

Centro de Coordinación de Alertas y  
Emergencias Sanitarias

## EVALUACIÓN RÁPIDA DE RIESGO

# Circulación de VOC 202012/01 (B.1.1.7) y otras variantes de SARS-CoV-2 de interés para la salud pública en España

20 de enero 2021

### Resumen de la situación y conclusiones

El 14 de diciembre de 2020, Reino Unido declaró un aumento de la incidencia de SARS-CoV-2 en algunas regiones de su país (este y sureste de Inglaterra y área metropolitana de Londres) asociada a una nueva variante del virus, que se ha denominado VOC 202012/01 (B.1.1.7) con una supuesta mayor capacidad de transmisión y que circulaba en el país desde el mes de septiembre. En la segunda semana de 2021, el porcentaje acumulado de detección de la variante sobre el total de secuencias en Inglaterra, se estima en más del 76%.

La variante VOC 202012/01 (B.1.1.7) implica un mayor riesgo de transmisión lo que podría condicionar un aumento de la incidencia de casos de COVID-19. Las personas infectadas por esta variante, sin embargo, no tienen mayor riesgo de padecer una enfermedad grave. Tampoco parece afectar a la eficacia de la inmunidad natural y, por el momento, no hay evidencias de que la variante afecte de forma importante a la efectividad de las vacunas. La variante B.1.1.7 está presente en España, y de momento se ha detectado en varias Comunidades autónomas. El riesgo de nuevas introducciones y diseminación se considera muy alto. El impacto sobre la presión asistencial en este momento se considera bajo pero podría llegar a ocasionar un mayor número de ingresos de forma proporcional al aumento de la incidencia. Con la información disponible en este momento, el riesgo de reinfecciones por esta variante así como la reducción de la efectividad vacunal se considera bajo.

Además, se han notificado otras dos nuevas variantes de interés asociadas a un incremento de transmisión. Una en Sudáfrica, donde se ha hecho muy prevalente, la denominada variante 501Y.V2 perteneciente al linaje B.1.351 y que se ha detectado en varios países europeos. La otra, perteneciente al linaje B.1.1.28.1 (P1) se ha identificado en Japón, en 4 viajeros procedentes de Brasil, en donde ha aumentado mucho su incidencia, especialmente en la región amazónica de Manaus. Hasta el momento ninguna de estas otras variantes ha sido detectada en nuestro país.

## Justificación de la evaluación de riesgo

La notificación por parte de Reino Unido de una nueva variante de SARS-CoV-2 asociada a una mayor transmisibilidad, junto con el incremento de la incidencia de COVID-19 en este país, supone un riesgo de introducción en España de esta variante, que pueda generar un incremento de la incidencia mayor del esperado. La aparición de ésta u otras variantes de interés para la salud pública (más transmisibles, o con mecanismos para escapar a la actuación de la inmunidad) justifica la realización de esta evaluación de riesgo para España.

### Equipo CCAES y expertos consultados

**Equipo CCAES** (orden alfabético):

Esteban Aznar Cano, Lucía García San Miguel Rodríguez-Alarcón, Óscar Pérez Olasso, María José Sierra Moros, Fernando Simón Soria, Berta Suarez Rodríguez.

**Otros expertos y filiación:**

#### **Centro Nacional de Microbiología, Laboratorio de Virus Respiratorios y Gripe**

Inmaculada Casas Flecha, Francisco Pozo, María Iglesias-Caballero, Sonia Vazquez-Morón

**Centro Nacional de Epidemiología** (orden alfabético):

Rosa Cano Portero, Concha Delgado Sanz, María Guerrero, Amparo Larrauri, Marina Peñuelas

**Instituto de Biomedicina de Valencia** (CSIC). CIBER en Epidemiología y Salud Pública:

Iñaki Comas Espadas

**Universidad de Valencia y FISABIO** (Fundación para el Fomento de la Investigación Sanitaria y Biomédica de la Comunitat Valenciana). CIBER en Epidemiología y Salud Pública:

Fernando González Candelas

**Citación sugerida:** Centro de Coordinación de Alertas y Emergencias Sanitarias. Circulación de VOC 202012/01 (B.1.1.7) y otras variantes de SARS-CoV-2 de interés para la salud pública en España. Evaluación Rápida de Riesgo, Madrid, 20 de enero 2021.

