

Reporte N°20-Parte A: Vigilancia de variantes de SARS-CoV-2 en el AMBA (CABA, Gran Buenos Aires y Gran La Plata). Actualización al 29/04/2021.

Aclaración: El presente documento contiene datos provenientes del AMBA que forman parte de los resultados correspondientes al Reporte N°20, cuya versión extendida estará disponible próximamente.

RESULTADOS:

En la CABA se observó que:

- Las variantes de preocupación 501Y.V1 (Reino Unido) y 501Y.V3 (Manaos) mostraron un incremento desde la SE9 hasta la SE15, con fluctuaciones, hasta alcanzar valores de frecuencia de detección del 27,1% para la variante 501Y.V1 (Reino Unido) y del 31,3% para 501Y.V3 (Manaos) en la SE15, en casos sin nexo epidemiológico con turismo (Tabla 1).
- Casos con las mutaciones de interés epidemiológico E484K y L452Q se presentaron en el 39,6% de los casos de la SE15:
 - La mutación E484K (compatible con variante P.2, Río de Janeiro, aunque resta su confirmación por secuenciación de genoma completo) se detectó en el 6,3% de los casos.
 - La mutación L452Q (compatible con el linaje C.37, recientemente descrito en Chile y Perú, llamaba de manera informal como "variante Andina") se detectó en el 33,3% de los casos. La circulación de este linaje en la CABA a sido confirmada por la secuenciación de genoma completo de 20 muestras correspondientes a las semanas epidemiológicas previas.
 - No se detectaron casos de la mutación L452R (compatible con la variante CAL.20C, linajes B.1.427 y B.1.429, California) en las dos últimas semanas epidemiológicas analizadas. Estas mutaciones resultan de importancia por su descripción asociada al escape inmunológico in vitro y resta evaluarse sus implicancias in vivo.
- Sólo el 4,2% de las secuencias de la última SE analizada (SE15) corresponden a virus que han circulado en la primera ola en la CABA.

En el Gran Buenos Aires se observó que:

- **La variante de preocupación 501Y.V1 (Reino Unido) mostró un incremento desde la SE9 hasta la SE15, con fluctuaciones, hasta alcanzar valores de frecuencia de detección del 11,5% en la SE15, en casos sin nexo epidemiológico con turismo (Tabla 2).**
- **La variante de preocupación 501Y.V3 (Manaos) mostró un incremento desde la SE12 hasta la SE15, con fluctuaciones, hasta alcanzar valores de frecuencia de detección del 26,9% en la SE15, en casos sin nexo epidemiológico con turismo.**
- **Casos con la mutación de interés L452Q mostraron un incremento desde la SE7 hasta alcanzar el 57,7% de los casos de la SE 15.** De las muestras de GBA con esta mutación detectadas en semanas previas, 49 fueron confirmadas por secuenciación de genoma completo como linaje C.37, recientemente descrito en Chile y Perú, llamaba de manera informal como "variante Andina".
- **Sin embargo, la distribución variantes y mutaciones de interés epidemiológico entre las SE 9-SE 15 fue heterogénea dentro del GBA (Figura 5):**
 - GBA Norte** presentó predominancia de variante 501Y.V3 (Manaos) con 7/18 casos (38,9%), un caso de variante 501Y.V1 (Reino Unido) (5,6%) y 3/18 casos (16,7%) de la mutación L452Q.
 - GBA Oeste** presentó variante 501Y.V1 (Reino Unido) en 13/71 casos (18,3%), variante 501Y.V3 (Manaos) en 10/71 casos (14,1%), y 22/71 casos (31,0%) con la mutación L452Q.
 - GBA Sur** presentó variante 501Y.V1 (Reino Unido) en 10/163 casos (6,1%), y variante 501Y.V3 (Manaos) en 15/163 casos (9,2%), y una clara predominancia de la mutación L452Q con 77/163 casos (47,2%).
- **Sólo el 3,8 % de las secuencias de la última SE analizada (SE15) corresponden a virus que han circulado en la primera ola en el GBA.**
- En las últimas tres SE analizadas no se detectaron casos con las mutaciones E484K (compatible con la variante P.2, Río de Janeiro) y L452R (compatible con la variante CAL.20C, California).

