health Organization declared it a pandemic in March 2020. This article analyzes the structure of the virus, as well as its genetic variants identified until the Current status and geographic distribution of positive cases for infection in Latin America in 2022. In the same way, the epidemiology corresponding to Ecuador and Latin America is studied, and the interaction that exists between the different variants of the virus and the vaccines developed for control. of infection and/or spread.

Keywords: SARS-Cov-2; Variants; Vaccines; Epidemiolog

INTRODUCCIÓN

El SARS-CoV-2 es una enfermedad respiratoria que se transmite por gotitas de persona a persona cuando tose, estornuda, habla o toca una superficie infectada y se lleva las manos a la boca, nariz u ojos, si no se trata las personas tienen probabilidad de muerte. Tiene su origen a finales del 2019 en Wuhan-China, al parecer el virus es zoonótico fue provisto que viene del murciélago con su hospedero intermedio en la población humana.

Los enfermos presentaban tos sin expectoración, fiebre, debilidad y a menudo síntomas gastrointestinales. En enero del 2020 se pudo secuenciar el genoma del causante y en febrero fue clasificado como el virus del SARS-CoV-2. Debido a su rápida diseminación alrededor del mundo, la OMS lo declaró pandemia en marzo del 2020, por lo que varios países tomaron medidas declarando cuarentena.

MARCO TEÓRICO

Antecedentes investigativos

Coronavirus, es el término utilizado para definir conjunto de virus que son capaces de producir infecciones en animales, y específicamente, en el humano, causar infecciones respiratorias en diversos grados, en 2019 surgió en Wuhan (China) reportes de cuadros neumónicos de origen desconocido que se caracterizaba por fiebre, tos. En casos más complicados afectación del parénquima pulmonar y disnea. (1)

El 11 de febrero del 2020 el Comité Internacional de Taxonomía de Virus nombró al agente etiológico de esta enfermedad como COVID-19, poco tiempo antes la OMS la había declarado como emergencia sanitaria de interés internacional, a pesar de las acciones direccionadas a la detención de la propagación viral, esta se aceleró para finales de febrero y fue declarada pandemia finalmente el día 11 de marzo de 2020, actualmente el número de casos a nivel mundial asciende a más de 392 millones, con un conteo de muertes que superan los 5 millones, datos que sin duda convierten a la pandemia por COVID-19 como una de las más graves de los últimos tiempos, y la responsabilidad de gran parte de estas cifras apuntan sobre las mutaciones que ha sufrido en el transcurso del tiempo, ya que dichas mutaciones han sido capaces de aumentar los índices de propagación e infección, así como mejorar una respuesta ante anticuerpos presentes en el hospedador adquirida por cualquier medio. (1-3)

Muestra de esto es la respuesta de la variante Beta ante una vacuna aprobada por organismos pertinentes, el resultado, fue el casi nulo efecto protector ante la enfermedad leve a moderada de dicha vacuna, además de esto la capacidad de los anticuerpos preexistentes se vio que resultó en el fracaso de terapias monoclonales que venían manejando como posibilidades terapéuticas, la variante alfa por su parte con sus mutaciones alcanzó índices de infectividad mucho mayores, algo similar a lo que sucedió con la variante gamma, que en comparación a cepas anteriores del virus tenía una relación de 1,7 a 2,6 veces más efectividad en sus mecanismos de transmisión.(2,4)

La variante Delta que es una de las variantes de preocupación actual junto con Ómicron tiene ha mostrado una infectividad 50% mayor que la variante alfa predominante, así mismo, se vio reducirlo el grado de efectividad las vacunas, relacionando su cuadro clínico con síntomas más graves, a pesar de esto, la vacunación ha hecho que la tasa de mortalidad de reduzca en gran medida. Actualmente ómicron o también conocida como variante B.1.1.529 es la variante que más mutaciones ha presentado hasta el momento, lo que la hace un agente etiológico perfecto para desencadenamiento de una cuarta ola de propagación de la enfermedad, ya que se ha visto que tiene una mayor facilidad en la transmisibilidad, aún hay un déficit relativo de información con respecto a las características de la variante ómicron en relación a la efectividad de las vacunas disponibles, e índices de morbimortalidad aunque a breves rasgos pareciese relacionarse con síntomas leves que no requieren soporte con oxígeno.(2,5,6)

Todo esto hace que todo el personal sanitario deba mantenerse actualizado en cuanto a las características de cada variante, desde su epidemiología hasta el cuadro clínico característico presentado por cada una de ellas, este trabajo de investigación pretende postularse como un medio facilitador de dicha información, sobre todo de aquellas que se presentan como variantes de preocupación, así mismo, busca ubicarse como punto de partida para el desarrollo de nuevos trabajos de revisión que nutran el conocimiento científico de nuestro personal y en consecuencia impacten positivamente en la calidad de la atención sanitaria en relación a cuadros de COVID-19.

