

COVID- 19: detectaron el primer caso de la cepa británica en la Argentina



El Ministro de Ciencia, Tecnología e Innovación de la Nación, Roberto Salvarezza, confirmó este sábado por la mañana, que **fue detectado el primer caso de la cepa británica del coronavirus en Argentina.**

“El Consorcio interinstitucional para la Secuenciación del genoma y estudios genómicos de SARS-COV-2, creado por [@ciencia_ar](#) detectó en **un viajero proveniente del exterior la variante del SARS-CoV-2 del Reino Unido.** Ya se ha informado a las autoridades sanitarias”, tuiteó el funcionario.

El argentino, que en el último tiempo también había viajado por Austria y Alemania por cuestiones laborales, había arribado a Buenos Aires a fines de diciembre desde Frankfurt sin presentar síntomas de la enfermedad.



Roberto Salvarezza ✓
@RCSalvarezza

0/0/0

El Consorcio interinstitucional para la Secuenciación del genoma y estudios genómicos de SARS-COV-2, creado por @ciencia_ar, detectó en un viajero proveniente del exterior la variante del SARS-CoV-2 del Reino Unido. Ya se ha informado a las autoridades sanitarias.



8:01 a. m. · 16 ene. 2021 · Twitter for Android

Tuit del Ministro de Ciencia y Tecnología, Roberto Salvarezza

Tras dar positivo en el test de antígenos en saliva que se realizó en el centro de control de turistas en el Aeropuerto de Ezeiza posteriormente se confirmó en el Laboratorio de Biología Molecular del Hospital Pedro de Elizalde que **se trata de una cepa que nunca antes se había registrado en nuestro país.**

“A través de la metodología propuesta de secuenciación del gen de la proteína se detectaron las mutaciones características de la variante VOC202012/01 (Reino Unido) perteneciente al linaje B.1.1.7. Las mutaciones detectadas en la secuencia obtenida son: S_HV69-70del, S_Y144del, S_N501Y, S_A570D, S_T7161I, S_S982A, S_D1118H”,

precisó el informe oficial del Proyecto Argentino Interinstitucional de Genoma SARS-CoV-2.

Si bien las mutaciones detectadas son confirmatorias de la variante, la muestra está siendo procesada en el nodo de secuencia del INTA-CONIECT de Rafaela para la obtención del genoma completo que será incorporado a la basa de datos GISAID a la brevedad.

De acuerdo a un estudio científico llevado a cabo por investigadores de la Universidad de Birmingham y el organismo gubernamental Salud Pública de Inglaterra o *Public Health England* en inglés, **la nueva cepa británica del coronavirus es un 70% más contagiosa que la original porque se replica en la garganta.**

**Reporte N°12: Vigilancia activa de variantes de SARS-CoV-2 en Argentina.
Reporte de caso. Actualización al 15/01/2021.**

Se describe el caso de un argentino residente en Reino Unido con antecedentes de viaje en el último tiempo a Austria y Alemania por razones laborales, que arriba asintomático a la Argentina desde Frankfurt a finales de diciembre del 2020. En Ezeiza resulta positivo para antígenos de SARS-CoV-2, posteriormente confirmado por qRT-PCR en laboratorio. La secuenciación del gen S confirmó la presencia de la variante VOC 202012/01 (Reino Unido) (linaje B.1.1.7), siendo la primera vez que se detecta en el país.

Durante las últimas semanas, la emergencia de variantes virales del SARS-CoV-2 han llamado la atención de la comunidad científica y de los gobiernos nacionales:

- La variante VOC 202012/01 o variante 501Y.V1 (linaje B.1.1.7), cuya muestra más antigua fue detectada en el Reino Unido el 20/09/2020 (Rambaut y col., 2020). Esta variante ya ha sido reportada al día 15 de enero de 2021 en 54 países incluidos Brasil y Chile, dentro de América del Sur.
- La variante VOC 202012/02 o variante 501Y.V2 (linaje B.1.351), detectada en Sudáfrica desde el 08/10/2020 (Tegally y col., 2020). Esta variante ha sido reportada 22 países hasta el momento, ninguno del continente americano.
- La variante 501Y.V3 (linaje P.1, derivado del linaje B.1.1.28), cuya muestra más temprana corresponde al día 16/12/2020, detectada en Brasil (Manaos, Estado de Amazonas) y en Japón (Faria y col., 2021).
- La variante de Río de Janeiro (derivada del linaje B.1.1.28), detectada Río de Janeiro, Brasil, desde octubre de 2020 (Voloch y col., 2020). Actualmente, esta variante ha sido detectada en 9 países, incluida la República Argentina.

Con el objetivo de continuar con la vigilancia activa de las variantes mencionadas a través de la secuenciación parcial del gen de la proteína Spike del SARS-CoV-2, se recibió para su análisis un caso proveniente de un viajero que había arribado al aeropuerto de Ezeiza y que a través del Dispositivo Turistas Ezeiza había sido positivo para SARS-CoV-2 por test de antígenos y posterior confirmación por qRT-PCR en laboratorio.

Informe divulgado por el Proyecto País

Los investigadores analizaron una gran cantidad de **muestras de hisopados tomados de la nariz y la garganta** de potenciales pacientes con COVID-19 que con la prueba diagnóstica confirmaron su positivo y allí hallaron la novedad: **los que tenían la nueva variante, denominada B117, tenían altas cargas virales** en comparación a aquellos que mostraban tener la cepa original.

Asimismo, se detectaron niveles más altos del virus SARS-CoV-2 en el material recolectado en hisopos de los pacientes con la mutación B117, lo que sugiere un caso más grave de la enfermedad y **evidencia la facilidad que tiene para transmitirse rápidamente**.

La nueva variante del virus, que tiene una **proteína de “pico”** mutada en el exterior que lo hace mejor para invadir el cuerpo, se anunció en noviembre y ya se extendió a más de 50 países, incluidos la Argentina.

En tanto, la **mutación detectada en Sudáfrica**, llamada 501Y.V2, comunicada el 18 de diciembre, se encuentra ahora en 20 países, territorios y áreas. Pero la OMS también advirtió que **una tercera “variante preocupante” hallada en Japón** puede tener un impacto en la respuesta inmunitaria y necesita ser más investigada.



La cepa fue traída por una argentino residente en el Reino Unido que ingresó al país a fines de diciembre

Las variantes son versiones diferentes del coronavirus inicial que aparecen con el tiempo, a medida que el virus muta, cosa que sucede cuando se replica. Hasta

ahora, se habían observado múltiples mutaciones del SARS-CoV-2, la mayoría sin consecuencia. Pero otras pueden mejorar su supervivencia, por ejemplo, volviéndolo más contagioso.

Las variantes que emergieron en Reino Unido, Sudáfrica, Brasil y Japón -este último con la llegada de una familia procedente del gigante sudamericano-, **tienen en común una mutación llamada N501Y, que explicaría su mayor transmisibilidad**. Esta se sitúa en la proteína “spike” del coronavirus, una prominencia que le permite penetrar en las células.

Frente a la llegada de la cepa británica a nuestro país, las autoridades sanitarias insistieron en reforzar el cumplimiento de las disposiciones vigentes en cuanto al **aislamiento obligatorio de 7 días en caso de viaje**, distanciamiento social, uso de tapabocas y ventilación de ambientes.

Fuente: Infobae