

# Comienza la Semana de la Ciencia 2020: el ISCIII organiza diversas actividades de divulgación científica

| 02/11/2020 |



Este lunes, 2 de noviembre, comienza la [Semana de la Ciencia y la Innovación 2020](#), una iniciativa de divulgación científica que se celebra en numerosos países y cuyo objetivo es fomentar el conocimiento y la participación activa del ciudadano en la práctica científica, haciendo partícipe a la sociedad civil del debate público sobre ciencia como un agente más del sistema. En Madrid, la Semana de la Ciencia está coordinada desde la Consejería de Ciencia, Universidades e Innovación de la Comunidad de Madrid, a través de la Fundación para el Conocimiento madri+d. Se celebra entre los días 2 y 15 de este mes.

El ISCIII ha programado diversas actividades para los próximos días. Desde el Centro Nacional de Microbiología se celebrarán los encuentros digitales '**Las células que nos defienden: el sistema inmunitario**', que tendrá lugar el miércoles día 4, y '**La PCR: el Sherlock Holmes de la ciencia**', el martes 10. Para ambos casos, la información y las inscripciones están abiertas [desde este enlace](#). En la actividad sobre el sistema inmunitario, las investigadoras María Montes y Maribel Cortegano explican cómo funcionan las defensas del organismo contra las infecciones, en una actividad dirigida principalmente a niños y niñas de primaria. En segundo lugar, la actividad sobre la PCR, prueba que permite localizar la presencia de patógenos en el organismo con mucha fiabilidad, estará protagonizada por el investigador Juan Echevarría, y se dirige a niños y niñas de secundaria.

Por otro lado, el Consorcio Centro de Investigación Biomédica en REd (CIBER) del ISCIII ha programado para esta semana y la próxima varias [actividades vinculadas a la campaña de divulgación '#QueSigaLaCiencia'](#), una iniciativa de divulgación científica para difundir la importancia de la investigación biomédica y el trabajo de los grupos de investigación temática del CIBER. En cuatro jornadas (días 3, 5, 6 y 10), se celebrarán jornadas de puertas abiertas online y, además, el viernes 13 se presentarán los vídeos de divulgación premiados en esta edición de **#QueSigaLaCiencia**.

El Centro Nacional de Investigaciones Cardiovasculares (CNIC) y el Centro Nacional de Investigaciones Oncológicas (CNIO) también han organizado actividades para esta Semana de la Ciencia y la Innovación. El CNIC ofrece el [viernes 13 una charla sobre COVID-19 para familias, niños y niñas](#) en la que un experto en inmunología hablará sobre la COVID-19 y explicará cómo se defiende el sistema inmunitario contra infecciones como la causada por este nuevo coronavirus. Por su parte, el CNIO ha programado para el [día 12 un encuentro, 'tod@s desarmando el cáncer'](#), con tres investigadores del centro, que explicarán de manera divulgativa cómo es su trabajo en investigación del cáncer.

Finalmente, la Red de Investigación en Sida, en colaboración con el Biobanco de VIH del Hospital Gregorio Marañón de Madrid, ha organizado la [actividad 'Ven a conocer el bioBanco VIH y la cohorte de la Red de Investigación en Sida'](#), en la que se explicará la labor de conservación de muestras biológicas.

## **Más información:**

- [Inscripciones a las actividades 'las células que nos defienden: el sistema inmunitario' y 'la PCR, el Sherlock Holmes de la Ciencia' del Centro Nacional de Microbiología'](#).
- [Inscripciones a la actividad ligada a la campaña #QueSigaLaCiencia del CIBER.](#)
- [Inscripciones a la actividad 'Charla sobre COVID-19 para familias' del CNIC.](#)
- [Inscripciones a la actividad 'Tod@s desarmando el cáncer' del CNIO.](#)
- [Inscripciones a la actividad 'Ven a conocer el biobanco VH y la cohorte de la Red de Investigación del Sida' de la RIS.](#) A medida que el virus circulaba surgieron variantes virales que contenían una mutación en la posición 614 de la espícula del virus (D614G), que fueron sustituyendo a las variantes iniciales que carecían de esta mutación y que llegaron a imponerse gracias a la ventaja evolutiva que supone y que puede que les otorgue una mayor capacidad infectiva.

El estudio explica que las variantes genéticas más frecuentes al principio de la epidemia acabaron siendo sustituidas por otras variantes virales caracterizadas por

presentar la mutación D614G, que se asocia a mayor capacidad de transmisión. Esta mutación en la proteína de la espícula del virus le dota de una ventaja evolutiva, lo que le ha permitido imponer su circulación a lo largo del tiempo y llegar a ser la variante dominante.

El primer objetivo de la investigación ha sido analizar la diversidad genética y la distribución viral observada en los primeros 12.500 genomas de SARS-CoV-2 publicados en la [base de datos GISAID](#), procedentes de todos los países que hasta el momento habían secuenciado el virus y entre los que se incluían un total de 290 genomas de España procedentes de 11 comunidades autónomas diferentes. 61 de estos genomas fueron secuenciados en el ISCIII y procedían de virus presentes en muestras respiratorias recibidas en el CNM entre la última semana de febrero y la primera de marzo, según explican los investigadores.

