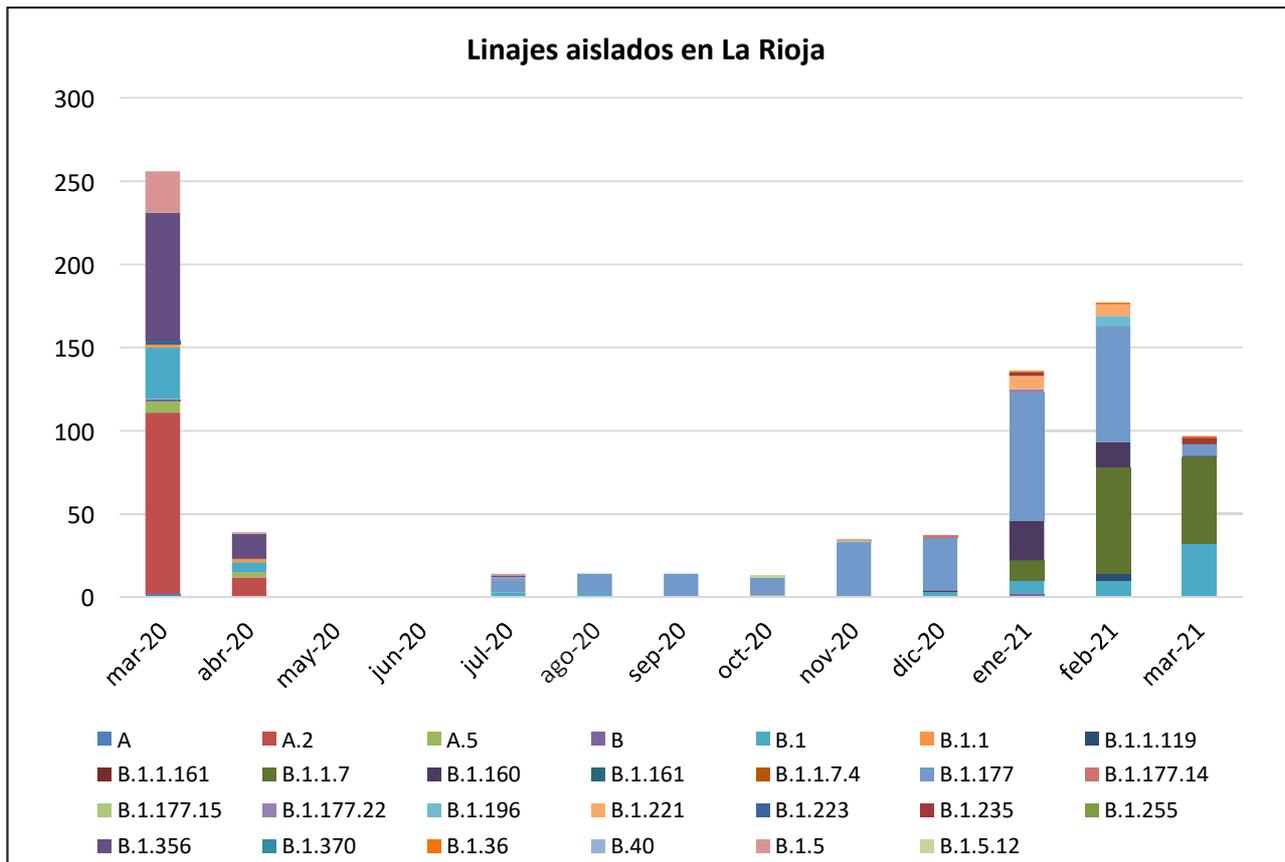


En La Rioja se está secuenciando el genoma completo del virus SARS-CoV-2 aislado de pacientes que han tenido una PCR positiva a SARS-CoV-2 desde el mes de marzo en el marco del proyecto SeqCOVID .

