

Vigilancia continua de variantes de SARS-CoV-2 en la Región Sanitaria VIII de la Provincia de Buenos Aires.

Actualización 16/02/2023

Instituto Nacional de
Epidemiología (INE-ANLIS)

Febrero 2023



Instituto Nacional
Epidemiología
"Dr. Juan H. Jara"



ANLIS
MALBRÁN
INSTITUTO NACIONAL DE EPIDEMIOLOGÍA Y CONTROL DE INFECCIONES



Ministerio de Salud
Argentina

Instituto Nacional de Epidemiología “Juan H. Jara”. Servicio de Virología, Departamento de Laboratorio. Vigilancia continua de variantes de SARS-CoV-2 en la Región Sanitaria VIII de la Provincia de Buenos Aires. Actualización 16/02/2023. Febrero 2023 / Carlos Cimmino ... [et al.]. - 1ª ed – Ciudad Autónoma de Buenos Aires : Administración Nacional de Laboratorios e Institutos de Salud (ANLIS) “Dr. Carlos G. Malbrán” : 2023.

Disponible en:

ISBN

1. Vigilancia. 2. Epidemiología 3. SARS-CoV-2 4. Argentina. Cimmino, Carlos

CDD

“Este recurso es el resultado del financiamiento otorgado por el Estado Nacional, por lo tanto, queda sujeto al cumplimiento de la Ley N° 26.899 y la política de gestión del conocimiento de la ANLIS”.



Esta obra está bajo una Licencia creative Commons Attribution 4.0 International (CC BY 4.0)

Resumen

- ▶ Se lleva adelante la vigilancia de variantes de SARS-CoV-2 en el Laboratorio de Diagnóstico y Referencia del Instituto Nacional de Epidemiología, Juan Héctor Jara-ANLIS, mediante secuenciación de genomas completos de SARS-CoV-2 por secuenciación de nueva generación (NGS).
- ▶ Se obtuvieron **76 genomas completos**, correspondientes a casos **ARN positivos para SARSCoV-2** con Ct < 30 diagnosticados en el período octubre 2022-febrero 2023.
- ▶ Se detectó **VOC Ómicron en el 100% de los casos**.
- ▶ Los principales linajes/sub-linajes de **Variante de Preocupación (VOC) Ómicron** obtenidos fueron: BQ.1.1 (42%); BQ.1.1.4 (29%); BN.3.1 (11%); BQ.1 (5%); BA.5.3.1 (3%), BN.1 (3%) y BA.5.1 1%, BA.5.2.1 (1%), BE.9 (1%), BQ.1.1.13 (1%).
- ▶ En la **Región Sanitaria VIII de la Provincia de Buenos Aires**, en el marco de la **vigilancia activa de variantes** se han analizado un **total 519 muestras** sospechosas de COVID-19 en el periodo de octubre 2022-febrero 2023, **118** fueron Detectables para SARS-CoV-2 (22.73%) y 76 muestras secuenciadas por Genoma completo (64.4%) y se les asignó la variante por el algoritmo NEXTCLADE.

Introducción

Desde el año 2022 con la incorporación de un secuenciador automático y como miembros de la Red Nacional de Genómica y Bioinformática, el laboratorio del Instituto Nacional de Epidemiología "Dr. Juan H. Jara" (INE), forma parte de la red de vigilancia integral de genómica para SARS-CoV-2.

El propósito de este reporte es dejar registro de las variantes encontradas en la Región Sanitaria VIII, en las muestras sospechosas de COVID-19, confirmadas por RT-qPCR para SARS-CoV-2 en el periodo octubre 2022- enero 2023.

Resultados

Se analizaron 519 muestras, de las cuales 118 (22.73%) resultaron DETECTABLES para SARS-CoV-2 con los distintos métodos utilizados, pertenecientes a las localidades de La Costa, Miramar, Azul y Mar del Plata. Tabla I (en pág. Siguiente).

Tabla I. Periodo estudiado, cantidad de muestras analizadas y cantidad de muestras confirmadas por RT-qPCR para SARS-CoV-2.

