

COVID-19

**SITUACIÓN ACTUAL
NUEVAS VARIANTES
SARS-CoV-2**

INFORME TÉCNICO

JUNIO 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

SUBSECRETARIA DE MEDICAMENTOS E INFORMACIÓN ESTRATÉGICA

BIOQ. GASTÓN MORÁN

DIRECTORA NACIONAL DE EPIDEMIOLOGÍA E INFORMACIÓN ESTRATÉGICA

DRA. ANALÍA REARTE

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

MGTER. PASCUAL FIDELIO

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

BIOQ. VIVIANA MOLINA

EQUIPO TECNICO DE REDACCIÓN DEL INFORME:

CARLA VOTO¹

ELSA BAUMEISTER²

JOSEFINA CAMPOS³

CARLOS GIOVACCHINI⁴

EQUIPO TECNICO DE REGISTRO Y TRATAMIENTO DE DATOS:

MARIA PIA BUYAYISQUI¹

ALEXIA ECHENIQUE¹

MICAELA GAUTO⁵

LUCIA BARTOLOMEU⁵

MARÍA BELEN MARKIEWICZ¹

GEORGINA MARTINO¹

MARIANA MAURIÑO¹

¹ Área de Vigilancia, Dirección de Epidemiología.

² Servicio de Virosis Respiratorias, INEI-ANLIS.

³ Plataforma genómica y bioinformática, INEI-ANLIS.

⁴ Dirección de Epidemiología.

⁵ Residencia de Epidemiología, Dirección de Epidemiología.

El siguiente apartado fue redactado con la información producida en el marco de la vigilancia genómica de SARS CoV-2, en base a datos registrados en el Sistema Nacional de Vigilancia de la Salud de casos secuenciados por el INEI-ANLIS⁶.

SITUACIÓN ACTUAL NUEVAS VARIANTES 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 dos categorías para hablar de variantes de SARS-CoV-2:

Variante de interés ó Variant of Interest (VOI) y Variante prioritarias ó Variant of Concern (VOC).

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 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 tests diagnósticos, las vacunas o los tratamientos.

A la fecha hay 4 variantes clasificadas actualmente como prioritarias (VOC). A partir del 31 Mayo con una nueva nomenclatura global definida por la OMS⁷:

- 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 7 variantes clasificadas como de interés (VOI):

- Eta: B.1.525

⁶ Se seleccionaron los casos secuenciados por el INEI-ANLIS por 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.

⁷ <https://www.who.int/activities/tracking-SARS-CoV-2-variants>

- Epsilon: B.1.427/ B.1.429
- Zeta: B.1.1.28.2, alias P.2
- Theta: B.1.1.28.3, alias P.3
- Iota: B.1.526 con E484K o S477N
- Kappa: B.1.617.1
- Lambda (C.37)

El linaje C.37, derivado del B.1.1.1, o variante Andina que ha sido monitoreada desde principio de 2021, ha sido clasificado como VOI por la OMS y denominado Lambda debido a su evidencia de continua emergencia y posibles implicancias fenotípicas.

Ha emergido en la Región Andina, mayormente en Chile (31% de prevalencia desde su reporte), Perú (9%) y Ecuador (8%), siendo identificada en Chile en la SE 44/2020 y ya ha comenzado a circular por diferentes países como transmisión comunitaria y asociada a un aumento de la incidencia de COVID-19.

La secuencia más antigua reportada es de Perú de una muestra de Agosto de 2020. Hasta el 15 de Junio de 2021, 1730 secuencias han sido reportadas en GISAID de 29 países en las 5 regiones de OMS.

Hasta la SE24, en el Laboratorio Nacional de Referencia, INEI ANLIS-Malbrán, se han identificado 168 muestras positivas para COVID-19 del linaje B.1.1.1 con las mutaciones descritas para C.37, de 1325 muestras secuenciadas. La primera detección fue realizada en una muestra remitida por CABA con fecha de toma de muestra 08/11/2020.

Lambda tiene una constelación de mutaciones con posibles implicancias fenotípicas, como aumento de la transmisibilidad y posible aumento de la resistencia a la neutralización de anticuerpos. Las mutaciones características en la proteína “Spike” de esta variante son: G75V, T76I, del247/253, L452Q, F490S, D614G y T859N. Sin embargo, aún hay evidencia limitada del impacto de estos cambios genómicos y se requieren nuevos estudios robustos para entender el impacto de los mismos.

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

Desde el mes de enero del 2021 hasta el 14 de Junio, se han secuenciado en el Instituto Nacional de Enfermedades Infecciosas (INEI-ANLIS) 1325 muestras incluyendo la vigilancia en viajeros, en cuadros graves inusitados, personas vacunadas y vigilancia regular de variantes circulantes.

Vigilancia genómica en viajeros internacionales⁸:

Se realizó la secuenciación genómica de 248 muestras de viajeros que ingresaron al país y que tuvieron resultados positivos, desde el mes de enero hasta el 14/06.

En 89 casos se halló la variante de preocupación (VOC) Gamma (20J/501Y.V3, linaje P.1, originalmente detectada en Manaus) y en 55 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 Beta (linaje B.1.351, originalmente detectada en Sudáfrica) en un viajero proveniente de España. Respecto a la VOC Delta (linaje

⁸ Sujeto a modificaciones por la actualización de los antecedentes epidemiológicos de los casos.

