



## Vigilancia de variantes de preocupación (VOC) de SARS-CoV-2 en la Provincia de Córdoba. Actualización al 3/09/2021.

### Participantes en el estudio y en este informe:

**Ministerio de Salud de la provincia de Córdoba:** Gonzalo Castro, Paola Sicilia, Laura Bolzon, Laura López, Ana Willington, Eugenio Cecheto, Miguel Diaz y Gabriela Barbás.

**Instituto de Virología “Dr. J. M. Vanella” Facultad de Ciencias Médicas - Universidad Nacional de Córdoba:** Viviana Ré, María Belén Pisano.

### Resumen

Se analizaron **516 nuevas muestras**, RNA positivas para SARS-CoV-2 (**población general:** n=268, **viajeros:** n=9, **brotos/ casos asociados a la variante Delta:** n=239), por RT-PCR en tiempo real para la detección de variantes (12 agosto a 3 de septiembre de 2021).

**VOC Gamma** continúa siendo la variante mayoritaria en la comunidad en toda la provincia, con una frecuencia actual de detección de **64%**.

**VOC Alpha** continúa disminuyendo su diseminación con frecuencias de detección **menor al 2%**.

**VOC Delta** fue identificada en la **comunidad en 2,2%** de las muestras analizadas al azar. Su frecuencia de detección en **viajeros** y en **estudio de contactos estrechos y brotes** asociados a infección con Delta fue de **19%**.

La estrategia de detección de VOCs utilizando RT-PCRs en tiempo real implementada en el Laboratorio Central - Ministerio de Salud de la Provincia de Córdoba, resulta una herramienta valiosa costo-efectiva para continuar la vigilancia continua de variantes.

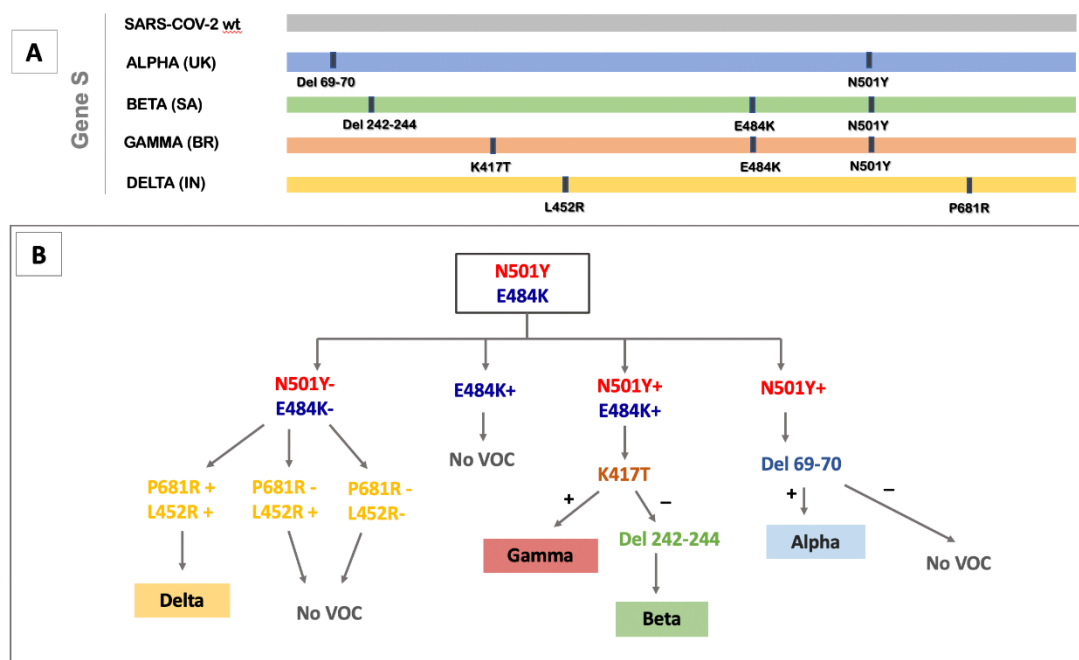
### Estrategia de detección de variantes de SARS-CoV-2 mediante screening rápido por PCR en tiempo real.

