

ANÁLISIS DE LA INFLUENCIA DE LAS VARIANTES DEL SARS-COV-2
SOBRE LA PRODUCTIVIDAD BIOMÉDICA MEDIANTE
MAPAS DE REDES BIBLIOMÉTRICAS

ACCEPTANCE AND ANALYSIS OF THE INFLUENCE OF SARS-COV-2 VARIANTS
ON BIOMEDICAL PRODUCTIVITY USING BIBLIOMETRIC NETWORK MAPS

Autor: Omar A. Dupuy Loo^{1,2,3,4}, Lorena I. González P.^{1,2,3,4,5,6}, Héctar De La Rosa²,
Melany Culiolo²

1 Instituto de Investigaciones en Biotecnología y Ciencias Biomédicas. Programa de Licenciatura en Biotecnología. 2 Escuela de Medicina. 3 Escuela de Tecnología Médica. 4 Escuela de Odontología. Facultad de Ciencias de la Salud. Universidad Latina de Panamá. 5 Facultad de Ciencias Médicas y de Salud. Universidad Americana. 6 Facultad de Ciencias de la Salud. Universidad Interamericana. Panamá. República de Panamá.

Correo de contacto: odupuy@med.ulatina.edu.pa
ORCID ID: <https://orcid.org/0000-0002-3880-339X>

Recibido: 29 de agosto de 2022

Aceptado: 10 de septiembre de 2022

Resumen

PALABRAS

CLAVE:

bibliometría, mapas de redes, metadatos bibliográficos, MEDLINE/PubMed, variantes del SARS-CoV-2.

La pandemia de COVID-19 impacta directa e indirectamente todas las actividades de la sociedad. El objetivo de este estudio es realizar un análisis de mapas bibliométricos de la influencia de las variantes del SARS-CoV-2 sobre la productividad científica en el campo biomédico. Metodología: Se realizó una búsqueda de los documentos publicados sobre las variantes del SARS-CoV-2 en la base MEDLINE/PubMed del 1 de enero de 2019 al 30 de junio de 2022. Las visualizaciones de los mapas de redes bibliométricas se realizaron con el programa VOSviewer. Se revisó la ocurrencia, cantidad de enlaces, fuerza total de enlace y los



Este artículo está bajo una licencia de Creative Commons Reconocimiento-NoComercial-CompartirIgual 4.0 Internacional.
<https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/deed.es>

conglomerados (“clusters”) generados por el programa. Los resultados muestran que la cantidad de documentos encontrados sobre las variantes omicron y delta es 1339 y 1741, respectivamente. Las publicaciones sobre la variante omicron presentan 156 ocurrencias, 81 enlaces y una fuerza total de enlace de 456. Los artículos de la variante delta sobresalen en su conglomerado con 258 ocurrencias, 124 enlaces y una fuerza total de enlace de 881. En 51 artículos se resalta la variante alpha, los que constituyen 35 enlaces y una fuerza total de enlace de 175. Diecinueve nombres de autores aparecieron en 15 o más documentos relacionados con las variantes del SARS-CoV-2 y 13 nombres de organizaciones aparecieron en 6 o más de dichos documentos. En conclusión, el análisis de mapas de redes bibliométricas refleja la influencia de las variantes del SARS-CoV-2 sobre la productividad científica en el campo biomédico y puede contribuir a la descripción de la evolución de problemas de salud pública como la pandemia de COVID-19.

KEY WORDS:

bibliometrics,
network maps,
bibliographic
metadata,
MEDLINE/PubMed,
SARS-CoV-2
variants.

Abstract

The COVID-19 pandemic directly and indirectly impacts all activities of society. The objective of this study is to carry out an analysis of bibliometric maps of the influence of SARS-CoV-2 variants on scientific productivity in the biomedical field.

Methodology: A search of the documents published on the SARS-CoV-2 variants was carried out in the MEDLINE/PubMed database from January 1, 2019 to June 30, 2022. The

visualizations of the bibliometric network maps were performed with the VOSviewer program. The occurrence, number of links, total link strength and clusters generated by the program were reviewed. The results show that the number of documents found on the omicron and delta variants is 1339 and 1741, respectively. The publications on the omicron variant present 156 occurrences, 81 links, and a total link strength of 456. Delta variant articles excel in their conglomerate with 258 occurrences, 124 links, and a total link strength of 881. In 51 articles the alpha variant is highlighted, which constitute 35 links and a total link strength of 175. Nineteen author names appeared in 15 or more documents related to SARS-CoV-2 variants and 13 organization names appeared in 6 or more such documents. In conclusion, the analysis of bibliometric network maps reflects the influence of SARS-CoV-

2 variants on scientific productivity in the biomedical field and can contribute to the description of the evolution of public health problems such as the COVID-19 pandemic.

Introducción

Los mapas bibliométricos o mapas de ciencia constituyen herramientas útiles para la organización y análisis de la información en diferentes áreas del conocimiento (Guzmán y Trujillo, 2013, Sampieri y Trejo, 2015). El 31 de diciembre de 2019, la “WHO China Country Office” fue informada de casos de neumonía de etiología desconocida detectados en la ciudad de Wuhan, Provincia de Hubei en China (World Health Organization [WHO], 2020a). La enfermedad por coronavirus de 2019 (COVID-19) causada por el SARS-CoV-2 (coronavirus de tipo 2 causante del síndrome respiratorio agudo severo), se extendió rápidamente por el mundo y en marzo de 2020, la Organización Mundial de la Salud (OMS) declaró formalmente la pandemia de COVID-19 (WHO, 2020b).

