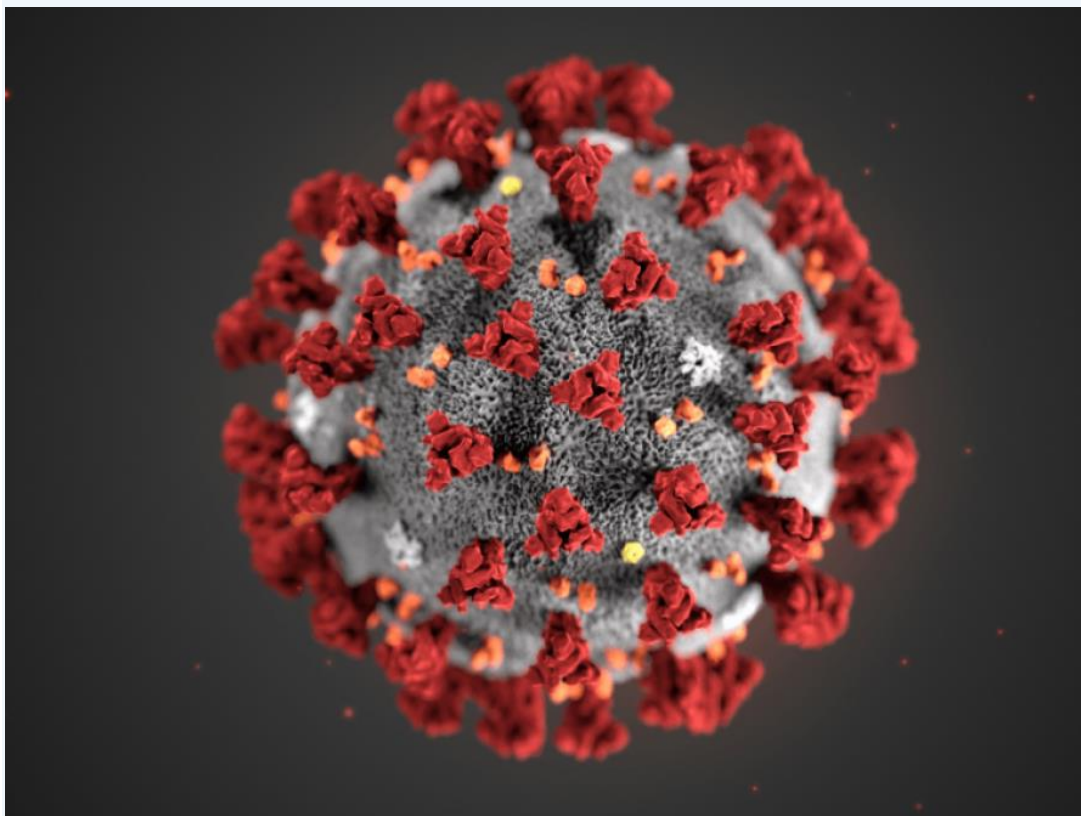


Genomas cordobeses del #COVID-19: 6 claves del estudio coordinado por el Dr. Echenique

Viernes, 24 Julio 2020



En julio, el equipo de investigación coordinado por el **Dr. José Echenique**, del Departamento de Bioquímica Clínica de la Facultad de Ciencias Químicas (UNC) y del Centro de Investigaciones en Bioquímica Clínica e Inmunología (CIBICI), presentó los resultados del análisis de **22 genomas de cepas de SARS-CoV-2** aisladas de personas infectadas con **#COVID-19 en la ciudad de Córdoba**.

El estudio incluyó casos de dos brotes surgidos en esta ciudad en el mes de mayo. Las muestras fueron provistas por el Laboratorio Central de la Provincia de Córdoba y las secuenciaciones se realizaron con **tecnología MinION Nanopore** en el laboratorio del **Dr. Daniel Pérez**, de la Universidad de Georgia (Estados Unidos).

A partir del financiamiento otorgado por la [Agencia Nacional de Promoción Científica y Tecnológica de la Nación](#) mediante un proyecto IP COVID-19, el

objetivo del equipo científico es seguir investigando para **secuenciar 100 genomas locales** durante los próximos meses. Esto permitirá evaluar la evolución epidemiológica en Córdoba y conocer posibles mutaciones de las cepas que circulan en la región, con el fin de **advertir su influencia en el tratamiento clínico de pacientes con COVID-19**.

6 claves del estudio sobre genomas cordobeses del coronavirus

1) El **genoma viral** constituye el material genético de estos **microorganismos** y está conformado por un grupo de genes que codifican para las proteínas que necesita el virus para replicar y formar las partículas virales. Las secuencias de nucleótidos que definen cada genoma se analizan por técnicas de secuenciamiento de ADN, y permiten conocer el probable origen de las cepas.

2) Mediante el análisis de las secuencias de los genomas de las cepas de SARS-CoV-2 circulantes, se determinó que **en Córdoba predomina un linaje (familia del virus) surgido en Europa**. De las 22 personas investigadas, 21 presentaron el linaje B.1.5, que circuló originalmente en España y Reino Unido, y actualmente se encuentra en 46 países. Por otra parte, se identificó una cepa del linaje denominado B.1.5.3, que circuló en Reino Unido, Suecia y Australia, y que no había sido identificada hasta el momento en Argentina.