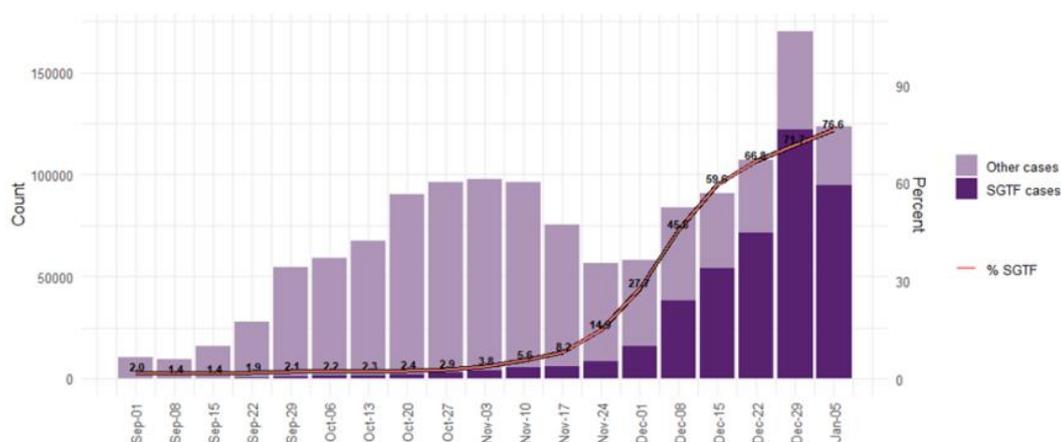
## Información del evento

### Descripción epidemiológica

El 14 de diciembre de 2020, Reino Unido declaró un aumento de la incidencia de SARS-CoV-2 en algunas regiones de su país (este y sureste de Inglaterra y área metropolitana de Londres) asociada a una nueva variante del virus, que se ha denominado VOC 202012/01 (B.1.1.7) con una supuesta mayor capacidad de transmisión y que circulaba en el país desde el mes de septiembre (1).

Según los datos del último informe del Servicio de Salud Pública inglés, el porcentaje estimado de casos con la variante VOC 202012/01 (B.1.1.7) entre todos los casos detectados a nivel poblacional se ha incrementado desde el 46% en la primera semana de diciembre de 2020 al 76,6% entre el 5 y el 11 de enero de 2021. La estimación se ha realizado con un marcador (SGTF) con gen S no detectable, y resultado positivo en la PCR con <30 Ct para los genes N y ORF 1ab respectivamente, que tiene una correlación con la variante >95% en las últimas semanas (figura 1). De la misma manera, en Irlanda, ha informado de un aumento muy rápido de la variante en las últimas semanas, que a principios de enero se encontraba en más del 40% del total de casos detectados en todo el país (Figura 2)(2). El aumento por zonas geográficas es desigual y en algunas regiones del sur, este y norte de Inglaterra, en la pasada semana alcanzaba prácticamente el 100% de las variantes detectadas (Figura 3) (3).

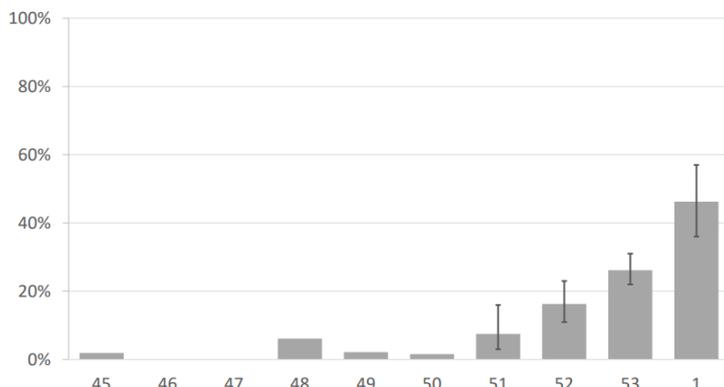
**Figura 1.** Porcentaje estimado de casos con la variante VOC 202012/01 (B.1.1.7) entre todos los casos detectados a nivel poblacional en Inglaterra, semanas desde el 1 septiembre 2020 al 5 de enero 2021.



