

Lo que se conoce y desconoce de las variantes del SARS-CoV-2 (II)

27/01/2021

Hasta ahora ya hemos tenido noticias de variantes del SARS-CoV-2 que han generado temor en el Reino Unido, Sudáfrica, Brasil y quizás en California, a las que, además, se les han asignado una mezcla de cifras y letras: B.1.1.7, N501Y, E484K y C-3P0.

En la publicación de [STATNEWS](#) se trata el asunto de lo que se conoce y se desconoce de ellas, y en nuestra Sección, por su extensión, desglosamos el contenido en dos partes.

¿Qué significa que un virus sea más transmisible?

Una variante con mayor transmisibilidad puede infectar a más gente y con mayor rapidez, lo que da lugar a un incremento del número de casos de COVID-19 en caso de no existir medidas de mitigación. Incluso si a título individual no hay más probabilidades de enfermar, el resultado global será el que se registrará mayor número de hospitalizaciones y de muertes. Una mayor diseminación del virus también hará necesaria una mayor proporción de población protegida para conseguir la inmunidad comunitaria, o lo que es lo mismo, necesitaremos vacunar a más población. También significa que esas variantes más contagiosas se pueden diseminar por comunidades que ya podrían tener el suficiente número de personas inmunes como para dificultar la circulación del SARS-CoV-2.

La llegada de variantes más transmisibles es una mala noticia, ya que significa que aquellas comunidades que ya estaban observando efectos protectores vuelven a ser vulnerables.

¿Qué está ocurriendo en Brasil?

Un estudio reciente ha estimado que tres cuartas partes de los residentes de la ciudad de Manaus ya estaban infectados por SARS-CoV-2 en el mes de octubre y la esperanza era que ese nivel de protección pudiera actuar como un amortiguador frente a la mayor transmisibilidad del virus. Pero el pasado mes comenzaron a aumentar los casos en esa ciudad y en el estado de Amazonas. Al secuenciar el genoma del virus, los investigadores encontraron que muchos de los casos estaban causados por una nueva variante, P.1, y alertaron que la mutación que incluía estaba potencialmente asociada con una mayor transmisibilidad y con una mayor propensión para reinfectar a la población.

Las causas del incremento de las infecciones podrían ser debidas a varios factores. Por una parte, la cepa P.1 pudiera evadir las respuestas inmunes preexistentes dejando a la población más susceptible a la reinfección -de hecho, ya se han comunicado casos de reinfecciones por esa cepa en el estado de Amazonas-. Por otra parte, la cepa es tan transmisible que puede diseminarse incluso en comunidades con una protección del 75%. Una tercera hipótesis sería que algunas personas infectadas meses atrás, vuelven a ser susceptibles a cualquier reinfección independientemente de las variantes (*waning* inmunitario). Una de las preguntas es si la protección residual y la memoria inmune tras el padecimiento será suficiente como para hacer que las reinfecciones sean menos graves.

¿Qué hacen los científicos a este respecto?

Básicamente, estudiar esta situación desde todos los ángulos. Una línea de investigación es examinar las mutaciones aisladamente o en el contexto de otros cambios en el genoma del ARN del virus. En esencia, una mutación por sí misma puede que no tenga un gran impacto, pero puede ayudar al virus a diseminarse mejor o a replicarse más rápidamente si coexiste con otras mutaciones. Otra vía es la de vigilar la aparición de otras variantes potencialmente peligrosas, aunque lleva su

tiempo averiguar cuál va a ser su comportamiento. En California, por ejemplo, los oficiales sanitarios en una rueda de prensa para discutir sobre la variante L452R -que ha pasado del 3.8% de las cepas secuenciadas en la primera quincena de diciembre al 25.2% de las secuenciadas en enero- comentaron que desconocían si era más infecciosa.

¿Qué se puede hacer?

Continuar con las mismas precauciones que se han recomendado en los últimos meses y quizás invertir en mejores mascarillas y vacunarse cuando se pueda. De hecho, las autoridades sanitarias de los Estados Unidos han subrayado que los actuales brotes no son solo consecuencia de la aparición de nuevas variantes sino también de una laxitud en las políticas de contención del virus y en la falta de precaución. Es muy fácil culpar solamente a la variante. La aparición de las variantes ha dado un nuevo argumentario a los expertos en relación a sus peticiones sobre lo que la población y los individuos deben hacer para reducir la transmisión. Si la reducimos, podremos comprar tiempo para que se vacuna un mayor número de personas antes de que la variante se haga dominante -lo que podría tener lugar en los Estados Unidos para el próximo mes de marzo-.

A medida que más se expanda el virus, más probabilidades de que aparezcan variantes. La evolución no solamente se debe al ambiente que encuentra el virus sino también al número de veces que nos la jugamos.

PD. En relación a las nuevas variantes, el *New and Emerging Respiratory Virus Threats Advisory Group* del Reino Unido ha comunicado que existe la posibilidad de que la variante inglesa B.1.1.7 se asocie a una mayor [letalidad](#).

Traducido y adaptado por José A. Navarro-Alonso M.D.

Pediatra. Comité Editorial A.E.V.

janavarroalonso@gmail.com