

El coronavirus entró en España por Vitoria a mediados de febrero de 2020

Una nueva investigación liderada por Universidad de Santiago de Compostela concluye que B3a es el primer linaje del SARS-COV-2 que entró en España a través de la ciudad de Vitoria, y lo hizo en torno al 11 de febrero de 2020.

SINC

17/9/2020 14:24 CEST



La pandemia por coronavirus ha tenido en España uno de sus focos principales. / [Pixabay](#)

El **SARS-Cov-2** entró en España por la ciudad de Vitoria, en torno al **11 de febrero de 2020**, a través de la **cepa genética B3a**. El País Vasco es la comunidad autónoma con más probabilidades de albergar el origen de la pandemia en España, con un **foco de expansión** importante entre los días **5 y 14 y 16 y 19 de marzo**.

Estas son algunas de las conclusiones a las que llegaron los científicos de la Universidad de Santiago de Compostela ([USC](#)) **Antonio Salas Ellacuriaga** y **Federico Martín Torres**, en [un artículo](#) que acaba de ver la luz en la revista *Zoological Research*.

El trabajo –parte de un proyecto mucho más ambicioso denominado [GEN-COVID](#)– identifica las **cinco cepas genéticas** que explicarían el **90 % de todos los incidentes** en la base de datos de genomas, la práctica totalidad de los **casos de covid-19** en el territorio español.

El País Vasco es la comunidad autónoma con más probabilidades de albergar el origen de la pandemia en España, con un foco de expansión importante entre los días 5 y 14 y 16 y 19 de marzo

Con respecto al segundo linaje más importante del virus en España, **A2a5**, pudo originarse en **Italia**, el lugar donde surge su ancestro evolutivo, A2a, a su vez, el más importante en el mundo. “Este último llegaría a España a principios de marzo y rápidamente se hizo fuerte en Madrid”, explican los investigadores.

Muchos de estos linajes, ya sean los generados dentro de España como los importados de fuera, pudieron ser exportados a otros lugares del mundo, como Inglaterra (B3a) o Sudamérica (B3a o A2a4, entre otros).

El grupo también descifró el comportamiento del virus. España representa uno de los grandes focos mundiales de la primera ola de la pandemia. Con la finalidad de entenderla desde el punto de vista del agente causal, el equipo analizó **41.362 genomas**, de los cuales 1.245 componen la muestra española.

Este es el mayor estudio global llevado a cabo hasta la fecha en relación con la variabilidad genómica del SARS-CoV-2 en el mundo y el primero publicado en explorar la variación genética en España.

B3a, el primer linaje español

El presente estudio es una continuación del [proyecto previo](#) del mismo grupo, donde los autores descubrieron la importancia de los supercontagiadores como gran motor de la pandemia. Esta vez, los científicos centraron sus esfuerzos en comprender la dinámica de

transmisión en España.

Según el trabajo, existen cinco linajes principales que explican casi el 90 % de todos los incidentes en la base de datos de genomas: A2a5 (38,4 %), B3a (30,1 %), B9 (8,7 %), A2a4 (7,8 %), y A2a10 (2,8 %).

Este es el mayor estudio hasta la fecha sobre la variabilidad genómica del SARS-CoV-2 en el mundo y el primero en explorar la variación genética en España

“Mediante una combinación de análisis evolutivos y matemáticos que tienen en cuenta no solo la cronología de los genomas, sino también sus patrones de variación genómica, fuimos capaces de reconstruir el origen más probable de estos linajes, dentro y fuera de España”, explica Antonio Salas.

El estudio constata que mientras que B3a, B9 y el sublinaje A2a5 c surgieron en España; y A2a5, A2a4 y A2a10 fueron importados de otros países de Europa. Un aspecto distintivo del SARS-CoV-2 en España es la frecuencia tan elevada de genomas pertenecientes a la cepa B: 39,3 %; mayoritariamente representadas por las sub-cepas B3a y B9.