Hasta la fecha actual, se han secuenciado un total de: **863 muestras**

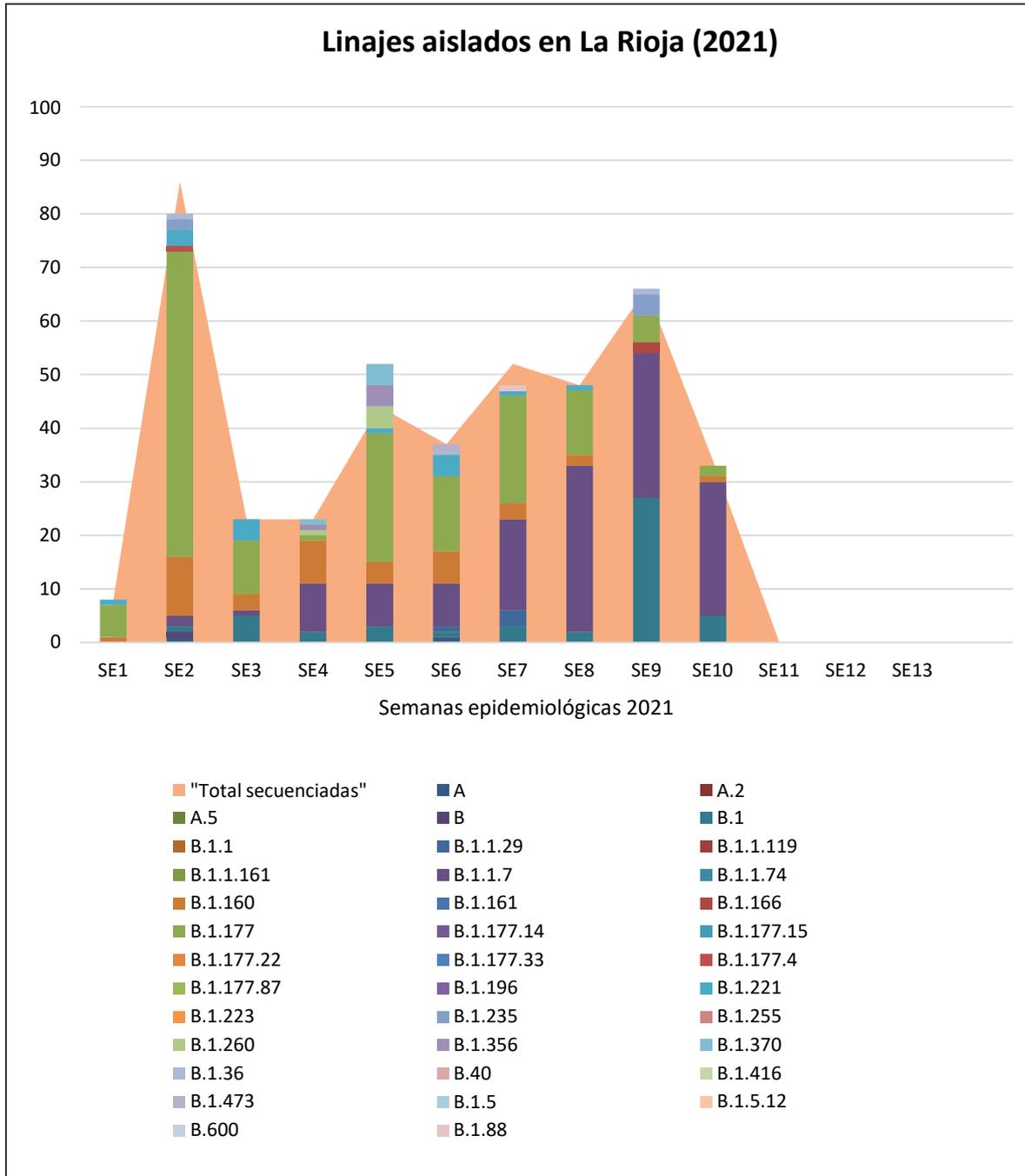
Obteniendo información sobre 26 linajes. Desde julio del 2020 el **linaje dominante** es el europeo **B.1.177**.

