

'La tormenta perfecta': la laxitud del distanciamiento social impulsó el aumento de una variante del coronavirus en Brasil

El análisis genómico establece un vínculo entre la devastadora segunda ola de COVID en Brasil y un aumento de los viajes y el contacto.

Ewen Callaway.

Nature, [doi: https://doi.org/10.1038/d41586-021-01480-3](https://doi.org/10.1038/d41586-021-01480-3), 3 de junio, 2021.



La variante del coronavirus detrás de la feroz segunda ola de COVID-19 en Brasil surgió, en parte, debido a la relajación del distanciamiento social, según un análisis de las secuencias virales del epicentro del brote.

A fines del 2020, los investigadores detectaron por primera vez la variante P.1, también llamada Gamma, en personas que regresaban a Japón desde Manaus, la capital del estado brasileño de Amazonas. Desde que surgió la cepa P.1, los científicos han encontrado evidencia de que es más transmisible que algunas otras variantes, y que evade los anticuerpos con mayor facilidad. Las infecciones causadas por la variante abrumaron a Manaus, que ya había experimentado una de las tasas documentadas más altas del mundo de infección por SARS-CoV-2 en su primera ola.

“Lo que vimos fue un colapso aún más duro que el que tuvimos antes, como algo salido de una película de terror. Es difícil describir lo que pasó en Manaus”, dice Felipe Gomes Naveca, virólogo que codirigió el estudio de Nature Medicine¹, y que trabaja en el centro de investigación Leônidas y Maria Deane de la ciudad, parte de la Fundación Oswaldo Cruz (Fiocruz), con sede en Rio de Janeiro.

Para trazar el aumento de la variante P.1, un equipo dirigido por Gomes Naveca y Gonzalo Bello, un virólogo del Instituto Oswaldo Cruz en Río de Janeiro, otra parte de la fundación Fiocruz, secuenció los genomas de 250 muestras de SARS-CoV-2 recolectadas de todo el Amazonas, entre marzo de 2020 y enero del 2021, y realizó pruebas genéticas más limitadas para la variante P.1 en cientos de muestras más.

El análisis del equipo encontró que la prevalencia de P.1 aumentó con una rapidez asombrosa en Amazonas, la variante que reemplazó rápidamente a otros linajes circulantes. No hubo señales de la variante en 355 muestras de noviembre del 2020, pero representó casi las tres cuartas partes de las muestras a mediados de enero de 2021.

El aumento de P.1 coincidió con la reducción del distanciamiento social en Manaus y en el resto de Amazonas, encontraron los investigadores. Esto podría haber estado relacionado con las vacaciones de Navidad y Año Nuevo, así como con las elecciones municipales de noviembre. Los investigadores piensan que estos posibles eventos de superpropagación, combinados con el aumento de la transmisibilidad de la variante, ayudaron a que prospere P.1.

En otro estudio, publicado como preimpresión en el foro de discusión virological.org el mes pasado², el mismo equipo encontró que las variantes que portaban muchas de las mismas mutaciones preocupantes que P.1 circularon en Amazonas durante meses, sin catalizar una segunda ola. Ese hallazgo aún no ha sido revisado por pares.

Bello sospecha que estas variantes "similares a P.1" también son altamente transmisibles, pero que fueron los períodos de distanciamiento social laxos los que hicieron que P.1 explotara. "Necesitas estas mutaciones combinadas con factores epidemiológicos, entonces tienes la tormenta perfecta".

Tulio de Oliveira, bioinformático y director de la Plataforma de Secuencia e Innovación de Investigación KwaZulu-Natal en Durban, Sudáfrica, dice que la investigación muestra cómo los equipos del sur del globo pueden liderar investigaciones de epidemiología genómica de vanguardia. El hacer frente a la pandemia, señala, está contribuyendo al florecimiento de las redes locales. "Lo que queremos ver de estas publicaciones es qué, en el futuro, se pueda hacer esto mucho más rápido".

Referencias

1. Naveca, F. G. *et al.* *Nature Med.* <https://doi.org/10.1038/s41591-021-01378-7> (2021).
2. Gräf, T. *et al.* Preprint at <https://virological.org/t/identification-of-sars-cov-2-p-1-related-lineages-in-brazil-provides-new-insights-about-the-mechanisms-of-emergence-of-variants-of-concern/694> (2021).

Traducción: Ramiro Heredia (ramiroherediamd@gmail.com)