

## 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 2,0% de las secuencias de la última SE analizada (SE15) corresponden a virus que han circulado en la primera ola en la CABA.

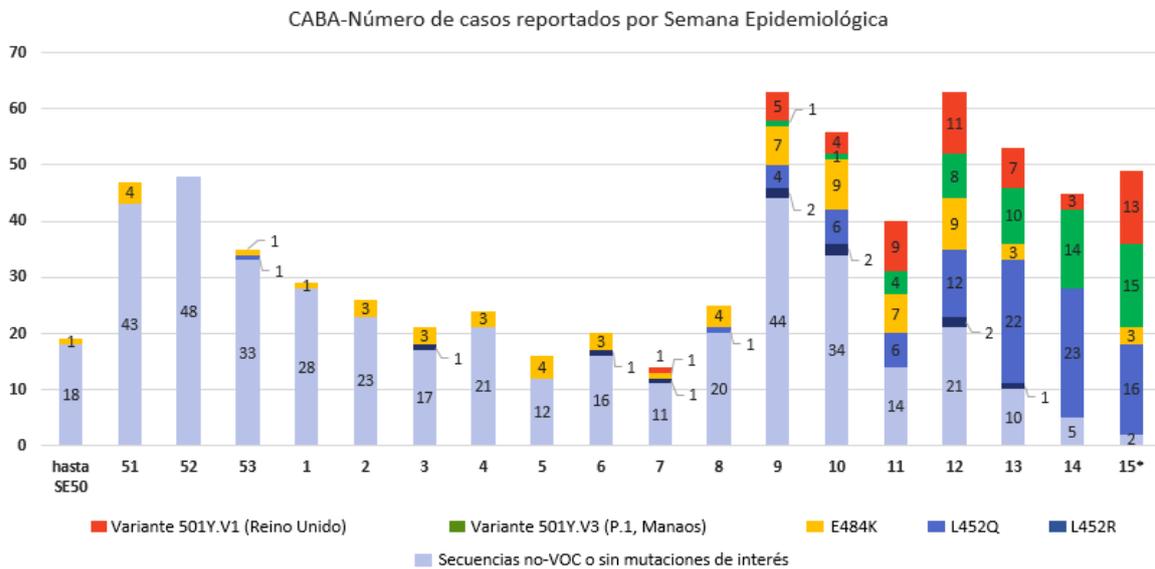
**En el Gran Buenos Aires se observó que:**

- **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 3,9 % 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).

