



REPORTE LC33/2023

FECHA: 16/02/2023

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 tercera generación mediante el secuenciador "MinION - Oxford Nanopore Technologies". Se trata de un equipo de un tamaño notablemente menor a otros secuenciadores, con protocolos de corridas de menor tiempo. Es una tecnología que utiliza nanoporos biológicos, diferente a la que se empleaba anteriormente. Las hebras de ADN pasan dentro de estos poros y generan cambios de potencial que son característicos de cada base nucleotídica. Así es como se determina el orden en el que los nucleótidos se organizan en el genoma de interés que, al compararlo con el genoma de referencia, nos permite identificar las variantes encontradas.

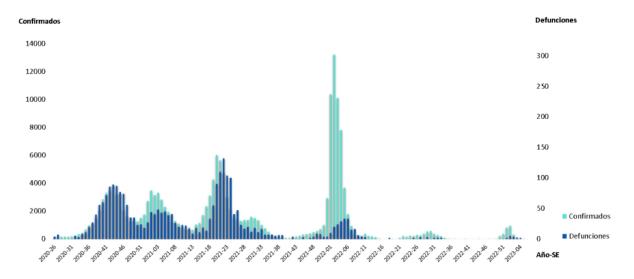
Para la vigilancia de la proporción de variantes circulantes se incluyeron **16 muestras** de distintas ciudades de la provincia, seleccionadas con el requisito de cumplir las condiciones necesarias para ser secuenciadas y pertenecientes a personas internadas, ambulatorias con factores de riesgo, fallecidas o a instituciones con brote. Esas muestras ingresaron al Laboratorio Central entre los días 21 de diciembre 2022 y 15 de enero de 2023. En el período mencionado se confirmaron 2111 nuevos casos en la provincia y el Laboratorio Central recibió 801muestras para diagnóstico con 255 (31.8%) positivos por RT-qPCR.

En las muestras seleccionadas, se realizó la secuenciación del genoma completo de SARS-CoV-2 con el protocolo adaptado Midnight. Para la asignación de linajes se utilizaron los programas Pangolin COVID-19 Lineage Assigner y Covidex. 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), variantes bajo vigilancia (VUM) y mutaciones. 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
http://laboratoriocentral.saludneuquen.qob.ar/



Grafico 1. Tendencia temporal por semana epidemiológica de casos nuevos y fallecidxs por SARS-CoV-2 según semana epidemiológica de fallecimiento. Semana 26/2020 a la Semana 6/2023. Neuquén. ncasos= 181105, nfallecidxs=2585



Fuente: Reporte de prensa semana 6 año 2023. Comunicación del Ministerio de Salud de Neuquén

Según lo mencionado en el Documento Estrategia de Vigilancia y Control Integral de Covid-19 y otras infecciones respiratorias agudas, actualizado el 11 de enero 2023, del Ministerio de Salud de la provincia del Neuquén, "se priorizará el diagnóstico etiológico de COVID-19 en personas con enfermedad respiratoria, previa evaluación médica, que pertenezcan a los siguientes grupos:

- Personas mayores de 50 años.
- Personas con condiciones de riesgo.
- Poblaciones especiales: Personas que residan, trabajen o asistan a ámbitos que por las características propias presentan mayor riesgo de transmisión o generación de brotes (instituciones carcelarias, instituciones de salud, centros con personas institucionalizadas, personas que trabajen o presten cuidado a personas vulnerables).
- Personas con antecedente de viaje en los últimos 14 días en una región en la que esté circulando una variante de interés o de preocupación que no estén circulando en el país.
- Personas con necesidad de internación por infecciones respiratorias agudas y fallecidas.
- Casos inusitados.
- En ocasión de la investigación y control de brotes.

Con respecto a la vigilancia genómica aclara que se continúa "monitoreando las tendencias de las variantes circulantes en la comunidad, tanto en pacientes ambulatorios como internados y detectar nuevas variantes de SARS-

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





CoV-2 en escenarios de alta transmisibilidad o virulencia y en viajeros provenientes del exterior...Se realizará muestreo de los casos ambulatorios e internados detectados a través de las estrategias descriptas más arriba para la vigilancia poblacional de variantes y se mantendrá la vigilancia de casos con antecedentes de viaje, brotes y eventos inusitados."