Mes	Año	Muestras p/SC2	Detectables
Octubre	2022	97	3
Noviembre	2022	172	5
Diciembre	2022	196	73
Enero	2023	54	37
Total		519	118

Se seleccionaron 96 muestras para la secuenciación genómica por NGS y se obtuvieron secuencias de genoma completo de 76 muestras. De estas muestras, 40 pertenecen al Municipio de La Costa y 36 al partido de General Pueyrredón. De las 76 muestras 13 corresponden a personas que no están vacunadas, 10 no se registró en la ficha epidemiológica. Las 50 restantes, son muestras de personas confirmadas para SARS-CoV-2, que recibieron distintos esquemas de vacunación. Se secuenciaron 51 muestras de sexo femenino y 24 de sexo masculino, una no tiene sexo asignado en la información registrada.

De las 76 muestras secuenciadas, 9 presentan comorbilidades (67% Hipertensión Arterial, el resto en Leucemia, Diabetes, Artritis, etc.).

De las 76 muestras secuenciadas, 6 pertenecen a pacientes internados, 66 son ambulatorios. En 4 muestras no es claro el registro.

Se encontró entre estas 76 muestras coinfección con otros virus respiratorios: 1 muestra tuvo coinfección con Influenza A. 3 muestras coinfección con Virus Sincicial Respiratorio, y 1 coinfección con Rinovirus.

Entre las variantes encontradas en el panel de muestras confirmadas para SARS-CoV-2 por RT-qPCR, secuenciadas se caracterizaron los siguientes sublinajes de la Variante de Preocupación Ómicron:

BQ.1.1, 32 secuencias (42%), BQ.1.1.4, 22 secuencias (29%), BN.3.1, 8 secuencias (11%), BQ.1, 4 secuencias (5%), BA.5.3.1, 2 secuencias (3%), BN.1, 2 secuencias (3%), BA.5.1, 1 secuencia (1%), BA.5.2.1, 1 secuencia (1%), BE.9, 1 secuencia (1%), BQ.1.1.13, 1 secuencia (1%), BQ.1.23, 1 secuencia (1%) y CV.1, 1 secuencia 1%. Figuras II y III.

En resumen, las 3 subvariantes más representativas en la Región Sanitaria VIII, son BQ.1.1, BQ.1.1.4 y BN.3.1.

