

Descubren una nueva cepa mutante y «potencialmente pandémica» de viruela del mono

Un equipo internacional de epidemiólogos encontró una cepa mutante del virus de la viruela del mono (MPXV) en Kamituga, una ciudad minera densamente poblada y pobre de la República Democrática del Congo (RDC). El virus, descendiente de la cepa de MPXV de clado 1, que mata hasta a 10 % de los infectados, tiene «potencial pandémico», según declararon los autores en un artículo en preimpresión depositado este domingo en Medrxiv.

«Sin intervención, este brote localizado en Kamituga tiene el potencial de extenderse a nivel nacional e internacional», señalaron los autores. Al parecer, la nueva variante del virus de la viruela del mono, denominada 'clado 1b', es tan letal como su predecesora, pero ha evolucionado para volverse aún más infecciosa y evade mejor las pruebas de detección.

Situación de la viruela símica en el Congo

Los investigadores explicaron que el MPXV del clado I, que prevalece en África Central, se caracteriza por una enfermedad grave y una elevada mortalidad, mientras que el clado II se limita al África Occidental y se asocia con una enfermedad más leve.

El Centro Europeo para la Prevención y el Control de Enfermedades comunicó recientemente que, durante el último año, la RDC ha estado luchando por contener el 'clado 1' del virus. El organismo puntualizó que desde 2023 hasta el 29 de marzo de 2024, el país africano notificó un total de 18.922 casos sospechosos de MPXV, incluyendo 1.007 muertes. En lo que va de 2024 se han notificado 4.488 casos en el país y se han reportado un total de 279 muertes.

El brote de Kamituga

Se cree que la nueva variante surgió recientemente, en algún momento entre julio y septiembre de 2023, primero en animales y luego saltó a los humanos. A medida que se propagó en Kamituga, adquirió nuevas mutaciones que la ayudaron a extenderse. Hasta el momento se han confirmado 108 casos, y casi 30 % de ellos se dieron entre trabajadores sexuales, lo que sugiere que el virus se propaga de manera similar a la variante mutante que causó un importante brote en 2022.

Alrededor de 85 % de las personas infectadas tenían lesiones

genitales, mientras que 10 % fueron hospitalizadas y dos murieron. El análisis genético del virus reveló un linaje de las cepas Clade I secuenciadas previamente en la RDC.

Con información de RT