

**COVID-19**

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

**SE30/2021**

**INFORME TÉCNICO**

**JULIO 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 Manaos)
- 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>

## 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 \(who.int\)](#)

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.

Al 20 de Julio 2021, 2.418.133 secuenciaciones de SARS-CoV-2 han sido reportadas en GISAID de las cuales 220.000 (9%) corresponden a la variante Delta, B.1.617.2.

La prevalencia entre las muestras secuenciadas en las últimas 4 semanas excede el 75% en algunos países como Australia, Bangladesh, Bostwana, China, Dinamarca, India, Indonesia, Israel, Portugal, Rusia, Singapur, Sudáfrica y Reino Unido.<sup>8</sup>

La variante Delta ha sido asociada a mayor transmisibilidad y mayor tasa de ataque secundario. Según datos de vigilancia epidemiológica de Reino Unido, en las últimas semanas, la proporción de infecciones por SARS-CoV-2 causadas por B.1.617.2 aumentó a medida que disminuyó la causada por B.1.1.7. 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>9</sup>

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>

## INFORME VIGILANCIA GENÓMICA DE MUESTRAS REMITIDAS AL INEI-ANLIS CARLOS MALBRÁN NOTIFICADAS AL SNVS.2.0

El siguiente apartado fue redactado con la información producida en el marco de la vigilancia genómica de SARS CoV-2<sup>11</sup> en base a datos registrados en el Sistema Nacional de Vigilancia de la Salud de casos secuenciados por el INEI-ANLIS 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>12</sup>

Desde el mes de enero del 2021 hasta el 26 de Julio, se han secuenciado en el Instituto Nacional de Enfermedades Infecciosas (INEI-ANLIS) 2560 muestras incluyendo la vigilancia en viajeros, en cuadros graves inusitados, personas vacunadas y vigilancia regular de variantes circulantes.

<sup>8</sup> [Weekly epidemiological update on COVID-19 - 20 July 2021 \(who.int\)](https://www.who.int/news-room/weekly-epidemiological-update)

<sup>9</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>10</sup> Campbell F, Archer B, Laurenson-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> 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>12</sup> Se seleccionaron los casos secuenciados por el INEI-ANLIS para contar con el conjunto de casos secuenciados, incluyendo variantes prioritarias y variantes no prioritarias, de manera tal de poder establecer relaciones de proporcionalidad entre las mismas por lugar y tiempo.

### Vigilancia genómica en viajeros internacionales y casos relacionados a la importación<sup>13</sup>:

Se realizó la secuenciación genómica de 351 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 26/07.

En 119 casos se halló la variante de preocupación (VOC) Gamma (20J/501Y.V3, linaje P.1, originalmente detectada en Manaus) y en 65 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, el laboratorio nacional de referencia ANLIS Malbrán aisló 46 casos de la variante prioritaria Delta<sup>14</sup> (linaje B.1.617.2 reportada originalmente en India), de los cuales 45 tienen antecedente de viaje internacional, mientras que uno corresponde a un caso con nexo epidemiológico con uno de los viajeros.

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

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

Entre las personas con antecedente de viaje, 16 casos (36%) fueron detectados en el dispositivo de testeo al ingreso al país y 29 casos (64%) 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.

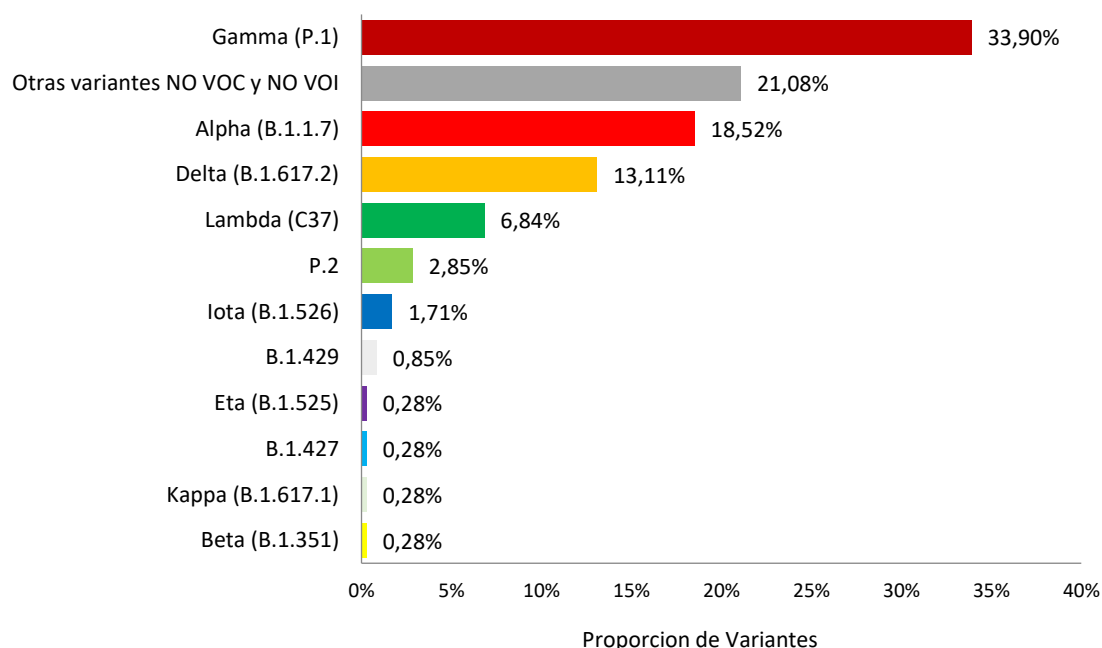
En 24 casos se aisló la VOI Lambda (linaje C.37, derivada de B.1.1.1).