En el Gran La Plata se observó que:

- **La distribución variantes y mutaciones de interés epidemiológico en las SE13 y SE14 indicó un claro predominio de la variante 501Y.V3 (Manaos) con 27/34 casos analizados (79,4%).**

FIGURAS CABA

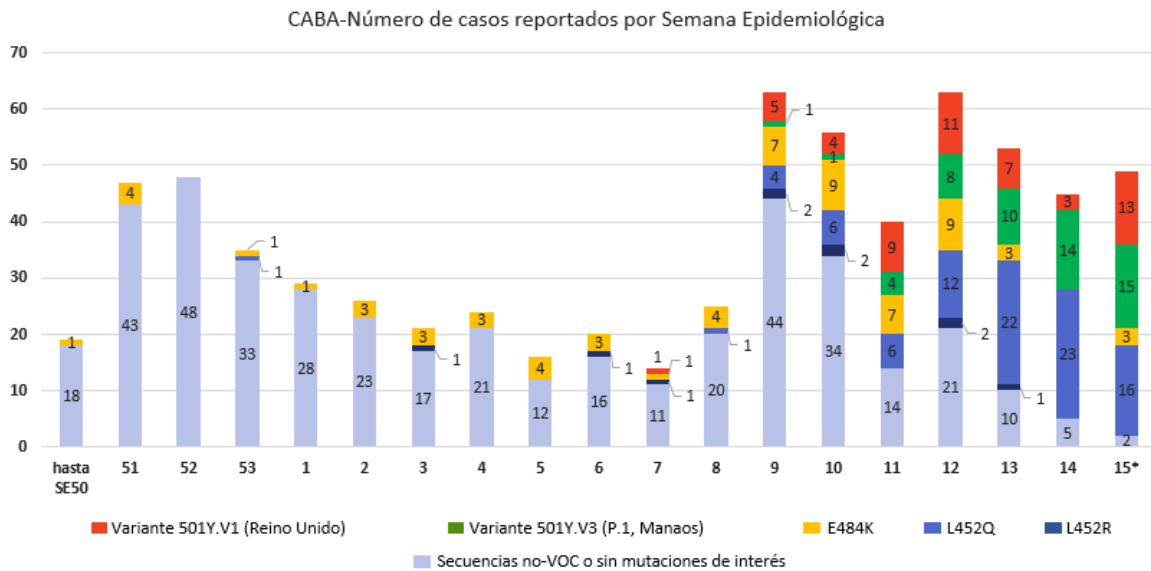


Figura 1: Número de casos reportados por semana epidemiológica 2020-2021 desde el inicio de la vigilancia molecular de variantes de SARS-CoV-2. Se incluyen solamente casos provenientes de la CABA que no presentaron antecedentes de viaje o contacto estrecho con viajeros; en casos con nexo epidemiológico entre sí, solo se consideró uno como representativo. Sobre las barras se muestra el número de muestras correspondiente a cada variante, mutación o secuencias no VOC. *En la semana 15 se incluye 1 muestra del 18/04 (corresponden a SE 16)

