

Analizan la aparición de una mutación del coronavirus en Argentina



Científicos argentinos descubrieron mutaciones del coronavirus Covid-19 hallado en cinco muestras realizadas en la Ciudad y la provincia de Buenos Aires con variantes similares a las que se registraron en Sudáfrica y Río de Janeiro.

La variante detectada, denominada S_E484, es analizada por expertos del Proyecto Argentino Interinstitucional de Genómica de SARS-CoV-2 (PAIS) y se espera realizar la secuencia completa de su genoma para relacionarla con las cepas que está causando preocupación, principalmente en el Reino Unido, donde se profundizaron las medidas restrictivas, ya que estudios indican que la nueva cepa alcanza mayor contagiosidad.

Por el momento se detectaron en el mundo tres variantes del coronavirus. Una de ellas, es la variante VOC 202012/01 o «Variante UK», detectada en Reino Unido el 20 de septiembre pasado, y que ya ha sido reportada en 23 países, entre ellos Brasil, Chile, Canadá y Estados Unidos; la variante 501Y.V2, que fuera registrada en Sudáfrica el 8 de octubre y que también fue encontrada en Reino Unido, Suiza y Finlandia; y la de Río de Janeiro, que fue individualizada ese último mes. Las variantes comparten algunos cambios genéticos comunes, pero tienen orígenes evolutivos distintos.

Según detalló el Proyecto PAIS, «desde que comenzó la vigilancia activa de las variantes de interés de SARS-CoV-2 (14/12/20 al 26/12/20), sobre un total de 144 muestras secuenciadas de la CABA, GBA y ciudad de Santa Fe (39 del reporte N°9 y 105 del actual), no se ha detectado aún ninguno de los cambios marcadores de la proteína S de la variante VOC202012/01 (UK), mientras que en cinco muestras se detectó el cambio

S_E484K (procedentes de CABA y GBA)».

El grupo de investigadores indicó que se relaciona con «una de las tres mutaciones marcadoras de la variante de Sudáfrica, y también se encuentra como única mutación del gen S en la variante de Río de Janeiro».

«Aunque el hallazgo es interesante, se requiere secuenciar el genoma completo del SARS-CoV-2 para determinar si el virus encontrado en GBA comparte un origen común con la variante de Río de Janeiro», se advirtió.

Se trata de una mutación que está presente tanto en la variante 501Y.V2 (una de las tres detectadas en Sudáfrica), como en la de Río de Janeiro.

El grupo de científicos señaló que «el aumento de positividad de casos que se está dando en diferentes regiones del país requiere continuar vigilando activamente estas variantes y otras que pudieran surgir».