

Comunicado del GCMSC en referencia a la variante VUI-202012/01 del SARS-CoV-2

Grupo Colaborativo Multidisciplinario para el Seguimiento Científico 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. Con el apoyo de Antoni Plasència y Josep M Antó.

¿Nos hemos de preocupar por la nueva variante?

No mucho más que por las variantes ya existentes. Los cambios en los virus son naturales. Constituyen, por lo tanto, un fenómeno esperado y no nos deberían preocupar en sí mismos [1].

Las diferentes variantes virales, que desde el inicio de la pandemia se han ido identificando, son principalmente consecuencia de la adaptación del virus a su nuevo huésped (la especie humana). No obstante, estas mutaciones podrían tener un impacto difícil de predecir en la transmisibilidad y/o severidad de la infección y en cómo escapan a las respuestas inmunitarias (inducidas por vacunas o por la infección natural). En el primer caso, las implicaciones serían a corto plazo con un incremento de la presión sobre el sistema sanitario por un aumento de casos y hospitalizaciones, mientras que en el segundo caso el impacto sería a largo plazo con una falta de control de la pandemia.

Por esta razón, hemos de permanecer muy vigilantes para identificar mutaciones relevantes. Es necesario identificar las mutaciones del SARS-CoV-2 de manera proactiva (secuenciando el mayor número posible de virus). Esta proactividad también ha de incluir la vigilancia epidemiológica para poder asociar estas mutaciones a potenciales cambios en transmisión o mortalidad en las áreas geográficas donde las variantes virales se identifiquen.

¿Qué sabemos?

La nueva variante contiene 17 mutaciones, de las cuales 9 se localizan en la proteína S (delección 69-70, delección 144, N501Y, A570D, D614G, P681H, T716I, S982A, D1118H) [2]. Es probable que esta nueva variante haya surgido por una situación de presión selectiva sobre el virus, en que se haya visto forzado a la generación y acumulación de mutaciones (algunas posibilidades son un salto entre especies o una replicación

prolongada en presencia de anticuerpos) [3]. Aún desconocemos su origen, y si se ha producido en el Reino Unido o no.

Previamente a la identificación de esta variante, ya se había identificado en diferentes partes del mundo virus que contenían algunas de estas mutaciones, incluidas las que afectan a la región de unión con el receptor (como la mutación N501Y en Sudáfrica). En ningún caso, sin embargo, se habían asociado a un nivel de transmisibilidad como el que se ha registrado en el Reino Unido, donde esta variante es concomitante a un incremento de casos en el sureste de Inglaterra [2,3]. A pesar de este aparente incremento en la transmisibilidad, hemos de tener en cuenta que:

- mayor transmisibilidad no quiere decir mayor patogenicidad/virulencia/gravedad
- mayor transmisibilidad no quiere decir resistencia a vacunas

Por ejemplo, la variante D614G, la más común actualmente y que presenta una mayor transmisibilidad comparada con la del virus original, no afecta a la severidad de la infección ni a la protección conferida por las vacunas [4].

No se dispone en estos momentos de datos objetivos que lleven a pensar que la nueva variante pueda producir una enfermedad más severa (se están recogiendo datos epidemiológicos para contestar a esta pregunta).

Tampoco hay datos experimentales que nos permitan saber si los anticuerpos generados por las vacunas o por la infección natural neutralizan esta nueva variante. En cualquier caso, la respuesta inmune es policlonal y se dirige contra diferentes regiones de la proteína S, así que es poco probable un fuerte impacto en la eficacia de las vacunas. Se está trabajando en el aislamiento del virus y en los ensayos de neutralización viral en el laboratorio para dar una respuesta rápida a esta pregunta [2].

¿Cómo podemos actuar?

A nivel institucional, se ha de priorizar la vigilancia epidemiológica molecular. Esto requiere un seguimiento constante de la variabilidad de las secuencias y una capacidad de análisis de sus implicaciones, tanto:

- epidemiológicas (seguimiento de casos, severidad, expansión de variantes)
- inmunológicas, implicaciones por protección mediante la inmunidad natural o por las vacunas

Es importante remarcar que la aparición de nuevas mutaciones tiene lugar durante la replicación del virus. Para limitar esta replicación a nivel poblacional, las campañas de vacunación constituyen una herramienta esencial. La aceleración de estas campañas a **nivel global** ha de ser una prioridad.

Secuencias similares a la nueva variante se han detectado en otros países europeos y en Australia. Por lo tanto, es posible que esté circulando fuera del Reino Unido. De modo que, a nivel personal, hemos de continuar igual, extremando las medidas de protección, usando la mascarilla, manteniendo la higiene de manos, la ventilación y la distancia social.

Referencias

- 1 Wise J. Covid-19: [New coronavirus variant is identified in UK](#). *BMJ*. Diciembre 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. Diciembre 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](#). Diciembre de 2020.
- 4 Baric RS. [Emergence of a Highly Fit SARS-CoV-2 Variant](#). *NEJM*. Diciembre de 2020. DOI: 10.1056/NEJMcibr2032888.