

# **Identifican un nuevo linaje del SARS-CoV-2: la variante C.1.2 - Sept 2021**

Recopilado por Dr. Andrés R. Pérez Riera

Un equipo de investigadores sudafricanos ha identificado un nuevo linaje del SARS-CoV-2, el virus que causa la COVID-19.

Un linaje representa una población de virus genéticamente distinta con un ancestro común.

Este virus puede ser designado como una variante en el futuro, basado en propiedades con alteraciones significativas, pero primero es necesario conocerlo mejor.

El nuevo linaje, al que se le asignó el nombre C.1.2, se ha encontrado en todas las provincias del país. Si bien

comparte algunas mutaciones con otras variantes, es diferente en algunos aspectos.

Los virus mutan todo el tiempo. A veces, las mutaciones dan como resultado un beneficio adicional para el virus, como una mayor transmisibilidad. Pero a menudo las mutaciones no hacen nada beneficioso para el virus.

Entonces, más mutaciones no siempre significan problemas para su anfitrión.

De C.1.2, aún se desconoce mucho. Por ejemplo, es demasiado pronto para saber si estas mutaciones afectarán la transmisibilidad o la eficacia de la vacuna.

La Red de Vigilancia Genómica de Sudáfrica ha estado monitoreando los cambios en el SARSCoV-2 desde marzo de 2020. Sudáfrica fue uno de los primeros países a nivel mundial en introducir una vigilancia genómica sistemática y coordinada, secuenciando genomas del SARSCoV-2 a partir de muestras de pacientes representativos de las diferentes regiones geográficas y en el tiempo.

Sus hallazgos han proporcionado información sobre cómo y cuándo se introdujo el SARSCoV-2 en el país y sobre su propagación temprana. La Red también ha estado secuenciando genomas del virus para identificar nuevos linajes virales de especial preocupación. A fines

de 2020, la Red detectó lo que ahora se llama la variante de interés Beta y, más recientemente, observó, casi en tiempo real, la llegada y rápida "toma de control" de la variante Delta en Sudáfrica.

### **Lo que se conoce**

Se seleccionaron muestras de pacientes de los laboratorios de diagnóstico de todo el país y se realizó la secuenciación para analizar los genomas del virus. Luego se compararon estas secuencias con las registradas previamente y en otros lugares.

Cuando se detectan muchas diferencias, o diferencias en ciertos sitios particularmente importantes como la espiga del virus, se le presta especial atención. Luego se analiza con qué frecuencia se detecta este virus en particular y dónde: en una región del país o en múltiples regiones, solo en Sudáfrica o también en otras partes del mundo.

También se monitorea si aumenta con el tiempo, lo que sugeriría que está reemplazando versiones anteriores del virus. Cuando se secuencia el virus y se lo comparamos con otras versiones del SARS-CoV-2, se le asigna un nombre basado en la variante coincidente más cercana.

Luego se comparan estas versiones para ver qué tan similares son entre sí. Si se determinan muchas

diferencias, podría ser una indicación de un nuevo linaje.

En mayo de 2021, se detectó por primera vez un grupo mutado de SARS-CoV-2 relacionados en Sudáfrica al que se le ha asignado el linaje C.1.2. En lo que va de mayo a agosto de 2021, se ha detectado C.1.2 en todas las provincias.

Sin embargo, ocurre con una frecuencia relativamente baja y, aunque se observan pequeños aumentos en este linaje con el tiempo, siguen siendo muy bajos. Este linaje posee mutaciones dentro del genoma que se han visto en otras variantes del SARSCoV-2.

La Red alertó a la OMS y al Departamento Nacional de Salud de Sudáfrica sobre este linaje en julio. Los dos meses entre la primera detección y la notificación provienen del largo proceso de secuenciación y análisis. Además, los virus mutantes aparecen de vez en cuando, pero muchos vuelven a desaparecer.

Por lo tanto, es necesario monitorear éste en particular para determinar si se detectaba en regiones adicionales. Solo cuando se comenzó a detectar en otras provincias y cuando se informó también de otros países, se consideró que se había acumulado la suficiente evidencia como para sugerir un nuevo linaje.

