

**COVID-19**

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

**SE46/2021**

**INFORME TÉCNICO**

**NOVIEMBRE 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**

DRA. NATALIA GRINBLAT

### **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>  
IGNACIO DI PINTO<sup>4</sup>  
EZEQUIEL TRAVIN<sup>4</sup>  
ANDREA BALDANI<sup>5</sup>  
AGUSTINA PAGE

<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 5 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)
- Ómicron: VOC 21K/484A (linaje B.1.1529, detectado en múltiples países).

A la fecha hay 2 variantes clasificadas como de interés (VOI):

- Lambda: C.37
- Mu: B.1.621; B.1.621.1

El 13 de Septiembre los linajes B.1.525 (Eta), B.1.526 (Iota) y B.1.617.1 (Kappa) previamente clasificados como VOI, fueron reclasificados por OMS como *Variantes bajo monitoreo*.<sup>7</sup> 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 a nivel mundial, nacional y regional y por lo tanto representan 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. Asimismo, 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) continúan siendo clasificados por OMS como *Variantes bajo monitoreo*.<sup>8</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 - 21 September 2021 \(who.int\)](#)

<sup>8</sup> [Weekly epidemiological update on COVID-19 - 6 July 2021 \(who.int\)](#)

Respecto del linaje B.1.617.2, denominado Delta, fue identificado por primera vez en India en octubre del año 2020 y designado por la OMS como variante de preocupación (VOC) en mayo 2021.

Al 16 de noviembre la epidemiología genética mundial del SARS-CoV-2 se caracteriza por un predominio de la variante Delta, con la disminución de la prevalencia de otras variantes entre las secuencias enviadas a conjuntos de datos o detecciones disponibles públicamente informados a la OMS. Delta ha superado a otras variantes, incluidas otras VOC, en la mayoría de los países. De 799.645 secuencias reportadas a GISAID con muestras recolectadas en los últimos 60 días, 797.174 (99.7%) fueron Delta, 791 (0,1%) Gamma, 313 (<0,1%) Alpha, 15 (<0,1%) Beta y 0,1% comprendían otras variantes circulantes (incluidas las VOI Mu y Lambda). De todas formas, se siguen observando variaciones a nivel subregional y nacional; más notablemente en algunos países de América del Sur, donde la progresión de la variante Delta ha sido más gradual, y otras variantes (por ejemplo, Gamma, Lambda, Mu) todavía contribuyen con una gran proporción de las secuencias informadas. Además, la distribución mundial de VOC debe interpretarse teniendo debidamente en cuenta las limitaciones de la vigilancia, las diferencias en las capacidades de secuenciación y las estrategias de muestreo entre países, así como las demoras en la notificación.<sup>9</sup>

La variante Delta ha sido asociada a mayor transmisibilidad y mayor tasa de ataque secundario. Una revisión sistemática (pre-print) que comparó el número reproductivo básico (R0) de la variante Delta con las estimaciones tempranas del número reproductivo de cepas no VOC, encontró que el R0 de la variante Delta es en promedio 5.08, siendo superior al de las cepas no VOC. Si bien, los autores especifican que la estimación del R0 en los estudios identificados se realizó en el momento en que la mayoría de los países aún se encontraban bajo medidas de restricción variables, por lo cual puede haber una subestimación de dicho valor.<sup>10</sup> Otro estudio de casos y controles pareados realizado en el Reino Unido a partir de datos de vigilancia nacional, estimó las probabilidades de transmisión ( $\geq 2$  casos en 14 días) para los casos índice de variante Delta en comparación con los casos de Alpha. El estudio proporciona evidencia de apoyo de una mayor transmisibilidad de la variante Delta, lo que sugiere que esta más fuertemente asociada con la continua transmisión dentro de los entornos domésticos en comparación con la variante Alpha. En total, 5.976 casos índice de grupos convivientes se secuenciaron y parearon con 11.952 casos índice esporádicos (caso único dentro de un hogar). De estos, el 43% (n = 2586) de los casos en los grupos de convivientes fueron confirmados para la variante Delta en comparación con el 40% (n = 4824) de casos esporádicos. Se observó un aumento del 70% en las probabilidades (ORa 1,70, IC del 95%: 1,48-1,95, p <0,001) de transmisión domiciliar observado para la infección con la variante Delta en comparación con la variante Alfa.<sup>11</sup>

