COVID-19

SITUACIÓN ACTUAL NUEVAS VARIANTES SARS-CoV-2

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

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 VOTO[1]
ELSA BAUMEISTER[2]
JOSEFINA CAMPOS[3]
CARLOS GIOVACCHINI[4]

EQUIPO TECNICO DE REGISTRO Y TRATAMIENTO DE DATOS:

MARIA PIA BUYAYISQUI[1]
ALEXIA ECHENIQUE[1]
MICAELA GAUTO[5]
LUCIA BARTOLOMEU[5]
MARÍA BELEN MARKIEWICZ[1]
GEORGINA MARTINO[1]
MARIANA MAURIÑO[1]

---

[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 Epidemiologia, Dirección de Epidemiología.

El siguiente apartado fue redactado con la información producida en el marco de la vigilancia genómica de SARS CoV-26, en base a datos registrados en el Sistema Nacional de Vigilancia de la Salud de casos secuenciados por el INEI-ANLIS[7].

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 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 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 OMS[8]:

- 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)

[6] 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.
[7] 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.
[8] https://www.who.int/activities/tracking-SARS-CoV-2-variants

A la fecha hay 7 variantes clasificadas como de interés (VOI):

- Eta: B.1.525
- 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)

A la fecha de realización de este informe, 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 y analizados como tales, fueron reclasificados por OMS en el transcurso de la SE27 como Variantes bajo monitoreo. (Información disponible en Tracking SARS-CoV-2 variants (who.int)). Se actualizara en informes subsiguientes.

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 SE27, en el Laboratorio Nacional de Referencia, INEI ANLIS-Malbrán, se han identificado 281 muestras positivas para COVID-19 del linaje B.1.1.1 con las mutaciones descriptas para C.37, de 1830 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 5 de Julio, se han secuenciado en el Instituto Nacional de Enfermedades Infecciosas (INEI-ANLIS) 1830 muestras incluyendo la vigilancia en viajeros, en cuadros graves inusitados, personas vacunadas y vigilancia regular de variantes circulantes.

Vigilancia genómica en viajeros internacionales[9]:

Se realizó la secuenciación genómica de 266 muestras de viajeros que ingresaron al país y que tuvieron resultados positivos, desde el mes de enero hasta el 5/07.

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

En 97 casos se halló la variante de preocupación (VOC) Gamma (20J/501Y.V3, linaje P.1, originalmente detectada en Manaos) y en 59 casos Alpha (VOC 20I/501Y.V1, linaje B.1.1.7, originalmente detectada en Reino Unido).

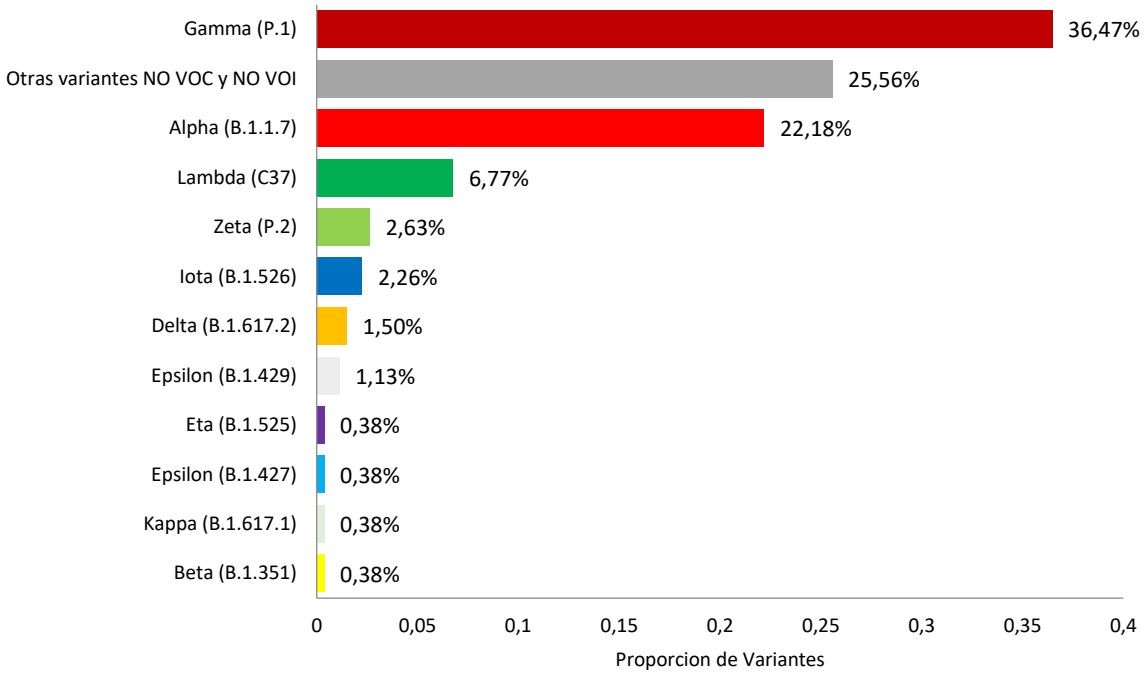
A la fecha de redacción de este informe, fue registrado un caso de la VOC Beta (linaje B.1.351, originalmente detectada en Sudáfrica) en un viajero proveniente de España. Respecto a la VOC Delta (linaje B.1.617.2 reportada originalmente en India), se identificaron 4 casos en viajeros, 1 de ellos proveniente de Francia, 1 de España y 2 de EE.UU. Se identificó además 1 caso de la VOI Kappa (linaje B.1.617.1) en un viajero proveniente de Francia.

