

La nueva variante para el SARS-COV-2 (COVID-19) y su potencial impacto en las pruebas diagnósticas (06/01/2021)

Dr. Andrés R. Pérez Riera

Una variante de SARS-CoV-2, inicialmente detectada en el Reino Unido en septiembre de 2020, llamada **B.1.1.7** tiene un expresivo número de mutaciones en relación con la secuencia original del primer aislado de Wuhan.

Aunque las mutaciones son frecuentes en el proceso de replicación viral, esta nueva ha sido motivo de preocupación para las autoridades porque rápidamente se convirtió en la cepa predominante en Londres y el este y sureste de Inglaterra.

La cepa fue denominada **VOC-202012/01** el **18/12/20** por la autoridad sanitaria inglesa (Public Health England, (1), donde **VOC = Variant Of Concern**.

El hecho de que se esté convirtiendo en el más frecuente en una extensa región geográfica sugiere una mayor capacidad infecciosa y / o de transmisión en comparación con otras cepas. Datos adicionales demuestran que la cepa también se asocia con mayores cargas virales, lo que también puede contribuir a su mayor transmisibilidad (2).

De las mutaciones encontradas, se observa que 8 de ellas ocurren en la región que codifica la proteína de pico viral (S = "Spike").

Mutaciones en el pico, particularmente en el **RBD (Receptor Binding Domain)** involucrado en la unión al receptor de células ACE2, tienen el mayor potencial para alterar algunas de las propiedades biológicas del virus, por lo que estas mutaciones han sido las más investigadas (3)

No se ha encontrado evidencia de que esta variante sea más patógena.

La principal preocupación es el impacto de estas mutaciones en el rendimiento de las pruebas diagnósticas en uso en este momento (enero de 2021).

REFERENCIAS

1. Chand M et al. Investigation of novel SARS-COV-2 variant, Variant of Concern 202012/01, Public Health England. Version 1, release date 21/12/2020. Disponible em: https://assets.publishing.service.gov.uk/government/uploads/system/uploads/attachment_data/file/947048/Technical_Briefing_VOC_SH_NJL2_SH2.pdf 2-Kidd M et al. S-variant SARS-CoV-2 is associated with significantly higher viral loads in samples tested by ThermoFisher TaqPath RT-QPCR. medRxiv preprint doi: <https://doi.org/10.1101/2020.12.24.20248834>
2. Preliminary genomic characterisation of an emergent SARS-CoV-2 lineage in the UK defined by a novel set of spike mutations. Available at <https://virological.org/t/563> (2020).
3. Preliminary genomic characterisation of an emergent SARS-CoV-2 lineage in the UK defined by a novel set of spike mutations. Available at <https://virological.org/t/563> (2020)