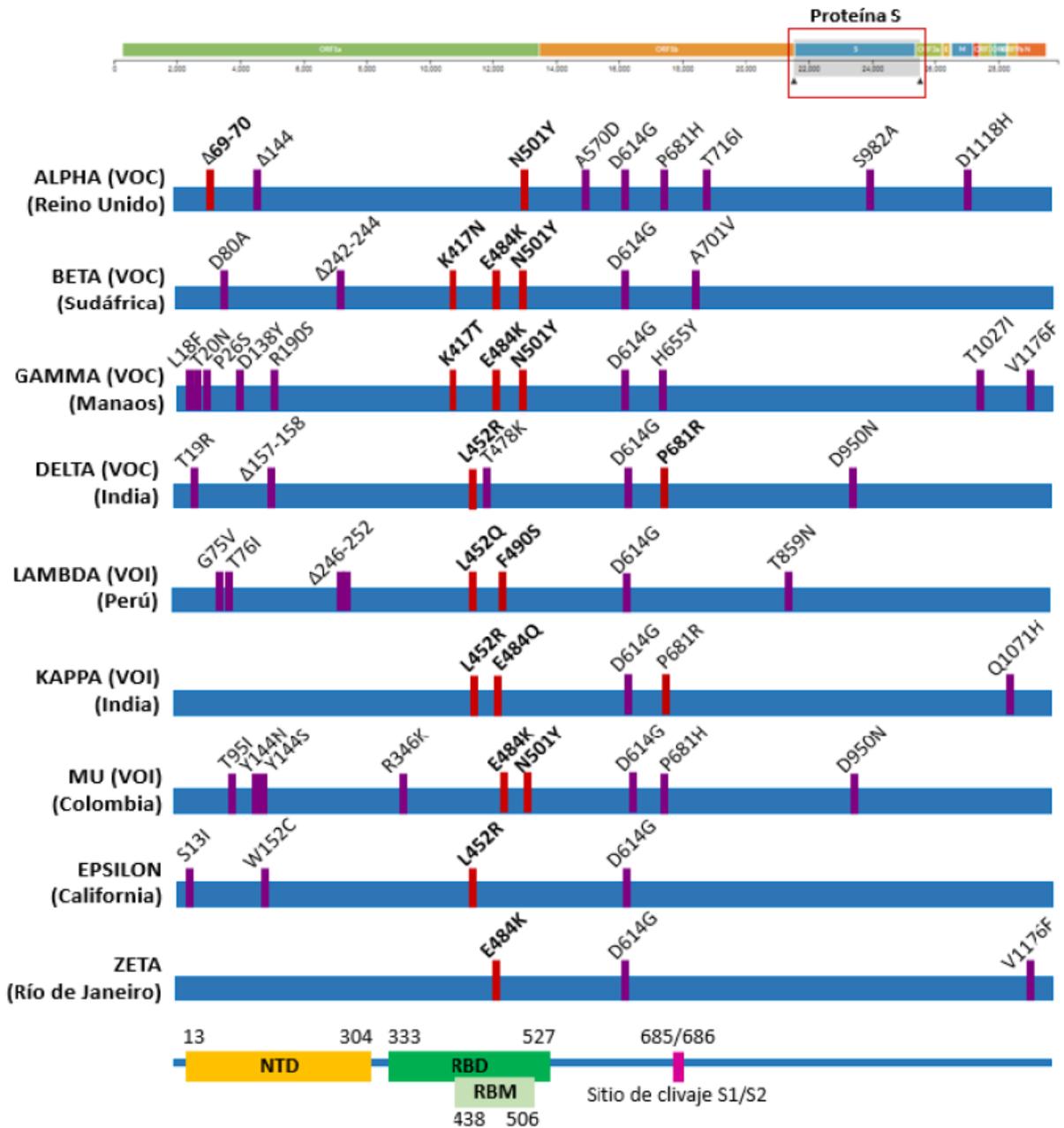
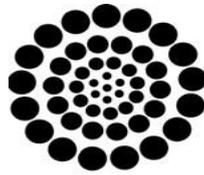


REPORTE LC15/2021

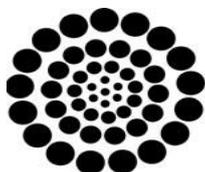
FECHA: 22/09/2021

## 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 13 y 17 de septiembre de 2021. En el período mencionado se confirmaron 168 nuevos casos en la provincia y el Laboratorio Central recibió 1879 muestras para diagnóstico con 36 (1.9%) 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 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.



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 15 muestras.
- En este muestreo no se detectó la VOC ALPHA (501Y.V1, linaje B.1.1.7, Reino Unido) ni la VOI LAMBDA (linaje C.37, Variante Andina).
- En este muestreo no se detectaron variantes relacionadas con virus circulantes en la primera ola pandémica.

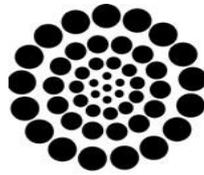
Las distintas variantes se encuentran diseminadas en la provincia. En la siguiente tabla se muestra la distribución por Zonas Sanitarias.

|            | Gamma |  |  |
|------------|-------|--|--|
| Zona Metro | 11    |  |  |
| Zona I     | 1     |  |  |
| Zona II    |       |  |  |
| Zona III   | 1     |  |  |
| Zona IV    | 1     |  |  |
| Zona V     | 1     |  |  |
| Totales    | 15    |  |  |

Para hacer un seguimiento en el tiempo de la proporción de variantes circulantes se estudiaron 19 muestras seleccionadas al azar. Se detectaron las siguientes variantes y mutaciones:

- VOC GAMMA (501Y.V3, linaje P.1, Manaos): 100 %
- VOI LAMBDA (linaje C.37, Variante Andina): no se detectó en este muestreo
- VOC ALPHA (501Y.V1, linaje B.1.1.7, Reino Unido): no se detectó en este muestreo
- No VOC, ni VOI ni mutaciones de interés: no se detectaron en este muestreo

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.**