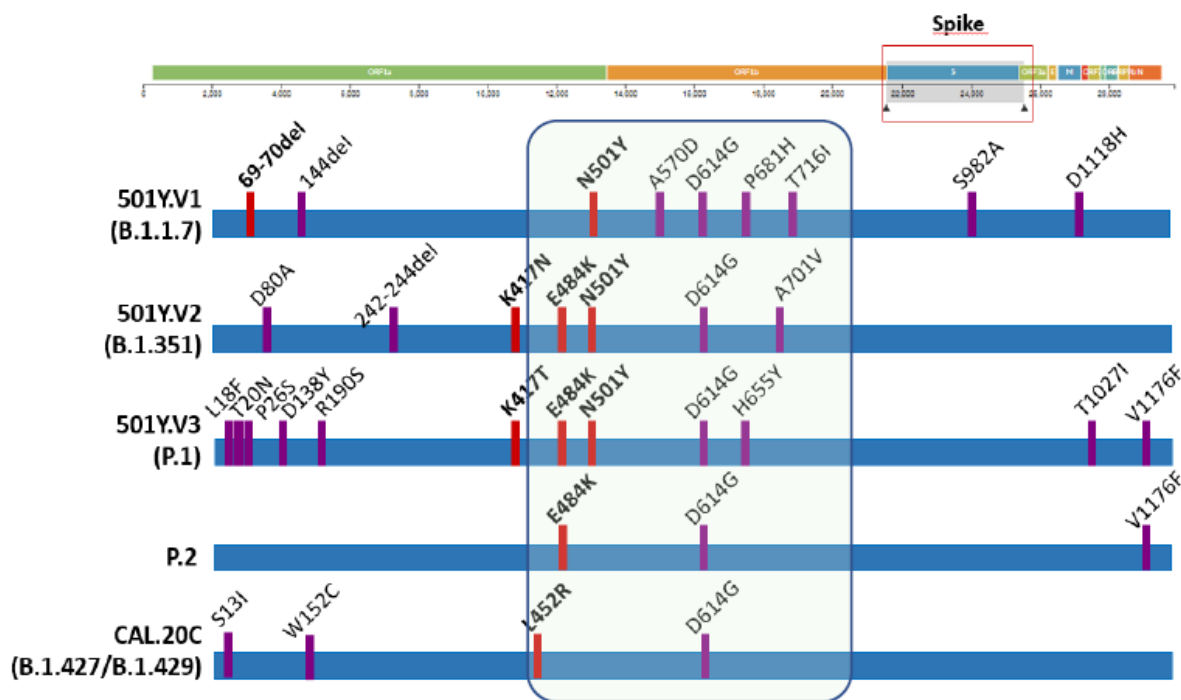


REPORTE LC03/2021

FECHA: 07/05/2021

## VIGILANCIA ACTIVA DE VARIANTES DE SARS-CoV-2

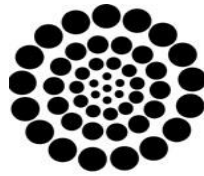
Se realizó el estudio de muestras positivas para SARS-CoV-2 determinadas por RT-qPCR en el Laboratorio Central. Se incluyeron 35 muestras de distintas ciudades de la provincia, provenientes de pacientes con formas graves de la enfermedad, pacientes vacunados, posibles reinfecciones y un porcentaje de muestras positivas del período de 27/4/21 a 30/4/21. En el período mencionado se confirmaron 1582 nuevos contagios en la provincia de Neuquén, el Laboratorio Central recibió 2173 muestras para diagnóstico con 273 positivos por RT-qPCR. En las muestras seleccionadas, se realizó la secuenciación parcial del gen S de SARS-CoV-2 con el protocolo adaptado del 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)). El fragmento secuenciado abarca los aminoácidos comprendidos entre 428 y 750 de la secuencia de la proteína Spike. Las variantes de preocupación (VOC) evaluadas son variante 501Y.V1 (linaje B.1.1.7, UK), variante 501Y.V2 (linaje B.1.351, Sudáfrica) y variante 501Y.V3 (linaje P.1, Manaus) así como otras variantes de interés (VOI) y mutaciones. En la figura se muestra la representación de los cambios aminoacídicos en la secuencia de la proteína Spike de SARS-CoV-2 de las variantes de interés epidemiológico, resaltadas con un recuadro las que se analizan con la estrategia de secuenciación utilizada en este análisis.



Por más información técnica sobre las variantes de preocupación dirigirse a <http://pais.qb.fcen.uba.ar/reports.php> ("Variantes y mutaciones de SARS-CoV-2").

## RESULTADOS

- Se detectó la presencia de las mutaciones marcadoras de la VOC (variante de preocupación) 501Y.V3 (linaje P.1, Manaus) en 12 muestras.
- La VOC 501Y.V1 (linaje B.1.1.7, Reino Unido) se detectó en 10 muestras.
- En 5 muestras se encontró la mutación S\_L452Q. En 4 de estas muestras se encontró además la mutación S\_F490S lo que las hace compatibles con el linaje C.37 (informalmente llamado Variante Andina), lo que debe ser confirmado por secuenciación completa del genoma.
- Se encontró en una muestra la mutación S\_L452R que podría estar relacionada a la variante CAL.20C (linajes B.1.427/B.1.429, California), lo que debe ser confirmado por secuenciación completa del genoma. Esta variante está considerada variante de interés (VOI) por OMS.



- La mutación S\_E484K en combinación únicamente con D614G se detectó en una muestra, esta mutación podría estar relacionada con la variante P.2 (Río de Janeiro) lo que debe ser confirmado por secuenciación completa del genoma.
- En 6 muestras no se detectaron VOC ni VOI ni mutaciones de interés, estas secuencias podrían estar relacionadas con virus circulantes en la primera ola pandémica.

Para poder hacer un seguimiento en el tiempo de la proporción de variantes circulantes en el período se estudiaron 13 muestras seleccionadas al azar. Se detectaron las siguientes variantes y mutaciones:

- Variante 501Y.V3 (linaje P.1, Manaus): 46.1%
- Mutación S\_L452Q: 30.8%
- Variante 501Y.V1 (linaje B.1.1.7, Reino Unido): 7.7%
- Mutación S\_L452R: 7.7%
- No VOC, ni VOI ni mutaciones de interés: 7.7%

Hasta el momento, no se detectó la combinación de mutaciones característica de la variante 501Y.V2 (Sudáfrica).

Se están analizando las posibles relaciones epidemiológicas de los hallazgos. Se continuará con la vigilancia molecular de la circulación viral, a fin de monitorear con rapidez la presencia de variantes de interés epidemiológico internacional y la emergencia de variantes virales locales. A la par, se seguirán caracterizando los genomas completos de SARS-CoV-2 que han circulado desde el inicio de la epidemia en nuestra provincia.