Con el objetivo de actualizar los datos sobre la dinámica de diseminación local de las variantes de preocupación (VOC: **Alpha, Beta, Gamma y Delta**) a lo largo del año 2021, el presente informe reporta el monitoreo realizado a partir de **516** muestras positivas para SARS-CoV-2 correspondientes a casos diagnosticados por PCR en el Laboratorio Central de la provincia de Córdoba (Capital n=190 e Interior n=326) durante el periodo comprendido entre el **12 de agosto y el 3 de septiembre de 2021**, usando la estrategia de PCR en tiempo real.

Las muestras correspondieron a casos obtenidos de **población general** (n=268), de la vigilancia en **viajeros** (n=9) y estudio de **brotos y/o casos asociados a la variante Delta** (n=239) realizados en Dean Funes y operativos *Identificar* realizados en diferentes barrios de la ciudad de Córdoba en búsqueda de la diseminación de esta variante por contacto estrecho con un caso índice.

A partir de RNAs obtenidos de hisopados orofaríngeos de pacientes infectados con SARS-CoV-2, se

realizó la técnica de RT-PCR en tiempo real utilizando el reactivo TaqMan™ SARS-CoV-2 Mutation Panel (Applied Biosystems), capaz de detectar mutaciones puntuales características de las variantes, definiéndolas como casos probables de VOC siguiendo la estrategia que se muestra en la Figura 1.



**Figura 1.** Estrategia de detección de variantes mediante RT-PCR en tiempo real para la detección de mutaciones relevantes en VOC.

## Resultados

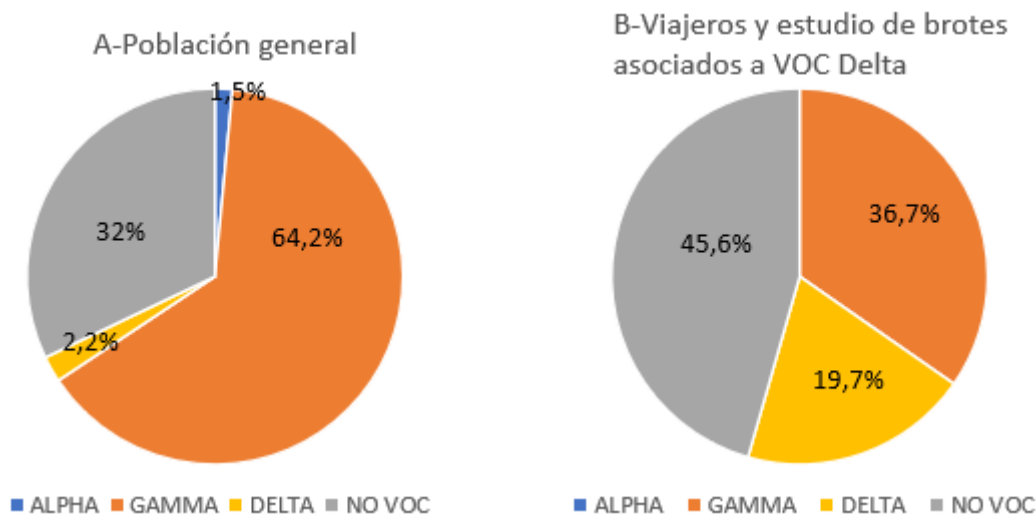
La Figura 2 muestra la distribución porcentual de VOC detectadas en el periodo de análisis tanto en población general (muestras tomadas al azar y demanda clínica) como en viajeros y estudios de brotes asociados a Delta.

La Figura 3 muestra la distribución porcentual en la comunidad de VOCs obtenida desde enero 2021 a la fecha del presente informe.