---

<sup>13</sup> Sujeto a modificaciones por la actualización de los antecedentes epidemiológicos de los casos.

<sup>14</sup> Disponible en: [Se confirmaron otros 17 nuevos casos de la variante Delta relacionados con viajeros | Argentina.gob.ar](https://www.argentina.gob.ar/salud/covid19/actualizaciones)

**Gráfico 1: Distribución porcentual de muestras correspondientes a variantes prioritarias y no prioritarias en viajeros y casos relacionados a la importación. n= 351**



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>15, 16</sup>

Desde el 1 de Enero al 26 de Julio 2021, se registraron al SNVS.2.0 2209 muestras analizadas por secuenciación genómica en personas sin antecedentes de viaje a destino internacional, 1197 correspondieron a variante Gamma (VOC 20J/501Y.V3, linaje P.1), 212 correspondieron a la variante Alpha (VOC 20I/501Y.V1, linaje B.1.1.7), 388 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 357 muestras correspondieron a otras variantes no VOC y no VOI.

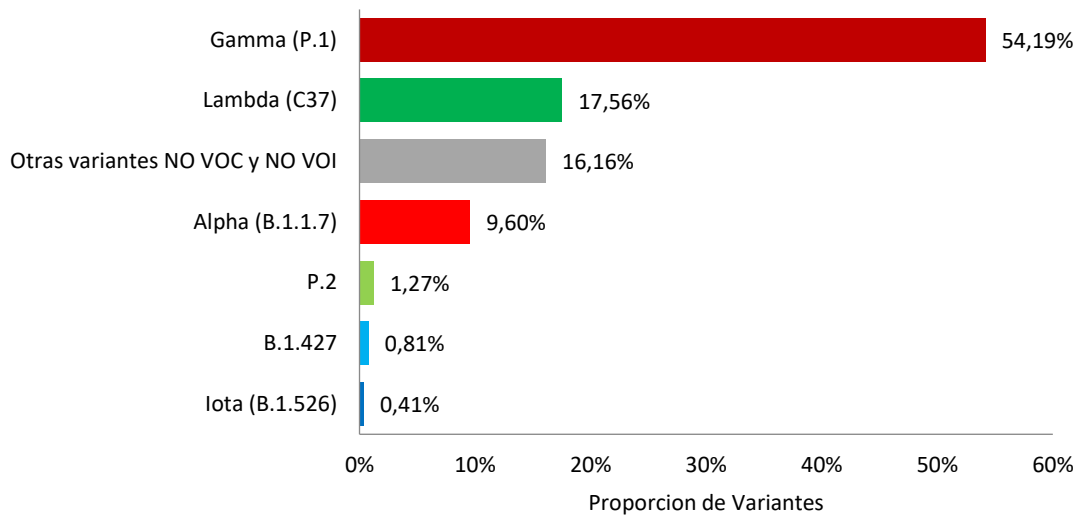
Las muestras analizadas provienen de todas las regiones del país estando la mayoría de las provincias representadas.

Se observa que, para el total país, del total de las muestras secuenciadas aproximadamente el 64% corresponden a variantes de preocupación, 17.56% a la VOI Lambda (linaje C.37 derivada de B.1.1.1), 0.41% a otras variantes de interés, 2% a variantes bajo monitoreo y el resto corresponden a otras variantes no VOC ni VOI. (Gráfico 2).

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

<sup>16</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.

