

Surgimiento en el sur de Francia de una nueva variante del SARS-CoV-2 de probable origen camerunés que alberga las sustituciones N501Y y E484K en la proteína de pico

Título corto: Una nueva variante del SARS-CoV-2 con las sustituciones N501Y y E484K en la proteína de pico o S

Lista de autores: Philippe COLSON^{1,2,3}, Jérémy DELERCE¹, Emilie BUREL¹, Jordania DAHAN⁴, Agnès JOUFFRET⁵, Florencia FENOLLAR^{1,2,6}, Nouara YAHI⁷, Jacques FANTINI⁷, Bernard LA SCOLA^{1,2,3}, Didier RAOULT^{1,2} *

Afiliaciones: Affiliations: 1 IHU Méditerranée Infection, Marseille, France; 2 Aix-Marseille Univ., Institut de Recherche pour le Développement (IRD), Microbes Evolution Phylogeny and Infections (MEPHI), Marseille, France; Assistance Publique-Hôpitaux de Marseille (AP-HM), Marseille, France; Laboratoire de Biologie Médicale, Marseille, France; Laboratoire de Biologie Médicale SYNLAB, France; 6 Aix-Marseille Univ., Institut de Recherche pour le Développement (IRD), Vecteurs – Infections Tropicales et Méditerranéennes (VITROME), Marseille, France; 7 Aix-Marseille Université, Marseille, France.

MedXriv, doi: <https://doi.org/10.1101/2021.12.24.21268174>, 29 de diciembre, 2021.

ABSTRACTO

Las variantes del SARS-CoV-2 se han convertido en un importante factor de preocupación virológico, epidemiológico y clínico, en particular con respecto al riesgo de escapar de la inmunidad inducida por vacunas.

Aquí describimos la aparición de una nueva variante. Para 12 pacientes con SARS-CoV-2 positivos que viven en la misma área geográfica del sureste de Francia, la PCR que busca las mutaciones de las variantes asociadas mostró una combinación atípica.

El caso índice regresó de un viaje de Camerún. Los genomas se obtuvieron mediante secuenciación de última generación con Tecnología Nanopore de Oxford, en instrumentos GridION, en aproximadamente 8 horas.

Su análisis reveló 46 mutaciones y 37 deleciones, que dan como resultado 30 sustituciones de aminoácidos y 12 deleciones. Catorce sustituciones de aminoácidos, incluidos N501Y y E484K, y 9 deleciones, se encuentran en la proteína S o de Pico. Este patrón de genotipo llevó a crear un nuevo linaje de Pangolin llamado B.1.640.2, que es un grupo hermano filogenético del antiguo linaje B.1.640, renombrado B.1.640.1. Ambos linajes difieren en 25 sustituciones de nucleótidos y 33 deleciones.

El conjunto de mutaciones y la posición filogenética de los genomas obtenidos aquí indican en base a nuestra definición anterior una nueva variante que llamamos "IHU".

Estos datos son otro ejemplo de la imprevisibilidad de la aparición de las variantes del SARS-CoV-2, y de su introducción en un área geográfica determinada del extranjero.

Traducción: Ramiro Heredia (ramiroherediamd@gmail.com)