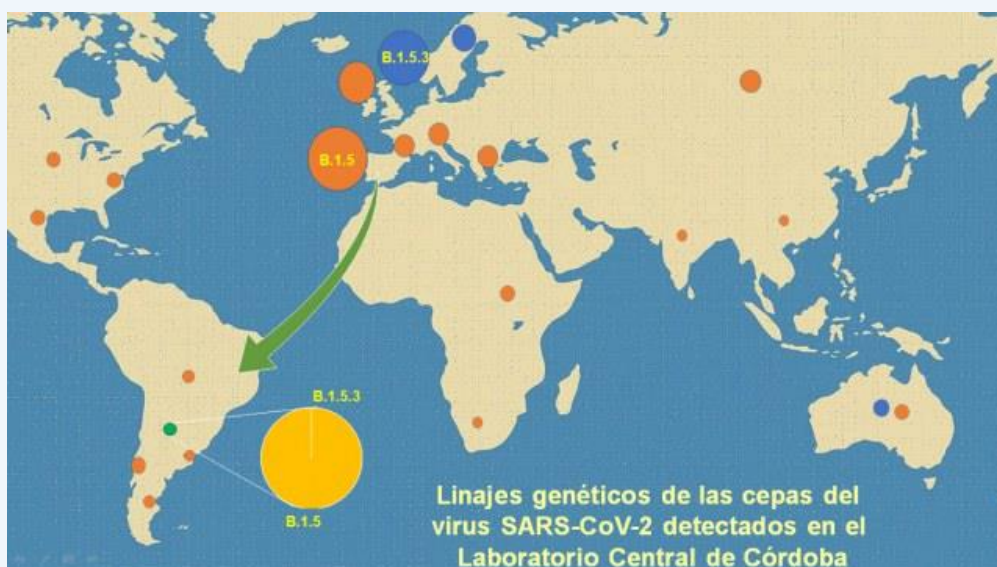
3) Conocer las secuencias de los genomas de las cepas de SARS-CoV-2 que se introdujeron a esta región, y cuáles siguen circulando, **permite identificar nuevas características del virus**, tales como su alta infectividad o la capacidad de causar infecciones asintomáticas. A nivel mundial, ya se han secuenciado más de 90 mil genomas de coronavirus.

4) La investigación realizada en Córdoba advirtió **mutaciones locales inéditas de SARS-CoV-2**, además de **otras ya identificadas a nivel mundial**, ligadas a su capacidad de adaptación y propagación.

5) Mutaciones identificadas en el estudio: en el gen RdRp permite al virus **mutar fácilmente** (fenotipohipermutador), mientras que mutaciones en el gen S, que codifica para la proteína Spike ("puntas" que el virus utiliza para unirse a las

células humanas para invadirlas) incrementa su **infectividad**. Ambas ya fueron descritas en otros países.

6) Dentro de las **mutaciones encontradas en las cepas de SARS-CoV-2 de Córdoba**, el equipo identificó una **inédita en el gen ORF3a**, que provocaría que el virus mate menos células durante la infección de las personas. Esta mutación, probablemente, sería la causa de **casos asintomáticos** y de la **mayor transmisibilidad del virus**. Existen otros cambios genéticos del virus que sólo se dieron en Córdoba y que sirvieron para marcar la trazabilidad del SARS-CoV-2, es decir la trayectoria y mutaciones que va teniendo el virus en esta región a medida que se propaga.



*Linajes genéticos de las cepas del virus SARS-CoV-2 detectados en Córdoba.
Elaboración: Dr. José Echenique*

Equipos de investigación que participaron:

- Departamento de Salud Poblacional (Facultad de Medicina Veterinaria, Universidad de Georgia, Estados Unidos): Dra. Lucia Ortiz y Prof. Daniel Pérez. Con el apoyo de Institutos Nacionales de Salud de Estados Unidos (RO1- UGA). El **Dr. Pérez** es bioquímico y egresado de la FCQ (UNC). Actualmente, es un referente internacional en influenza aviar y humana.
- Base2Bio (Wisconsin, EE.UU.): Dr. Claudio Afonso.

- Laboratorio de Microbiología Molecular y Celular (Facultad de Ciencias Químicas, Universidad Nacional de Córdoba; CIBICI, CONICET): Dr. José Echenique.
- Laboratorio Central de la Provincia: Dr. Gonzalo Castro.
- Secretaría de Prevención y Promoción de la Salud, Ministerio de Salud de la Provincia de Córdoba: Dra. Gabriela Barbas.
- Instituto Universitario de Ciencias Biomédicas de Córdoba: Dr. Danilo Ceschin.
- Instituto de Virología "José Vanella", Universidad Nacional de Córdoba: Dra. Viviana Re.

Fuentes: Viano, Lucas (2020, 18 de julio). "Secuencian los primeros "genomas cordobeses" del coronavirus". *La Voz del Interior* [En línea] <https://www.lavoz.com.ar/ciudadanos/secuencian-primeros-genomas-cordobeses-del-coronavirus>[Consu... 21 de julio]

CIBICI-CONICET y Facultad de Ciencias Químicas de la Universidad Nacional de Córdoba(2020). "Análisis de secuencias de genomas de cepas de SARS-CoV-2 detectadas en la Ciudad de Córdoba. Informe presentado al Ministerio de Salud de la Provincia de Córdoba". Córdoba, Argentina.

Autorización de la publicación: Dr. José Echenique (FCQ, UNC -CIBICI, CONICET) y Lic. Víctor Díaz (PCI, FCQ, UNC)