

LABORATORIO CENTRAL



PROYECTO ARGENTINO INTERINSTITUCIONAL DE GENÓMICA
DE SARS-CoV-2

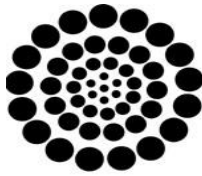
REPORTE LC29/2022

FECHA: 25/07/2022

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 SANGER. Para la vigilancia de la proporción de variantes circulantes se incluyeron 16 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 variantes se agregó además una muestra de un paciente fallecido por su infección COVID. Esas muestras ingresaron al Laboratorio Central entre los días 10 de mayo y 13 de julio de 2022. En el período mencionado se confirmaron 1558 nuevos casos en la provincia y el Laboratorio Central recibió 3154 muestras para diagnóstico con 338 (10.7%) positivos por RT-qPCR.

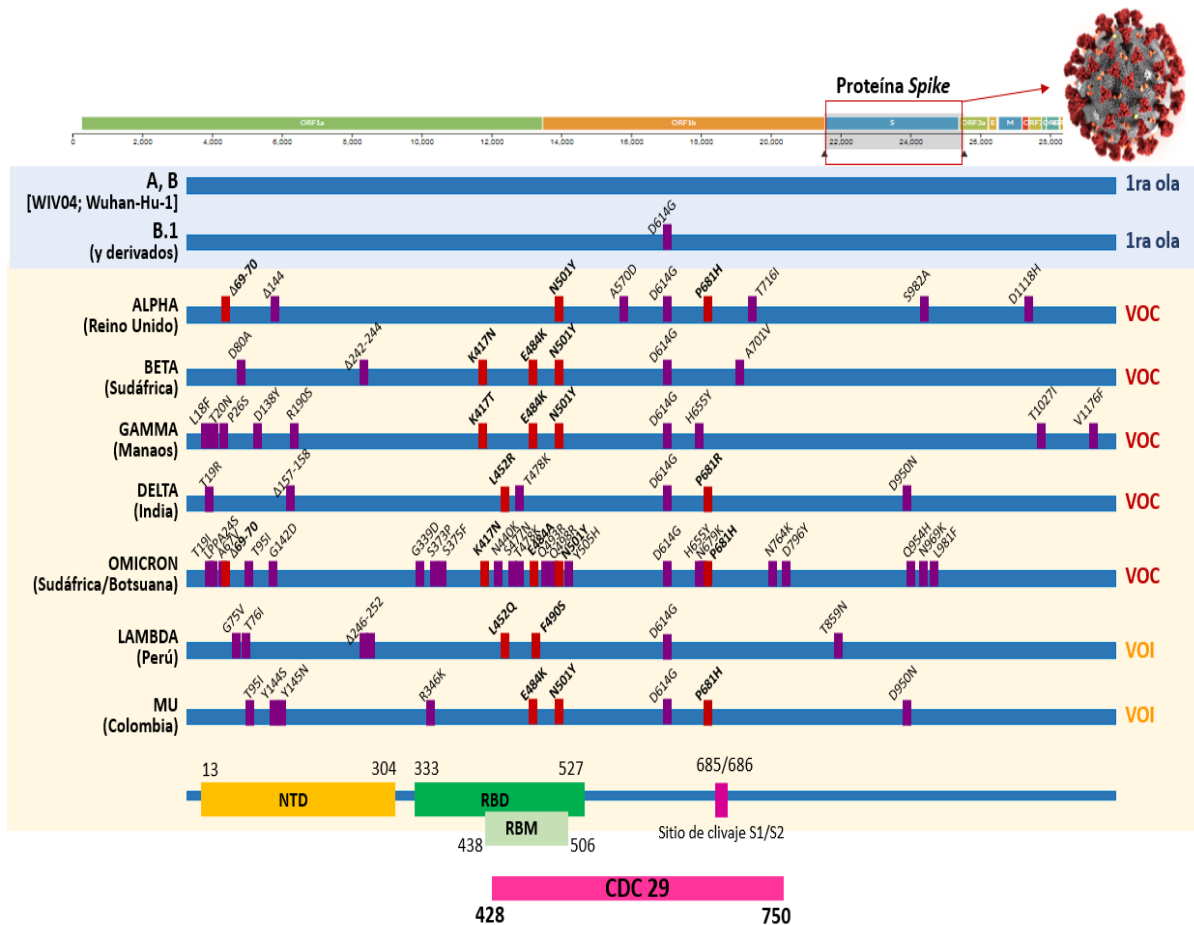
En las muestras seleccionadas, se realizó la secuenciación parcial del gen S de SARS-CoV-2 con el protocolo adaptado del CDC ([https://github.com/CDCgov/SARS-CoV-2_Sequencing_200325-2.pdf](https://github.com/CDCgov/SARS-CoV-2_Sequencing/blob/master/protocols/CDC-Comprehensive/CDC_SARS-CoV-2_Sequencing_200325-2.pdf)). 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), variante DELTA (B.1.617.1/2, India) y variante ÓMICRON (B.1.1.529 y sus sublinajes), 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



PROYECTO ARGENTINO INTERINSTITUCIONAL DE GENÓMICA DE SARS-CoV-2

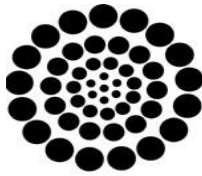


Por más información técnica sobre las variantes de preocupación dirigirse a <http://pais.qb.fcen.uba.ar/reports.php> (“Variantes y mutaciones de SARS-CoV-2”).

RESULTADOS

- Se detectó la presencia de las mutaciones marcadoras de la VOC ÓMICRON (B.1.1.529) en las 17 muestras. De ellas, 6 muestras correspondieron al sublinaje BA.2, 4 al sublinaje Ba.2.12.1 y 7 a los sublinajes 4/5.
- En este muestreo no se detectaron: VOC DELTA (B.1.617.2, India), VOC ALPHA (501Y.V1, linaje B.1.1.7, Reino Unido), VOC GAMMA (501Y.V3, linaje P.1, Manaos) ni VOI LAMBDA (linaje C.37, Variante Andina).
- En este muestreo no se detectaron variantes relacionadas con virus circulantes en la primera ola pandémica.

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



LABORATORIO CENTRAL



PROYECTO ARGENTINO INTERINSTITUCIONAL DE GENÓMICA
DE SARS-CoV-2

Para hacer un seguimiento en el tiempo de la proporción de variantes circulantes se estudiaron 16 muestras seleccionadas al azar. Se detectaron las siguientes variantes y mutaciones:

- VOC ÓMICRON BA.2: 37.5%%
- VOC ÓMICRON BA.2.12.1: 18.7%
- VOC ÓMICRON BA.4/5: 43.8%
- VOC DELTA (B.1.617.2, India), VOC ALPHA (501Y.V1, linaje B.1.1.7, Reino Unido), VOC GAMMA (501Y.V3, linaje P.1, Manaus) 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.

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

Número de cada variante por Zona Sanitaria			
	Ómicron BA.2	Ómicron BA.2.12.1	Ómicron BA.4/5
Zona Metro	2	3	3
Zona I			
Zona II	1		1
Zona III		1	2
Zona IV	2		
Zona V	1		1
Totales	6	4	7

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
<http://laboratoriocentral.saludneuquen.gob.ar/>