

## Qué sabemos sobre la nueva variante del SARS-CoV-2 detectada en Sudáfrica

Se ha identificado en Sudáfrica una nueva variante del coronavirus causante de la covid-19, con numerosas mutaciones presentes en otras variantes, incluida la delta. La variante B.1.1.529, como se la llama por ahora, parece propagarse con rapidez en el país. Estas son las reacciones rápidas de cuatro investigadores españoles expertos en vigilancia genómica.

SINC

26/11/2021 14:45 CEST



EFE/EPA/NIC BOTHMA

Tres expertos españoles en secuenciación y vigilancia genómica del nuevo coronavirus responden a nuestras preguntas sobre la nueva variante detectada en Sudáfrica, en declaraciones para el portal internacional de información fiable [Covid-19 Vaccine Media Hub](#), en el que SINC es el nodo español. Coinciden en señalar que sí es importante vigilar su evolución, pero sin alarmar a la población.

**¿Qué se sabe sobre esta nueva variante?**

## Iñaki Comas

**Codirector del consorcio SeqCovid-Spain, investigador del Instituto de Biomedicina de Valencia (IBV) CSIC**

De momento, poco. Por una parte acumula un número grande de mutaciones en la espícula, incluyendo algunas que creemos que están asociadas a mayor transmisibilidad y otras asociadas a una reducción de la eficacia de los anticuerpos. Sin embargo, al no verse nunca juntas, no podemos saber si esto es realmente así o no. Para ello se estarán realizando ya experimentos que nos permitan decir si la respuesta a los anticuerpos es similar o no, y en paralelo se mira su tasa de crecimiento epidemiológico, lo que nos permitirá saber si tiene mayor o menor transmisibilidad que delta.

---

“ *El hecho de que de momento se haya visto en crecimiento rápido en Sudáfrica, desplazando a delta, no indica necesariamente una ventaja en transmisibilidad*

Iñaki Comas, CSIC

”

El hecho de que de momento se haya visto en crecimiento rápido en Sudáfrica, desplazando a delta, no indica necesariamente una ventaja en transmisibilidad. Tenemos que esperar a ver qué curso sigue en Sudáfrica y, sobre todo, comparar con otros países, para ver si se hace un hueco o no. Por ejemplo, beta fue una que nos preocupó mucho en su momento pero nunca despegó más allá de Sudáfrica. Por tanto, hay que ver qué trayectoria sigue en países con diferentes situaciones epidemiológicas (vacunación, casos en crecimiento o decrecimiento, etc.). Sí que es verdad que en Sudáfrica se está usando un test rápido de identificación (la secuenciación genómica lleva un tiempo) y sí parece que está creciendo a una gran velocidad en las regiones en las que está.

## María Iglesias-Caballero

**Investigadora del Laboratorio de Referencia de Gripe y Virus Respiratorios en el Centro Nacional de Microbiología, Instituto de Salud Carlos III**

La variante ha sido detectada en Botsuana este mismo mes y adquiere especial relevancia debido a la gran cantidad de cambios que ha adquirido su espícula. Se le relaciona con el incremento de casos en Sudáfrica, estimándose que el 90 % de los casos detectados por PCR en la provincia de Gauteng pueden deberse a esta variante. De acuerdo a lo publicado por Tulio de Oliveira, director del Centro de Respuesta Epidémica e Innovación en Durban, en menos de dos semanas se ha convertido en el linaje circulante dominante, desbancando a la variante delta mayoritaria hasta el momento en dicha provincia.

### **Fernando González Candelas**

**Catedrático de Genética. Codirector del consorcio SeqCovid-Spain.  
Investigador de FISABIO-Universitat de València**

Es una variante ligada a un brote en una zona en la que había muy poca circulación del virus y mucha población no vacunada. Esta variante enseguida parece que esté creciendo de forma desmesurada, sobre todo, porque al estar asociada a un brote, casi todos los casos que dan positivos están relacionados con él y su frecuencia relativa es inmediatamente muy elevada. Eso hace que aparentemente su tasa de crecimiento sea espectacular.

