

ACTUALIZACIÓN DE SITUACIÓN EPIDEMIOLÓGICA DE COVID19  
VIGILANCIA GENOMICA DE SARS COV2  
PANDEMIA COVID19. AÑO 2021. SE27.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. Algunas de las mutaciones específicas definen los grupos genéticos virales o linajes que circulan en la actualidad a nivel mundial.

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 y, Si se ha identificado en circulación comunitaria, múltiples casos de COVID, clusters, o se ha detectado en múltiples países.<sup>2</sup>

**Variante de Preocupación (VOC):**

Una variante de interés (VOI) es también una variante de Preocupación (VOC) si está asociada a:

- aumento de transmisibilidad o empeoramiento de la situación epidemiológica en la región;
- aumento de virulencia o cambio en la presentación clínica;
- disminución en la efectividad de las medidas de control, los tests diagnósticos, las vacunas o los tratamientos.

NOMENCLATURA DE LAS VOI Y VOC

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

<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)

<sup>2</sup> WHO SARS-CoV-2 Virus Evolution Working Group.



Nombres para las <b>Variantes de Interés (VOI)</b> 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 <b>Variantes de preocupación (VOC)</b> 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

Desde el mes de abril de 2021 se inició la vigilancia de secuenciación genómica que se realiza en las siguientes circunstancias:

### 1- 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.

### 2- Investigación de nuevas variantes en sospechas de reinfecciones.

### 3- Investigación de nuevas variantes en pacientes vacunados:

- Todos los casos confirmados que han recibido un esquema 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 presenten cuadros moderados y severos (internados en sala común, UTI, fallecidos).
- Todos los casos confirmados que han recibido UNA sola dosis de vacuna y 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).

### 4- Investigación de nuevas variantes en escenarios de alta transmisibilidad o virulencia:

Un incremento inusitado de casos graves en comparación con semanas previas o casos graves eventuales con comportamiento clínico no esperado, en pacientes menores de 60 años y sin factores de riesgo.

### 5- Investigación de nuevas variantes en viajeros provenientes del exterior.

## VIGILANCIA GENÓMICA EN LA PROVINCIA DEL CHUBUT

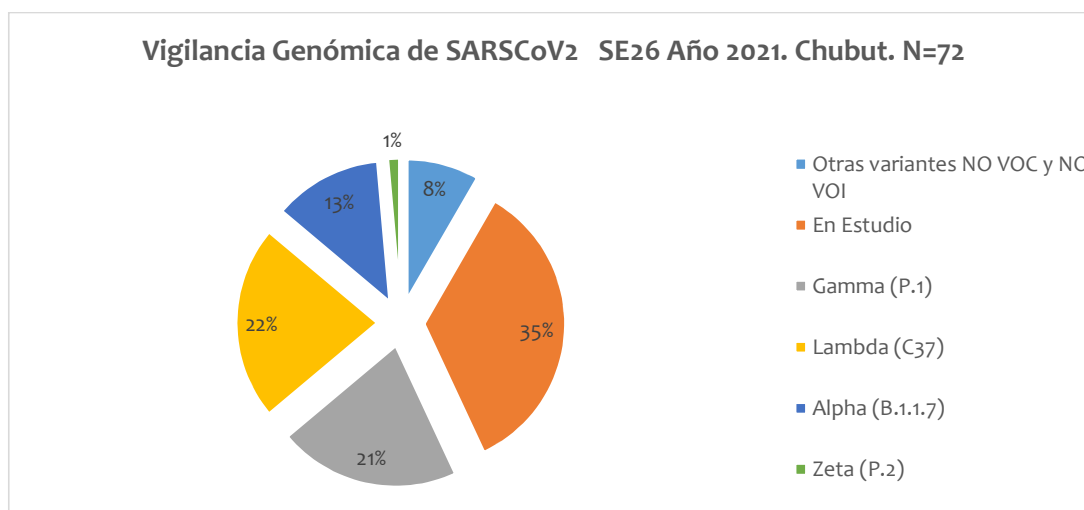
Corte de información: 4-7-2021

Fuente: SNVS-SISA

Al 4 de julio, se analizaron 72 muestras de SARS CoV2 de casos confirmados de COVID19 de la pcia. del Chubut, que cumplían los requisitos técnicos y epidemiológicos para secuenciación genómica.

