

## El aumento repentino de una forma más transmisible de Ómicron toma a los científicos por sorpresa

*La "hermana" de la original puede extender las oleadas de Ómicron, pero aún no hay evidencia de que cause una enfermedad más grave. Por PMMEREDIT WADMAN*

Science, [doi: 10.1126/science.ada0810](https://doi.org/10.1126/science.ada0810), 1 de febrero, 2022.



Un trabajador procesa pruebas rápidas de COVID-19 en un centro comercial de Copenhague, el 17 de enero. Los casos se han disparado en Dinamarca, impulsados por una nueva subvariante de Ómicron.

El 7 de diciembre de 2021, cuando la variante Ómicron del coronavirus pandémico comenzó a asolar el mundo, los científicos identificaron oficialmente una cepa relacionada. BA.2 difería en unas 40 mutaciones del linaje original de Ómicron, BA.1, pero estaba causando tan pocos casos de COVID-19, que parecía un espectáculo secundario para su contraparte desenfrenada.

“Estaba pensando: ‘BA.1 tiene la sartén por el mango. Nunca volveremos a saber de BA.2’”, recuerda Mark Zeller, epidemiólogo genómico del Instituto de Investigación Scripps.

8 semanas después, dice: “Claramente ese no es el caso.... estoy bastante seguro de que [BA.2] estará en todas partes del mundo, que arrasará y pronto será la variante dominante en la mayoría de los países, si no en todos”.

Zeller y otros científicos ahora están tratando de entender por qué BA.2 está explotando, y qué significa su aparición para el aumento de Ómicron y la pandemia en general. Ya un informe del Reino Unido emitido la semana pasada, y un gran estudio de hogares de Dinamarca publicado esta semana como preimpresión, dejan en claro que BA.2 es inherentemente más transmisible que BA.1, lo que deja a los científicos preguntándose cuál de sus distintas mutaciones confiere una ventaja.

Pero hasta ahora, BA.2 no parece estar enfermando más a las personas que BA.1, que a su vez presenta menos riesgo de enfermedad grave que variantes como Delta y Beta. En Dinamarca, donde el 21 de enero BA.2 representaba el 65 % de los nuevos casos de COVID-19, “observamos una disminución continua y pronunciada en el número de pacientes de la unidad de cuidados intensivos y... ahora una disminución en el número de ingresos hospitalarios relacionados con SARS-CoV-2”, dice Tyra Grove Krause, epidemióloga de enfermedades infecciosas de la agencia de salud pública del país. De hecho, el gobierno danés confía tanto en que la variante no causará grandes trastornos que levantó casi todas las restricciones pandémicas el 1 de febrero.

Aun así, algunos científicos predicen que BA.2 extenderá el impacto de Ómicron. “Supongo que veremos [BA.2] crear una cola de circulación de Ómicron sustancialmente más larga de lo que habría existido solo con [BA.1], pero que no impulsará a la epidemia en la escala que hemos experimentado con Ómicron en enero”, tuiteó el 28 de enero el biólogo computacional Trevor Bedford del Centro de Investigación del Cáncer Fred Hutchinson. En Sudáfrica, BA.2 ya puede estar deteniendo la rápida disminución de nuevas infecciones observada después de que la ola Ómicron del país alcanzara su punto máximo en diciembre de 2021.

Aunque BA.2 representó menos del 4% de todas las secuencias de Ómicron en la principal base de datos mundial de virus al 30 de enero, se ha identificado en 57 países, y el primer caso documentado data del 17 de noviembre en Sudáfrica. Es probable que ahora domine en India, según Bijaya Dhakal, bióloga molecular del Sonic Reference Laboratory en Austin, Texas, quien examinó los datos de secuencia cargados desde 8 grandes estados indios.

En el Reino Unido, la proporción de casos probables de BA.2 se duplicó del 2,2 % al 4,4 % en los 7 días que terminaron el 24 de enero.

En los Estados Unidos, el CDC aún no está rastreando BA.2 por separado. Pero Bedford estima que representó el 7% de los casos nuevos en Estados Unidos. al 30 de enero, frente al 0,7% del 19 de enero. “En cada país y a lo largo del tiempo, vemos que la tasa de crecimiento epidémico de Ómicron BA.2 es mayor que la de Ómicron BA.1”, dice.