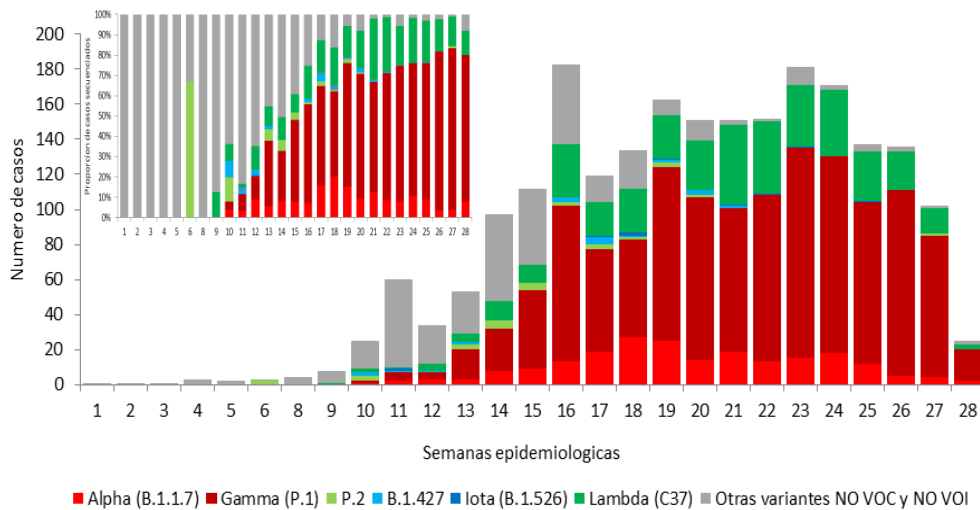
**Gráfico 2: Distribución porcentual de muestras correspondientes a variantes prioritarias y no prioritarias en no viajeros. Total País. n= 2209**



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

La identificación de variantes prioritarias para el total país se observa en ascenso desde la SE10 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).

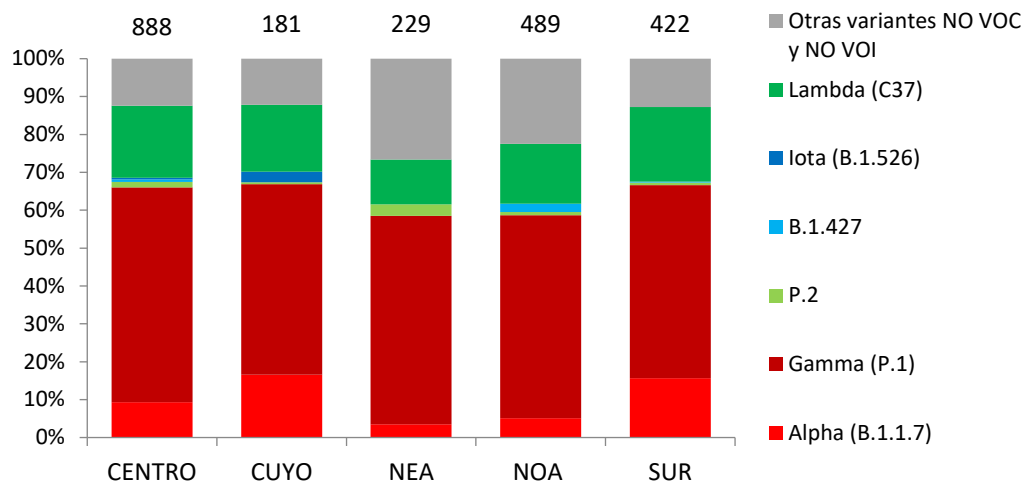
**Gráfico 3: Distribución porcentual y absoluta de variantes identificadas en no viajeros según SE de toma de muestra. SE1- SE28. Total país.**



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

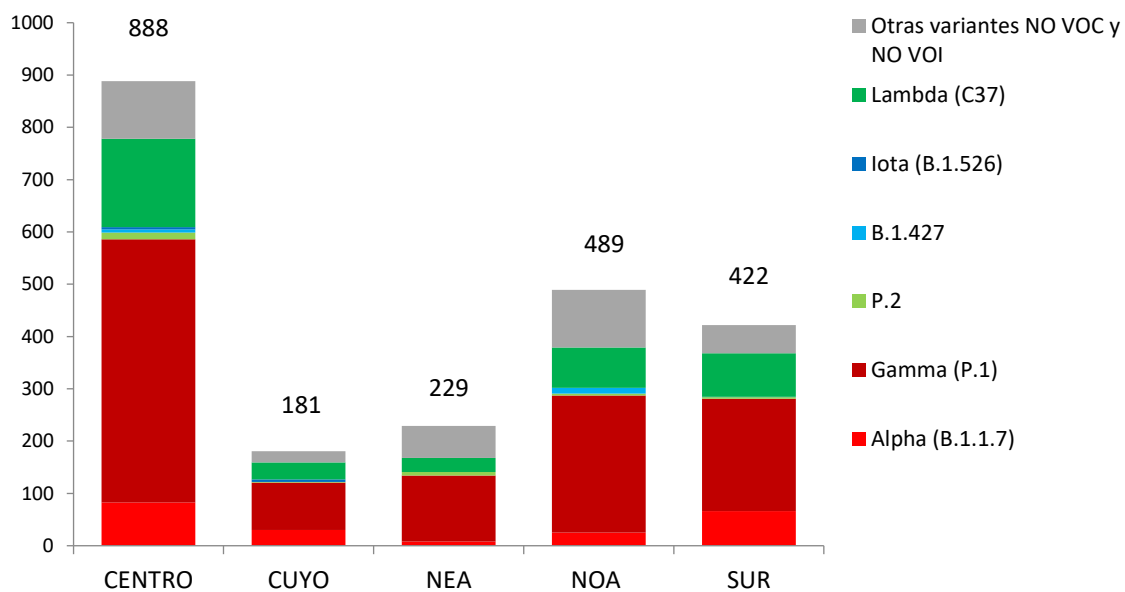
La distribución de variantes prioritarias y no prioritarias difiere según la región del país. En la región Centro, Cuyo y Sur puede observarse que la proporción de variantes prioritarias entre los casos analizados por secuenciación genómica, representa más del 65%, siendo superior al resto de las regiones 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 SE28. n= 2209**



