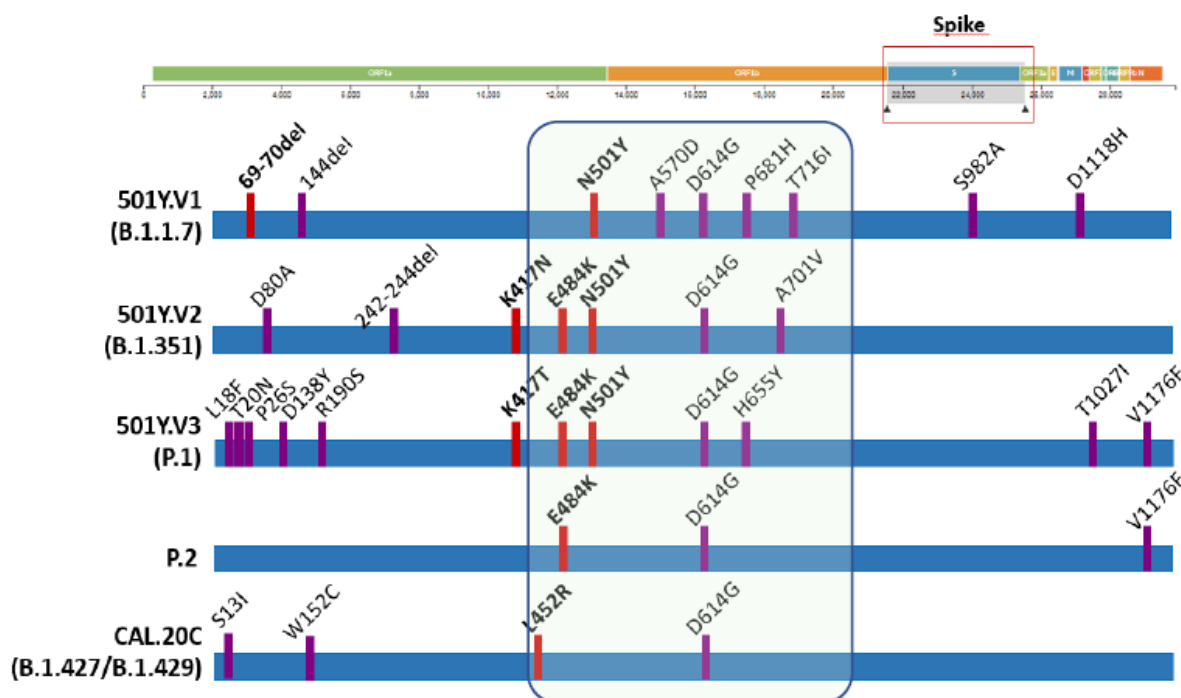


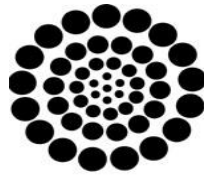
REPORTE LC01/2021

FECHA: 19/04/2021

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 doce muestras de varias ciudades de la provincia, provenientes de pacientes con formas graves de la enfermedad, pacientes vacunados y un porcentaje de muestras positivas del período de 2/4/21 a 8/4/21. 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 501Y.V1 (linaje B.1.1.7, UK), variante 501Y.V2 (linaje B.1.351, Sudáfrica) y variante 501Y.V3 (linaje P.1, Manaos). 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 una muestra de un paciente internado en Hospital Bouquet Roldán.

Se detectó también en dos muestras 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.