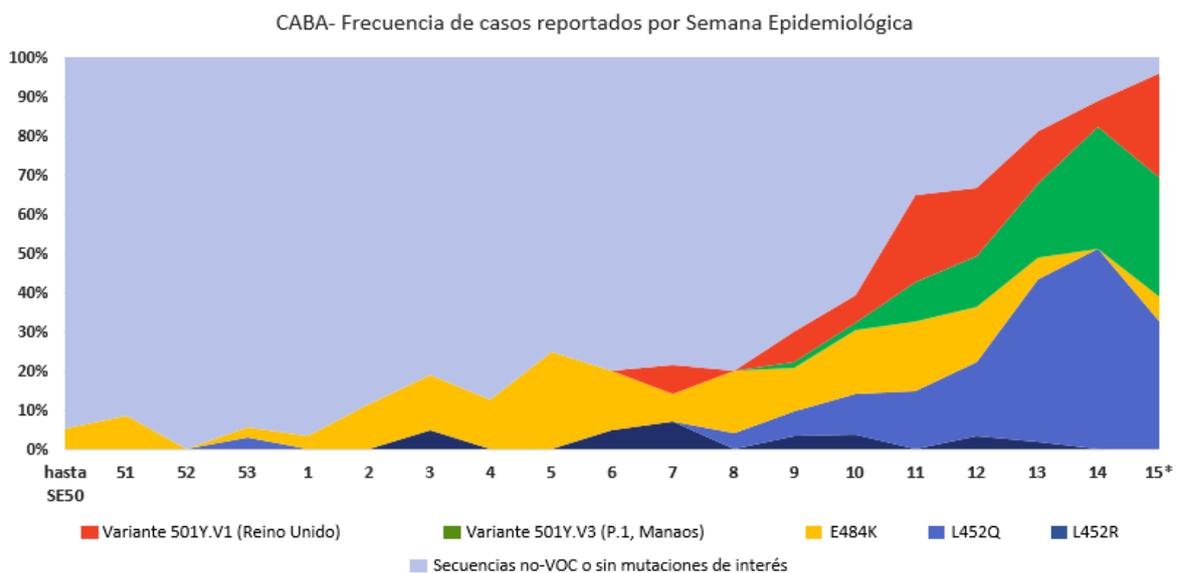
**En el Gran La Plata se observó que:**

- **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

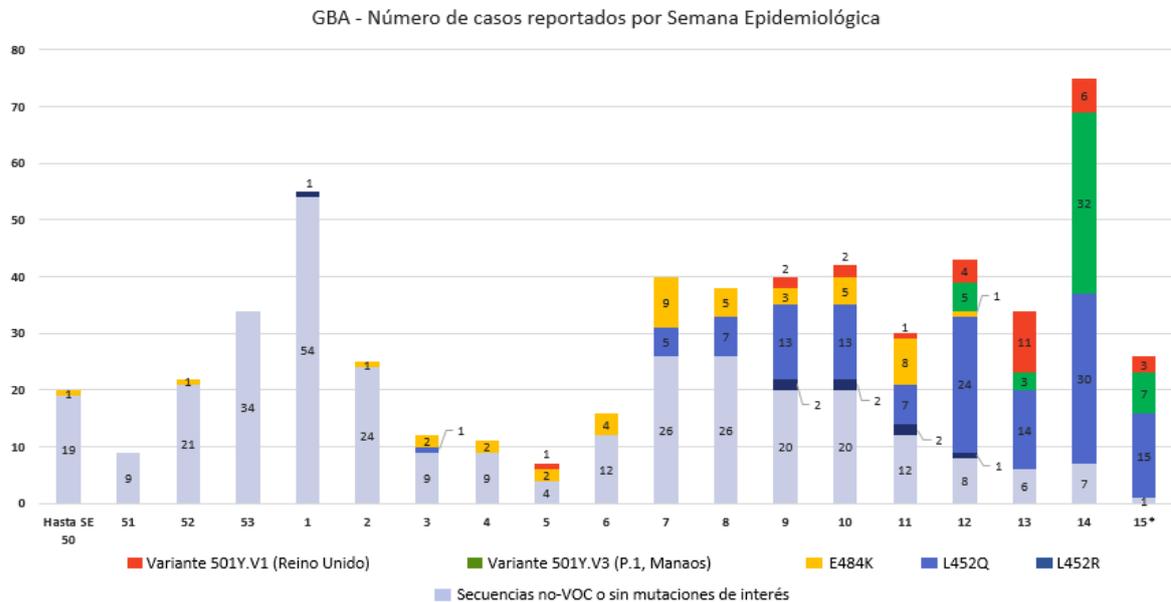


**Figura 1:** Número de casos reportados por semana epidemiológica 2020-2021 desde el inicio de la vigilancia molecular de variantes de SARS-CoV-2. Se incluyen solamente casos provenientes de la CABA que no presentaron antecedentes de viaje o contacto estrecho con viajeros; en casos con nexo epidemiológico 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)

