

- [micos%20que%20llegan%20v%C3%ADa%20emergencia%20al%20Hospital%20Infantil%20Doctor%20Robert%20Reid%20Cab](#)
- Licona Rivera, T. S., Arita Chávez, J. R., Gámez Alvarado, J. M., Witty Norales, S. L., & Zúniga Valle, C. M. (2019). \*Prevalencia de anemia drepanocítica en dos comunidades de Omoa, Cortés durante el año 2017\*. Revista Científica de la Escuela Universitaria de las Ciencias de la Salud, 4(1), 1-8.
- Ministerio de Salud Pública. (2020). \*Protocolo Diagnóstico y Manejo de la Anemia Falciforme en Paciente Pediátrico\*.
- Reparaz, P., Serrano, I., Adan Pedroso, R., Astigarraga, I., De Pedro Olabarri, J., & Echanarria Barona, A., et al. (2021). \*Science Direct\*. Disponible en <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1695403321002599#bib0255>
- Rojas Martínez, A., Calderón, E., Vidal, M. A., García Hernández, R., & Torres, L. M. (2015). \*Scielo\*. Disponible en [http://scielo.isciii.es/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S1134-80462015000400004&lng=es](http://scielo.isciii.es/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1134-80462015000400004&lng=es)
- UNPHU. (2019). \*Factores de riesgo asociados a crisis dolorosa en pacientes falcémicos que llegan vía emergencia al Hospital Infantil Doctor Robert Reid Cabral\*. Repositorio UNPHU. Disponible en <https://repositorio.unphu.edu.do/bitstream/handle/123456789/1401/Factores%20de%20riesgo%20asociados%20a%20crisis%20dolorosa%20en%20pacientes%20falc%C3%A9mico>
- UNPHU. (2023). \*Repositorio UNPHU\*. Disponible en <https://repositorio.unphu.edu.do/handle/123456789/5166>
- Zabala, G., Castillo, G., Mejía, G., Bustillo, P., Fajardo, E., & Chinchilla, D., et al. (2014). \*Pesquisa\*. Disponible en <https://pesquisa.bvsalud.org/portal/resource/esSiqueira/biblio-981246>

Los autores del trabajo autorizan a la Universidad Internacional de Ciencia y Tecnología (UNICYT) a publicar este resumen en extenso en las Actas del Congreso IDI-UNICYT 2024 en Acceso Abierto (Open Access) en formato digital (PDF) e integrarlos en diversas plataformas online bajo la licencia CC: Attribution-NonCommercial-ShareAlike 4.0 International (CC BY-NC-SA 4.0) <https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/>.

La Universidad Internacional de Ciencia y Tecnología y los miembros del Comité Organizador del Congreso IDI-UNICYT 2024 no son responsables del contenido ni de las implicaciones de lo expresado en este artículo.

DOI: <https://doi.org/10.47300/actasidi-unicyt-2024-22>

# DIVERSIDAD GENÉTICA DEL SARS-COV-2 EN REPÚBLICA DOMINICANA Y JAMAICA: "ANÁLISIS DE LAS VARIANTES CIRCULANTES EN EL AÑO 2021"

**Castro Mata, Michelle**

Universidad Autónoma de Santo Domingo INSIS  
Distrito Nacional, Republica Dominicana  
100413543@est.uasd.edu.do

ORCID: <https://orcid.org/0009-0005-5562-1319>

**Ogando Montero, Andy Bienvenido**

Universidad Autónoma de Santo Domingo INSIS  
Distrito Nacional, Republica Dominicana  
Andyogandofj6468@gmail.com

ORCID: <https://orcid.org/0009-0009-7503-0021>

## RESUMEN

Esta es una investigación descriptiva, observacional, transversal de naturaleza mixta y alcance correlacional resalta la relevancia de vigilar la diversidad genética del virus con el fin de comprender de manera más profunda su diseminación y desarrollo en la región del Caribe tanto para entender el pasado como para prevenir en el futuro. Analizamos la presencia y distribución de diferentes variantes del virus SARS-CoV-2 en las islas a lo largo del año 2021. Se examinaron un conjunto de 472 genomas, en los cuales se detectaron un total de 19 variantes distintas. La diversidad genética fue mayor en Jamaica, con la presencia de 13 variantes, en comparación con las 11 variantes observadas en la República Dominicana. En la República Dominicana, la variante AY.43 fue la más prevalente, en contraste, en Jamaica predominó la variante AY.107. Se pudo observar que ciertas variantes, como AY.3 y AY.25.1, estuvieron en circulación en ambas naciones. El análisis filogenético identificó la existencia de variantes específicas organizadas por país. Los resultados del estudio revelan una correlación estadísticamente significativa entre ciertas variantes del virus y el aumento de casos y fallecimientos, destacándose la presencia de las variantes AY.100 y AY.3 en Jamaica y AY.103 en República Dominicana.

