

Valencia / Madrid, 30 de octubre de 2020

## **Una nueva mutación del SARS-CoV-2 surgió en España en verano y se extendió por Europa, según un estudio**

- **Un análisis internacional con participación del CSIC ha secuenciado muestras del virus de la segunda ola y ha observado que esta mutación es prevalente en varios países**

Un estudio internacional con participación de investigadores del Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC) ha identificado una variante genética del SARS-CoV-2, causante de la Covid-19, que se habría originado en España en verano y se habría extendido por Europa durante el otoño, pasando a ser la variante dominante. La variante, denominada 20A.EU1, se caracteriza por mutaciones que modifican, entre otras partes del virus, la proteína spike (o proteína S), la “llave” que permite al virus entrar en las células. Por el momento, no hay evidencias de que estas mutaciones del virus incrementen su transmisión o virulencia. Los resultados del estudio [se publican en un artículo](#) pendiente de revisión por pares.

Gracias a un esfuerzo internacional liderado por la Universidad de Basilea y la universidad ETH de Zúrich, con participación del consorcio [SeqCovid-Spain](#), dirigido por investigadores del CSIC y financiado por el Instituto de Salud Carlos III, se ha logrado identificar esta nueva variante del coronavirus. España es uno de los países que más contribuye con secuencias del coronavirus del mundo; solo por detrás de Reino Unido en la Unión Europea. Este consorcio está siendo clave no solo para comprender la propagación del virus sino también para identificar sus posibles mutaciones.

Para determinar si esta nueva mutación influye en la transmisión o la gravedad de la enfermedad, el CSIC ha organizado un grupo de trabajo con participación de varios institutos, coordinado por la [PTI Salud Global](#), que va a estudiar simultáneamente diferentes aspectos de la biología asociada a esta nueva variante. El Centro Nacional de Biotecnología (CNB-CSIC) está estudiando la composición molecular del coronavirus mediante el crio-microscopio más potente de España, impulsado con fondos europeos FEDER y el apoyo del Ministerio de Ciencia e Innovación.

El análisis de los investigadores sugiere que esta nueva variante se originó en el noreste de España a principios de verano. La variante se extendió a la población local y se expandió rápidamente por todo el país, y ahora “explica” casi el 80% de las secuencias de España.

“Hemos visto un patrón similar con otras variantes en España en la primera ola en primavera”, indica el investigador del CSIC en el Instituto de Biomedicina de Valencia (IBV) Iñaki Comas, co-autor del estudio y coordinador del consorcio SeqCovid-Spain. “Una variante impulsada por un evento supercontagador inicial puede rápidamente hacerse prevalente en todo el país.”

“Acontecimientos semejantes que ocurren posteriormente pueden dar lugar al desplazamiento de las variantes predominantes por otras nuevas. Esto es más fácil tras un descenso importante de las infecciones, como el ocurrido durante la desescalada”, indica Fernando González-Candelas, catedrático de la Universidad de Valencia en el Instituto de Biología Integrativa de Sistemas ([I2SysBio](#)) y corresponsable del proyecto.

A partir de julio, esta variante se habría desplazado al reabrirse las fronteras en toda Europa, y ahora ha sido identificada en 12 países europeos, además de haber sido exportada a Hong Kong y Nueva Zelanda. Asimismo, mientras que la difusión inicial de esta variante se debió probablemente a viajeros que iban o procedían de España directamente, el análisis revela que después la variante podría haber continuado extendiéndose desde países secundarios.

Actualmente, esta nueva variante está presente en el 90% de secuencias de Reino Unido, en el 60% de secuencias de Irlanda, y entre el 30 y 40% de secuencias de Suiza, Francia y Países Bajos. También ha sido identificada en Bélgica, Alemania, Italia, Letonia, Noruega y Suecia. El análisis genético indica que la variante ha viajado por lo menos docenas de veces -y probablemente cientos de veces- entre países europeos.