OBJETIVOS

Objetivo general

- Describir las principales variantes genéticas de virus de COVID-19.

Objetivos específicos

- Analizar los datos epidemiológicos de las principales variantes genéticas del virus causante de COVID-19.
- Describir el cuadro clínico métodos de tratamiento utilizados en la infección de COVID-19 y establecer diferencias en los mismos.
- Realizar una revisión bibliográfica actualizada sobre el contexto de COVID-19 en el mundo reportando los resultados obtenidos hasta el momento de la efectividad de los programas de vacunación.

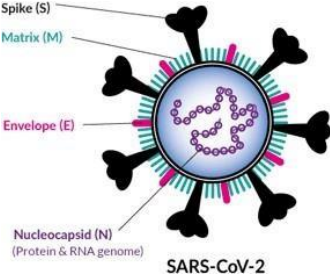
METODOLOGÍA

El presente artículo de revisión es de tipo descriptivo mediante una revisión narrativa, para el cual se realizó una recopilación de información actualizada de los últimos cinco años de fuentes como: artículos científicos de alto impacto y estudios científicos de tipo secundario en base de datos electrónicos como PubMed, Journal of Cellular Medicine and Natural Health, Scielo, UpToDate y Taylor tanto en español y en inglés. Se excluyen aquellos trabajos que no tengan una sustentación corroborable, trabajos incompletos o de difícil acceso y aquellos que no mostraban resultados concretos.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

GENÉTICA Y GENÓMICA DEL SARS-COV-2

Tabla 1.

SARS COV2		
El ARN del SARS Cov2 tiene polaridad positiva y está formado por una única cadena, es decir, es monocatenario		
En el extremo 5' se adosa un capuchón metilado (cap.) y en el extremo 3' una cola poliadenilada (poli-A)		
<ul style="list-style-type: none"> • <u>Se distribuye en 3 tercios</u> 	TERCIO 1: formado por ORF1a	Codifican la enzima replicasa viral que se encarga de la replicación del virus
	TERCIO 2: formado por ORF1b	
	TERCIO 3: formado por S, M, E, N	Su trabajo es codificar genes para las proteínas estructurales: Spike (S), Membrana (M), Envoltura (E), Nucleocápside (N) y para algunas proteínas accesorias: HE, 3 7 ^a
	<u>Proteína S:</u> es la encargada de fusionar y unir a la membrana celular del virus, es la estructura que puede llegar a variar más ya que tiene afinidad por receptores ECA2.	<u>Proteína M:</u> hace posible el transporte de nutrientes a través de la membrana, deja libre al virus y participa en la construcción de su envoltura.
	<u>Proteína E:</u> al igual que la proteína M ayuda a que el virus quede libre, y participa en su ensamblaje	<u>Proteína N:</u> esta proteína se une al material genético del virus y se encuentra formando la nucleocápside.

(Ordovas et al., 2021) (Pastrian-Soto, 2020) (Rodríguez Duque et al., 2022)

VARIANTES GENÉTICAS – LINAJES – PERFIL MOLECULAR

Tabla 2.