El estudio de un brote originado por la variante Delta en China observó una carga viral relativamente más alta en los casos de Delta que en aquellos infectados por el virus salvaje (SARS-CoV-2 wt) y una tasa de ataque secundario entre los contactos de los casos infectados con variante Delta de 1.4% (IC95 1.1%, 1.8%), un 73.9% (IC95 67.2 - 81.3%) de las transmisiones ocurrieron en periodo presintomático. Los casos índice sin vacunación (OR: 2,84, IC95: 1,19, 8,45) o con una dosis de vacuna (OR: 6,02, IC95:

<sup>9</sup> [Weekly epidemiological update on COVID-19 - 16 November 2021 \(who.int\)](https://www.who.int/news-room/feature-stories/2021/11/16-november-2021)

<sup>10</sup> Liu Y, Rocklöv J. The reproductive number of the Delta variant of SARS-CoV-2 is far higher compared to the ancestral SARS-CoV-2 virus. *Journal of Travel Medicine*. Published online August 9, 2021: taab124. doi:10.1093/jtm/taab124

<sup>11</sup> Allen H, Vusirikala A, Flannagan J, Twohig KA, Zaidi A, Chudasama D, Lamagni T; COVID-19 Genomics UK (COG-UK Consortium). Household transmission of COVID-19 cases associated with SARS-CoV-2 delta variant (B.1.617.2): national case-control study. *Lancet Reg Health Eur*. 2021 Oct 28:100252. doi: 10.1016/j.lanpe.2021.100252. Epub ahead of print. PMID: 34729548; PMCID: PMC8552812.

2,45, 18,16) tuvieron mayor probabilidad de transmitir la infección a sus contactos que aquellos con esquema completo de vacunación.<sup>12</sup>

*A la fecha de cierre de este informe, la OMS ha designado al linaje B.1.1.529 como variante de preocupación y la denominó Ómicron.<sup>13</sup> Al 5 de diciembre 2021, se han identificado casos en otros países de África, Asia, Oceanía, 17 países de la Unión Europea, en más de 15 estados de Estados Unidos, Canadá y México. Si bien fuera de Sudáfrica, la mayoría de los casos son relacionados a viajeros, en muchos países se está comenzando a registrar transmisión comunitaria. A nivel regional, se han reportado casos importados en Brasil y Chile.<sup>14</sup>*

## 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>15</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>16</sup> Se incluyen además las muestras positivas para la detección de mutaciones específicas de variantes detectadas a través de cribados por rt-PCR.*

Desde el mes de enero del 2021 hasta el 15 de noviembre, se han analizado 9949 muestras para la identificación de variantes de SARS-CoV-2, de las cuales 7617 fueron estudiadas por secuenciación genómica y 2332 detectadas por rt-PCR específica. Las muestras estudiadas incluyen casos confirmados de SARS COV 2 seleccionados para vigilancia regular de variantes circulantes, o por tratarse de cuadros graves inusitados, personas vacunadas, casos sospechosos de reinfección y viajeros.

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

Entre la SE1-SE45, se registraron al SNVS<sup>2.0</sup> 8976 muestras analizadas por secuenciación genómica y rt-PCR específica en personas sin antecedentes de viaje a destino internacional ni relacionados a la importación.

A la fecha de redacción de este informe, en la búsqueda activa de casos de variante Delta (linaje B.1.617.2), se detectaron 2331 casos no relacionados con la importación o en investigación en las siguientes jurisdicciones: Ciudad de Buenos Aires, provincia de Buenos Aires, Catamarca, Córdoba, Corrientes, Mendoza, Misiones, Neuquén, Rio

<sup>12</sup> Kang M, Xin H, Yuan J, et al. Transmission dynamics and epidemiological characteristics of Delta variant infections in China. medRxiv. Published online January 1, 2021:2021.08.12.21261991. doi:10.1101/2021.08.12.21261991

<sup>13</sup> [Weekly epidemiological update on COVID-19 - 30 November 2021 \(who.int\)](https://www.who.int/news-room/weekly-epidemiological-update)

<sup>14</sup> Se actualizará la información epidemiológica a medida que surja nuevo conocimiento disponible.

