

## **Comunicat del GCMSC en referència a la variant VUI-202012/01 del SARS-CoV-2**

### **Grup Col·laboratiu Multidisciplinari per al Seguiment Científic de la COVID-19 (GCMSC)**

Julià Blanco, Silvia de Sanjosé, Josep M Miró, Quique Bassat, Magda Campins, Robert Guerri, Carles Brotons, Juana Díez, Mireia Sans, Olga Rubio, Adelaida Sarukhan. Amb el suport d'Antoni Plasència i Josep M Antó.

### **Ens hem de preocupar per la nova variant?**

No gaire més que per les variants ja existents. Els canvis en els virus són naturals. Constitueixen, per tant, un fenomen esperat i no ens haurien de preocupar en si mateixos [1].

Les diferents variants virals, que des de l'inici de la pandèmia s'han anat identificant, són principalment conseqüència de l'adaptació del virus al seu nou hoste (l'espècie humana). Tanmateix, aquestes mutacions podrien tenir un impacte difícil de predir en la transmissibilitat i/o severitat de la infecció i en com escapen a les respostes immunitàries (induïdes per vacunes o per la infecció natural). En el primer cas, les implicacions serien a curt termini amb un increment de la pressió sobre el sistema sanitari per un augment de casos i hospitalitzacions, mentre que en el segon cas l'impacte seria a llarg termini amb una manca de control de la pandèmia.

Per aquesta raó, hem de romandre molt vigilants per identificar mutacions rellevants. Cal identificar les mutacions del SARS-CoV-2 de manera proactiva (seqüenciant tants virus com sigui possible). Aquesta proactivitat també ha d'incloure la vigilància epidemiològica per poder associar aquestes mutacions a potencials canvis en la transmissió o la mortalitat a les àrees geogràfiques on les variants virals s'identifiquin.

### **Què en sabem?**

La nova variant conté 17 mutacions, de les quals 9 es localitzen a la proteïna S (deleció 69-70, deleció 144, N501Y, A570D, D614G, P681H, T716I, S982A, D1118H) [2]. És probable que aquesta nova variant hagi sorgit per una situació de pressió selectiva sobre el virus, en què s'hagi vist forçat a la generació i acumulació de mutacions (algunes possibilitats són un salt entre espècies o una replicació prolongada en presència d'anticossos) [3]. Encara en desconeixem l'origen. Tampoc no sabem si s'ha produït al Regne Unit o no.

Prèviament a la identificació d'aquesta variant, ja s'havien identificat a diferents parts del món virus que contenien algunes d'aquestes mutacions, incloent-hi les que afecten la regió d'unió amb el receptor (com la mutació N501Y a Sudàfrica). En cap cas, però, s'havien associat a un nivell de transmissibilitat com el que s'ha reportat al Regne Unit, on aquesta variant és concomitant a un increment de casos al sud-est d'Anglaterra [2,3]. Tot i aquest aparent increment en la transmissibilitat, hem de tenir en compte que:

- major transmissibilitat no vol dir major patogenicitat/virulència/gravetat
- major transmissibilitat no vol dir resistència a vacunes

Per exemple, la variant D614G, la més comuna actualment i que presenta una major transmissibilitat comparada amb la del virus original, no afecta la severitat de la infecció ni la protecció conferida per les vacunes [4].

No es disposa en aquests moments de dades objectives que ens puguin fer pensar que la nova variant pugui produir una malaltia més severa (s'estan recollint dades epidemiològiques per respondre aquesta pregunta).

Tampoc hi ha dades experimentals que ens permetin saber si els anticossos generats per les vacunes o per la infecció natural neutralitzen aquesta nova variant. En qualsevol cas, la resposta immune és policlonal i es dirigeix contra diferents regions de la proteïna S. Per tant, és poc probable un fort impacte en l'eficàcia de les vacunes. S'està treballant en l'aïllament del virus i en els assajos de neutralització viral al laboratori per donar una resposta ràpida a aquesta pregunta [2].

### Com podem actuar?

A nivell institucional, s'ha de prioritzar la vigilància epidemiològica molecular. Això requereix un seguiment constant de la variabilitat de les seqüències i una capacitat d'anàlisi de les seves implicacions tant:

- epidemiològiques (seguiment de casos, severitat, expansió de variants)
- immunològiques, implicacions per protecció mitjançada per la immunitat natural o per les vacunes

És important remarcar que l'aparició de noves mutacions té lloc durant la replicació del virus. Per limitar aquesta replicació a nivell poblacional, les campanyes de vacunació constitueixen una eina essencial. L'acceleració d'aquestes campanyes **a nivell global** ha de ser una prioritat.

Seqüències similars a la nova variant s'han detectat a altres països europeus i a Austràlia. Per tant, és possible que estigui circulant fora del Regne Unit. Això vol dir que a nivell personal, hem de continuar igual, extremant les mesures de protecció, fent ús de la mascareta i mantenint la higiene de mans, la ventilació i la distància social.

## Referències

- 1 Wise J. [Covid-19: New coronavirus variant is identified in UK](#). *BMJ*. Desembre de 2020. 16;371:m4857. DOI: 10.1136/bmj.m4857. PMID: 33328153.
- 2 Chand M et al. [Investigation of novel SARS-COV-2 variant](#). Public Health England. Desembre de 2020.
- 3 European Centre for Disease Prevention and Control. [Rapid Increase of a SARS-CoV-2 variant with multiple spike protein mutations observed in the United Kingdom](#). Desembre de 2020.
- 4 Baric RS. [Emergence of a Highly Fit SARS-CoV-2 Variant](#). *NEJM*. Desembre de 2020. DOI: 10.1056/NEJMcibr2032888.