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

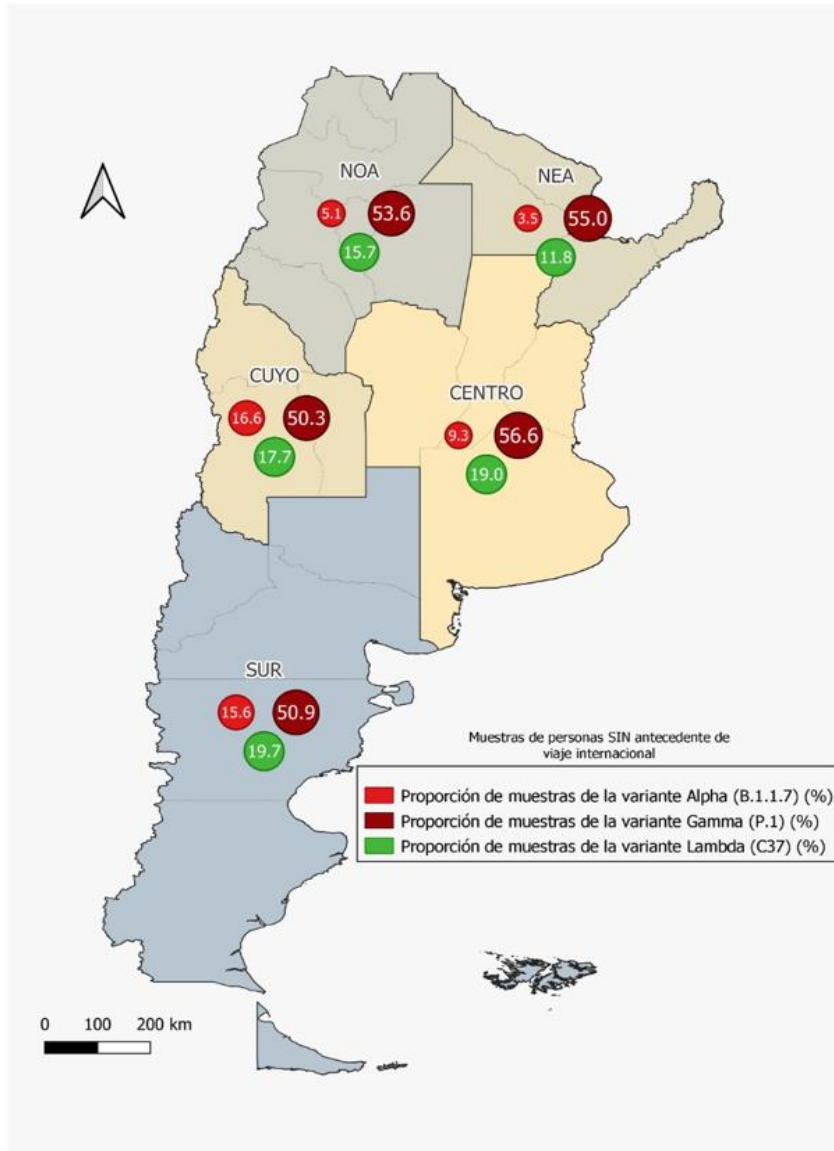
**Gráfico 5: Distribución absoluta de muestras correspondientes a variantes prioritarias y no prioritarias en no viajeros por Región del País. Hasta la SE28. n= 2209**



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 SE28.**



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>17</sup>**

Desde el mes de enero hasta el 26 de Julio del 2021, se han registrado al Evento de Vigilancia Genómica del SNVS.2.0 2209 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, 1409 (64%) se corresponden con variantes prioritarias (VOC) y 800 (36%) son variantes no prioritarias (VOI y Otras variantes).

La mediana de edad para el total de los casos secuenciados es de 42 años<sup>18</sup>. En cuanto a la distribución por grupo de edad para el periodo analizado, se observa que tanto los 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 1118 casos en mujeres y 1082 en hombres<sup>19</sup>. Entre las mujeres, 684 casos (61%) pertenecen a variantes prioritarias y 434 casos (39%) a variantes no prioritarias. Respecto a los hombres, en 718 (66%) casos se detectan variantes prioritarias y en 364 (34%) casos variantes no prioritarias.

Al analizar la distribución de variantes prioritarias por grupo de edad y sexo, se observa que en los grupos de 20-29 años y 30-39 años la frecuencia absoluta de VOC es superior entre mujeres mientras que a partir de los 40 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 los grupos de 0-9 años y de 60-69 años, en los cuales 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 mayor para los varones. (Grafico 1).

