

## Actualización de la información sobre las nuevas variantes de SARS-CoV-2

Nomenclatura	Denominación geográfica	Mutaciones más importantes	Observaciones
B.1.1.7 501Y.V1 VOC 202012/01	"Británica"	17 mutaciones: ● N501Y ● delección 69_70 ● P681H	Mayor Transmisibilidad: probable Escape vacunal/inmune: improbable
B.1.351 501Y.V2	"Sudafricana"	● N501Y ● E484K ● delección orf1b ● ...	Mayor Transmisibilidad: probable Escape vacunal / inmune: posible
B.1.1.28 P1.	"Brasileña"	● N501Y ● E484K ● K417T ● delección orf1b	Mayor Transmisibilidad: probable Escape vacunal / inmune: posible!!! El Caso Manaus
	"Japonesa"		

Grupo Genético	Mutaciones de referencia para el grupo genético	Mutaciones en la proteína S
S	A C8782T, T28144C, NS8-L84S	E484K K417N N501Y S477N
L	B C241, C3037, A23403, C8782, G11083, G25563, G26144, T28144, G28882	E484K K417N N501Y S477N
V	B.2 G11083T, G26144T, NSP6-L37F, NS3-G251V	E484K K417N N501Y S477N
G	B.1 C241T, C3037T, A23403G, S-D614G	N501S E484Q T478I S477G N439K A475V F456L F490S S477R S477I S477N S494A N501Y V445I E484K T478K S494P
GH	B.1.* C241T, C3037T, A23403G, G25563T, S-D614G + NS3-Q57H	N501T K417N Y453F N501Y E484K E484D N439K S494P S477R G446V S477N
GR	B.1.1.1 C241T, C3037T, A23403G, G28882A, S-D614G + N-G204R	Q493R F490Y Y453F S477G A475V F490S G446V S477R S477I S477N G502V K417T N501Y G446S G447V E484K K458N T478K S494P
GV	B.1.177 C241T, C3037T, A23403G, C22227T, S-D614G + S-A222V	N501S E484Q T478I S477G N439K A475V F456L F490S S477R S477I S477N S494A N501Y V445I E484K T478K S494P

Fuente: GISAID. Disponible en: <https://platform.gisaid.org>. Actualizado el 22 de enero de 2021. Cambios en la glicoproteína S (espícula) para los 14.399 nuevos genomas completos) Accedida el 25 de enero de 2021.



Fuente: GISAID Disponible <https://www.gisaid.org/phylogenetics/global/nextstrain/> actualizado 1/02/2021

## Actualización de la información sobre las nuevas variantes de SARS-CoV-2

**Antecedente:** Desde la aparición en diciembre del 2019 en la ciudad china de Wuhan de una nueva enfermedad respiratoria, conocida como COVID-19, producida por un virus de la familia de los Coronavirus, el SARS-CoV-2, que en marzo de 2020 se convirtió en pandemia, la comunidad científica ha tenido que hacer frente a distintas variantes del virus que han facilitado su diseminación

Los virus de RNA, producen un número mayor de mutaciones que los virus de ADN. En el SARS-CoV-2 se ha visto que provoca un número menor de mutaciones que el resto de los virus de RNA, dado que codifican un enzima que permite corregir los errores cometidos durante la replicación.

Los altos nivel de transmisión que tiene en estos momentos el SARS-CoV2 ha favorecido la aparición de nuevas variantes. Este es un hecho esperado, aunque algunas mutaciones o combinaciones de mutaciones pueden proporcionar al virus una ventaja selectiva, como una mayor transmisibilidad o la capacidad de evadir la respuesta inmune del huésped

Algunas de las variantes notificadas hasta la fecha están asociadas a un aumento de la transmisibilidad, sin que afecte a la gravedad de los síntomas. Se desconoce en estos momentos las implicaciones epidemiológicas de estas variantes, aunque se considera que pueden jugar un papel importante en posibles cambios en la eficacia de las vacunas aprobadas.

En el último mes, diferentes organismos<sup>1,2</sup> han publicado actualizaciones sobre las diferentes variantes.

Así, el eCDC, público en enero de 2021 un documento sobre el riesgo relacionado con la propagación de nuevas variantes del SARS-CoV-2. En especial tres variantes han centrado el interés de este primer informe:

- a. VOC 202012/01 ó B.1.1.7 también conocida como la variante inglesa.
- b. 501Y.V2 identificada por primera vez en Sudafrica.
- c. Variant P.1 conocida como la cepa Brasileña.

### a.- VOC 202012/01.

Se identifico por primera vez en diciembre de 2020 en el Reino Unido (RU). La B.1:1.7 es la cepa predominante, y se caracteriza por su alta transmisibilidad, y por la gravedad de la infección.

---

<sup>1</sup> .- European Centre for Disease Prevention and Control.Risk related to spread of new SARS-CoV-2 variants of concern in the EU/EEA, first update–21January 2021. ECDC: Stockholm; 2021.

<sup>2</sup> .- Centro de Coordinación de Alertas y Emergencias Sanitarias. Circulación de VOC B.1.1.7y otras variantes de SARS-CoV-2 de interés para la salud pública en España. Evaluación Rápida de Riesgo, Madrid, 25de enero 2021. Disponible en:

<https://www.msrebs.gob.es/profesionales/saludPublica/ccayes/alertasActual/nCov/documentos/20210126-EER.pdf> ( último acceso 1 de febrero de 2021)

Se ha observado en el Reino Unido un incremento de casos asociados a esta variante entre diciembre 2020 (46%) y enero del 21 (76,7%).

