

**COVID-19**

**SITUACIÓN DE NUEVAS  
VARIANTES SARS-CoV-2  
EN ARGENTINA**

**SE32/2021**

**INFORME TÉCNICO**

**AGOSTO 2021**



**Ministerio de Salud  
Argentina**

## AUTORIDADES

### **PRESIDENTE DE LA NACIÓN**

DR. ALBERTO ÁNGEL FERNÁNDEZ

### **MINISTRA DE SALUD DE LA NACIÓN**

DRA. CARLA VIZZOTTI

### **JEFA DE GABINETE**

LIC. SONIA GABRIELA TARRAGONA

### **SECRETARIA DE ACCESO A LA SALUD**

DRA. SANDRA MARCELA TIRADO

### **SUBSECRETARIO DE MEDICAMENTOS E INFORMACIÓN ESTRATÉGICA**

BIOQ. GASTÓN MORÁN

### **DIRECTORA NACIONAL DE EPIDEMIOLOGÍA E INFORMACIÓN ESTRATÉGICA**

DRA. ANALÍA REARTE

### **DIRECTOR DE EPIDEMIOLOGÍA**

MG. CARLOS GIOVACCHINI

### **TITULAR ADMINISTRACIÓN DE LABORATORIOS E INSTITUTOS DE SALUD (ANLIS “CARLOS MALBRÁN”)**

MG. PASCUAL FIDELIO

### **DIRECTORA INSTITUTO NACIONAL DE ENFERMEDADES INFECCIOSAS (INEI-ANLIS “CARLOS MALBRÁN”)**

BIOQ. VIVIANA MOLINA

#### EQUIPO TECNICO DE REDACCIÓN DEL INFORME:

CARLA VOTO<sup>1</sup>  
ELSA BAUMEISTER<sup>2</sup>  
JOSEFINA CAMPOS<sup>3</sup>  
CARLOS GIOVACCHINI<sup>4</sup>

#### EQUIPO TECNICO DE REGISTRO Y TRATAMIENTO DE DATOS:

MARIA PIA BUYAYISQUI<sup>1</sup>  
ALEXIA ECHENIQUE<sup>1</sup>  
MICAELA GAUTO<sup>5</sup>  
LUCIA BARTOLOMEU<sup>5</sup>  
MARIA PAZ ROJAS MENA<sup>5</sup>  
MARÍA BELEN MARKIEWICZ<sup>1</sup>  
GEORGINA MARTINO<sup>1</sup>  
MARIANA MAURIÑO<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Área de Vigilancia, Dirección de Epidemiología.

<sup>2</sup> Servicio de Virosis Respiratorias, INEI-ANLIS.

<sup>3</sup> Plataforma genómica y bioinformática, INEI-ANLIS.

<sup>4</sup> Dirección de Epidemiología.

<sup>5</sup> Residencia de Epidemiología, Dirección de Epidemiología.

## SITUACIÓN ACTUAL NUEVAS VARIANTES SARS-CoV-2

A la fecha hay 4 variantes clasificadas como prioritarias (VOC). A partir del 31 Mayo con una nueva nomenclatura global definida por la OMS<sup>6</sup>:

- Gamma: VOC 20J/501Y.V3 (linaje P.1, originalmente detectada en Manaus)
- Alpha: VOC 20I/501.V1 (linaje B.1.1.7, originalmente detectada en Reino Unido)
- Beta: VOC 20H/501Y.V2 (linaje B.1.351, originalmente detectada en Sudáfrica)
- Delta: VOC 21A/478K.V1 (linaje B.1.617.2, originalmente detectada en India)

A la fecha hay 4 variantes clasificadas como de interés (VOI):

- Eta: B.1.525
- Iota: B.1.526 con E484K o S477N
- Kappa: B.1.617.1
- Lambda (C.37)

El 6 de Julio los linajes B.1.427/ B.1.429 (Epsilon), B.1.1.28.3, alias P.3 (Theta) y B.1.1.28.2, alias P.2 (Zeta) previamente clasificados como VOI, fueron reclasificados por OMS como *Variantes bajo monitoreo*. Si bien las tres variantes poseen mutaciones con impactos fenotípicos sospechados y / o establecidos, globalmente, las detecciones informadas de estas variantes han disminuido con el tiempo, lo que sugiere una disminución en su incidencia respectiva en todo el mundo y una disminución de los riesgos para la salud pública en relación con otras VOC y VOI. Sin embargo, se requiere un regular monitoreo para continuar evaluando su impacto.<sup>7</sup>

Respecto del linaje B.1.617.2, denominado Delta, identificado por primera vez en India en octubre del año 2020 y designado por la OMS como variante de preocupación (VOC) en mayo 2021, se ha convertido en uno de los linajes prevalentes en dicho país con posterior expansión a otros países, áreas y territorios.

A partir de Abril de 2021, se observa un aumento exponencial de los casos de la VOC Delta a nivel mundial. En Julio de 2021, se observó un predominio

### Variantes de SARS-CoV-2

En relación a nuevas variantes, los virus, entre ellos el SARS-CoV-2, cambian continuamente a través de mutaciones. Una variante tiene una o más mutaciones que la diferencian de otras variantes del virus en circulación. Estas mutaciones pueden presentarse en sitios determinantes para la infectividad y respuesta inmune de los hospedadores.

En este contexto surgen algunas variantes que son consideradas de interés, debido a la posibilidad de presentar diferencias en la transmisibilidad, prevalencia, severidad y el reconocimiento de anticuerpos.

Las mutaciones y variantes de SARS-CoV-2 se monitorean a nivel mundial y en nuestro país, a través de la secuenciación del genoma viral.

Se recomienda el uso de las siguientes categorías para hablar de variantes de SARS-CoV-2:

Variante de interés ó Variant of Interest (VOI), Variante prioritarias ó Variant of Concern (VOC) y Variantes bajo Monitoreo.

**Variantes de interés (VOI):** fenotípicamente se comporta diferente a una referencia o su genoma presenta mutaciones que llevan a cambios de aminoácidos asociados a cambios fenotípicos establecidos.

**Variante prioritaria (VOC):** una variante de interés (VOI) es también una variante prioritaria si a través de diferentes estrategias de análisis se demuestra que:

- está asociada a con un aumento de transmisibilidad o empeoramiento de la situación epidemiológica en la región;
- está asociada a un aumento de virulencia o cambio en la presentación clínica;
- está asociada a una disminución en la efectividad de las medidas de control, los test diagnósticos, las vacunas o los tratamientos.

**Variantes bajo Monitoreo:** Es una variante con cambios genéticos que se sospecha que afectan las características del virus con algún indicio de que puede suponer un riesgo futuro, pero la evidencia del impacto fenotípico o epidemiológico no está clara actualmente, lo que requiere fortalecer el seguimiento y una reevaluación continua a la espera de nueva evidencia.

<sup>6</sup> <https://www.who.int/activities/tracking-SARS-CoV-2-variants>.

<sup>7</sup> [Weekly epidemiological update on COVID-19 - 6 July 2021 \(who.int\)](#)

global de la VOC Delta en casi el 90% de las muestras secuenciadas a nivel mundial.<sup>8</sup> Al 10 de Agosto del corriente, 142 países, áreas y territorios han reportado casos de la variante Delta.<sup>9</sup>

La variante Delta ha sido asociada a mayor transmisibilidad y mayor tasa de ataque secundario. Un análisis basado en proporciones calculadas sobre los datos globales reportados a GISAID, estimo que el número reproductivo efectivo para la variante Delta es 55% (IC 95 43-68%) mayor que para la variante Alpha y 97% (IC95 76-117%) superior en relación a otras variantes no VOC y no VOI.<sup>10</sup> Según datos de vigilancia epidemiológica de Reino Unido, la tasa de infección secundaria en contactos de casos con variante Delta y sin antecedente de viaje se ha mostrado superior que para contactos de casos con la variante Alpha siendo de 11,4% (IC 95 11,1% - 11,7%) en comparación con 8% (IC 95: 7,8% - 8,1%).<sup>11</sup>