**Palabras clave:** Diversidad genética, filogenia, SARS-CoV-2, Región del Caribe.

## ABSTRACT

This is a descriptive, observational, cross-sectional study of a mixed nature with a correlational scope, highlighting the importance of monitoring the genetic diversity of the virus to understand its spread and development in the Caribbean region, both to understand the past and to prevent future occurrences. We analyzed the presence and distribution of different variants of the SARS-CoV-2 virus on the islands throughout 2021. A total of 472 genomes were examined, revealing 19 distinct variants. Genetic diversity was greater in Jamaica, with 13 variants, compared to 11 in the Dominican Republic. The AY.43 variant was most prevalent in the Dominican Republic, while AY.107 predominated in Jamaica. Variants such as AY.3 and AY.25.1 circulated in both countries. The phylogenetic analysis identified the existence of specific variants organized by country. The

study results show a statistically significant correlation between certain virus variants and increased cases and deaths, particularly AY.100 and AY.3 in Jamaica and AY.103 in the Dominican Republic.

**Keywords:** Caribbean region, Genetic diversity, phylogeny, SARS-CoV-2.

## 1. INTRODUCCIÓN

El año 2020 fue un momento decisivo en la historia moderna debido a la pandemia de COVID-19, que terminó con la vida de más de 5.45 millones de personas<sup>1</sup>. Las medidas de confinamiento y los esfuerzos globales de vacunación marcaron un periodo de cambios políticos, económicos y sociales permanentes<sup>2</sup>.

El SARS-CoV-2, causante de la COVID-19, es un virus de ARN policistrónico monocatenario positivo de la familia Coronaviridae<sup>3</sup>. Su genoma, de aproximadamente 30,000 bases, contiene seis marcos abiertos de lectura, con los ORF 1a y 1b codificando la replicación viral. La organización del genoma del SARS-CoV-2 se determinó en China<sup>5</sup>, donde se detectaron los primeros casos de COVID-19. La cepa WHCV, estudiada por Wu y colaboradores, presenta características típicas de los betacoronavirus y contiene 16 proteínas no estructurales predichas. Los genes de la espícula (S), ORF3a, envoltura (E), membrana (M) y nucleocápside (N) tienen longitudes específicas y allí destacan secuencias reguladoras de transcripción<sup>6</sup>. El SARS-CoV-2 tiene una transcripción discontinua que facilita la recombinación genética y la aparición de mutaciones adaptativas<sup>6,7</sup>. Para junio de 2024, se monitorean 11 mutaciones en la variante Omicron BA.2.86, sin que ninguna se clasifique como variante de preocupación<sup>8</sup>.

La pandemia de COVID-19 tuvo un profundo impacto en Latinoamérica y el Caribe, con una tasa de mortalidad más alta que en otras regiones<sup>9,10</sup>, según la Organización Mundial de la Salud y el CEPAL. La región poseía 32,1% del total de defunciones por COVID-19 reportadas en el mundo siendo que su población representa apenas 8,4% de la población mundial. La aparición y gravedad de las olas de infecciones variaron significativamente entre los países, debido a diferencias en la identificación y notificación de casos. Las Antillas Mayores, en particular, enfrentaron múltiples oleadas con características y desafíos únicos, reflejando la evolución y el impacto del virus en la región.

Diversos factores influyeron en la propagación de la pandemia, incluyendo la rápida evolución del virus hacia variantes más contagiosas<sup>6,7</sup> y las respuestas sociopolíticas, como medidas de distanciamiento social y uso de mascarillas. Este estudio busca caracterizar la diversidad genética del SARS-CoV-2 en República Dominicana y Jamaica, identificar las variantes más comunes y analizar su impacto en los índices de contagio y mortalidad durante 2021.