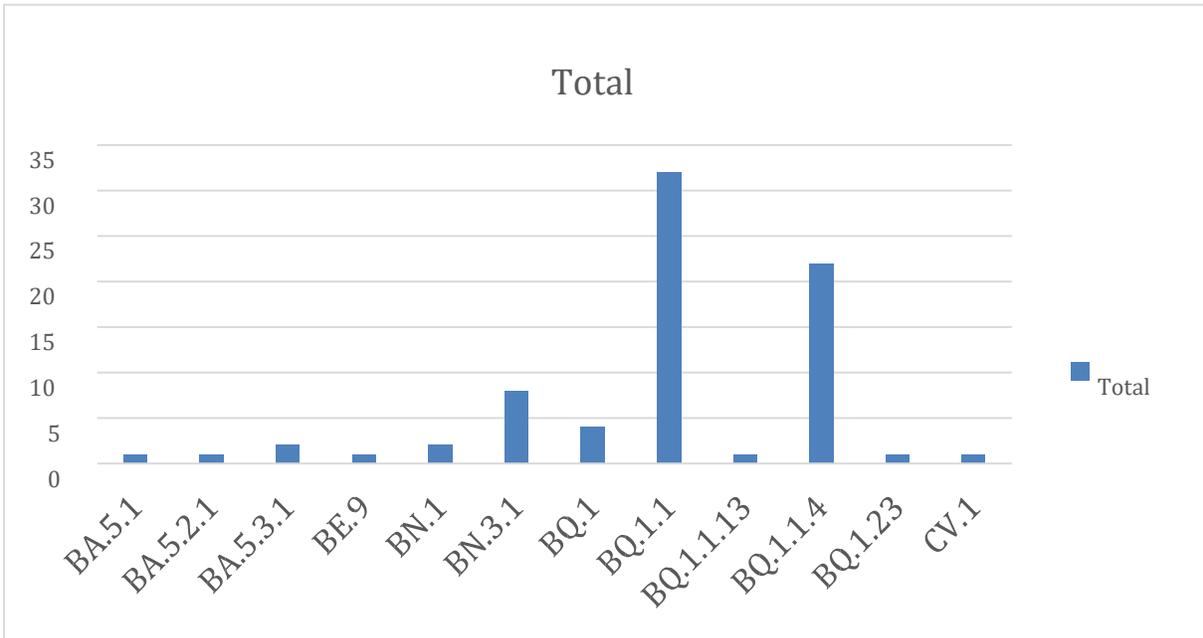


Figura II. Número de Variantes del linaje Ómicron encontrados en la Región Sanitaria VIII, entre octubre 2022 y febrero 2023.

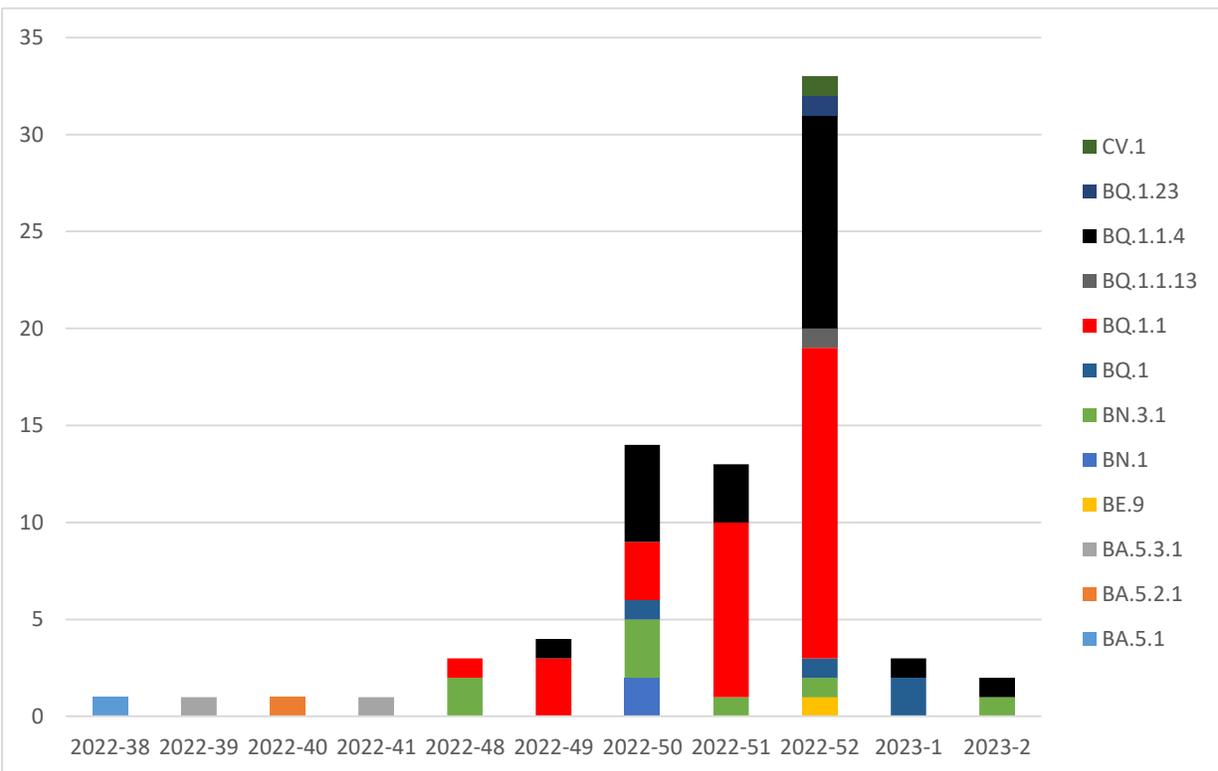


Figura III. Variantes del linaje Ómicron encontradas en la Región Sanitaria VIII, entre octubre 2022 y febrero 2023 por semana epidemiológica.

