

El 1,5% de los casos positivos por SARS-CoV-2 de un área de la Cataluña Central son consecuencia de la nueva variante británica

- Un total de 13 muestras, provenientes de personas sospechosas de haber adquirido la cepa británica del SARS-CoV-2, fueron enviadas a IrsiCaixa desde el laboratorio del Hospital San Juan de Dios de Manresa de la Fundación Althaia. IrsiCaixa ha podido demostrar, mediante la secuenciación de las muestras, que 11 de ellas pertenecen a esta nueva variante. Esto supone un 1,5% de los casos positivos detectados en este centro Manresa.
- Desde la segunda semana de enero hasta la cuarta, el porcentaje de infecciones sospechosas de ser causadas por la variante británica ha aumentado del 1,7 al 6,04%.
- Estos datos no se consideran representativos de lo que ocurre actualmente en el país, pero demuestran la importancia de secuenciar regularmente las muestras de SARS-CoV-2 para poder aplicar medidas preventivas más efectivas en función de la variante que circula entre la población.

Barcelona, 2 de febrero de 2021. Con la aparición de nuevas variantes del SARS-CoV-2, su rastreo y la caracterización de sus secuencias pasa a ser primordial para seguir avanzando en la lucha contra la pandemia. El laboratorio del Hospital San Juan de Dios de Manresa de la Fundación Althaia centraliza el procesamiento de muestras para realizar la PCR tanto de los centros del ICS como de los centros hospitalarios de las comarcas del Bages, Berguedà, Solsonès y Moianès, es decir una parte importante de la Cataluña Central. En estas pruebas se detectaron, la segunda semana de enero, que **13 de 757 muestras provenientes de pacientes con PCR positiva para SARS-CoV-2 eran sospechosas de contener la variante inglesa**. Para poder confirmar estos resultados, el Instituto de Investigación del Sida IrsiCaixa, centro impulsado conjuntamente por la Fundación "la Caixa" y el Departamento de Salud de la Generalidad de Cataluña, con la colaboración del Instituto de Investigación Germans Trias i Pujol (IGTP), ha llevado a cabo la **secuenciación de estas muestras y ha podido demostrar que 11 de las 13 muestras recibidas contenían la variante británica**. Estos son los resultados que se han obtenido en Althaia y, hoy por hoy, no son aplicables al resto de la población del país, pero ponen sobre la mesa la importancia de secuenciar el mayor número posible de muestras de SARS-CoV-2 ya que sólo de esta manera se podrán rastrear qué variantes del virus predominan en cada momento en el territorio.

El sistema de detección del SARS-CoV-2, llevado a cabo en el laboratorio de Althaia, consiste en una técnica que detecta diferentes partes del virus. En el caso de la **variante británica**, como la proteína Spike (S) está modificada, **el sistema de detección reconoce todas las partes del virus, excepto la proteína S**. "Cuando el sistema no detecta la proteína S, significa que debemos sospechar que la muestra analizada contenga la variante británica", explica Marc Noguera Julian, investigador asociado del grupo de Genómica Microbiana en IrsiCaixa. "**Para poder confirmarlo, hay que secuenciar el virus entero**, es decir, leer letra por letra la información que hay en su genoma", añade.

De los 13 casos sospechosos de ser infecciones por la nueva variante, IrsiCaixa pudo secuenciar 11 de estas muestras y **en todas ellas se confirmó la presencia de la variante británica**. Estos resultados confirman que, la segunda semana de enero, el 1,5% de los casos de COVID-19 detectados por Althaia eran debidos a la variante británica. Desde entonces, y hasta la cuarta semana de enero, **los casos sospechosos, aún no confirmados, han aumentado del 1,7 al 6,04%**.

"Actualmente, estos porcentajes no son extrapolables a la población de Cataluña, ya que los resultados se han obtenido en una zona territorial concreta, pero podría estar pasando en otras áreas. Todo ello, nos demuestra la importancia de secuenciar rutinariamente para entender a qué nos estamos enfrentando ", remarca Roger Paredes, médico e investigador principal del grupo de Genómica Microbiana en IrsiCaixa. "Debemos tener una visión general de las variantes que circulan actualmente por Cataluña y España en general. Sólo así podremos aplicar las medidas pertinentes", añade.

IrsiCaixa, los servicios de Microbiología y Enfermedades Infecciosas del Hospital Germans Trias i Pujol y el servicio de Genómica Translacional del IGTP, forman el nodo de secuenciación del Campus Can Ruti, que pretende secuenciar más de 200 muestras a la semana. De este modo se quiere contribuir a la caracterización de las diferentes variantes del virus que circulan actualmente por el país.

Más información y entrevistas:

Comunicación IrsiCaixa

Tlf. 93 465 63 74 ext. 121

comunicacio@irsicaixa.es | www.irsicaixa.es | [@IrsiCaixa](https://twitter.com/IrsiCaixa)