<i>VARIANT E</i>	<i>LINAJE</i>	<i>PERFIL MOLECULAR</i>
Variantes de preocupación		
Alpha	B.1.1.7	Las mutaciones se dan en el Gen S (N501Y), que altera la espícula con predominio en el receptor RBD, con afinidad por la unión de la espícula con la ECA, la mutación E484K es la responsable del inmunespace de las vacunas. En la proteína S se encuentran deleciones en las posiciones 69 y 70 que ayuda en la transmisibilidad, también afecta al Gen s(SGTF) enalmenos un RT-PCR evitando la respuestainmunológica en personas inmunocomprometidas.
Beta	B.1.351	Posee 12 mutaciones no sinónimas y una deleción, el77 % de esas mutaciones se localizan en la proteína S[L18F, D80A, D215G, LAL 242–244 del, R246I, K417N, E484K, N501Y, D614G, y A701V], también en proteínas virales ORF1a [K1655N], la envoltura (E) [P71L] y N [T205I]. Estas mutaciones se dan en los dominios NTD y RBD de la proteína S, evitando ser atacados por los anticuerpos es así como afectan la eficacia de las vacunas, con riesgo de una reinfección.
Gamma	P.1	Caracterizada por poseer mutaciones en la proteína Spike (muchas más que en la variante Beta) y generarresistencia a los anticuerpos neutralizantes obtenidos de manera naturalo artificial. Por lo tanto, se le asociaa una transmisión y propagación más rápida.
Delta	B.1.617.2	Este linaje sufre mutaciones en la proteína Spike y ensu dominio de unión al receptor, entre ellas: D111D, G142D, L452R, E484Q, D614G y P681R. Específicamente, esta variante como tal posee 10mutaciones en su proteína Spyke (19R, (G142D*), 156del, 157del, R158G, L452R, T478K, D614G, P681R, D950N). Consecuentemente, esta variante ha incrementado elescape a la neutralización por anticuerpos como anti-NTD y anti-RBD.
Ómicron	B.1.1.529	En la proteína Spike se halla 37 mutaciones, 26 son propias de la variante y las restantes comparten con lasvariantes α , β , γ las cuales otorgan una transmisión eficaz y evasión inmune. (69–70del, T95I, G142D/143–145del, K417N, T478K, N501Y, N655Y, N679K y P681H)
Variantes de interés		
Lambda	C.37	Presenta mutaciones en la proteína Skipe (del247/253) y cambios en L452Q, F490S y T859N. Debido a las mutaciones existen cambios en el fenotípico que conllevan un incremento en la infectividad, y evaden la acción de anticuerpos.
Mu	B.1.621	Se identifica por alteraciones en la proteína Spike, algunas de estas mutaciones están compartidas por otras variantes de preocupación y de interés. La variante Mu contiene significativas implicancias fenotípicas a nivel de infectividad y evasión inmune como N501Y, E484K y P681H
Eta	B.1.52	Sus mutaciones en la proteína Spike incluyen E484K,D614G, Q677H con gran importancia en la neutralización por anticuerpos y la transmisibilidad. No se conoce mucho a cerca de la capacidad de los anticuerpos monoclonales y el de sujetos vacunados para neutralizar esta variante.

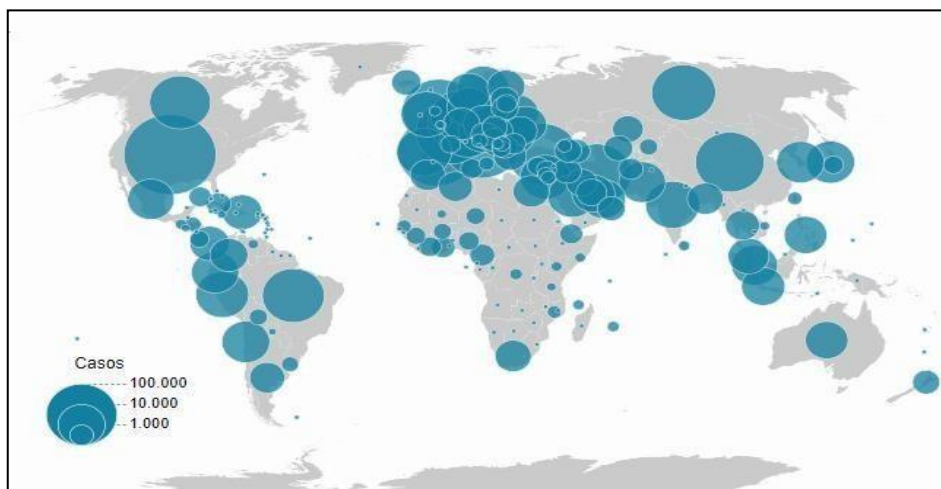
DISTRIBUCIÓN GEOGRÁFICA DE CASOS CONFIRMADOS DE COVID-19 EN AMÉRICA LATINA EN EL 2022

Tabla 3.

