

Rawson, 17 de agosto 2021

ACTUALIZACIÓN DE SITUACIÓN EPIDEMIOLÓGICA DE COVID19  
VIGILANCIA GENOMICA DE SARS COV2  
PANDEMIA COVID19. AÑO 2021. SE32.PCIA DEL CHUBUT

En el proceso de evolución, los virus cambian constantemente y de manera natural a través de la ocurrencia de mutaciones durante la replicación viral. Desde la caracterización genómica inicial del SARS-CoV-2, el virus se ha clasificado en diferentes grupos genéticos o clados. Algunas de las mutaciones específicas definen los grupos genéticos virales o linajes que circulan en la actualidad a nivel mundial.

La secuenciación genómica permite obtener la lectura completa del genoma viral. Desde el inicio de la pandemia por COVID 19 hasta la actualidad, se han compartido más de 681.818 secuencias genómicas completas a través de bases de datos de acceso público.<sup>1</sup>

DEFINICIONES DE VARIANTES DE INTERÉS (VOI) Y VARIANTES DE PREOCUPACIÓN (VOC)

**Variante de interés (VOI):**

Un aislamiento de SARS-CoV-2 es una VOI si fenotípicamente se comporta diferente a una referencia o su genoma presenta mutaciones que llevan a cambios de aminoácidos asociados a cambios fenotípicos establecidos.

Y

Si se ha identificado en circulación comunitaria, múltiples casos de COVID, clusters, o se ha detectado en múltiples países.

O,

Es categorizada como VOI luego de consultarlo con el WHO SARS-CoV-2 Virus Evolution Working Group.

**Variante de Preocupación (VOC):**

Una variante de interés (VOI) es también una variante de Preocupación (VOC) si a través de diferentes estrategias de análisis se demuestra que:

- Está asociada a un aumento de transmisibilidad o empeoramiento de la situación epidemiológica en la región;
- Está asociada a un aumento de virulencia o cambio en la presentación clínica;
- Está asociada a una disminución en la efectividad de las medidas de control, los test diagnósticos, las vacunas o los tratamientos.

O,

Es categorizada como VOC luego de consultarlo con el WHO SARS-CoV-2 Virus Evolution Working Group.

<sup>1</sup> [https://bancos.salud.gob.ar/sites/default/files/2021-04/SNVS\\_integracion-de-la-vigilancia-genomica\\_de\\_SARS-CoV-2.pdf](https://bancos.salud.gob.ar/sites/default/files/2021-04/SNVS_integracion-de-la-vigilancia-genomica_de_SARS-CoV-2.pdf)

## NOMENCLATURA DE LAS VOI Y VOC

Nombres para las Variantes de Interés (VOI) de SARS CoV2		
Nombre de la OMS	Nombre Científico – Linaje PANGO	País/ Región
<b>Epsilon</b>	B.1.427 / B.1.429	Estados Unidos
<b>Zeta</b>	P.2	Brasil (Río de Janeiro)
<b>Lambda</b>	C.37	Andina
<b>Eta</b>	B.1.525	Múltiples países
<b>Theta</b>	P.3	Filipinas
<b>Lota</b>	B.1.526	Estados Unidos
<b>Kappa</b>	B.1.617.1	India

Nombres para las Variantes de preocupación (VOC) de SARS CoV2		
Nombre de la OMS	Nombre Científico - Linaje PANGO	País / Región
<b>Alfa</b>	B.1.1.7	Reino Unido
<b>Beta</b>	B.1.351	Sudáfrica
<b>Gamma</b>	P.1	Brasil (Manaos)
<b>Delta</b>	B.1.617.2	India

## ESTRATEGIA DE LA VIGILANCIA GENÓMICA

Para la integración de la vigilancia genómica de sars-cov-2 en nuestro país desde el mes de abril se comenzó con una estrategia de secuenciación genómica que se realiza en las siguientes circunstancias:

**\*Vigilancia general (regular) de las variantes circulantes en la comunidad:** Para realizar la vigilancia general deberán secuenciarse una porción de las muestras positivas para SARS-CoV-2, representando a los diferentes grupos de edad, sexo, unidades territoriales y criterios de severidad, por unidad de tiempo definida. Se envían muestras desde Chubut cada 4 semanas.