La red de vigilancia continua monitoreando la frecuencia del linaje en todo el país y ayuda a otros países africanos a hacer lo mismo. Además, se están realizando pruebas para evaluar el impacto funcional de las mutaciones que alberga, por ejemplo, qué tan bien los anticuerpos de personas que han sido vacunadas o infectadas previamente neutralizan el nuevo virus, qué tan bien se multiplica en cultivos celulares en comparación con otras variantes del virus, etc.

El virus aún no ha cumplido con los criterios de la OMS para ser clasificado como una variante de interés o una variante de preocupación.

Una variante de interés tiene cambios genéticos que afectan características importantes del virus (transmisibilidad, gravedad de la enfermedad, escape inmunológico, diagnóstico o terapéutico) e impactos epidemiológicos que sugieren un riesgo para la salud pública mundial.

Una variante de preocupación es la peor categoría: es una variante con mayor transmisibilidad y/o virulencia probadas y/o menor efectividad de herramientas médicas o de salud pública como vacunas, terapias y pruebas.

Delta es un buen ejemplo de una variante de preocupación que rápidamente llegó a dominar la

epidemia a nivel mundial, provocando grandes oleadas en muchos países, incluidos aquellos con una implementación avanzada de los programas de vacunación.

El linaje C.1.2 comparte algunas mutaciones comunes con todas las demás variantes de interés, incluidas Beta, Lambda y Delta. Pero el nuevo linaje tiene una serie de mutaciones adicionales. Todavía se están recopilando datos para comprender el impacto de este linaje en la transmisibilidad y en las vacunas.

El SARS-CoV-2, como todos los virus, muta con el tiempo, generalmente de una manera que le da al virus algún tipo de ventaja. Algunas de las mutaciones en el linaje C.1.2 han surgido en otras variantes de interés o preocupación del SARS-CoV-2. Pero todavía no se ha logrado una imagen completa.

Se necesitará una combinación de vigilancia exhaustiva continua (especialmente para ver si desplaza a la variante Delta, que prevalece actualmente) y estudios de laboratorio para caracterizar sus propiedades. Con base en el conocimiento actual de las mutaciones en este linaje en particular, se sospecha que podría evadir parcialmente la respuesta inmune.

Sin embargo, a pesar de esto, con base en lo que se sabe ahora, las vacunas seguirán ofreciendo altos niveles de protección contra la hospitalización y muerte.

Es esperable que sigan surgiendo nuevas variantes dondequiera que se propague el virus. La vacunación sigue siendo fundamental para proteger a las personas de las comunidades con alto riesgo de hospitalización y muerte, para reducir la tensión en el sistema de salud y para ayudar a retrasar la transmisión.

Esto debe combinarse con todas las demás medidas sociales y de salud pública. Por lo tanto, lo que se recomienda a la población es mantenerse alerta y continuar respetando el protocolo contra la COVID-19, lo que incluye una buena ventilación en todos los espacios compartidos y usar barbijo que cubra nariz, boca y barbilla.

Se ha comprobado que estas intervenciones no farmacéuticas previenen la propagación del SARS-CoV-2 independientemente de la variante.

Es poco probable que el linaje mutado afecte la sensibilidad de las pruebas de reacción en cadena de la polimerasa (PCR). Estas pruebas suelen detectar al menos dos partes diferentes del genoma del SARS-CoV-2, que sirve como respaldo en el caso de que surja una mutación en una de ellas.

Se están realizando estudios para evaluar las implicaciones en las pruebas de diagnóstico.

### **Por qué se necesita vigilancia**

La Red de Vigilancia Genómica de Sudáfrica conecta el Servicio Nacional de Laboratorios de Salud y los laboratorios privados de pruebas de COVID-19 con los centros académicos de secuenciación.

Esta colaboración ha permitido a los expertos sudafricanos generar y analizar rápidamente datos de secuencia para informar las respuestas regionales y nacionales. A fines de agosto de 2021, la variante Delta representaba más de 90% de las secuencias en el sur de África.

Pero la evolución del virus está en curso, siempre que el virus pueda propagarse de persona a persona, multiplicarse y transmitirse. Por lo tanto, es necesario continuar monitoreando su evolución, para detectar nuevas propiedades problemáticas de manera temprana e instituir contramedidas, cuando sea posible.