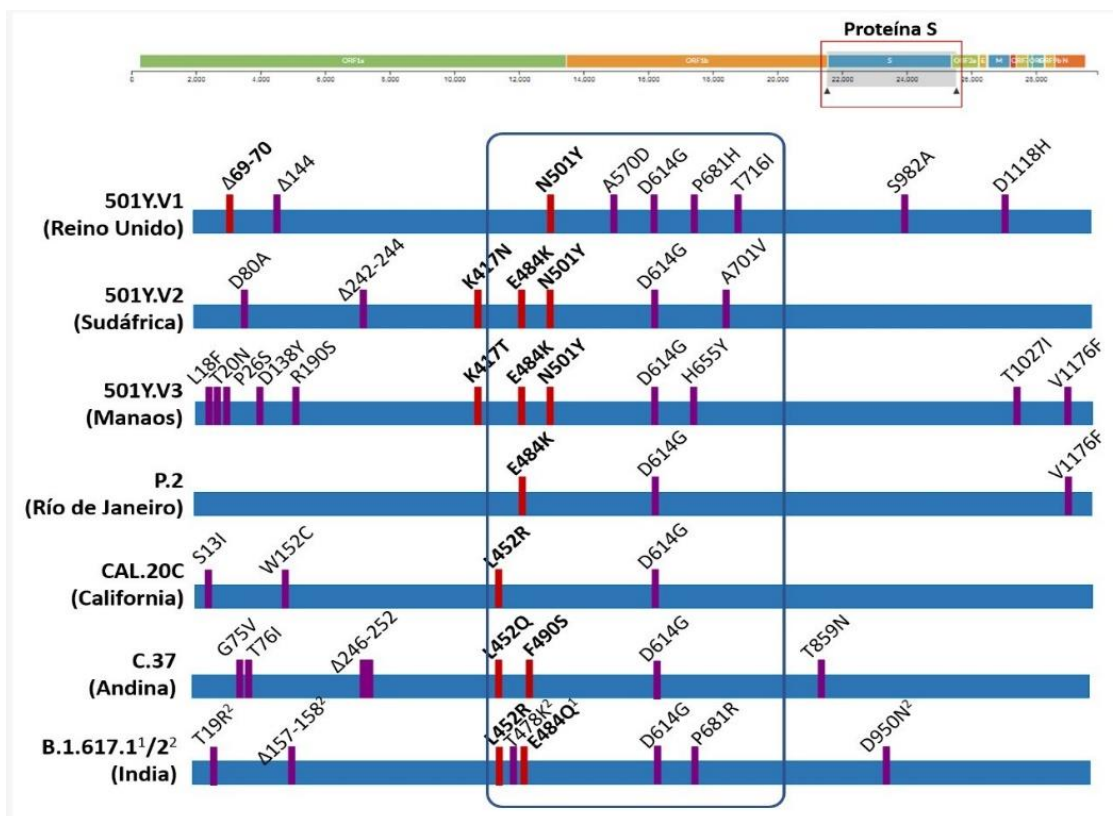


REPORTE LC05/2021

FECHA: 02/06/2021

VIGILANCIA ACTIVA DE VARIANTES DE SARS-CoV-2

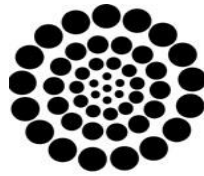
Se realizó el estudio de muestras positivas para SARS-CoV-2 determinadas por RT-qPCR en el Laboratorio Central. Para la vigilancia de la proporción de variantes circulantes se incluyeron 18 muestras de distintas ciudades de la provincia seleccionadas totalmente al azar con el único requisito de cumplir las condiciones necesarias para ser secuenciadas. Esas muestras ingresaron al Laboratorio Central entre los días 27 de mayo y 2 de junio de 2021. En el período mencionado se confirmaron 4165 nuevos casos en la provincia y el Laboratorio Central recibió 4472 muestras para diagnóstico con 1003 positivos por RT-qPCR. Para sensibilizar la vigilancia de circulación de variantes se agregaron 8 muestras provenientes de pacientes con formas graves de la enfermedad, pacientes vacunados, posibles reinfecciones y muestras relacionadas a brotes. 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 20 muestras.
- La VOC ALPHA (501Y.V1, linaje B.1.1.7, Reino Unido) se detectó en 2 muestras.
- En 2 muestras se encontró la mutación S_L452Q junto con 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.
- En 2 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 hacer un seguimiento en el tiempo de la proporción de variantes circulantes se estudiaron 18 muestras seleccionadas al azar. Se detectaron las siguientes variantes y mutaciones:

- Variante GAMMA (501Y.V3, linaje P.1, Manaos): 77.8%
- Variante ALPHA (501Y.V1, linaje B.1.1.7, Reino Unido): no se detectó en este muestreo
- Mutación S_L452Q (probablemente variante Andina): 11.1%
- Mutación S_L452R: no se detectó en este muestreo
- No VOC, ni VOI ni mutaciones de interés: 11.1%

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.