

Proyecto PAIS (Proyecto Argentino Interinstitucional de Genómica del SARS-COV-2)

Recopilado por Dr. Andrés R. Pérez Riera

El Proyecto PAIS (Proyecto Argentino Interinstitucional de Genómica del SARS-COV-2) continúa realizando secuenciaciones del gen que codifica para la proteína Spike.

El último informe presentado señala que de 132 muestras del Área Metropolitana de Buenos Aires (AMBA) no se detectaron las mutaciones marcadoras de la variante VOC 202012/01 (Reino Unido), de la variante 501Y.V2 (Sudáfrica), ni de la variante 501Y.V3 (Manaus); se detectó la mutación S_E484K, característica de la variante de Rio de Janeiro (P.2), en siete muestras (cuatro de la Ciudad Autónoma de Buenos Aires, dos del Gran Buenos Aires sur, y un viajero que regresó de Brasil).

La vigilancia activa de las variantes de SARS-CoV-2 fue realizada entre el 14 de diciembre de 2020 y el 18 de enero de 2021. Desde el comienzo de la vigilancia activa de variantes, el cambio S_E484K compatible con la variante de Rio de Janeiro (P.2) se detectó en 13 de 322 muestras del AMBA, lo que muestra una frecuencia de aproximadamente 4% en la población estudiada. La pertenencia al grupo de esta variante ya fue confirmada a través de la secuenciación del genoma completo de cuatro de las muestras mencionadas y otras se encuentran en proceso.

Todos los casos correspondieron a circulación comunitaria en el AMBA, posiblemente a partir de distintas introducciones al país. La emergencia de variantes virales es un proceso natural de la evolución de los virus. 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. Desde diciembre de 2020, cuatro variantes virales del SARS-CoV-2 han llamado la atención de la comunidad científica y de los gobiernos nacionales:

- La variante 501Y.V1 (linaje B.1.1.7) o variante VOC 202012/01, que fuera detectada por primera vez en el Reino Unido el 20 de septiembre de 2020 (informalmente denominada “nueva cepa”, “variante de Londres”, “variante UK”). Esta variante ya ha sido reportada, al día 26 de enero de 2021, en 63 países, incluida Argentina.
- La variante 501Y.V2 (linaje B.1.351) o variante VOC 202012/02, detectada en Sudáfrica desde el 8 de octubre de 2020 (también conocida como “variante de Sudáfrica”, “variante S A”). Ha sido reportada en 26 países hasta el momento, ninguno de América del Sur.
- La variante 501Y.V3 (linaje P.1, derivado del linaje B.1.1.28) o variante VOC 202101/02, cuya muestra más temprana corresponde al día 4 de diciembre de 2020, detectada en Brasil (Manaus, Estado de Amazonas). Ha sido reportada en ocho países; Brasil es el único país con reportes dentro de América del Sur.
- La variante de Rio de Janeiro o variante P.2 (derivada del linaje B.1.1.28), detectada en Rio de Janeiro, Brasil, desde octubre de 2020. Esta variante ya ha sido reportada en nueve países, incluida Argentina. Cabe destacar que estas variantes virales emergieron en eventos evolutivos independientes.
-