SGTF: marcador de vigilancia de VOC 202012/01

Fuente: Public Health England (3).

**Figura 2.** Porcentaje estimado de casos con la variante VOC 202012/01 (B.1.1.7) entre todos los casos detectados a nivel poblacional en Irlanda, semanas 45 a 53 de 2020 y primera semana de 2021.



Fuente: Government of Ireland (2)

**Figura 3.** Porcentaje estimado de casos con la variante VOC 202012/01 (B.1.1.7) entre todos los casos detectados a nivel poblacional en Inglaterra por zonas geográficas, del 17 de noviembre 2020 al 11 de enero 2021



SGTF: marcador de vigilancia de VOC 202012/01

Fuente: Public Health England (3).

Varias publicaciones científicas e informes técnicos apoyan la hipótesis de un aumento en la transmisibilidad de esta variante (1,4,5). En un estudio poblacional de cohortes pareadas en Reino Unido (1) se observó que la variante B.1.1.7 causaba una mayor tasa de ataque secundaria en el contexto de brotes familiares sensiblemente mayor que para el resto de variantes independientemente de grupos de edad, tipo de contacto o región geográfica, pero no causaba un mayor número de hospitalizaciones ni reinfecciones que la cepa salvaje, por lo que no parece tener una mayor virulencia (6,7). Un estudio posterior, aún en fase de prepublicación, en el que se plantean distintas hipótesis para explicar los datos de incidencia en dicho país, concluye que la nueva variante presenta una infectividad superior en un 56% a la de las variantes preexistentes (3).

Aún no se tienen datos publicados acerca de la capacidad de neutralización de los sueros de las personas que han completado pautas vacunales frente a la variante B.1.1.7. En un estudio reciente en fase de prepublicación se ha observado una reducción en los títulos de anticuerpos neutralizantes en personas vacunadas con una pauta incompleta de una vacuna ARN, si bien esta reducción es considerada por los autores esperada conforme a los cambios mutaciones del virus y en principio no debería afectar a la efectividad vacunal (8). Los anticuerpos generados por las

vacunas frente a SARS-CoV-2 son capaces de neutralizar variantes con distintas mutaciones en la espícula (9,10). En ocasiones, se ha observado que incluso la capacidad de neutralización de los anticuerpos aumenta ante determinadas variantes con mutaciones (11). Además, aún en el caso de que, debido a la presión selectiva, surgieran nuevas variantes que escaparan a la acción de estos anticuerpos, la tecnología utilizada para el desarrollo de algunas de las vacunas (especialmente las vacunas de tipo mRNA) permitiría una rápida adaptación de la vacuna a las nuevas variantes. Los primeros datos disponibles respecto a la mutación N501Y parecen indicar que los anticuerpos inducidos por la vacuna son capaces de neutralizar variantes con dicha mutación (12).

## Situación mundial

A 18 de enero esta variante se había detectado en numerosos países y territorios de las regiones de la OMS (13,14). En Europa y hasta la fecha, 17 países (además de España) han comunicado 496 casos de la variante a través de la plataforma de alerta temprana de la UE (EWRS): Irlanda (48), Dinamarca (134), Países Bajos (96), Portugal (34), Noruega (26), Finlandia (16), Alemania (15), Islandia (37), Eslovaquia (12), Chipre (12), Suecia (11), Grecia (8), Austria (4), Bélgica (4), Luxemburgo (3), Francia (1) e Italia (32). La notificación de casos es dependiente de la capacidad de secuenciación de cada uno de los países.

En EEUU la variante se ha detectado en 86 casos en 13 estados diferentes. Se ha modelizado la evolución de la variante según lo que se conoce acerca de su transmisión y se ha estimado que con una prevalencia actual de aproximadamente 0,5%, podría imponerse en el mes de marzo, siendo el aumento especialmente importante en la ausencia de vacuna (15,16).