Hasta el 6 de marzo de 2023, 676,081,008 personas se contagiaron de COVID-19 a nivel mundial, de las cuales 6,877,696 fallecieron (Johns Hopkins University, 2023). Estos hechos han originado que gran parte de la actividad científica se enfoque al estudio de la COVID-19. Esta productividad se refleja en la enorme cantidad de artículos publicados sobre esta enfermedad y su agente etiológico. Por lo que se hace imprescindible el análisis bibliométrico de estos metadatos bibliográficos como una medida del estado del arte y del impacto que tiene el SARS-CoV-2 en la investigación biomédica.

En mayo de 2021, la OMS denominó las variantes del SARS-CoV-2 utilizando el alfabeto griego. Las variantes de este coronavirus y los países donde se detectaron por primera vez son: Alpha (Reino Unido), Beta (Sudáfrica), Gamma (Japón / Brasil), Delta (India), Epsilon (Estados Unidos), Eta (Reino Unido / Nigeria), Iota (Estados Unidos), Kappa (India), Zeta (Brasil), Mu (Colombia), Omicron (Sudáfrica). Entre las variantes bajo monitoreo (VBM, variant being monitored) están: Alpha, Beta, Gamma, Delta, Epsilon, Eta, Iota, Kappa, Zeta, Mu. Mientras que Omicron es la variante de preocupación (VOC, variant of concern) más reciente (Centers for Disease Control and Prevention [CDC], 2021, 2022).

Varios investigadores realizaron visualizaciones bibliométricas sobre la COVID-19 en campos especializados de la medicina como inmunología (Xia et al. 2022), neurología (Zhang et al. 2022a) y gastroenterología (Zyoud et al. 2022). Sin embargo, aún quedan aspectos que estudiar acerca de mapas bibliométricos que describan la influencia de problemas de Salud Pública sobre la productividad de la comunidad científica. El objetivo de este estudio es realizar un análisis bibliométrico sobre la influencia de las variantes del SARS-CoV-2 mediante la visualización de mapas de redes de productividad biomédica, ya que podría ser de utilidad en la búsqueda, selección y análisis de información para la detección de tópicos “calientes” y la toma de decisiones fundamentadas en la actividad científica.

Desarrollo

La actividad científica responde a las necesidades de la humanidad, por lo que la productividad científica biomédica representada por la publicación de artículos científicos puede reflejar la respuesta de la comunidad científica a la dinámica de la pandemia causada por el SARS-CoV-2. Estudios previos realizados por otros investigadores incluyen el análisis bibliométrico de COVID-19 y las respuestas inmunes, el cual muestra la evolución de los puntos críticos de investigación y brinda información útil para los estudios de seguimiento (Xia et al. 2022).

La base de publicaciones científicas MEDLINE/PubMed es ampliamente reconocida en el campo de la Biotecnología y Ciencias Biomédicas. Esta base de datos incluye publicaciones periódicas de revistas científicas indexadas y cuyos artículos son revisados por pares, lo que permite el análisis de estos metadatos para observar y describir las tendencias de la actividad científica biomédica durante la pandemia a medida que surgen nuevas variantes del SARS-CoV-2.

Metodología

Búsqueda de la Información

La búsqueda de las publicaciones fue realizada en el idioma inglés en la base de datos MEDLINE/PubMed. Los términos de búsqueda se limitaron al título y al resumen de las publicaciones y se utilizó el operador booleano AND. Las palabras de búsqueda fueron “SARS-CoV-2” AND “variant” AND el nombre (según la OMS) de la respectiva variante: “alpha”, “beta”, “gamma”, “delta”, “epsilon”, “eta”, “iota”, “kappa”, “mu”, “zeta”, “omicron”. La búsqueda se restringió al periodo del 01/01/2019 hasta el 30/06/2022.

Visualización de mapas bibliométricos

La visualización de los mapas de redes bibliométricas de cada una de las variantes del SARS-CoV-2 antes mencionadas fue realizada con el programa VOSviewer versión 1.6.17 (Leiden University, Leiden, The Netherlands) (van Eck y Waltman, 2010). Para esto, se realizaron visualizaciones de co-ocurrencia de palabras clave (de los autores) y co-autoría basadas en metadatos bibliográficos utilizando archivos descargados de MEDLINE/PubMed. Para cada una de las palabras clave de los autores, el programa determinó su ocurrencia, la cantidad de enlaces, la fuerza total de los enlaces de co-ocurrencia con otras palabras clave y las agrupó en conglomerados (“clusters”). Los mapas fueron generados por medio de VOSviewer con las palabras clave que mostraron la mayor fuerza total de los enlaces y se seleccionó la visualización que tuvo el conjunto más grande de palabras clave conectadas. Adicionalmente, se realizó un procedimiento similar para cada uno de los autores y de las organizaciones. En los resultados, sólo se presentan las visualizaciones de las redes bibliométricas de las cinco variantes del SARS-CoV-2 con más publicaciones.

Análisis de mapas bibliométricos con VOSviewer

En las visualizaciones de red (Network Visualization), cada círculo representó una palabra clave, autor u organización. El tamaño de los círculos se relacionó con la cantidad de



publicaciones en las que apareció cada palabra clave, autor u organización según el análisis del que se tratase, es decir, a mayor tamaño más publicaciones. La distancia entre dos círculos unidos por una línea reflejó la fuerza de enlace, o sea, a menor distancia mayor cantidad de publicaciones en las que aparecieron, a la vez, las dos palabras clave, autores u organizaciones según fuera el caso. Cada conglomerado constituyó un conjunto de nodos estrechamente relacionados que se representó del mismo color.