## 2. MARCO CONCEPTUAL

### SARS- CoV-2

#### a. Historia

El brote inicial del SARS-CoV-2, virus responsable de la pandemia de COVID-19, se detectó en diciembre de 2019 en la ciudad de Wuhan, China. Este virus pertenece a la familia de los coronavirus, un grupo de virus ARN conocidos por causar enfermedades respiratorias que van desde el resfriado común hasta enfermedades más severas como el síndrome respiratorio agudo severo (SARS) y el síndrome respiratorio de Oriente Medio (MERS) (Wu et al., 2020). La rápida diseminación del SARS-CoV-2 a nivel mundial llevó a la Organización Mundial de la Salud (OMS) a declarar una emergencia de salud pública de importancia internacional el 30 de enero de 2020 y, posteriormente, a reconocer la situación como una pandemia el 11 de marzo de 2020 (Zheng, 2020).

El estudio genético del virus, liderado por Wu et al. (2020), permitió secuenciar su genoma, lo que facilitó el desarrollo de pruebas diagnósticas, tratamientos y vacunas. La secuenciación mostró que el SARS-CoV-2 tiene una similitud genética significativa con los coronavirus presentes en murciélagos, sugiriendo un origen zoonótico. Desde el inicio de la pandemia, se

han implementado medidas globales como confinamientos, uso de mascarillas, distanciamiento social y el cierre de fronteras, lo cual ha tenido un impacto sin precedentes en la economía global, tal como analiza Orlowski (2020). Estos esfuerzos, junto con la rápida respuesta científica, han sido cruciales para mitigar la propagación del virus, aunque los desafíos persisten debido a la aparición de nuevas variantes y la desigualdad en la distribución de las vacunas.

#### b. COVID en el Caribe

El impacto de la pandemia de COVID-19 ha sido especialmente severo en la región del Caribe, exacerbando las desigualdades económicas y sociales que ya existían. La Comisión Económica para América Latina y el Caribe (CEPAL) y la Organización Panamericana de la Salud (OPS) han documentado cómo la pandemia ha afectado desproporcionadamente a las poblaciones más vulnerables, acentuando las disparidades en salud y acceso a servicios médicos (NU. CEPAL | OPS, 2021). Según Cruz Castanheira y Monteiro da Silva (2021), las tasas de mortalidad por COVID-19 en el Caribe muestran variaciones significativas según el nivel socioeconómico y el territorio, siendo las comunidades con menor acceso a recursos las más afectadas.

Las respuestas de los gobiernos caribeños incluyeron la implementación de medidas estrictas de control sanitario y campañas de vacunación masiva, que, sin embargo, se vieron limitadas por la disponibilidad de recursos y el acceso a vacunas. La dependencia económica del turismo también ha hecho que la región sea especialmente vulnerable a los impactos económicos de la pandemia, lo que ha complicado la capacidad de respuesta efectiva de muchos países. La prolongación de la crisis sanitaria ha generado efectos colaterales en el desarrollo social y económico de la región, evidenciando la necesidad de enfoques integrales para la recuperación post-pandemia (Cruz Castanheira & Monteiro da Silva, 2021; NU.CEPAL | OPS, 2021).

#### c. Infección

El SARS-CoV-2 infecta a los humanos principalmente a través de las vías respiratorias, usando la proteína espiga para unirse a los receptores ACE2 en las células huésped. Este proceso de infección es facilitado por la estructura del genoma del virus, como lo explican Kim et al. (2020) en su estudio sobre la arquitectura del transcriptoma del SARS-CoV-2. La capacidad del virus para evadir la respuesta inmune del cuerpo y su alta tasa de transmisión han contribuido a su rápida propagación global (Zheng, 2020).

#### d. Sintomatología

La sintomatología del COVID-19 varía ampliamente, desde casos asintomáticos hasta enfermedades graves que pueden llevar a la muerte. Los síntomas comunes incluyen fiebre, tos, y dificultad para respirar, mientras que los casos graves pueden desarrollarse en neumonía, síndrome de dificultad respiratoria aguda (SDRA) y fallo multiorgánico (Zheng, 2020). Las variantes del virus también han influido en la sintomatología, con algunas variantes mostrando síntomas más severos o mayor transmisibilidad, según lo reportado por el Centro Europeo para la Prevención y el Control de Enfermedades (ECDC) (European Centre for Disease Prevention and Control, 2024).

#### e. El COVID en nuestras células

Una vez que el SARS-CoV-2 ingresa en las células humanas, utiliza la maquinaria celular para replicarse y producir nuevas partículas virales. Este proceso incluye la traducción del ARN viral en proteínas virales, que luego se ensamblan en nuevas partículas de virus (Kim et al., 2020). Este proceso de infección celular es el que finalmente lleva a la destrucción de las células infectadas y a la diseminación del virus en el cuerpo (Kim et al., 2020; Zheng, 2020).