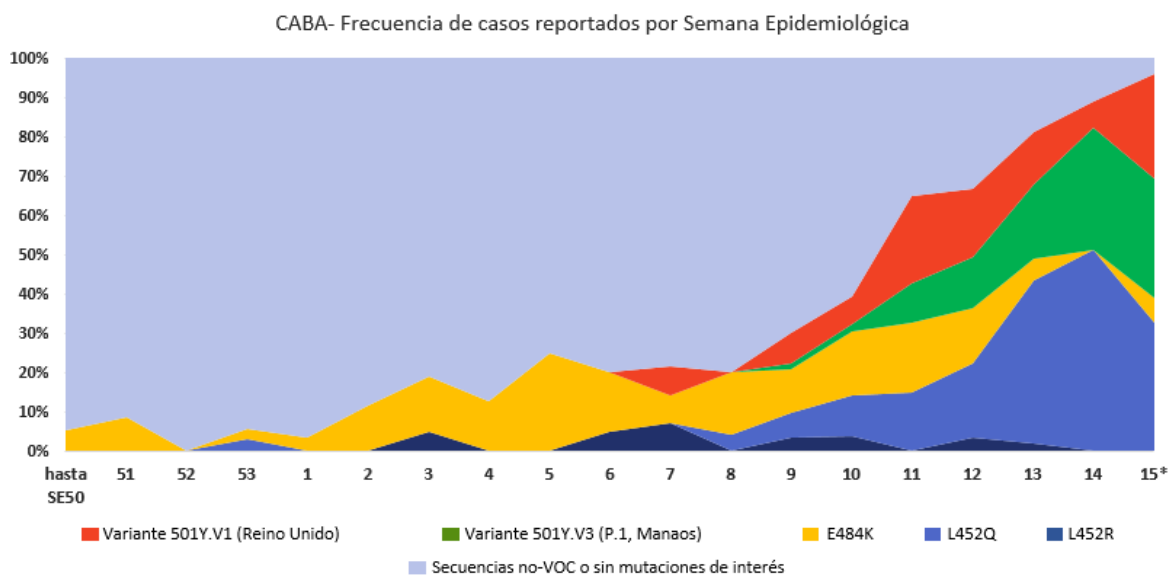


Figura 2: Frecuencia de variantes de SARS-CoV-2 y secuencias con o sin mutaciones de interés por semana epidemiológica. Se incluyen solamente casos provenientes de la CABA que no presentaron antecedentes de viaje o contacto estrecho con viajeros; en casos con nexo epidemiológico entre sí, solo se consideró uno como representativo.

FIGURAS GBA

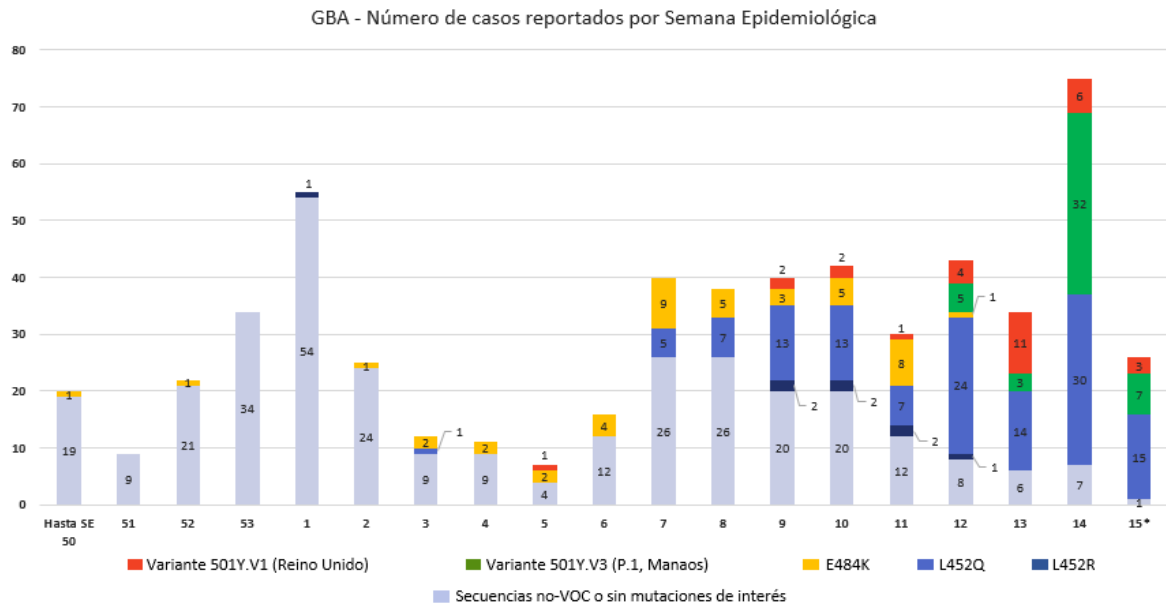


Figura 3: Número de casos reportados por semana epidemiológica 2020-2021 desde el inicio de la vigilancia molecular de variantes de SARS-CoV-2. Se incluyen solamente casos provenientes del GBA que no presentaron antecedentes de viaje o contacto estrecho con viajeros; en casos con nexo epidemiológico entre sí, solo se consideró uno como representativo. Sobre las barras se muestra el número de muestras correspondiente a cada variante, mutación o secuencias no VOC. *En la semana 15 se incluye 1 muestra del 18/04 (corresponden a SE 16).

