

La vigilancia del SARSCoV-2 en Zimbabwe muestra dominio de las variantes preocupantes

**Tapfumanei Mashe†, Faustinos Tatenda Takawira†, Hlanai Gumbo, Agnes Juru, Charles Nyagupe, Kenneth K Maeka, Sekesai Mtapuri-Zinyowera, Muchaneta Gudza-Mugabe, Leonardo de Oliveira Martins, Justin O'Grady, Robert A Kingsley, Andrew J Page‡, Raiva Simbi‡*

National Microbiology Reference Laboratory, Harare, Zimbabwe (TM, FTT, HG, AJ, CN, KKM, SM-Z); Quadram Institute Bioscience, Norwich, UK (AJP, LDOM, JOG, RAK); World Health Organization, Harare, Zimbabwe (MG-M); Ministry of Health and Child Care, Harare, Zimbabwe (RS)

The Lancet, [doi.org/10.1016/S2666-5247\(21\)00061-6](https://doi.org/10.1016/S2666-5247(21)00061-6), 10 de marzo, 2021.

Menos del 5% (23.815 de 537.360) de los genomas públicos del SARS-CoV-2 son de países de bajos y medianos ingresos, donde el 80% de la población mundial la población reside y han sido igualmente afectado por el COVID-19. La propagación mundial reciente de variantes preocupantes ha puesto de relieve la necesidad de una vigilancia global. La vigilancia genómica prospectiva del SARS-CoV-2 por secuenciación genómica en Zimbabwe, entre diciembre del 2020 y enero de 2021 (el período de la llamada segundo ola), ha identificado que las variantes con las mutaciones preocupantes, son las prevalentes en las muestras secuenciadas.

En diciembre de 2020, 95 (89%) de 107 casos secuenciados contenían las mutaciones preocupantes, llegando a 102 (98%) de 104 en enero de 2021. Las variantes identificadas incluyeron la reportado anteriormente B.1.351 (501Y.V2) y las variantes A.23.1, junto con una novedosa variante bajo investigación (C.2).¹⁻³

Las variantes B.1.1.7, B.1.525, P.1 y P.2 no fueron identificadas en Zimbabwe. Las variantes con las mutaciones preocupantes han reemplazado a los linajes previamente identificados en Zimbabwe (**apéndice**).⁴

En primer lugar, la variante B.1.351 de preocupación, originalmente identificada en Sudáfrica,² representó 74 (69%) de 107 casos secuenciados en diciembre de 2020, y 99 (95%) de 104 casos secuenciados en enero del 2021. La estructura de la población fue consistente con múltiples introducciones separadas. Zimbabwe es el segundo país, distinto a Sudáfrica, que informa que la variante B.1.351 la dominante hasta la fecha.⁵

Como en otros países, esta variante se ha asociado con aumento de la transmisibilidad, lo que resulta en sistemas de salud abrumados y en una mayor mortalidad que la primera oleada (**apéndice**).

En segundo lugar, la variante de preocupación A.23.1, primero reportado en Uganda,¹ fue observada en 3 (3%) de 107 casos secuenciados en diciembre, pero no se observó en 104 casos secuenciados en enero.

En tercer lugar, una variante denominada C.2 y que contiene una mutación de la proteína de pico (N501T) que se informó anteriormente en otro linaje del SARS-CoV-2 encontrado en un visón estaba presente en Zimbabwe en diciembre de 2020, y en enero de 2021. Se piensa que

N501T mejora la unión al receptor ACE2 en los visones.³ Una mutación en la misma ubicación, N501Y, está asociada con aumento de la transmisibilidad en humanos.

En diciembre de 2020, se encontró que 18 (15%) de los 117 casos eran de la variante C.2, mientras que, en enero de 2021, este número cayó a 3 (3%) de 104.

El análisis filogenético de los genomas internacionales de la variante C.2 indican que estaban intercalados los casos con los genomas C.2 de Zimbabwe, lo que indica que Zimbabwe era una posible fuente.

En conclusión, las variantes con mutaciones preocupantes identificadas en diciembre de 2020, y en enero de 2021, han reemplazado a los linajes previamente identificados en Zimbabwe.⁴ Esta observación destaca la importancia de la vigilancia global por secuenciación del genoma completo del SARS-CoV-2 para identificar las fuentes y las rutas de transmisión, y para proporcionar evidencia para apoyar las decisiones políticas.

Referencias

1 Bugembe DL, Phan MVT, Ssewanyana I, et al. A SARS-CoV-2 lineage A variant (A.23-1) with altered spike has emerged and is dominating the current Uganda epidemic. *medRxiv* 2021; published online Feb 11. <https://doi.org/10.1101/2021.02.08.21251393> (preprint).

2 Tegally H, Wilkinson E, Giovanetti M, et al. Emergence and rapid spread of a new severe acute respiratory syndrome-related coronavirus 2 (SARS-CoV-2) lineage with multiple spike mutations in South Africa. *medRxiv* 2020; published online Dec 22. <https://doi.org/10.1101/2020.12.21.20248640> (preprint).

3 Welkers MRA, Han AX, Reusken CBEM, Eggink D. Possible host-adaptation of SARS-CoV-2 due to improved ACE2 receptor binding in mink. *Virus Evol* 2021; **7**: veaa094.

4 Mashe T, Takawira FT, de Oliveira Martins L, et al. Genomic epidemiology of the SARS-CoV-2 epidemic in Zimbabwe: Role of international travel and regional migration in spread. *medRxiv* 2021; published online Jan 6. <https://doi.org/10.1101/2021.01.04.20232520> (preprint).

5 Mwenda M, Saasa N, Sinyange N, et al. Detection of B. 1-351 SARS-CoV-2 variant strain—Zambia, December 2020. *MMWR. Morb Mortal Wkly Rep* 2021; **70**: 280–82.