

El virus ha mutado en una cepa dominante en EEUU más contagiosa



El coronavirus que se anunció por primera vez en la ciudad china de Wuhan hace más de cuatro meses, ha mutado desde entonces y la nueva cepa dominante que se está extendiendo en los Estados Unidos parece ser aún más contagiosa, según un nuevo estudio.

La nueva cepa comenzó a expandirse en Europa a principios de febrero antes de migrar a otras partes del mundo, incluidos los Estados Unidos y Canadá. Se convirtió en la forma dominante del virus en todo el mundo a fines de marzo, según investigadores estadounidenses del Laboratorio Nacional de Los Alamos.

El informe publicado en BioRxiv advierte que si el covid-19 no disminuye en el verano europeo y estadounidense, tal como suele hacerlo la gripe estacional, podría mutar aún más y potencialmente limitar la efectividad de las vacunas que están desarrollando científicos de todo el mundo.

“Estas son noticias difíciles”, dijo Bette Korber, bióloga computacional de Los Alamos y autora principal del estudio, según Los Angeles Times. Y continuó: “Pero por favor, no se desanimen. Nuestro equipo en LANL pudo documentar esta mutación y su impacto en la transmisión en personas clínicas y grupos experimentales”.

Los investigadores aseguraron que la mutación es de “preocupación urgente”. Esto considerando las más de 100 vacunas en proceso de desarrollo para prevenir Covid-19.

A principios de marzo, científicos en China encontraron que dos tipos diferentes de coronavirus podrían estar causando infecciones en todo el mundo. Investigadores de la Facultad de Ciencias de la Vida de la Universidad de Pekín y el Instituto Pasteur de Shanghai descubrieron que un tipo más agresivo del nuevo covid-19 representaba aproximadamente el 70% de las cepas analizadas.

Mientras que el 30% se había relacionado con un tipo menos agresivo. Se descubrió que la cepa más agresiva y mortal prevalece en las primeras etapas del brote en Wuhan. Los investigadores de Los Alamos, con la ayuda de científicos de la Universidad de Duke y la Universidad de Sheffield en Inglaterra, pudieron identificar 14 mutaciones. La mutación afecta la proteína espiga, un mecanismo multifuncional que permite que el virus ingrese al huésped.