Un informe sobre la primera transmisión local de la variante Delta (B.1.617.2) en China describió la infección viral y la dinámica de transmisión de 167 casos que se rastrearon hasta el caso índice. Las pruebas por PCR secuenciales diarias de los sujetos en cuarentena indicaron que entre los que se infectaron, la carga viral de la primera prueba positiva en la infección por la variante Delta fue aproximadamente 1000 veces más alto que el de la cepa original no VOC, lo que sugiere una potencial replicación viral más rápida y mayor infecciosidad en la primera etapa de la infección para esta variante.<sup>12</sup>

*En ese contexto, el Ministerio de Salud de la Nación, en acuerdo con las autoridades epidemiológicas jurisdiccionales y el laboratorio nacional de referencia del INEI-ANLIS dispuso de medidas de contención de la circulación de la variante Delta de SARS-CoV-2, para la vigilancia y control ante casos sospechosos, probables y confirmados de variante Delta y ante contactos estrechos con casos confirmados o probables. Disponible en: [Banco de Recursos de Comunicación del Ministerio de Salud de la Nación | Medidas transitorias de contención de variante Delta en Argentina](#)*

## INFORME VIGILANCIA GENÓMICA DE SARS-CoV-2 EN ARGENTINA

*El siguiente informe fue redactado con la información producida en el marco de la vigilancia genómica de SARS CoV-2<sup>13</sup> en base a datos registrados en el Sistema Nacional de Vigilancia de la Salud de casos secuenciados por el INEI-ANLIS y por los distintos laboratorios del Consorcio PAIS con derivaciones aportadas por los laboratorios de diagnóstico en puntos de entrada y por todas las jurisdicciones que envían muestras para su secuenciación en el marco de la vigilancia regular, en viajeros, en casos inusitados, sospecha de reinfección y vacunados.<sup>14</sup>*

<sup>8</sup> Actualización epidemiológica: Incremento de la variante delta y su impacto potencial en la región de las Américas. OPS 8 de Agosto 2021.

<sup>9</sup> [Weekly epidemiological update on COVID-19 - 10 August 2021 \(who.int\)](#)

<sup>10</sup> Campbell F, Archer B, Laurensen-Schafer H, et al. Increased transmissibility and global spread of SARS-CoV-2 variants of concern as at June 2021. *Eurosurveillance*. 2021;26(24):2100509. <https://www.eurosurveillance.org/content/10.2807/1560-7917.ES.2021.26.24.2100509>

<sup>11</sup> Public Health England. *SARS-CoV-2 Variants of Concern and Variants under Investigation in England Technical Briefing 16.*; 2021. [https://assets.publishing.service.gov.uk/government/uploads/system/uploads/attachment\\_data/file/994839/Variants\\_of\\_Concern\\_VOC\\_Technical\\_Briefing\\_16.pdf](https://assets.publishing.service.gov.uk/government/uploads/system/uploads/attachment_data/file/994839/Variants_of_Concern_VOC_Technical_Briefing_16.pdf)

<sup>12</sup> Li B, Deng A, Li K, et al. Viral infection and transmission in a large well-traced outbreak caused by the Delta SARS-CoV-2 variant. *medRxiv*. Published online January 1, 2021:2021.07.07.21260122. doi:10.1101/2021.07.07.21260122

<sup>13</sup> Para mayor información sobre la integración de la vigilancia genómica a la vigilancia de COVID-19 puede consultarse el siguiente documento <https://bancos.salud.gob.ar/recurso/integracion-de-la-vigilancia-genomica-de-sars-cov-2-la-vigilancia-de-covid-19-traves-del-Sistema-Nacional-de-Salud>.

<sup>14</sup> El informe analiza los resultados registrados en el Sistema Nacional de Vigilancia de la Salud para el Evento Vigilancia Genómica aportados por el INEI-ANLIS desde 01-01-2021 hasta 09-08-2021, y por los distintos laboratorios del Consorcio PAIS desde 01-06-2021 hasta 09-08-2021 (fechas desde las cuales se cuenta con datos de variantes prioritarias y no prioritarias aportadas por cada grupo respectivamente, de manera tal de poder establecer relaciones de proporcionalidad entre las variantes halladas en cada período y lugar del país).

Desde el mes de enero del 2021 hasta el 9 de Agosto, se han secuenciado 3632 muestras incluyendo la vigilancia en viajeros, en cuadros graves inusitados, personas vacunadas y vigilancia regular de variantes circulantes.

### **VIGILANCIA GENOMICA DE SARS COV-2 EN VIAJEROS INTERNACIONALES Y CASOS RELACIONADOS A LA IMPORTACION<sup>15</sup>**

Se realizó la secuenciación genómica de 443 muestras de viajeros provenientes del exterior que ingresaron al país y que tuvieron resultados positivos o casos relacionados a la importación, desde el mes de enero hasta el 9/08.

En 127 casos se halló la variante de preocupación (VOC) Gamma (20J/501Y.V3, linaje P.1, originalmente detectada en Manaos) y en 67 casos Alpha (VOC 20I/501Y.V1, linaje B.1.1.7, originalmente detectada en Reino Unido). A la fecha, fue registrado un caso de la VOC Beta (linaje B.1.351, originalmente detectada en Sudáfrica) en un viajero proveniente de España.

Los viajeros en los que se aisló la variante Gamma (VOC 20J/501Y.V3, linaje P.1) ingresaron desde México, Brasil, Bolivia, Chile, Colombia, Paraguay e Italia.

Los viajeros en los que se aisló la variante Alpha (VOC 20I/501Y.V1, linaje B.1.1.7) ingresaron desde E.E.U.U, México, España, Francia, Bangladesh, Brasil, Panamá y Paraguay.

A la fecha de redacción de este informe, fueron identificados 125 casos de la variante prioritaria Delta<sup>16</sup> (linaje B.1.617.2 reportada originalmente en India), de los cuales 100 tienen antecedente de viaje internacional, mientras que 25 son casos relacionados a la importación.

Las muestras corresponden a residentes de la Ciudad de Buenos Aires, provincia de Buenos Aires, Santa Fe, Córdoba, Salta y Tucumán.

Los viajeros en los que se aisló la variante Delta provenían de Estados Unidos, Francia, España, Holanda, Dinamarca, Montenegro, Venezuela, Paraguay, Uruguay, Bolivia, Brasil, Perú, Panamá y México.

Entre las personas con antecedente de viaje, 47 casos (47%) fueron detectados en el dispositivo de testeo al ingreso al país y 53 casos (53%) fueron positivos durante su aislamiento por haber iniciado síntomas luego de su ingreso al país o por haber tenido resultados positivos en ocasión de realizar el test de PCR al séptimo día de aislamiento.

En cuanto a las variantes de interés, se identificó 1 caso de la VOI Kappa (linaje B.1.617.1) en un viajero proveniente de Francia.

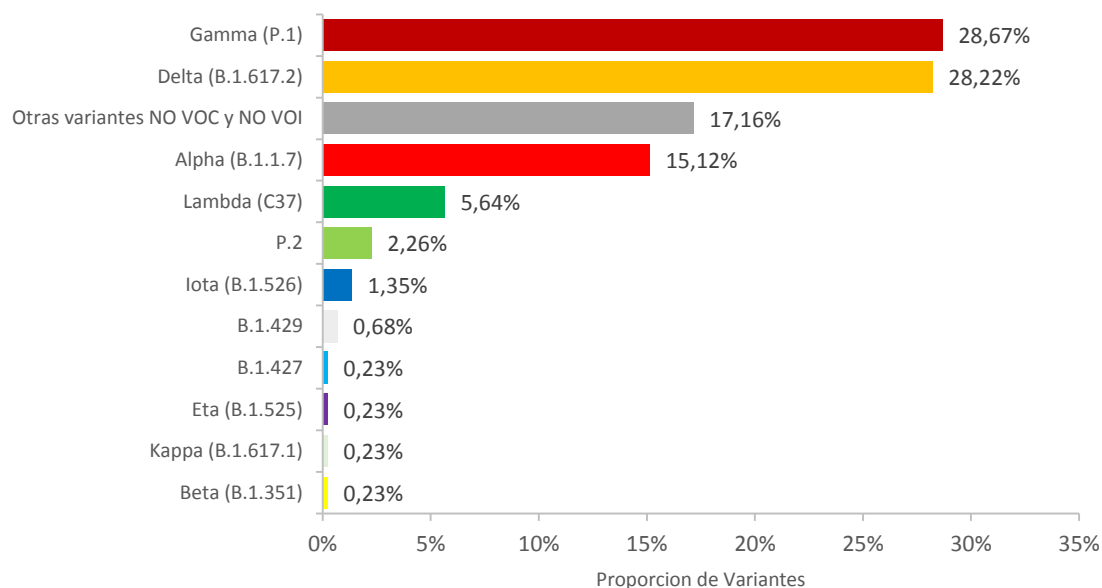
En 25 casos se aisló la VOI Lambda (linaje C.37, derivada de B.1.1.1).