PAÍSES	CASOS
Panamá	981.822
Uruguay	981.186
Ecuador	997.791
Costa Rica	1.097.629
Bolivia	1.105.236
Guatemala	1.108.779
Perú	4.121.036
Chile	4.549.927
México	7.046.220
Colombia	6.304.317
Cuba	1.110.808
Argentina	9.689.861
Brasil	34.477.539

Nota. La tabla representa los países que han sido confirmados los casos de COVID (en miles) en América Latina en el año 2022. Adaptada (Johns Hopkins University, 2022)

Figura 1.
Propagación global del SARS COV-2

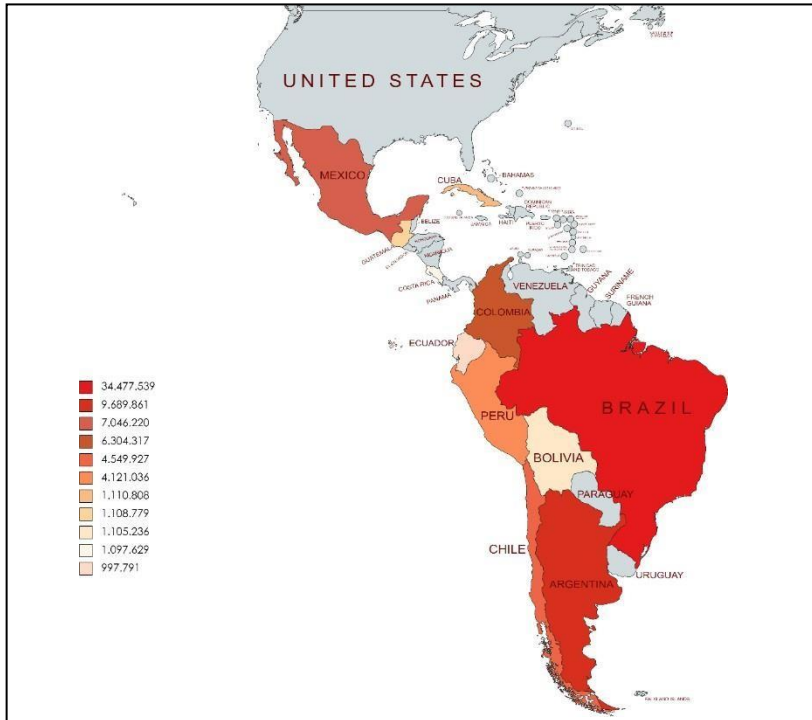


Nota. El grafico representa la propagación de SARS-COV-2 en el mundo

dependiendo de la cantidad de infectados (en miles). Tomada (Universidad Johns Hopkins y autoridades locales., 2020)

Figura 2

Distribución geográfica de COVID en América Latina



Nota. Gráfico que representa la distribución geográfica de los casos de COVID en América Latina (los colores fuertes representan mayor incidencia). Tomada (Johns Hopkins University, 2022)

REGISTRO EPIDEMIOLÓGICO

La OPS ha registrado los siguientes datos epidemiológicos del SARS-CoV-2 desde inicios de la pandemia en 2020 hasta final del 2022.

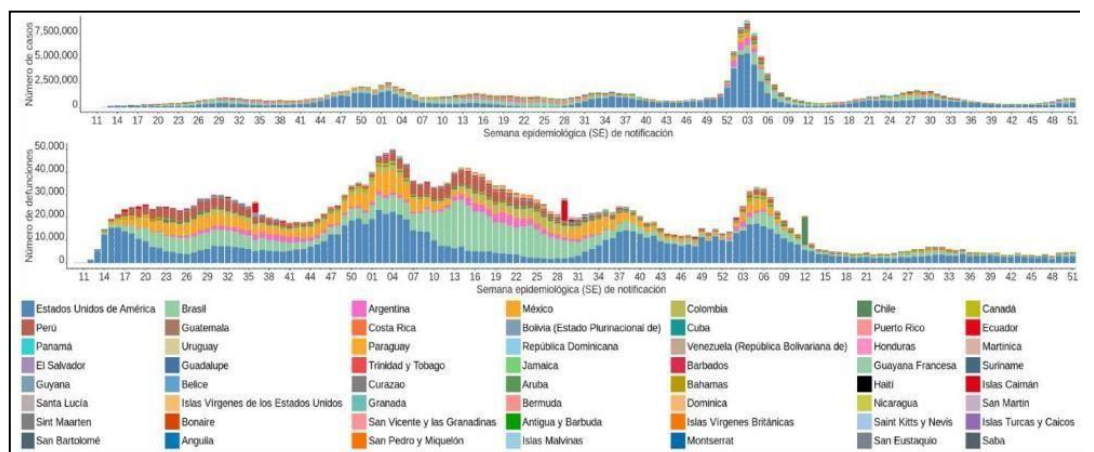
Tabla 4.*Datos epidemiológicos de la última semana del año 2022.*

