

# Detectan nueva variante del Covid-19 que podría ser «más resistente» en EEUU

Científicos del Complejo de Investigación en Salud Global de la Universidad de Texas A&M, en los Estados Unidos, identificaron una variante del Covid-19 -BV-1- que podría suponer un nuevo reto para la salud pública. Aunque sólo se ha encontrado en un individuo que presentaba síntomas leves, los científicos decidieron que debían compartir la información sobre la variante con organismos e investigadores de todo el mundo.

Hasta ahora, los experimentos basados en cultivos celulares publicados por otros laboratorios han demostrado que varios anticuerpos neutralizantes son ineficaces para controlar otras variantes con los mismos marcadores genéticos que la BV-1.

“En la actualidad no conocemos el significado completo de esta variante, pero tiene una combinación de mutaciones similar a otras variantes preocupantes de notificación internacional”, dijo el virólogo, Ben Neuman. “Esta variante combina marcadores genéticos asociados por separado con la rápida propagación, la enfermedad grave y la alta resistencia a los anticuerpos neutralizantes”.

*“No hemos detectado más casos de esta variante”, añadió Neuman. “No hemos cultivado ni probado este virus de ninguna manera. Este anuncio se basa puramente en el análisis de la secuencia genética realizado en el laboratorio”. El BV-1 está relacionado con la variante del Reino Unido (UK) del coronavirus. El “BV” significa “Brazos Valley”, la región de siete condados de Texas donde se encuentran la universidad y el centro donde investigan los científicos.*

Los científicos detectaron la variante BV-1 en una muestra de saliva tomada a un estudiante de la universidad como parte del programa de pruebas de COVID-19 en curso de la universidad. La muestra dio positivo el 5 de marzo. Se volvió a analizar y se confirmó en un laboratorio regulado por el gobierno federal en el Hospital Regional CHI St.

El estudiante reside fuera del campus, pero es activo en las organizaciones de la universidad. Más tarde, aportó una segunda muestra que dio positivo el 25 de marzo, lo que indica que la variante puede causar una infección más duradera que la típica

de COVID-19 para adultos de 18 a 24 años. Una tercera muestra obtenida el 9 de abril fue negativa y no reveló ninguna evidencia del virus.

El estudiante presentó síntomas leves parecidos a los de un resfrío a principios o mediados de marzo, que no progresaron en gravedad y se resolvieron por completo el 2 de abril. Con la información que recopilaron, los científicos han presentado un documento sobre el BV-1 a los Centros de Control y Prevención de Enfermedades (CDC). También depositaron los datos de la secuencia de BV-1 en GISAID, la iniciativa científica con sede en Munich que recoge las secuencias de SARS-CoV-2 de todo el mundo.

El nombre oficial de la variante BV-1 es hCoV-19/USA/TX-GHRC-BV1-EQ4526591/2021. Es una de las miles de variantes que los científicos han encontrado en todo el mundo. Neuman dijo que su grupo de investigación vigilará de cerca más casos relacionados con el BV-1, teniendo en cuenta su composición genética potencialmente preocupante. En los análisis de muestras, incluyen a estudiantes asintomáticos para encontrar variantes preocupantes antes de que causen enfermedades graves.

*“La secuenciación ayuda a proporcionar un sistema de alerta temprana de nuevas variantes”, dijo Neuman. “Aunque es posible que aún no comprendamos la importancia total de la BV-1, la variante pone de relieve la necesidad permanente de una vigilancia rigurosa y de pruebas genómicas, incluso entre los adultos jóvenes sin síntomas o con síntomas leves”.*

Consultada por Infobae, la investigadora en virología Alejandra Cappozo, del Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria (INTA), comentó: “Apareció una mutación en la naturaleza que ya había sido investigada en el laboratorio por otro grupo científico. Ahora alertan los científicos del Complejo de Investigación en Salud Global de la Universidad de Texas A&M en los Estados Unidos identificaron una variante del virus COVID-19 BV-1 y consideran que hay que estudiarla. Está bien que se estudie mejor. Cuando se encuentran cambios en el genoma que podrían llegar a ser de importancia, cada grupo de investigación avisa e investiga”.

Con información de Infobae