

## 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.

## Resultados:

### Descripción del caso

Argentino residente en Reino Unido con antecedentes de viaje en el último tiempo a Austria y Alemania por razones laborales, arriba a la Argentina desde Frankfurt a finales de diciembre del 2020. Paciente asintomático en EZEIZA se le realiza a través del Dispositivo Turistas Ezeiza, un test de antígenos en saliva que resulta positivo. Posteriormente se le realiza la confirmación por qRT-PCR en muestra de saliva en el Laboratorio de Biología Molecular del Hospital Pedro de Elizalde. Se le indica cuarentena que cumple en un domicilio de CABA.

A través de la metodología propuesta de secuenciación del gen de la proteína S 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\_D614G, S\_P681H, S\_T716I, S\_S982A, S\_D1118H.

Si bien las mutaciones detectadas son **confirmatorias** de la variante, la muestra está siendo procesada en el nodo de secuenciación del INTA-CONICET de Rafaela para la obtención del genoma completo de SARS-CoV-2 que será incorporado a la base de datos GISAID a la brevedad.

## CONCLUSIÓN

Mediante la estrategia de vigilancia activa de las variantes de SARS-CoV-2 se ha detectado el ingreso al país de la variante VOC202012/01 (Reino Unido) en un individuo residente de Reino Unido proveniente de Alemania. Actualmente, las autoridades sanitarias se encuentran realizando las investigaciones epidemiológicas pertinentes al caso.

Se evidencia la importancia de cumplir con las disposiciones sanitarias de aislamiento obligatorio en caso de viaje, y de distanciamiento físico, uso de tapabocas y ventilación de ambientes.

El Consorcio Argentino Interinstitucional de Genómica de SARS-CoV-2 continuará realizando la vigilancia molecular en tiempo real sobre los casos de circulación comunitaria, así como casos de viajeros provenientes del exterior con la estrategia planteada, a la par que seguirá caracterizando los genomas de SARS-CoV-2 que han circulado desde el inicio de la epidemia en diferentes regiones del país. Asimismo, la vigilancia molecular en tiempo real permitirá determinar la posible emergencia de nuevas variantes virales locales.

### Estrategia de secuenciación empleada:

Debido a que las variantes buscadas presentan cambios no sinónimos marcadores en la proteína S (Spike), se decidió realizar la secuenciación completa del gen que la codifica a través del método tradicional de Sanger, utilizando el protocolo de secuenciación recomendado por el CDC ([https://github.com/CDCgov/SARS-CoV-2\\_Sequencing/blob/master/protocols/CDC-Comprehensive/CDC\\_SARS-CoV-2\\_Sequencing\\_200325-2.pdf](https://github.com/CDCgov/SARS-CoV-2_Sequencing/blob/master/protocols/CDC-Comprehensive/CDC_SARS-CoV-2_Sequencing_200325-2.pdf)).

Las mutaciones en la proteína S características de las variantes son:

- **variante 501Y.V1 (Reino Unido):** S\_HV69-70del, S\_Y144del, S\_N501Y, S\_A570D, S\_D614G, S\_P681H, S\_T716I, S\_S982A, S\_D1118H.
- **variante 501Y.V2 (Sudáfrica):** S\_D80A, S\_LAL242-244del, S\_K417N, S\_E484K, S\_N501Y, S\_D614G, S\_A701V.
- **variante 501Y.V3 (Manaos, Brasil):** S\_L18F, S\_T20N, S\_P26S, S\_D138Y, S\_R190S, S\_K417T, S\_E484K, S\_N501Y, S\_D614G, S\_H655Y, S\_T1027Y, S\_V1176F.
- **variante de Río de Janeiro:** S\_E484K, S\_D614G, S\_V1176F.

Todas las variantes presentan cambios nucleotídicos en otras regiones del genoma, no alcanzados con esta estrategia.

Para cubrir los cambios marcadores se amplificó el gen completo de la proteína S a través de los fragmentos CDC27 al CDC31. La secuenciación de los amplicones se realizó en ambas direcciones utilizando el método de secuenciación con dideoxinucleótidos marcados en un secuenciador capilar ABI3500 (*Applied Biosystems*). Las secuencias fueron analizadas a través del programa SeqScape (*Applied Biosystems*) y comparadas con la cepa hCoV-19/Wuhan/WIV04/2019 (EPI\_ISL\_402124-S).

### Participantes en este reporte:

**Nodo secuenciación HNRG:** Mercedes Nabaes; Laura Valinotto; Stephanie Goya; Mónica Natale; Silvina Lusso, Sofía Alexay; Mariana Viegas.

**Nodo evolución:** Carolina Torres, Paula Aulicino, Guido König, Humberto Debat, Mariana Viegas.

**Nodo de toma, procesamiento de muestras clínicas y análisis epidemiológico:** Laboratorio de Biología Molecular Hospital Pedro de Elizalde (CABA): Javier Indart,

**PROYECTO ARGENTINO INTERINSTITUCIONAL DE GENÓMICA  
DE SARS-CoV-2**

Jaqueline Rocovich, Luciana Montoto Piazza, Gretel Wenk, María Eugenia Martín, María Florencia Sanchez, Paulina Marchetti, Franco Morandi, Maria Laura Sueiro, Aldana Claps, Laura Bressan, Federico José Torres, Julián Chamorro, Julieta Gondolessi, Marisa Lorena Gómez, Belen Carolina Diaz, Daiana Rosales, Florencia Alegre, Natalia Zamora, Emilce osaba, Eugenia Paez, Federico Lorenzo.

**COE COVID -Epidemiología, Ciudad de Buenos Aires:** Paula Sujansky, Patricia Angeleri.

**Fondos:** Proyecto IP COVID-19 N°08 y COFECYT Federal SF-12 (ANPCyT).

**Referencias:**

Rambaut y col. Preliminary genomic characterisation of an emergent SARS-CoV-2 lineage in the UK defined by a novel set of spike mutations. Publicado: 18 de diciembre de 2020. <https://virological.org/t/preliminary-genomic-characterisation-of-an-emergent-sars-cov-2-lineage-in-theuk-defined-by-a-novel-set-of-spike-mutations/563>

Tegally y col. Emergence and rapid spread of a new severe acute respiratory syndrome-related coronavirus 2 (SARS-CoV-2) lineage with multiple spike mutations in South Africa. medRxiv 2020:2020.12.21.20248640. DOI: [10.1101/2020.12.21.20248640](https://doi.org/10.1101/2020.12.21.20248640)

Voloch y col. Genomic characterization of a novel SARS-CoV-2 lineage from Rio de Janeiro, Brazil. medRxiv 2020.12.23.20248598. DOI: [10.1101/2020.12.23.20248598](https://doi.org/10.1101/2020.12.23.20248598)

Faria y col. Genomic characterisation of an emergent SARS-CoV-2 lineage in Manaus: preliminary findings. Publicado: 12 de enero de 2020. <https://virological.org/t/genomic-characterisation-of-an-emergent-sars-cov-2-lineage-in-manaus-preliminary-findings/586>