Además, se realizaron visualizaciones de superposición (Overlay Visualization) en la que los círculos amarillos correspondieron a las publicaciones más recientes mientras que los círculos azules y verdes representaron los documentos menos recientes.

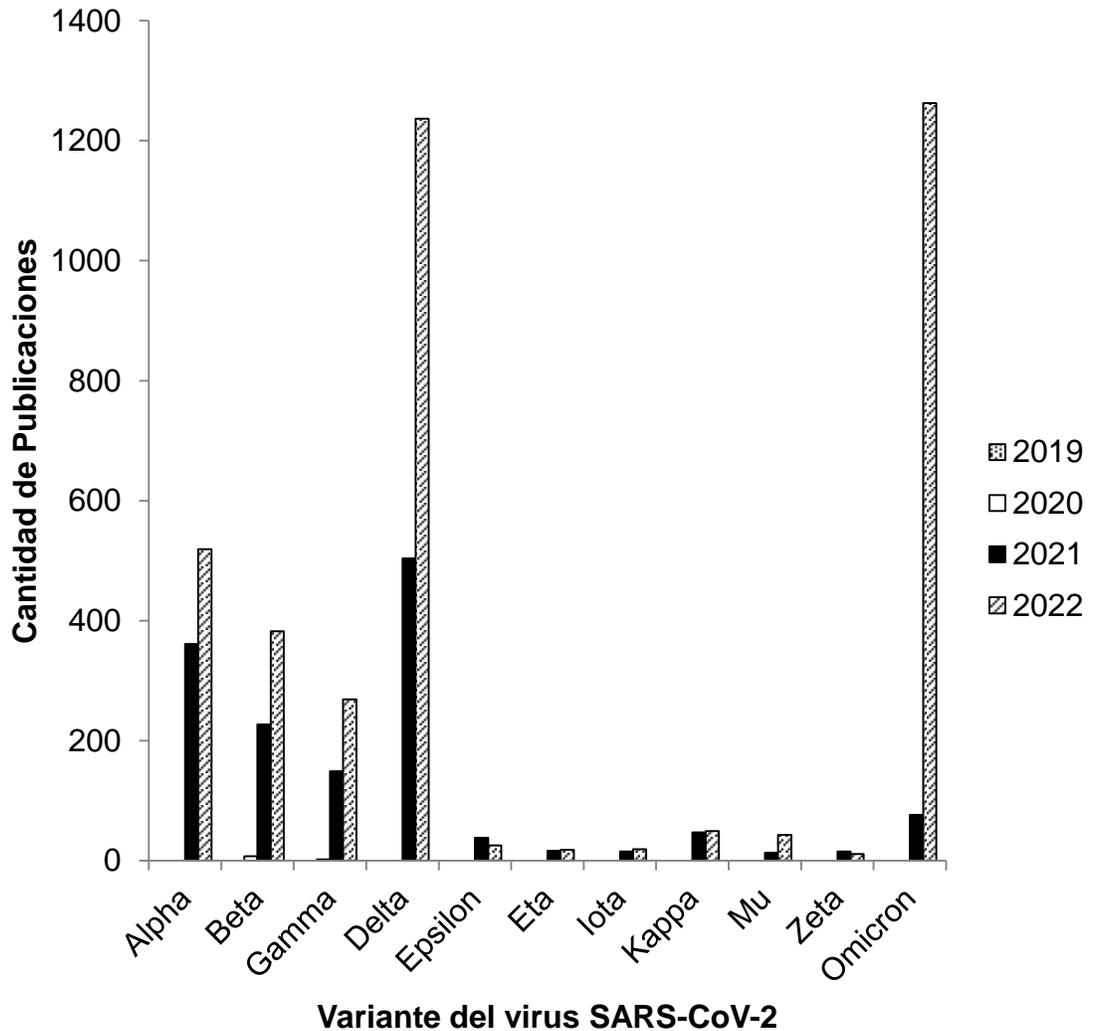
Resultados

Los resultados muestran que la cantidad de artículos publicados varía notablemente de una variante a otra del SARS-CoV-2 (Figura 1).