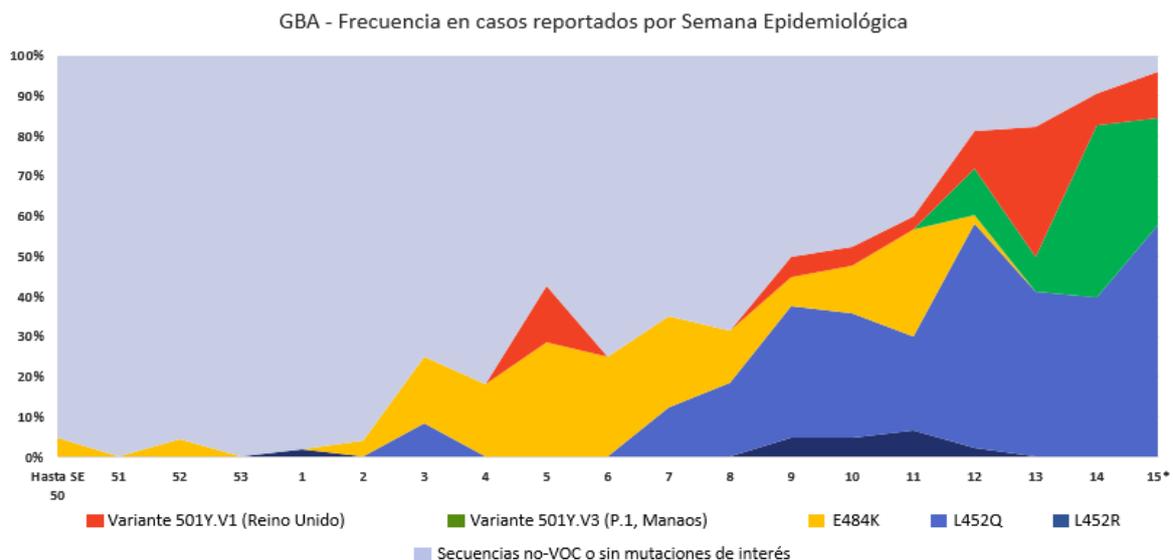


**Figura 2:** Frecuencia de variantes de SARS-CoV-2 y secuencias con o sin mutaciones de interés por semana epidemiológica. Se incluyen solamente casos provenientes de la CABA que no presentaron antecedentes de viaje o contacto estrecho con viajeros; en casos con nexo epidemiológico entre sí, solo se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