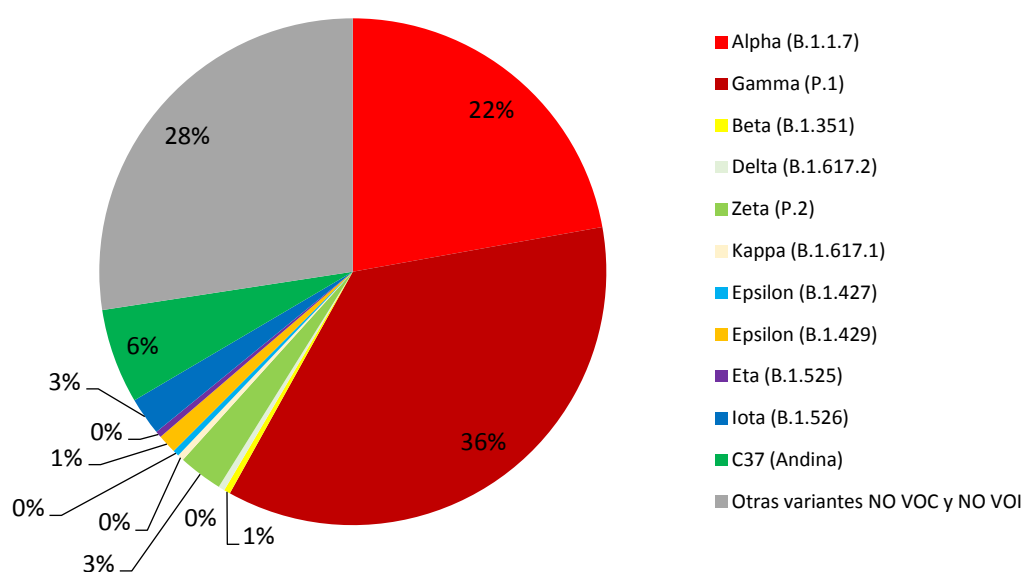
B.1.617.2 reportada originalmente en India), se identificó 1 caso y de la VOI Kappa (linaje B.1.617.1) también se identificó 1 caso, ambos en viajeros provenientes de Francia.

En 15 casos se aisló la VOI Lambda (linaje C.37, derivada de B.1.1.1).

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

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, Bangladesh, Panamá y Paraguay.

Gráfico 1: Distribución porcentual de muestras correspondientes a variantes prioritarias y no prioritarias en viajeros. n= 248



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

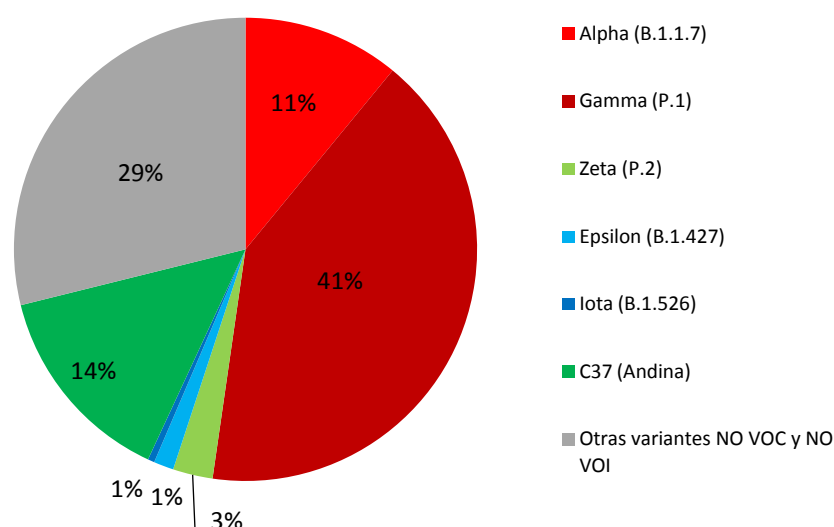
VIGILANCIA GENÓMICA DE SARS COV-2 EN PERSONAS SIN ANTECEDENTES DE VIAJE NOTIFICADAS AL SNVS.2.0⁹

Se registraron al SNVS.2.0 1077 muestras analizadas en personas sin antecedentes de viaje a destino internacional, 445 correspondieron a variante Gamma (VOC 20J/501Y.V3, linaje P.1), 118 correspondieron a la variante Alpha (VOC 20I/501Y.V1, linaje B.1.1.7), 30 casos a la variante Zeta (VOI 20B/S.484K, linaje P.2, originalmente detectada en Brasil), 15 a la variante Epsilon (21C/452R.V1, linaje B.1.427, originalmente detectada en California), 5 casos a la variante Iota (21F/253G.V1, linaje B.1.526), en 153 casos se aisló la VOI Lambda (linaje C.37 derivada del B.1.1.1); las restantes 311 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.

Gráfico 2: Distribución porcentual de muestras correspondientes a variantes prioritarias y no prioritarias en no viajeros. Total País. Acumulado a SE24. n= 1077.

