

INFOGRAFÍA

Infografía del Mes

Liliana P. Cacique Barrón (@CaciqueIliana), Carmina Campos Muñoz (@CarminaMu_oz),
Luis Antonio M Ibarra (@luanmtzibarra), Vanessa Recillas Toledo (@VanessaRecillas)

Instructores del Departamento de Salud Pública de la Facultad de Medicina, UNAM

SARS-CoV-2: nuevas mutaciones, nuevas variantes

Cuando el virus se replica en una célula infectada, puede haber errores en este proceso, los cuales conocemos como mutaciones. Estas mutaciones alteran el genoma del coronavirus.

Para identificar dichas variaciones, los virus deben compartir las mutaciones a su linaje. Un grupo de virus que comparten las mismas mutaciones se denominan variante.

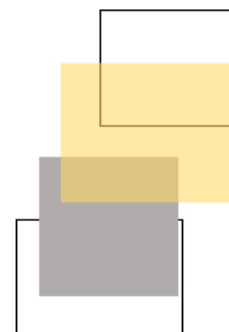
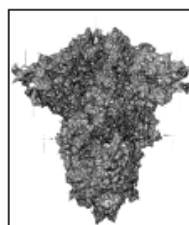
A lo largo de la pandemia, las variantes en el genoma del SARS-CoV2 han aumentado, lo cual puede prolongar la pandemia e incluso disminuir la efectividad de las vacunas actuales.

Linaje B.1.1.7

- Gran Bretaña, se denominó "Variante de preocupación 202012/01". También se conoce como 201.501Y.V1
- Se cree que el coronavirus del linaje B-1-1.7 son entre un 30-50% más contagioso y probablemente más mortal, según estudios en Gran Bretaña.
- Después de su descubrimiento en diciembre, emergió rápidamente en otros países y aumentó a un ritmo exponencial.
- 35% más mortal que otras variantes.
- Las vacunas aún funcionan contra este linaje. B.1.1.7, parece ser más infeccioso gracias a varias mutaciones en su proteína de espiga.
- Se ha encontrado en más de 90 países.

Mutaciones clave en la proteína espiga:

- N501Y, que ayuda al virus a aferrarse más estrechamente a las células humanas
- P681H, promueve la formación de nuevas proteínas espiga en células infectadas.
- Delecciones H69-V70 e Y144/145, evasión del sistema inmune.

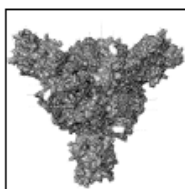


Linaje B.1.351

- Surgió en Sudáfrica en diciembre. Reduce la eficacia de algunas vacunas.
- Personas que se recuperan de otras variantes pueden no ser capaces de defenderse de B.1.351 porque sus anticuerpos no pueden adherirse firmemente.
- En vigilancia por la FDA para modificar esquemas de vacunación.

Mutaciones clave en la proteína espiga:

- N501Y, que ayuda al virus a aferrarse más estrechamente a las células humanas
- K417N, similar a K417Y. También ayuda a una adhesión más firme.
- E484K, que puede ayudar al virus a evadir algunos tipos de anticuerpos modificando la forma de las proteínas espiga.

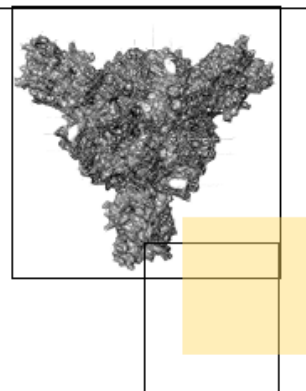


Linaje P.1

- Una variante conocida como 201/501Y.V3, del linaje coronavirus P.1, fue reportada por primera vez en Japón con cuatro personas que tenían antecedente de un viaje a Brasil.
- La variante parece haber surgido en octubre en Manaus
- P.1 es un pariente cercano de la variante B.1.351 que se encuentra en Sudáfrica.
- Puede ser capaz de superar la inmunidad innata desarrollada infecciones previas de otras variantes del coronavirus.
- P.1 se ha detectado en al menos 18 países.

Mutaciones clave en la proteína espiga:

- N501Y: Ayuda al virus a la adhesión con las células.
- K417T: Es el mismo sitio que la mutación K417N en el linaje B.1.351. También ayuda a su adhesión.
- E484K: que puede ayudar al virus a evadir algunos tipos de anticuerpos



Fuente: Corum J, Zimer C. Coronavirus Variants and Mutations. The New York Times. 2021 february 25. Disponible en: <https://buff.ly/3rylRi6> (traducción y adaptación de los instructores).