## Situación en España

Hasta la fecha de este informe, las CC.AA. han comunicado 157 casos confirmados de esta variante: Andalucía (37), Madrid (28), Baleares (25), Comunidad Valenciana (6), País Vasco (9), Navarra (4), Castilla-La Mancha (13), Castilla y León (7), Asturias (16), Cataluña (1), Murcia (6) y Galicia (6). Además, se están investigando otros casos sospechosos cuyas muestras están siendo secuenciadas por el Centro Nacional de Microbiología y los laboratorios designados de las CCAA. Asimismo, Islandia ha comunicado a través del EWRS la detección de 4 casos positivos con la variante británica en turistas procedentes de Canarias.

La mayoría de los casos detectados están relacionados epidemiológicamente con el Reino Unido, pero algunas comunidades han comunicado casos en los que no se ha podido establecer, por el momento, un vínculo epidemiológico. Tal es el caso de Madrid, con 9 casos, la Comunidad Valenciana con 2 y el País Vasco con 3.

Además, la variante se ha detectado en aguas residuales de Granada el 17 de diciembre del 2020.

**Tabla 1.** Mutaciones de la variante VOC 202012/01 (B.1.1.7)

Gen	nucleótido	aminoácido
<b>ORF1ab</b>	C3267T	T1001I
	C5388A	A1708D
	T6954C	I2230T
	delección 11288-11296	delección SGF 3675-3677
<b>Proteína de la espícula (S)</b>	delección 21765-21770	delección HV 69-70
	delección 21991-21993	delección Y144
	A23063T	N501Y
	C23271A	A570D
	A23403G	D614G
	C23604A	P681H
	C23709T	T716I
	T24506G	S982A
	G24914C	D1118H
	<b>Orf8</b>	C27972T
G28048T		R52I
A28111G		Y73C
<b>N</b>	28280 GAT->CTA	D3L
	C28977T	S235F

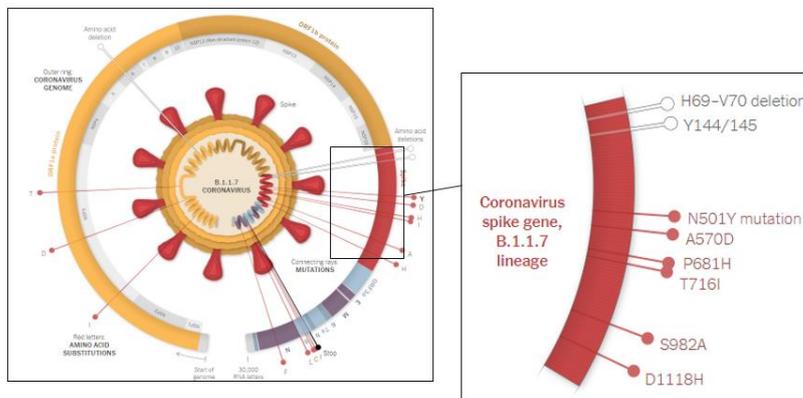
## Investigación microbiológica

Esta variante originada en Reino Unido, denominada VOC 202012/01 perteneciente al linaje B.1.1.7 presenta 28 cambios en su genoma completo, cuando se compara con el virus Wuhan original, ocurriendo 7 mutaciones y 2 deleciones en el gen de la proteína de la espícula (S) (tabla 1 y figura 4). La mutación N501Y se sitúa en uno de los residuos de contacto de la proteína S con el receptor del virus ACE2. La delección en las posiciones 69-70 en la proteína de la espícula se ha relacionado

con escapes inmunitarios en pacientes inmunodeprimidos y con el aumento in vitro de la infectividad viral.

La delección en la posición 69-70 afecta a la sensibilidad de algunas técnicas moleculares (RT-PCR) que detectan únicamente el gen S. Sin embargo, la mayoría de las pruebas comerciales de PCR utilizan diferentes dianas genómicas por lo que resulta poco probable que no se detecten estos casos. Por otro lado, esta particularidad puede suponer una ventaja desde el punto de vista de la vigilancia epidemiológica ya que la ausencia de amplificación del gen S en muestras positivas para otras dianas podría ser utilizada como cribado para detectar esta nueva variante (3). Hay que tener en cuenta que circulan variantes, si bien minoritarias, que presentan la misma delección en el gen S y por tanto un porcentaje de los casos detectados deben ser comprobados por secuenciación genómica.