El RU ha informado que puede estar asociada a un mayor riesgo de muerte, que se observa en todos los grupos de edad, La letalidad de la VOC B.1.1.7 respecto a otras variantes sería **de 1,07 y 2,71 veces mayor** según los estudios realizados, todos ellos ajustados por fecha, lugar, edad y otras variables.

#### **B.- Variante 20H / 501Y.V2 o B.1.351 (Sudafricana)**

Esta variante aparece en Sudáfrica, a principios de octubre de 2020. A fecha de hoy se han detectado casos en varios países (Reino Unido, Australia, Francia, Países Bajos,...).

Presenta la mutación N501Y, presente en la variante inglesa, y no contiene la delección en 69/70.

**C.- La variante Variant P.1** conocida como la cepa Brasileña, dado que la primera vez que se identificó, en un control rutinario en un aeropuerto de Japón, fue en cuatro sujetos procedente de aquel país.

Esta variante tiene 17 mutaciones únicas, incluidas tres linajes en el dominio de unión al receptor de la proteína de pico. K417T, E484K, N501Y

La variante P.1 pueden afectar su transmisibilidad y perfil antigénico, lo que puede afectar la capacidad de los anticuerpos generados a través de una infección natural previa o mediante vacunación para reconocer y neutralizar el virus.

#### **Entre las posibles consecuencias de las nuevas variantes caben destacar las siguientes:**

- Mayor capacidad y rapidez de propagación entre la población.
- Posibilidad de modificar la gravedad de la enfermedad (más leve y/o más grave)
- Posibilidad de disminuir la eficacia y capacidad de detección del virus mediante pruebas diagnósticas específicas.
- Disminución de la susceptibilidad terapéutica, como a los anticuerpos monoclonales.
- Una mayor capacidad para evadir la inmunidad innata o inducida por las vacunas

#### **A destacar:**

- Es de vital importancia compartir rápidamente la información epidemiológica, virológica relativa a la secuencia genómica completa con otros países y equipos de investigación.
- Se deben realizar planteamientos que se basen en la evaluación del riesgo de transmisión de las variantes entre los diferentes países.

- El eCDC evalúa la probabilidad de introducción y propagación comunitaria de estas variantes en la UE / EEE como **alta/ muy alta** debido a su mayor transmisibilidad.
- Existe una necesidad de aumentar la capacidad de secuenciación, que permita crear colecciones de muestras que respalden las decisiones en salud pública
- Las autoridades sanitarias españolas deben de estar preparadas para intensificar las medidas no farmacológicas, las de rastreo y las cuarentena de contactos.
- La restricciones de movilidad, sobre todos en viajes internacionales deben de mantenerse en estos momentos de la pandemia.
- En estos momentos existe casos identificados de la variante VOC-B.1.1.7 en 60 países, todos los casos con dichas variantes, han aumentado en las dos primeras semanas de enero 2021.
- Hasta el momento sólo se ha confirmado un caso de la variante sudafricana 501Y.V2 (B.1.351) asociado a un viaje a Sudáfrica y ninguno de la variante brasileña B.1.1.28.1 (P.1) en España
- Hay algunas evidencias que sugieren que la variante **inglesa** aumenta la gravedad de la enfermedad pero no las hay sobre la disminución de la eficacia de la vacuna, ni sobre la posibilidad de reinfecciones.
- Hay algunas evidencias de que la variante sudafricana puede provocar reinfecciones en personas que ya estuvieron infectadas por el nuevo coronavirus.
- Es necesaria acelerar los procesos de vacunación en todos los países, como un mecanismo de control de la transmisibilidad de las nuevas variantes.

### Para saber más

Horby P, Huntley C, Davies N, et al. [NERVTAG note on B.1.1.7 severitypdf iconexternal icon](#). SAGE meeting report. January 21, 2021.

Wu K, Werner AP, Moliva JI, et al. [mRNA-1273 vaccine induces neutralizing antibodies against spike mutants from global SARS-CoV-2 variants.external icon bioRxiv](#). Posted January 25, 2021.

Xie X, Zou J, Fontes-Garfias CR, et al. [Neutralization of N501Y mutant SARS-CoV-2 by BNT162b2 vaccine-elicited seraexternal icon bioRxiv](#). Posted January 7, 2021.

Greaney AJ, Loes AN, Crawford KHD, et al. [Comprehensive mapping of mutations to the SARS-CoV-2 receptor-binding domain that affect recognition by polyclonal human serum antibodiesexternal icon bioRxiv](#). [Preprint posted online January 4, 2021]

Weisblum Y, Schmidt F, Zhang F, et al. [Escape from neutralizing antibodies by SARS-CoV-2 spike protein variantsexternal iconexternal icon eLife](#) 2020;9:e61312.

Resende PC, Bezerra JF, de Vasconcelos RHT, et al. [Spike E484K mutation in the first SARS-CoV-2 reinfection case confirmed in Brazil, 2020external icon](#). [Posted on [www.virological.orgexternal icon](#) on January 10, 2021]

Etiquetas: Variantes, nuevas cepas, microbiología.