---

<sup>15</sup> Sujeto a modificaciones por la actualización de los antecedentes epidemiológicos de los casos.

<sup>16</sup> Incluye casos de variante Delta (B.1.617.2) detectados por multiplex RT-PCR real time por el Laboratorio Central de la provincia de Córdoba.

**Gráfico 1: Distribución porcentual de muestras correspondientes a variantes prioritarias y no prioritarias en viajeros y casos relacionados a la importación. n= 443**



Fuente: Sistema Nacional de Vigilancia de la Salud (SNVS)

## VIGILANCIA GENÓMICA DE SARS COV-2 EN PERSONAS SIN ANTECEDENTES DE VIAJE NOTIFICADAS AL SNVS.2.0<sup>17, 18</sup>

Entre la SE1-SE31, se registraron al SNVS.2.0 3189 muestras analizadas por secuenciación genómica en personas sin antecedentes de viaje a destino internacional, 1853 correspondieron a variante Gamma (VOC 20J/501Y.V3, linaje P.1), y 272 correspondieron a la variante Alpha (VOC 20I/501Y.V1, linaje B.1.1.7).

A la fecha, 5 casos confirmados de COVID-19 con identificación de la variante Delta (linaje B.1.617.2) sin nexo epidemiológico conocido con viajeros internacionales fueron identificados en la Ciudad de Buenos Aires.

Se detectaron además, 648 casos que correspondieron a la VOI Lambda (linaje C.37 derivada del B.1.1.1); 9 casos a la variante Iota (21F/253G.V1, linaje B.1.526); en 28 casos se aisló el linaje P.2 (20B/S.484K, originalmente detectado en Brasil) y en 18 casos el linaje B.1.427 (21C/452R.V1, originalmente detectado en EE.UU). Las restantes 359 muestras correspondieron a otras variantes no VOC y no VOI.

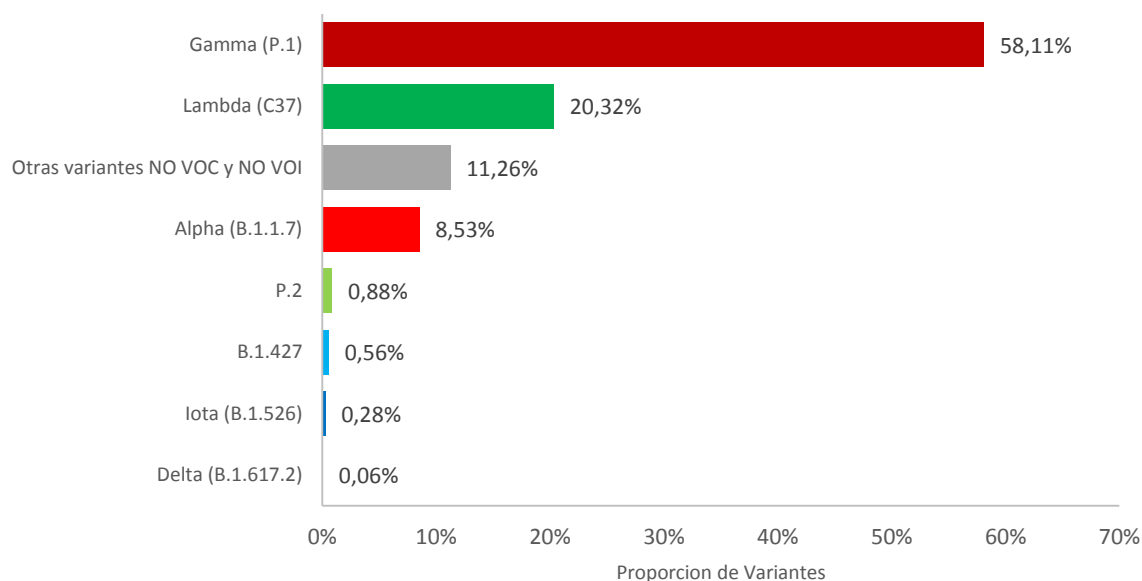
Las muestras analizadas provienen de todas las regiones del país estando la mayoría de las provincias representadas.

Se observa que, para el total país, del total de las muestras secuenciadas aproximadamente el 66.5% corresponden a variantes de preocupación, 20.3% a la VOI Lambda (linaje C.37 derivada de B.1.1.1), 0.28% a otras variantes de interés, 1.4% a variantes bajo monitoreo y el resto corresponden a otras variantes no VOC ni VOI. (Gráfico 2).

<sup>17</sup> Sujeto a modificaciones por la actualización de los antecedentes epidemiológicos de los casos.

<sup>18</sup> Debido a los tiempos que conlleva el envío de las muestras para secuenciación, la labor de la técnica de secuenciación genómica hasta la obtención de resultados y el registro de los mismos al SNVS.2.0 el número de casos incorporados en las últimas semanas es aún escaso. Esto debe considerarse en la interpretación de este informe.

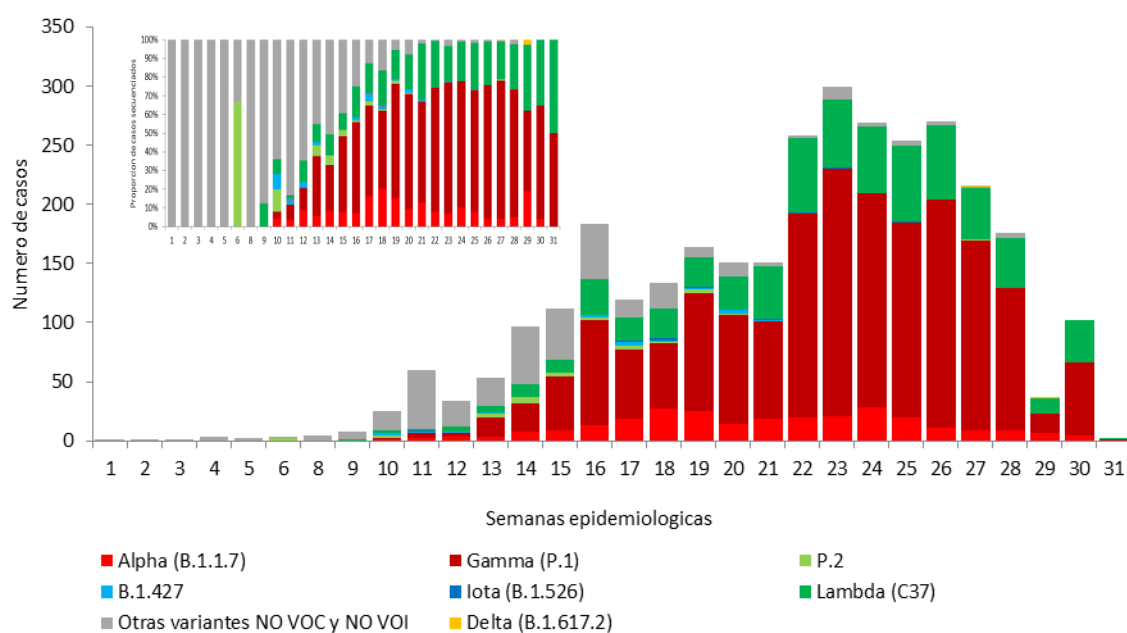
**Gráfico 2: Distribución porcentual de muestras correspondientes a variantes prioritarias y no prioritarias en no viajeros. Total País. n= 3189**



Fuente: Sistema Nacional de Vigilancia de la Salud (SNVS)

La identificación de variantes prioritarias para el total país se observa en ascenso desde la SE 10 hasta el periodo actual. La detección de la VOI Lambda (C.37 derivada de B1.1.1) también continúa en ascenso en las últimas semanas mientras que para otras variantes no VOC y no VOI se observa un descenso en las detecciones tanto en números absolutos como relativos. (Gráfico 3).