**Figura 4.** Genoma del SARS-CoV-2 con las mutaciones descritas para la variante B.1.1.7. y mutaciones en la región del gen S (espícula) de la variante B.1.1.7



Fuente: Nytimes (17)

## Otras variantes de interés para la salud pública

De forma paralela, en las últimas semanas, se ha notificado la aparición de otras dos variantes con mutaciones en la proteína de la espícula también asociadas a un aumento de transmisibilidad.

El 18 de diciembre de 2020, Sudáfrica anunció la detección de una nueva variante denominada 501Y.V2 (B.1.351)(18), debido también a la presencia de la mutación N501Y. Esta misma mutación está presente en la variante VOC 202012/01 (B.1.1.7) aunque el análisis filogenético indica que son variantes diferentes. Esta variante ha desplazado al resto de variantes en circulación en Sudáfrica desde el mes de noviembre, lo que indica que puede tener una mayor capacidad de transmisión, sin que haya habido evidencia de mayor virulencia. A 18 de enero la variante se había detectado ya en Sudáfrica (447), Reino Unido (54), Botswana (6), Australia (5), Alemania (5), Irlanda (3), Francia (2), Suiza (2), Finlandia (2), Noruega (1), Corea del Sur (1), Suecia (1) y Países Bajos (1) (13,14).

Por su parte, Japón también ha identificado a principios de enero de 2021 una nueva variante en cuatro personas procedentes de la Amazonía brasileña. La nueva variante pertenece al linaje B.1.1.28.1 o P.1. y presenta 3 mutaciones de importancia biológica en la proteína de la espícula, entre ellas la mutación N501Y (como la variante británica y la sudafricana) y la mutación E484K (como la variante sudafricana y que se ha descrito previamente como una mutación de escape a la neutralización de anticuerpos monoclonales y policlonales) (19). Brasil también ha informado de la presencia de esta nueva variante en varias secuencias (13 de 31) de la región de Manaus (en la Amazonía) (20) recogidas en la segunda mitad de diciembre del 2020, por lo que la dirección de transmisión se supone haya sido desde Brasil a Japón. En estos momentos se está estudiando el efecto de esta combinación sobre la transmisibilidad y la capacidad de neutralización de los anticuerpos (3).

Hasta el momento no se tiene conocimiento de la confirmación de circulación de las variantes 501Y.V2 (B.1.351) y B.1.1.28.1 (P.1) en nuestro país.

**Tabla 2.** Principales variantes de SARS-CoV-2 circulantes en Europa

Variante	Definición (cambios en aminoácidos de la proteína S)	Impacto potencial para la salud pública	Dispersión geográfica
<b>501.V2 (B.1.351)</b>	S: D80A, D215G, E484K, N501Y y A701V	Probable aumento de transmisibilidad en Sudáfrica	Sudáfrica, Zambia, Botswana; casos en Francia, Noruega, Finlandia, Alemania, Austria, Reino Unido, Irlanda y los Países Bajos
<b>Danés de visones</b>	S: del 69-70, Y453F	Trasmisión visones a humanos confirmada	Dinamarca; no detectada en otro lugar
<b>Cluster 5 de la danés de visones</b>	S: del 69-70, Y453F, I692V, M1229I	Probable reducción moderada de la capacidad de neutralización de los anticuerpos.	Dinamarca; no se observa desde septiembre 2020.
<b>Cambios en la espícula N439K</b>	S: N439K, a menudo con la delección 69-70	Mínima reducción en la capacidad de neutralización	Chequia, Dinamarca; Irlanda y otros países.
<b>Cluster 20A.EU1</b>	S: A222V	Aumento rápido en España y luego en el resto de la UE en la segunda ola. Probablemente debida a viajes y eventos aleatorios.	Se expandió primero en España, es la variante más frecuente en la UE.
<b>Cluster 20A.EU2</b>	S: S477N N: A376T	Aumento rápido en Francia en la segunda ola. Efecto fundador.	Francia, Bélgica, Chequia, Dinamarca, Hungría, Países Bajos y Suiza.
<b>D614G</b>	S: D614G	Aumento rápido en la primera ola en la UE y luego	Mundial, el resto de variantes descienden de

al resto del mundo. Probablemente debido a efecto fundador y aumento de la transmisibilidad.

esta.

