

LABORATORIO CENTRAL



PROYECTO ARGENTINO INTERINSTITUCIONAL DE GENÓMICA  
DE SARS-CoV-2

**REPORTE LC23/2022**

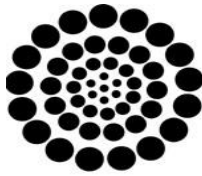
**FECHA: 03/02/2022**

## **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 utilizando la metodología de Secuenciación de Nueva generación (NGS). Para la vigilancia de la proporción de variantes circulantes se incluyeron 84 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 agregaron 2 muestras provenientes de pacientes con formas graves de la enfermedad, pacientes con antecedentes de viajes, posibles reinfecciones o muestras relacionadas a brotes. Esas muestras ingresaron al Laboratorio Central entre los días 8 y 19 de enero de 2022. En el período mencionado se confirmaron 19426 nuevos casos en la provincia y el Laboratorio Central recibió 3508 muestras para diagnóstico con 1018 (29.0%) positivos por RT-qPCR.

En las muestras seleccionadas, se realizó la secuenciación del genoma completo de SARS-CoV-2 con el protocolo adaptado del CDC. 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), variante DELTA (B.1.617.1/2, India) y variante ÓMICRON (B.1.1.529), 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.

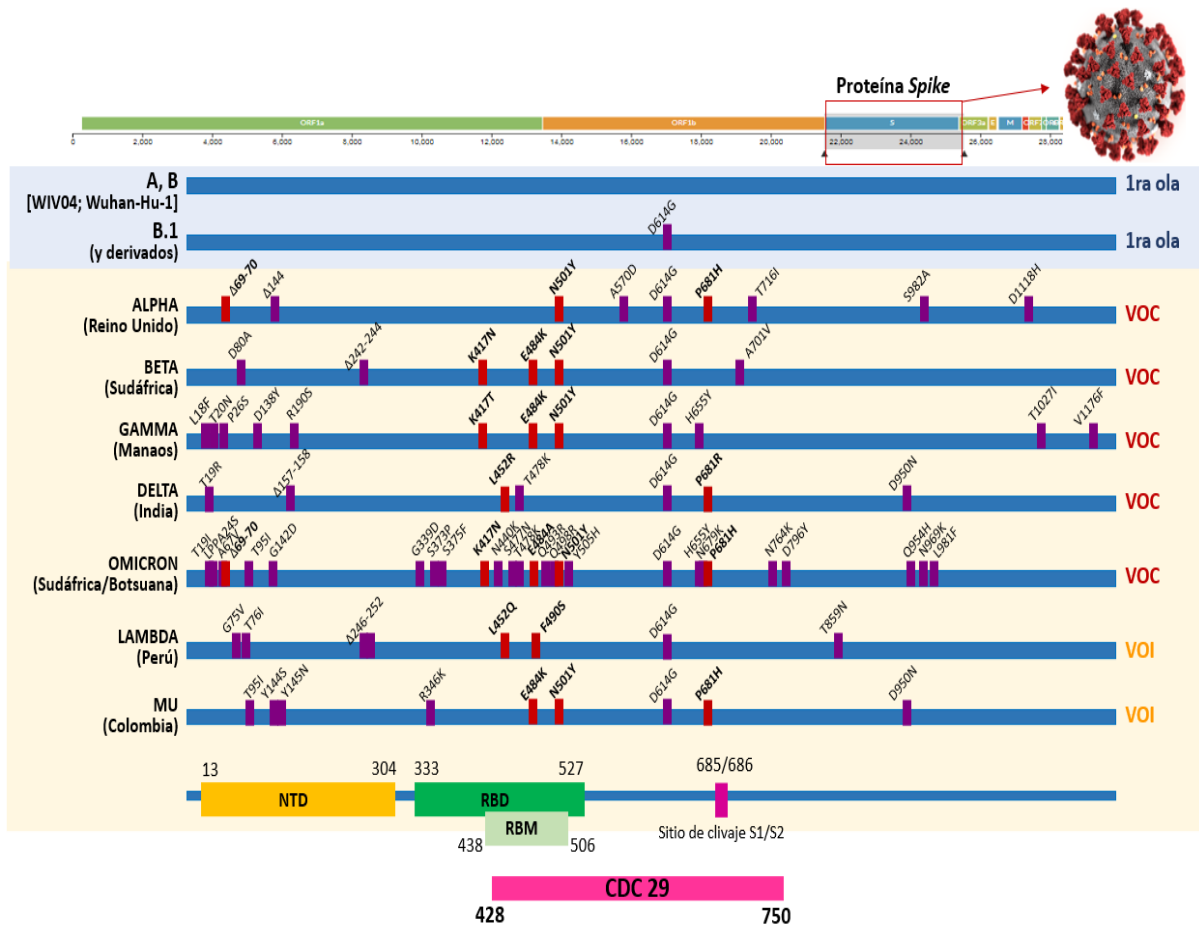
Laboratorio Central  
Subsecretaría de Salud de Neuquén  
Gregorio Martínez 65 – Neuquén  
[labcen@yahoo.com.ar](mailto:labcen@yahoo.com.ar)  
<http://laboratoriocentral.saludneuquen.gob.ar/>