Número total de casos a nivel global	650 millones
Defunciones a nivel global	6.6 millones
Nuevos casos en la última semana a nivel global	3.821.620
Nuevas muertes en la última semana a nivel global	10.737
Nuevos casos en América	1.022.218
Aumento relativo de los nuevos casos	17.9%
Defunciones en América	4.637
Aumento relativo de defunciones	2.5%
Aumento relativo de casos en América del Sur	49.6%
Aumento relativo de defunciones en América del Sur	55.0%

Tomada de Organización Panamericana de la Salud / Organización Mundial de la Salud

Figura 3.

Casos y defunciones por COVID-19 por semana epidemiológica (SE)



Nota. Incremento de casos y hospitalizaciones por COVID-19, 29 de diciembre de 2022, Washington, D.C. Tomada de Organización Panamericana de la Salud / Organización Mundial de la Salud.

VARIANTES E INTERACCIÓN CON LA VACUNA

Los virus tienen la capacidad de adaptarse rápidamente a las condiciones adversas generando variantes de importancia clínica debido al incremento de la virulencia, rapidez de la transmisión viral e ineficacia del sistema de salud ante la prevención, diagnóstico y tratamiento de la enfermedad. Por tal motivo, el desarrollo de las vacunas debe estar acompañado del estudio de las variantes genéticas que se puedan generar, ya que se ha evidenciado que ciertas vacunas pierden eficacia debido a mutaciones en el genoma de estas variantes.

La vacuna de Johnson & Johnson, es una vacuna de tipo vector viral, la cual se basa en la incorporación del adenovirus humano modificado (adenovirus 16) que contiene el gen que codifica la proteína de pico del material genético del virus SARS-Cov-2, permitiendo al sistema inmunológico (SI) responder y producir anticuerpos, sin que se genere infección puesto a que el adenovirus no es capaz de multiplicarse. (Pineda-Palacios et al., 2021). La eficacia in vitro/in vivo para evitar el desarrollo de la sintomatología frente a cada variante fue: Alfa (72%), Beta (85%), Gamma no se evidencia eficacia, Delta (67%). (Bedoya-Sommerkamp et al., 2021) Con respecto a la vacuna Novavax, su mecanismo de producción se basa en el uso

de nanopartículas que cumplen una función celular del virus ya que en su interior contienen la proteína viral que será inoculada. Con respecto a su eficacia, se menciona que frente a la variante alfa tiene un 90.4% de efectividad, en la variante beta existe un 49.4% y en gamma y delta carecen de un efecto protector. (Albújar Á, Vera et al., 2021)

La vacuna de Moderna es una vacuna de tipo ARNm, donde el fundamento de esta es introducir un ARNm genéticamente modificado (ARNm-1273) el cual proporciona información a las células (sin ingresar al núcleo de estas) para generar la proteína espiga (S) (encontradas dentro del virus SARS-CoV-2) estabilizada por medio de la sustitución de 2 prolinas (2P). Posteriormente células musculares inician la síntesis de dichas proteínas y las colocan en la superficie permitiendo el reconocimiento del SI, generando anticuerpos. (Wong Chew et al., 2021). La eficacia in vitro/in vivo para evitar el desarrollo de la sintomatología frente a la variante Delta fue del 67%, sin embargo, la disminución de la generación de Ac neutralizantes in vitro de la variante: Alfa (disminuye 1,8x), Beta (disminuye <= 8,6x), Gamma (disminuye 4,5x). (Bedoya-Sommerkamp et al., 2021)

La vacuna BNT162b2 de Pfizer–BioN Tech es una ARN mensajero desarrollado dentro del laboratorio. La vacuna contiene ARNm modificado con nucleósidos que da las instrucciones para codificar una proteína, la glicoproteína viral Spike (S) del SARS-CoV-2, pero inofensiva, para que despierte una respuesta inmunitaria contra el virus. Tras dos dosis de administración, esta vacuna tiene una efectividad del 75,0% contra la variante Beta (B.1.351), un 88% contra la variante Delta (B.1.617.2) y un 93% contra la variante Alfa (B.1.1.7). (World Health Organization, 2021)

