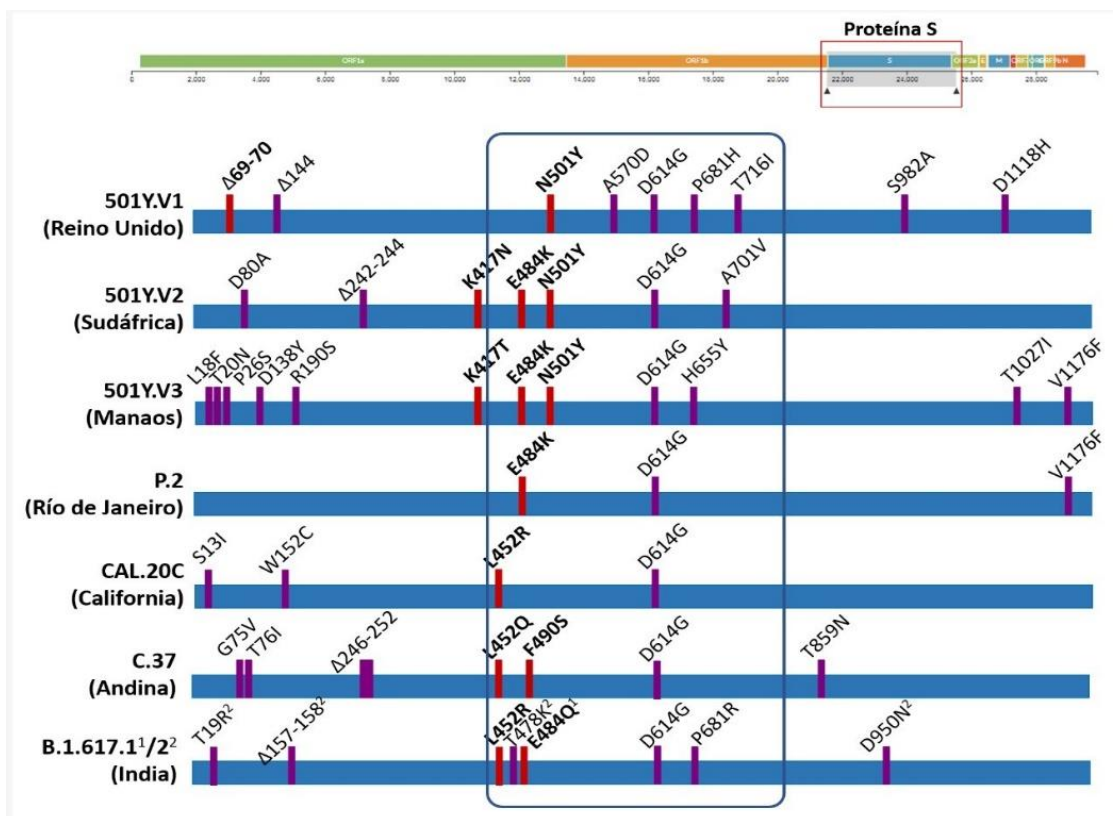


REPORTE LC07/2021

FECHA: 18/07/2021

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

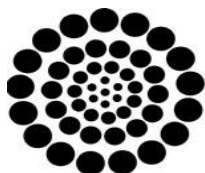
Se realizó el estudio de muestras positivas para SARS-CoV-2 determinadas por RT-qPCR en el Laboratorio Central. Para la vigilancia de la proporción de variantes circulantes se incluyeron 21 muestras de distintas ciudades de la provincia seleccionadas totalmente al azar con el único requisito de cumplir las condiciones necesarias para ser secuenciadas. Esas muestras ingresaron al Laboratorio Central entre los días 4 y 15 de julio de 2021. En el período mencionado se confirmaron 2120 nuevos casos en la provincia y el Laboratorio Central recibió 3855 muestras para diagnóstico con 416 (10.8%) positivos por RT-qPCR. Para sensibilizar la vigilancia de circulación de variantes se agregaron 2 muestras provenientes de pacientes con formas graves de la enfermedad, pacientes vacunados, posibles reinfecciones o 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](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, Manaus) en 17 muestras.
- La VOC ALPHA (501Y.V1, linaje B.1.1.7, Reino Unido) se detectó en 2 muestras.
- En 3 muestras se encontró la mutación S\_L452Q junto con la mutación S\_F490S lo que las hace compatibles con el linaje C.37 (llamado Variante Andina), lo que debe ser confirmado por secuenciación completa del genoma. Esta variante fue recientemente reconocida por OMS como Variante de Interés (VOI-Lambda).



- Se detectó una muestra con mutaciones en la región estudiada que no constituyen una VOC ni VOI.
- 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.

| Número de cada variante por Zona Sanitaria |       |         |       |       |
|--|-------|---------|-------|-------|
|  | Gamma | Lambda* | Alpha | Otras |
| Zona Metro                                 | 9     | 1       | 1     | 1     |
| Zona I                                     | 2     | 2       |       |       |
| Zona II                                    |       |         |       |       |
| Zona III                                   | 2     |         |       |       |
| Zona IV                                    | 2     |         | 1     |       |
| Zona V                                     | 2     |         |       |       |
| Totales                                    | 17    | 3       | 2     | 1     |

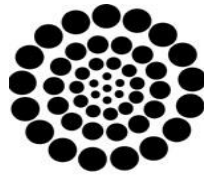
\*Pendiente de confirmación por NGS

Para hacer un seguimiento en el tiempo de la proporción de variantes circulantes se estudiaron 23 muestras seleccionadas al azar. Se detectaron las siguientes variantes y mutaciones:

- Variante GAMMA (501Y.V3, linaje P.1, Manaos): 76.2%
- Variante ALPHA (501Y.V1, linaje B.1.1.7, Reino Unido): 9.5%
- Mutación S\_L452Q (probablemente variante Andina, VOI Lambda): 14.3%
- Mutación S\_L452R: 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.