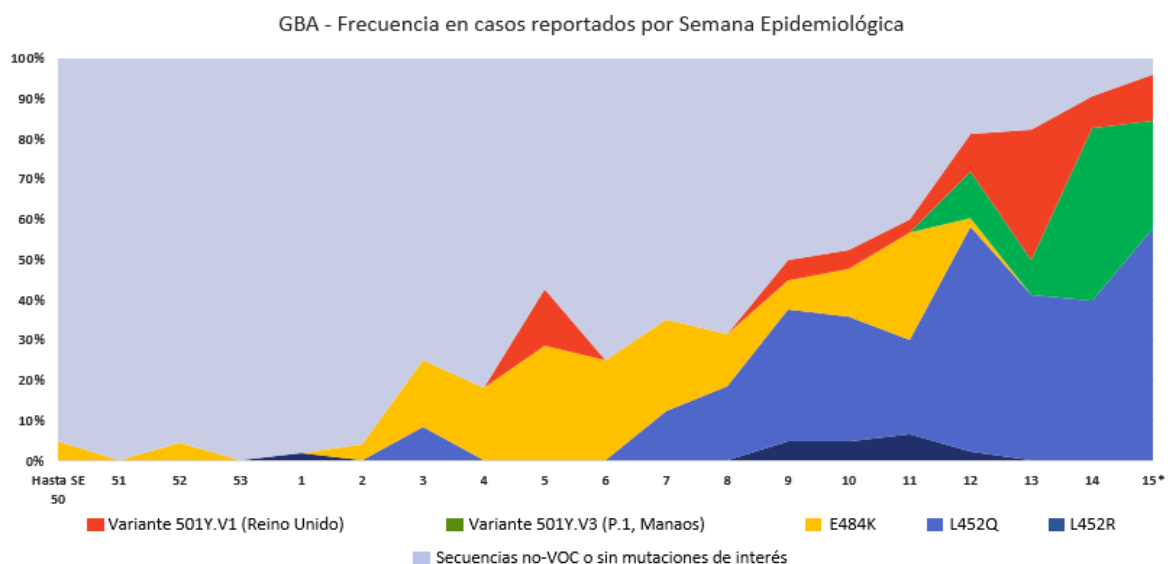


Figura 4: Frecuencia de variantes de SARS-CoV-2 y secuencias con o sin mutaciones de interés por semana epidemiológica. Se incluyen solamente casos provenientes del GBA que no presentaron antecedentes de viaje o contacto estrecho con viajeros; en casos con nexo epidemiológico entre sí, solo se consideró uno como representativo. *En la semana 15 se incluye 1 muestra del 18/04 (corresponden a SE 16).