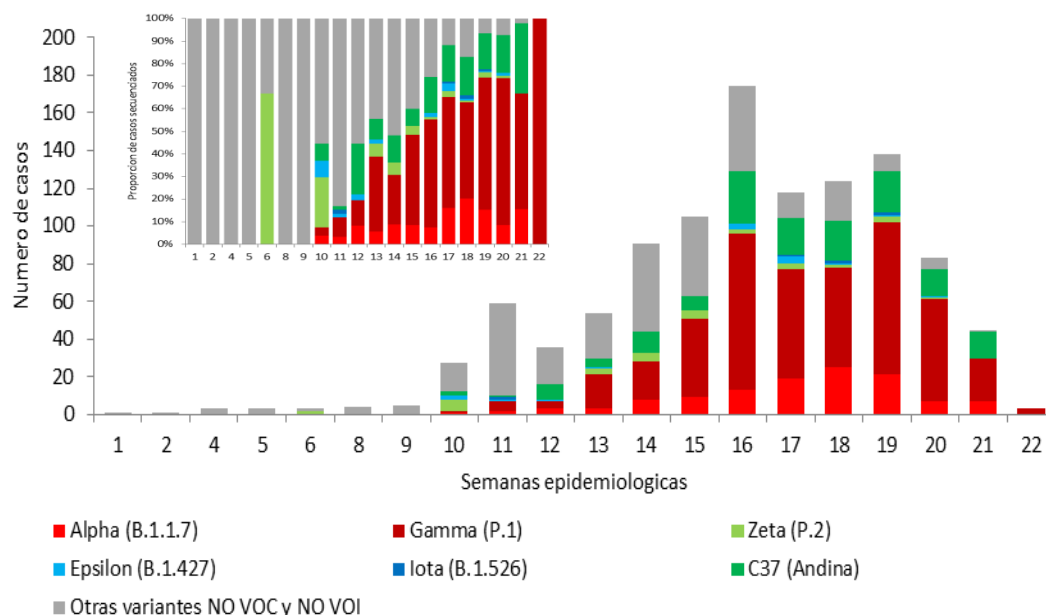
⁹ Sujeto a modificaciones por la actualización de los antecedentes epidemiológicos de los casos.



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

Como puede observarse, para el total país del total de las muestras secuenciadas cerca del 52% correspondieron a variantes de preocupación, 14% a la VOI Lambda (linaje C.37 derivada de B.1.1.1), 5% a otras variantes de interés y el resto corresponden a otras variantes no VOC ni VOI.

Gráfico 3: Distribución porcentual de muestras correspondientes a variantes prioritarias y no prioritarias en no viajeros según SE de fecha de toma de muestra. Acumuladas a SE24. Total país.

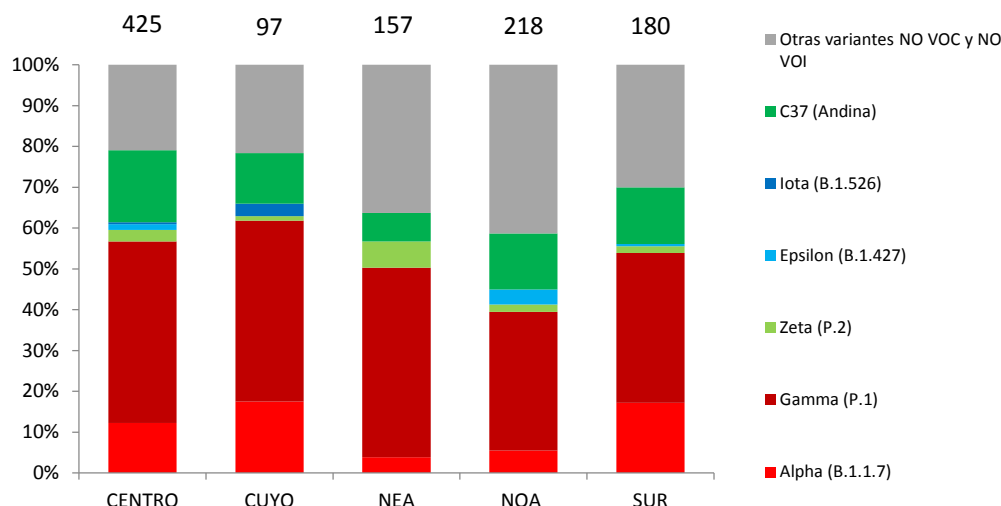


Fuente: Sistema Nacional de Vigilancia de la Salud (SNVS)

Puede observarse que 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 B.1.1.1) también continúa en ascenso en el periodo

analizado mientras que para otras variantes no VOC y no VOI, a la fecha, se observa un descenso en las detecciones tanto en números absolutos como relativos.

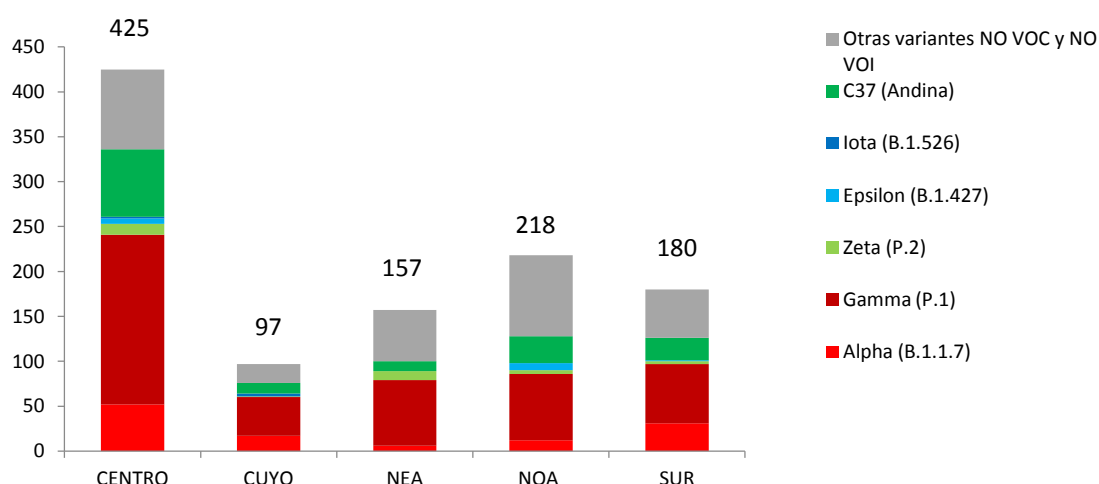
Gráfico 3: Distribución relativa de muestras correspondientes a variantes prioritarias y no prioritarias en no viajeros por Región del País. Acumulados a SE24. n= 1077