En 18 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= 266



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

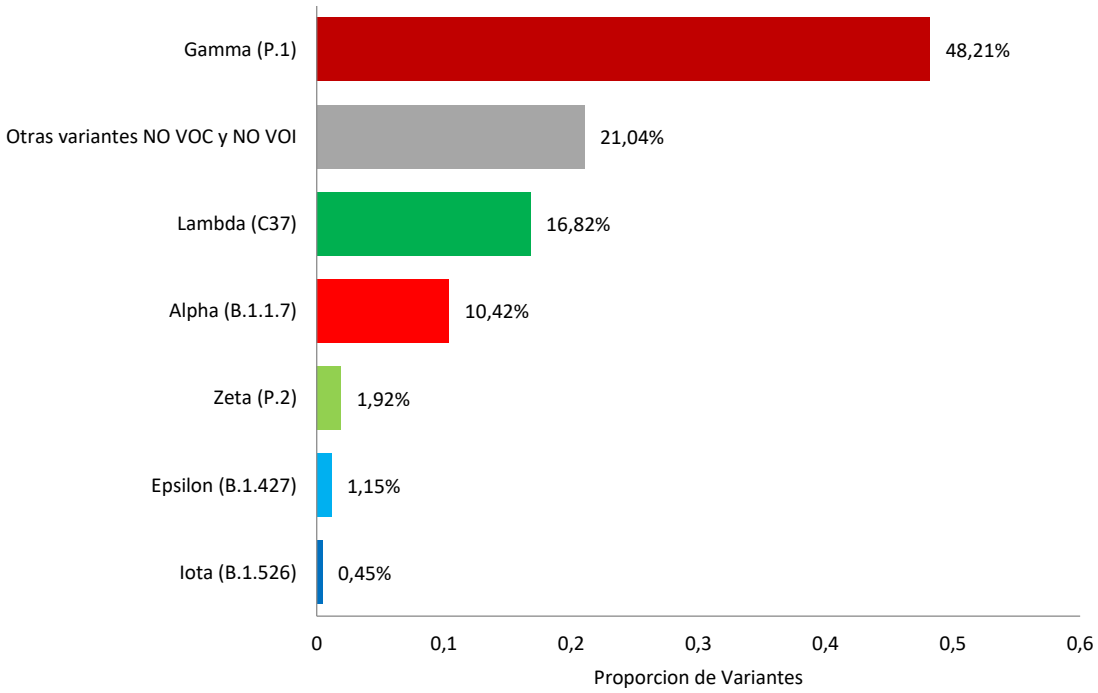
Se registraron al SNVS.2.0 1564 muestras analizadas en personas sin antecedentes de viaje a destino internacional, 754 correspondieron a variante Gamma (VOC 20J/501Y.V3, linaje P.1), 163 correspondieron a la variante Alpha (VOC 20I/501Y.V1, linaje B.1.1.7), 30 casos a la variante Zeta (VOI 20B/S.484K,linaje P.2, originalmente detectada en Brasil), 18 a la variante Epsilon (21C/452R.V1, linaje B.1.427, originalmente detectada en California), 7 casos a la variante Iota (21F/253G.V1, linaje

B.1.526), en 263 casos se aisló la VOI Lambda (linaje C.37 derivada del B.1.1.1); las restantes 329 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 cerca del 58% correspondieron a variantes de preocupación, 16.82% a la VOI Lambda (linaje C.37 derivada de B.1.1.1), 4% a otras variantes de interés y el resto corresponden a otras variantes no VOC ni VOI. (Grafico 2).

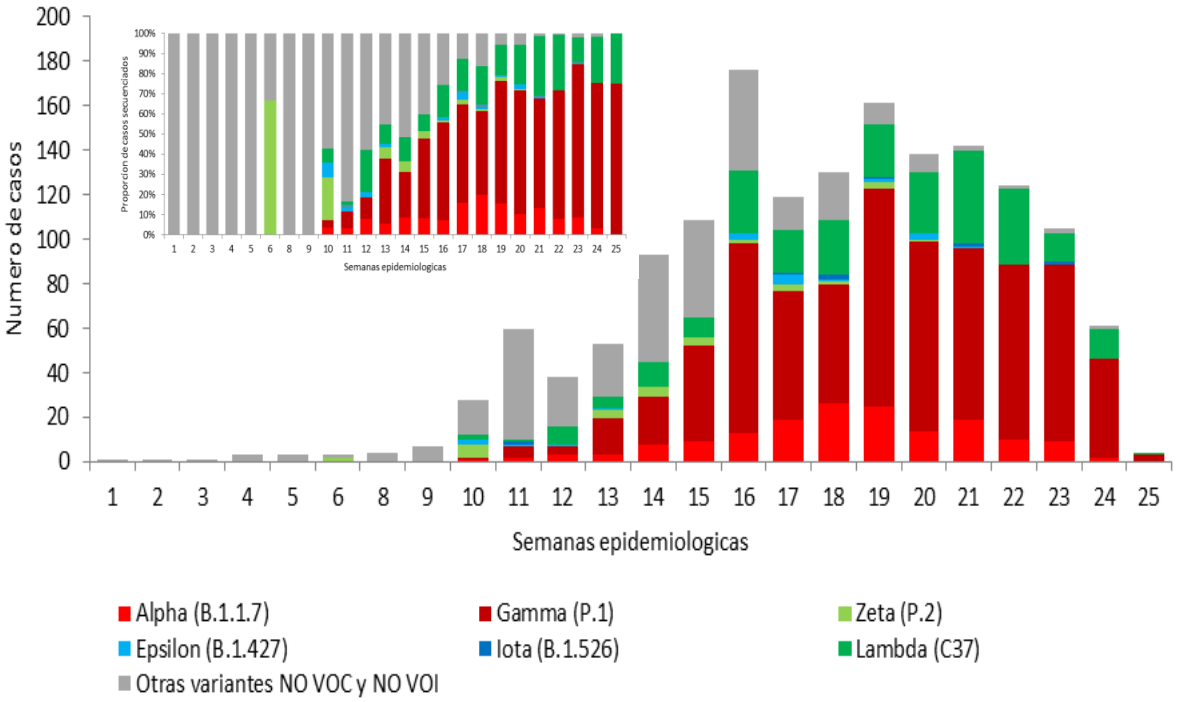
Gráfico 2: Distribución porcentual de muestras correspondientes a variantes prioritarias y no prioritarias en no viajeros. Total País. Acumulado a SE27. n= 1564