PROYECTO ARGENTINO INTERINSTITUCIONAL DE GENÓMICA DE SARS-COV-2

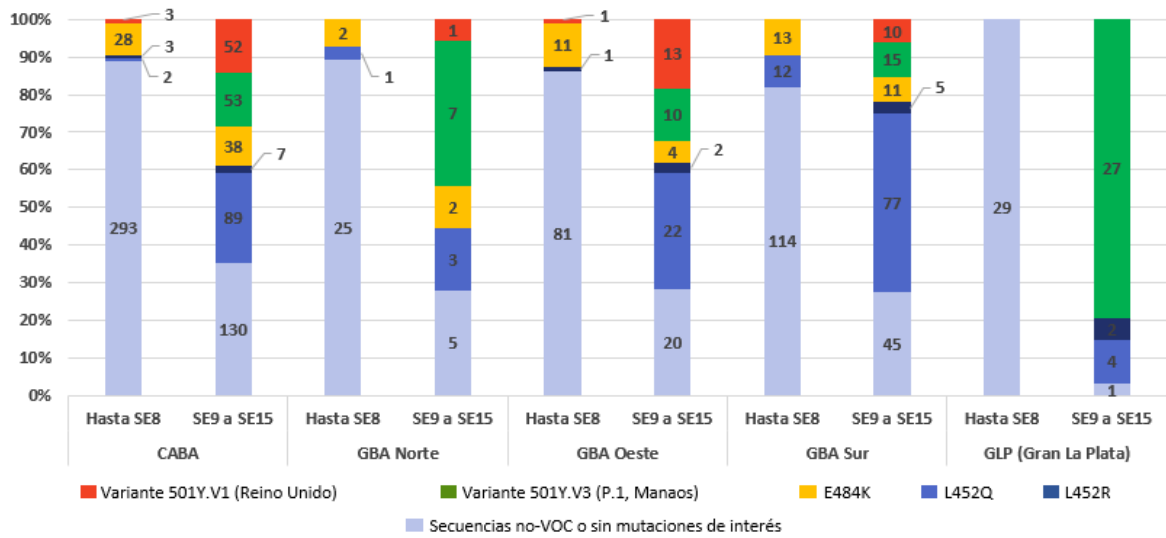


Figura 5: Número acumulado de variantes de SARS-CoV-2 y secuencias con o sin mutaciones de interés por región detectadas desde el inicio de la vigilancia activa de variantes. Los casos han sido desglosados en dos períodos, hasta SE8 y SE9 a SE15, momento en que se observa una tendencia de incremento en la frecuencia de las variantes y/o mutaciones de interés en las distintas regiones. Se incluyen solamente casos que no presentaron antecedentes de viaje o contacto estrecho con viajeros; en casos con nexo epidemiológico entre sí, solo se consideró uno como representativo. Sobre las barras se muestra el número de muestras correspondiente a cada variante, mutación o secuencias no VOC.

Tabla 1. CABA: Frecuencia de las variantes 501Y.V1 y 501Y.V3, y las mutaciones E484K y L452R/Q por semana epidemiológica (SE) 2020-2021.

SE	Variante 501Y.V1 (Reino Unido)		Variante 501Y.V3 (P.1, Manaos)		Mutación E484K ³		Mutación L452R		Mutación L452Q		Total ¹
	Frecuencia (%)	IC 95% ²	Frecuencia (%)	IC 95% ²	Frecuencia (%)	IC 95% ²	Frecuencia (%)	IC 95% ²	Frecuencia (%)	IC 95% ²	
hasta 50	-	-	-	-	5,3	<0,01-26,5	-	-	-	-	19
51	-	-	-	-	8,5	2,83-20,5	-	-	-	-	47
52	-	-	-	-	-		-	-	-	-	48
53	-	-	-	-	2,9	<0,01-15,8	-	-	2,9	<0,01-15,8	35
1	-	-	-	-	3,5	<0,01-18,6	-	-	-	-	29
2	-	-	-	-	11,5	3,2-29,8	-	-	-	-	26
3	-	-	-	-	14,3	4,1-35,5	4,8	<0,01-24,4	-	-	21
4	-	-	-	-	12,5	3,5-31,8	-	-	-	-	24
5	-	-	-	-	25,0	9,7-50,0	-	-	-	-	16
6	-	-	-	-	15,0	4,4-36,9	5,0	<0,01-25,4	-	-	20
7	7,1	<0,01-33,5	-	-	7,1	<0,01-33,5	7,1	<0,01-33,5	-	-	14
8	-	-	-	-	16,0	5,8-35,3	-	-	4,0	<0,01-21,1	25
9	7,9	3,1-17,7	1,6	<0,01-9,3	11,1	5,2-21,5	3,2	0,2-11,5	6,4	2,1-15,7	63
10	7,1	2,3-17,5	1,8	<0,01-10,3	16,1	8,5-28,0	3,6	0,3-12,8	10,7	4,7-21,8	56
11	22,5	12,1-37,7	10,0	3,4-23,6	17,5	8,4-32,3	-	-	15,0	6,7-29,5	40
12	17,5	9,9-28,8	12,7	6,3-23,4	14,3	7,5-25,2	3,2	0,2-11,5	19,1	11,1-30,6	63
13	13,2	6,2-25,2	18,9	10,4-31,6	5,7	1,4-16,0	1,9	<0,01-10,9	41,5	29,3-54,9	53
14	6,7	1,6-18,5	31,1	19,5-45,7	-		-	-	51,1	37,0-65,0	45
15*	27,1	16,5-41,1	31,3	19,9-45,4	6,3	1,5-17,5	-	-	33,3	21,6-47,5	48

¹ Se incluyen solamente casos provenientes de la CABA que no presentaron antecedentes de viaje o contacto estrecho con viajeros; en casos con nexo epidemiológico entre sí, solo se consideró uno como representativo.