#### f. Enfermedad por COVID

La enfermedad causada por el SARS-CoV-2, conocida como COVID-19, ha demostrado ser altamente heterogénea en su presentación clínica. Mientras que algunas personas permanecen asintomáticas, otras desarrollan síntomas graves que requieren hospitalización (Wu et al., 2020). Los estudios sobre variantes específicas, como los sublinajes de la variante Delta en México, han mostrado cómo ciertas mutaciones pueden aumentar la virulencia y la capacidad de transmisión del virus (Viruses, 2024). Estos factores complican aún más la respuesta clínica al COVID-19, requiriendo adaptaciones continuas en las estrategias de tratamiento (Peacock et al., 2021).

#### g. Transformaciones del Virus

El SARS-CoV-2 ha experimentado numerosas mutaciones desde su aparición, dando lugar a variantes que han afectado significativamente la dinámica de la pandemia. Según Peacock et al. (2021), estas variantes han mostrado adaptaciones continuas que han permitido al virus evadir parcialmente la respuesta inmunitaria y aumentar su capacidad de transmisión. El seguimiento de estas variantes es crucial para la salud pública, ya que algunas, como la variante Delta, han desplazado a otras variantes en ciertas regiones del mundo debido a su mayor capacidad de transmisión (Virological, 2021). La vigilancia genómica y la rápida adaptación de las vacunas son esenciales para controlar la propagación de estas variantes y mitigar su impacto (Rambaut et al., 2020; Viruses, 2024).

### 3. MATERIALES Y MÉTODOS

Esta es una investigación descriptiva, observacional, transversal de naturaleza mixta y alcance correlacional.

#### a. Delimitación geográfica:

Se seleccionaron como regiones geográficas para este estudio los territorios de Jamaica y República Dominicana.

#### b. Indicadores epidemiológicos principales:

Designamos el número de casos totales, hospitalizaciones y defunciones desde el 01 de enero hasta el 31 de diciembre de 2021, como los principales indicadores epidemiológicos para obtener una visión integral del impacto de la pandemia en cada país. Los datos fueron obtenidos de la base de datos [COVID-19 Data](#) de la Organización Mundial de la Salud.

#### c. Bases de datos consultadas y criterios de selección de los genomas virales:

Se descargaron las secuencias de los genomas del SARS-CoV-2 en formato FASTA que están publicadas en la base de datos NCBI Virus ([NCBI Virus](#)).

La secuencia de referencia base para la comparación filogenética utilizada fue la variante de referencia Wuhan-Hu-1 cuya longitud es de 29,768 pb y su número de acceso en la base de datos NCBI GenBank es [NC\\_045512](#).

#### **Criterios de Inclusión:**

Primero: Utilizamos solo secuencias completas.

Segundo: Los genomas que fueron recolectados entre 01 Enero- 31 Diciembre 2021.

Tercero: Las secuencias son provenientes de República Dominicana y Jamaica.

#### **Criterios de exclusión:**

Primero: Las secuencias recolectadas fuera de nuestro rango de tiempo.

Segundo: Genomas con secuencias parciales.

Tercero: Secuencias provenientes de otros países.

Cuarto: Secuencias no circulantes durante nuestro rango de tiempo.

En total se obtuvieron 200 genomas completos provenientes de Jamaica y 272 de la República Dominicana.

d. Procesamiento de datos genómicos y epidemiológicos:

La alineación de los genomas se realizó en la plataforma NCBI utilizando la herramienta [BLAST](#), que encuentra regiones de similitud entre las secuencias. Luego, las etiquetas de los genomas alineados se simplificaron en Python 3.10 usando la librería Biopython.

**Análisis filogenético:** Seleccionamos uno de los meses con más diversidad genética en ambos países: noviembre; y se subieron las secuencias al portal [MAFFT](#) para generar una segunda alineación. A partir de esta alineación, construimos el árbol filogenético utilizando el algoritmo UPGMA. Posteriormente, el árbol filogenético se cargó en el portal [iTOL](#), donde se modificó para una mejor visualización.

**Análisis Epidemiológico:** Se procesaron utilizando Python 3.10 y librerías asociadas al análisis y visualización de datos como Matplotlib, NumPy y Pandas. Se calculó la frecuencia de cada variante por región en el período(1 Enero 2021- 31 Diciembre 2021).