Discusión

Consideramos que el número de muestras RT-qPCR estudiadas para SARS-CoV-2 fue apropiado de acuerdo con la situación epidemiológica actual.

Se observa una falta de presencia entre las muestras analizadas de otras localidades de los distintos municipios que conforman la Región Sanitaria VIII. Probablemente la cantidad de casos que terminan en internación se ha reducido y la logística para el envío de muestras a nuestro laboratorio se vio afectada.

Se aprecia que los casos clínicos sospechosos fueron mayores en dos municipios (La costa y General Pueyrredón) que reciben gran afluencia turística en los meses previos y durante el verano. Podemos agregar que entre octubre y diciembre se realizan varias actividades deportivas que acercan a la ciudad de Mar del Plata, estudiantes de varios puntos del país. Una situación que tal vez debería tener algún mecanismo adicional de vigilancia, para esta agrupación de personas que provienen desde distintos puntos del país.

Podemos apreciar que, en el periodo estudiado, la variante dominante que ha superado a las anteriores (variantes Gamma y Delta) es la Ómicron que se identificó por primera vez en Sudáfrica en noviembre de 2021 y desde entonces se ha detectado en varios otros países. Tiene mayor número de mutaciones en el gen S y ha comenzado un proceso de diversificación genética que hasta el momento no ha tenido efecto en la gravedad de los cuadros, sin embargo, sus características hacen que se pueda propagar fácilmente con lo cual es muy importante conservar activa la vigilancia de variantes, por si estas subvariantes puedan mutar y aumentar la peligrosidad de los cuadros clínicos que producen.

Debido al origen zoonótico del SARS-CoV-2, es importante considerar los posibles reservorios naturales en que puede permanecer circulando como animales de compañía o en animales de criaderos.

Debemos considerar también que la circulación de otros virus respiratorios se vio alterada por las medidas no farmacéuticas implementadas, y esto posiblemente afectó la estacionalidad con la que se manifiestan. Se puede ver en nuestros datos que hay coinfecciones con virus que normalmente en verano no están presentes. Esto pone de manifiesto la importancia de una vigilancia integral de virus respiratorios y tal vez extenderla al medio ambiente.

Conclusiones

Las variantes encontradas son las mismas que están circulando en el país y al momento no revisten un peligro para la salud pública, pero la circulación comunitaria de variantes requiere seguimiento en caso de aumento de la gravedad de casos, cambios en la secuencia utilizada para el diagnóstico, cambios en la respuesta a la enfermedad en personas con esquema completo de vacunación, aumento en la gravedad de los casos.

Se recomienda aumentar el muestreo para mejorar la calidad de la vigilancia, tomando contacto con centros de salud en donde reciban casos con cuadros compatibles con COVID-19.

Participantes

- Carlos Cimmino, Andrea Lerman, Fernanda Santos. Servicio de Virología, Departamento Laboratorio. Instituto Nacional de Epidemiología "Dr. Juan H. Jara". Administración Nacional de Laboratorios e Institutos de Salud "Dr. Carlos G. Malbrán" (ANLIS). Mar del Plata, Buenos Aires, Argentina." Centro Nacional de Referencia para la Vigilancia Epidemiológica del Virus Influenza y Centro Nacional de Influenza de OMS.
- Unidad Operativa Centro Nacional de Genómica y Bioinformática.

Agradecimientos

- Bioq. Julián Sánchez Loria por su permanente apoyo en el análisis bioinformático.
- Dres. Polkepovich y J. Campos por el soporte para llevar adelante la vigilancia genómica.
- Fernanda Santos e Indira Monte en la preparación de las muestras para la secuenciación y predisposición para incorporar nuevas técnicas de laboratorio.
- Al personal del Laboratorio de Virología por la extracción de ARN y tipificación de virus respiratorios.