EVALUACIÓN SOBRE CÓMO LAS MUTACIONES DEL SARS-COV-2 PODRÍAN AFECTAR LAS PRUEBAS DE DIAGNÓSTICO RÁPIDAS

Desde el comienzo de la pandemia, las pruebas diagnósticas han jugado un papel crucial en el control de la propagación del SARS-CoV-2. Aquellas rápidas pueden proporcionar resultados en 15 minutos o menos. Pero cuando aparecen nuevas variantes virales, estas pueden escapar a la detección por tales métodos.

La mayoría de las pruebas rápidas de antígenos están diseñadas para identificar la proteína de la nucleocápside (N) del SARS-CoV-2. Esta proteína es abundante en las partículas virales de las personas infectadas y los kits rápidos generalmente contienen dos anticuerpos distintos que se unen a diferentes partes de la proteína N. Cuando eso se produce, se observa una línea de color u otra señal indicadora de la infección.

La proteína N está compuesta por 419 aminoácidos. Cualquiera de estos podría ser reemplazado por una mutación. Un equipo de investigación dirigido por los Dres. Frank y Ortlund, de la Universidad de Emory, analizaron cómo las sustituciones de un solo aminoácido podrían afectar el rendimiento de las pruebas rápidas de antígenos, vale decir en qué medida cada mutación en la proteína N del virus afectaba la unión a los anticuerpos para diagnóstico. Los resultados de dicho estudio se publicaron en Cell el 15/09/2022. Los investigadores generaron una biblioteca exhaustiva de casi 8000 mutaciones en la proteína N (más del 99.5% de todas las posibles). Luego evaluaron las interacciones de cada variante con 17 anticuerpos de diagnóstico diferentes utilizados en 11 pruebas rápidas de antígeno disponibles en el mercado, a fin de detectar qué mutaciones en la proteína N afectaban el reconocimiento de anticuerpos. Así crearon un "perfil de mutación de escape" para cada anticuerpo diagnóstico. Dicho análisis evidenció que los anticuerpos utilizados en las pruebas rápidas de hoy podrían reconocer y unirse a todas las variantes de preocupación o interés pasadas y presentes del SARS-CoV-2.

Si bien varios anticuerpos de diagnóstico reconocieron la misma región de la proteína N, los investigadores encontraron que cada anticuerpo tenía un perfil de mutación de escape único. A medida que el virus SARS-CoV-2 continúe cambiando y creando nuevas variantes, estos datos se podrán usar para indicar si alguno de los anticuerpos empleados en los kits de pruebas merece ser reevaluados.

La identificación precisa y eficiente de las personas infectadas sigue siendo una estrategia de importancia crítica para la mitigación de la COVID-19, y estos resultados pueden permitir que el reactivo se adapte rápidamente al SARS-CoV-2 a medida que continúan surgiendo nuevas variantes.

**Referencia**

Frank F, et al. Deep mutational scanning identifies SARS-CoV-2 Nucleocapsid escape mutations of currently available rapid antigen tests. Cell 2022 Sep 15; 185(19): 3603-3616.e13. doi: 10.1016/j.cell.2022.08.010