LABORATORIO CENTRAL



PROYECTO ARGENTINO INTERINSTITUCIONAL DE GENÓMICA DE SARS-CoV-2

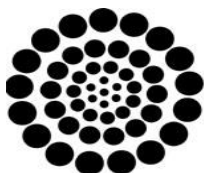


Por más información técnica sobre las variantes de preocupación dirigirse a <http://pais.qb.fcen.uba.ar/reports.php> (“Variantes y mutaciones de SARS-CoV-2”).

## RESULTADOS

- Se detectó la presencia de las mutaciones marcadoras de la VOC ÓMICRON (B.1.1.529) en 82 muestras. Todas estas variantes Ómicron pertenecieron al linaje BA.1, no se detectaron secuencias pertenecientes al linaje BA.2.
- Se detectó la presencia de las mutaciones marcadoras de la VOC DELTA (B.1.617.2, India) en 4 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) ni la VOC GAMMA (501Y.V3, linaje P.1, Manaos).

Laboratorio Central  
 Subsecretaría de Salud de Neuquén  
 Gregorio Martínez 65 – Neuquén  
[labcen@yahoo.com.ar](mailto:labcen@yahoo.com.ar)  
<http://laboratoriocentral.saludneuquen.gob.ar/>



LABORATORIO CENTRAL



PROYECTO ARGENTINO INTERINSTITUCIONAL DE GENÓMICA  
DE SARS-CoV-2

- En este muestreo no se detectaron variantes relacionadas con virus circulantes en la primera ola pandémica.

En la siguiente tabla se muestra la distribución de variantes encontradas por Zonas Sanitarias.

	Ómicron	Delta
Zona Metro	42	2
Zona I	4	-
Zona II	14	2
Zona III	5	-
Zona IV	11	-
Zona V	6	-
Totales	82	4

Para hacer un seguimiento en el tiempo de la proporción de variantes circulantes se estudiaron 76 muestras seleccionadas al azar. Se detectaron las siguientes variantes y mutaciones:

☑ ☑ VOC ÓMICRON (B.1.1.529): 95.3%

VOC DELTA (B.1.617.2, India): 4.7%

☑ VOC ALPHA (501Y.V1, linaje B.1.1.7, Reino Unido), VOC GAMMA (501Y.V3, linaje P.1, Manaos) y VOI LAMBDA (linaje C.37, Variante Andina): no se detectaron 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).

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.

Laboratorio Central  
Subsecretaría de Salud de Neuquén  
Gregorio Martínez 65 – Neuquén  
[labcen@yahoo.com.ar](mailto:labcen@yahoo.com.ar)  
<http://laboratoriocentral.saludneuquen.gob.ar/>