Figura 1

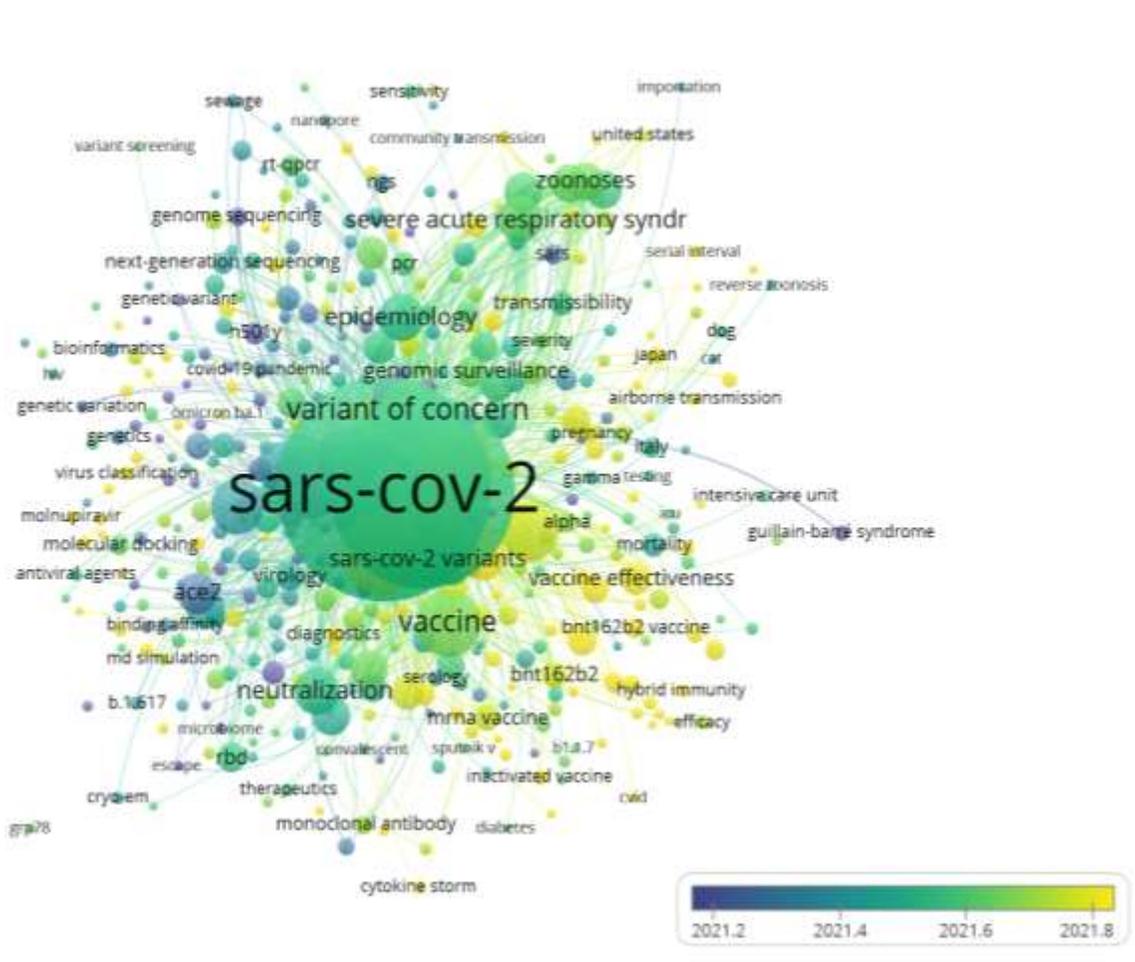
Producción científica relacionada con las variantes del SARS-CoV-2 del 01/01/2019 al 30/06/2022



Las palabras clave “SARS-CoV-2” y “COVID-19” son las de mayor ocurrencia entre los 4697 documentos y forman parte de los conglomerados “clusters” de mayor número de palabras clave. Las publicaciones sobre cada una de las variantes de este coronavirus empiezan a aparecer progresivamente en los metadatos estudiados. Adicionalmente, este análisis muestra que los documentos que destacan tópicos como coronavirus, ace2 y proteína “spike” se publican desde muy temprano en la pandemia (Figura 2).

Figura 2

Visualización de superposición



Nota. Visualización de superposición (Overlay Visualization) de la red de las palabras clave de las publicaciones relacionadas con las variantes del SARS-CoV-2 desde 01/01/2019 hasta el 30/06/2022. En esta visualización, los círculos amarillos corresponden a las publicaciones más recientes mientras que los círculos azules y verdes representan los documentos menos recientes. Ecuación de búsqueda: (SARS-CoV-2[Title/Abstract]) AND (variant[Title/Abstract]). Resultados obtenidos: 4697 documentos.

Diecinueve nombres de autores aparecieron en 15 o más documentos relacionados con las variantes del SARS-CoV-2 (Tabla I). Entre tanto, 13 nombres de organizaciones aparecieron en 6 o más de dichos documentos en el mismo período.

Tabla 1

Nombres de autores que aparecen en 15 o más publicaciones relacionadas con las variantes del SARS-CoV-

Nombre	Documentos	Fuerza Total de Enlace
Raoult, Didier	30	62
Colson, Philippe	28	61
Yuen, Kwok-Yung	23	29
Hoffmann, Markus	22	19
Yadav, Pragya D	21	0
To, Kelvin Kai-Wang	20	27
Levasseur, Anthony	19	47
Pöhlmann, Stefan	19	19
Shi, Pei-Yong	19	27
Diamond, Michael S	18	6
Fournier, Pierre-Edouard	18	50
Lu, Lu	18	20
Pekosz, Andrew	17	7
Dhama, Kuldeep	16	0
Giovanetti, Marta	16	0
Kawaoka, Yoshihiro	15	4
Liu, Yang	15	20
Mostafa, Heba H	15	7
Xie, Xuping	15	25