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

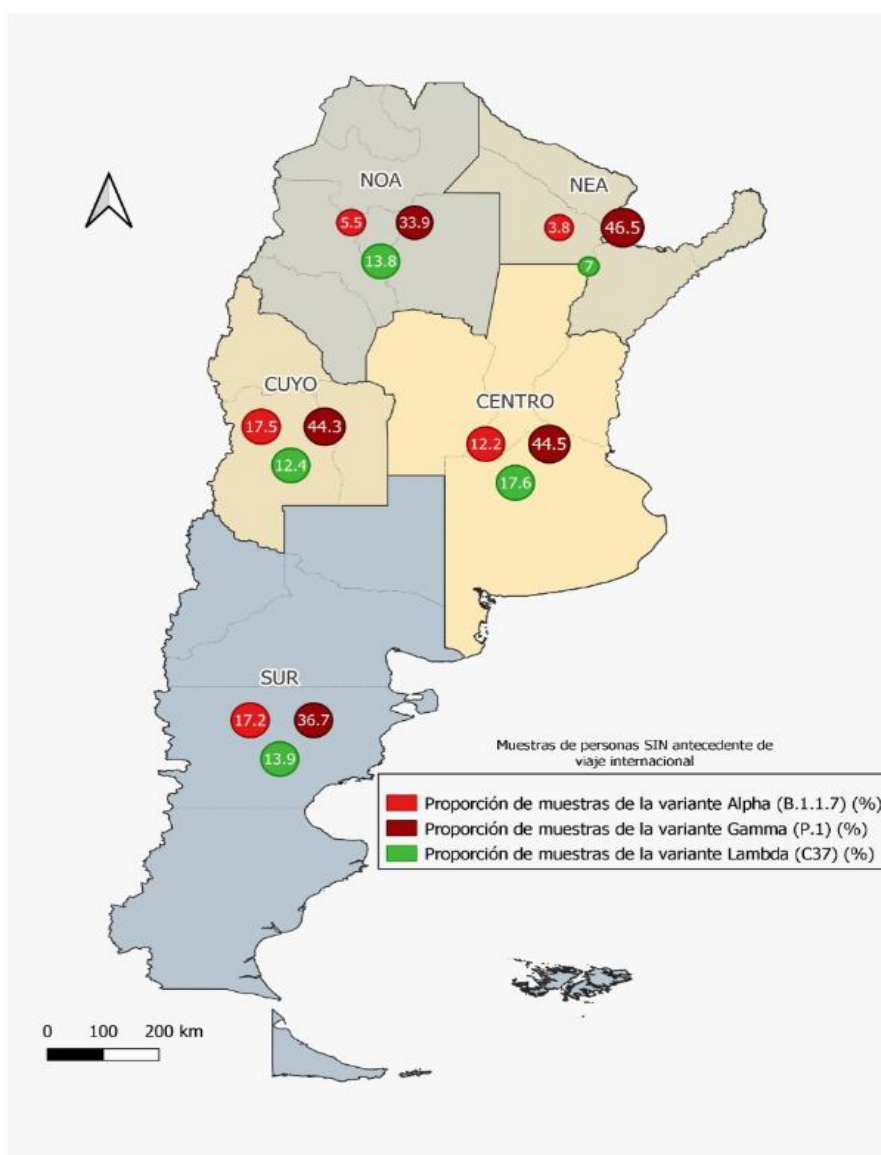
La distribución de variantes prioritarias y no prioritarias difiere según la región del país. En la región Centro, Cuyo y Sur puede observarse que la proporción de variantes prioritarias es superior al resto de las regiones hasta el momento. En la región NOA y NEA la proporción de variantes prioritarias alcanza entre un 40 a 50% entre las muestras secuenciadas y registradas al SNVS.2.0.

Gráfico 4: Distribución absoluta de muestras correspondientes a variantes prioritarias y no prioritarias en no viajeros por Región del País. Acumuladas a SE24. n= 1077



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

Gráfico 5: Distribución 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 a SE24.



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^{2.0} para el total país.¹⁰

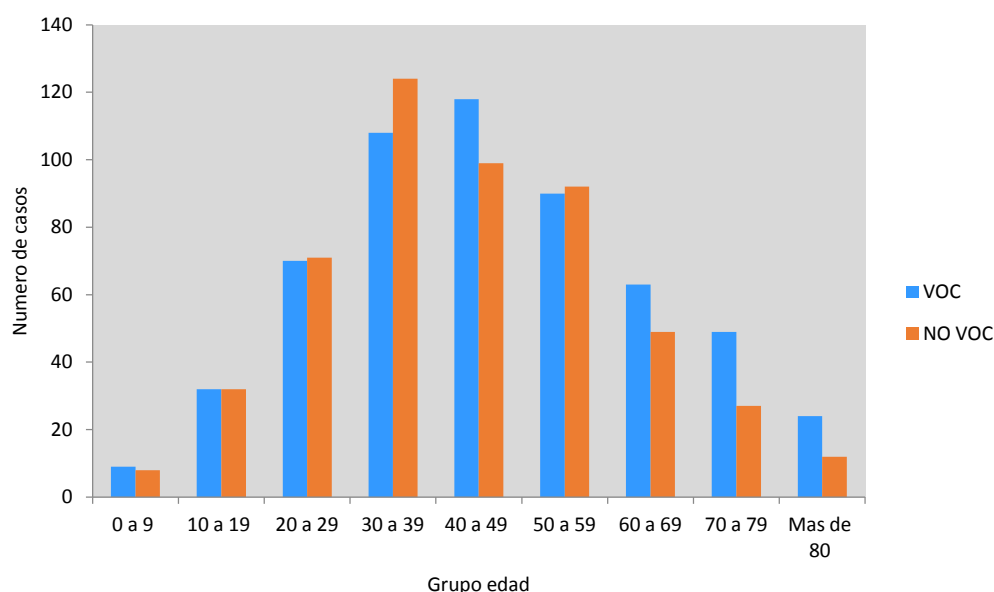
Desde el mes de enero del 2021 hasta el 14 de Junio, se han registrado al Evento de Vigilancia Genómica 1077 muestras analizadas por secuenciación genómica incluyendo la vigilancia regular de variantes circulantes, cuadros graves inusitados,