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 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. (Grafico 3).

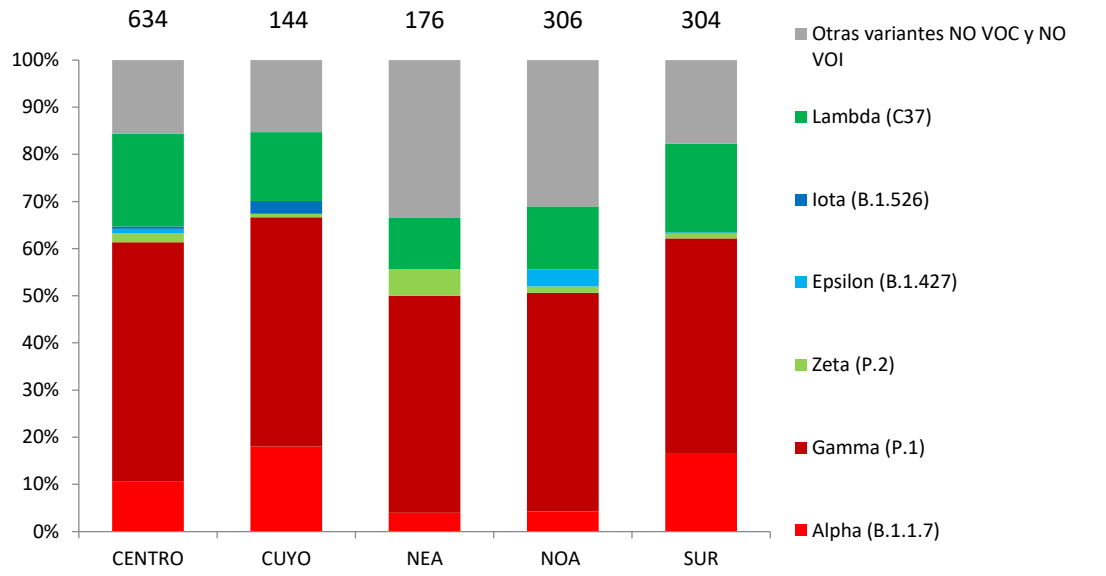
Gráfico 3: Distribución porcentual de muestras correspondientes a variantes prioritarias y no prioritarias en no viajeros según SE de fecha de toma de muestra. Acumuladas a SE27. Total país.



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

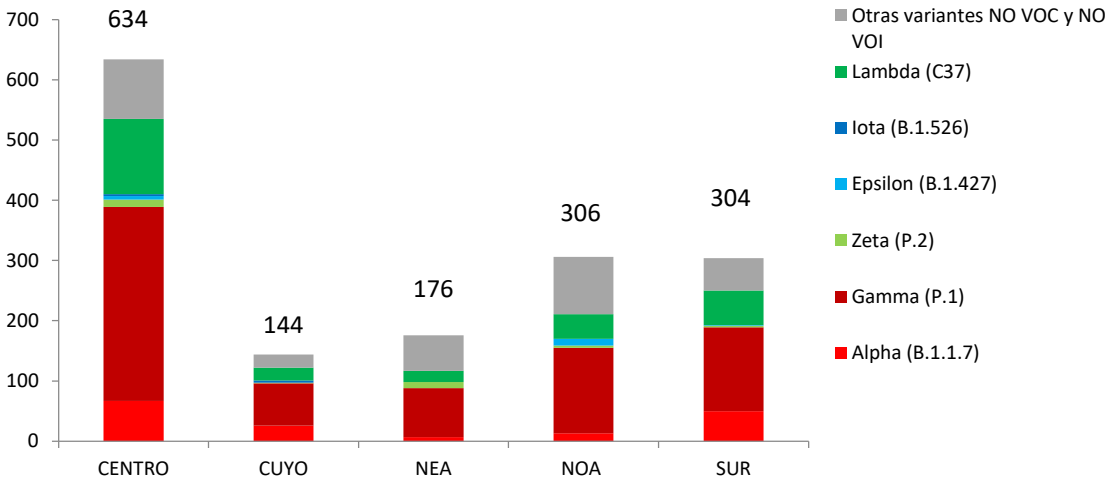
La distribución de variantes prioritarias y no prioritarias difiere según la región del país. En la región Centro, Cuyo y Sur puede observarse que la proporción de variantes prioritarias es superior al resto de las regiones hasta el momento, representando alrededor del 60% entre las muestras analizadas por secuenciación genómica y registradas al SNVS.2.0. En la región NOA y NEA la proporción de variantes prioritarias entre las muestras secuenciadas, alcanza un 50% en el periodo analizado. (Grafico 4 y Grafico 5).