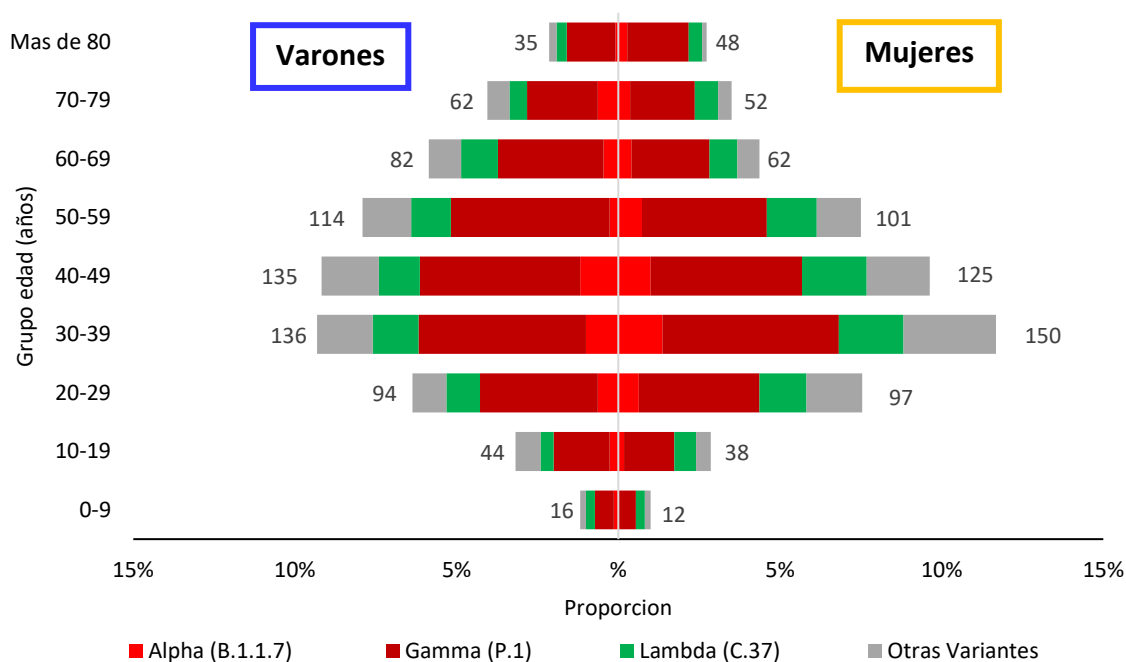
---

<sup>17</sup> Sujeto a modificaciones en la medida en que se aporte nueva información al sistema para el período analizado.

<sup>18</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.

<sup>19</sup> Hay 9 casos con sexo indeterminado: 7 casos con detección de VOC y 2 casos con detección de no VOC.

**Gráfico 1: Distribución de variantes prioritarias y no prioritarias por grupo edad y sexo de casos secuenciados para el total país. (n=2200)<sup>20</sup>**



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

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

Del total de casos secuenciados, se registraron al SNVS<sup>20</sup>, 281 casos con evolución grave y 1928 casos sin criterio de gravedad<sup>21</sup>.

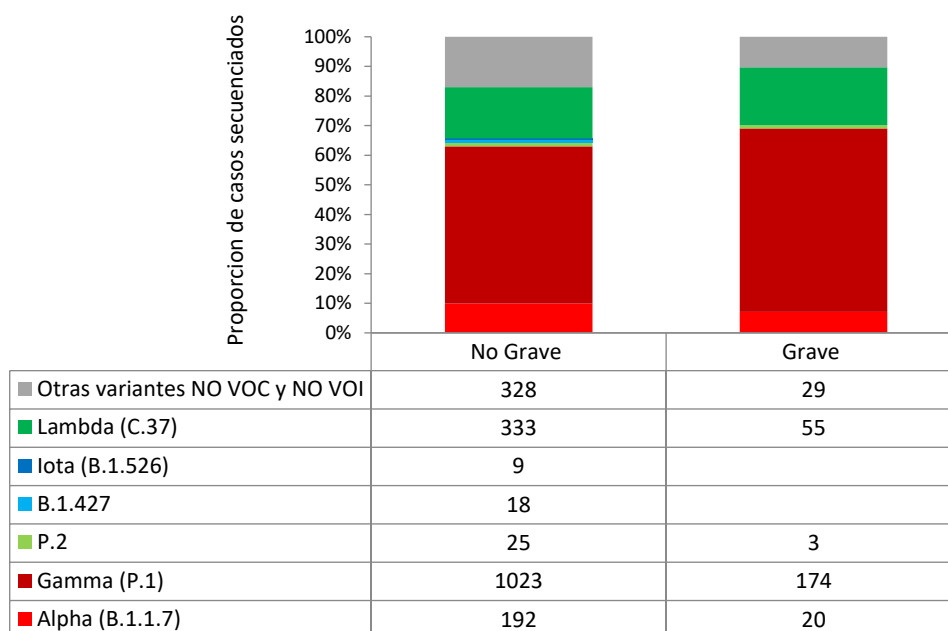
En cuanto a la distribución de variantes prioritarias, en los casos graves 174 (62%) corresponden a la variante Gamma (VOC 20J/501Y.V3, linaje P.1) y 20 (7%) a la variante Alpha (VOC 20I/501Y.V1, linaje B.1.1.7) mientras que en los casos no graves, 1023 (53%) corresponden a la variante Gamma (VOC 20J/501Y.V3, linaje P.1) y 192 (10%) 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 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 55 (19.6%) casos graves y 333 (17.3%) casos con evolución no grave, siendo mayor en el primer grupo. (Gráfico 3).