---

“ *Es una variante ligada a un brote en una zona en la que había muy poca circulación del virus y mucha población no vacunada*

Fernando González-Candelas, FISABIO ”

Por otra parte, y esto no hay que olvidarlo, sí que es cierto que tiene muchísimas más mutaciones que las variantes que hemos visto hasta el momento. Solamente en la proteína S, en la espícula, ya hay 32 mutaciones respecto del virus original de Wuhan. Muchas de estas mutaciones en la espícula, además, se han visto en variantes de preocupación y variantes de interés previamente, pero esta es la primera en que, digámoslo así, reúne a muchísimas de ella en un solo genoma.

Lo que no está todavía claro y tardará tiempo en saberse con datos fehacientes y fiables es si la acumulación de todas esas mutaciones realmente tiene el efecto de aumento de la transmisibilidad, el escape posible a la inmunidad vacunal o a la de la infección previa, o si es más virulenta y tiene un peor progreso las personas infectadas. De todo eso no se tiene ningún dato y todo lo que podemos hacer por el momento es especular al respecto.

### **Francisco Díez Fuertes, investigador en el Centro Nacional de Microbiología del Instituto de Salud Carlos III**

Todavía es pronto para hacer valoraciones sobre esta nueva variante del linaje B.1.1.529. Es cierto que posee muchas mutaciones en la proteína de la espícula que se han encontrado en otras variantes de interés y de preocupación, como las variantes alpha y delta, asociadas en algunos estudios a una posible mayor capacidad de transmisión y una posible respuesta diferente a anticuerpos neutralizantes, pero hay que esperar a la vigilancia y a disponer de más datos.

El ECDC ya reconoce esta variante como variante de interés a la espera de valorar su designación como variante de preocupación en función de su repercusión epidemiológica en la Unión Europea.

### **¿Merece especial atención en tu opinión?**

#### **Iñaki Comas**

Sí, la merece. No tanto por lo que sabemos que hace, que de momento es poco, como por el potencial que tiene la combinación de mutaciones que vemos. Muchas de ellas las hemos visto en otras variantes de preocupación. Por tanto, sin caer en alarmismos, hay que seguirla y ver si estamos en un escenario como el de delta de hace unos meses o si es una falsa alarma.

---

“ *Lo importante es tener en todo el mundo la capacidad de identificar estas amenazas potenciales, seguirlas y valorarlas*

Iñaki Comas, CSIC

”

Lo importante es tener en todo el mundo la capacidad de identificar estas amenazas potenciales, seguirlas y valorarlas. La gran mayoría no llegan a nada pero algunas, como delta, han desplazado a las variantes anteriores haciendo un poco más difícil el control epidemiológico.

En cualquier caso, ahora más que nunca, recordar que la prevención se basa en múltiples capas, todas ellas imperfectas pero juntas muy buenas. La mejor capa que tenemos son las vacunas pero con delta hemos visto que no paran suficientemente la transmisión. Sin embargo eso sí ocurre cuando añadimos las mascarillas, la distancia y la ventilación. Y esa lección nos vale para cualquier variante pasada, presente y futura.

### María Iglesias-Caballero

En mi opinión es importante vigilar la circulación de esta variante y caracterizar sus cambios. La caracterización fenotípica de este conjunto de cambios en la espícula es muy importante, ya que entre los numerosos cambios descritos se encuentran cambios que pueden mejorar la afinidad por el receptor, como los cambios N440K y S477N, cambios que pueden tener un impacto en la actividad de los anticuerpos neutralizantes, como los cambios E484A, T478K y Q493K, y cambios que pueden afectar al procesamiento de la proteína y como consecuencia a su transmisión, como los cambios N679K y P681H. Por tanto, es muy relevante el estudio fenotípico de esta combinación de cambios para conocer su impacto real.

