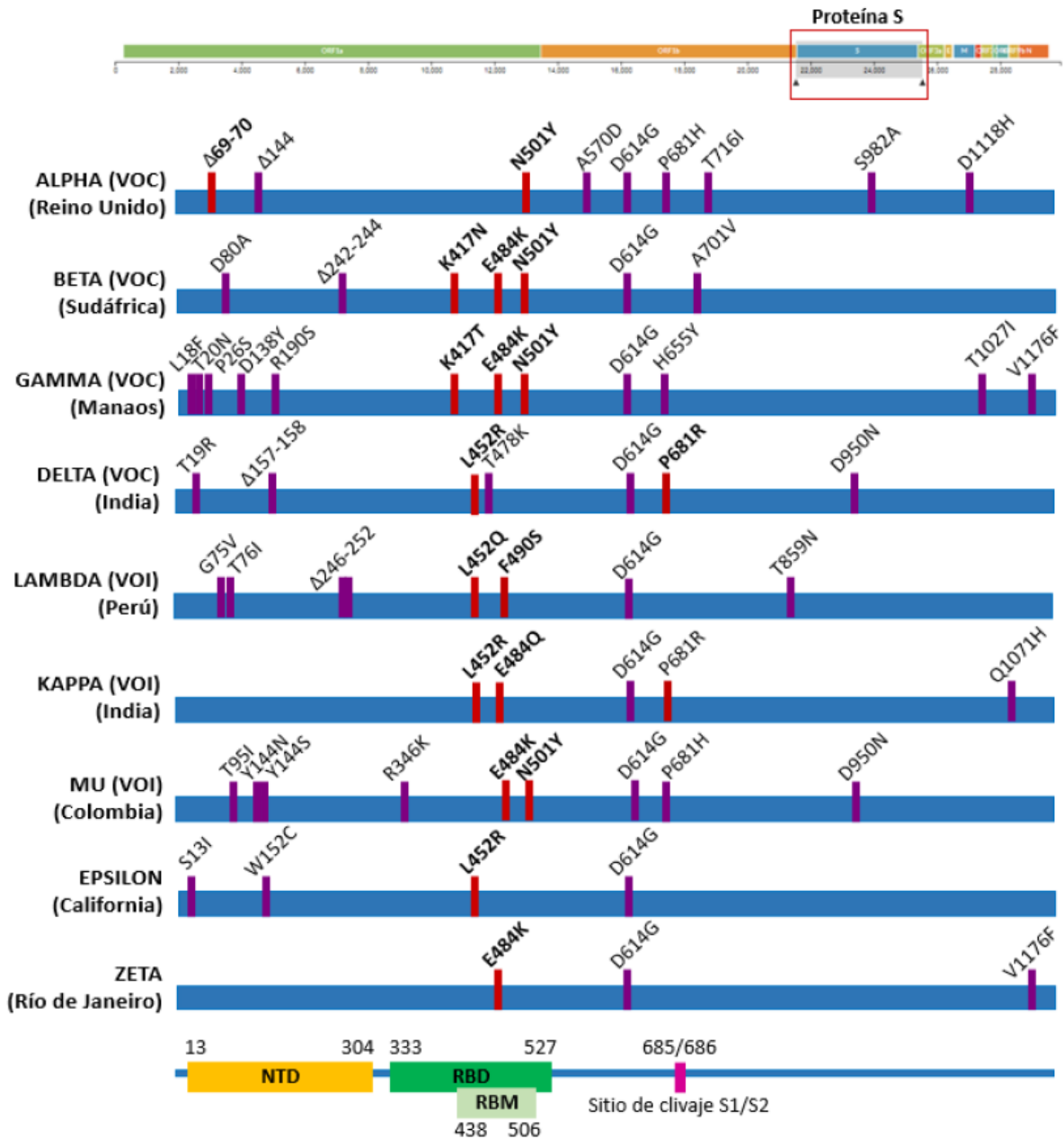
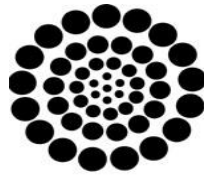


REPORTE LC12/2021

FECHA: 03/09/2021

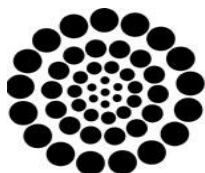
VIGILANCIA ACTIVA DE VARIANTES DE SARS-CoV-2