**Alineación de datos genómicos y epidemiológicos:** utilizamos la fecha de recolección de las muestras genómicas y las agrupamos por mes, igual que los casos y defunciones acumulados. Finalmente, concatenamos todos los data frames en uno solo, tomando en cuenta las variables “mes” y “país”.

Una vez consolidados los datos genómicos y epidemiológicos en un mismo dataframe, se aplicó el test Shapiro-Wilk para determinar la normalidad de los datos. Después de verificar la normalidad, usamos el coeficiente de Spearman para calcular el índice de correlación entre la frecuencia de las variantes del SARS-CoV-2 y los casos totales de infectados y defunciones. El gráfico de dispersión de correlación y el mapa de calor de la frecuencia de las variantes se realizó en Python 3.10 con las librerías pandas, matplotlib y seaborn.

#### 4. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

##### Frecuencia de variantes del SARS-CoV-2 por mes y país.

De los 472 genomas estudiados, identificamos 19 variantes del SARS-CoV-2, las cuales son: AY.100, AY.103, AY.107, AY.118, AY.119, AY.119.2, AY.122, AY.25.1, AY.3, AY.4, AY.43, AY.44, AY.47, AY.75, B.1.575, B.1.617.2, B.1.637, C.37.1 y P.1, durante el período estudiado.

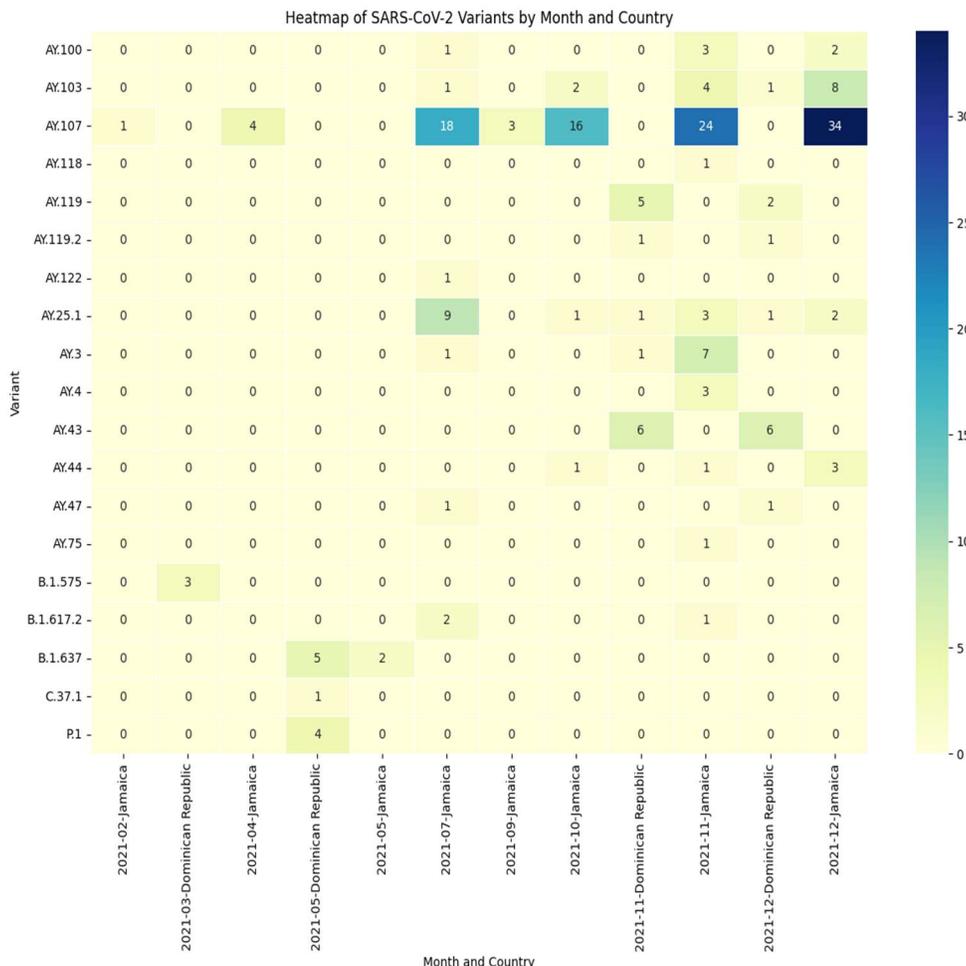
Jamaica mostró una mayor diversidad genética de SARS-CoV-2 en las muestras recolectadas en 2021, presentando un total de 13 variantes, mientras que la República Dominicana tuvo un total de 11.

