

## Efectividad de las Vacunas Ante el SARS-CoV-2 y sus Mutaciones

Jhonnier Villero Suarez\*

Curn Revista, Colombia

## Effectiveness of Vaccines Against SARS-CoV-2 and its Mutations

**Fecha de recepción:** January 08, 2021, **Fecha de aceptación:** February 12, 2021, **Fecha de publicación:** February 19, 2021

**\*Correspondencia:**

Jhonnier Villero Suarez

### Short Communication

En diciembre de 2019 se reportó en Wuhan, China, el primer caso de una neumonía de causa desconocida, los análisis iniciales revelaron que se trataba de un nuevo coronavirus, el cual fue nombrado SARS-CoV-2, que produce la enfermedad COVID-19 [1]. Actualmente son pocos los países del mundo que no han reportado casos de esta enfermedad, quien además ha presentado miles de mutaciones a lo largo de este tiempo, las cuales, aunque no han significado un mayor riesgo para la salud publica global, con la creación de las vacunas han puesto en duda la efectividad de las mismas, trayendo consigo gran temor a la población, además de generar abstención ante la vacunación [2].

El SARS-CoV-2 es un virus de ARN monocatenario de cadena positiva cuyo genoma codifica cuatro proteínas estructurales: espiga (S), proteína pequeña (E), matriz (M) y nucleocápside (N). La proteína S (spike), es una proteína de fusión, que forma trímeros en la superficie del virión, determina la infectividad del virus y su transmisibilidad en el hospedador. Se compone de dos subunidades, con S1 responsable de la unión al receptor y S2 de la fusión de membranas. Como esta proteína es el antígeno principal que induce respuestas inmunitarias protectoras y está conformada por 374 residuos de aminoácidos aproximadamente se espera que los cambios presentados en esta alteren la efectividad de las vacunas, pero estos cambios, como se reportan en la literatura, no superan los cuatro cambios en el antígeno S1, para otros antígenos como los del grupo Orf son aún mayores [3]. Ahora bien, si esos cambios se presentasen, por ejemplo, en una sola región del antígeno S1, teniendo en cuenta que al usar el antígeno completo, se espera que la vacuna induzca una respuesta humoral mediada por anticuerpos contra distintas

regiones antigénicas de S1 se tendrían dudas sobre su efectividad, pero, aunque los cambios o mutaciones de las nuevas cepas se presenten en la misma región de S1, no lograrían modificar toda la superficie antigénica de esta. Por eso, se sustenta que a pesar de las nuevas mutaciones no se espera que se modifique la protección de la vacuna [4].

Si la vacuna se basara solamente en una región de S1 y en ella existiesen mutaciones si sería de preocupación. Las mutaciones reportadas hasta el momento se asocian a más infección porque en parte modifican la afinidad de S1 por el receptor ACE2, pero hay que recordar que al haber más antígenos mutados como los del grupo Orf, aún no sabemos cómo impactan en favorecer la infección [5].

### Referencias

1. Huang C, Wang Y, Li X, Ren L, Zhao J, et al. (2020) Clinical features of patients infected with 2019 novel coronavirus in Wuhan, China. *Lancet* 395: 497–506.
2. World Health Organization (2020) Coronavirus disease (COVID19) situation report.
3. Li X, Geng M, Peng Y, Meng L, Lu S (2020) Molecular immune pathogenesis and diagnosis of COVID-19. *Journal of Pharmaceutical Analysis* 2020: 1-7.
4. Wang R, Hozumi Y, Yin C, Wei GW (2020) Mutations on COVID-19 diagnostic targets. *Genomics* 112: 5204-5213.
5. Guan WJ, Ni ZY, Hu Y, Liang W, Ou C, et al. (2020) Clinical characteristics of coronavirus disease 2019 in China. *New Engl J Med* 382: 1708-1720

✉ jvilleros10@curnvirtual.edu.co