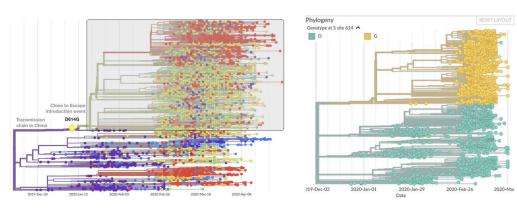
CALIFORN

Scientists say a now-dominant strain of the coronavirus could be more contagious than original

Hace unos días se publicó un manuscrito en el servidor de bioRxiv ("Spike mutation pipeline reveals the emergence of a more transmissible form of SARS-CoV-2") en el que los autores señalaron la aparición de un nuevo mutante del coronavirus causante de COVID-19 que supuestamente sería más transmisible y por tanto más peligroso que el genotipo original. La publicación inmediatamente llamó la atención de la prensa, que causó alarma por titulares como el de Los Angeles Times.

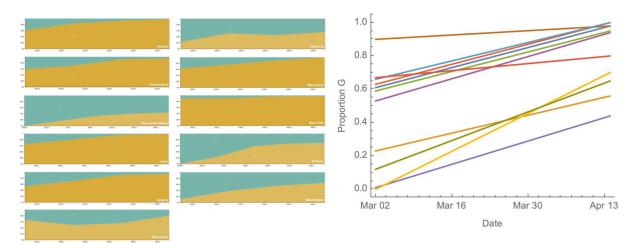
En síntesis, la información que el manuscrito presenta es que en una posición del genoma que corresponde a una proteína de la espiga del virus existen dos variantes genéticas. Por su ubicación en la espiga, es posible que la variación genética en este locus afecte la interacción entre el virus y células hospederas, pero esto no se ha estudiado. Los autores documentaron un incremento a través del tiempo en la frecuencia de la nueva mutación con respecto al genotipo ancestral en diferentes lugares y por esto llegaron a conclusiones en relación con supuestos cambios en transmisibilidad.

Considere las siguientes figuras, tomadas de Nexstrain. En la filogenia de genomas del coronavirus indicados con varios colores según la geografía (izquierda) se señala la rama en la que la nueva mutación (D614G) habría aparecido a partir de genomas más antiguos que circulaban en China (ramas moradas) y se indica la introducción del virus de China hacia Europa. El árbol de la derecha muestra en diferentes colores el genotipo en la posición D614 para los distintos genomas: el genotipo G (amarillo) corresponde al nuevo mutante y el D (verde) a la variante genética ancestral. El mapa muestra la frecuencia actual de los genotipos entre pacientes infectados en diferentes lugares del mundo.





El panorama actual en el que el genotipo G es bastante más frecuente en diferentes lugares es nuevo. Los gráficos de la izquierda muestran cómo la proporción de los dos genotipos entre pacientes infectados ha cambiado a través del tiempo, resultando en líneas de tendencia como la de la derecha, que señalan incrementos en la frecuencia del genotipo G en diferentes lugares de los Estados Unidos y Australia.



Usando sus conocimientos de microevolución y su dominio de conceptos como mutación, deriva genética, selección natural, fitness, adaptación y teoría neutral, entre otros, ¿considera usted esta información suficiente para llegar a una conclusión como la que se ha difundido en algunos medios? Si no considera la evidencia suficiente evidencia a favor de esta hipótesis mediática, ¿qué estudios adicionales recomendaría hacer para evaluarla de forma más completa y rigurosa?

Bono: proponga una hipótesis diferente a aquella que postula un incremento en la transmisibilidad del coronavirus para explicar el patrón observado de incremento en frecuencia del genotipo G y describa cómo se podría poner a prueba dicha hipótesis.