“Hicimos una investigación al más puro estilo policial aunando la información que procede de distintas fuentes, básicamente evolutivas, geoespaciales y cronológicas (filogeografía), y con la gran base de datos internacional de genomas utilizada en el estudio”, añade Salas.

En relación con el linaje B3a, y a la luz de los datos existentes en los genomas que componen la muestra, el estudio concluye que el País Vasco es la zona más probable para albergar su origen. Por otro lado, A2a5, el segundo linaje más importante en España “muy probablemente se originó en Italia, otro de los grandes epicentros no asiático en la expansión del coronavirus”, afirman Salas y Martín.

La mutación D614 G, menos frecuente en España

Existen ya algunos trabajos que apuntan a que la mutación D614 G en el coronavirus le confiere una mayor capacidad de transmisión. “Nuestro estudio indica que esta mutación está presente en aproximadamente un 56% de todas las cepas de España, lo cual podría parecer muy alta, pero es con todo la más baja de toda Europa (82%)”, señalan.

Los resultados no apoyan una implicación de esta mutación en la alta incidencia de la covid-19 en España, no solamente por su frecuencia que es difícil de encajar con la incidencia de la enfermedad, sino también porque la mutación surge en A2 y no A2a; pero es A2a, con todo, “la cepa que tiene éxito a escala global”. Los autores proponen que es el azar, técnicamente deriva génica, favorecido por eventos de supercontagio, lo que eleva la frecuencia de esta mutación en todo el mundo.

Los linajes principales de España experimentaron incrementos repentinos en su tamaño efectivo en un tiempo muy corto y en ciudades concretas. El análisis evolutivo de estos linajes delata que detrás de estas expansiones del virus fue necesaria la mediación de supercontagiadores.

Existen varias fuentes de evidencia en relación con este hecho que tienen que ver con la vida media de las cepas de los virus, sus tasas evolutivas, localización geográfica, o cronología, entre otras. “Por ello, creemos que el papel de los supercontagiadores, y no variaciones ventajosas en el genoma del virus, tuvieron mucha más importancia a la hora de entender y explicar la epidemiología del SARS- Cov-2”, continúa Martín.

Tasa de cambio del virus

De los 41.362 genomas del coronavirus, el grupo detectó **19.968 secuencias diferentes**. “Hoy es imposible reconocer si entre los más de 14.000 cambios genéticos detectados, existe alguno que pudiera tener implicación en la eficacia de las futuras vacunas o en los posibles tratamientos, aunque sí es más predecible su impacto sobre los métodos de diagnóstico”, apunta Salas.

Este estudio demuestra la posibilidad de estudiar la dinámica del virus a escalas geográficas pequeñas cuando se analizan en un contexto pandémico

internacional

Según Martínón, “es esencial estar atentos por las implicaciones, y nuestro sistema de clasificación puede ser una herramienta clave y formar parte de las medidas de vigilancia activa de variabilidad del virus”.

La metodología utilizada por el grupo de Salas y Martínón servirá de modelo para estudiar cualquier otra zona del mundo y demuestra la posibilidad de estudiar la dinámica del virus a escalas geográficas pequeñas cuando se analizan en un contexto pandémico internacional.

Referencia:

Alberto Gómez Carballa, Xabier Bello Paderne, Jacobo Pardo Seco y María Luisa Pérez del Molino-Bernal. ‘Phylogeography of SARS- CoV-2 pandemic in Spain: la story of multiple introductions, micro-geographic stratification, founder effects, and super- spreaders’.
[Zoological Research](#).

Derechos: **Creative Commons**.

TAGS

COVID-19 | PANDEMIA | EXPANSIÓN | LINAJE GENÉTICO |

Creative Commons 4.0

Puedes copiar, difundir y transformar los contenidos de SINC. [Lee las condiciones de nuestra licencia](#)