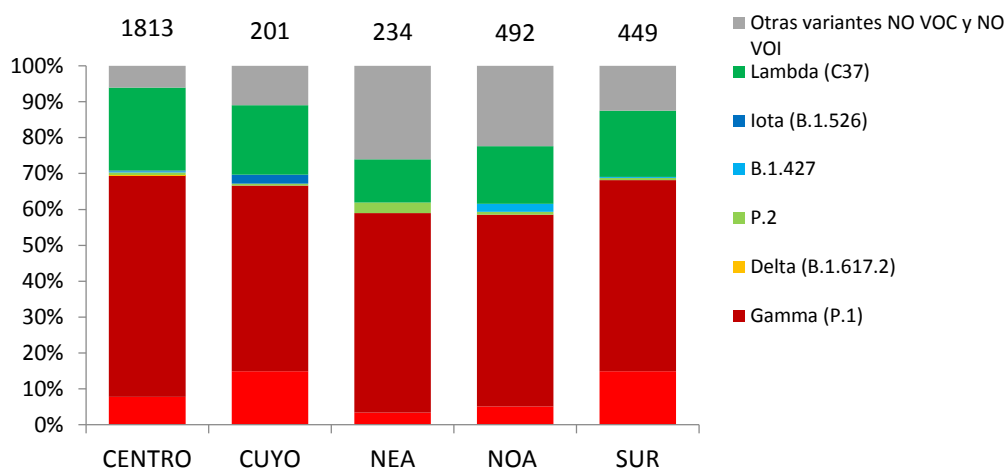
**Gráfico 3: Distribución porcentual y absoluta de variantes identificadas en no viajeros según SE de toma de muestra. SE1- SE31. Total país.**



Fuente: Sistema Nacional de Vigilancia de la Salud (SNVS)

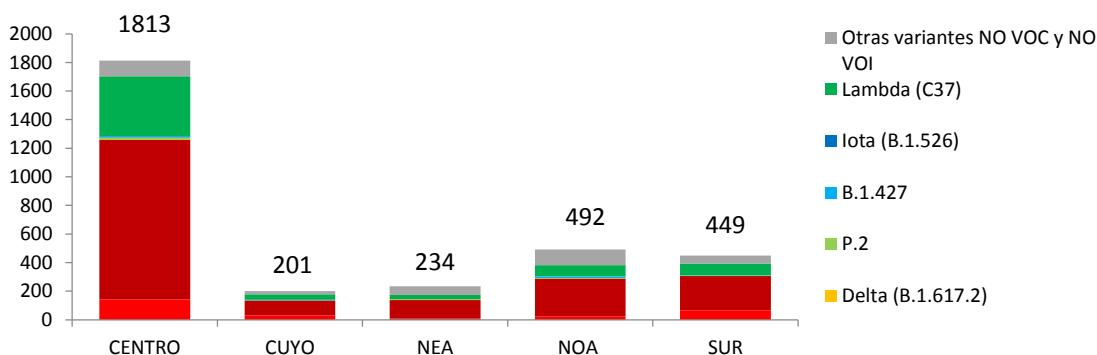
La distribución de variantes prioritarias y no prioritarias difiere según la región del país. En la región Centro, Cuyo y Sur puede observarse que la proporción de variantes prioritarias entre los casos analizados por secuenciación genómica, representa más del 65%, siendo superior al resto de las regiones hasta el momento. Tanto en la región NOA como en NEA la proporción de variantes prioritarias entre las muestras secuenciadas y registradas al SNVS.2.0. es cercana al 59% en el periodo analizado. (Gráfico 4 y Gráfico 5).

**Gráfico 4: Distribución relativa de muestras correspondientes a variantes prioritarias y no prioritarias en no viajeros por Región del País. Hasta la SE31. n= 3189**



Fuente: Sistema Nacional de Vigilancia de la Salud (SNVS)

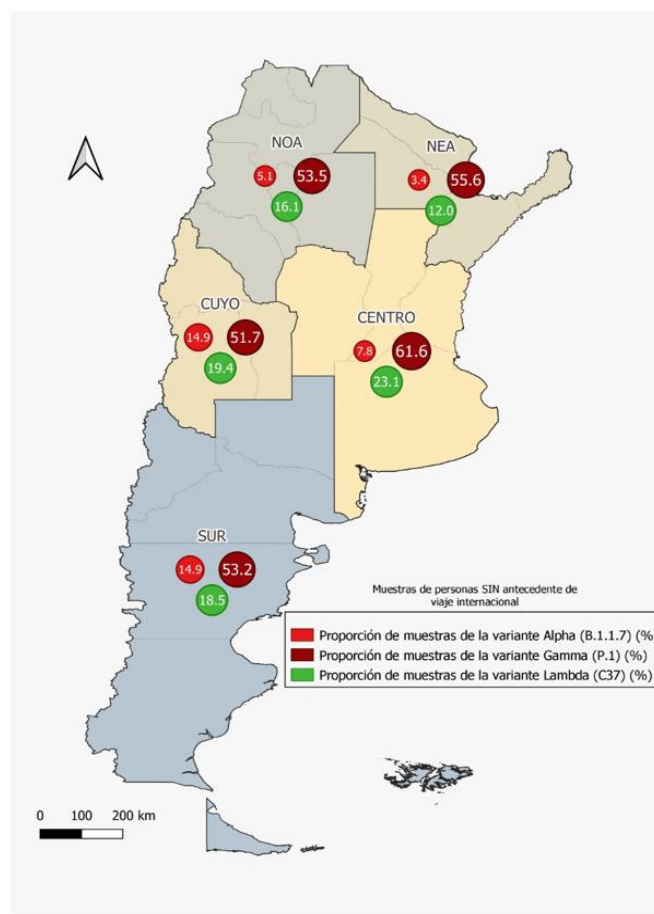
**Gráfico 5: Distribución absoluta de muestras correspondientes a variantes prioritarias y no prioritarias en no viajeros por Región del País. Hasta la SE31. n= 3189**



Fuente: Sistema Nacional de Vigilancia de la Salud (SNVS)



**Grafico 6: Distribucion porcentual de muestras correspondientes a variantes Alpha (B.1.1.7), Gamma (P.1) y Lambda (C.37) en no viajeros por Región del País. Acumulados hasta la SE31.**



Fuente: Sistema Nacional de Vigilancia de la Salud (SNVS)

### Características demográficas y clínicas de los casos secuenciados y registrados al evento Vigilancia Genómica del SNVS<sup>2.0</sup> para el total país.<sup>19</sup>

Entre la SE1-SE31, se han registrado al Evento de Vigilancia Genómica del SNVS.2.0 3189 muestras analizadas por secuenciación genómica incluyendo la vigilancia regular de variantes circulantes, cuadros graves inusitados, personas vacunadas y casos sospechosos de reinfección. Del total de muestras notificadas, 2127 (67%) se corresponden con variantes prioritarias (VOC) y 1062 (33%) son variantes no prioritarias (VOI y Otras variantes).

La mediana de edad para el total de los casos secuenciados es de 42 años<sup>20</sup>. En cuanto a la distribución por grupo de edad para el periodo analizado, se observa que tanto los

<sup>19</sup> Sujeto a modificaciones en la medida en que se aporte nueva información al sistema para el período analizado.

<sup>20</sup> Las muestras analizadas al momento no solo corresponden a las muestras enviadas como parte de la vigilancia regular sino que también representan muestreos por conveniencia y están orientadas al estudio de casos inusitados, post-vacunación, sospecha de reinfección y estudios de brotes. En consecuencia, pueden no corresponderse con una distribución que sea representativa de la población general.

casos en los que se detectaron variantes prioritarias como no prioritarias corresponden al grupo de 30-39 años en primer lugar y de 40-49 años en segundo lugar.