<b>B.1.1.28.1 (P1)</b>	S: N501Y, E484K	Alta proporción de casos en la región de Manaus. En estudio la transmisibilidad y el escape a la respuesta inmune.	Región amazónica de Manaus (Brasil). 4 casos en Japón en viajeros procedentes de Amazonía brasileña
------------------------	-----------------	--	---

Fuente: Elaboración propia con datos de ECDC (21)

## Evaluación del riesgo para España

Según la evidencia disponible, la variante de SARS-CoV-2 denominada VOC 202012/01, perteneciente al linaje B 1.1.7, está asociada a una mayor capacidad de transmisión, lo que puede condicionar una mayor incidencia de la enfermedad en los lugares donde circule y no se apliquen estrictamente las medidas de prevención de la infección. Aunque no parece estar asociada a una mayor virulencia, sí podría observarse un aumento de casos graves y hospitalizaciones si se produce un aumento de la incidencia. La variante VOC 202012/01 (B 1.1.7) no se ha detectado con mayor frecuencia en casos de reinfección respecto a otras variantes. En este momento, con los datos disponibles, se espera que no tenga un efecto importante sobre la efectividad vacunal. Hay estudios preliminares que indican una menor capacidad de neutralización de los anticuerpos en vacunados con pautas incompletas, pero hacen falta más estudios para valorar correctamente el impacto de esta variante sobre las vacunas disponibles.

La variante VOC 202012/01 (B.1.1.7), se encuentra presente en España. Generalmente se ha buscado y detectado en casos con vínculos epidemiológicos directos o indirectos con Reino Unido, aunque ya se han detectado casos sin vínculo epidemiológico aparente y en aguas residuales, lo que hace pensar que se ha producido transmisión de esta variante en algunos puntos de nuestro país.

En este momento el riesgo para España de nuevas introducciones y diseminación se considera muy alto. El impacto sobre la presión asistencial en este momento se considera bajo pero podría llegar a ocasionar un mayor número de ingresos de forma proporcional al aumento de la incidencia. El riesgo de reinfecciones por esta variante se considera bajo y aunque se está a la espera de datos sobre la efectividad de la vacuna en relación con esta variante, hasta ahora no hay estudios que indiquen de forma concluyente que ésta se vea disminuida.

En España, se ha puesto en marcha un mecanismo activo para integrar la información genómica a la vigilancia a nivel nacional con el fin de identificar qué variantes están circulando en nuestro país y para poder detectar la aparición y circulación de variantes de interés, entre ellas la VOC 202012/01. Al mismo tiempo, se está implementando a nivel nacional una vigilancia centinela de las infecciones respiratorias agudas en Atención Primaria y Hospitalaria que incluye el envío sistemático de un subgrupo aleatorio de muestras positivas de COVID-19 mediante este sistema al Centro Nacional de Microbiología. Este proceso de vigilancia permitirá la caracterización clínico-epidemiológica de las

variantes genéticas de SARS-CoV-2 que circulan en las distintas áreas geográficas de nuestro país, así como la identificación de las características fenotípicas y genotípicas que puedan influir en factores como la capacidad de transmisión o la efectividad de la vacuna.

## Conclusiones y recomendaciones

### Conclusiones

La variante VOC 202012/01 (B.1.1.7) está presente en España y se ha detectado en varias comunidades autónomas donde además se ha producido transmisión secundaria. Se están realizando más estudios para tener una visión más ajustada del nivel de circulación en España. Esta variante implica un mayor riesgo de transmisión, lo que podría ocasionar un mayor número de ingresos en proporción con el aumento de la incidencia. Las personas infectadas por esta variante, sin embargo, no tienen mayor riesgo de padecer una enfermedad más grave. La variante tampoco afecta, en principio, a la efectividad de la inmunidad natural o la inducida por las vacunas.

Hasta el momento no se han confirmado las variantes 501Y.V2 (B.1.351) y B.1.1.28.1 (P.1) en España, también asociadas a mayor transmisibilidad y detectadas en otros países.