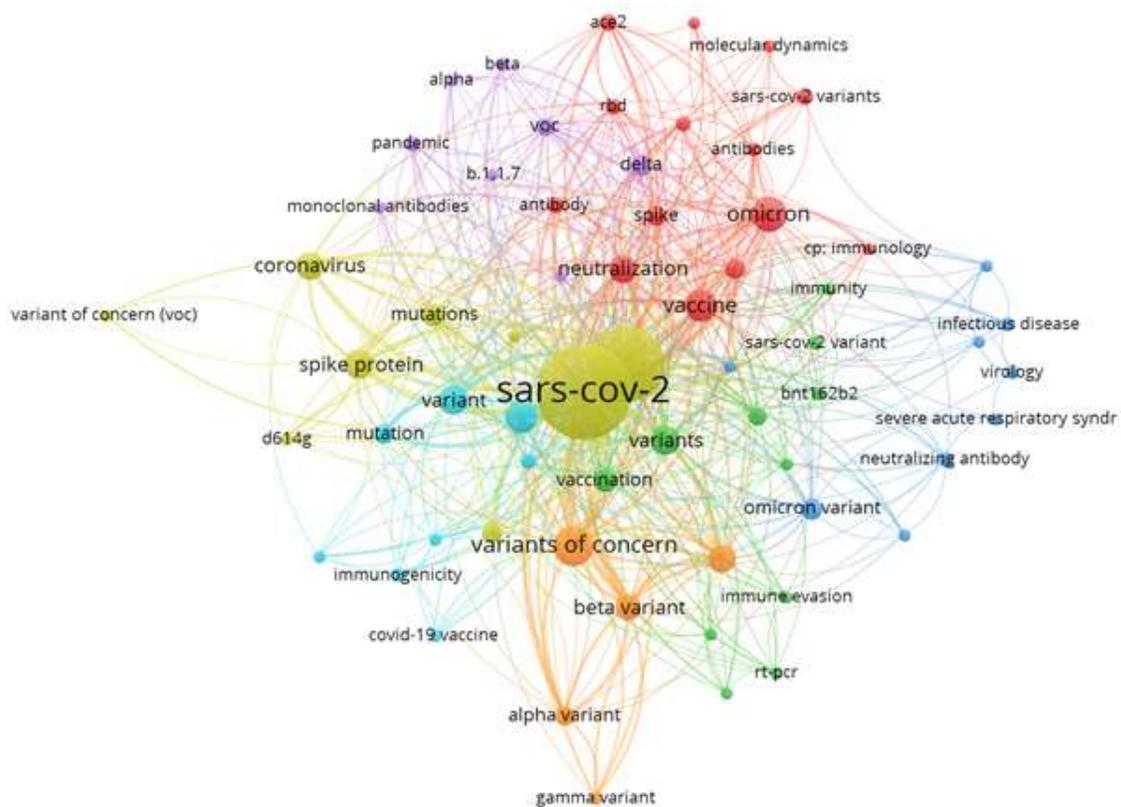
Nota. Nombres de autores que aparecen en 15 o más publicaciones relacionadas con las variantes del SARS-CoV-2 desde 01/01/2019 hasta el 30/06/2022. Ecuación de búsqueda: (SARS-CoV-2[Title/Abstract]) AND (variant[Title/Abstract]). Resultados obtenidos: 4697 documentos.

En 51 artículos se resalta la variante alpha, los que constituyen 35 enlaces y una fuerza total de enlace de 175. Además, forman parte de un conglomerado que también incluye publicaciones sobre las variantes beta, gamma y delta (Figura 3). Ciento catorce nombres de autores y 17 de organizaciones aparecieron en publicaciones relacionadas con la variante

preocupación, con 55 ocurrencias, 32 enlaces y una fuerza total de enlace de 139 (Figura 4). Los nombres de autores de las publicaciones relacionadas con la variante beta del SARS-CoV-2 están distribuidos en cuatro conglomerados que agrupan 80 nombres de autores. Los nombres de las instituciones con publicaciones relacionadas con esta variante están distribuidos en tres conglomerados que agrupan 24 nombres de organizaciones.

Figura 4

Visualización de la red de las palabras clave de las publicaciones relacionadas con la variante beta del SARS-CoV-2



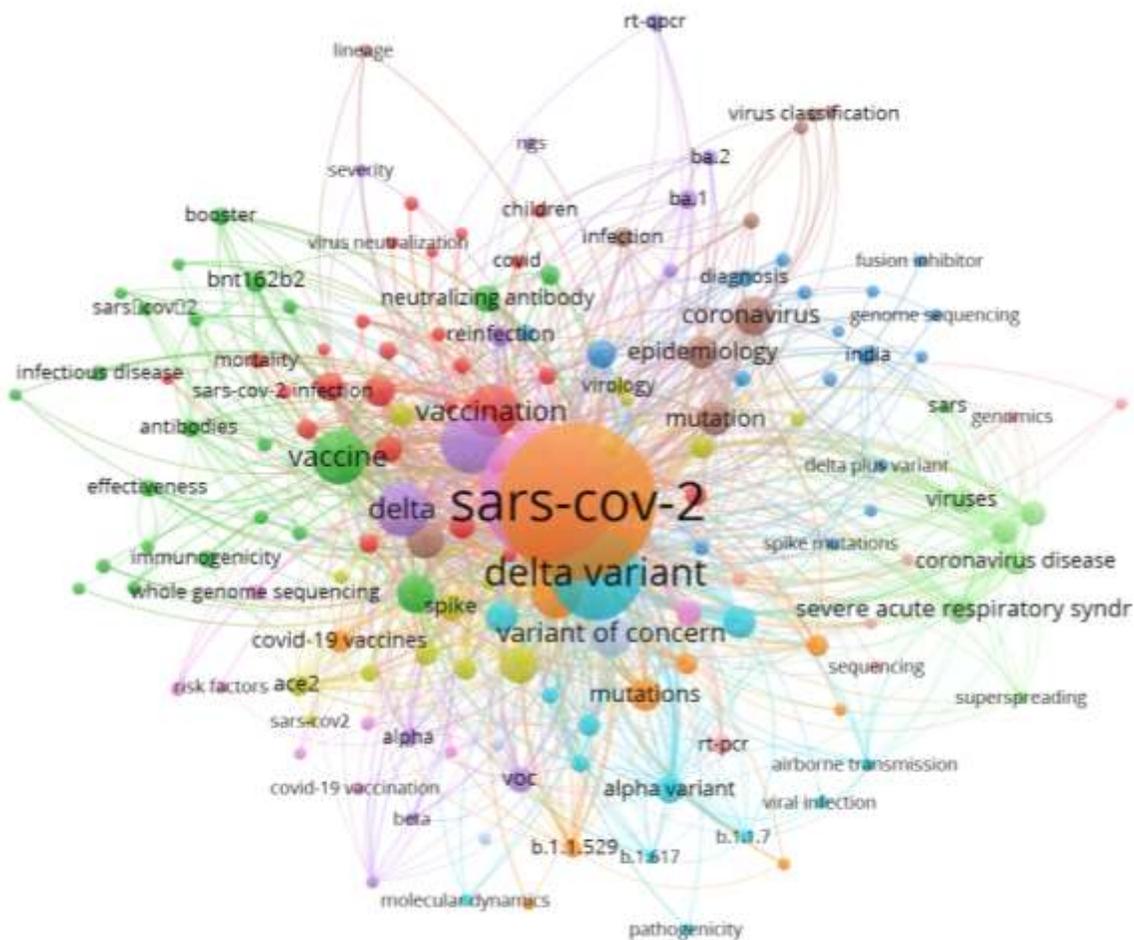
Nota. Visualización de la red de las palabras clave de las publicaciones relacionadas con la variante beta del SARS-CoV-2. Ecuación de búsqueda: ((SARS-CoV-2[Title/Abstract]) AND (variant [Title/Abstract])) AND (beta [Title/Abstract]). Resultados obtenidos: 616 documentos.

