

FUENTE: TELAM  
16/07/2020 SALUD

## Investigadores de Córdoba secuenciaron 22 genomas de cepas de coronavirus

La investigadora del Conicet Viviana Re dijo a Télam que lo que se está haciendo es “saber cómo está caracterizada cada cepa que circula en Córdoba, identificando dos brotes, y la idea es iniciar desde que comenzó la pandemia”.

Por Corresponsal



La mayoría de las cepas analizadas en Córdoba pertenecen al linaje B.1.5, diseminado originalmente en Europa, principalmente en Reino Unido y España y Australia.

Investigadores y científicos de Córdoba secuenciaron 22 genomas de cepas SARS-CoV-2 diagnosticadas en el Laboratorio Central de la Provincia, correspondientes a dos brotes ocurridos en mayo, destacando el origen “cosmopolita” -que no son exclusivas de la región-, aunque advirtieron que continúan en fase de investigación para determinar la “virulencia”.

La investigadora del Conicet Viviana Re dijo a Télam que lo que se está haciendo es “secuenciar y saber cómo está caracterizada cada cepa que circula en Córdoba, identificando dos brotes, y la idea es iniciar desde que comenzó la pandemia”.

“Esto se hace para saber qué cepas se introdujeron, cuáles siguen circulando y saber si tienen características especiales, ya que algunas están relacionadas con personas asintomáticas”, reforzó Re, integrante del Instituto de Virología – “Dr. J. M. Vanella” – Conicet – Facultad de Ciencias Médicas de la UNC.

Por su parte, José Echenique, del Departamento de Bioquímica Clínica-Cibici (Conicet) y coordinador del grupo de investigadores de este estudio, aclaró que “en Córdoba se identificó una cepa de SARS-CoV-2 que pertenece al linaje B.1.5.3, diseminado principalmente en Reino Unido, Australia y Suecia, pero no se había detectado aún en Argentina”.

“La mayoría de las cepas analizadas en Córdoba pertenecen al linaje B.1.5, diseminado originalmente en Europa, principalmente en Reino Unido y España y Australia, con menor incidencia en Turquía, Brasil y también en Argentina”, agregó el investigador.

Asimismo, Echenique reforzó: “Si bien la diseminación aparentemente indicaría un mismo origen, un detallado análisis genético de estas cepas del linaje B.1.5 revelaron nuevas mutaciones, que podrían haber sido adquiridas durante su diseminación en Córdoba y son útiles para fines epidemiológicos”.

La investigadora Viviana Re, en tanto, aclaró también que el comportamiento del virus en cada paciente puede ser diferente de acuerdo a diversos factores: “Estamos teniendo bastante circulación, pero no se ve tanta internación. Depende también de las edades, es una suma de factores”, comentó.

Desde el Ministerio de Salud de Córdoba destacaron: “Nos llena de orgullo poder seguir articuladamente con la Universidad encarando este tipo de estudios”.

Re, en tanto, sostuvo que “con las 22 secuencias vemos tres mutaciones que se encontraron que estaría bueno confirmar, ahora estamos buscando pacientes que hayan tenido más severidad”.

“A veces los virus cuando van circulando pueden volverlos más virulentos o más atenuados”, agregó.

Echenique presentó un informe de evolución de situación en la sala de conferencias del Ministerio de Salud provincial, en donde destacó que “se continuarán estudiando más secuencias de genomas a fin de establecer con mayor exactitud el rol de estas mutaciones y su asociación clínica”.

Al ser consultada con la relación que puede tener la secuenciación de cepas con el tratamiento que se realiza con plasma de pacientes recuperados de coronavirus, Re aclaró que “quizás después se pueda unir todo, es más puntual con las características genéticas”.

“Los virus van mutando. Ir conociendo sirve para lo que viene, para la formulación de vacunas”, resaltó, y contó: “La cepa que encontramos es cosmopolita. No es exclusiva de la región, es la más común”.

Los investigadores cordobeses destacaron además la importancia de que “las secuencias generadas en este proyecto, como nuevas secuenciaciones de cepas virales circulantes a lo largo de la epidemia, se sumarán al Proyecto País (Consorcio interinstitucional para la secuenciación del genoma y estudios genómicos de Sars-Cov-2).

El Proyecto País tiene como objetivo general analizar la trayectoria evolutiva de las cepas del SARS-CoV-2 que circulan en Argentina para estudiar su origen y dispersión en el país, en el contexto de las cepas mundiales, como así también analizar las mutaciones que pudieran afectar el diagnóstico, la transmisión y la virulencia del virus.

En el contexto internacional, hasta el momento se han secuenciado más de 90.000 genomas de SARS-CoV-2, lo que permite realizar estudios filogenéticos identificando linajes bien definidos.

En Córdoba, el grupo de trabajo que coordina Echenique, tiene como integrantes además de Re a los investigadores Lucía Ortiz, Daniel R. Pérez, Claudio Afonso, Gonzalo Castro y Paola Sicilia.

**Fuente: TELAM**

<https://www.telam.com.ar/notas/202007/490449-investigacion--coronavirus-genomas-cordoba.html>