La variante detectada con mayor frecuencia en la República Dominicana fue la AY.43, apareciendo en las muestras recolectadas durante los meses de noviembre y diciembre. En Jamaica, la variante AY.107 predominó en las muestras recolectadas en los meses de abril, julio, octubre, noviembre y diciembre, siendo especialmente alta en los últimos dos meses mencionados.

Respecto a las variantes que circularon simultáneamente en ambos países, se detectaron las siguientes: B.1.637 en mayo, AY.3 en noviembre, AY.25.1 en noviembre y diciembre, y AY.103 en diciembre.

El mes de diciembre fue el que presentó la mayor cantidad de variantes en las muestras de la República Dominicana con 6 variantes distintas, mientras que noviembre fue el mes con mayor diversidad de variantes en Jamaica siendo 10 el número de cepas únicas identificadas.

**Figura 1**  
Mapa de calor



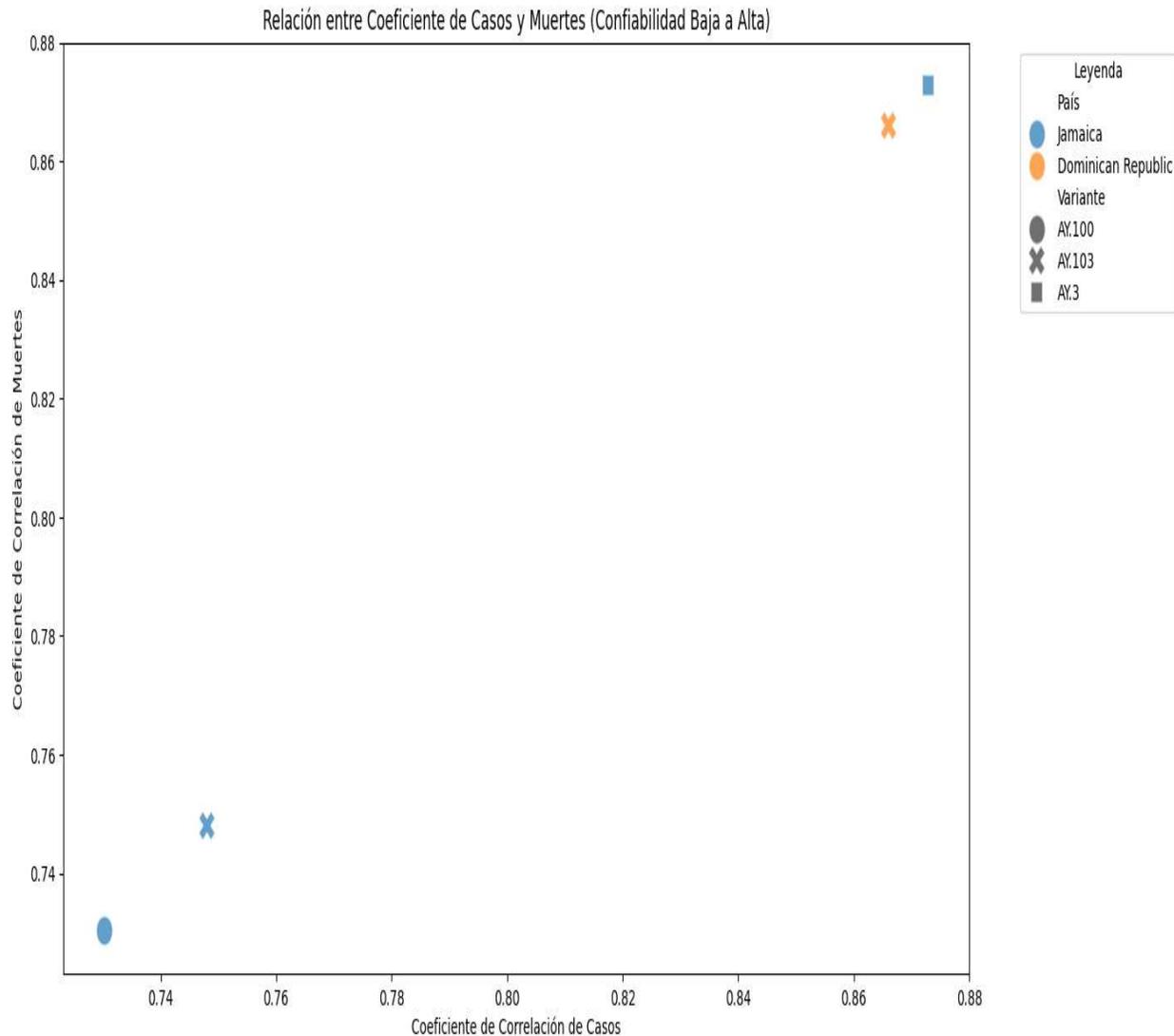
**Fuente:** Datos obtenidos de la base de datos NCBI Virus, analizados e interpretados por Michelle Castro.

