

La infección aguda por la *variante británica del SARS CoV 2* parece tener mayor duración (13,3 vs 8,2 días)

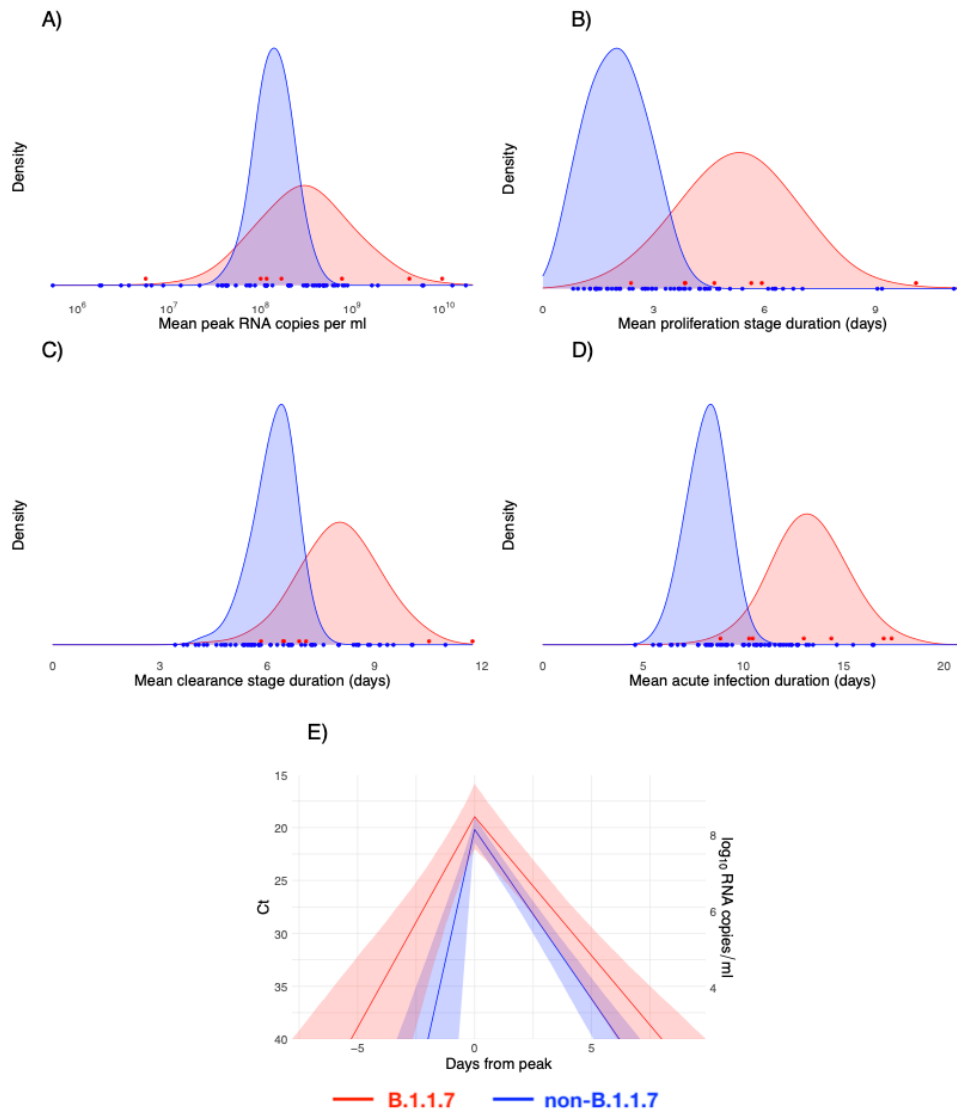


Figure 1. Estimated viral trajectories for B.1.1.7 and non-B.1.1.7 SARS-CoV-2. Posterior distributions for the mean peak viral concentration (A), mean proliferation duration (B), mean clearance duration (C), mean total duration of acute infection (D), and mean posterior viral concentration trajectory (E) for the B.1.1.7 variant (red) and non-B.1.1.7 SARS-CoV-2 (blue). In (A)–(D), distributions depict kernel density estimates obtained from 2,000 draws from the posterior distributions for each statistic. Points depict the individual-level posterior means for each statistic. In (E), solid lines depict the estimated mean viral trajectory. Shaded bands depict the 90% credible intervals for the mean viral trajectory.