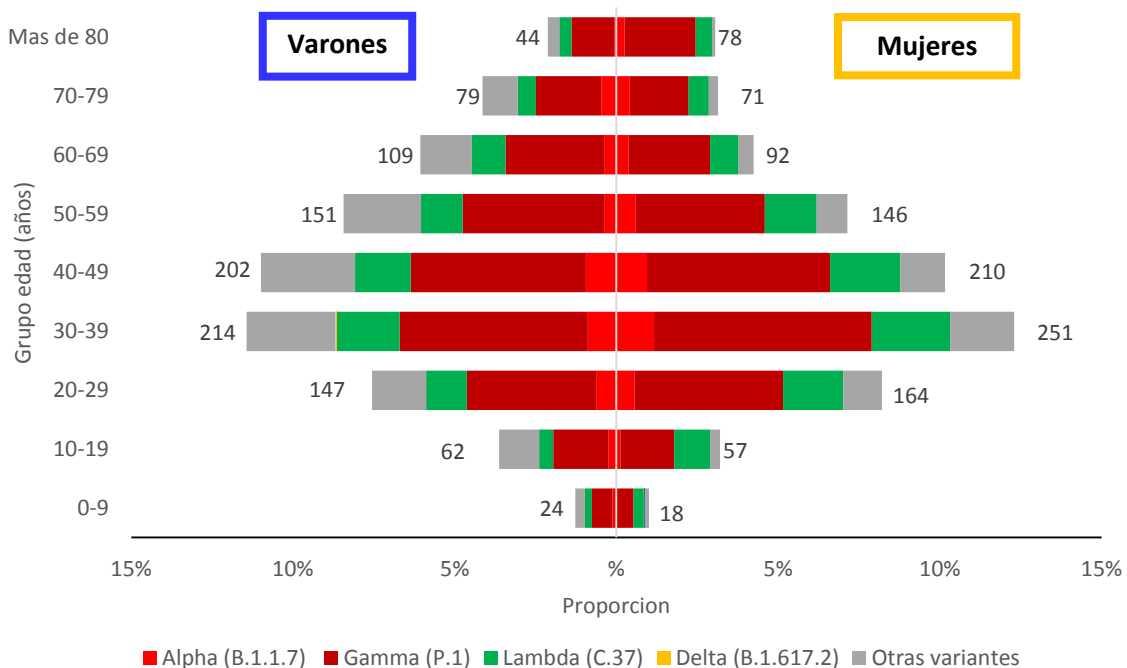
En cuanto a la distribución por sexo de los casos secuenciados, se analizaron 1668 casos en mujeres y 1511 en hombres<sup>21</sup>. Entre las mujeres, 1087 casos (65.2%) pertenecen a variantes prioritarias y 581 casos (34.8%) a variantes no prioritarias. Respecto a los hombres, en 1032 (68.3%) casos se detectan variantes prioritarias y en 479 (31.7%) casos variantes no prioritarias.

Al analizar la distribución de variantes prioritarias por grupo de edad y sexo, se observa que la frecuencia absoluta de VOC en menores de 20 años es aproximadamente homogénea en ambos sexos siendo algo mayor en varones. Entre los 20-49 años la distribución de VOC es superior entre mujeres mientras que a partir de los 50 y hasta los 80 años es mayor en los varones. En los mayores de 80 años la distribución de variantes prioritarias es algo superior para las mujeres.

La detección de la variante Lambda (C.37) presenta una frecuencia absoluta superior entre mujeres para todos los grupos etarios analizados, exceptuando el grupo de 60-69 años, para el cual es algo mayor entre varones.

Respecto a la distribución de variantes no prioritarias, entre los 20-49 años la frecuencia absoluta es superior para mujeres mientras que en el resto de los grupos de edad es algo mayor para los varones. (Gráfico 1).

**Gráfico 1: Distribución de variantes prioritarias y no prioritarias por grupo edad y sexo de casos secuenciados para el total país. (n=3179)<sup>22</sup>**



Fuente: Sistema Nacional de Vigilancia de la Salud (SNVS)

<sup>21</sup> Hay 10 casos con sexo indeterminado: 8 casos con detección de VOC y 2 casos con detección de no VOC.

<sup>22</sup> Los números absolutos por grupo de edad y sexo corresponden al total de variantes prioritarias (VOC).

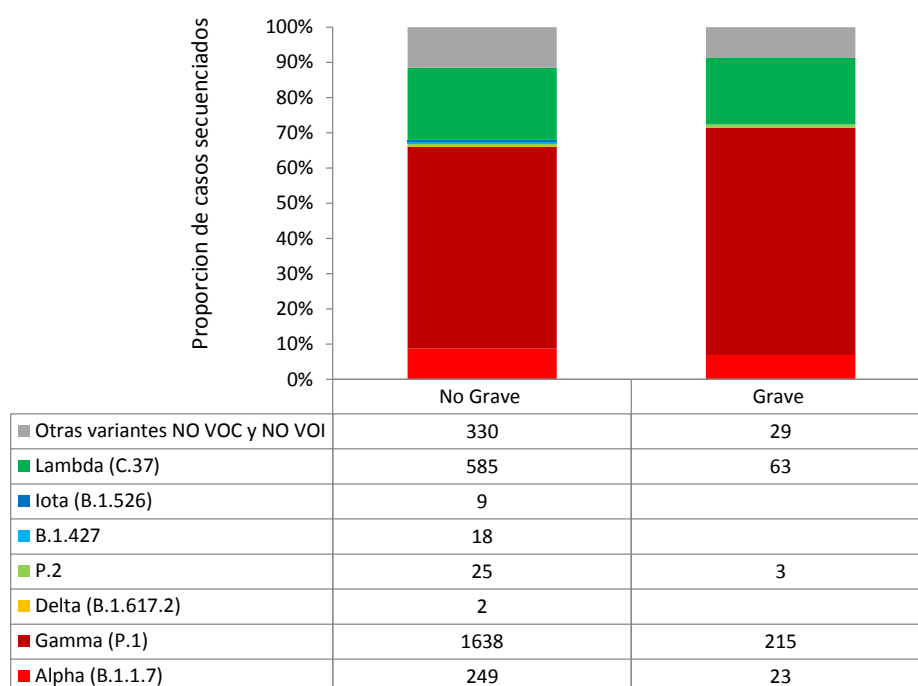
### Distribución de variantes prioritarias y no prioritarias en casos secuenciados según gravedad

Del total de casos secuenciados, se registraron al SNVS<sup>2,0</sup>, 333 casos con evolución grave y 2856 casos sin criterio de gravedad<sup>23</sup>.

En cuanto a la distribución de variantes prioritarias, en los casos graves 215 (64.6%) corresponden a la variante Gamma (VOC 20J/501Y.V3, linaje P.1) y 23 (7%) a la variante Alpha (VOC 20I/501Y.V1, linaje B.1.1.7) mientras que en los casos no graves, 1638 (57.4%) corresponden a la variante Gamma (VOC 20J/501Y.V3, linaje P.1) y 249 (9%) a la variante Alpha (VOC 20I/501Y.V1, linaje B.1.1.7). En el periodo analizado, la proporción de la variante Gamma (P.1) es mayor para los casos graves que para aquellos sin criterio de gravedad mientras que la distribución de la variante Alpha (B.1.1.7) es algo superior en los casos no graves.

Respecto a la distribución de la VOI Lambda (linaje C.37 derivada de B.1.1.1), se detectan 63 (19%) casos graves y 585 (20.5%) casos con evolución no grave, siendo levemente mayor en los casos sin criterio de gravedad para el periodo analizado. (Grafico 2).

**Gráfico 2: Distribución porcentual de variantes en casos secuenciados según criterio de gravedad para el total país. (n=3189).**



Fuente: Sistema Nacional de Vigilancia de la Salud (SNVS)

<sup>23</sup> Se definen como **graves** aquellos casos registrados al SNVS.2.0 bajo el evento “Caso sospechoso de COVID-19, influenza y OVR” que requirieron ingreso a unidad de cuidados críticos y/o fallecidos.

### *Investigación de variantes prioritarias y no prioritarias en casos con antecedente de vacunación para SARS-CoV-2*

Entre la SE1- SE31, se registraron un total de 1433 casos analizados por secuenciación genómica con antecedente de vacunación para SARS-CoV-2, 708 casos luego de la aplicación de la primera dosis de vacuna y 725 casos posterior a la aplicación de la segunda dosis.

Se describe la distribución de los resultados según el número de dosis recibidas y la condición de inmunización<sup>24</sup>.