Gráfico 4: Distribución relativa de muestras correspondientes a variantes prioritarias y no prioritarias en no viajeros por Región del País. Acumulados a SE27. n= 1564



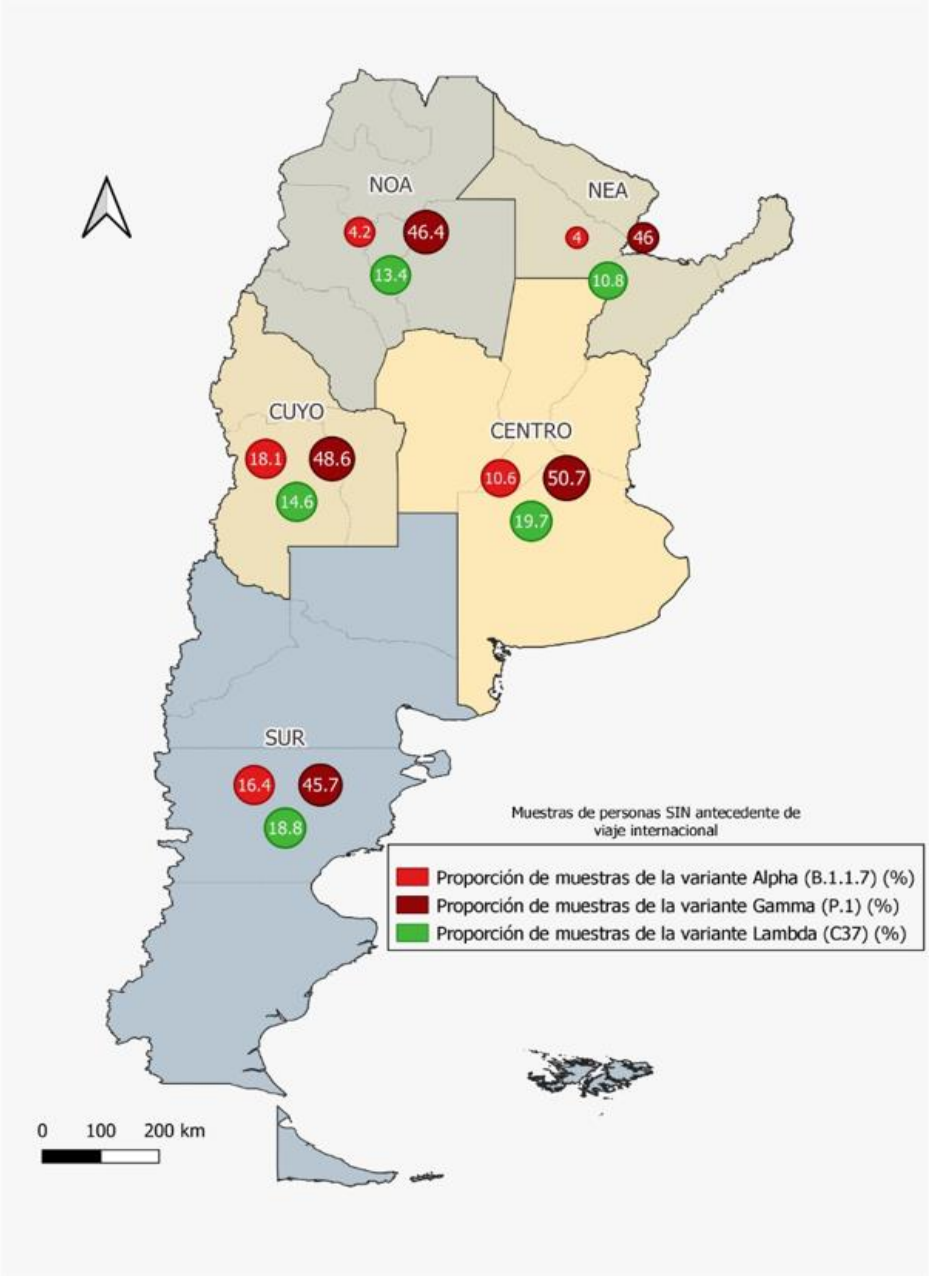
Fuente: Sistema Nacional de Vigilancia de la Salud (SNVS)

Gráfico 5: Distribución absoluta de muestras correspondientes a variantes prioritarias y no prioritarias en no viajeros por Región del País. Acumuladas a SE27. n= 1564



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 a SE27.



