

# En Argentina no circulan nuevas cepas de coronavirus

29/12/2020

El consorcio interdisciplinario Proyecto PAIS (Proyecto Argentino Interinstitucional de Genómica de SARS-CoV-2) notificó que, de acuerdo con el análisis de 512 secuencias de genoma completo de SARS-CoV-2 entre marzo y octubre, “no evidenció circulación” en Argentina de las variantes de coronavirusCovid-19 detectadas en Reino Unido, Sudáfrica y Brasil.

El estudio de 512 secuencias de genoma completo de SARS-CoV-2 se hicieron mediante el Consorcio entre marzo y octubre a partir de muestras de individuos de la Ciudad de Buenos Aires (CABA), provincia de Buenos Aires, Chaco, Córdoba, Río Negro, Neuquén, La Pampa y Tierra del Fuego “no evidenció circulación de estas variantes en Argentina”, señaló el reporte N° 9.

El análisis tuvo como estudio las tres variantes virales del SARS-CoV-2: VOC 202012/01 (linaje B.1.1.7), cuya muestra más reciente fue detectada en el Reino Unido el 20 de septiembre pasado; la variante 501Y.V2 (linaje B.1.351), detectada en Sudáfrica desde el 8 de octubre; y la variante de Río de Janeiro (derivada del linaje B.1.1.28), detectada en Brasil, también en octubre.

El informe concluyó que “la emergencia de variantes virales es un proceso natural de la evolución de los virus” y agregó que «sin embargo, cuando éstas se presentan con cambios genéticos en regiones implicadas en la interacción con el receptor celular o en el reconocimiento de anticuerpos específicos es necesario evaluar el posible impacto de esos cambios genéticos sobre la propagación viral, la capacidad de causar enfermedad más severa o la respuesta a la vacunación”.

La variante descubierta en Reino Unido fue reportada también en Dinamarca, Singapur, Australia, Países Bajos, Suecia, España, Suiza, Líbano, Francia, Israel, Italia, Japón, Islandia, Bélgica y Alemania.

En tanto, la detectada en Sudáfrica se encuentra en Reino Unido, y la de Río de Janeiro sólo en Brasil.

“Es importante destacar que, si bien algunas variantes comparten cambios genéticos estas variantes virales tienen orígenes distintos, es decir, esos cambios comunes ocurrieron en eventos evolutivos independientes”, precisó el reporte.

Además, explicó que “para determinar la posible circulación de estas variantes en nuestro país, se requiere una vigilancia activa de las variantes genéticas del SARS-CoV-2, ya sea a través de la secuenciación del genoma completo o mediante el análisis de secuencias parciales que incluyan marcadores genéticos de interés”.

En los últimos días, el Consorcio a través del Laboratorio de Virología del Hospital de Niños Ricardo Gutiérrez, realizó la secuenciación parcial de la región que codifica para la proteína S (Spike) del SARS-CoV-2 a partir de 39 casos seleccionados sobre un total de 71 muestras positivas para SARS-CoV-2, tomadas entre el 14 y el 18 de diciembre de 2020 correspondientes a casos de circulación comunitaria en CABA y de turismo.

En ninguna de las 39 secuencias parciales se observó la mutación localizada en la proteína S, característica de las variantes del Reino Unido o de Sudáfrica.

Sin embargo, en cuatro del total de las secuencias se encontró una de las tres mutaciones de la variante de Sudáfrica y es la única mutación del gen S en la variante de Río de Janeiro.