Entre 2015 casos estudiados no inmunizados un 57.8% corresponde a la variante Gamma (VOC 20J/501Y.V3, linaje P.1), 8.4% a Alpha (VOC 20I/501Y.V1, linaje B.1.1.7), 18.3% a la variante Lambda (C.37 derivada de B.1.1.1), 0.25% a otras VOI, 1.5% a Variantes bajo monitoreo y un 13.6% a otras variantes no VOC y no VOI.

En los 535 casos considerados inmunizados, un 58.7% corresponde a la variante Gamma (VOC 20J/501Y.V3, linaje P.1), 11% a Alpha (VOC 20I/501Y.V1, linaje B.1.1.7), 24.7% a la variante Lambda (C.37 derivada de B.1.1.1), 0.2% a otras VOI, 0.6% a Variantes bajo monitoreo y 5% a otras variantes no VOC y no VOI.

En aquellas personas con esquema de vacunación completo, sobre un total de 639 casos, un 58.5% corresponde a la variante Gamma (VOC 20J/501Y.V3, linaje P.1), 7% a Alpha (VOC 20I/501Y.V1, linaje B.1.1.7), 23% a la variante Lambda (C.37 derivada de B.1.1.1), 0.5% a otras VOI, 2% a Variantes bajo monitoreo y un 9% a otras variantes no VOC y no VOI.

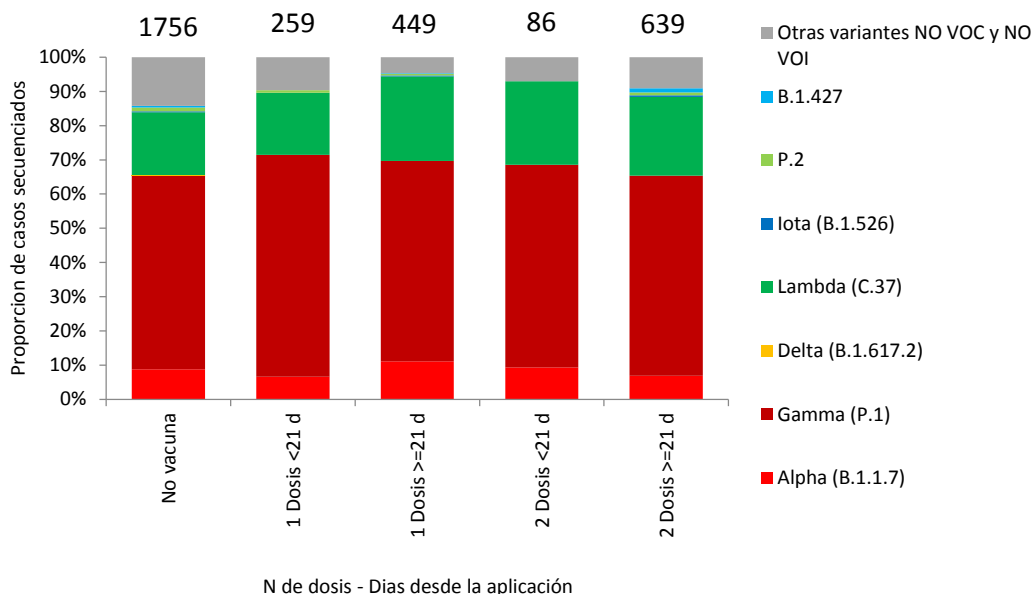
La distribución de la proporción de variantes prioritarias es de 66.4% para los casos no inmunizados y cercana al 70% para los inmunizados, mientras que en los casos con esquema completo de vacunación la proporción de VOC es de 63%. (Grafico 3 y Grafico 4).

---

<sup>24</sup> Se consideran **inmunizados** a los casos en personas que han recibido la primera dosis de vacuna y hayan pasado al menos 21 días desde la fecha de vacunación y la fecha de toma de muestra.

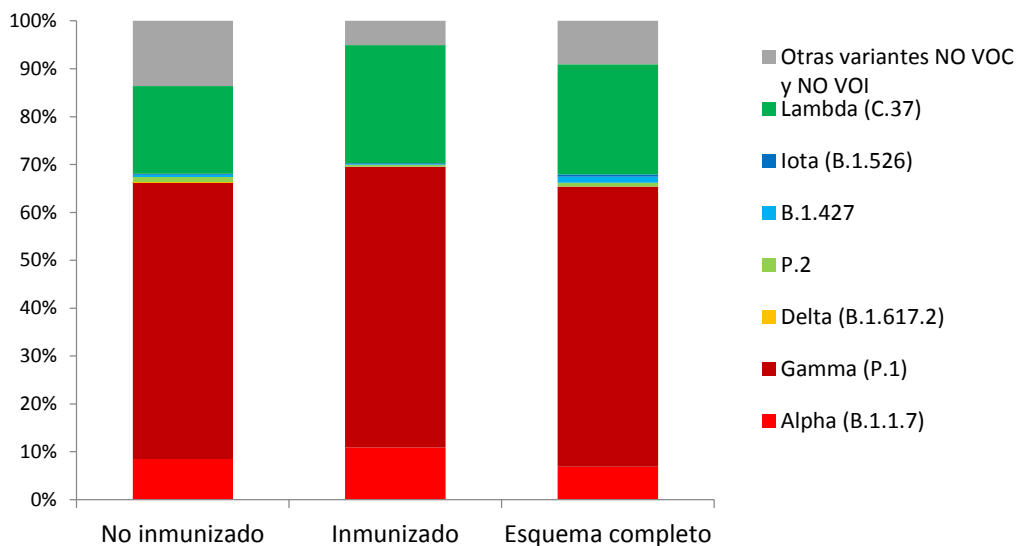
Se consideran **no inmunizados** a todos los casos secuenciados que no recibieron la vacuna o a los casos confirmados de Covid-19 que fueron analizados por secuenciación genómica que estuvieran vacunados pero en los que hayan pasado menos de 21 días desde la aplicación de la primera dosis de vacuna y la toma de la muestra o los casos en los que la fecha de toma de muestra para secuenciación genómica precede a la fecha de aplicación de la vacuna. Se consideran personas con **esquema completo de vacunación** a aquellas que recibieron la segunda dosis de vacuna al menos 21 días antes a la fecha de toma de la muestra.

**Gráfico 3: Distribución porcentual de variantes en casos secuenciados según número de dosis de vacuna y tiempo transcurrido desde la aplicación para el total país hasta la SE31.**



Fuente: Sistema Nacional de Vigilancia de la Salud (SNVS) y Registro Federal de Vacunación Nominalizado (NoMiVac)

**Gráfico 4: Distribución porcentual de variantes en casos secuenciados según condición de inmunización para el total país hasta SE31<sup>25</sup>.**



<sup>25</sup> No inmunizados: casos secuenciados en personas no vacunadas más casos en personas que recibieron la primer dosis y aún no pasaron 21 días desde la vacunación en la fecha de toma de muestra o casos en los que la fecha de toma de muestra para secuenciación precede a la fecha de aplicación de la vacuna; Inmunizados: casos en personas que han recibido la primera dosis y hayan pasado al menos 21 días desde la fecha de vacunación y la fecha de toma de muestra, más los casos en personas que han recibido la segunda dosis pero no han pasado todavía 21 días hasta la fecha de toma de la muestra; Esquema completo: personas que han recibido la segunda dosis de vacuna y han pasado al menos 21 desde la aplicación de la segunda dosis y la fecha de toma de la muestra.

