

Variante P.1: más contagiosidad y evasión a los anticuerpos

Roxana Tabakman

8 de marzo de 2021

Encuentre las últimas noticias y orientación acerca de la COVID-19 en el [Centro de información sobre el coronavirus \(SARS-CoV-2\)](#).

La carrera contra el tiempo para conocer más y mejor la [variante de interés P.1](#), identificada inicialmente en turistas japoneses procedentes de Manaus y detectada en la actualidad en varios estados brasileños y casi en 20 países, ha empezado a dar frutos.^[1]

Un estudio pendiente de publicación (todavía sin revisión científica externa) llevado a cabo por investigadores de la *Fundação Oswaldo Cruz* (Fiocruz) *Amazônia*, indica que en adultos infectados por la variante P.1 la carga viral es 10 veces mayor que en otras variantes del SARS-CoV-2. Se obtuvieron muestras con y sin P.1 de las vías respiratorias altas en el mismo plazo de tiempo después del inicio de los síntomas.

"Se realizó un estudio para entender mejor la causa de esta propagación extensa de la variante P.1. Una comparación de la cantidad de virus en las muestras de pacientes infectados por la variante P.1 y en pacientes infectados por otras variantes muestra con claridad que la infección por P.1 genera más carga viral en adultos", declaró a *Medscape* el Dr. Felipe Naveca, vicedirector de investigación de la *Fundação Oswaldo Cruz Amazônia* y autor principal del estudio.

"Fue un hallazgo sorprendente. Analizamos solo las muestras evaluadas con la misma unidad de extracción y con el mismo protocolo de prueba de reacción en cadena de la polimerasa en tiempo real y conseguimos demostrar esta diferencia entre los dos grupos con casi 500 muestras. Para comprobar si podía haber sesgo por sexo o edad separamos las muestras por sexo en grupos de 18 a 59 años. La diferencia seguía siendo estadísticamente significativa con un valor de p muy próximo a 0,001", afirmó el Dr. Naveca.

La carga viral en las muestras no se midió de manera directa. Los investigadores hicieron una estimación mediante el ciclo umbral-número de ciclos de amplificación necesarios para detectar ARN viral con la prueba de reacción en cadena de la polimerasa con transcriptasa inversa (RT-PCR). Cuanto más bajo es el ciclo umbral más alta es la carga viral. Observamos que la mediana de ciclo umbral en las muestras P.1 era más baja que en las muestras no P.1 con carga viral casi 10 veces mayor.

Si en adultos había amplia diferencia entre las cargas virales de las muestras P.1 y no P.1, en las personas de edad avanzada la significación estadística de esa diferencia era escasa. Los autores lo atribuyeron a limitaciones de muestreo o a causas biológicas (las personas de esa franja de edad pueden tener la misma vulnerabilidad a todos los linajes del virus).

Para los investigadores de la *Fundação Oswaldo Cruz Amazônia* estos datos indican que los adultos infectados por la variante P.1 son más infecciosos que los infectados por otras variantes. Una carga viral elevada en las vías respiratorias altas aumenta la probabilidad de expulsar más virus y de infectar a las personas cercanas.

En un segundo estudio, también pendiente de publicación, un equipo de investigadores dirigido por la profesora Ester Sabino, de la *Universidade de São Paulo*, en San Pablo, Brasil, identificó también carga viral más alta en muestras de la variante P.1.^[2] Sin embargo, las diferencias no eran estadísticamente significativas. Según los investigadores, una de las causas puede ser el tamaño pequeño de la muestra.

"Aunque observamos patrones interesantes, todavía no podemos obtener una conclusión definitiva ni podemos determinar si la infección por la variante P.1 está asociada de manera definitiva con aumento de la carga viral o una duración más prolongada de la infección", indicó.

Consultado por *Medscape en portugués*, el Dr. Julival Ribeiro, especialista en enfermedades infecciosas de la *Sociedade Brasileira de Infectologia*, que no participó en el estudio, destacó que "el incremento de la carga viral aumenta la probabilidad de transmisión del coronavirus, pero una carga viral alta no significa que estos pacientes tengan una enfermedad más grave".

"Son necesarios más estudios para saber si esta variante altera el estado clínico del paciente", destacó.

¿Causa del caos?

Un equipo de la *Fundação Oswaldo Cruz Amazônia* secuenció 250 genomas del SARS-CoV-2 a lo largo de casi 1 año con la intención de conocer mejor el virus. El muestreo cubrió lo que denominaron primer pico de la pandemia en abril de 2020 y un segundo pico entre diciembre de 2020 y principios de 2021.

El Dr. Naveca señaló: "Ahora hemos alcanzado casi 1 año de seguimiento y nuestros resultados muestran que a lo largo de este periodo han predominado tres linajes".

"El D.1.195 fue responsable del primer pico, provocando la primera situación caótica en el estado de Amazonas. Cuando estábamos saliendo de esa fase negativa comenzó a detectarse un linaje B.1.28 que ya circulaba en algunas zonas del país y estuvo bastante tiempo circulando en el estado de Amazonas. A partir de un grupo de estos linajes surgió P.1, una nueva variante de interés. La muestra más antigua era del 4 de diciembre de 2020, pero los datos de filogenia calculan un origen entre mediados de noviembre y la primera semana de diciembre".