Veinte documentos sobre la variante gamma constituyen el nodo principal de su conglomerado, el cual presenta 29 enlaces y una fuerza total de enlace de 82. Además, dentro

enlazan con mayor proximidad con publicaciones en las que destaca el linaje “b.1.617.2” (Figura 6). 413 nombres de autores y 10 de instituciones con documentos relacionados con la variante delta del SARS-CoV-2 constituyen 19 y dos conglomerados, respectivamente.

Figura 6

Visualización de la red de las palabras clave de las publicaciones relacionadas con la variante delta del SARS-CoV-2



Nota. Visualización de la red de las palabras clave de las publicaciones relacionadas con la variante delta del SARS-CoV-2. Ecuación de búsqueda: ((SARS-CoV-2[Title/Abstract]) AND (variant [Title/Abstract])) AND (delta [Title/Abstract]). Resultados obtenidos: 1741 documentos.

Las publicaciones sobre la variante omicron constituyen el nodo principal de su conglomerado, con 156 ocurrencias, 81 enlaces y una fuerza total de enlace de 456.

Discusión

La Bibliometría aplicada al estudio de la productividad científica relacionada con las variantes del SARS-CoV-2 puede ser de utilidad para conocer el estado del arte y para la toma de decisiones en materia de Salud Pública durante la pandemia de la COVID-19. En nuestro trabajo, el análisis bibliométrico de las publicaciones relacionadas con las variantes del SARS-CoV-2 permite observar que las publicaciones más numerosas son las de aquellas variantes que en algún momento fueron consideradas por la comunidad científica como variantes de preocupación, es decir, las variantes alpha, beta, gamma, delta y omicron. Además, este estudio permite visualizar cuándo empiezan a publicarse los documentos de estas variantes.

Para los efectos de este estudio, se considera que aquellas palabras clave con varias ocurrencias, múltiples enlaces y elevada fuerza total de enlace, marcan una tendencia y, por ende, deberían dárseles prioridad para análisis más profundos que podrían arrojar información relevante. En este sentido, se destacan tópicos calientes como “SARS-CoV-2”, “COVID-19”, “alpha variant”, “beta variant”, “gamma variant”, “delta variant”, “omicron variant”, “vaccine”, “epidemiology”, “coronavirus”, “spike protein”, “ace2”, “neutralization”, “booster” y “antibodies”. Una revisión más profunda de cada publicación realizada por especialistas en estos campos del conocimiento podría confirmar la trascendencia de dichos temas para el estudio del SARS-CoV-2. Resulta evidente la importancia de estos tópicos, toda vez que involucran: a) las variantes de preocupación de este coronavirus, b) una proteína crucial en la patogénesis y su receptor, c) el comportamiento epidemiológico de la COVID-19, d) la vacuna y los refuerzos contra esta enfermedad y e) los anticuerpos neutralizantes que puedan generarse contra el SARS-CoV-2 (Hoffmann et al. 2021, Kannan et al. 2021, Plante et al. 2021, Garcia-Beltran et al. 2022, Lupala et al. 2022).

El análisis cronológico por medio de la visualización de superposición (Overlay Visualization) de redes bibliométricas de las palabras clave de las publicaciones de las variantes del SARS-CoV-2 es consistente con la aparición a nivel mundial de las variantes de preocupación del SARS-CoV-2. La variante alpha es de las primeras en detectarse mientras que la variante omicron, es de las más recientes. Este análisis también sugiere la trascendencia temprana de temas como coronavirus, ace2 y proteína “spike”.

Por su parte, la expresión “gamma variant” se enlaza fuertemente con la palabra clave “brazil”, lo que no es de extrañar considerando que esta variante se reportó primero en Brasil. En este trabajo, también se visualiza la proximidad del vínculo entre “delta variant” y “b.1.617.2”. No olvidemos que b.1.617.2 es linaje de la variante delta del SARS-CoV-2 (CDC, 2021, 2022). La visualización de la red bibliométrica de la palabra clave “omicron variant” probablemente es el reflejo de la relación trascendental entre esta variante y la vacunación, neutralización, refuerzo y anticuerpos, toda vez que ya se cuenta con vacunas contra el SARS-CoV-2.