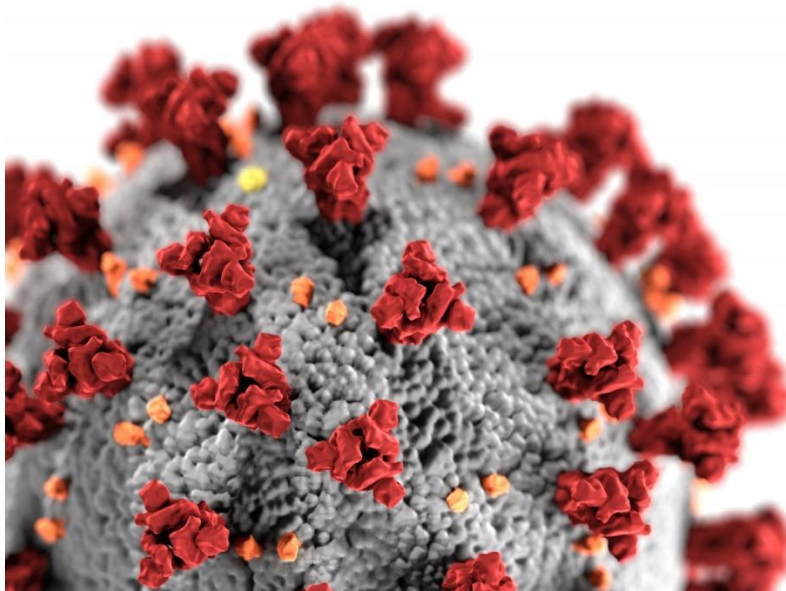
Los autores del estudio advierten, no obstante, que esta no es la única variante que está en circulación. De hecho, en algunos países con aumentos importantes de casos de Covid-19, como Bélgica o Francia, otras variantes son prevalentes.

### La secuenciación genómica es vital en el seguimiento de la pandemia

Los investigadores del estudio enfatizan la importancia de la secuenciación para detectar y monitorizar estas variantes. “Solo a través de la secuenciación podemos identificar las nuevas variantes del SARS-CoV-2 cuando surgen, y monitorizar su propagación dentro de los países y entre ellos. Lamentablemente, la limitación en la disponibilidad de secuencias recientes en muchos países significa que no comprendemos completamente el papel potencial de esta nueva variante mientras los casos de Covid-19 crecen en toda Europa”, dice la co-autora principal Emma Hodcroft, de la Universidad de Basilea.

La nueva variante fue identificada por primera vez por Hodcroft durante un análisis de secuencias suizas que utilizó la plataforma Nextstrain, desarrollada conjuntamente por la Universidad de Basilea y el centro Fred Hutchinson Cancer Research en Seattle, Washington (EEUU). “Gracias a las secuencias que los científicos están haciendo públicas, podemos vigilar cómo los clusters de secuencias europeas cambian a lo largo del tiempo y conectan con otros países”, dice Moira Zuber, co-autora y doctoranda en la Universidad de Basilea, que ayuda a mantener los análisis de SARS-CoV-2 en la plataforma Nextstrain. “Pero el número de secuencias que tenemos varía entre países, y podríamos ser capaces de identificar antes nuevas variantes si tuviésemos secuenciaciones más rápidas y regulares en toda Europa”.

Emma B. Hodcroft, Moira Zuber, Sarah Nadeau, Inaki Comas, Fernando Gonzalez Candelas, SeqCOVID SPAIN consortium, Tanja Stadler, and Richard A. Neher. ***A rapidly spreading SARS-CoV-2 variant in Europe in summer 2020***. DOI: <https://doi.org/10.1101/2020.10.25.20219063>



Recreación del coronavirus SARS-CoV-2. / CDC

**Más información:**

g.prensa@dicv.csic.es

Tel.: 963 622 757

**CSIC Comunicación Valencia**<http://www.dicv.csic.es>