Aparte de otros indicios de la presencia de mutaciones con consecuencias clínicas potencialmente relevantes, un análisis más profundo del comportamiento de P.1 indica que cada sustitución de predominio de la infección por un linaje nuevo coincide con una relajación del distanciamiento social en el estado de Amazonas. Según los autores, la ausencia de esta y otras medidas que evitan el contagio probablemente favoreció la transmisión inicial de P.1 y la contagiosidad alta de esta variante aceleró todavía más el incremento rápido de los casos de infección por SARS-CoV-2 y de ingresos por COVID-19 en Manaus después de su aparición.

Si el primer pico fue grave, el segundo, que empezó en diciembre de 2020 ante la aparición de P.1, fue peor todavía. Esta variante tardó menos de dos meses en convertirse en el linaje predominante y era casi dos veces más contagiosa que su linaje parental.

Los datos también indican que las medidas aplicadas en Manaus desde finales de diciembre fueron eficaces para disminuir la tasa de contagio de 2,6 a 1,2, pero no lograron controlar la epidemia, permitiendo la propagación de P.1 en el estado de Amazonas.

Evasión inmunitaria

Los hallazgos del estudio realizado por la profesora Sabino y por investigadores del [Centre for Arbovirus Discovery, Diagnosis, Genomics and Epidemiology](#) indican que la variante P.1 es probablemente más contagiosa y tiene más capacidad de evasión a los anticuerpos formados después de la infección por SARS-CoV-2.^[3]

Mediante un modelo dinámico que integra datos genómicos y de mortalidad, este grupo de investigadores calculó que la variante P.1 puede ser 1,4 a 2,2 veces más contagiosa y tener probabilidad de 25% a 61% de evasión a la inmunidad protectora inducida por la infección anterior por linajes no P.1.

No obstante, los investigadores advierten que será preciso obtener datos más detallados para saber con certeza qué y cuánto es peor (o mejor) P.1 desde el punto de vista epidemiológico comparada con otras variantes del coronavirus nuevo. La Dra. Sabino declaró a *Medscape en portugués*: "Ahora deben hacerse estudios en otras regiones en las que puede estar empezando una epidemia por P.1. El estudio ideal para comprobar estos hallazgos precisa unas cohortes amplias de personas con seguimiento mediante muestreo sistemático".

Próximos pasos

Los investigadores de la *Fundação Oswaldo Cruz Amazônia* temen una posible diseminación de otras variantes relevantes a nivel estatal e insisten en la importancia de un sistema de vigilancia molecular continua para rastrear en tiempo real la diversidad viral en Brasil. Impulsados por factores intrínsecos del virus y también por características del entorno en el que circula, la aparición de linajes nuevos puede convertirse en un fenómeno recurrente en la evolución local del SARS-CoV-2.

Los investigadores del *Centre for Arbovirus Discovery, Diagnosis, Genomics and Epidemiology* valoran la importancia de la disponibilidad inmediata de los datos de vigilancia genómica por equipos de todo el mundo, que permitió detección y caracterización rápida de P.1, pero afirman que la vigilancia genómica actual es insuficiente para determinar la extensión de la diseminación de P.1 fuera de Brasil y para detectar otras variantes de interés. Asimismo, se necesitan con urgencia estudios para evaluar la eficacia práctica de las vacunas en respuesta a P.1.^[2]

Los investigadores de los dos estudios coinciden en que las intervenciones no farmacológicas deben seguir teniendo un papel importante para prevenir la aparición de variantes nuevas hasta que todo el mundo tenga acceso a vacunas eficaces.

El Dr. Naveca, la Dra. Sabino y el Dr. Ribeiro han declarado no tener ningún conflicto de interés económico pertinente.

Siga a Roxana Tabakman de Medscape en español en Twitter [@RoxanaTabakman](#).

Para más contenido siga a Medscape en [Facebook](#), [Twitter](#), [Instagram](#) y [YouTube](#).

Referencias

1. Naveca F, Nascimento V, Souza V, Corado A, y cols. COVID-19 epidemic in the Brazilian state of Amazonas was driven by long-term persistence of endemic SARS-CoV-2 lineages and the recent emergence of the new Variant of Concern P.1. *Nature*. 25 Feb 2021. doi: 10.21203/rs.3.rs-275494/v1. [Fuente](#)

2. Faria NR, Mellan TA, Whittaker C, Claro IM, y cols. Genomics and epidemiology of a novel SARS-CoV-2 lineage in Manaus, Brazil. *Cadde Centre*. 25 Feb 2021. [Fuente](#)

3. Centre for Arbovirus Discovery, Diagnosis, Genomics and Epidemiology. Consultado en versión electrónica. [Fuente](#)

Medscape Noticias Médicas © 2021 WebMD, LLC

Citar este artículo: Variante P.1: más contagiosidad y evasión a los anticuerpos - *Medscape* - 8 de marzo de 2021.