La vacuna Sinovac es producida por el cultivo de virus en medios celulares y la inactivación del virus por medio de productos químicos. El virus normalmente utiliza proteínas pico para invadir las células del huésped, en esta vacuna, se utiliza ARN mensajero para generar anticuerpos en contra de estas proteínas de superficie. Sin embargo, la variante ómicron al poseer 36 mutaciones en las proteínas de superficie dificulta este mecanismo, de modo que se ha evidenciado la ineficacia de esta vacuna contra esta variante. (Dacosta et al., n.d)

La vacuna ChAdOx1 nCoV-19 o AZD1222 de AstraZeneca utiliza instrucciones genéticas para sintetizar una proteína de espiga del coronavirus, esta instrucción

genética es un ADN. Esta vacuna contiene un adenovirus de chimpancé (ChAdOx1), que dentro se le ha añadido el gen que codifica una proteína en espiga del coronavirus. La eficacia para evitar la hospitalización con la variante delta (B.1.617.2) fue del 71% con la primera dosis y 92% con la segunda dosis, con la variante alfa fue de 76% con la primera dosis y de 86% con la segunda y no se ha observado ningún efecto sobre la variante ómicron. (World Health Organization, 2021)

RIESGOS EPIDEMIOLÓGICO PROPAGACIÓN Y POSIBLES EFECTOS FUTUROS

La infección viral por SARS-COV-2 ha demostrado que el rango de edad de pacientes infectados, son entre 25 y 59 años, por lo cual, los hombres infectados responden al 59%, los cuales se encontraban asociados a enfermedades como: DM2, HTA, sobre peso, cáncer, enfermedades pulmonares y enfermedades cardiovasculares no específicas (Díaz-Castrillón & Toro-Montoya, 2020).

Asimismo, las personas con deficiencia inmunitaria se encuentran en el grupo de mayor riesgo, siendo más común personas con disfunción renal o hepática y mujeres embarazadas. Las mujeres infectadas tienden a padecer una sintomatología más elevada acompañada de manifestaciones clínicas variables por mayor tiempo, a pesar de que la inclinación de la infección es por los hombres (Lino Banque et al, 2022).

El virus SARS-CoV-2 tiene una propagación de persona a persona por diferentes formas, y actualmente se considera pandemia mundial por su fácil transmisión, pues la misma puede infectar a todas las personas sin importar su edad, ocasionando miles de muertos. Su principal forma de contagio son las “gotículas respiratorias” (Díaz-Castrillón & Toro-Montoya, 2020).

En el 2022 el Ecuador presenta una tasa de infectados por COVID-19 de 13.15 por cada 100000 habitantes, y una letalidad de 3.4% acercándose al promedio mundial de 4.8%. En este mismo año los casos confirmados por COVID-19 fue de 843.760 ubicando a Ecuador decimo en América Latina, siendo Brasil primero y Argentina segundo con los mayores números de casos confirmados. Por otro lado, en Europa los países con mayor prevalencia de casos confirmados son Francia y España con el 90% (Mera Indio, Zambrano Napa, and Castro Jalca., 2022)

La enfermedad es causada por el virus SARS CoV 2, que se transmite de persona a persona de varias maneras diferentes. El virus puede propagarse por pequeñas partículas expulsadas por una persona infectada a través de la boca o la nariz cuando tose, estornuda, habla, canta o respira. Las partículas vienen en diferentes tamaños, desde gotas respiratorias más grandes o gotículas incluso gotas más pequeñas o aerosoles. Los datos actualmente disponibles sugieren que el virus se transmite principalmente entre personas que están en contacto cercano, dentro de dos metros. Una persona puede infectarse con al inhalar gotitas de aerosol que contienen virus o al ingresar directamente a través de los ojos, la nariz o la boca. El virus también se puede propagar en espacios indebidamente ventilados o llenos de gente (Organización Mundial de la Salud, 2022).

Considerando la futura aparición de variantes del SARS-Cov2, se denota que el efecto de estas variantes debido a factores como la producción y avance a nivel de vacunas será menos invasivo en las futuras generaciones. Además, se disminuirá la estigmatización social presentada hacia población contagiada, brindando así cuidado más humanizado. De igual manera ante el cuidado y el avance médico - tecnológico la utilización de cubrebocas, adecuada higiene y medidas de precaución se podrá aseverar la protección de personas vulnerables (Montesinos, 2022).