### Interpretación árbol filogenético genomas SARS-CoV-2 en Jamaica y República Dominicana en el mes de noviembre del año 2021.

Se identificaron 9 clados principales compuestos por las siguientes variantes: AY.119 y AY.119.2 conforman el clado 1, AY.118 y AY.4 el clado 2, AY.3 el clado 3, AY.103 clado 4, AY.43 clado 5, AY.25.1 el clado 6, AY.107 el clado 7, AY.100 el clado 8 y el clado 9 compuesto por la variante AY.44. Los clados 3 y 6 son los que contienen secuencias tanto de República Dominicana como de Jamaica, siendo las variantes AY.3 y AY.25.1 las que circularon en ambos países durante el año 2021.

**En Jamaica,** se identificaron varias variantes agrupadas en distintos clados. El clado 7 (AY.107), que agrupa 27 secuencias, sugiere una transmisión local sostenida. El clado 4 (AY.103) también mostró variantes cercanas entre sí, indicando que esta variante se mantuvo en una población específica jamaicana. De manera similar, el clado 6 (AY.25.1) sugirió una introducción y transmisión más reciente en comparación con el resto siendo también esta variante identificada en la República Dominicana. El clado 2 (AY.4) y el clado 3 (AY.3) indicaron divergencias más





**Fuente:** Datos obtenidos de la base de datos NCBI Virus, analizados e interpretados por Michelle Castro.

## DISCUSIÓN

### a. Alcance del estudio y consideraciones:

No hubo un envío constante de secuencias durante el año 2021 a la plataforma NCBI por parte de ambos países, lo que limita la capacidad para obtener una visión completa y continua de la evolución y propagación de las variantes sin embargo los datos que obtuvimos permiten identificar patrones de transmisión local y posibles introducciones de nuevas variantes en los meses dónde hubo más envíos (noviembre y diciembre) en ambos países.

### b. Las variantes identificadas parecen seguir un patrón regional:

Las variantes de este estudio que poseen una correlación significativa y confiabilidad moderada a alta con los indicadores epidemiológicos (AY.103, AY.3 y AY.100) son sublinajes de la variante Delta<sup>12</sup>. Han sido identificadas también en secuencias provenientes de México<sup>13</sup> y se tiene evidencia de que en regiones como el Amazonas superaron, en términos de prevalencia relativa, a otras variantes de preocupación<sup>14</sup> durante el año 2021 lo que indica un patrón de circulación y prevalencia en las regiones centro y suramericanas.

## 5. CONCLUSIONES

Los datos genómicos y epidemiológicos obtenidos en este estudio muestran una correlación entre la presencia de las variantes AY.103, AY.100 y AY.3 del SARS-CoV-2 y los picos de contagio y defunciones en Jamaica y República Dominicana durante el año 2021. En Jamaica, la variante AY.103, AY.100 y AY.3 fueron identificadas en secuencias correspondientes a los meses de julio, octubre, noviembre y diciembre. Este período coincide con un significativo aumento en los casos y defunciones desde finales de julio hasta mediados de septiembre de 2021<sup>9,10</sup>, sugiriendo que la propagación de estas variantes pudo haber contribuido a dicho incremento.

En la República Dominicana, la variante AY.103 fue detectada en secuencias del mes de diciembre, coincidiendo con la cuarta ola de contagios en el país<sup>9,10</sup>. Este repunte de casos ocurrió antes de la llegada de la variante Ómicron, lo que indica que la variante AY.103 jugó un papel importante dinámica de la transmisión del virus durante ese período.