Fuente: Sistema Nacional de Vigilancia de la Salud (SNVS) y Registro Federal de Vacunación Nominalizado (NoMiVac)

Del total de 1433 casos con secuenciación genómica y antecedente de vacunación para SARS-CoV-2, se registraron al SNVS.2.0 144 fallecimientos, 16 casos en personas no inmunizadas, 94 en inmunizados y 34 casos con esquema completo de vacunación.<sup>26</sup>

**Tabla 1: Distribución absoluta de variantes prioritarias y no prioritarias en casos fallecidos según condición de inmunización.**

Linajes	No inmunizado	Inmunizado	Esquema completo
Alpha (B.1.1.7)		7	1
Gamma (P.1)	10	60	25
C37 (Andina)	3	23	8
P.2	1	1	
Otras variantes NO VOC y NO VOI	2	3	
<b>Total general</b>	<b>16</b>	<b>94</b>	<b>34</b>

Fuente: Sistema Nacional de Vigilancia de la Salud (SNVS) y Registro Federal de Vacunación Nominalizado (NoMiVac)

### Situación de variante Delta en Argentina

Hasta el viernes 13 de Agosto, en Argentina, han sido identificados 130 casos de variante Delta de SARS-CoV-2 confirmados por laboratorio, de las cuales 125 corresponden a casos importados o relacionados con la importación (100 a viajeros internacionales y 25 a personas relacionadas con dichos viajeros -contactos estrechos o contactos de sus contactos); y 5 casos no relacionados a la importación (residentes en la Ciudad de Buenos Aires): cuatro de ellos no tienen relación entre sí, no presentan antecedentes de viaje ni se ha podido establecer un nexo con un viajero internacional y 1 corresponde a un caso asociado con uno de ellos y que fue identificado como producto de la investigación epidemiológica.

Adicionalmente se identificaron 15 casos con diagnóstico de COVID-19 relacionados con la importación y sin identificación de variante y 6 contactos sintomáticos también relacionados con casos de delta.

Del total de los casos correspondientes a viajeros internacionales, 47 fueron positivos en el punto de entrada, y los 53 restantes tuvieron resultados negativos al ingreso y se identificaron durante el período de aislamiento obligatorio en su domicilio posterior al viaje ya sea porque desarrollaron síntomas o porque realizaron la prueba diagnóstica obligatoria al séptimo día de control.

<sup>26</sup> Casos con antecedente de vacunación para SARS-CoV-2 con registro de fallecimiento al SNVS.2.0

Las jurisdicciones en las cuales se han identificado casos en viajeros internacionales son: Buenos Aires, CABA, Córdoba, Salta, Santa Fe y Tucumán.

**Tabla 1: casos de variante delta y relacionados según condición**

Provincias	Viajeros con variante delta	Casos de variante delta relacionados con la importación	Casos variante delta no relacionado con la importación	Contacto positivo de delta no relacionado a la importación	Total casos variantes delta	Positivos sin identificación de variante asociados a casos de delta	Sintomático sin laboratorio asociados a casos delta	Total de casos asociados a variante delta
Buenos Aires	26	2	0	0	28	2	5	35
CABA	60	0	4	1	64	6	1	71
Catamarca	0	0	0	0	0	0	0	0
Chaco	0	0	0	0	0	0	0	0
Chubut	0	0	0	0	0	0	0	0
Córdoba	6	23	0	0	29	0	0	29
Corrientes	0	0	0	0	0	0	0	0
Entre Ríos	0	0	0	0	0	0	0	0
Formosa	0	0	0	0	0	0	0	0
Jujuy	0	0	0	0	0	0	0	0
La Pampa	0	0	0	0	0	0	0	0
La Rioja	0	0	0	0	0	0	0	0
Mendoza	0	0	0	0	0	0	0	0
Misiones	0	0	0	0	0	0	0	0
Neuquén	0	0	0	0	0	0	0	0
Río Negro	0	0	0	0	0	0	0	0
Salta	1	0	0	0	1	6	0	7
San Juan	0	0	0	0	0	0	0	0
San Luis	0	0	0	0	0	0	0	0
Santa Cruz	0	0	0	0	0	0	0	0
Santa Fe	6	0	0	0	6	1	0	7
Santiago del Estero	0	0	0	0	0	0	0	0
Tierra del Fuego	0	0	0	0	0	0	0	0
Tucumán	1	0	0	0	1	0	0	1
<b>Totales</b>	<b>100</b>	<b>25</b>	<b>4</b>	<b>1</b>	<b>130</b>	<b>15</b>	<b>6</b>	<b>151</b>

*Fuente: elaboración propia de la Dirección de Epidemiología en base a datos del SNVS e informes provinciales de las investigaciones epidemiológicas.*

## SITUACIÓN INTERNACIONAL

En las Tablas 1-3 se muestran las variantes VOC y VOI definidas por OMS al 10 de Agosto de 2021.

Tabla 1 - Variantes de preocupación (VOC)

WHO	Alpha	Beta	Gamma	Delta
CLADO NEXTSTRAIN	20I (V1)	20H (V2)	20J (V3)	21A
CLADO GISAJD	GRY (GR/501Y.V1)	GH/501Y.V2	GR/501Y.V3	G/478K.V1
Linaje Pangolín	B.1.1.7	B.1.351	B.1.1.28.1 /P.1	B.1.617.2
Detectada inicialmente	UK-Reino Unido	SA-Sudáfrica	Brasil	India
Muestra más antigua detectada	20 SEP 2020	MAY 2020	NOV 2020	OCT 2020
Mutaciones importantes en la "S"	Delección H69/V70; delección Y144; N501Y; A570D; D614G, P681H, T716I, S982A, D1118H	Delección D80A, D215G, 241/243, K417N, E484K, N501Y, D614G, A701V	L18F, T20N, P26S, D138Y, R190S, K417T, E484K, N501Y, D614G H655Y, T1027I, V1176F	L452R, D614G, P681R, ± (E484Q, Q107H, T19R, del157/158, T478K, D950N)
Cambios aminoácidos adicionales monitoreados <sup>1</sup>	+S:484K +S:452R	+S:L18F	+S:681H	+S:417N
Transmisibilidad	Aumento de la transmisibilidad, aumento de la tasa de ataque secundaria	Aumento de la transmisibilidad	Aumento de la transmisibilidad	Aumento de la transmisibilidad, aumento de la tasa de ataque secundaria. Transmisibilidad similar entre personas vacunadas y no vacunadas.
Severidad de la enfermedad	Riesgo incrementado de hospitalización, posible aumento de riesgo para severidad y mortalidad	No confirmada, posible aumento de riesgo de mortalidad en hospitalizaciones	No confirmada, posible riesgo incrementado de hospitalización	Riesgo incrementado de hospitalización
Riesgo de reinfección	Se mantiene la actividad neutralizante, riesgo de reinfección similar	Reducción de actividad neutralizante reportada. Se mantiene respuesta celular	Moderada reducción en la actividad neutralizante	Reducción de actividad neutralizante reportada.
Impacto en el diagnóstico	Impacto limitado, falla de la detección de gen S (SGTF), sin impacto en el resultado final multitarget; sin impacto en la detección por antígenos	Sin impacto en RT-PCR ni en la detección por antígenos	No reportados hasta la fecha	No reportados hasta la fecha

<sup>1</sup> Cambios aminoácidos bajo monitoreo que están siendo reportados actualmente en una minoría de las muestras secuenciadas.



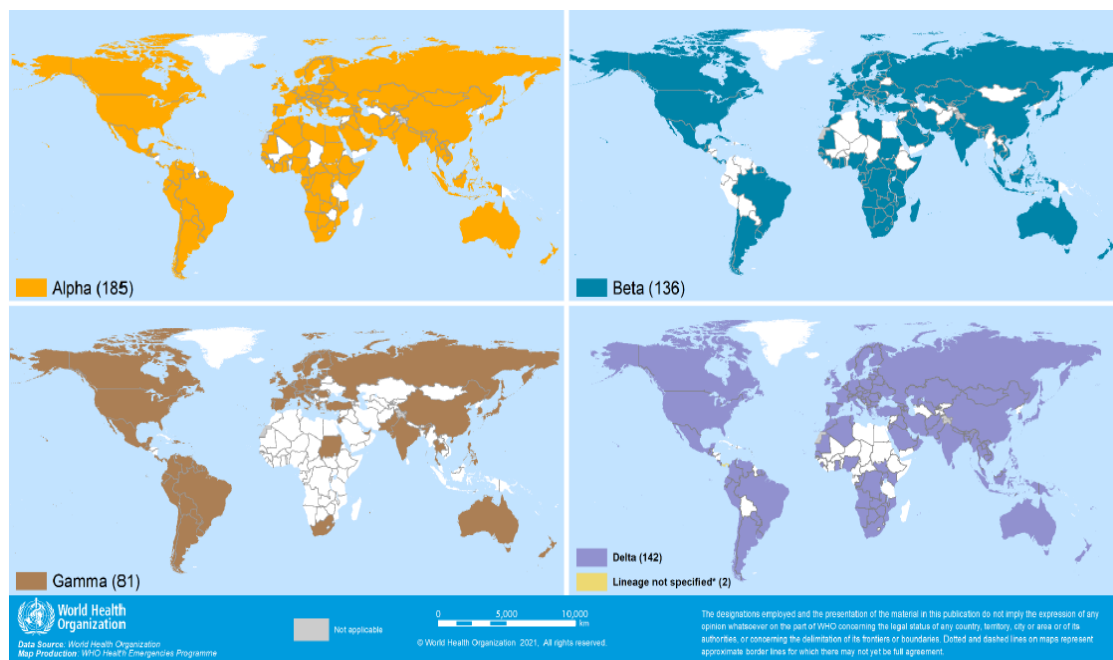
Tabla 2- VOC definidas por OMS y su impacto en vacunas (Referencias al pie de tabla)