¹⁰ Sujeto a modificaciones en la medida en que se aporte nueva información al sistema para el período analizado.

personas vacunadas y casos sospechosos de reinfección. Del total de muestras notificadas, 563 se corresponden con variantes prioritarias (VOC) y 514 son variantes no prioritarias (VOI y Otras variantes).

La mediana de edad para el total de los casos secuenciados es de 42 años¹¹. En cuanto a la distribución por grupo de edad se observa que los casos en los que se detectaron VOC corresponden al grupo de 40-49 años en primer lugar y de 30-39 años en segundo lugar. Los casos en los que se detectaron variantes no prioritarias pertenecen en mayor número al grupo de edad de 30-39 años. (Grafico 1)

Grafico 1: Distribución por grupo edad de casos secuenciados con detección de VOC y no VOC para el total país. (n=1077)



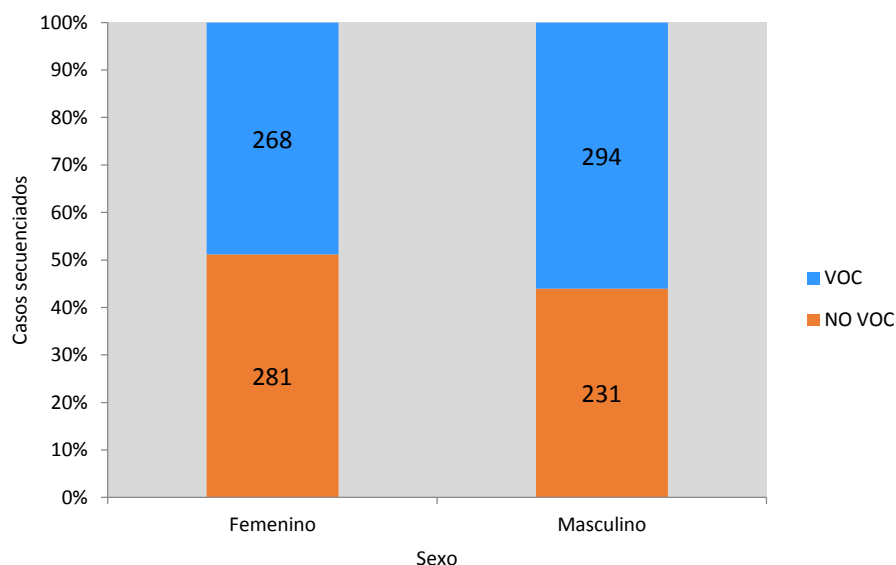
Fuente: Sistema Nacional de Vigilancia de la Salud (SNVS)

En cuanto a la distribución por sexo de los casos secuenciados, se analizaron 549 casos en mujeres y 525 en hombres¹². Entre las mujeres, 268 casos (49%) corresponden a variantes prioritarias y 281 casos (51%) a variantes no prioritarias. Respecto a los hombres, en 294 (56%) casos se detectan variantes prioritarias y en 231 casos (44%) variantes no prioritarias. (Grafico 2)

Grafico 2: Distribución por sexo de casos secuenciados con detección de VOC y no VOC para el total país. (n=1074)

¹¹ 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.

¹² Hay 3 casos con sexo indeterminado: 1 caso con detección de VOC y 2 casos con detección de no VOC



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

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

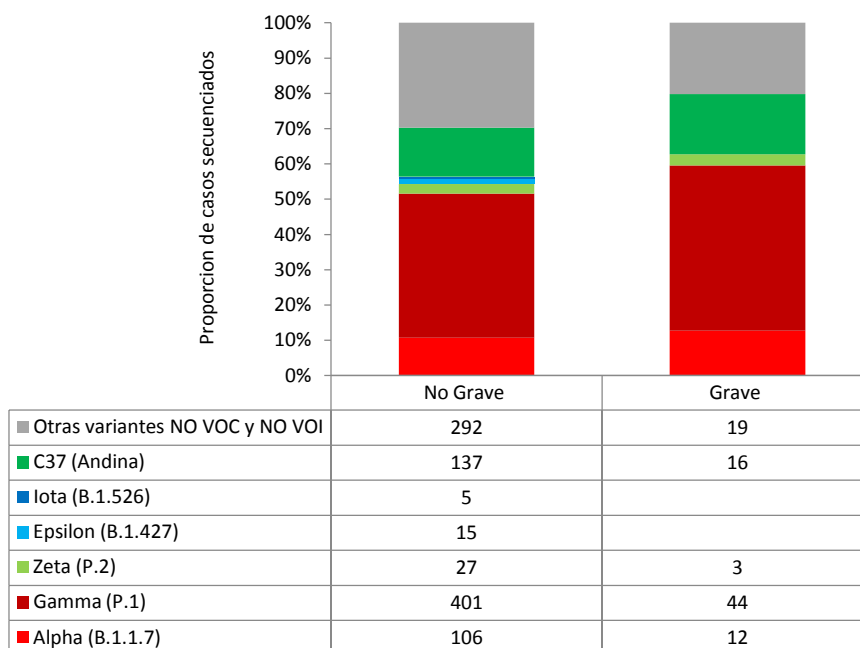
Del total de casos secuenciados, se registraron al SNVS^{2.0}, 94 casos con evolución grave y 983 casos sin criterio de gravedad¹³.

