

Traducción

Omicron: ¿qué sabemos sobre la subvariante BA.2 'sigilosa'?

The Guardian

Lunes 31 de enero de 2022

El 'primo cercano' de Omicron tiene mutaciones que podrían alterar su comportamiento y ha comenzado a superar a la variedad más común de Covid en partes de Europa y Asia.

La variante Omicron altamente transmisible del virus Sars-CoV-2, cuya forma más común se conoce como BA.1, ahora representa casi todas las infecciones por coronavirus en todo el mundo.

Aunque los casos de covid ya alcanzaron su punto máximo en algunos países, los científicos ahora están rastreando un aumento en los casos causados por un primo cercano de Omicron conocido como BA.2, que está comenzando a superar a BA.1 en partes de Europa y Asia. Lo siguiente es lo que sabemos hasta ahora sobre la nueva subvariante.

Subvariante 'Sigilo'

A nivel mundial, BA.1 representó el 98,8 % de los casos secuenciados enviados a la base de datos pública de seguimiento de virus GISAID hasta el 25 de enero. Pero varios países informan aumentos recientes en BA.2, según la Organización Mundial de la Salud (OMS).

Además de BA.1 y BA.2, la OMS enumera otras dos subvariantes bajo el paraguas de Omicron: BA.1.1.529 y BA.3. Todos están estrechamente relacionados genéticamente, pero cada uno presenta mutaciones que podrían alterar su comportamiento.

Trevor Bedford, virólogo computacional del Centro de Cáncer Fred Hutchinson en los EE. UU., ha estado rastreando la evolución de Sars-CoV-2. El viernes escribió en Twitter que BA.2 representa aproximadamente el 82 % de los casos en Dinamarca, el 9 % en el Reino Unido y el 8 % en los EE. UU. Basó su análisis en datos de secuenciación de la base de datos GISAID y recuentos de casos del proyecto Our World in Data de la Universidad de Oxford en el Reino Unido.

La versión BA.1 de Omicron ha sido algo más fácil de rastrear que las variantes anteriores. Esto se debe a que a BA.1 le falta uno de los tres genes diana utilizados en una prueba de PCR común. Se asumió por defecto que los casos que mostraban este patrón eran causados por BA.1.

BA.2, a veces conocida como una subvariante "sigilosa", no tiene el mismo gen objetivo faltante. En cambio, los científicos lo están monitoreando de la misma manera que lo han hecho con variantes anteriores, incluido Delta, rastreando la cantidad de genomas de virus enviados a bases de datos públicas como GISAID.

Al igual que con otras variantes, los kits de pruebas caseras de coronavirus pueden detectar una infección con BA.2, aunque no pueden indicar qué variante es responsable, dicen los expertos.

¿Más transmisible?

Algunos informes iniciales indican que BA.2 puede ser incluso más infeccioso que BA.1, que ya es extremadamente contagioso, pero hasta el momento no hay evidencia de que sea más probable que eluda la protección de la vacuna.

Los funcionarios de salud daneses estiman que BA.2 puede ser 1,5 veces más transmisible que BA.1, según datos preliminares, aunque es probable que no cause una enfermedad más grave.

En Inglaterra, un análisis preliminar del rastreo de contactos del 27 de diciembre al 11 de enero realizado por la Agencia de Seguridad Sanitaria del Reino Unido sugiere que la transmisión en el hogar es mayor entre los contactos de personas infectadas con BA.2 (13,4 %) en comparación con otros casos de Omicron (10,3 %). La agencia no encontró evidencia de una diferencia en la efectividad de la vacuna.

Una pregunta crítica era si las personas infectadas en la ola BA.1 estarían protegidas contra BA.2, dijo el Dr. Egon Ozer, experto en enfermedades infecciosas de la Facultad de Medicina Feinberg de la Universidad Northwestern en Chicago. Esa había sido una preocupación en Dinamarca, donde algunos lugares que registraron un alto número de casos de infecciones por BA.1 informaron un aumento de casos de BA.2, dijo.

Si la infección previa de BA.1 no protegía contra BA.2, "esto podría ser una especie de ola de camello de dos jorobas", dijo Ozer. "Es demasiado pronto para saber si eso sucederá".

La buena noticia, dijo, es que las vacunas y los refuerzos aún "mantienen a la gente fuera del hospital y evitan que la gente muera".

¿Dónde es más prominente BA.2?

El profesor Seshadri Vasan, investigador de la vacuna Covid-19 de la Agencia de Ciencias de Australia, CSIRO, dijo que el análisis de GISAID mostró que, hasta el 27 de enero, se habían informado 10,811 secuencias BA.2 de todo el mundo, incluida Australia (22 secuencias), pero 90 El % de las secuencias procedían de tres países: Dinamarca (8.357), India (711) y Reino Unido (607).

"Hasta ahora, la evidencia de nuestros colegas en Dinamarca muestra que, si bien podría propagarse más rápido, no hay evidencia de una mayor gravedad", dijo. "Por lo tanto, es importante mantener la calma y continuar con las medidas existentes, como vacunarnos, incluida la dosis de refuerzo, y seguir el distanciamiento social, las máscaras y las pautas locales".