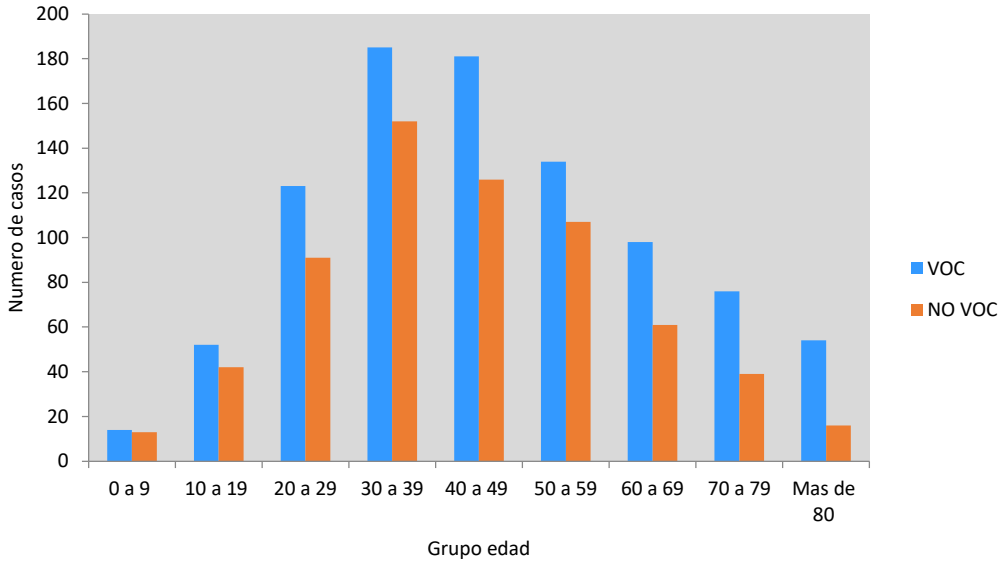
Fuente: Sistema Nacional de Vigilancia de la Salud (SNVS)

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 5 de Julio, se han registrado al Evento de Vigilancia Genómica 1564 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, 917 (59%) se corresponden con variantes prioritarias (VOC) y 647 (41%) son variantes no prioritarias (VOI y Otras variantes).

La mediana de edad para el total de los casos secuenciados es de 42 años[11]. En cuanto a la distribución por grupo de edad se observa que los casos en los que se detectaron VOC corresponden de manera aproximadamente homogénea al grupo de 30-39 años y 40-49 años, siendo algo superior en el primer grupo para el periodo analizado. 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=1564)

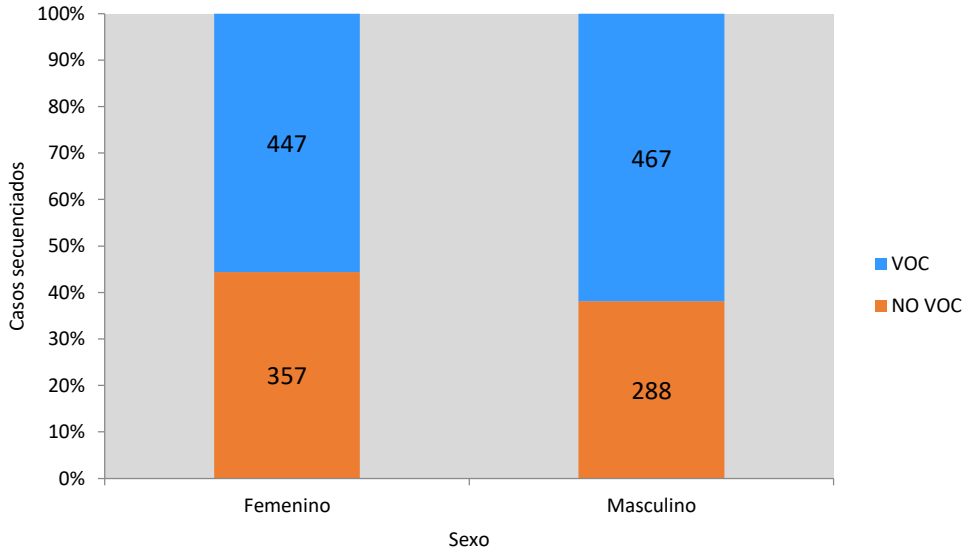


Fuente: Sistema Nacional de Vigilancia de la Salud (SNVS)

En cuanto a la distribución por sexo de los casos secuenciados, se analizaron 804 casos en mujeres y 755 en hombres[12]. Entre las mujeres, 447 casos (55.6%) corresponden a variantes prioritarias y 357 casos (44.4%) a variantes no prioritarias. Respecto a los hombres, en 467 (61.85%) casos se detectan variantes prioritarias y en 288 casos (38.15%) variantes no prioritarias. (Grafico 2)

[10] Sujeto a modificaciones en la medida en que se aporte nueva información al sistema para el período analizado.
[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 5 casos con sexo indeterminado: 3 casos con detección de VOC y 2 casos con detección de no VOC

Grafico 2: Distribución por sexo de casos secuenciados con detección de VOC y no VOC para el total país. (n=1559)



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

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

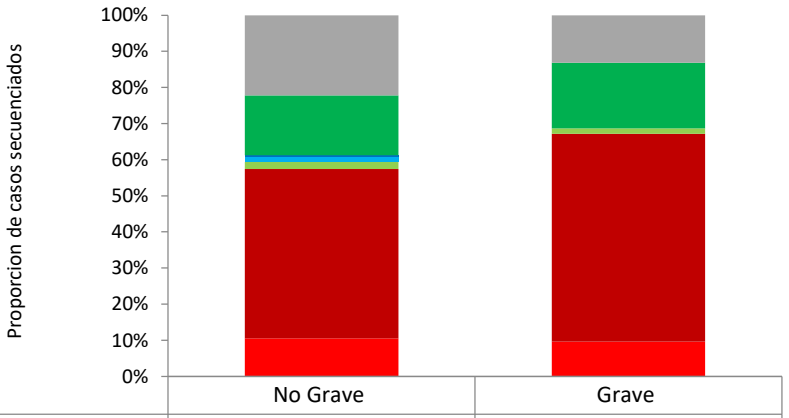
Del total de casos secuenciados, se registraron al SNVS[2.0], 198 casos con evolución grave y 1366 casos sin criterio de gravedad[13].