En cuanto a la distribución de variantes prioritarias, en los casos graves 44 (47%) corresponden a la variante Gamma (VOC 20J/501Y.V3, linaje P.1) y 12 (13%) a la variante Alpha (VOC 20I/501Y.V1, linaje B.1.1.7) mientras que en los casos no graves, 401 (41%) corresponden a la variante Gamma (VOC 20J/501Y.V3, linaje P.1) y 106 (11%) a la variante Alpha (VOC 20I/501Y.V1, linaje B.1.1.7). En el periodo analizado, tanto la proporción de la variante Gamma (P.1) como Alpha (B.1.1.7) es mayor para los casos graves que para aquellos sin criterio de gravedad.

Respecto a la distribución de la VOI Lambda (linaje C.37 derivada de B.1.1.1), se detectan 16 (17%) casos graves y 137 (14%) casos con evolución no grave, siendo algo superior en el primer grupo. (Gráfico 3).

Gráfico 3: Distribución porcentual de variantes en casos secuenciados según criterio de gravedad para el total país. (n=1077).

¹³ 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.



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

Hacia la SE24, se estudiaron por secuenciación genómica un total de 433 casos con antecedente de vacunación para SARS-CoV-2, 174 casos luego de la aplicación de la primera dosis de vacuna y 259 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 inmunización¹⁴.

Entre 710 casos estudiados no inmunizados un 41.7% corresponde a la variante Gamma (VOC 20J/501Y.V3, linaje P.1), 9.3% a Alpha (VOC 20I/501Y.V1, linaje B.1.1.7), 11% a la variante Lambda (C.37 derivada de B.1.1.1), 4.5% a otras variantes de interés y un 33.4% a otras variantes no VOC y no VOI.

En los 140 casos considerados inmunizados, un 38.6% corresponde a la variante Gamma (VOC 20J/501Y.V3, linaje P.1), 20.7% a Alpha (VOC 20I/501Y.V1, linaje B.1.1.7), 23% a la variante Lambda (C.37 derivada de B.1.1.1), 2.14% a otras variantes de interés y 15.7% a otras variantes no VOC y no VOI.

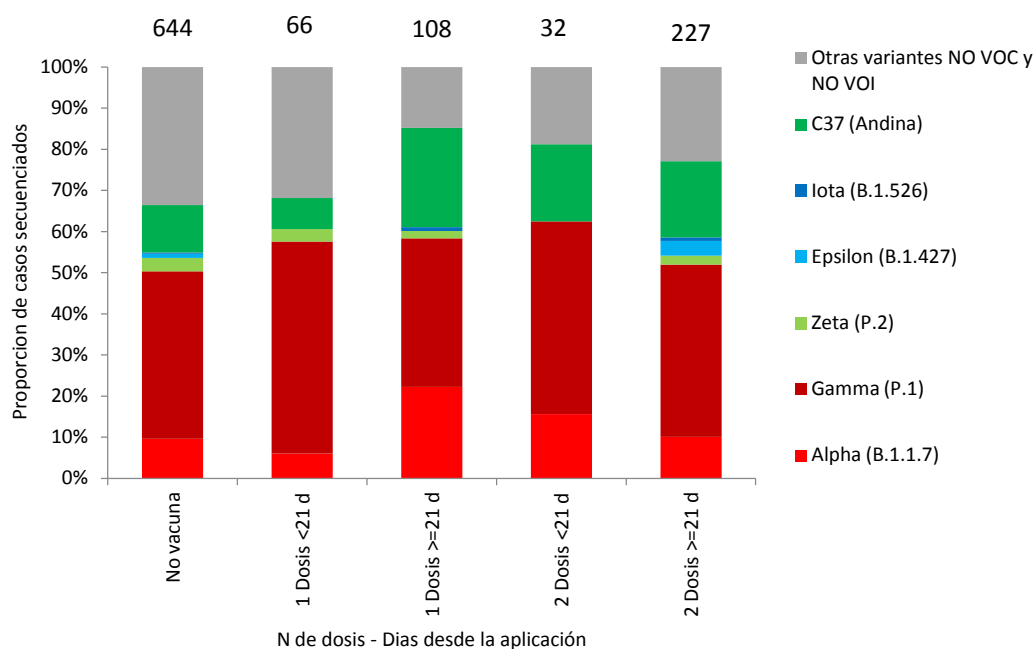
¹⁴ Se consideran **inmunizados** a los casos en personas que han recibido la primera dosis de vacuna y hayan pasado al menos 21 días desde la fecha de vacunación y la fecha de toma de muestra.

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 227 casos, un 41.8% corresponde a la variante Gamma (VOC 20J/501Y.V3, linaje P.1), 10% a Alpha (VOC 20I/501Y.V1, linaje B.1.1.7), 18.5% a la variante Lambda (C.37 derivada de B.1.1.1), 6.6% a otras variantes de interés y un 23% a otras variantes no VOC y no VOI.