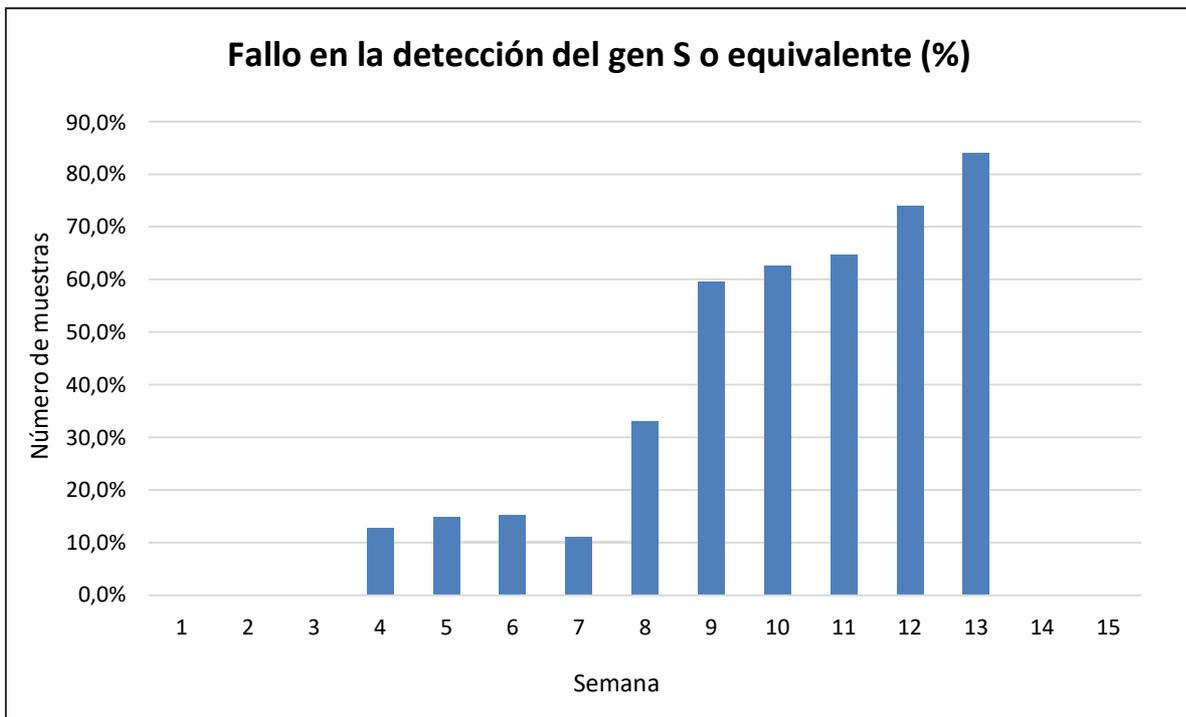
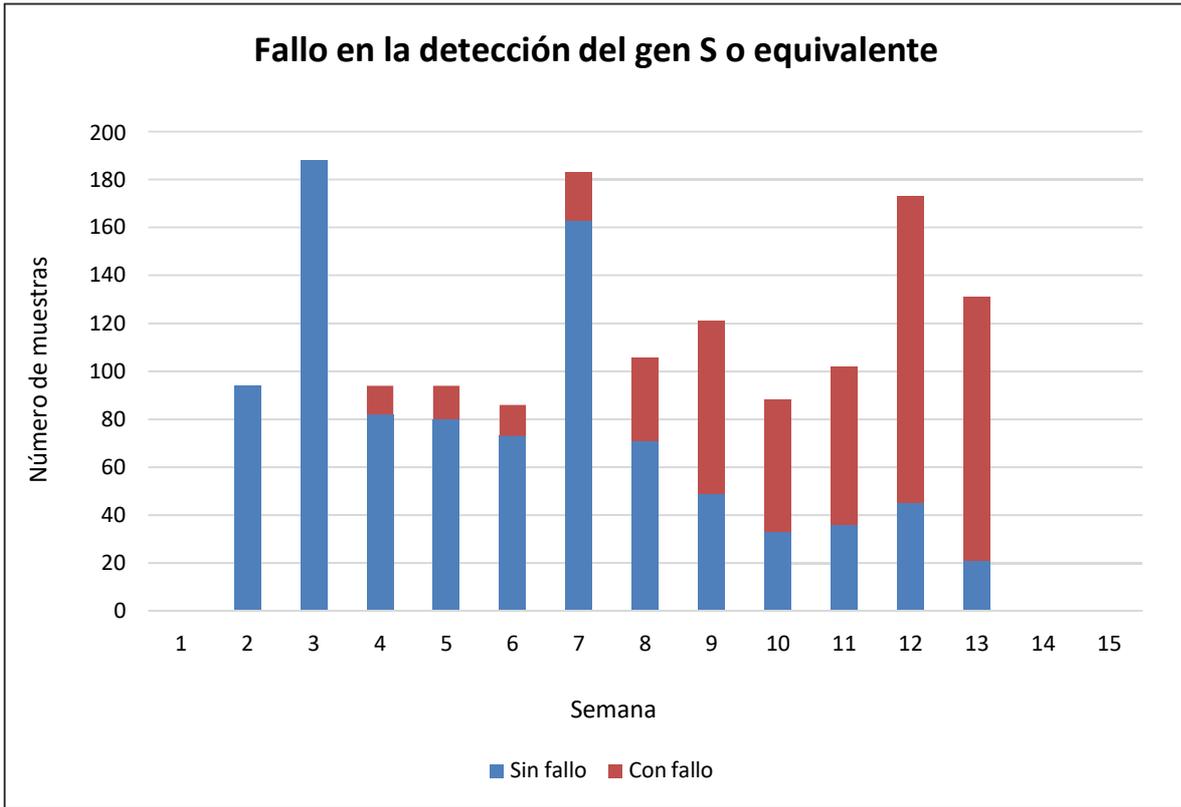