Se realizó el estudio de muestras positivas para SARS-CoV-2 determinadas por RT-qPCR en el Laboratorio Central. Para la vigilancia de la proporción de variantes circulantes se incluyeron 15 muestras de distintas ciudades de la provincia seleccionadas totalmente al azar con el único requisito de cumplir las condiciones necesarias para ser secuenciadas. Esas muestras ingresaron al Laboratorio Central entre los días 23 y 30 de agosto de 2021. En el período mencionado se confirmaron 716 nuevos casos en la provincia y el Laboratorio Central recibió 3280 muestras para diagnóstico con 150 (4.6%) positivos por RT-qPCR. Para sensibilizar la vigilancia de circulación de variantes se agregaron 3 muestras provenientes de un brote detectado en la ciudad de Neuquén. 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). 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 ALPHA (501Y.V1, linaje B.1.1.7, UK), variante BETA (501Y.V2, linaje B.1.351, Sudáfrica), variante GAMMA (501Y.V3, linaje P.1, Manaus) y variante DELTA (B.1.617.1/2, India), 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

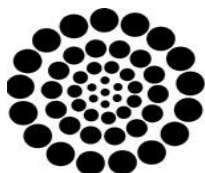
- Se detectó la presencia de las mutaciones marcadoras de la VOC (variante de preocupación) GAMMA (501Y.V3, linaje P.1, Manaos) en 16 muestras.
- Se detectó la presencia de las mutaciones marcadoras de la VOC ALPHA (501Y.V1, linaje B.1.1.7, Reino Unido) en 1 muestra.
- Se detectó la presencia de las mutaciones marcadoras de la VOI LAMBDA (linaje C.37, Variante Andina) en 1 muestra.
- En este muestreo no se detectaron variantes relacionadas con virus circulantes en la primera ola pandémica.

Para hacer un seguimiento en el tiempo de la proporción de variantes circulantes se estudiaron 15 muestras seleccionadas al azar. Se detectaron las siguientes variantes y mutaciones:

- Variante GAMMA (501Y.V3, linaje P.1, Manaos): 86.6%
- VOI LAMBDA (linaje C.37, Variante Andina): 6.7%
- Variante ALPHA (501Y.V1, linaje B.1.1.7, Reino Unido): 6.7%
- No VOC, ni VOI ni mutaciones de interés: no se detectaron en este muestreo

Adicionalmente, para ampliar la vigilancia de la circulación de variantes de SARS-CoV-2 en la Provincia se enviaron durante Agosto a ANLIS MALBRÁN, 20 muestras para secuenciar y determinar variantes. Esas muestras fueron seleccionadas al azar e ingresaron al Laboratorio Central entre los días 2 y 6 de agosto de 2021. En el período mencionado se confirmaron 989 nuevos casos en la provincia y el Laboratorio Central recibió 2885 muestras para diagnóstico con 185 (6.4%) positivos por RT-qPCR. ANLIS MALBRÁN informó 16 muestras con VOC GAMMA, una muestra con VOI LAMBDA, una muestra con VOI MU (linaje B.1.621), dos muestras están pendientes de informar.

La VOI MU (linaje B.1.621) fue identificada originalmente en Colombia en enero del 2021 y recientemente clasificada por la OMS como una VOI. A finales de julio representaba en ese país el 80% de los casos. Ha sido detectada en al menos 39 países, incluyendo en Latinoamérica a



Argentina, Chile, Brasil, Ecuador, Perú y Venezuela. Se caracteriza por mutaciones en la proteína Spike, entre ellas algunas relevantes compartidas por algunas VOC y VOI y con importantes implicancias fenotípicas a nivel de infectividad y evasión/escape inmune como N501Y, E484K y P681H.

Las distintas variantes se encuentran diseminadas en la provincia. En la siguiente tabla se muestra la distribución por Zonas Sanitarias de las variantes detectadas en los dos muestreos mencionados anteriormente.

Número de cada variante por Zona Sanitaria				
	Gamma	Lambda	Alpha	Mu
Zona Metro	11	1		
Zona I	3		1	
Zona II	2			
Zona III	4			
Zona IV	7	1		1
Zona V	5			
Totales	32	2	1	1

Hasta el momento, no se detectó la combinación de mutaciones característica de la VOC BETA (501Y.V2, Sudáfrica) ni de la VOC DELTA (B.1.617.2, India).

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.