Además, en el futuro el SARS-Cov2, tendría un alto grado de afección sobre la salud mental, esta afectación al SNC se conoce como infección directa (Directa por el virus) o una infección indirecta (Respuesta inmune, etc.). A estas infecciones se suma el estrés físico y psicológico, que durante la pandemia se consideró como un estresor o trauma no solo para la población en general, sino también para los profesionales de la salud, lo que aumento la preocupación, la ansiedad, depresión entre otras de que llegara a suceder o como terminara. (Rodríguez-Quiroga y otros, 2020)

CONCLUSIONES

El SARS-CoV-2 es un virus perteneciente a la familia de los coronavirus, se identificó por primera vez en el año 2019, se demostró que el contagio se da de humano a humano a través de gotitas respiratorias cuando la persona infectada tose, estornuda, habla. También se puede infectar al topar alguna superficie con el virus y se lleva las manos a la nariz, ojos y boca. Los principales síntomas son a nivel del sistema respiratorio los cuales puede agravarse y los pacientes llegan a necesitar oxígeno y precisan cuidados intensivos.

El virus del síndrome respiratorio agudo severo tipo-2 (SARS-CoV-2) origino la última pandemia que la humanidad atravesó con una incubación promedio de 5 a 14 días. Este virus tiene una forma esférica con un genoma constituido de ARN de cadena sencilla, contiene una cápside compuesta por la nucleocápside en donde se encuentra la proteína N responsable de su replicación.

La creación, estudio, prueba y comercialización de vacunas ha resultado ser un verdadero salvavidas para las poblaciones a nivel mundial, puesto a que han dado un pare a la pausa global que ocasionó la pandemia, las mismas día a día se encuentran en constante análisis y cambio con el objetivo de tener menos impacto con sus diversos efectos secundarios en los habitantes.

Cada día se realizan nuevos hallazgos a cerca del virus (SARS-CoV-2) como son; nuevos casos, epidemiología de los mismos y las variantes, de las últimas se investiga tanto su período de incubación, sintomatologías y tratamiento, esto debido a que cada una presenta características diferentes y provoca efectos que pueden llegar a ser tanto más rápidos como también duraderos en las personas infectadas, así mismo, algunas pueden llegar a ser más peligrosas que la variante original, así se ha conseguido mantener al virus controlado y de esta manera continuar llevando una vida normal.

LISTA DE REFERENCIAS

- Albújar , Á., Vera, G. P, Bedoya-Sommerkamp, M., Medina-Ranilla, J., Chau-Rodríguez, V., Li-Soldevilla, R., Vera-Albújar, Á., & Cirujano, M. (2021). Variantes del SARS-CoV-2: epidemiología, fisiopatología y la importancia de las vacunas. *Revista Peruana de Medicina Experimental y Salud Pública*, 38(3), 442-451.
<https://doi.org/https://doi.org/10.17843/rpmesp.2021.383.8734>
- Bedoya-Sommerkamp, M., Medina-Ranilla, J., Chau-Rodríguez, V., Li-Soldevilla, R., Vera-Albújar, Á., & J. García, P. (2021). Sars-cov-2 variants : Epidemiology, pathophysiology and the importance of vaccines. . *Revista Peruana de Medicina Experimental y Salud Pública*, 38(3), 442-451.
<https://doi.org/https://doi.org/10.17843/RPMESP.2021.383.8734>
- Dacosta, A., Rivero., Gómez, J., & Martinón, F. (n.d). *Vacunas frente al SARS-CoV-2: actualización práctica*.
- Díaz-Castrillón, F. J., & Toro-Montoya, A. I. (2020). "SARS-CoV-2/COVID-19: el virus, La Enfermedad y La Pandemia". *Medicina y Laboratorio*, 24(3), 183-205. <https://doi.org/https://doi.org/10.36384/01232576.268>
- Johns Hopkins University. (Septiembre de 2022). *Statista [imagen]*. Statista: <https://es.statista.com/estadisticas/1105121/numero-casos-covid-19-america-latina-caribe-pais/>
- Lino Banque, D. B., Véliz Castro, T. I., Quiroz Villafuerte, K., & Melchán Villafuerte, V. (2022). Factores de Riesgo y Secuelas En Pacientes Adultos Con Antecedentes de Infección Por SARS-CoV-2. *Polo Del Conocimiento* , VII(9), 1801-1825. <https://doi.org/10.23857/pc.v7i9.4663>

