

Vigilancia genómica de variantes de SARS-CoV-2 en Argentina entre 2023 y 2024

Dattero, ME(1); Benedetti, E(1); Avaro, M(1); Russo, M(1); Chamorro, A(1); Pardón, F(1); Machicado, E(1); Poklepovich, Tomas (2); Pontoriero, A(1).

(1) Servicio Virosis Respiratorias, Dpto. Virología, INEI - ANLIS "Carlos G. Malbrán", Argentina"; (2) Unidad Operativa Centro Nacional de Genómica y Bioinformática. ANLIS "Dr. Carlos G. Malbrán".

Contacto: medattero@anlis.gob.ar

Introducción: Desde la emergencia de SARS-CoV-2, el Laboratorio Nacional de Referencia de Influenza, SARS-CoV-2 y otros Virus Respiratorios (LNR) del Instituto Nacional de Enfermedades Infecciosas, junto con la Unidad Operativa Centro Nacional de Genómica y Bioinformática, ambos pertenecientes a la ANLIS "Dr. Carlos G. Malbrán", lleva a cabo la vigilancia genómica (VG) de SARS-CoV-2 siguiendo las pautas propuestas por el Ministerio de Salud de la Nación. Dicha estrategia permite, entre otras cosas, conocer los patrones de evolución y epidemiología molecular de SARS-CoV-2. En la actualidad, la OMS vigila 2 variantes de interés (VOI): BA.2.86 y JN.1; y 7 variantes se encuentran bajo monitoreo (VUM): JN.1.7, KP.2, KP.3, KP.3.1.1, JN.1.18, LB.1 Y XEC (última actualización 24 de septiembre de 2024). Objetivo: Realizar la caracterización genómica de los virus SARS-CoV-2 circulantes en Argentina durante el período SE1 2023 – SE35 2024. Metodología: La VG se llevó a cabo a partir de muestras respiratorias que resultaron detectables para SARS-CoV-2 con un valor de Ct $\leq$ 28 por RT-PCR en tiempo real, recolectadas a partir de pacientes pediátricos y adultos, ambulatorios e internados, recibidas en el LNR provenientes de las 24 jurisdicciones del país. Para la secuenciación del genoma completo se utilizó el equipo NovaSeq® 6000 de Illumina® siguiendo un protocolo adaptado de Coviseq® (Illumina®). Los resultados obtenidos fueron analizados con programas bioinformáticos, reportados en el Sistema Nacional de Vigilancia Sanitaria y las secuencias generadas fueron depositadas en la base de datos GISAID. Resultados: Durante el período de estudio, de un total de 2.081 muestras recibidas se obtuvieron 1.788 (85,92%) secuencias de SARS-CoV-2. Desde la SE1 a la SE10 2023, el linaje BQ.1 fue predominante y luego fue desplazado por el linaje XBB.1.5. A partir de la SE32 2023 se detectó EG.5 y a partir de la SE46 2023 se comenzó a detectar JN.1. Desde ese momento hasta la SE35, JN.1 y sus linajes derivados continúan siendo los predominantes a nivel nacional. Cabe destacar que, entre la SE30 hasta la actualidad, se observa un aumento de la detección de KP.3.1.1, un sublinaje de JN.1 asociado principalmente con un incremento de casos a nivel regional en las últimas semanas. Conclusiones: En Argentina, la situación actual de variantes de SARS-CoV-2 se caracteriza por una circulación exclusiva de la variante Ómicron. Durante el periodo de estudio, el LNR aportó con el 68% de las secuencias depositadas de Argentina en GISAID. Los linajes detectados con mayor

frecuencia fueron BQ.1, XBB.1.5 y JN.1. El monitoreo de variantes de SARS-CoV-2 es importante para contribuir con la vigilancia genómica regional, para detectar de forma precoz la circulación de variantes de preocupación y al mismo tiempo mantener actualizados los planes de preparación y de respuesta del sistema de atención de salud en todos los niveles; y de esta manera, poder responder a un posible incremento de casos.