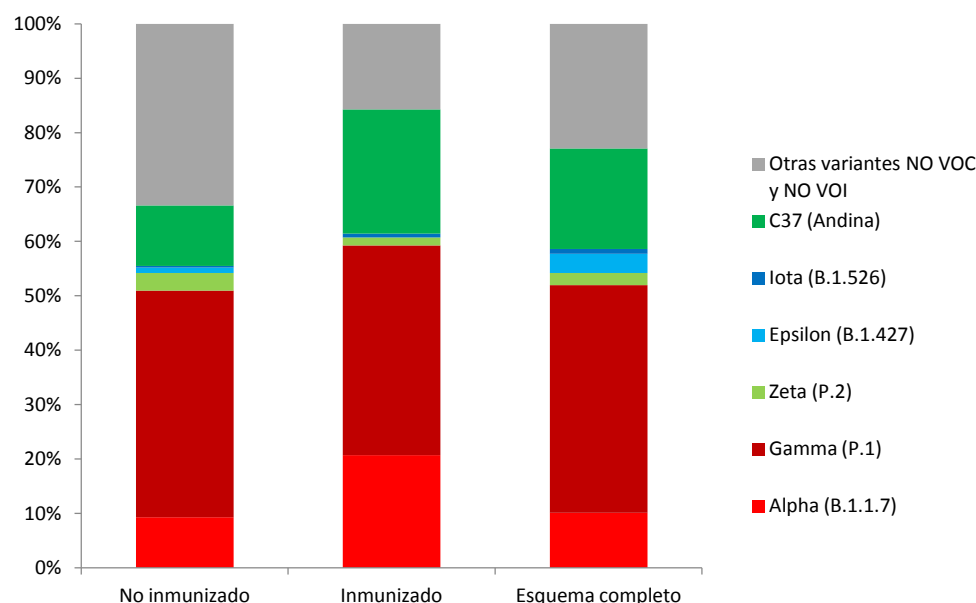
La distribución de la proporción de variantes prioritarias es de 51% para los casos no inmunizados y 59% para los inmunizados, mientras que en los casos con esquema completo de vacunación la proporción de VOC es de 52%. **(Grafico 4 y Grafico 5).**

Grafico 4: Distribución porcentual de variantes en casos secuenciados según número de dosis de vacuna y tiempo transcurrido desde la aplicación para el total país hacia SE24.



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

Grafico 4: Distribución porcentual de variantes en casos secuenciados según condición de inmunización para el total país hacia SE24¹⁵.



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

Del total de 433 casos con secuenciación genómica y antecedente de vacunación para SARS-CoV-2, se registraron al SNVS.2.0 32 fallecimientos, 9 casos en personas no inmunizadas, 21 en inmunizados y 1 caso con esquema completo de vacunación.¹⁶

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

Linaje	No inmunizado	Inmunizado	Esquema completo
Alpha (B.1.1.7)		4	
Gamma (P.1)	6	4	
Zeta (P.2)	1	9	
C37 (Andina)	2	3	1
Otras variantes NO VOC y NO VOI	1	1	
Total general	10	21	1

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

¹⁵ 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.

¹⁶ Casos con antecedente de vacunación para SARS-CoV-2 con registro de fallecimiento al SNVS.2.0

SITUACIÓN INTERNACIONAL

En las Tabla 1 y 2 se muestran las variantes VOI y VOC definidas por OMS al 15 de Junio de 2021.

Tabla 1 - Variantes de preocupación (VOC)

WHO	Alpha	Beta	Gamma	Delta
CLADO NEXTSTRAIN	20I (V1)	20H (V2)	20J (V3)	21A
CLADO GISAID	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-Súfrica	BR-Manaos	India
Muestra más antigua detectada	20 SEP 2020	MAY 2020	NOV 2020	OCT 2020
Mutaciones importantes en la "S"	Deleción H69/V70; deleción Y144; N501Y; A570D; D614G, P681H, T716I, S982A, D1118H	Deleción 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)
Transmisibilidad	Aumento de la transmisibilidad, aumento de la tasa de	Aumento de la transmisibilidad	Aumento de la transmisibilidad	Aumento de la transmisibilidad, aumento de la tasa de ataque

	ataque secundaria			secundaria
Severidad de la enfermedad	No confirmada, posible aumento de riesgo de hospitalización, severidad y mortalidad	No confirmada, posible aumento de riesgo de mortalidad en hospitalizaciones	No confirmada, posible aumento de riesgo de mortalidad en hospitalizaciones	No confirmada, posible aumento de riesgo de mortalidad en hospitalizaciones
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

Tabla 2- VOC definidas por OMS y su impacto en vacunas

	Impacto en efectividad/ eficacia de las vacunas	Impacto en la capacidad de neutralización por vacunas
Alpha	Se mantiene protección o mínima reducción: Enfermedad severa (Pfizer-BioNTech) Enfermedad sintomática (Astra Zeneca, Novavax-	Sin o mínima pérdida: Bharat-Covaxin, SputnikV, Moderna, Novavax-Covavax, Pfizer-BioNTech, Beijing CNBG, Sinovac-CoronaVac Mínima o moderada pérdida: Astra Zeneca