<sup>20</sup> Los números absolutos por grupo de edad y sexo corresponden al total de variantes prioritarias (VOC).

<sup>21</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.

**Gráfico 3: Distribución porcentual de variantes en casos secuenciados según criterio de gravedad para el total país. (n=2209).**



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

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

Desde el mes de enero hasta el 26 de Julio 2021, se registraron un total de 959 casos se estudiaron por secuenciación genómica con antecedente de vacunación para SARS-CoV-2, 428 casos luego de la aplicación de la primera dosis de vacuna y 531 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>22</sup>.

Entre 1391 casos estudiados no inmunizados un 53% corresponde a la variante Gamma (VOC 20J/501Y.V3, linaje P.1), 9.5% a Alpha (VOC 20I/501Y.V1, linaje B.1.1.7), 15.5% a la variante Lambda (C.37 derivada de B.1.1.1), 0.4% a otras VOI, 2.2% a Variantes bajo monitoreo y un 20% a otras variantes no VOC y no VOI.

En los 348 casos considerados inmunizados, un 57% corresponde a la variante Gamma (VOC 20J/501Y.V3, linaje P.1), 12.6% a Alpha (VOC 20I/501Y.V1, linaje B.1.1.7), 21.3% a la variante Lambda (C.37 derivada de B.1.1.1), 0.3% a otras VOI, 0.9% a Variantes bajo monitoreo y 7.7% a otras variantes no VOC y no VOI.

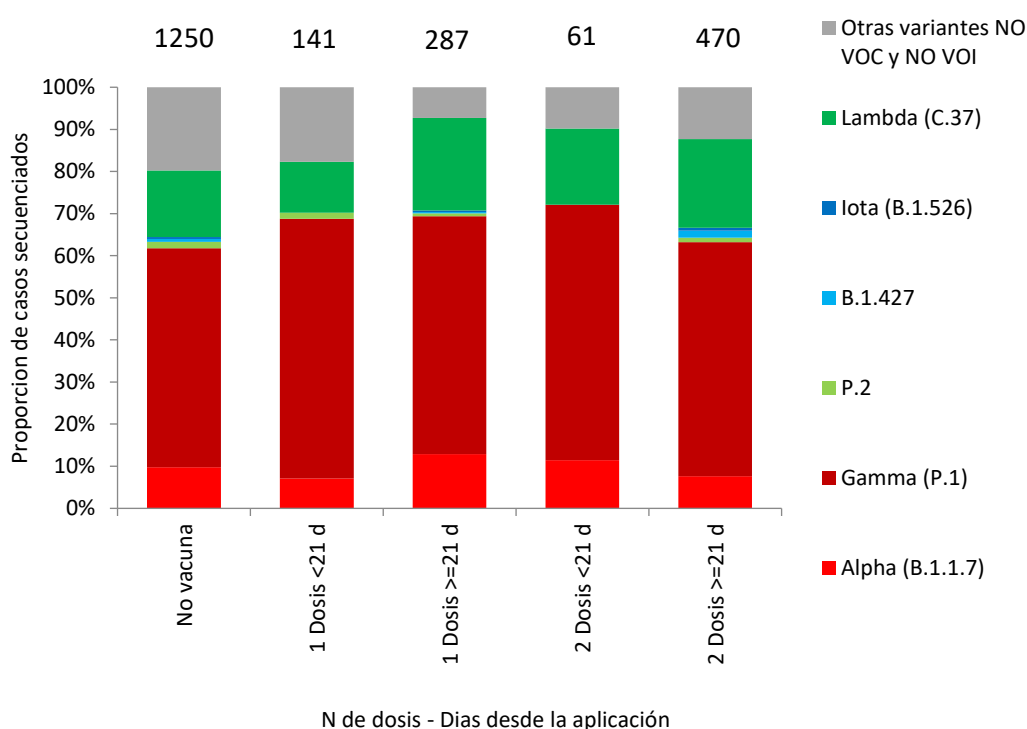
<sup>22</sup> Se consideran **inmunizados** a los casos en personas que han recibido la primera dosis de vacuna y hayan pasado al menos 21 días desde la fecha de vacunación y la fecha de toma de muestra.

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.

