

## **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.