	Covavax, Pfizer-BioNTech) Infección: Pfizer BioNTech Infección asintomática: Pfizer-BioNTech. Se observó inconclusa o moderada o sustancial pérdida en una muestra limitada: Astra Zeneca	
Beta	Protección o mínima reducción, con evidencia limitada: Enfermedad severa: se mantiene (Pfizer-BioNTech, Janssen Ad26.COV 2.5) Enfermedad moderada: se mantiene (Janssen), con pérdida moderada (Novavax-Covavax), se observó inconclusa o moderada o sustancial pérdida en una muestra limitada: Astra Zeneca Infección: pérdida moderada (Pfizer-BioNTech) Infección asintomática: sin evidencia	Sin o mínima pérdida: Beijing CNBG, Sinovac-CoronaVac, Anhui ZL Mínima a sustancial pérdida: Moderna, Pfizer Moderada a sustancial pérdida: Astra Zeneca, Sputnik V, Janssen, Novavax-Covavax
Gamma	Protección similar contra la enfermedad, evidencia limitada en sólo una vacuna: Igual o mínima pérdida en enfermedad sintomática e infección: Sinovac-CoronaVac	Sin o mínima pérdida: Astra Zeneca, Vaxzevria, Sinovac-Coronavac Pérdida mínima o moderada: Moderna, Pfizer-BioNTech
Delta	Protección similar contra la enfermedad, evidencia limitada en sólo dos vacunas: Igual o mínima pérdida en enfermedad sintomática e infección: Pfizer-BioNTech, Astra Zeneca Pérdida mínima o modesta: <i>única dosis</i> de Pfizer-BioNTech y Astra Zeneca	Pérdida modesta o moderada: Pfizer-BioNTech, Bharat-Covaxin (No se especifica sublinaje de B.1.617) Pérdida sustancial: <i>única dosis</i> Astra Zeneca

Disponible en:

<https://www.who.int/publications/m/item/weekly-epidemiological-update-on-covid-19---25-may-2021>

[Weekly epidemiological update on COVID-19 - 8 June 2021 \(who.int\)](#)

[Weekly epidemiological update on COVID-19 - 15 June 2021 \(who.int\)](#)

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 15 de Junio 2021.

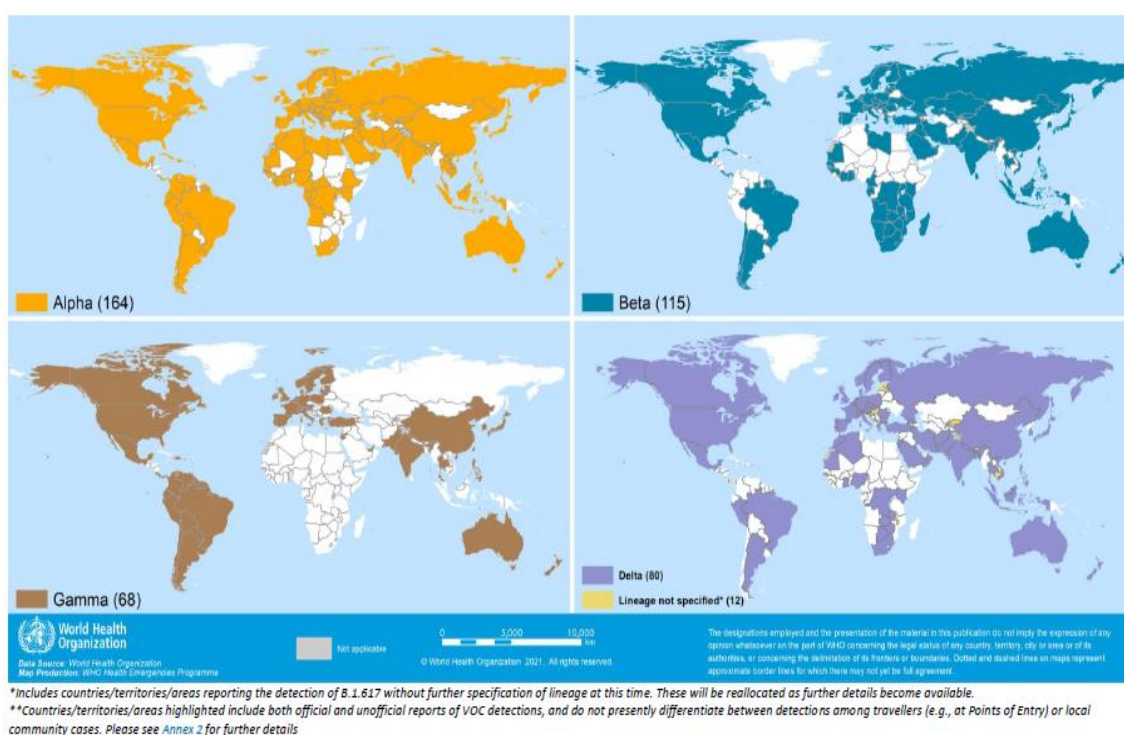


Tabla 2 - En la siguiente tabla se muestran las VOI en investigación al 15 de Junio 2021 según OMS.

WHO	Eta	Epsilon	Zeta	Theta	Iota	Kappa	Lambda
CLADO	21D	21C	20B/S.484K	21E	21F	21B	20D
NEXTSTRAIN							
CLADO GISAID	G/484K.V 3	GH/452R.V 1	GR/484K.V 2	GR/1092K.V 1	GH/253G.V 1	G/452R.V3	GR/452Q.V1
Linaje Pangolin	B.1.525	B.1.427/ B.1. 429	B.1.1.28.2, alias P.2	B.1.1.28.3 alias P.3	B.1.526 (E484K o S477N)	B.1.617.1	C.37
Nombres alternativos		CAL.20C/ L452R		PHL- B.1.1.28			

Detectada inicialmente	Multiples países	EEUU	Brasil	Filipinas	EEUU	India	Peru
Muestra más antigua detectada	DIC 2020	MARZ 2020	ABR 2020	ENE 2021	NOV 2020	OCT 2020	AGO 2020
Mutaciones importantes en la “S”	Q52R, A67V, del69/70, del144, E484K, D614G, Q677H, F888L	S13I, W152C, L452R, D614G	E484K, D614G, V1176F	141/143del, E484K, N501Y, D614G, P681H, E1092K, H1101Y, V1176F	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