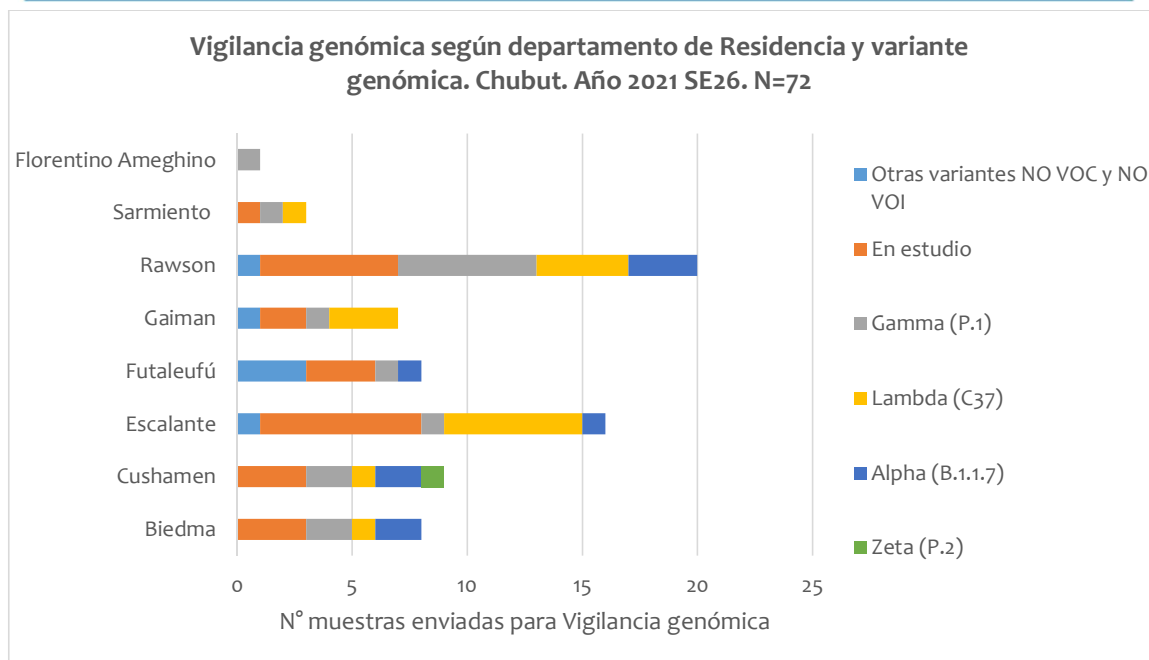
### Resultados:

El 22% (16\*100/72) de las muestras corresponden a la variante Lambda, el 21 % (15\*100/72) a la variante Gamma, el 13% (9\*100/72) a la variante Alpha, 6 muestras (el 8%) corresponden a otras variantes NO VOC y NO VOI; 25 muestras se encuentran en proceso.



El 28% (20/72\*100) son del Departamento Rawson, 22% (16/72\*100) de Escalante, 12,5% (9/72\*100), y el 11% (8/71\*100) tanto de Biedma como de Futaleufú. 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
Biedma		3	2	1	2		8
Cushamen		3	2	1	2	1	9
Escalante	1	7	1	6	1		16
Futaleufú	3	3	1		1		8
Gaiman	1	2	1	3			7
Rawson	1	6	6	4	3		20
Sarmiento		1	1	1			3
F. Ameghino			1				1
<b>Total</b>	<b>6</b>	<b>25</b>	<b>15</b>	<b>16</b>	<b>9</b>	<b>1</b>	<b>72</b>



La distribución de las variantes detectadas según el mes de envío de las muestras al Instituto Malbrán, determina que la variante Gamma es la más frecuente en el mes de mayo, y la variante Lambda es la más frecuente en el mes junio. Quedan pendientes los resultados de 21 muestras del mes de junio.

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	0	2	0	1	0	1	4
mayo	4	5	4	5	1	2	21
junio	5	8	12	0	0	21	46
julio	0	0	0	0	0	1	1
<b>Total general</b>	<b>9</b>	<b>15</b>	<b>16</b>	<b>6</b>	<b>1</b>	<b>25</b>	<b>72</b>

De acuerdo al antecedente epidemiológico reportado, las muestras para vigilancia regular corresponden al 61% de las muestras enviadas; de éstas, el 18% ( $8/44 \cdot 100$ ) son variantes Lambda y el 18% ( $8/44 \cdot 100$ ) son variantes Gamma. Le sigue en orden de frecuencia la variante Alpha, con un 13,6% ( $6/44 \cdot 100$ ).

Se detectó la variante Gamma en una persona gestante con forma Clínica grave de COVID.

Se identificó la variante Lambda en un caso confirmado con antecedente de viaje al exterior.

En 2 casos graves, menores de 60 años sin factores de riesgo, se detectó la variante Lambda.

De las personas con antecedentes de vacunación, doce (12) tenían una dosis de vacuna, y seis (6) el esquema completo con dos dosis. Entre las personas con antecedentes de vacunación, se detectó en un 22% ( $4/18 \cdot 100$ ) la variante Lambda, en un 22% la variante Gamma ( $4/18 \cdot 100$ ), y en un 17% ( $3/18 \cdot 100$ ) de la variante Alpha. Una variante fue NO VOC y NO VOI. Seis muestras aún están en estudio.



Antecedente Epidemiológico	Alpha (B.1.1.7)	Gamma (P.1)	Lambda (C37)	Otras variantes NO VOC y NO VOI	Zeta (P.2)	En Estudio	Total general
Caso grave en persona gestante		1					1
Investigación de variante en caso grave <60 años s/factores de riesgo			2				2
Investigación de variante en pacientes con vacunación contra SARS CoV2	3	4	4	1		6	18
Investigación de variante en viajero internacional			1				1
Residente o viajero de otra provincia		1					1
Sin antecedente de viaje a zona afectada en los últimos 14 días.			1			1	2
Vigilancia regular de variantes de SARS CoV2	6	8	8	5	1	16	44
Sin información		1				2	3
<b>Total general</b>	<b>9</b>	<b>15</b>	<b>16</b>	<b>6</b>	<b>1</b>	<b>25</b>	<b>72</b>