### Recomendaciones

- Detectar de forma precoz de la circulación de la variante mediante secuenciación genómica en grupos diana y determinación de la incidencia de casos de la variante en la población.
- Disponer de una red de laboratorios con capacidad de secuenciación integrados dentro del sistema de vigilancia epidemiológica que permitan generar información útil para la toma de decisiones de medidas de salud pública.
- Aplicar las medidas de control no farmacológicas ya utilizadas para la contención del SARS-CoV-2 de forma intensificada en personas que presenten estas variables de interés y en aquellas con vínculos epidemiológicos conocidos con zonas donde esté circulando la variante de interés de forma importante.
- Restringir los viajes a zonas donde circule de forma importante una variante de interés e implementar medidas de control reforzadas para los viajeros procedentes de esas áreas.

## Referencias

1. Public Health England. Investigation of novel SARS-CoV-2 variant. Variant of Concern 202012/01. Technical briefing 2 [Internet]. 2020 dic. Disponible en: [https://assets.publishing.service.gov.uk/government/uploads/system/uploads/attachment\\_data/file/948121/Technical\\_Briefing\\_VOC202012-2\\_Briefing\\_2\\_FINAL.pdf](https://assets.publishing.service.gov.uk/government/uploads/system/uploads/attachment_data/file/948121/Technical_Briefing_VOC202012-2_Briefing_2_FINAL.pdf)
2. Government of Ireland. Slides from the NPHET press briefings [Internet]. [citado 21 de enero de 2021]. Disponible en: <https://www.gov.ie/en/collection/4b505-slides-from-the-nphet-press-briefings/>
3. Public health England. Investigation of novel SARS-CoV-2 variant Variant of Concern 202012/01. Technical briefing 4 [Internet]. Disponible en: [https://assets.publishing.service.gov.uk/government/uploads/system/uploads/attachment\\_data/file/952490/Variant\\_of\\_Concern\\_VOC\\_202012\\_01\\_Technical\\_Briefing\\_4\\_England.pdf](https://assets.publishing.service.gov.uk/government/uploads/system/uploads/attachment_data/file/952490/Variant_of_Concern_VOC_202012_01_Technical_Briefing_4_England.pdf)
4. Estimated transmissibility and severity of novel SARS-CoV-2 Variant of Concern 202012/01 in England | medRxiv [Internet]. [citado 13 de enero de 2021]. Disponible en: <https://www.medrxiv.org/content/10.1101/2020.12.24.20248822v1>
5. Report 42 - Transmission of SARS-CoV-2 Lineage B.1.1.7 in England: insights from linking epidemiological and genetic data [Internet]. Imperial College London. [citado 13 de enero de 2021]. Disponible en: <http://www.imperial.ac.uk/medicine/departments/school-public-health/infectious-disease-epidemiology/mrc-global-infectious-disease-analysis/covid-19/report-42-sars-cov-2-variant/>
6. Public Health England. Investigation of novel SARS-CoV-2 variant Variant of Concern 202012/01 Technical briefing 3 [Internet]. Disponible en: [https://assets.publishing.service.gov.uk/government/uploads/system/uploads/attachment\\_data/file/950823/Variant\\_of\\_Concern\\_VOC\\_202012\\_01\\_Technical\\_Briefing\\_3\\_-\\_England.pdf](https://assets.publishing.service.gov.uk/government/uploads/system/uploads/attachment_data/file/950823/Variant_of_Concern_VOC_202012_01_Technical_Briefing_3_-_England.pdf)
7. Office for National Statistics. New variant clustering in households analysis [Internet]. [citado 5 de enero de 2021]. Disponible en: <https://www.ons.gov.uk/peoplepopulationandcommunity/healthandsocialcare/conditionsanddiseases/adhocs/12714newvariantclusteringinhouseholdsanalysis>
8. Collier D, Meng B, Ferreira I, Datir R, Temperton NJ, Elmer A, et al. Impact of SARS-CoV-2 B.1.1.7 Spike variant on neutralisation potency of sera from individuals vaccinated with Pfizer vaccine BNT162b2. medRxiv [Internet]. 20 de enero de 2021 [citado 21 de enero de 2021];2021.01.19.21249840. Disponible en: <https://www.medrxiv.org/content/10.1101/2021.01.19.21249840v1>
9. Sahin U, Muik A, Derhovanessian E, Vogler I, Kranz LM, Vormehr M, et al. COVID-19 vaccine BNT162b1 elicits human antibody and T H 1 T cell responses. Nature [Internet]. octubre de 2020 [citado 19 de enero de 2021];586(7830):594-9. Disponible en: <https://www.nature.com/articles/s41586-020-2814-7>
10. Anderson EJ, Rouphael NG, Widge AT, Jackson LA, Roberts PC, Makhene M, et al. Safety and Immunogenicity of SARS-CoV-2 mRNA-1273 Vaccine in Older Adults. New England Journal of Medicine [Internet]. 29 de septiembre de 2020 [citado 6 de noviembre de 2020];0(0):null. Disponible en: <https://doi.org/10.1056/NEJMoa2028436>