En aquellas personas con esquema de vacunación completo, sobre un total de 470 casos, un 55.5% corresponde a la variante Gamma (VOC 20J/501Y.V3, linaje P.1), 7.7% a Alpha (VOC 20I/501Y.V1, linaje B.1.1.7), 21% a la variante Lambda (C.37 derivada de B.1.1.1), 0.6% a otras VOI, 2.7% a Variantes bajo monitoreo y un 12% a otras variantes no VOC y no VOI.

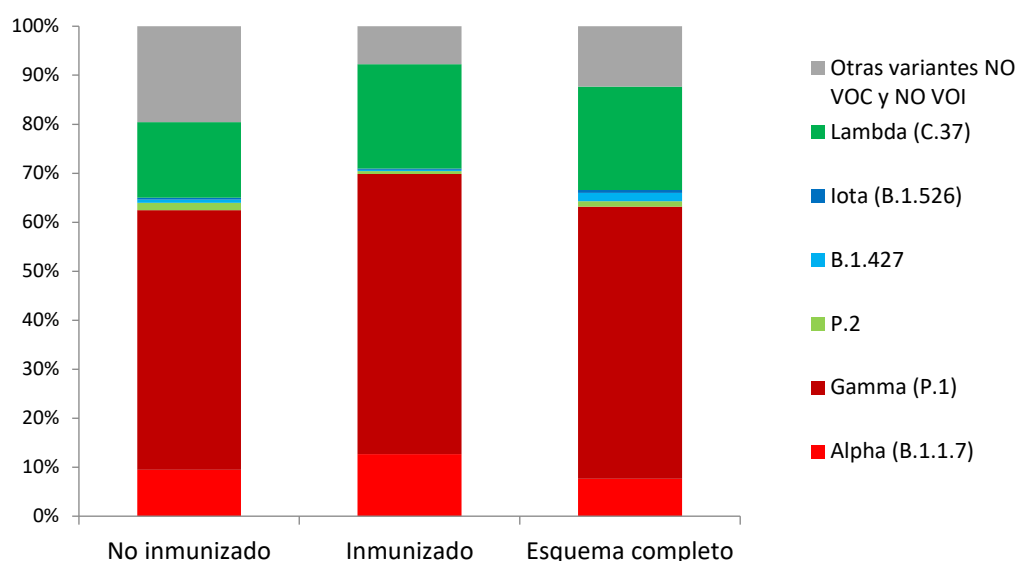
La distribución de la proporción de variantes prioritarias es de 62.5% para los casos no inmunizados y cercana al 70% para los inmunizados, mientras que en los casos con esquema completo de vacunación la proporción de VOC es de 63%. (Grafico 4 y Grafico 5).

**Gráfico 4: 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 SE28.**



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

**Gráfico 5: Distribución porcentual de variantes en casos secuenciados según condición de inmunización para el total país hasta SE28<sup>23</sup>.**



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

Del total de 959 casos con secuenciación genómica y antecedente de vacunación para SARS-CoV-2, se registraron al SNVS.2.0 107 fallecimientos, 14 casos en personas no inmunizadas, 70 en inmunizados y 23 casos con esquema completo de vacunación.<sup>24</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)		5	
Gamma (P.1)	8	43	17
C37 (Andina)	3	18	6
P.2	1	1	
Otras variantes NO VOC y NO VOI	2	3	
<b>Total general</b>	<b>14</b>	<b>70</b>	<b>23</b>

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

<sup>23</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.

<sup>24</sup> Casos con antecedente de vacunación para SARS-CoV-2 con registro de fallecimiento al SNVS.2.0

## SITUACIÓN INTERNACIONAL

En las Tablas 1-3 se muestran las variantes VOC y VOI definidas por OMS al 27 de Julio 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
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.