**\*Investigación de nuevas variantes en sospechas de reinfecciones.**

**\*Investigación de nuevas variantes en pacientes vacunados:**

- Todos los casos confirmados de personas que han recibido una pauta de vacunación completa (dos dosis) y o hayan transcurrido al menos 14 días entre la fecha de la última dosis aplicada y el inicio de los síntomas y; o presenten cuadros moderados y severos (internados en sala común, UTI, fallecidos).

- Todos los casos confirmados de personas que han recibido UNA sola dosis de vacuna y; o hayan transcurrido al menos 14 días entre la fecha de la dosis aplicada y el inicio de los síntomas y; presenten cuadros severos (internación en UTI y fallecidos).

**\*Investigación de nuevas variantes en escenarios de alta transmisibilidad o virulencia:** Una proporción de casos graves anormalmente elevada en comparación con las observadas hasta ese momento o casos individuales con comportamiento clínico no esperado por su gravedad, en pacientes menores de 60 años y sin factores de riesgo.

**\*Investigación de nuevas variantes en viajeros provenientes del exterior**

## ANÁLISIS DE LA VIGILANCIA GENÓMICA - CHUBUT

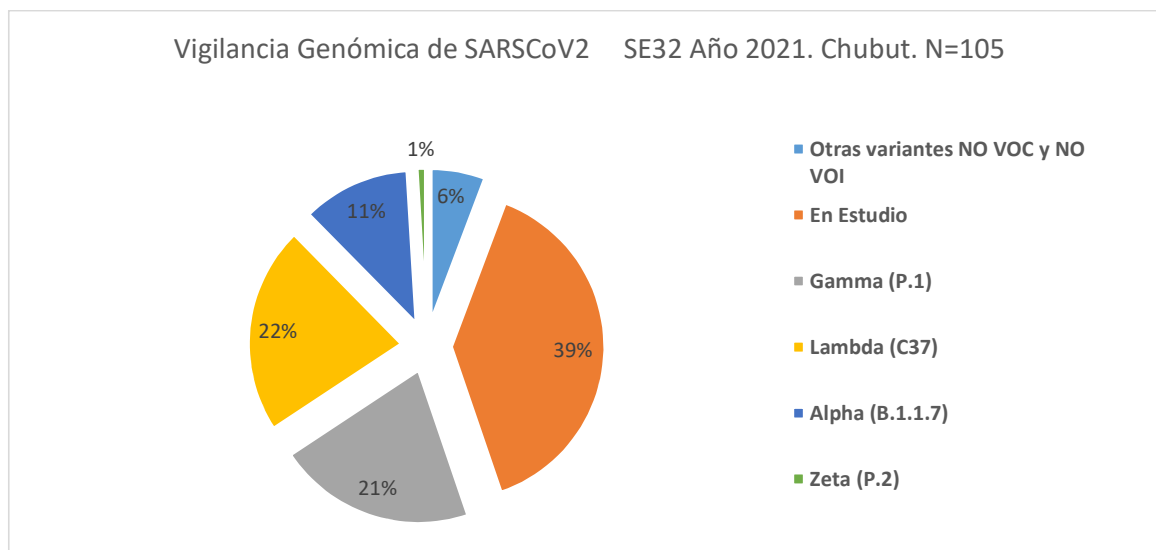
Corte de información: 17-8-2021

Fuente: SNVS-SISA

Al 17 de agosto, se enviaron 105 muestras de SARS CoV2 de casos confirmados de COVID19 de la provincia del Chubut, que cumplen los requisitos técnicos y epidemiológicos para la secuenciación genómica.