"Densely sampled viral trajectories suggest longer duration of acute infection with B.1.1.7 variant relative to non-B.1.1.7 SARS-CoV-2."

Kissler, Stephen, Joseph R. Fauver, Christina Mack, Caroline G. Tai, Mallery I. Breban, et al. " Preprint, 2021.

<https://nrs.harvard.edu/URN-3:HUL.INSTREPOS:37366884>

Las razones por las que la variante B.1.1.7 del SARS-CoV-2 (*variante británica*) es *más transmisible* no están claras:

- B.1.1.7 presenta múltiples mutaciones en el dominio de unión al receptor de la proteína de pico que pueden mejorar la unión a ACE2, aumentando así la eficiencia de la transmisión del virus.
- Una carga viral más alta o **más persistente** en la nasofaringe también podría aumentar la transmisibilidad.

En este estudio realizado en USA buscan probar que la infección aguda con B.1.1.7 está asociada con concentraciones virales nasofaríngeas más altas o más persistentes.

Para ello evalúan las pruebas de PCR realizadas diariamente a una cohorte de 65 personas infectadas con el SARS-CoV 2 que incluye siete infectadas con B .1.1.7, confirmado por secuenciación del genoma completo.

Analizaron:

1. *el tiempo desde el primer virus detectable hasta la concentración viral máxima (tiempo de proliferación),*
2. *el tiempo desde la concentración viral máxima hasta el retorno inicial al límite de detección (tiempo de eliminación)*
3. **la concentración viral máxima para cada individuo**
4. *estimaron las medias de estas cantidades por separado para las personas infectadas con B.1.1.7 y no B.1.1.7 SARS-CoV-2*

Para las personas infectadas con B.1.1.7:

duración media fase de proliferación fue de 5,3 días (IC 90% [2,7-7,8]),
duración media de la fase de eliminación fue de 8,0 días [6,1, 9,9] y
duración media global de la infección (proliferación más aclaramiento) fue de 13,3 días [10,1-16,5].
concentración viral máxima fue 19,0 Ct [15,8, 22,0]... 8.5 log10 copias de ARN / ml [7.6, 9.4]

Para las personas infectadas con cepas no B.1.1.7

fase de proliferación media de 2,0 días [0,7, 3,3],
fase de aclaramiento media de 6,2 días [5,1, 7,1] y
duración media de la infección de 8,2 días [6,5, 9,7]
concentración viral máxima fue 20,2 Ct [19,0, 21,4] 8.2 log10 copias de ARN / ml [7.8, 8.5]

El presente estudio muestra que la variante B.1.1.7 del SARS-CoV-2 puede causar infecciones más prolongadas con una concentración viral máxima similar en comparación con el SARS-CoV-2 no B.1.1.7, y este aumento de la duración puede contribuir a la mayor transmisibilidad del SARS-CoV-2.

Los hallazgos son preliminares, ya que se basan en siete casos B.1.1.7.

Sin embargo, si se confirma con datos adicionales, puede ser necesario un período de aislamiento más largo que el recomendado actualmente de 10 días después del inicio de los síntomas para interrumpir eficazmente las infecciones secundarias por esta variante.

Se necesita la recopilación de datos de PCR longitudinales en cohortes más grandes y diversas para aclarar la trayectoria viral de la variante B.1.1.7.

Se deben realizar análisis similares para otras variantes del SARS-CoV-2 como B.1.351 y P.1

Etiquetas: Epidemiología