El informe de la semana pasada de la Agencia de Seguridad Sanitaria del Reino Unido (UKHSA) respalda esa evaluación en Inglaterra y descubrió que BA.2 se propagaba más rápido que BA.1 en todas las regiones donde había suficientes datos disponibles para realizar una evaluación. Los datos de UKHSA también muestran que a fines de diciembre de 2021 y principios de enero, la transmisión fue mayor entre los contactos domésticos de los casos BA.2, con un 13,4 %, que entre los contactos de otros casos de Ómicron (10,3 %).

El estudio de Dinamarca, que secuencia el virus de prácticamente todas las personas que contraen COVID-19, pinta un panorama más dramático. En los hogares donde el primer caso fue BA.1, en promedio, el 29 % de las demás personas del hogar se infectaron. Cuando el caso índice fue BA.2, el 39% de los miembros del hogar estaban infectados.

Ya se sabía que Ómicron tenía mutaciones que lo ayudaban a evadir los anticuerpos, pero los investigadores daneses también descubrieron que BA.2 puede ser incluso mejor para esquivar la inmunidad inducida por la vacuna: las personas vacunadas y reforzadas eran 3 veces más susceptibles de infectarse con BA.2 como con BA.1, las personas vacunadas, pero no reforzadas, eran aproximadamente 2,5 veces más susceptibles, y las personas no vacunadas, 2,2 veces más susceptibles. Sin embargo, los primeros datos del Reino Unido mostraron que

las personas vacunadas, si recibían refuerzos, tenían aproximadamente el mismo nivel de protección contra las infecciones sintomáticas con BA.1 o BA.2: 63 % y 70 %, respectivamente.

En un hallazgo esperanzador e inesperado de Dinamarca, aquellos que fueron vacunados o vacunados y reforzados transmitieron BA.2 a los miembros del hogar con menos frecuencia, en comparación con BA.1. No ocurrió lo mismo con las personas no vacunadas, que transmitieron BA.2 a sus contactos domésticos a una tasa 2,6 veces mayor que la que transmitieron BA.1.

Así como los científicos se preguntaron hace unas semanas si una infección previa con Delta u otra variante protegería a las personas de Ómicron en general, ahora algunos están buscando datos sobre si la primera oleada de Ómicron creó un escudo contra BA.2. “¿Hasta qué punto una infección con BA.1 lo protege contra la reinfección con BA.2?” pregunta Zeller. “Por lo que he visto en Dinamarca, no va a ser al 100%”.

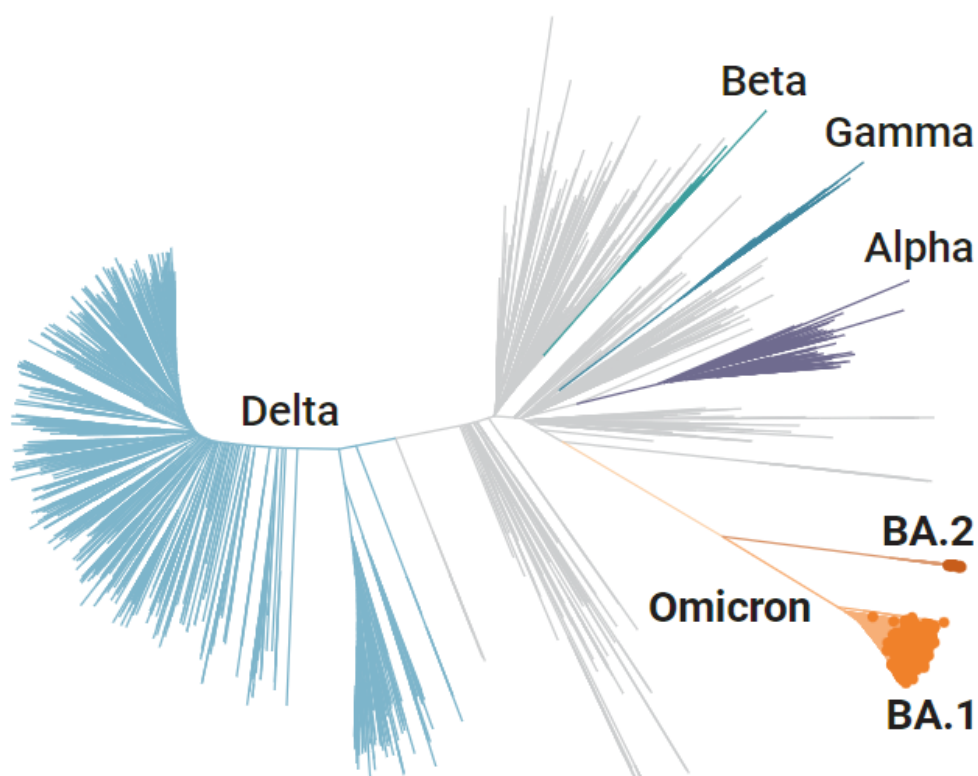
Los científicos también están investigando la capacidad de la variante para esquivar los anticuerpos inducidos por la vacuna en estudios de placas de laboratorio. Y el fabricante de medicamentos GlaxoSmithKline está probando su anticuerpo monoclonal, sotrovimab, fabricado con Vir Biotechnology, contra BA.2 en estudios de laboratorio. Es el único anticuerpo ampliamente autorizado que aún bloquea BA.1.