En cuanto a la distribución de variantes prioritarias, en los casos graves 114 (57.58%) corresponden a la variante Gamma (VOC 20J/501Y.V3, linaje P.1) y 19 (9.6%) a la variante Alpha (VOC 20I/501Y.V1, linaje B.1.1.7) mientras que en los casos no graves, 640 (46.85%) corresponden a la variante Gamma (VOC 20J/501Y.V3, linaje P.1) y 144 (10.54%) 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 aproximadamente homogénea en ambos grupos.

Respecto a la distribución de la VOI Lambda (linaje C.37 derivada de B.1.1.1), se detectan 36 (18.18%) casos graves y 227 (16.6%) casos con evolución no grave, siendo algo superior en el primer grupo. (Grafico 3).

[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.

Grafico 3: Distribución porcentual de variantes en casos secuenciados según criterio de gravedad para el total país. (n=1564).



	No Grave	Grave
Otras variantes NO VOC y NO VOI	303	26
Lambda (C.37)	227	36
Iota (B.1.526)	7	
Epsilon (B.1.427)	18	
Zeta (P.2)	27	3
Gamma (P.1)	640	114
Alpha (B.1.1.7)	144	19

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 SE27, se estudiaron por secuenciación genómica un total de 651 casos con antecedente de vacunación para SARS-CoV-2, 268 casos luego de la aplicación de la primera dosis de vacuna y 383 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[14].

Entre 1002 casos estudiados no inmunizados un 48% corresponde a la variante Gamma (VOC 20J/501Y.V3, linaje P.1), 9.4% a Alpha (VOC 20I/501Y.V1, linaje B.1.1.7), 14.17% a la variante Lambda (C.37 derivada de B.1.1.1), 4% a otras variantes de interés y un 25% a otras variantes no VOC y no VOI.

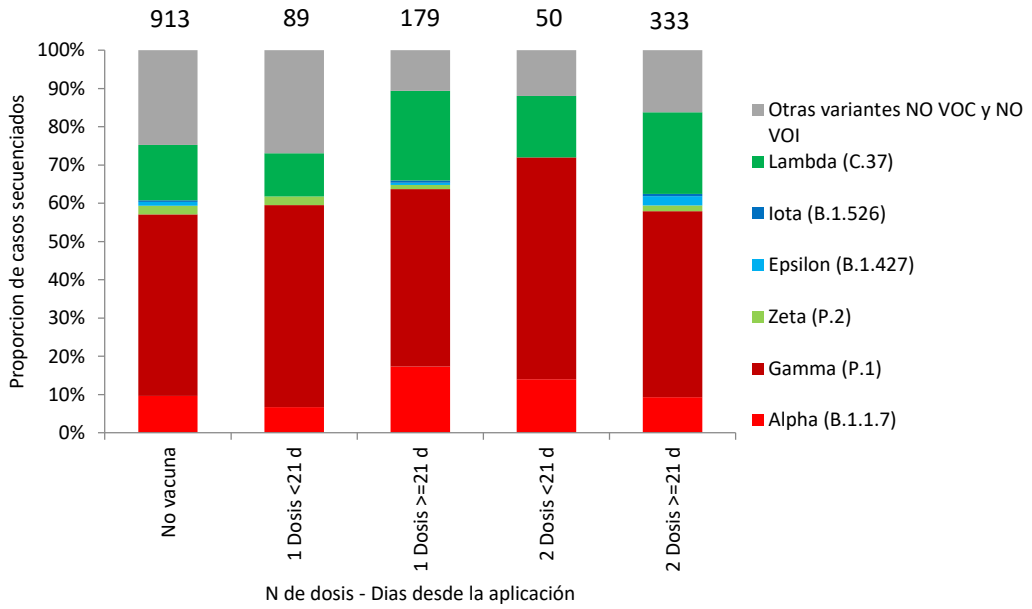
En los 229 casos considerados inmunizados, un 49% corresponde a la variante Gamma (VOC 20J/501Y.V3, linaje P.1), 16.6% a Alpha (VOC 20I/501Y.V1, linaje B.1.1.7), 21.83% a la variante Lambda (C.37 derivada de B.1.1.1), 1.75% a otras variantes de interés y 11% a otras variantes no VOC y no VOI.

[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 333 casos, un 48.65% corresponde a la variante Gamma (VOC 20J/501Y.V3, linaje P.1), 9.31% a Alpha (VOC 20I/501Y.V1, linaje B.1.1.7), 21.32% a la variante Lambda (C.37 derivada de B.1.1.1), 4.5% a otras variantes de interés y un 16.22% a otras variantes no VOC y no VOI.

