

LABORATORIO CENTRAL



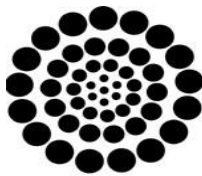
PROYECTO ARGENTINO INTERINSTITUCIONAL DE GENÓMICA  
DE SARS-CoV-2

**REPORTE LC21/2021**

**FECHA: 15/12/2021**

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

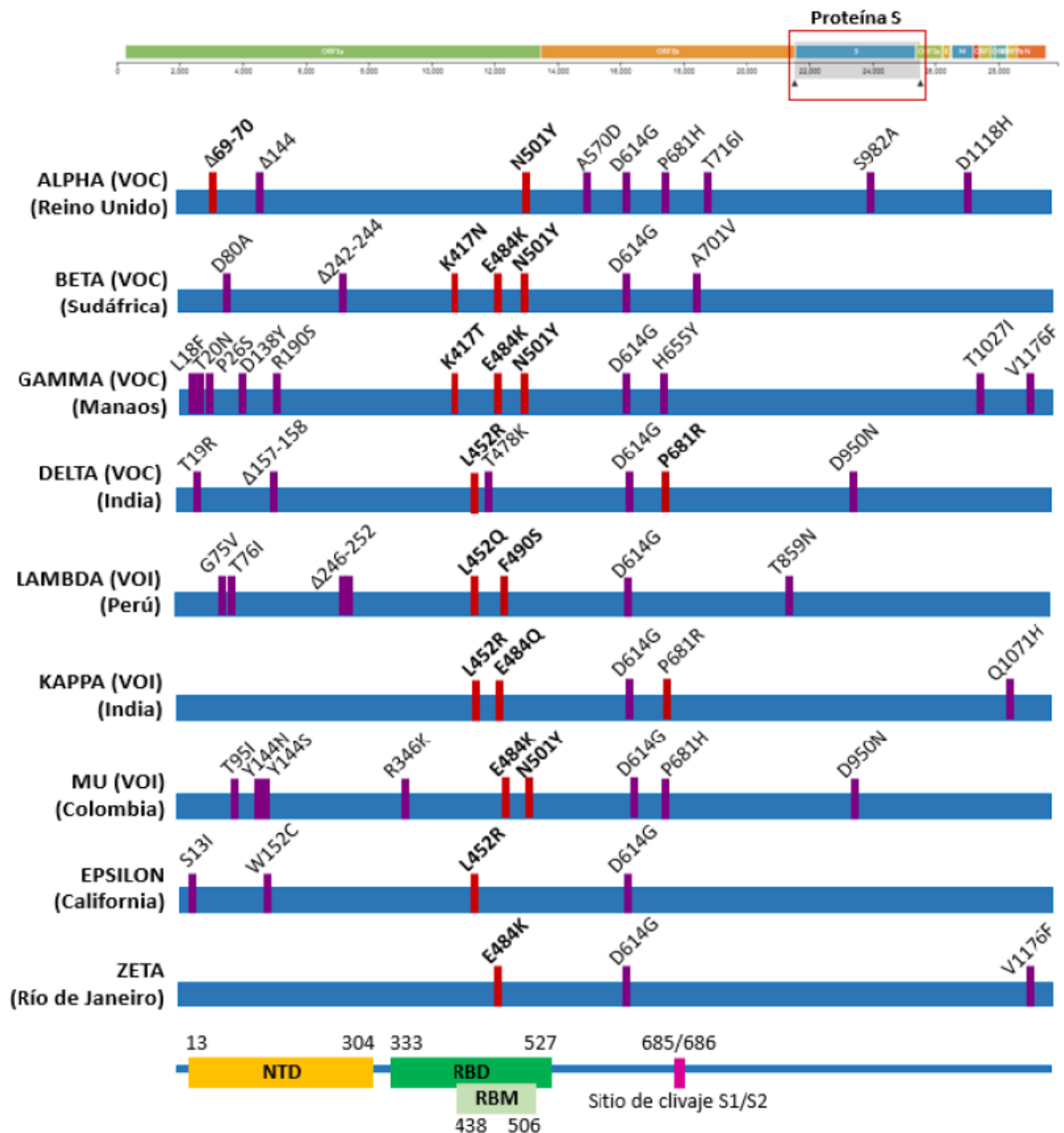
Se realizó el estudio de muestras positivas para SARS-CoV-2 determinadas por RT-qPCR en el Laboratorio Central utilizando la metodología de Secuenciación de Nueva generación (NGS). Para la vigilancia de la proporción de variantes circulantes se incluyeron 96 muestras de distintas ciudades de la provincia 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 1° de noviembre y 9 de diciembre de 2021. En el período mencionado se confirmaron 2187 nuevos casos en la provincia y el Laboratorio Central recibió 12018 muestras para diagnóstico con 1456 (12.1%) 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 ([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)). 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

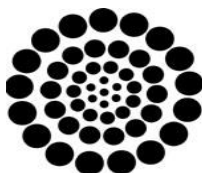
PROYECTO PAIS

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”).

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

## RESULTADOS

- Se detectó la presencia de las mutaciones marcadoras de la VOC DELTA (B.1.617.2, India) en 93 muestras (96.9%).
- Se detectó la presencia de las mutaciones marcadoras de la VOC (variante de preocupación) GAMMA (501Y.V3, linaje P.1, Manaos) en 2 muestras (2.1%).
- Se detectó la presencia de las mutaciones marcadoras de la VOI LAMBDA (linaje C.37, Variante Andina) en 1 muestra (1.0%).
- 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 muestras del mes de diciembre 2021 fueron todas de la variante Delta.

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

Número de cada variante por Zona Sanitaria			
	Delta	Gamma	Lambda
Zona Metro	44	2	
Zona I	16		
Zona II	2		
Zona III	4		
Zona IV	20		
Zona V	7		1
Totales	93	2	1

Hasta el momento, no se detectó la combinación de mutaciones característica de la VOC BETA (501Y.V2, Sudáfrica) ni de la variante Ómicron (B.1.1.529).

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/>