Los científicos señalan que BA.1 y BA.2 están tan separados en el árbol evolutivo como las variantes anteriores de preocupación (Alfa, Beta y Gamma) entre sí (ver el **gráfico** a continuación). Algunos incluso piensan que BA.2 ni siquiera debería considerarse Ómicron. “Espero que en un futuro cercano BA.2 obtenga su propia variante de preocupación [etiqueta] porque la gente asume que es muy similar y no lo es”, dice Zeller.

---

#### **No tan parecida**

Como sugiere esta representación del árbol evolutivo del SARS-CoV-2, las cepas BA.1 y BA.2 de la variante Ómicron son genéticamente tan distintas como las variantes anteriores Alfa, Beta y Gamma entre sí.



BA.2 no tiene todas las mutaciones que ayudan a BA.1 a evitar la detección inmune, pero tiene algunas que su hermana, no tiene. Thomas Peacock, virólogo del Imperial College de Londres, señala que la mayoría de las diferencias se encuentran en un área de la proteína de pico, llamada dominio N-terminal (NTD), que alberga objetivos de los anticuerpos. “Lo que no sabemos es, solo porque hay cambios, ¿son cambios que realmente hacen algo?” dice Emma Hodcroft, epidemióloga molecular de la Universidad de Berna.

Pero una diferencia de NTD, una eliminación en los aminoácidos 69 y 70 que está presente en BA.1, y no en BA.2, podría brindar a los investigadores una herramienta para monitorear la propagación de la cepa Ómicron emergente. Ciertas pruebas de reacción en cadena de la polimerasa del SARS-CoV-2 detectan 3 secuencias genéticas del virus, pero la mutación en el gen NTD de BA.1 elimina uno de esos objetivos. Las pruebas de reacción en cadena de la polimerasa detectan los 3 objetivos en BA.2, proporcionando, un proxy para distinguir las cepas de Ómicron, si no hay una secuencia completa del virus.

Cómo nacieron las cepas hermanas también preocupa a los científicos. La evolución viral en un solo paciente inmunocomprometido es una teoría, dice Andrew Rambaut, biólogo evolutivo de la Universidad de Edimburgo. “Es posible que la infección a largo plazo pueda producir una gran diversidad dentro de un solo individuo. Se podría compartimentar. Tan diferentes variantes, podrían vivir en diferentes partes del cuerpo”. Ambas cepas de Ómicron también podrían haber evolucionado en animales infectados con SARS-CoV-2 adaptado a humanos, y luego propagarse nuevamente a las personas.

Por qué BA.2 está emergiendo ahora es un misterio más, dice Hodcroft. Ella especula que un factor tan simple como que Ómicron tomó un vuelo anterior desde Sudáfrica, donde ambas cepas fueron identificadas por primera vez, puede ser la explicación. “BA.2 puede haber estado atrapado por un poco más de tiempo. Pero cuando finalmente salió y comenzó a propagarse, comenzó a demostrar que puede superar a su hermana mayor”.

---

**Traducción:** Ramiro Heredia ([ramiroherediamd@gmail.com](mailto:ramiroherediamd@gmail.com))