La actividad científica sobre las variantes del SARS-CoV-2 de los años 2020, 2021 y parte del 2022 involucra grupos de investigación muy productivos pertenecientes a distintas organizaciones. Varios de estos grupos están vinculados entre sí a través de uno o más investigadores, lo que origina fuertes redes bibliométricas. En estudios realizados por otros investigadores, se utilizan métodos bibliométricos tradicionales e inteligentes para realizar un análisis multidimensional de trabajos de investigación genética sobre COVID-19 (Wu et al. 2021). Nuestros resultados son consistentes con dichos estudios en el sentido de que la productividad científica incluye tópicos relacionados con el diagnóstico, manifestaciones clínicas, vacunas y epidemiología, entre otros. Lo que concuerda con que la genómica, la epidemiología, la respuesta inmune y la eficacia de la vacuna de las variantes de COVID-19 son los principales enfoques de investigación en estas publicaciones (Zhang et al. 2022b).

La variante omicron del SARS-CoV-2 fue una de las últimas en surgir durante la pandemia de la COVID-19 y es considerada por los científicos como una variante de preocupación, estos hechos podrían estar relacionados con el notorio aumento de la cantidad de publicaciones sobre esta variante omicron de enero a junio del 2022. Nuestros resultados también podrían explicarse si consideramos que otros investigadores reportan que el perfil epidemiológico mundial es el reflejo de la propagación sin precedentes de la variante omicron (Sun et al. 2022). Omicron es la variante de preocupación circulante en la actualidad mientras que alpha, beta, gamma y delta fueron variantes de preocupación previas, en todo caso, las variantes de preocupación son las que presentan más publicaciones según este estudio.

Interesantemente, las publicaciones en las que sobresalen tópicos como vacuna y epidemiología se visualizan tempranamente en los mapas de redes bibliométricas de las

diferentes variantes del SARS-CoV-2, esto probablemente sea el resultado de la búsqueda de una vacuna contra la COVID-19 desde los inicios de esta pandemia. De hecho, la eficacia de las vacunas enfrentó grandes retos de las variantes del SARS-CoV-2 (Sun et al. 2022). Los vínculos entre las diferentes variantes del SARS-CoV-2 y términos como vacunas, epidemiología, neutralización, mutaciones, entre otros, constituyen una tendencia en los diferentes mapas bibliométricos analizados. Esto podría deberse tanto a la influencia del surgimiento de nuevas variantes de este coronavirus como a la importancia de las investigaciones realizadas por científicos de campos como la biología molecular, virología, epidemiología, inmunología, etc., para salvaguardar la salud pública. En este sentido, las nuevas variantes del SARS-CoV-2 influyen en la epidemiología de la COVID-19 (Tao et al. 2021) mientras que otros autores predijeron que los hallazgos patológicos, el tratamiento, la proteína “spike” y la vacuna podrían ser puntos críticos en el progreso de la investigación de esta enfermedad (Yu et al. 2020, Zyoud y Al-Jabi 2020, Xia et al. 2022).

Conclusiones

Luego de aproximadamente tres años de pandemia por COVID-19, se puede apreciar que la productividad científica relacionada con las variantes del SARS-CoV-2 varió a lo largo de los años 2020, 2021 y mediados del 2022, probablemente debido, entre otras causas, a la preocupación de la sociedad por el surgimiento de nuevas variantes de este virus. El análisis de mapas de redes bibliométricas a partir de la información almacenada en bases de datos de literatura de investigación biomédica puede contribuir a la descripción de la evolución de problemas de salud pública como la pandemia de COVID-19. En este trabajo, también se puede apreciar el producto de las colaboraciones entre científicos de diferentes centros de investigaciones. Este estudio bibliométrico puede reflejar tempranamente tópicos “calientes” sobre la investigación del SARS-CoV-2 y otros temas menos estudiados que requieran de más atención.

Referencias

- Centers for Disease Control and Prevention (CDC). Actualizado el 29 de junio de 2021. *SARS-CoV-2 Variant Classifications and Definitions. Centers for Disease Control and Prevention.* Recuperado el 19 de marzo de 2023 de <https://stacks.cdc.gov/view/cdc/107682>
- CDC. Actualizado el 26 de abril del 2022. *Clasificaciones y definiciones de las variantes del SARS-CoV-2.* Recuperado el 19 de marzo de 2023 de <https://espanol.cdc.gov/coronavirus/2019-ncov/variants/variant-classifications.html>
- Garcia-Beltran, W. F., St Denis, K. J., Hoelzemer, A., Lam, E. C., Nitido, A. D., Sheehan, M. L., Berrios, C., Ofoman, O., Chang, C. C., Hauser, B. M., Feldman, J., Roederer, A. L., Gregory, D. J., Poznansky, M. C., Schmidt, A. G., Iafrate, A. J., Naranbhai, V., y Balazs, A. B. (2022). mRNA-based COVID-19 vaccine boosters induce neutralizing immunity against SARS-CoV-2 Omicron variant. *Cell*, 185(3), 457–466.e4. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2021.12.033>
- Guzmán Sánchez, M. V., y Trujillo Cancino, J. L. (2013). Los mapas bibliométricos o mapas de la ciencia: una herramienta útil para desarrollar estudios métricos de información. *Biblioteca Universitaria*, 16(2), 95-108.
- Hoffmann, M., Arora, P., Groß, R., Seidel, A., Hörnich, B. F., Hahn, A. S., Krüger, N., Graichen, L., Hofmann-Winkler, H., Kempf, A., Winkler, M. S., Schulz, S., Jäck, H. M., Jahrsdörfer, B., Schrezenmeier, H., Müller, M., Kleger, A., Münch, J., y Pöhlmann, S. (2021). SARS-CoV-2 variants B.1.351 and P.1 escape from neutralizing antibodies. *Cell*, 184(9), 2384–2393.e12. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2021.03.036>
- Johns Hopkins University. Actualizado el 6 de marzo de 2023. *COVID-19 Dashboard by the Center for Systems Science and Engineering (CSSE) at Johns Hopkins University (JHU).* Revisado el 6 de marzo de 2023 de <https://publichealthupdate.com/jhu/>

