

Vigilancia continua de variantes (VOC/VOI) de SARS-CoV-2 en la Provincia de Córdoba. Actualización 01/08/2022.

Resumen

- Se realizó por primera vez en el Departamento Laboratorio Central del Ministerio de Salud de la provincia de Córdoba, el proceso completo de secuenciación de genomas completos de SARS-CoV-2 por secuenciación de nueva generación (NGS).
- Se obtuvieron 168 nuevos genomas completos, correspondientes a casos RNA positivos para SARS-CoV-2 con Ct<30 diagnosticados en el mes de julio de 2022.
- Se continuó detectando VOC Omicron en el 100% de los casos.
- Los principales linajes de VOC Omicron obtenidos fueron: BF.2 (12,5%), BA.2.3 (10,7%), BA.2 (8,9%), BA.4.6 (8,3%); BA.2.9, BA.5.1 y BA.5.2.1 (7,7%, cada uno); BA.4 y BA.4.1 (6,5%, cada uno); BA.2.56 (5,8%). El resto de los linajes observados se encontraron en porcentajes menores al 5%. Tres casos quedaron sin linaje asignado.
- En Córdoba, en el marco de la vigilancia activa de variantes se han tipificado un total de 8.117 muestras (7.274 por real time PCR y 843 por secuenciación de genomas completos).

Secuenciación de genoma completo

El 5 de Julio de 2022 se realizó por primera vez en el Departamento Laboratorio Central del Ministerio de Salud de la provincia de Córdoba, el proceso completo de secuenciación de genomas completos de SARS-CoV-2. Esto fue posible gracias a la llegada de la plataforma de NGS - Illumina, en el contexto de la creación y puesta en marcha de la Red Nacional de Genómica, impulsada por el Ministerio de Salud de la Nación. El análisis de las secuencias obtenidas se realizó en colaboración con el Instituto de Virología "Dr. J. M. Vanella", FCM, UNC y el asesoramiento de la Unidad Operativa Centro Nacional de Genómica y Bioinformática del INEI-ANLIS "Dr. C. G. Malbrán".

En este periodo, se secuenciaron un total de 168 casos comprendidos entre los días 01 y 31/07/2022 (SE26 - SE31) de distintas localidades de la provincia. Las secuencias obtenidas fueron analizadas mediante la plataforma: <https://gate.sanger.ac.uk/>. Todos los casos correspondieron a la variante Omicron, y los linajes detectados fueron: BA.2 [n=65: BA.2 (15), BA.2.3 (18), BA.2.9 (13), BA.2.12.1 (8), BA.2.36 (1), BA.2.56 (9), BA.2.65 (1)]; BA.5 (n=61: BA.5.1 (13), BA.5.1.3 (1), BA.5.2 (1), BA.5.2.1 (13), BA.5.2.3 (3), BA.5.6 (7), BE.1 (1), BF.2 (21), BF.5(1)]; BA.4 (n=36: BA.4 (11), BA.4.1 (11), BA.4.6 (14)]; BA.1 (n=2: BA.1.1 (1), BA.1.1.16 (1) y B.1.1.529 (n=1). Tres casos quedaron sin linaje asignado (Fig. 1). Todas las secuencias se encuentran registradas en la base de datos internacional GISAID.

Desde septiembre de 2021 a la fecha en Córdoba, se obtuvieron 843 secuencias completas de casos de SARS-CoV-2.

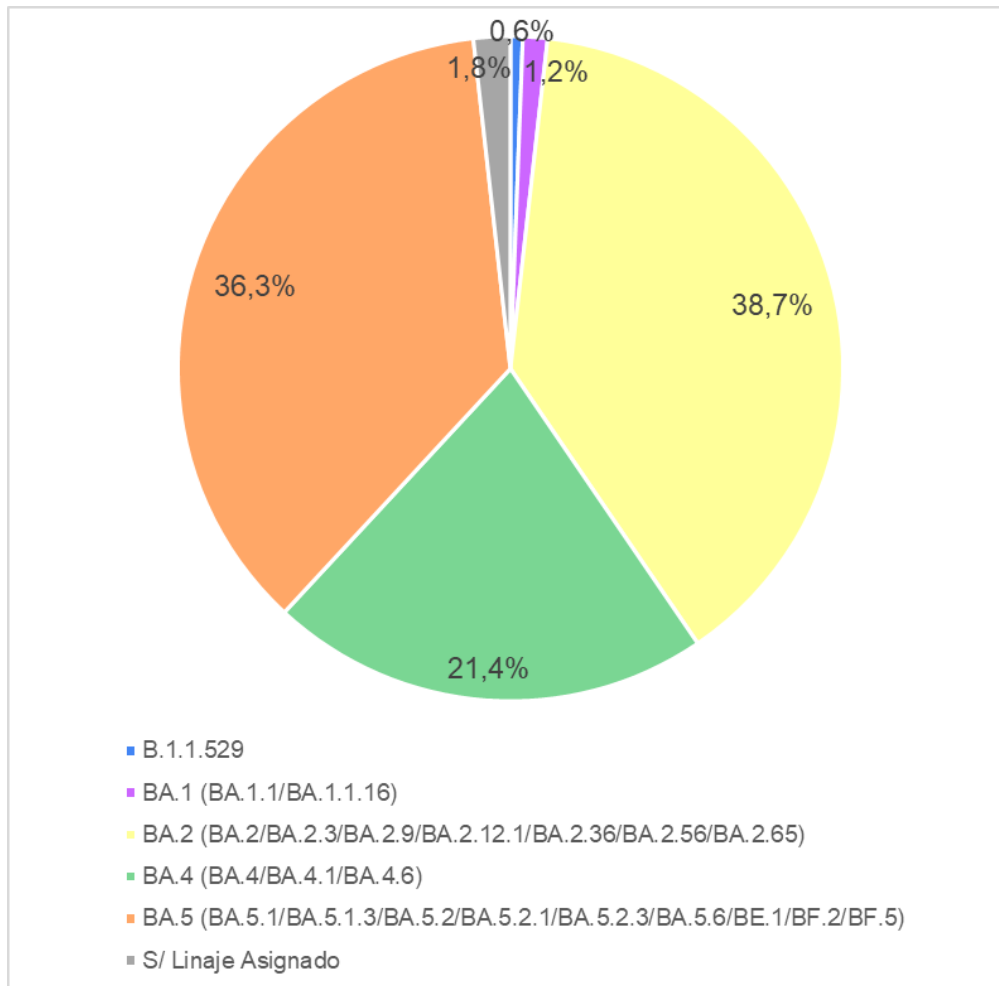


Figura 1. Distribución porcentual de linajes de VOC Omicron detectados en la provincia de Córdoba mediante secuenciación del genoma completo (NGS) en julio de 2022.

Participantes en el estudio y en este informe:

Ministerio de Salud de la provincia de Córdoba: Laboratorio Central: Gonzalo Castro, Paola Sicilia, Luciano Ceschini, Natalia Cuellar - **Epidemiología:** Laura López - **Secretaría Prevención y Promoción de la Salud:** Gabriela Barbás.

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

INEI - ANLIS Malbrán: Tomás Poklepovich, Josefina Campos, Pascual Fidelio