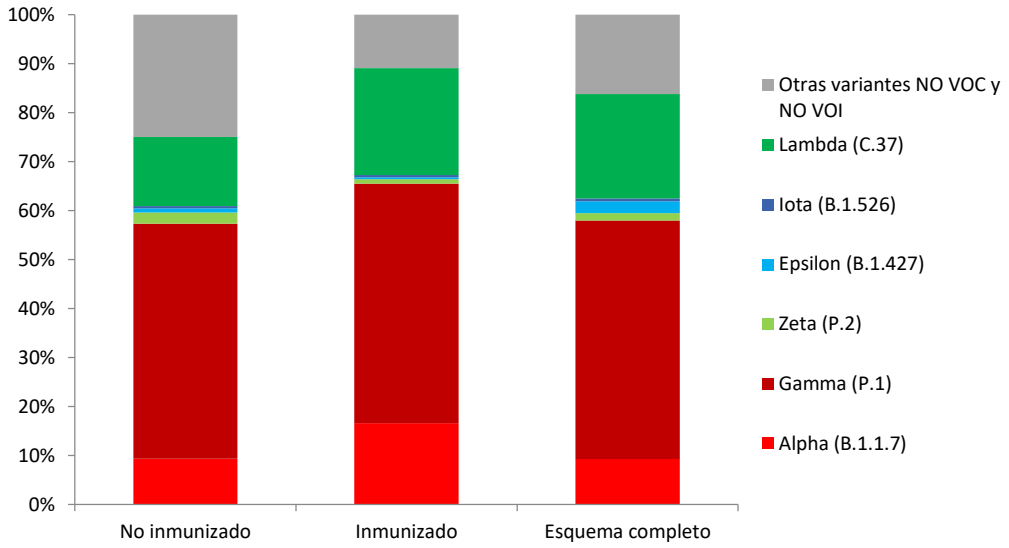
La distribución de la proporción de variantes prioritarias es de 57.29% para los casos no inmunizados y 65.5% para los inmunizados, mientras que en los casos con esquema completo de vacunación la proporción de VOC es de 57.96%. (Grafico 4 y Grafico 5).

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 SE27.



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

Grafico 5: Distribución porcentual de variantes en casos secuenciados según condición de inmunización para el total país hacia SE27[15].



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

Del total de 651 casos con secuenciación genómica y antecedente de vacunación para SARS-CoV-2, se registraron al SNVS.2.0 75 fallecimientos, 13 casos en personas no inmunizadas, 56 en inmunizados y 6 casos con esquema completo de vacunación.[16]

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)	7	33	4
C37 (Andina)	3	14	2
Zeta (P.2)	1	1	
Otras variantes NO VOC y NO VOI	2	3	
Total general	13	56	6

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 6 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 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-Sudáfrica	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 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	No confirmada, posible aumento de riesgo de mortalidad en hospitalizacion	No confirmada, posible riesgo incrementado de hospitalización	No confirmada, posible riesgo incrementado de hospitalización

	riesgo para severidad y mortalidad	es		
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 **(Referencias al pie de tabla)**	**Impacto en la capacidad de neutralización por vacunas** **(Referencias al pie de tabla)**
Alpha	Mantiene Protección contra la enfermedad Enfermedad severa: ↔ to ↓: Moderna-mRNA-1273 (1), Pfizer BioNTech-Comirnaty (3), Moderna-mRNA-1273/Pfizer BioNTech-Comirnaty (1) ↓: AstraZeneca- Vaxzevria (1) • Enfermedad sintomática: ↔: Moderna-mRNA-1273/Pfizer BioNTech-Comirnaty (2), Pfizer BioNTech-Comirnaty (3) ↔ to ↓: AstraZeneca-	↔: Beijing CNBG-BBIBP-CorV (1), Bharat-Covaxin (1), Gamaleya-Sputnik V (1), Novavax-Covavax (1), Sinovac-CoronaVac (2) ↔ to ↓: Janssen-Ad26.COV 2.5 (2), Moderna- mRNA-1273 (9), Pfizer BioNTech-Comirnaty (26) ↓ to ↓↓: AstraZeneca-Vaxzevria (2)

	Vaxzevria (3) ↓: Novavax-Covavax (1) • Infección: ↔: Pfizer BioNTech-Comirnaty (3) ↔ to ↓: AstraZeneca-Vaxzevria (2)	
Beta	Protección reducida contra enfermedad sintomática; mantiene protección contra enfermedad severa, evidencia limitada • Enfermedad severa: ↔: Janssen Ad26.COV 2.5 (1), Pfizer BioNTech-Comirnaty (1) • Enfermedad sintomatica: ↔: Janssen-Ad26. COV 2.5 (1) ↓↓↓: AstraZeneca-Vaxzevria (1), Novavax-Covavax (1) • Infección: ↓: Pfizer BioNTech-Comirnaty (1)	↔ to ↓: Anhui ZL-Recombinant (2), Beijing CNBG- BBIBP-CorV (2) ↓: Bharat-Covaxin (1) ↓ to ↓↓: Pfizer BioNTech-Comirnaty (27), Sinovac-CoronaVac (3) ↓ to ↓↓↓: Janssen-Ad26.COV 2.5 (3) ↓↓: AstraZeneca-Vaxzevria (3), Gamaleya-Sputnik V (1), Moderna- mRNA-1273 (10) ↓↓ to ↓↓↓: Janssen-Ad26.COV 2.5 (3) ↓↓↓: Novavax-Covavax (1)
Gamma	Impacto incierto, evidencia limitada Enfermedad severa: No evidencia • Enfermedad sintomática: ↔ to ↓: Sinovac- CoronaVac (1) Infeccion: No evidencia	↔: Sinovac-CoronaVac (1) ↔ to ↓: Pfizer BioNTech-Comirnaty (11) ↓: AstraZeneca-Vaxzevria (1), Janssen-Ad26.COV 2.5 (2), Moderna- mRNA-1273
Delta	Mantiene Protección contra enfermedad severa; posible protección reducida contra enfermedad sintomatica e infección. • Enfermedad severa: ↔: AstraZeneca- Vaxzevria (1), Pfizer BioNTech-Comirnaty (1) • Enfermedad sintomática: ↔	↔: Janssen-Ad.COV 2.5 (1) ↓: AstraZeneca-Vaxzevria (2), Bharat-Covaxin (1), Moderna- mRNA-1273 (1) ↓ to ↓↓: Pfizer BioNTech-Comirnaty (5)