² El intervalo de confianza ajustado de la frecuencia se estimó mediante el método de Wald modificado (Agresti y Coul. *Am. Stat.* 1998. doi: 10.2307/2685469).

³ Se incluyen detecciones de la mutación E484K que no pertenecen a secuencias con la combinación de mutaciones característica de la variante 501Y.V3 (P.1, Manaos).

* Se incluye una secuencia del 18/04 (corresponde a SE16).

Tabla 2. GBA: Frecuencia de las variantes 501Y.V1 y 501Y.V3, y las mutaciones E484K y L452R/Q por semana epidemiológica (SE) 2020-2021.

SE	Variante 501Y.V1 (Reino Unido)		Variante 501Y.V3 (P.1, Manaos)		Mutación E484K ³		Mutación L452R		Mutación L452Q		Total ¹
	Frecuencia (%)	IC 95% ²	Frecuencia (%)	IC 95% ²	Frecuencia (%)	IC 95% ²	Frecuencia (%)	IC 95% ²	Frecuencia (%)	IC 95% ²	
hasta 50	-	-	-	-	5,3	<0,01-26,5	-	-	-	-	19
51	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	9
52	-	-	-	-	4,5	<0,01-23,5	-	-	-	-	22
53	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	34
1	-	-	-	-	-	-	1,8	<0,01-10,5	-	-	55
2	-	-	-	-	4,0	<0,01-21,1	-	-	-	-	25
3	-	-	-	-	16,7	3,5-46,0	-	-	8,3	<0,01-37,5	12
4	-	-	-	-	18,2	3,9-48,9	-	-	-	-	11
5	14,3	0,5-53,4	-	-	28,6	7,6-64,8	-	-	-	-	7
6	-	-	-	-	25,0	9,7-50,0	-	-	-	-	16
7	-	-	-	-	22,5	12,1-37,7	-	-	12,5	5,0-26,6	40
8	-	-	-	-	13,2	5,3-27,8	-	-	18,4	8,9-33,7	38
9	5,0	0,5-17,4	-	-	7,5	1,9-20,6	5,0	0,5-17,4	32,5	20,0-48,1	40
10	4,8	0,5-16,7	-	-	11,9	4,7-25,5	4,8	0,5-16,7	31,0	19,0-46,1	42
11	3,3	<0,01-18,1	-	-	26,7	14,0-44,7	6,7	0,8-22,4	23,3	11,5-41,2	30
12	9,3	3,1-22,2	11,6	4,6-24,9	2,3	<0,01-13,2	2,3	<0,01-13,2	55,8	41,1-69,6	43
13	32,4	19,0-49,3	8,8	2,3-23,7	-	-	-	-	41,2	26,3-57,8	34
14	8,0	3,4-16,7	42,7	32,1-54,0	-	-	-	-	40,0	29,7-51,3	75
15 ⁴	11,5	3,2-29,8	26,9	13,5-46,3	-	-	-	-	57,7	38,9-74,5	26

¹ Se incluyen solamente casos provenientes del GBA que no presentaron antecedentes de viaje o contacto estrecho con viajeros; en casos con nexo epidemiológico entre sí, solo se consideró uno como representativo.

² El intervalo de confianza ajustado de la frecuencia se estimó mediante el método de Wald modificado (Agresti y Coul. *Am. Stat.* 1998. doi: 10.2307/2685469).

³ Se incluyen detecciones de la mutación E484K que no pertenecen a secuencias con la combinación de mutaciones característica de la variante 501Y.V3 (P.1, Manaos).

⁴ Se incluye una secuencia del 18/04 (corresponden a SE 16)