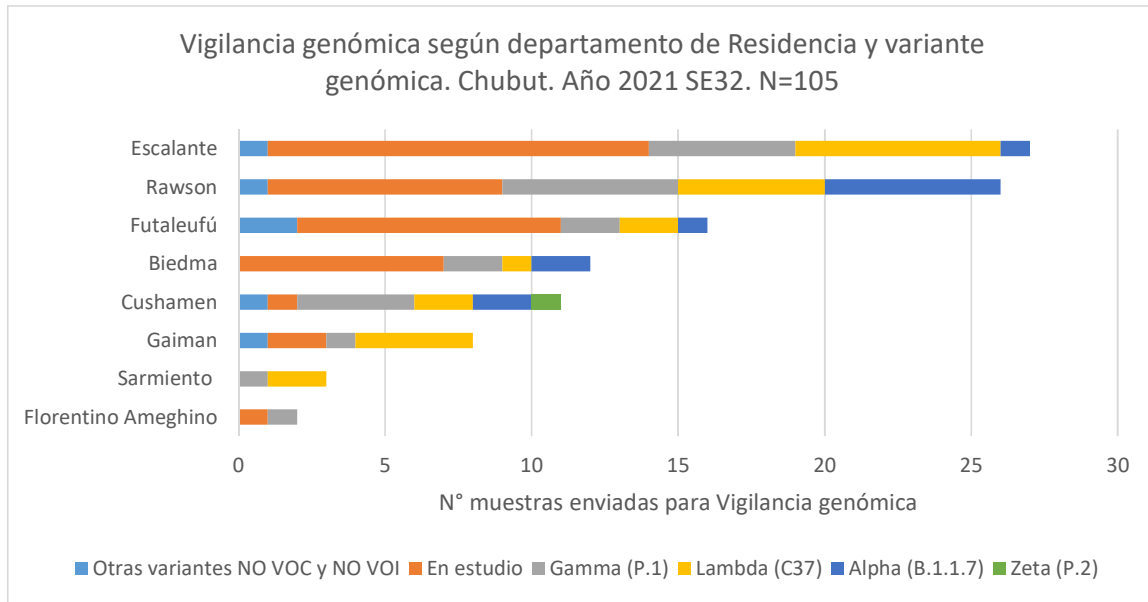
### Resultados:

El 22% (23\*100/105) de las muestras enviadas, corresponden a la variante Lambda, el 21 % (22\*100/105) a la variante Gamma, el 11% (12\*100/105) a la variante Alpha. Se encuentran en proceso y pendiente sus resultados un total de 41 muestras, mientras que seis (6) muestras (el 6%) corresponden a otras variantes NO VOC y NO VOI. Esta proporción de las variantes se mantiene de modo similar en todos los meses analizados.



La distribución de muestras analizadas según Departamentos de Residencia de los casos Covid19, evidencia un 26% (27/105\*100) de Escalante, el 25% (26/105\*100) son del Departamento Rawson, 15% (16/105\*100) de Futaleufú, y el 11% (12/105\*100) de Biedma. En menor porcentaje, se enviaron muestras de los departamentos de Gaiman, Sarmiento y Florentino Ameghino.

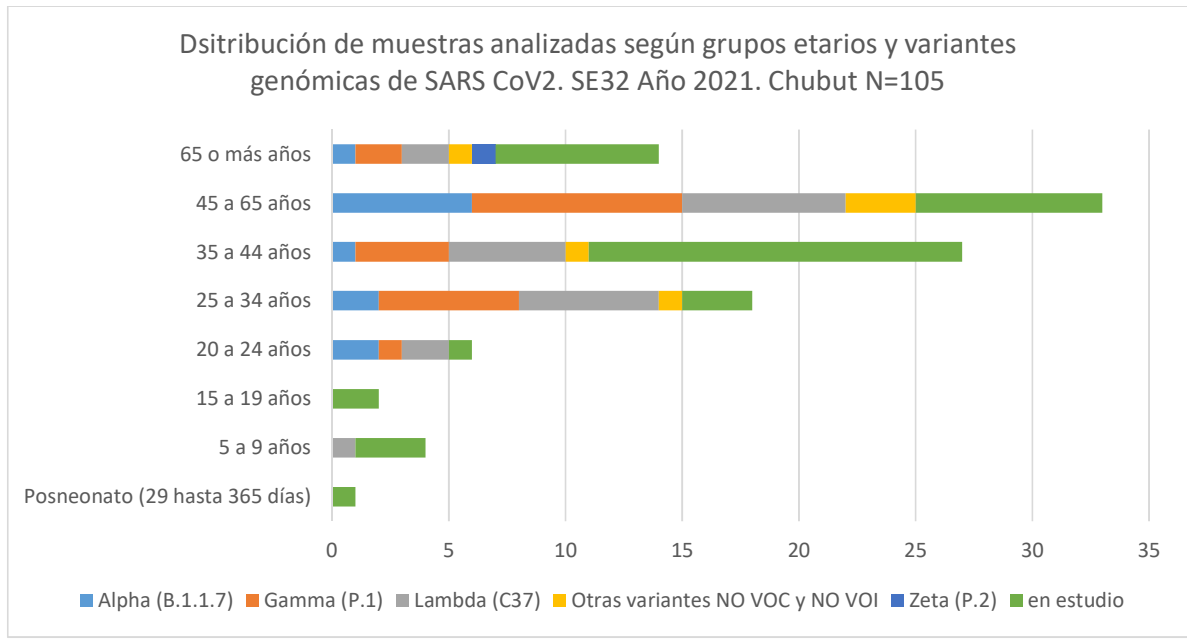
Departamento	Otras variantes NO VOC y NO VOI	En estudio	Gamma (P.1)	Lambda (C37)	Alpha (B.1.1.7)	Zeta (P.2)	Total general
Florentino Ameghino		1	1				2
Sarmiento			1	2			3
Gaiman	1	2	1	4			8
Cushamen	1	1	4	2	2	1	11
Biedma		7	2	1	2		12
Futaleufú	2	9	2	2	1		16
Rawson	1	8	6	5	6		26
Escalante	1	13	5	7	1		27
<b>Total</b>	<b>6</b>	<b>41</b>	<b>22</b>	<b>23</b>	<b>12</b>	<b>1</b>	<b>105</b>