- Kannan, S., Shaik Syed Ali, P., y Sheeza, A. (2021). Omicron (B.1.1.529) - variant of concern - molecular profile and epidemiology: a mini review. *European review for medical and pharmacological sciences*, 25(24), 8019–8022. https://doi.org/10.26355/eurev_202112_27653
- Lupala, C. S., Ye, Y., Chen, H., Su, X. D., y Liu, H. (2022). Mutations on RBD of SARS-CoV-2 Omicron variant result in stronger binding to human ACE2 receptor. *Biochemical and biophysical research communications*, 590, 34–41. <https://doi.org/10.1016/j.bbrc.2021.12.079>
- Plante, J. A., Liu, Y., Liu, J., Xia, H., Johnson, B. A., Lokugamage, K. G., Zhang, X., Muruato, A. E., Zou, J., Fontes-Garfias, C. R., Mirchandani, D., Scharton, D., Bilello, J. P., Ku, Z., An, Z., Kalveram, B., Freiberg, A. N., Menachery, V. D., Xie, X., Plante, K. S., ... Shi, P. Y. (2021). Spike mutation D614G alters SARS-CoV-2 fitness. *Nature*, 592(7852), 116–121. <https://doi.org/10.1038/s41586-020-2895-3>
- Sampieri Cabrera, R., y Trejo Rodríguez, M. A. (2015). Mapas bibliométricos como herramienta en la organización y análisis en ciencia. *REB*, 34(4), 93-97.
- Sun, C., Xie, C., Bu, G. L., Zhong, L. Y., y Zeng, M. S. (2022). Molecular characteristics, immune evasion, and impact of SARS-CoV-2 variants. *Signal transduction and targeted therapy*, 7(1), 202. <https://doi.org/10.1038/s41392-022-01039-2>
- Tao, K., Tzou, P. L., Nouhin, J., Gupta, R. K., de Oliveira, T., Kosakovsky Pond, S. L., Fera, D., y Shafer, R. W. (2021). The biological and clinical significance of emerging SARS-CoV-2 variants. *Nature reviews. Genetics*, 22(12), 757–773. <https://doi.org/10.1038/s41576-021-00408-x>
- van Eck, N. J., y Waltman, L. (2010). Software survey: VOSviewer, a computer program for bibliometric mapping. *Scientometrics* 84, 523–538. <https://doi.org/10.1007/s11192-009-0146-3>

- World Health Organization (WHO). (2020a). Novel Coronavirus (2019-nCoV): situation report, 1. World Health Organization. <https://apps.who.int/iris/handle/10665/330760>
- WHO. (2020b). Coronavirus disease 2019 (COVID-19): situation report, 51. World Health Organization. <https://apps.who.int/iris/handle/10665/331475>
- WHO. (2022). "Tracking SARS-CoV-2 variants". *www.who.int*. Revisado el 12 de noviembre de 2022.
- Wu, M., Zhang, Y., Grosser, M., Tipper, S., Venter, D., Lin, H., y Lu, J. (2021). Profiling COVID-19 Genetic Research: A Data-Driven Study Utilizing Intelligent Bibliometrics. *Frontiers in research metrics and analytics*, 6, 683212. <https://doi.org/10.3389/frma.2021.683212>
- Xia, Y., Yao, R. Q., Zhao, P. Y., Tao, Z. B., Zheng, L. Y., Zhou, H. T., Yao, Y. M., y Song, X. M. (2022). Publication trends of research on COVID-19 and host immune response: A bibliometric analysis. *Frontiers in public health*, 10, 939053. <https://doi.org/10.3389/fpubh.2022.939053>
- Yu, Y., Li, Y., Zhang, Z., Gu, Z., Zhong, H., Zha, Q., Yang, L., Zhu, C., y Chen, E. (2020). A bibliometric analysis using VOSviewer of publications on COVID-19. *Annals of translational medicine*, 8(13), 816. <https://doi.org/10.21037/atm-20-4235>
- Zhang, Q., Li, J., y Weng, L. (2022a). A bibliometric analysis of COVID-19 publications in neurology by using the visual mapping method. *Frontiers in public health*, 10, 937008. <https://doi.org/10.3389/fpubh.2022.937008>
- Zhang, Y., Feng, M., He, Y., Liu, F., y Ma, R. (2022b). A bibliometric analysis of the 100 most cited articles describing SARS-CoV-2 variants. *Frontiers in public health*, 10, 966847. <https://doi.org/10.3389/fpubh.2022.966847>

Zyoud, S. H., y Al-Jabi, S. W. (2020). Mapping the situation of research on coronavirus disease-19 (COVID-19): a preliminary bibliometric analysis during the early stage of the outbreak. *BMC infectious diseases*, 20(1), 561. <https://doi.org/10.1186/s12879-020-05293-z>

Zyoud, S. H., Al-Jabi, S. W., Shahwan, M. J., y Jairoun, A. A. (2022). Global research production pertaining to gastrointestinal involvement in COVID-19: A bibliometric and visualised study. *World journal of gastrointestinal surgery*, 14(5), 494–505. <https://doi.org/10.4240/wjgs.v14.i5.494>