---

“ *Hasta que no se tenga un mejor conjunto de datos, sería poco riguroso hacer afirmaciones sobre transmisión o protección de las vacunas*

María Iglesias-Caballero, ISCIII

”

Hasta que no se tenga un mejor conjunto de datos, tanto epidemiológicos como virológicos, sería poco riguroso hacer afirmaciones sobre transmisión o protección de las vacunas, aunque para las personas que trabajamos en

los sistemas de vigilancia cada aparición de una nueva variante merece toda nuestra atención y trabajo.

### **Fernando González Candelas**

Sí merece atención, pero eso: atención. Tenemos que ver que es lo que sucede con ella en más entornos, y si llega a otros países qué es lo que pasa. Para eso hay que vigilar, pero una cosa es vigilar y otra cosa es alarmar. No parece que la situación requiera una alarma, sí una vigilancia parecida a la que se estaba realizando previamente con el resto de variantes.

Las vacunas siguen teniendo la efectividad elevada que tienen. Hemos visto que con el tiempo la efectividad de las vacunas va disminuyendo, de ahí las dosis de refuerzo, y no cabe prever que con esta variante vaya a ser distinto. Por tanto, vigilar pero no alarmar.

### **A la luz de lo que se sabe, ¿podría afectar a la efectividad de las vacunas?**

#### **Iñaki Comas**

No lo sabemos todavía, hemos visto anteriormente alguna de las mutaciones más preocupantes en ese sentido en otras variantes pero también sabemos que es la combinación de todas las mutaciones, cómo se combinan en una variante concreta, lo que determina su comportamiento. Algunas mutaciones de esta variante sabemos que reducen la neutralización por anticuerpos porque las hemos visto antes, no es buena noticia, pero la respuesta inmune es mucho más compleja que la mediada por anticuerpos, incluyendo la respuesta celular que todos tenemos pero raramente se mide porque no es fácil.

Lo que sabemos es que variantes que llevaban alguna de las mutaciones reducían un poco la efectividad pero no en gran manera y seguía habiendo buena protección contra hospitalización y muerte.

#### **María Iglesias-Caballero**

Son necesarios estudios serológicos que muestren el impacto de esta

variante en las personas vacunadas. De forma teórica, este conjunto de cambios tiene el potencial de afectar a la protección conferida por las vacunas. Además, se ha descrito la infección por esta variante en algunos vacunados con pauta completa por Pfizer, Janssen y Astra Zeneca. La realidad es que, por el momento, la muestra estudiada es pequeña, por lo que no tenemos información completa al respecto.

---

“ *Son necesarios estudios serológicos que muestren el impacto de esta variante en las personas vacunadas* ”  
María Iglesias-Caballero, ISCIII

### Fernando González Candelas

Con lo que sabemos, no tenemos evidencia de que pueda afectar. Sabemos que tiene algunas mutaciones que disminuyen la capacidad de neutralización de anticuerpos concretos, pero las vacunas no disparan la producción de un único anticuerpo, sino de muchos anticuerpos (posiblemente decenas de ellos).

No parece que este virus tenga la capacidad de eludir simultáneamente a todos los anticuerpos que se producen cuando una persona es vacunada. Disminución sí, pero no como para que tengamos que pensar que va a haber un aumento de la incidencia grave en personas infectadas con esta variante a pesar de estar vacunadas, lo cual no quiere decir que no se tenga que estar vigilando para, si se produce eso, tomar las medidas de control, de revacunación o de nueva formulación vacunal necesarias para corregir esa desviación indeseable.

Derechos: **Creative Commons.**

TAGS

COVID-19 | VARIANTE | SUDÁFRICA | SARS-COV-2 | CORONAVIRUS |

Creative Commons 4.0

Puedes copiar, difundir y transformar los contenidos de SINC. [Lee las condiciones de nuestra licencia](#)