La distribución mensual de las variantes detectadas determina que la variante Gamma es la más frecuente en el mes de mayo, y la variante Lambda es la predominante en el mes junio. Aún quedan pendientes los resultados de 41 muestras, que podrían modificar la tendencia.

Mes	Alpha (B.1.1.7)	Gamma (P.1)	Lambda (C37)	Otras variantes NO VOC y NO VOI	Zeta (P.2)	En estudio	Total general
abril		2		1		1	4
mayo	4	5	4	5	1	2	21
junio	8	13	18			7	46
julio		2	1			22	25
agosto						9	9
<b>Total general</b>	<b>12</b>	<b>22</b>	<b>23</b>	<b>6</b>	<b>1</b>	<b>41</b>	<b>105</b>

Analizando los grupos etarios se observa una distribución similar en los grupos analizados. En menores de 20 años se detectó únicamente variante Lambda, pero hay muchas muestras pendientes de resultados en este grupo etario.



Según el antecedente epidemiológico reportado en el SNVS, las muestras de vigilancia regular son las más frecuentemente analizadas, que corresponden al 54% (n=57). De los resultados de dichas muestras, el 25% (14/57\*100) son variantes Lambda y el 21% (12/57\*100) pertenece a variantes Gamma. Le sigue en orden de frecuencia la variante Alpha, con un 14% (8/57\*100).

Se detectó en persona gestante con caso grave de COVID la variante Gamma, y en muestras con antecedente de viaje al exterior se detectó una variante Lambda y una Gamma. En 2 casos graves, menores de 60 años sin factores de riesgo, se detectó la variante Lambda.

De las personas reportadas con antecedentes de vacunación, diez (10) tenían antecedente de una sola dosis de vacuna, y nueve (9) el esquema completo con dos (2) dosis, de 1 caso no hay datos. Entre las personas con antecedentes de vacunación, se detectó en un 20% la variante Gamma (4/20\*100), y en un 15% (3/20\*100) tanto la variante Lambda como la variante Alpha. Una variante fue NO VOC y NO VOI. Nueve muestras aún están en estudio.



<b>Antec. Epidemiológico</b>	Alpha (B.1.1.7)	Gamma (P.1)	Lambda (C37)	Otras variantes NO VOC y NO VOI	Zeta (P.2)	En Estudio	Total general
Casos graves en Personas Gestantes		1					1
Residente o viajero de otra pcia		1				1	2
Sin antecedente de viaje a zona afectada en los últimos 14 días.			1			1	2
Investigación de variante por reinfección probable o confirmada		1				1	2
Investigación de variante en viajero internacional		1	1			1	3
Investigación de variante en caso grave <60 años s/factores de riesgo			2			4	6
Sin datos	1	2	2			7	12
Investigación de variante en Casos con vacunación contra SARS CoV2	3	4	3	1		9	20
Vigilancia regular de variantes de SARS CoV2	8	12	14	5	1	17	57
<b>Total general</b>	<b>12</b>	<b>22</b>	<b>23</b>	<b>6</b>	<b>1</b>	<b>41</b>	<b>105</b>