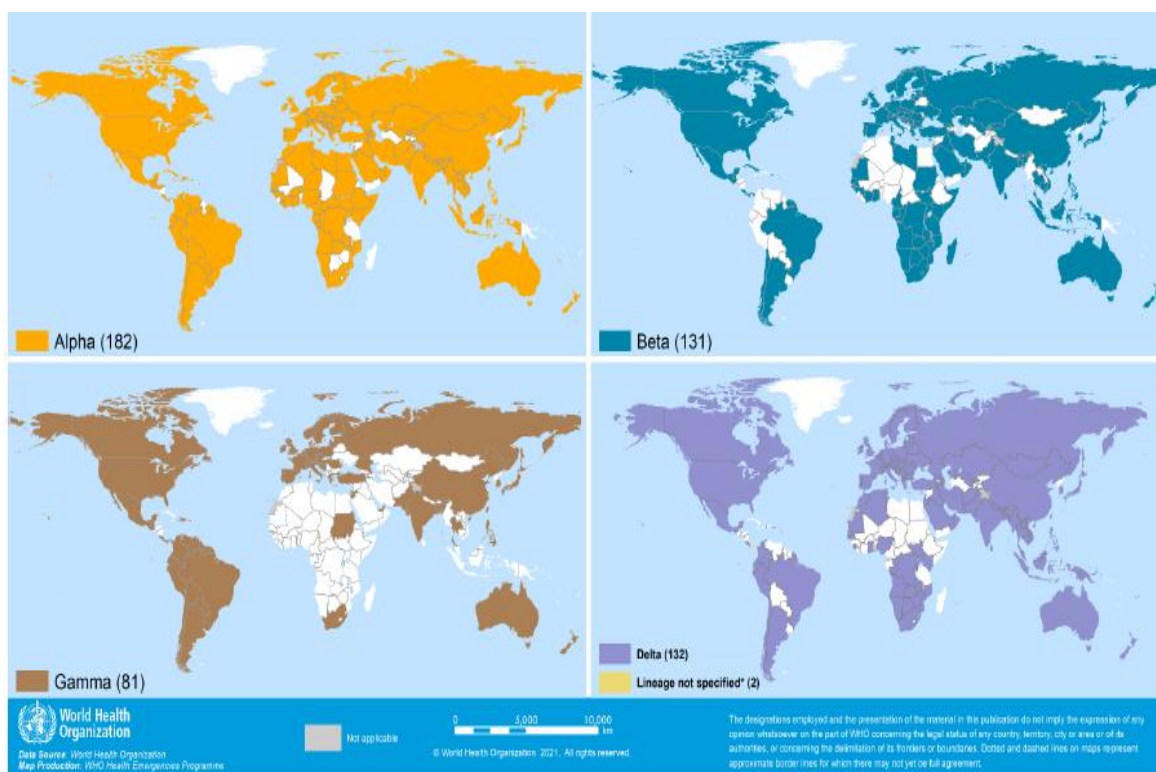
Tabla 2- VOC definidas por OMS y su impacto en vacunas (Referencias al pie de tabla)

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 (2)</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>↔ to ↓: AstraZeneca-Vaxzevria (3)</p> <p>↓: Novavax-Covavax (1)</p> <p>↔ to ↓: AstraZeneca-Vaxzevria (3)</p> <p>↓: Novavax-Covavax (1)</p> <p>• Infección: ↔: Pfizer BioNTech-Comirnaty (1)</p> <p>↔ to ↓: AstraZeneca-Vaxzevria (2)</p>	<p>↔ to ↓: Anhui ZL-Recombinant (1), Beijing CNBG-BBIBP-CorV (1), Bharat-Covaxin (1), Gamaleya-Sputnik V (1), Novavax-Covavax (1)</p> <p>↔ to ↓: Janssen-Ad26.COV 2.5 (3), Moderna-mRNA-1273 (9), Pfizer BioNTech-Comirnaty (27) Sinovac-CoronaVac (5)</p> <p>↓ to ↓↓: AstraZeneca-Vaxzevria (2)</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 (1)</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>↓: Pfizer BioNTech-Comirnaty (1)</p>	<p>↔ to ↓: Anhui ZL-Recombinant (2), Beijing CNBG- BBIBP-CorV (2)</p> <p>↓: Bharat-Covaxin (1)</p> <p>↓ to ↓↓: Moderna- mRNA-1273 (11), Pfizer BioNTech-Comirnaty, Sinovac-CoronaVac (4)</p> <p>↓ to ↓↓↓: Janssen-Ad26.COV 2.5 (3)</p> <p>↓↓↓: AstraZeneca-Vaxzevria (4), Gamaleya-Sputnik V (1)</p> <p>↓↓↓: Novavax-Covavax (1)</p>
Gamma	<p>Impacto incierto, evidencia muy limitada</p> <p>Enfermedad severa: No evidencia</p> <p>• Enfermedad sintomática: ↔ to ↓: Sinovac- CoronaVac (1)</p> <p>Infección: No evidencia</p>	<p>↔ to ↓: Pfizer BioNTech-Comirnaty, (12), 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: ↔ to ↓: 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>↔: Janssen-Ad.COV 2.5 (1)</p> <p>↓: Anhui ZL-Recombinant (1), AstraZeneca-Vaxzevria (2), Bharat-Covaxin (1), Moderna- mRNA-1273 (2), SII – Covishield (1)</p> <p>↓ to ↓↓: Pfizer BioNTech-Comirnaty (6)</p> <p>↓ to ↓↓↓: Sinovac-CoronaVac (2)</p>

Las flechas indican 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 se dispone de más de un estudio de neutralización, se utilizó el rango intercuartil (percentiles 25 y 75) de reducciones de veces en todos los estudios para una vacuna / variante específica. El número de estudios se muestra entre paréntesis. "Moderna-mRNA-1273 / Pfizer BioNTech-Comirnaty" indica que ambas vacunas se evaluaron juntas en el estudio. Disponible en: <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-19-6-july-2021); [Weekly epidemiological update on COVID-19 - 20 July 2021 \(who.int\)](https://www.who.int/publications/m/item/weekly-epidemiological-update-on-covid-19-20-july-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 27 de Julio 2021.**



**Tabla 3 - En la siguiente tabla se muestran las VOI en investigación al 27 de Julio 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)