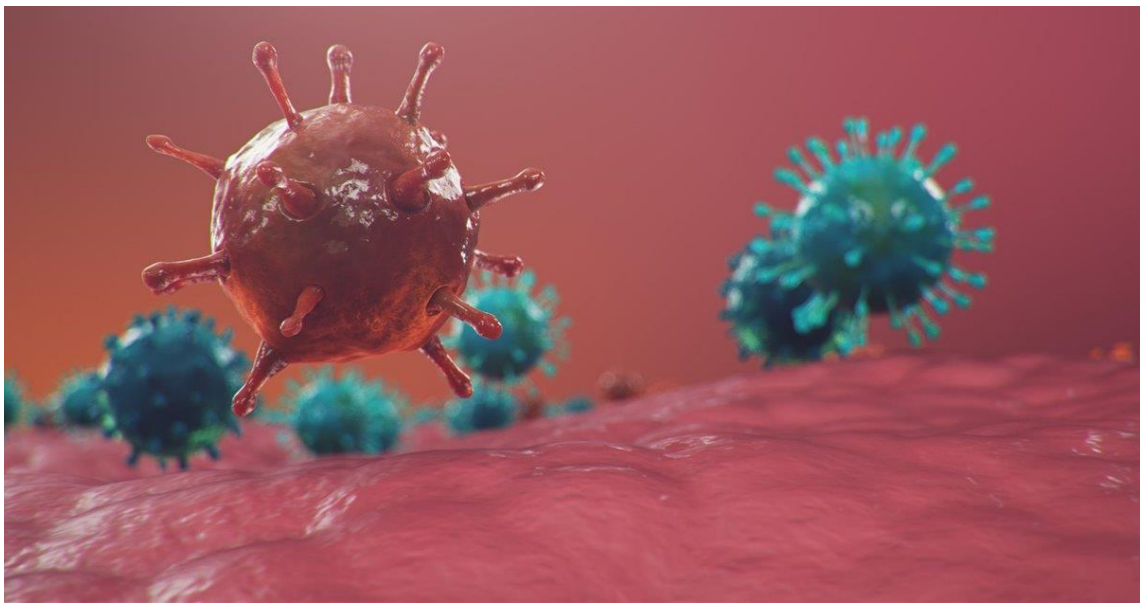
CSIC comunicación
Tel.: +34 91 568 14 77 / 618 40 95 65
comunicacion@csic.es
www.csic.es

Madrid, viernes 18 de marzo de 2022

Mutaciones de ómicron ya existían en pacientes infectados meses antes de ser dominantes

- **Investigadores del CSIC participan en un estudio que ha usado una técnica de secuenciación ultra profunda que permite detectar secuencias víricas no detectables por los métodos habituales**
- **Este análisis podría permitir el seguimiento de mutaciones relevantes antes de que se conviertan en variantes peligrosas**



Recreación de infección por SARS-Cov-2/ Creative Commons.

Investigadores del CSIC , en colaboración con la Fundación Jiménez Díaz, que ha descubierto que pacientes vacunados e infectados con la variante alfa durante la tercera ola de la pandemia de covid19 (entre enero y marzo de 2021) ya presentaban mutaciones características de las variantes delta plus, iota y omicron. Este estudio interdisciplinar, publicado en *Journal of Clinical Investigation*, ha analizado en detalle por primera vez en España muestras de hisopos nasofaríngeos correspondientes a pacientes vacunados y posteriormente infectados durante la tercera ola de la pandemia.

CSIC comunicación
Tel.: 91 568 14 77
comunicacion@csic.es
www.csic.es/prensa

Este estudio ha podido desarrollarse gracias al trabajo previo de puesta a punto de una potente metodología de secuenciación ultra profunda que permite detectar secuencias víricas mutadas que se hallan en proporciones muy bajas que no son detectables por las técnicas de secuenciación habituales de poca profundidad. "De cada muestra analizada y de cada trozo del virus analizado obtenemos muchos miles de secuencias. Esto nos permite detectar mutaciones a distintos niveles de frecuencia coexistiendo dentro del paciente infectado", explica **Celia Perales**, investigadora del Centro Nacional de Biotecnología (CNB-CSIC) y del Instituto de Investigación Sanitaria de la Fundación Jiménez Díaz.

Los resultados han desvelado que a pesar de que los pacientes se infectaron con la variante alfa, predominante en esa fecha (entre enero y marzo de 2021), cambios correspondientes a las variantes delta plus, iota y ómicron, ya estaban presentes en esas muestras meses antes de que adquiriesen relevancia epidemiológica.

"Este trabajo resalta la necesidad de analizar las poblaciones de virus con alta resolución y en profundidad para obtener una visión conjunta de los muchos mutantes que coexisten en cada individuo infectado", destaca **Esteban Domingo,** investigador del Centro de Biología Molecular Severo Ochoa (CBMSO-CSIC-UAM). Estos análisis podrían permitir el seguimiento de mutaciones, o conjunto de mutaciones, potencialmente relevantes con anterioridad a que puedan formar parte de variantes peligrosas.

Dos de los autores de este trabajo, Celia Perales y Esteban Domingo, pertenecen además al Centro de Investigación Biomédica en Red de enfermedades hepáticas y digestivas (CIBERehd), del Instituto de Salud Carlos III. Gracias a ello, los conceptos sobre variabilidad del virus de la hepatitis C que durante años han estado desarrollando pueden ser ahora aplicados al virus causante de la covid-19.

Brenda Martínez-González, Lucía Vázquez-Sirvent, María Eugenia Soria, Pablo Mínguez, Llanos Salar-Vidal, Carlos García-Crespo, Isabel Gallego, Ana Isabel de Ávila, Carlos Llorens, Beatriz Soriano, Ricardo Ramos-Ruiz, Jaime Esteban, Ricardo Fernandez-Roblas, Ignacio Gadea, Carmen Ayuso, Javier Ruíz-Hornillos, Concepción Pérez-Jorge, Esteban Domingo and Celia Perales (2022). **Vaccine-breakthrough infections with SARS-CoV-2 Alpha mirror 3 mutations in Delta Plus, Iota and Omicron**. *Journal of Clinical Investigation*, DOI: 10.1172/JCI157700.

CBMSO/CSIC Comunicación