FIGURAS GBA

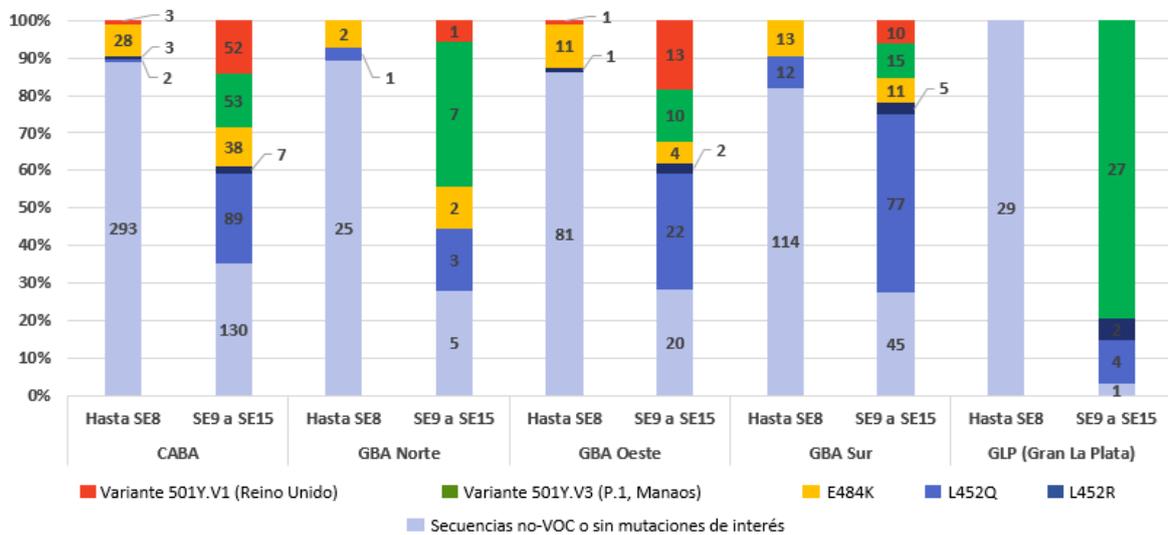


**Figura 3:** Número de casos reportados por semana epidemiológica 2020-2021 desde el inicio de la vigilancia molecular de variantes de SARS-CoV-2. Se incluyen solamente casos provenientes del GBA que no presentaron antecedentes de viaje o contacto estrecho con viajeros; en casos con nexo epidemiológico 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 <sup>3</sup>		Mutación L452R		Mutación L452Q		Total <sup>1</sup>
	Frecuencia (%)	IC 95% <sup>2</sup>	Frecuencia (%)	IC 95% <sup>2</sup>	Frecuencia (%)	IC 95% <sup>2</sup>	Frecuencia (%)	IC 95% <sup>2</sup>	Frecuencia (%)	IC 95% <sup>2</sup>	
hasta 50	-	-	-	-	<b>5,3</b>	<0,01-26,5	-	-	-	-	<b>19</b>
51	-	-	-	-	<b>8,5</b>	2,83-20,5	-	-	-	-	<b>47</b>
52	-	-	-	-	-		-	-	-	-	<b>48</b>
53	-	-	-	-	<b>2,9</b>	<0,01-15,8	-	-	<b>2,9</b>	<0,01-15,8	<b>35</b>
1	-	-	-	-	<b>3,5</b>	<0,01-18,6	-	-	-	-	<b>29</b>
2	-	-	-	-	<b>11,5</b>	3,2-29,8	-	-	-	-	<b>26</b>
3	-	-	-	-	<b>14,3</b>	4,1-35,5	<b>4,8</b>	<0,01-24,4	-	-	<b>21</b>
4	-	-	-	-	<b>12,5</b>	3,5-31,8	-	-	-	-	<b>24</b>
5	-	-	-	-	<b>25,0</b>	9,7-50,0	-	-	-	-	<b>16</b>
6	-	-	-	-	<b>15,0</b>	4,4-36,9	<b>5,0</b>	<0,01-25,4	-	-	<b>20</b>
7	<b>7,1</b>	<0,01-33,5	-	-	<b>7,1</b>	<0,01-33,5	<b>7,1</b>	<0,01-33,5	-	-	<b>14</b>
8	-	-	-	-	<b>16,0</b>	5,8-35,3	-	-	<b>4,0</b>	<0,01-21,1	<b>25</b>
9	<b>7,9</b>	3,1-17,7	<b>1,6</b>	<0,01-9,3	<b>11,1</b>	5,2-21,5	<b>3,2</b>	0,2-11,5	<b>6,4</b>	2,1-15,7	<b>63</b>
10	<b>7,1</b>	2,3-17,5	<b>1,8</b>	<0,01-10,3	<b>16,1</b>	8,5-28,0	<b>3,6</b>	0,3-12,8	<b>10,7</b>	4,7-21,8	<b>56</b>
11	<b>22,5</b>	12,1-37,7	<b>10,0</b>	3,4-23,6	<b>17,5</b>	8,4-32,3	-	-	<b>15,0</b>	6,7-29,5	<b>40</b>
12	<b>17,5</b>	9,9-28,8	<b>12,7</b>	6,3-23,4	<b>14,3</b>	7,5-25,2	<b>3,2</b>	0,2-11,5	<b>19,1</b>	11,1-30,6	<b>63</b>
13	<b>13,2</b>	6,2-25,2	<b>18,9</b>	10,4-31,6	<b>5,7</b>	1,4-16,0	<b>1,9</b>	<0,01-10,9	<b>41,5</b>	29,3-54,9	<b>53</b>
14	<b>6,7</b>	1,6-18,5	<b>31,1</b>	19,5-45,7	-		-	-	<b>51,1</b>	37,0-65,0	<b>45</b>
15*	<b>27,1</b>	16,5-41,1	<b>31,3</b>	19,9-45,4	<b>6,3</b>	1,5-17,5	-	-	<b>33,3</b>	21,6-47,5	<b>48</b>

<sup>1</sup> 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.

<sup>2</sup> 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).

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

<sup>1</sup> 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.

<sup>2</sup> 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).

<sup>3</sup> 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).

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