11. Weissman D, Alameh M-G, de Silva T, Collini P, Hornsby H, Brown R, et al. D614G Spike Mutation Increases SARS CoV-2 Susceptibility to Neutralization. *Cell Host & Microbe* [Internet]. 13 de enero de 2021 [citado 19 de enero de 2021];29(1):23-31.e4. Disponible en: <http://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S193131282030634X>
12. Neutralization of N501Y mutant SARS-CoV-2 by BNT162b2 vaccine-elicited sera | bioRxiv [Internet]. [citado 19 de enero de 2021]. Disponible en: <https://www.biorxiv.org/content/10.1101/2021.01.07.425740v1>
13. SARS-CoV-2 Variants [Internet]. WHO. [citado 4 de enero de 2021]. Disponible en: <http://www.who.int/csr/don/31-december-2020-sars-cov2-variants/en/>
14. SARS-CoV-2 lineages [Internet]. [citado 19 de enero de 2021]. Disponible en: [https://cov-lineages.org/global\\_report.html](https://cov-lineages.org/global_report.html)
15. CDC. US COVID-19 Cases Caused by Variants [Internet]. Centers for Disease Control and Prevention. 2020 [citado 18 de enero de 2021]. Disponible en: <https://www.cdc.gov/coronavirus/2019-ncov/transmission/variant-cases.html>
16. Galloway SE. Emergence of SARS-CoV-2 B.1.1.7 Lineage — United States, December 29, 2020–January 12, 2021. *MMWR Morb Mortal Wkly Rep* [Internet]. 2021 [citado 18 de enero de 2021];70. Disponible en: <https://www.cdc.gov/mmwr/volumes/70/wr/mm7003e2.htm>
17. Corum J, Zimmer C. Inside the B.1.1.7 Coronavirus Variant. *The New York Times* [Internet]. 18 de enero de 2021 [citado 21 de enero de 2021]; Disponible en: <https://www.nytimes.com/interactive/2021/health/coronavirus-mutations-B117-variant.html>
18. Tegally H, Wilkinson E, Giovanetti M, Iranzadeh A, Fonseca V, Giandhari J, 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* [Internet]. 22 de diciembre de 2020 [citado 19 de enero de 2021];2020.12.21.20248640. Disponible en: <https://www.medrxiv.org/content/10.1101/2020.12.21.20248640v1>
19. Weisblum Y, Schmidt F, Zhang F, DaSilva J, Poston D, Lorenzi JC, et al. Escape from neutralizing antibodies by SARS-CoV-2 spike protein variants. *eLife* [Internet]. [citado 20 de enero de 2021];9. Disponible en: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7723407/>
20. Genomic characterisation of an emergent SARS-CoV-2 lineage in Manaus: preliminary findings [Internet]. *Virological*. 2021 [citado 13 de enero de 2021]. Disponible en: <https://virological.org/t/genomic-characterisation-of-an-emergent-sars-cov-2-lineage-in-manauas-preliminary-findings/586?s=08>
21. European Centre for Disease Prevention and Control. Risk related to spread of new SARS-CoV-2 variants of concern in the EU/EEA [Internet]. 2020 dic. Disponible en: <https://www.ecdc.europa.eu/sites/default/files/documents/COVID-19-risk-related-to-spread-of-new-SARS-CoV-2-variants-EU-EEA.pdf>