

Reporte 33 – Informe preliminar: Vigilancia activa de variantes de SARS-CoV-2 en el AMBA. Actualización al 13-12-2022.

En el marco de la vigilancia molecular de linajes y variantes de SARS-CoV-2 llevada a cabo por el Proyecto Argentino Interinstitucional de Genómica de SARS-CoV-2 (Proyecto PAIS) se analizaron muestras hasta las semanas epidemiológicas 47-48/2022, provenientes del Área Metropolitana de Buenos Aires, debido a que es uno de los distritos con mayor aumento de casos en las últimas semanas.

RESULTADOS

El linaje BQ.1 y sus derivados (como BQ.1.1) comenzaron a detectarse en el AMBA en las semanas epidemiológicas (SE) 41-42/2022, y para las SE 47-48/2022 se asociaron con el 62,5% (IC95%= 30,6-86,3) de los casos analizados. También se realizó la detección de otros linajes emergentes como el linaje recombinante XBB (dos casos) y linajes derivados del BA.2.75 (linajes BN y BY) (Figura 1 y Tabla 1).

AMBA - Frecuencia de casos reportados por semana epidemiológica

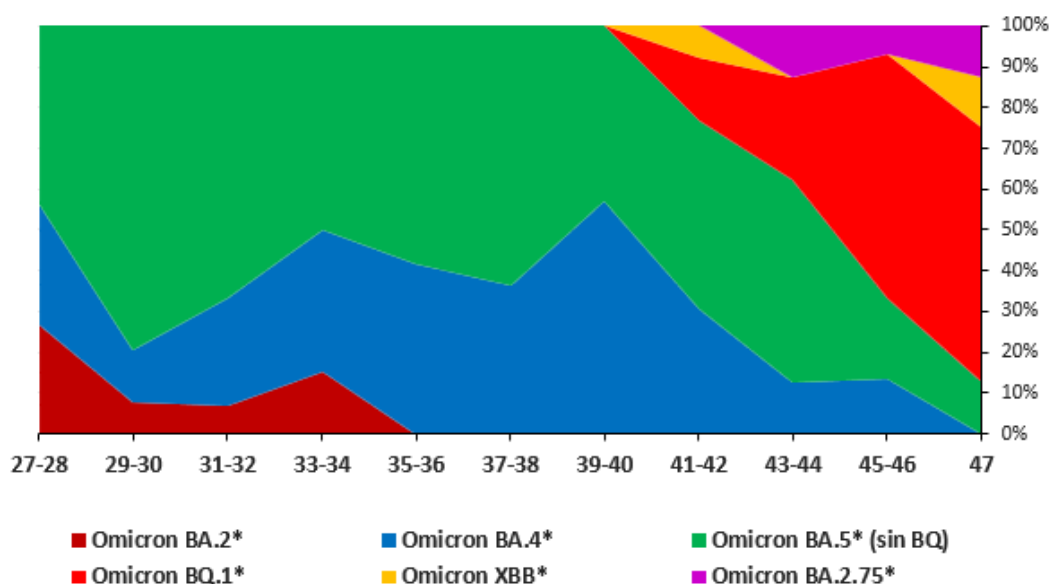


Figura 1. Frecuencia de casos de SARS-CoV-2 asociados con distintos linajes y sus derivados por semana epidemiológica en el AMBA.

En consonancia con la epidemiología mundial actual de variantes del SARS-CoV-2, se observa un desplazamiento de los linajes BA.4 y BA.5 basales (asociados con el 100% de las infecciones en SE35-36), por derivados de BA.5 (como BQ).

Tabla 1. AMBA: Frecuencia de las variantes por semana epidemiológica (SE) 2022¹.

SE	Omicron BA.2*			Omicron BA.4*			Omicron BA.5* (sin BQ)			Omicron BQ.1*		Omicron XBB*			Omicron BA.2.75*		Total casos		
	Frec (%)	IC95% ²		Frec (%)	IC95% ²		Frec (%)	IC95% ²		Frec (%)	IC95% ²	Frec (%)	IC95% ²		Frec (%)	IC95% ²			
27-28	26,8	15,7	41,9	29,3	17,6	44,5	43,9	29,9	59,0									41	
29-30	7,7	2,7	20,3	12,8	5,6	26,7	79,5	64,5	89,2									39	
31-32	6,7	1,2	21,3	26,7	14,2	44,4	66,7	48,8	80,8									30	
33-34	15,0	5,2	36,0	35,0	18,1	56,7	50,0	29,9	70,1									20	
35-36				41,7	24,5	61,2	58,3	38,8	75,5									24	
37-38				36,4	15,2	64,6	63,6	35,4	84,8									11	
39-40				57,1	25,0	84,2	42,9	15,8	75,0									7	
41-42				30,8	12,7	57,6	46,2	23,2	70,9	15,4	2,7	42,2	7,7	0,4	33,3			13	
43-44				12,5	0,6	47,1	50,0	21,5	78,5	25,0	4,4	59,1				12,5	0,6	47,1	8
45-46				13,3	2,4	37,9	20,0	7,0	45,2	60,0	35,7	80,2				6,7	0,3	29,8	15
47 ³							12,5	0,6	47,1	62,5	30,6	86,3	12,5	0,6	47,1	12,5	0,6	47,1	8
Total casos	19			57			117			18			2			3		216	

Indica casos del linaje y sus descendientes, con las excepciones indicadas entre paréntesis. En el caso de BA.2 no se incluye al BA.2.75 ni XBB que se informan por separado. Omicron BQ.1* incluye casos de BQ.1.1 y derivados. XBB* incluye un caso de XBB.1 y uno de XBB.2.

¹ Todos los casos corresponden a secuenciación de genoma completo, informados oportunamente al SNVS y depositados en la base GISAID.

² El intervalo de confianza de la frecuencia se estimó con el método de Wilson/Brown, implementado en el programa Graph Pad Prism v.8.3 (www.graphpad.com).

³ Incluye dos casos de SE48/2022.

CONSIDERACIONES FINALES

El linaje BQ.1 y sus derivados presentan mutaciones asociadas con evasión inmune, por lo que se recomienda reforzar las medidas de cuidado y la aplicación de refuerzos vacunales para la prevención de la COVID-19 severa

El Proyecto Argentino Interinstitucional de Genómica de SARS-CoV-2 reporta en forma inmediata sus resultados al Sistema Nacional de Vigilancia de la Salud (SNVS) de la Argentina y deposita los genomas en la base de datos GISAID con regularidad, donde son accesibles por investigadores de todo el mundo.

Se continuará realizando vigilancia molecular y análisis genómicos sobre casos de circulación comunitaria, a fin de monitorear con rapidez la presencia, emergencia y evolución de variantes de interés epidemiológico nacional e internacional de SARS-CoV-2.

Proyecto PAIS