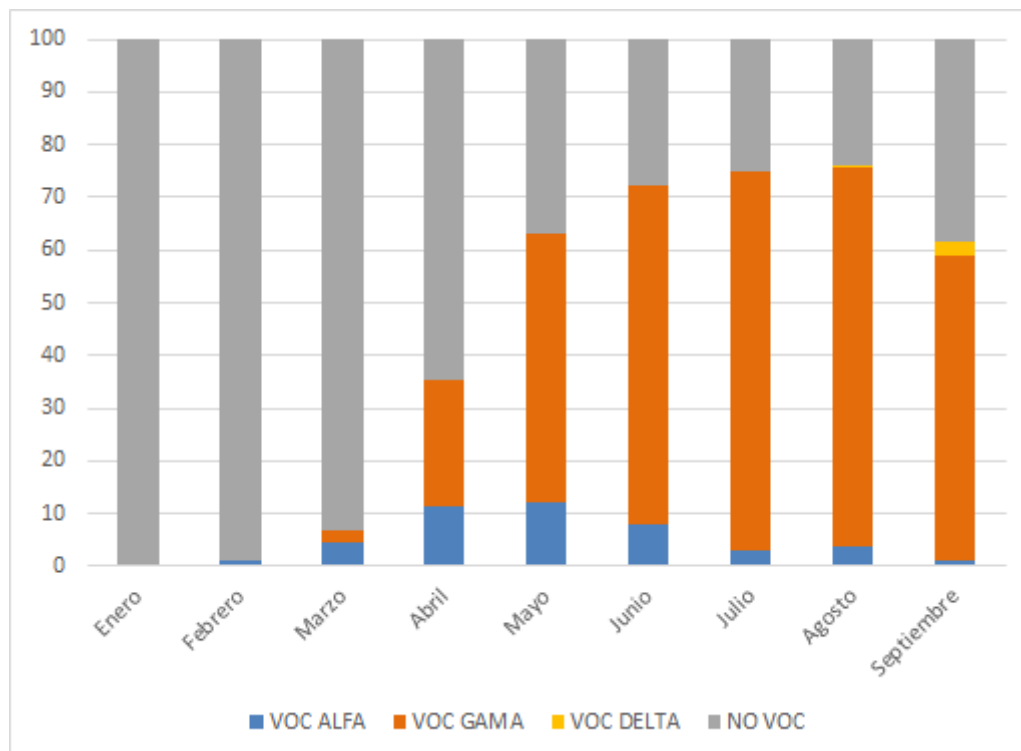
En **Población General**: VOC **Gamma** se detectó en mayor frecuencia (64,2%) tanto en **Córdoba capital** (CBA: **69,7%**), como en el **interior de la provincia** (INT: **60,4%**). VOC **Delta** se halló en 2,2 % (CBA: 1,8%, INT: 2,5%). VOC **Alpha** presentó una frecuencia de detección de 1,5% (CBA: 0,9%, INT: 1,9%). El resto (32%) se identificó como **no VOC** (CBA: 27,5%, INT: 35,2%).

En **Viajeros**: VOC **Delta** se halló en **67%** (6/9) provenientes de Japón (n=4) y de USA (n=2). VOC **Gamma** se detectó en **22%** (2/9) en viajeros provenientes de Reino Unido y USA. El restante (proveniente de USA) resultó **no VOC**.

En estudio de **casos y/o brotes asociados a VOC Delta**: VOC **Delta** se halló en 18% (43/239), **Gamma** en 35,1% (84/239) y **no VOC** en 46,8% (112/239).



**Figura 2.** Distribución porcentual de VOCs en Córdoba mediante RT-PCR en tiempo real, agosto- septiembre 2021. A. Distribución de VOC en población general. B. Distribución de VOCs en viajeros y estudio de Brotes asociados a Delta.



**Figura 3.** Distribución porcentual de VOCs detectadas en la comunidad en la provincia de Córdoba mediante RT-PCR en tiempo real desde 1 de enero a 3 de septiembre de 2021. N=3005.

### Conclusiones

La estrategia implementada para detección de VOCs utilizando RT-PCRs en tiempo real consecutivas para la detección de mutaciones relevantes, resulta una valiosa herramienta costo-efectiva para la



tipificación y **monitoreo masivo de variantes**. De esta manera, es posible **continuar la vigilancia** de viajeros y sus contactos, así como también permitir el **rastreo de contactos y diseminación de VOC Delta** a partir de un caso índice, a fin de adoptar medidas de contención e intensificación de tests.

Así este informe muestra una **nueva foto de la dinámica de circulación** de las variantes en la que se observa que **Gamma** aún continúa siendo la **variante mayoritaria**, que **Alpha** continúa **disminuyendo** y confirma la **circulación de Delta en la comunidad** en **baja frecuencia** aún, lo que resalta la necesidad de continuar el monitoreo continuo de las variantes para observar su comportamiento en el tiempo en nuestra región. Además, se continuará con la tipificación de VOIs a fin de caracterizar las muestras que quedaron definidas como no VOC.

Por todo lo expuesto, teniendo en cuenta el contexto epidemiológico actual, se **continuará con el monitoreo por RT-PCR en tiempo real** específica de mutaciones como técnica de screening de VOCs, como también con la **vigilancia paralela basada en la secuenciación de genomas completos**, la cual es crítica para detectar nuevas variantes emergentes y estudiar las relaciones filogeográficas entre los virus circulantes.