Por otro lado, el Laboratorio Central forma parte del Proyecto PAIS (Proyecto Argentino Interinstitucional de genómica de SARS-CoV-2). Desarrollado por el Consorcio Argentino de Genómica de SARS-CoV-2. Financiado, a través del subsidio FONARSEC IP COVID-19 N° 247, por la Agencia Nacional de la Promoción de la Investigación, el Desarrollo Tecnológico y la Innovación del Ministerio de Ciencia, Tecnología e Innovación, Argentina.

Resumen de las variantes detectadas

• Se detectó la presencia de las mutaciones marcadoras de la VOC ÓMICRON (B.1.1.529) en 16 muestras (100% de las secuenciadas).

De estas variantes Ómicron, pertenecieron al **sublinaje BQ.1** un total de 11 muestras **(68,75%)**, **sublinaje BA.5** en 3 muestras **(18,75%)**, **sublinaje BA.2.75** en 1 muestra **(6,25%)** y **sublinaje XBB.1** 1 muestra **(6,25%)**. (Ómicron BA.5 no incluye Ómicron BQ.1 que se informa por separado).

• No se detectaron otras VOC, ni VOI ni VUM.

Resultados

Tabla 1. Distribución de las muestras secuenciadas según sublinajes. N=16

Sublinajes	Muestras	Porcentaje
BQ.1	11	68,75
BA.5	3	18,75
BA.2.75	1	6,25
XBB.1	1	6,25
Total	16	100

De las 16 muestras secuenciadas, 12 son mujeres (75%) y 4 son varones (25%)

Las edades están comprendidas entre 25 a 89 años.

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



Grafico 2. Distribución de muestras secuenciadas por sexo y grupo de edad. N=16

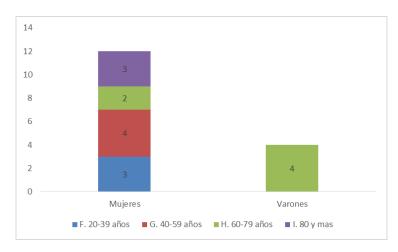


Tabla 2. Distribución de las muestras secuenciadas según efector de procedencia de la muestra. N=16

Efector Procedencia	Muestras
H. ZAPALA	8
H. BUTA RANQUIL	2
H. JUNIN DE LOS ANDES	2
H. ALUMINE	1
H. ANDACOLLO	1
H. BAJADA DEL AGRIO	1
H. CHOS MALAL	1
Total	16

Tabla 3. Distribución de las muestras secuenciadas por Tipo de seguimiento según Evolución final. N=16

Seguimiento	Alta	Porcentaje
Ambulatorio	12	75
Internacion SDRA 2°	3	18,75
Internacion por ACV	1	6,25
Total	16	100

En las muestras secuenciadas no hubo personas fallecidas.

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





Las personas que requirieron internación por SDRA 2° tenían Factores de Riesgo: DBT-HTA-Obesidad-TBQ, B24 en tratamiento, Enfermedad Inflamatoria Intestinal de reciente diagnóstico. Una persona se encontraba internada con diagnóstico de ACV isquémico con múltiples factores de riesgo cardiovascular y el diagnóstico de SARS-CoV-2 se realizó intrainternación y no fue el motivo de su ingreso.

Entre las personas con seguimiento ambulatorio (12), 5 no tenían factores de riesgo y 7 presentaban: DBT IR-HTA-Obesidad-AR-EMB 20 semanas-EPOC

Ninguna tenía antecedente de viaje

Con respecto al Antecedente de infección se encontró que 4/16 personas habían presentado infección previa confirmada por qPCR entre 11 de enero 2022 y 13 de mayo 2022.

Tabla 4. Distribución de muestras secuenciadas según antecedente de vacunación. N=16

Dosis Vacuna	Ambulatorio	Internacion
2 dosis	3	0
3 dosis	5	3
4 dosis	3	1
5 dosis	1	0
Total	12	4

El 100% de las muestras secuenciadas tenían antecedentes de vacunación con 2, 3, 4 y 5 dosis; mientras que el 81,25% tenían antecedentes de 3 o más dosis (vacunación considerada completa).

Neuquén, 16 de febrero de 2023. María Cecilia Ziehm. Nodo Epidemiológico. Laboratorio Central

Laboratorio Central Subsecretaría de Salud de Neuquén **Gregorio Martínez 65 – Neuquén** labcen@yahoo.com.ar

http://laboratoriocentral.saludneuguen.gob.ar/