

LABORATORIO CENTRAL



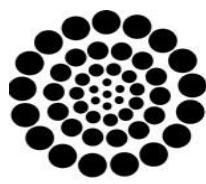
PROYECTO ARGENTINO INTERINSTITUCIONAL DE GENÓMICA
DE SARS-CoV-2

REPORTE LC25/2022

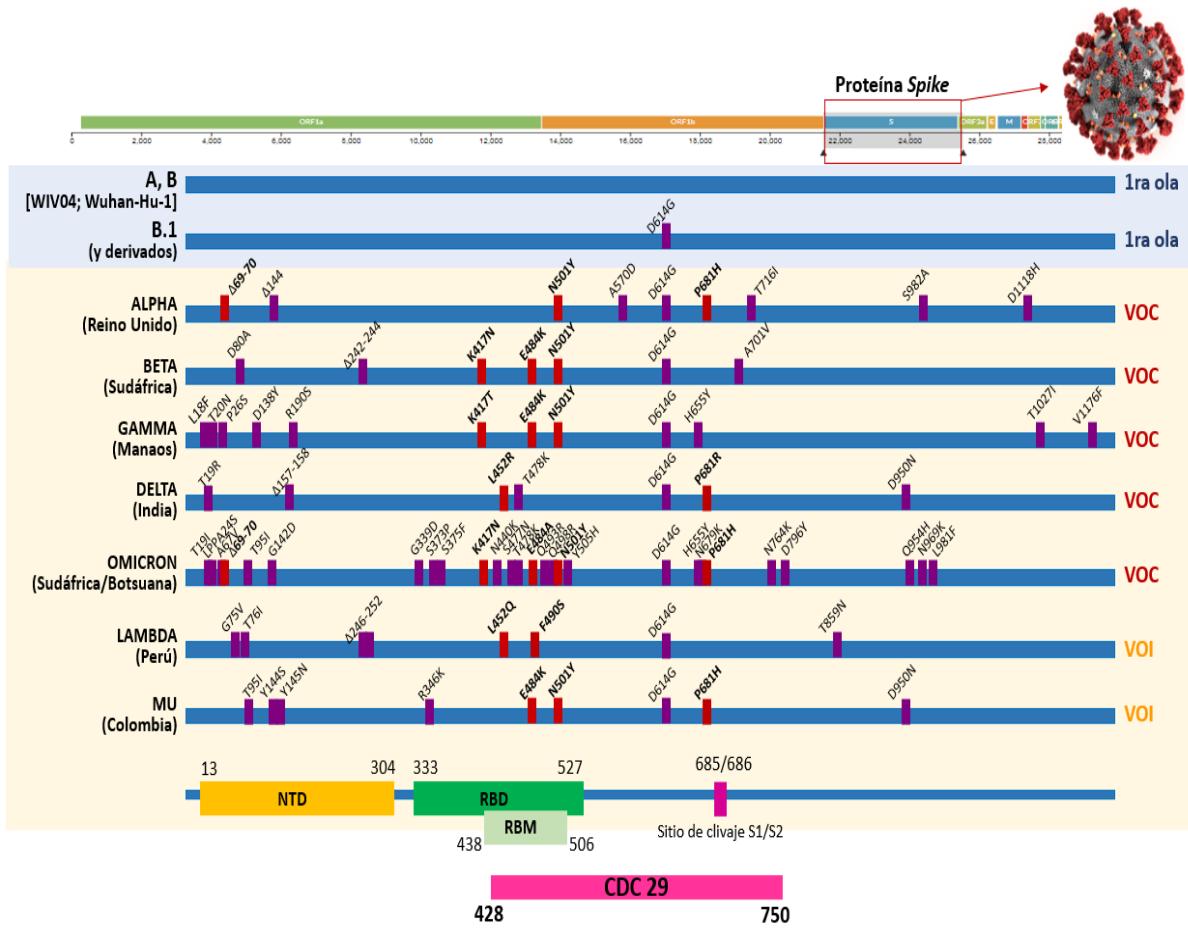
FECHA: 02/04/2022

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 13 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 16 de febrero y 16 de marzo de 2022. En el período mencionado se confirmaron 1326 nuevos casos en la provincia y el Laboratorio Central recibió 1476 muestras para diagnóstico con 99 (6.7%) 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/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, Manaos), 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.



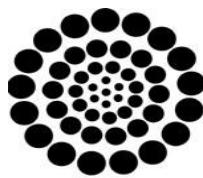
LABORATORIO CENTRAL



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 13 muestras. Todas estas variantes Ómicron pertenecieron al linaje BA.1, no se detectaron secuencias pertenecientes al linaje BA.2.
- 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



PROYECTO ARGENTINO INTERINSTITUCIONAL DE GENÓMICA
DE SARS-CoV-2

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

Número de cada variante por Zona Sanitaria	
	Ómicron BA.1
Zona Metro	8
Zona I	1
Zona II	
Zona III	
Zona IV	4
Zona V	
Totales	13

Para hacer un seguimiento en el tiempo de la proporción de variantes circulantes se estudiaron 13 muestras seleccionadas al azar. Se detectaron las siguientes variantes y mutaciones:

- VOC ÓMICRON (B.1.1.529): 100%. Todas estas variantes Ómicron pertenecieron al linaje BA.1, no se detectaron secuencias pertenecientes al linaje BA.2.
- 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) 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.