## REFERENCIAS

- WHO datadot [Internet]. [cited 2024 Jul 29]. COVID-19 deaths | WHO COVID-19 dashboard. Available from: <https://data.who.int/dashboards/covid19/cases>
- Orlowski LT. The 2020 Pandemic: Economic repercussions and policy responses. Wiley Online Library [Internet]. 2020 Oct 13 [cited 2024 Jun 17]; Available from: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.1002/rfe.1123>
- Zheng J. SARS-CoV-2: an Emerging Coronavirus that Causes a Global Threat. PMC PubMed Central [Internet]. 2020 Mar 15 [cited 2024 Jun 17]; Available from: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7098030/>
- Schoch CL, et al. NCBI Taxonomy: a comprehensive update on curation, resources and tools. Database (Oxford) [Internet]. 2020 [cited 2024 Jun 17]; Available from: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/Taxonomy/Browser/wwwtax.cgi?id=2697049>
- Wu F, Zhao S, Yu B, Chen YM, Wang W, Song ZG, et al. A new coronavirus associated with human respiratory disease in China. PMC PubMed Central [Internet]. 2020 Feb 3 [cited 2024 Jun 18]; Available from: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7094943/>
- Kim D, Lee JY, Yang JS, Jun WK, Kim VN, Chang H. The Architecture of SARS-CoV-2 Transcriptome. Cell Press [Internet]. 2020 May 14 [cited 2024 Jun 18]; Available from: [https://www.cell.com/cell/pdf/S0092-8674\(20\)30406-2.pdf](https://www.cell.com/cell/pdf/S0092-8674(20)30406-2.pdf)
- Peacock TP, Penrice-Randal R, Hiscox JA, Barclay WS. SARS-CoV-2 one year on: evidence for ongoing viral adaptation. Journal of General Virology - Microbiology Society [Internet]. 2021 Apr 15 [cited 2024 Jun 19]; Available from: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/jgv/10.1099/jgv.0.001584;jsessionid=sglG075FhkhA8YZcq58OP9cQrtFuBzlcwcpPk5SB.mbslive-10-240-10-94>
- European Centre for Disease Prevention and Control. Variants of concern. An Official website of the European Union | European Centre for Disease Prevention and Control [Internet]. [cited 2024 Jun 19]; Available from: <https://www.ecdc.europa.eu/en/covid-19/variants-concern>
- NU.CEPAL | OPS. The prolongation of the health crisis and its impact on health, the economy and social development. Repositorio Digital Cepal [Internet]. 2021 Oct 14 [cited 2024 Jun 20]; Available from: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7098030/>
- Cruz Castanheira H, Monteiro da Silva JH. Mortalidad por COVID-19 y las desigualdades por nivel socioeconómico y por territorio [Internet]. Comisión Económica para América Latina y el Caribe (CEPAL); 2021 [citado 2024 Jul 30]. Disponible en: <https://www.cepal.org/es/enfoques/mortalidad-covid-19-desigualdades-nivel-socioeconomico-territorio>

- WMA - The World Medical Association-Declaración de Helsinki de la AMM – Principios éticos para las investigaciones médicas en seres humanos [Internet]. [cited 2024 Jul 7]. Available from: <https://www.wma.net/es/policias-post/declaracion-de-helsinki-de-la-amm-principios-eticos-para-las-investigaciones-medicas-en-seres-humanos/>
- Rambaut A, Holmes EC, O'Toole Á, Hill V, McCrone JT, Ruis C, et al. A dynamic nomenclature proposal for SARS-CoV-2 lineages to assist genomic epidemiology. Nat Microbiol. 2020 Nov;5(11):1403–7.
- Viruses | Free Full-Text | Dominance of Three Sublineages of the SARS-CoV-2 Delta Variant in Mexico [Internet]. [cited 2024 Jul 29]. Available from: <https://www.mdpi.com/1999-4915/14/6/1165>
- Virological [Internet]. 2021 [cited 2024 Jul 29]. The SARS-CoV-2 variant Delta displaced the variants Gamma and Gamma plus in Amazonas, Brazil - SARS-CoV-2 coronavirus / nCoV-2019 Genomic Epidemiology. Available from: <https://virological.org/t/the-sars-cov-2-variant-delta-displaced-the-variants-gamma-and-gamma-plus-in-amazonas-brazil/765>

Los autores del trabajo autorizan a la Universidad Internacional de Ciencia y Tecnología (UNICYT) a publicar este resumen en extenso en las Actas del Congreso IDI-UNICYT 2024 en Acceso Abierto (Open Access) en formato digital (PDF) e integrarlos en diversas plataformas online bajo la licencia CC: Attribution-NonCommercial-ShareAlike 4.0 International (CC BY-NC-SA 4.0) <https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/>.

La Universidad Internacional de Ciencia y Tecnología y los miembros del Comité Organizador del Congreso IDI-UNICYT 2024 no son responsables del contenido ni de las implicaciones de lo expresado en este artículo.