- Mera Indio, A. V. (2022). "Prevalence and Risk Factor of Coronavirus Infection Covid-19): Update of Cases between the Years 2021-2022. Prevalencia y Factores de Riesgos de La Infección Po Coronavirus (Covid- 19): Actualización de Casos Entre Los Años 2021-2022. *Journal Scientific*, 6(3), 928-49. <https://doi.org/https://doi.org/10.56048/MQR20225.6.3.2022.928-949>.
- Montesinos, E. V. (2022). Covid-19: Vacunación y el futuro de la pandemia, una visión desde la Salud Pública. *Revista Médica Herediana* , XXXIII(1). <https://doi.org/https://doi.org/10.20453/rmh.v33i1.4162>
- Ordovas, J., García, R., & López, B. (2021). *Informe Del GTM Sobre Variantes Del SARS-CoV-2 e Implicaciones En Los Programas de Vacunación Global Frente a COVID-19*. Repositorio Institucional CSIC 26.
- Organización Mundial de la Salud . (30 de Abril de 2022). *Preguntas y respuestas sobre la transmisión de la COVID-19* . <https://www.who.int/es/news-room/questions-and-answers/item/coronavirus-disease-covid-19-how-is-it-transmitted>
- Pastrian-Soto, G. (2020). Bases Genéticas y Moleculares Del COVID-19 (SARS-CoV-2). Mecanismos de Patogénesis y de Respuesta Inmune. *International Journal of Odontostomatology* , XIV(3), 331-337. <https://doi.org/10.4067/s0718-381x202000030033>
- Pineda-Palacios, W., Rivas-Astudillo, J. A., Saraguro-León, G. A., Solano-Espinoza, J. A., Valdivieso-Tocto, N. K., & Álvarez-Álvarez, D. P. (2021). Vacuna Johnson & Johnson contra COVID-19: distribución mundial de la vacuna, mecanismo de acción, indicaciones, contraindicaciones y efectos secundarios. Una revisión bibliográfica. *Revista de La Asociación Dental Mexicana*, 78(5),

275-279. <https://doi.org/https://dx.doi.org/10.35366/102035>

Rodríguez Duque, R., Rodríguez Moldón, Y., & Díaz Armas, M. T. (2022). Genes humanos asociados a la infección por el SARS-CoV-2. *Gaceta Médica Espirituana*, XXIV(1), 102-119.

https://doi.org/http://scielo.sld.cu/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1608-89212022000100102&lng=es&tlng=es

Rodríguez-Quiroga, A., Buiza, C., Álvarez de Mon, M., & Quintero, J. (2020). COVID-19 y salud mental . *Medicine*, 13(23), 1285.

<https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.med.2020.12.010>

Universidad Johns Hopkins y autoridades locales. (1 de marzo de 2020).

Propagacion global de SARS-COV-2 [imagen]. BBC News Mundo:
<https://www.bbc.com/mundo/noticias-51693616>

Wong Chew, R. M., Díaz Ramírez, J. B., Bautista Carbajal, P., García León, M. L., Ángel Ambrocio, A. H., Vite Velázquez, X., Cortázar Maldonado, L. A., Valadez González, Y., Vásquez Martínez, L. M., Vásquez Martínez, L. M., Gutiérrez Bautista, D., Chávez Aguilar, J. E., Cruz Salgado, A. X., Vilchis, H. J., Mosqueda Martínez, E. E., Morales Fernández, J. A., Ramírez Velázquez, I. O., Perón Medina, L. Á., & García Osorno, Z. R. (2021). Vacunas contra la COVID-19. *Acta Médica Grupo Ángeles*, 19(3), 429-444.
<https://doi.org/https://dx.doi.org/10.35366/101742>

World Health Organization. (2021). *Recomendaciones provisionales para el uso de la vacuna ChAdOx1-S [recombinante] contra la COVID-19 (vacuna de AstraZeneca contra la COVID-19 AZD1222 Vaxzevria™, SII COVISHIELD™): orientación provisional, primera publicación: 10 de febrero de 2021, actua*. Organización Mundial de la Salud.