VOC	Impacto en efectividad/ eficacia de las vacunas (Referencias al pie de tabla)	Impacto en la capacidad de neutralización por vacunas
Alpha	<p><b>Mantiene Protección contra la enfermedad severa, sintomática e infección.</b></p> <p>Enfermedad severa: ↔: Moderna-mRNA-1273 (1), Moderna-mRNA-1273/Pfizer BioNTech-Comirnaty (1), Pfizer BioNTech-Comirnaty (3)</p> <p>↓: AstraZeneca- Vaxzevria (1)</p> <p>• Enfermedad sintomática: ↔: Moderna-mRNA-1273 (1), Moderna-mRNA-1273/Pfizer BioNTech-Comirnaty (1), Pfizer BioNTech-Comirnaty (3)</p> <p>↔ a ↓: AstraZeneca-Vaxzevria (3)</p> <p>↓: Novavax-Covavax (1)</p> <p>• Infección: ↔: Moderna-mRNA-1273 (1) Pfizer BioNTech-Comirnaty (1)</p> <p>↔ a ↓: AstraZeneca-Vaxzevria (2)</p>	<p>↔: Anhui ZL-Recombinant (2), Beijing CNBG-BBIBP-CorV (1), Bharat-Covaxin (1), Gamaleya-Sputnik V (1), Janssen-Ad26.COV 2.5 (2), Moderna-mRNA-1273 (10) Novavax-Covavax (1)</p> <p>↔ a ↓: Pfizer BioNTech-Comirnaty (28) Sinovac-CoronaVac (5)</p> <p>↓: AstraZeneca-Vaxzevria (3), Moderna-mRNA-1273/ Pfizer BioNTech-Comirnaty (1)</p>
Beta	<p><b>Mantiene protección contra enfermedad severa, posible reducción en la protección frente a enfermedad sintomática e infección.</b></p> <p>• Enfermedad severa: ↔: Janssen Ad26.COV 2.5 (1), Pfizer BioNTech-Comirnaty</p> <p>• Enfermedad sintomática: ↔: Janssen-Ad26. COV 2.5 (1)</p> <p>↓↓↓: AstraZeneca-Vaxzevria (1), Novavax-Covavax (1)</p> <p>• Infección: ↔: Moderna-mRNA-1273 (1)</p> <p>↔ a ↓: Pfizer BioNTech-Comirnaty (1)</p>	<p>↔ a ↓: Anhui ZL-Recombinante (3), Beijing CNBG- BBIBP-CorV (2)</p> <p>↓: Bharat-Covaxin (1)</p> <p>↓ a ↓↓: Janssen-Ad26.COV 2.5 (5) Moderna- mRNA-1273 (12), Pfizer BioNTech-Comirnaty (28), Sinovac-CoronaVac (4)</p> <p>↓↓↓: AstraZeneca-Vaxzevria (5), Gamaleya-Sputnik V (1)</p> <p>↓↓↓: Novavax-Covavax (1), Moderna-mRNA-1273/ Pfizer BioNTech-Comirnaty (1)</p>
Gamma	<p>Impacto incierto, evidencia muy limitada</p> <p>Enfermedad severa: No evidencia</p> <p>• Enfermedad sintomática: No evidencia</p> <p>Infección: ↔ Sinovac-CoronaVac (1)</p>	<p>↔ Anhui ZL-Recombinante (1)</p> <p>↔ to ↓: Pfizer BioNTech-Comirnaty, (13), Sinovac-CoronaVac (3)</p> <p>↓: AstraZeneca-Vaxzevria (1), Janssen-Ad26.COV 2.5 (2), Moderna- mRNA-1273 (4)</p>
Delta	<p>Mantiene Protección contra enfermedad severa; posible protección reducida contra enfermedad sintomática e infección.</p> <p>• Enfermedad severa: ↔: AstraZeneca- Vaxzevria (1), Pfizer BioNTech-Comirnaty (1)</p> <p>• Enfermedad sintomática: ↔ a ↓: Pfizer BioNTech-Comirnaty (3)</p> <p>↓: Bharat-Covaxin (1)</p> <p>↓↓: AstraZeneca- Vaxzevria (2)</p> <p>• Infección: ↓: AstraZeneca-Vaxzevria (1), Pfizer BioNTech-Comirnaty (1)</p>	<p>↔ a ↓: Bharat-Covaxin (2), Anhui ZL-Recombinant (2)</p> <p>↓: Janssen-Ad26.COV 2.5 (3), Moderna- mRNA-1273 (3), Pfizer BioNTech-Comirnaty (7), SII – Covishield (1)</p> <p>↓ a ↓↓: AstraZeneca-Vaxzevria (3),</p> <p>↓↓: Moderna-mRNA-1273/ Pfizer BioNTech-Comirnaty (1)</p> <p>↓ a ↓↓↓: Sinovac-CoronaVac (2)</p>

La EV se refiere a la efectividad y eficacia de la vacuna e indica las conclusiones generales pero solo para las vacunas evaluadas frente a la variante específica. Las flechas describen la magnitud de la reducción de la EV o neutralización: "↔" <10% de reducción de EV, o EV > 90% sin comparador, o que hubo una reducción de <2 veces en la neutralización; "↓" reducción de 10 a <20% en EV, o reducción de 2 a <5 veces en neutralización; "↓↓" reducción de 20 a <30% en EV, o reducción de 5 a <10 veces en neutralización; "↓↓↓" ≥30% de reducción de la EV, o ≥10 veces la reducción de la neutralización. Cuando Hay más de un estudio de neutralización disponible, se utilizó el rango intercuartílico (percentiles 25 y 75) de reducciones de veces en todos los estudios para una vacuna / variante específica. "Moderna-mRNA-1273 / Pfizer BioNTech-Comirnaty" indica que ambas vacunas se evaluaron juntas en el estudio.

<https://www.who.int/publications/m/item/weekly-epidemiological-update-on-covid-19---25-may-2021>; [Weekly epidemiological update on COVID-19 - 6 July 2021 \(who.int\)](https://www.who.int/publications/m/item/weekly-epidemiological-update-on-covid-19---10-august-2021); <https://www.who.int/publications/m/item/weekly-epidemiological-update-on-covid-19---10-august-2021>

**Figura 1 - Países que reportaron los linajes Alpha (B.1.1.7), Beta (B.135), Gamma (P.1) y Delta (B.1.617.2) al 10 de Agosto 2021.**



**Tabla 3 - En la siguiente tabla se muestran las VOI en investigación al 10 de Agosto 2021 según OMS.**

WHO	Eta	Iota	Kappa	Lambda
CLADO NEXTSTRAIN	21D	21F	21B	21G
CLADO GISAJD	G/484K.V3	GH/253G.V1	G/452R.V3	GR/452Q.V1
Linaje Pangolin	B.1.525	B.1.526 (E484K o S477N)	B.1.617.1	C.37
Detectada inicialmente	Multiples paises	EEUU	India	Peru
Muestra más antigua detectada	DIC 2020	NOV 2020	OCT 2020	DIC 2020
Mutaciones importantes en la "S"	Q52R, A67V, del69/70, del144, E484K, D614G, Q677H, F888L	L5F, T95I, D253G, D614G, A701V, + (E484K o S477N)	E154K, L452R, E484Q, D614G, P681R, Q1071H	G75V, T76I, del247/253, L452Q, F490S, D614G y T859N

[argentina.gob.ar/salud](https://argentina.gob.ar/salud)