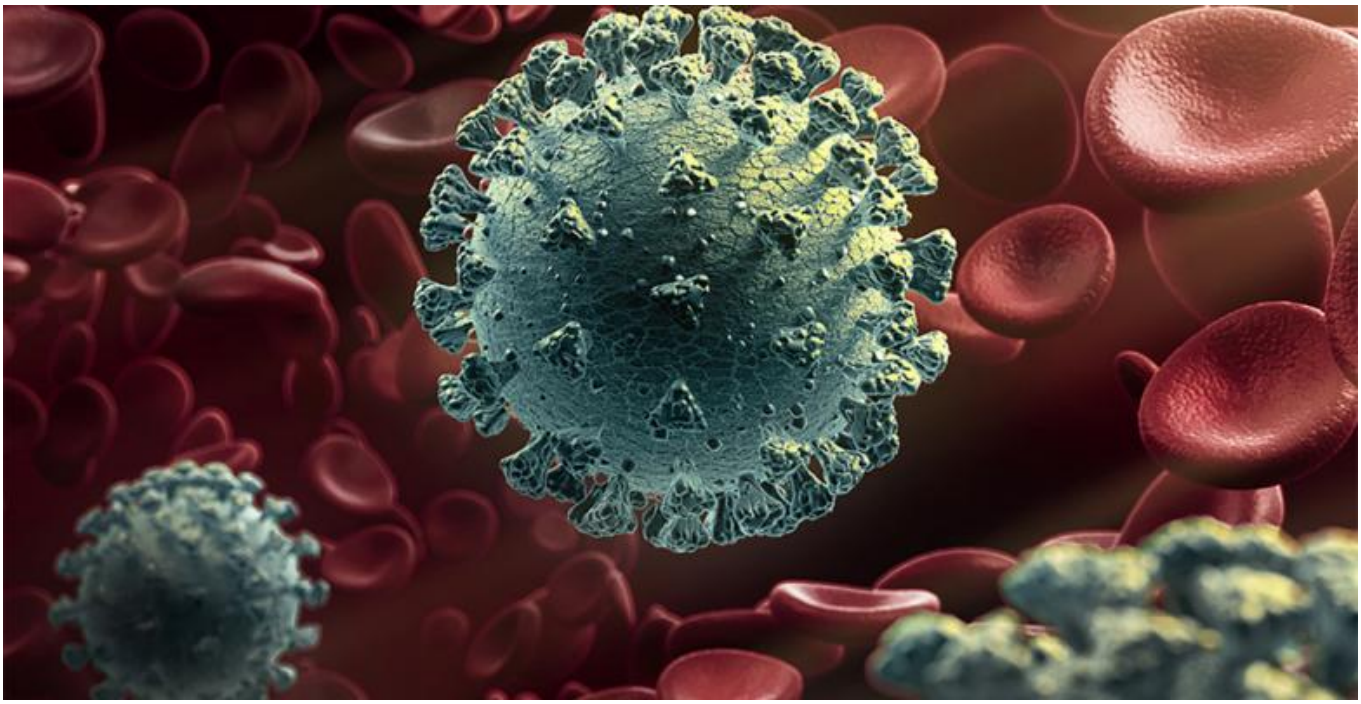
Una nueva mutación del coronavirus lo hace más infeccioso pero menos patógeno

Por: Rusia Today
03/07/2020



Un equipo internacional de investigadores reveló en un nuevo estudio, publicado en la revista Cell, que una variación en el genoma viral del SARS-CoV-2 mejoró su capacidad de infectar células humanas, con lo cual se convirtió en la cepa dominante en el mundo en este momento.

Durante la investigación se descubrió que la nueva cepa es más infecciosa en cultivos celulares en condiciones de laboratorio. La mutación, llamada 'D614G', provoca un pequeño cambio en la glucoproteína, la llamada 'espiga' que sobresale de la superficie del virus y que este utiliza para ingresar e infectar células humanas. Este cambio efectivo posibilita que el virus sea más infeccioso que la cepa original, pero al mismo tiempo causa una enfermedad menos grave.

Para sacar esas conclusiones, investigadores del Laboratorio Nacional de Los Alamos en Nuevo México y la Universidad de Duke en Carolina del Norte (EE.UU.) trabajaron junto con el grupo de investigación de Genomics UK de la Universidad de Sheffield (Reino Unido) para analizar muestras de genoma publicadas en GISAID, una base de datos internacional de secuencias genómicas.

"Es posible rastrear la evolución del SARS-CoV-2 a nivel mundial porque los investigadores de todo el mundo están haciendo que sus datos de secuencias virales estén disponibles rápidamente a través de la base de datos de secuencias virales GISAID. Actualmente, decenas de miles de secuencias están disponibles a través de este proyecto, y esto nos permitió identificar la aparición de una variante que se ha convertido rápidamente en la forma dominante a nivel mundial", explicó la autora principal del estudio, Bette Korber, del Laboratorio Nacional de Los Alamos.

Por su parte, Thushan de Silva, profesor clínico principal en enfermedades infecciosas de la Universidad de Sheffield, indica que con el uso de los datos sobre las secuencias genómicas se logró revelar que "esta mutación se había vuelto dominante en las cepas circulantes" y también que "la nueva variante de mutación del genoma

D614G es más infecciosa en condiciones de laboratorio".

"Los datos proporcionados por nuestro equipo en Sheffield sugirieron que la nueva cepa estaba asociada con mayores cargas virales en el tracto respiratorio superior de pacientes con covid-19, lo que significa que la capacidad del virus para infectar a las personas podría aumentar. Afortunadamente en esta etapa, no parece que los virus con D614G causen una enfermedad más grave", agregó.

Ahora los investigadores realizarán más análisis de laboratorio en células vivas para determinar las implicaciones completas de esta mutación. Además, es necesario verificar si esto afectará el desarrollo de una vacuna, ya que las actuales están dirigidas principalmente a la proteína 'espiga', pero se elaboran con el uso de cepas anteriores del coronavirus.