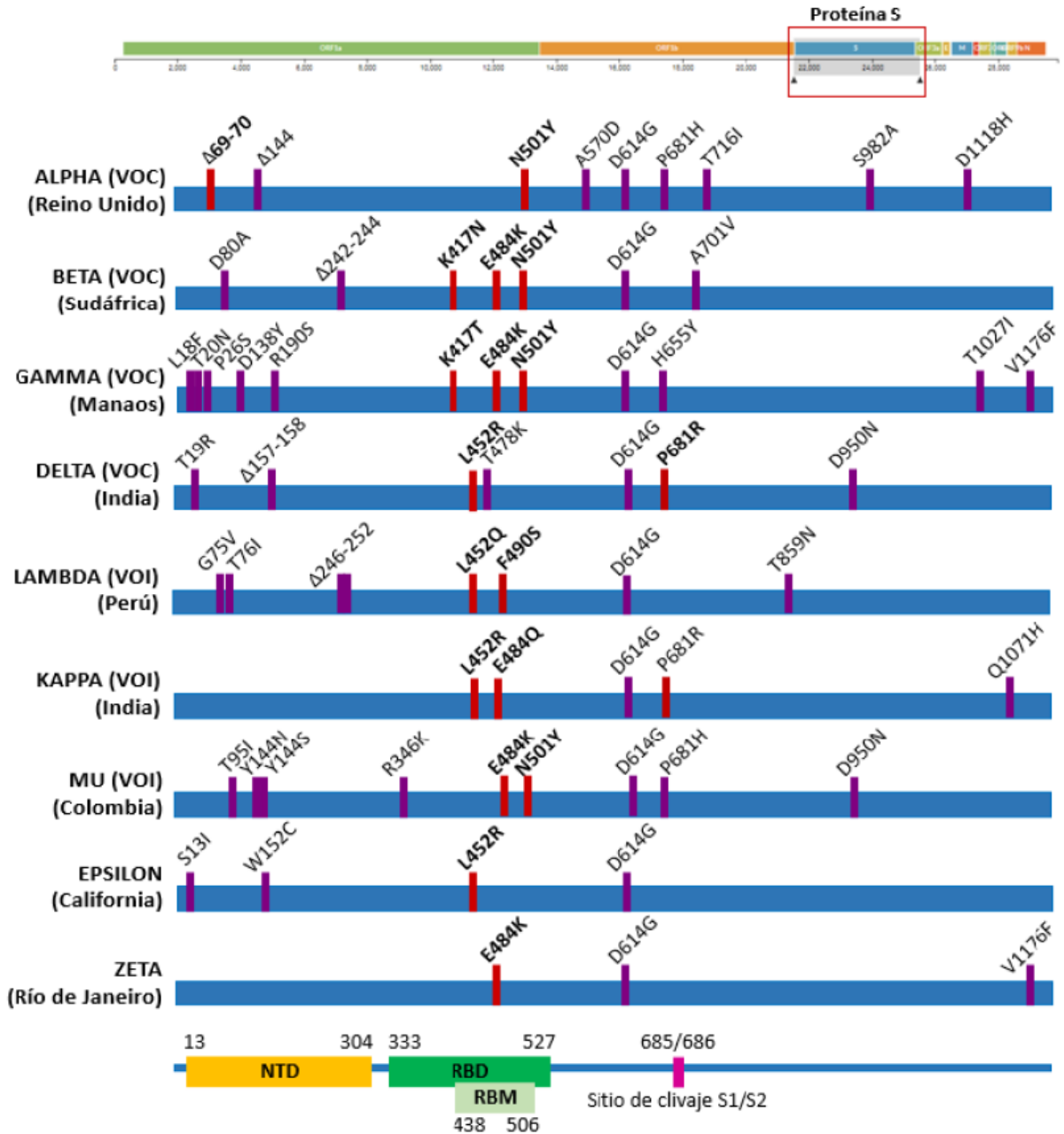
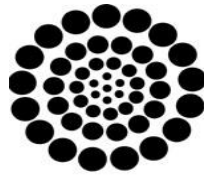


REPORTE LC16/2021

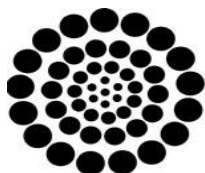
FECHA: 01/10/2021

## 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 8 muestras de distintas ciudades de la provincia seleccionadas totalmente al azar con el único requisito de cumplir las condiciones necesarias para ser secuenciadas. Para sensibilizar la vigilancia de circulación de variantes se agregó 1 muestra proveniente de un paciente con dos dosis de vacunas aplicadas en marzo-abril. Esas muestras ingresaron al Laboratorio Central entre los días 20 y 28 de septiembre de 2021. En el período mencionado se confirmaron 165 nuevos casos en la provincia y el Laboratorio Central recibió 2687 muestras para diagnóstico con 28 (1.0%) 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 8 muestras.
- 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 detectó la VOC ALPHA (501Y.V1, linaje B.1.1.7, Reino Unido).
- En este muestreo no se detectaron variantes relacionadas con virus circulantes en la primera ola pandémica.

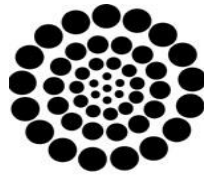
Las distintas variantes se encuentran diseminadas en la provincia. En la siguiente tabla se muestra la distribución por Zonas Sanitarias.

	Gamma	Lambda
Zona Metro	5	1
Zona I	1	
Zona II	1	
Zona III	1	
Zona IV		
Zona V		
Totales	8	1

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): 87.5 %
- VOI LAMBDA (linaje C.37, Variante Andina): 12.5%
- 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.**