Francisco Díez, María Iglesias-Caballero y Javier García Pérez son los primeros firmantes del estudio e Inmaculada Casas y José Alcamí son los autores senior. Sara Monzón, Pilar Jiménez, Sarai Varona, Isabel Cuesta, Ángel Zaballos, Mercedes Jiménez, Laura Checa, Francisco Pozo, Mayte Pérez-Olmeda y Michael M Thomson han trabajado en diferentes aspectos de la investigación.

## **Cambios en las variantes predominantes**

En su trabajo se ha detectado al menos 62 introducciones de diferentes variantes de SARS-CoV-2 en España a lo largo de los primeros meses de la pandemia. La mayoría de estas variantes se agruparon en tres clados denominados en la literatura como 20A, 20B y 20C, caracterizados por la presencia de la sustitución D614G en la proteína de la espícula (en el 56% de los casos) y en el clado 19B, diferenciado por la sustitución L84S en el gen que codifica la ORF8 (40% de los casos). Estas 'señas de identidad genética' de las variantes pueden definir cambios antigénicos del virus que suponen ventajas e influyen en su transmisibilidad.

La alta prevalencia de variantes del clado 19B durante las primeras semanas de circulación es una de las características principales del inicio de la epidemia en España. Sin embargo, esta situación cambió drásticamente a partir de mediados de marzo, cuando la mutación D614G fue imponiéndose en los virus circulantes; al final de ese mes llegó a ser la variante mayoritaria o dominante, una situación que se mantiene a día de hoy. De hecho, desde finales del mes de junio sólo se secuencian variantes D614G. El segundo objetivo de este trabajo consistió en el seguimiento de esta mutación a lo largo de toda la epidemia en España y se ha realizado mediante un segundo análisis de los primeros 4.242 genomas secuenciados en España.

Los científicos del Centro Nacional de Microbiología también han comprobado si la mutación D614G confiere algún tipo de ventaja evolutiva al virus. Para ello, han realizado experimentos 'in vitro' con pseudovirus que expresan la proteína de la espícula con y sin la citada mutación, y han obtenido resultados que apoyan una posible mayor infectividad asociada a la variante D614G. Esta mayor capacidad infectiva en esta mutación es una de las hipótesis que podrían explicar la sustitución de las variantes más antiguas, que carecen de dicha mutación, observada en España a lo largo del inicio de la epidemia de SARS-CoV-2.

## **Cuatro clusters de transmisión local entre enero y febrero**

Por otro lado, la investigación ha determinado que cuatro de las 62 variantes introducidas de SARS-CoV-2 detectadas en España dieron lugar a cuatro clusters de transmisión local, que incluían un total de 110 secuencias diferentes del virus. Los análisis filodinámicos realizados al respecto permitieron caracterizar el origen geográfico y temporal de estas 4 variantes y situarlas en España entre finales de enero y principios de febrero del 2020, lo que confirma que el virus producía infecciones puntuales varias semanas antes del gran aumento de casos detectado a principios de marzo.

En concreto, dos de estas variantes presentaban la mutación L84S en el gen de la ORF8, y las otras dos, la mutación D614G en el gen de la espícula. Todo ello sugiere que el inicio de la epidemia en España estuvo marcado por un 'efecto fundador', con protagonismo de las variantes que carecían de la mutación D614G. En una etapa posterior, estas variantes que se habían expandido ampliamente al principio de la epidemia fueron completamente sustituidas por variantes D614G, debido a la citada ventaja evolutiva que parece otorgar dicha mutación.

## **Importancia de la epidemiología molecular aplicada al estudio de los virus**

Este estudio está enmarcado en el esfuerzo de establecer una vigilancia virológica en España, basada en estudios de epidemiología molecular y que en estos momentos se están aplicando al estudio del SARS-CoV2 con el objetivo de conocer datos objetivos acerca de la dinámica de circulación del virus y facilitar la adopción de medidas de mitigación adecuadas. El Centro Nacional de Microbiología ha reforzado sus capacidades para dar respuesta a las necesidades de secuenciación y análisis bioinformático, aunque es necesario continuar trabajando en colaboración con otros organismos de investigación y hospitales para disponer de datos que representen de

forma ágil y precisa la distribución geográfica y temporal del virus en España. Además de los aspectos genómicos del virus, la información debe integrarse y completarse con los datos clínicos y epidemiológicos para establecer la base de los sistemas de vigilancia epidemiológica de la pandemia.

**- Referencia completa del artículo:** Francisco Díez-Fuertes, María Iglesias-Caballero, Javier García Pérez, Sara Monzón, Pilar Jiménez, Sarai Varona, Isabel Cuesta, Ángel Zaballos, Mercedes Jiménez, Laura Checa, Francisco Pozo, Mayte Pérez-Olmeda, Michael M Thomson, José Alcamí, Inmaculada Casas. *Journal of Virology* Oct 2020, JVI.01583-20; DOI: 10.1128/JVI.01583-20