	to ↓: Pfizer BioNTech-Comirnaty (3) ↓: Bharat-Covaxin (1) ↓↓: AstraZeneca- Vaxzevria (2) • Infección: ↓: AstraZeneca-Vaxzevria (1), Pfizer BioNTech-Comirnaty (1)	

Las flechas indican la magnitud de la reducción de la VE o neutralización: "↔" <10% de reducción de VE, o VE> 90% sin comparador, o que hubo una reducción de <2 veces en la neutralización; "↓" reducción de 10 a <20% en VE, o reducción de 2 a <5 veces en neutralización; "↓↓" reducción de 20 a <30% en VE, o reducción de 5 a <10 veces en neutralización; "↓↓↓" ≥30% de reducción de la VE, o ≥10 veces la reducción de la neutralización. Cuando se dispone de más de un estudio de neutralización, se utilizó el rango intercuartílico (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 - 15 June 2021 (who.int)

Weekly epidemiological update on COVID-19 - 6 July 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 6 de Julio 2021.

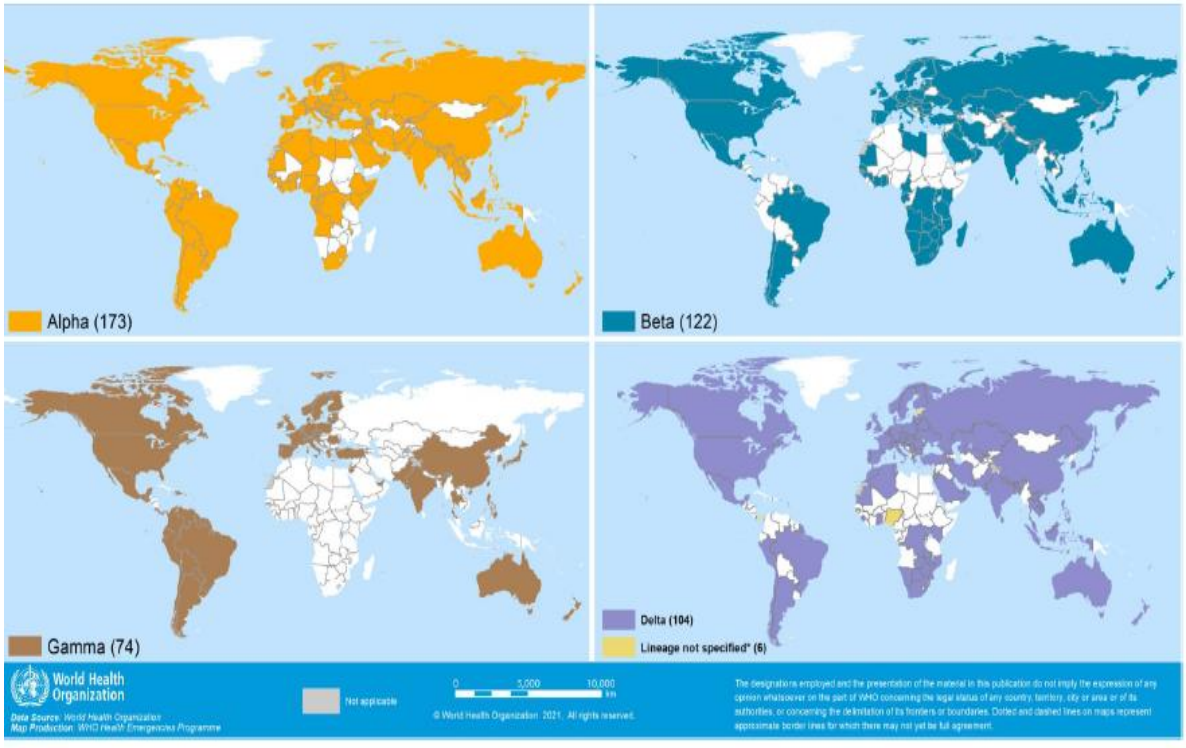


Tabla 2 - En la siguiente tabla se muestran las VOI en investigación al 6 de Julio 2021 según OMS.

WHO	Eta	Iota	Kappa	Lambda
CLADO NEXTSTRAIN	21D	21F	21B	20D
CLADO GISAID	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
Nombres alternativos				
Detectada inicialmente	Multiples paises	EEUU	India	Peru
Muestra más antigua detectada	DIC 2020	NOV 2020	OCT 2020	AGO 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