CSIC
CONSEJO SUPERIOR DE INVESTIGACIONES CIENTÍFICAS

Nota de prensa

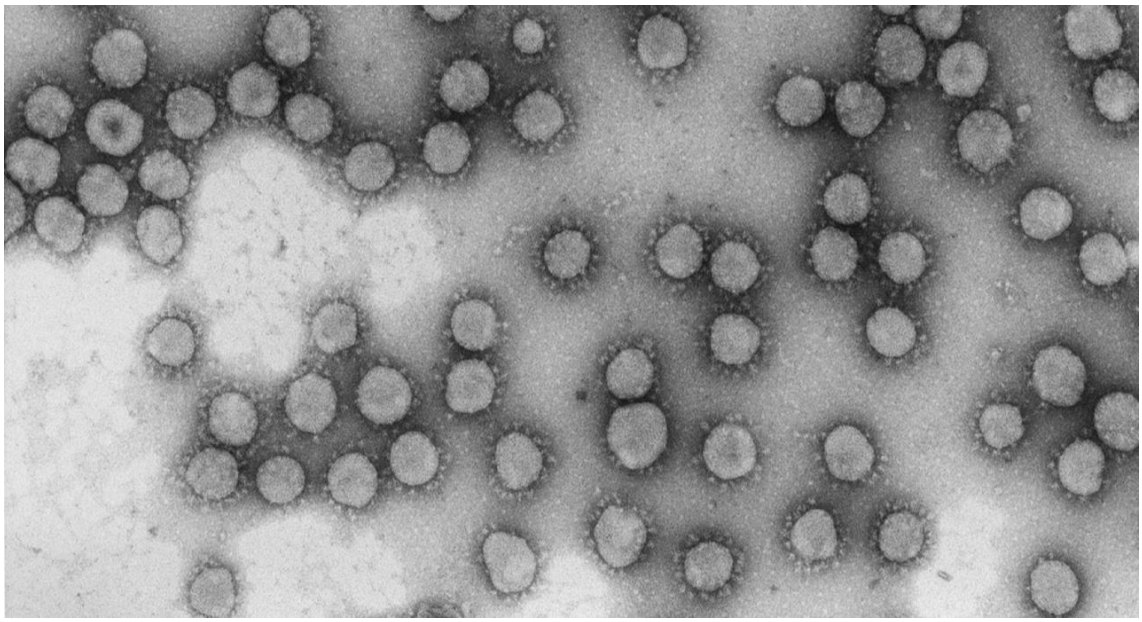
CSIC comunicación
Tel.: +34 91 568 14 77 / 618 40 95 65
g.prensa@csic.es
www.csic.es

Valencia / Madrid, lunes 26 de octubre de 2020

Un solo genotipo del coronavirus generó el 60% de los casos en la primera semana de marzo

- **Un trabajo del consorcio SeqCovid-Spain, liderado por investigadores del CSIC, ha recogido muestras del genoma del virus procedente de 30 hospitales de toda España**

- **Se ha identificado un genotipo que generó el 30% de todos los casos secuenciados, llegando a representar un 60% en la primera semana de marzo**



Virus de la familia coronaviridae. / Foto: Luis Enjuanes CNB-CSIC

Un equipo de investigadores con participación del Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC) ha publicado un informe que muestra el mapa de la diversidad genómica del SARS-CoV-2, causante de la Covid-19, durante los primeros tres meses de la epidemia (de febrero a abril), es decir, el periodo denominado como primera ola.

El estudio ha observado que la diversidad genómica del coronavirus en España es única en Europa, y más cercana a los genotipos del virus circulantes en Asia entre finales de

2019 y principios de 2020. Este hecho concuerda con la introducción temprana del virus en el país, sobre todo a partir de la segunda mitad de febrero de 2020, y con una expansión muy veloz a todo el territorio nacional para finales de febrero.

Este informe es fruto del trabajo de investigadores del consorcio SeqCovid, liderados por el investigador del CSIC **Iñaki Comas**, del Instituto de Biomedicina de Valencia (IBV-CSIC), y la viróloga **Mireia Coscolla**, del Instituto de Biología Integrativa de Sistemas (I2SysBio) del CSIC y la Universitat de València; junto con **Fernando González Candelas**, responsable de la Unidad Mixta de Investigación en Infección y Salud Pública de la Fundación para el Fomento de la Investigación Sanitaria y Biomédica (FISABIO) de la Generalitat Valenciana**.**

El consorcio SeqCovid-Spain aúna los esfuerzos de más de treinta hospitales de toda España, así como de laboratorios de genómica y salud pública. Como resultado, España es ahora mismo el segundo país de Europa con más muestras del genoma del virus recogidas, y el cuarto del mundo, con un total de 4.244 secuencias, de las cuales el consorcio ha secuenciado 3.800. Gran parte del esfuerzo de secuenciación se realizó en las instalaciones de la Fundación FISABIO pero también en diversos hospitales de España, entre los que se encuentran el Hospital General Universitario Gregorio Marañón de Madrid, el Hospital Clínic de Barcelona, el Centro de Investigación Biomédica de La Rioja, el Hospital San Pedro de Logroño, el Hospital de Elche y el Hospital Universitario Son Espases de Palma de Mallorca. El consorcio está financiado por la PTI Salud Global del CSIC y por el Instituto de Salud Carlos III, como mayor contribuyente.

Los análisis científicos identifican un mínimo de 519 entradas en el país dentro de las 2.170 secuencias del principio de la epidemia analizadas. No todas esas entradas tuvieron éxito epidemiológico; solo unas pocas llegaron a generar un número sustantivo de casos. Sin embargo, las pocas que cuajaron tuvieron un gran peso en la epidemia.

“Entre las secuencias analizadas se ha identificado un genotipo que generó el 30% de todos los casos secuenciados, llegando a representar un 60% en la primera semana de marzo”, indica Comas. “Una reconstrucción detallada de dicho genotipo demuestra que se introdujo múltiples veces y simultáneamente desde Italia, por lo menos en Madrid y Valencia, antes de que el país transalpino diera la voz de alarma”, añade.

“Al éxito de estas introducciones contribuyeron eventos de superdispersión, como un funeral en Vitoria, que ayudaron a este genotipo concreto a mantenerse y expandirse rápidamente”, precisa el investigador. “La alta movilidad entre provincias españolas hizo el resto para que el genotipo se convirtiera en el más exitoso de la primera ola en España”, indica.

Un confinamiento eficaz para atajar la propagación

Los análisis también demuestran la alta efectividad del confinamiento durante marzo y abril, que prácticamente eliminó estos genotipos exitosos, ya que no se han vuelto a detectar en la segunda ola. “De hecho, en la segunda ola se están viendo nuevos genotipos aparecer con patrones similares a los mencionados en este trabajo”, dice Comas.

El investigador advierte: “Uno de los mensajes más importantes extraídos del informe es la necesidad de tomar medidas de restricción a tiempo para contener estos genotipos antes de que se expandan y tengan un peso tan importante en la epidemia. Como ocurre en otras partes del mundo, al éxito de estos genotipos contribuye una combinación de múltiples introducciones asociadas a eventos de superdispersión y a una alta movilidad”.

Además, el informe sugiere la necesidad de implementar sistemas de vigilancia temprana que identifiquen la expansión de determinados genotipos localmente y entre provincias, de tal manera que se puedan tomar decisiones informadas sobre las actuaciones a realizar para contenerlos.

CSIC Comunicación