En los últimos meses se ha detectado la aparición de diversas mutaciones que podrían generar variantes con del virus con características diferentes respecto a su transmisibilidad, gravedad o respuesta inmune, pudiendo generar repercusiones importantes en salud pública, estas variantes se conocen como VOC por sus siglas en inglés . Ante esta situación el Ministerio de Sanidad elaboró un documento técnico para la integración de la secuenciación genómica en la vigilancia . Para conocer de forma rápida la circulación de nuevas variantes con **mutaciones en el gen S**, se emplea la estimación con un marcador (SGTF) con gen S no detectable y resultado positivo en la PCR con <30 Ct para los genes N y ORF 1ab respectivamente.

Los resultados de la detección del marcador SGTF se muestran a continuación, con un total de:

- 525 muestras sospechosas
- **108 muestras confirmadas de la variante B.1.1.7**





Hospitalizados e ingresos en UCI según variantes predominantes (2021)									
Variantes	Total casos secuenciados	Hosp.	(%)	No Hosp.	(%)	UCI	(%)	No UCI	(%)
Secuencia de virus completo: Variante B.1.1.7 Reino Unido	108	20	18,52%	88	81,48%	5	4,63%	103	95,37%
Secuencia de virus completo: Variante B.1.177 Europeo	120	21	17,50%	99	82,50%	2	1,67%	118	98,33%
Secuenciación completa de cualquier otra variante ya establecida como circulante	144	19	13,19%	125	86,81%	1	0,69%	143	99,31%
P.1 (Variante Brasil - K417N, E484K, N501Y)			-		-		-		-
B.1 (Variante europea asociado a brotes Italia)			-		-		-		-
B.1.1.60 (Variante asociado a Irlanda del Norte)			-		-		-		-
B.1.166 (Variante Sudafricana)			-		-		-		-
B.1.235 (Variante Reino Unido)			-		-		-		-
B.1.351 (Variante Sudafricana - 501.V2)			-		-		-		-
B.1.36 (Variante Arabia Saudí)			-		-		-		-
TOTAL	372	60	16,13%	312	83,87%	8	2,15%	364	97,85%

Riesgo Hospitalización e ingreso UCI según variantes predominantes		
Variantes	RR Hospitalización	RR UCI
 Variante B.1.1.7 Reino Unido	1,22	4,07
 Variante B.1.177 Europea	1,13	0,70

Existe mayor riesgo de ingresar en UCI con la variante de Reino Unido