<sup>15</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>16</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 15-11-2021, y por los distintos laboratorios del Consorcio PAIS desde 01-06-2021 hasta 15-11-2021 (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).

<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.

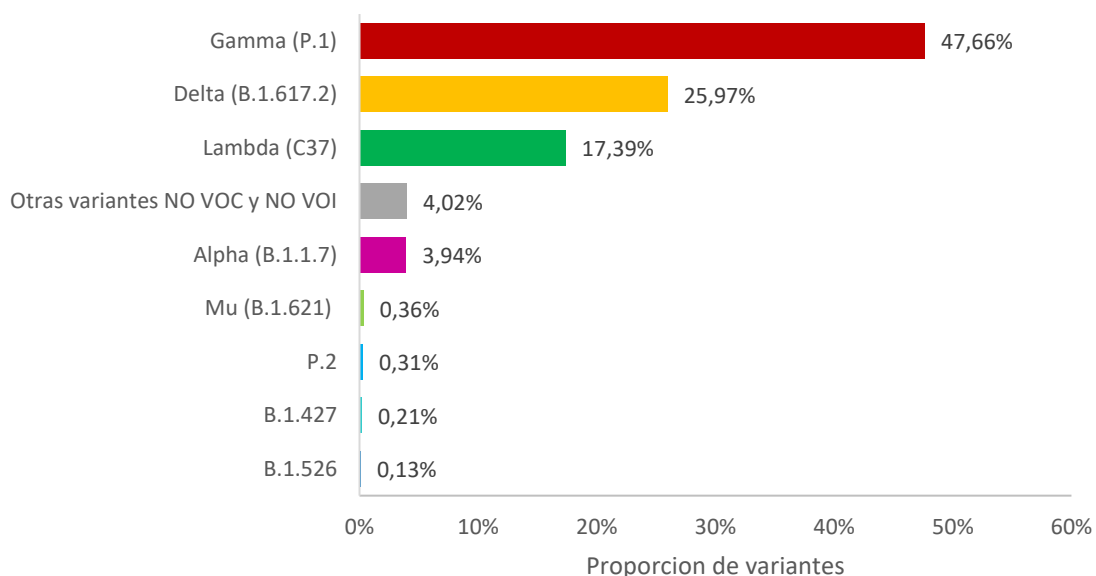
Negro, Salta, San Luis, Santa Cruz, Santa Fe, Santiago del Estero, Tierra del Fuego<sup>19</sup> y Tucumán.

En relación al resto de las variantes, se detectaron 4278 casos que correspondieron a la VOC Gamma (VOC 20J/501Y.V3, linaje P.1), 354 a la VOC Alpha (VOC 20I/501Y.V1, linaje B.1.1.7) y 1561 casos a la VOI Lambda (linaje C.37 derivada del B.1.1.1); en 32 casos se aisló la VOI Mu (linaje B.1.621, originalmente detectada en Colombia); en 28 casos se aisló el linaje P.2 (20B/S.484K, originalmente detectado en Brasil), en 19 casos el linaje B.1.427 (21C/452R.V1, originalmente detectado en EE.UU) y en 12 casos el linaje B.1.526 (21F/253G.V1). Las restantes 361 muestras correspondieron a otras variantes no VOC y no VOI.<sup>20</sup>

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 analizadas acumuladas a la SE45, el 77.6% corresponden a variantes de preocupación, 17.4% a la VOI Lambda (linaje C.37 derivada de B.1.1.1), 0.36% a la VOI Mu (linaje B.1.621), 0.65% a variantes bajo monitoreo y el resto corresponden a otras variantes no VOC ni VOI. La variante Delta, en particular, para el periodo analizado, representa más del 25% del total acumulado de muestras con identificación de variante en no viajeros en Argentina. (Grafico 1)

**Gráfico 1: Distribución porcentual de muestras correspondientes a variantes prioritarias y no prioritarias en no viajeros. Acumuladas Total País. n= 8976**



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

En cuanto al comportamiento a lo largo del tiempo puede observarse que, en las últimas semanas del periodo analizado, la VOC Delta (B.617.2), entre las SE 41 y 44 registra un ascenso que pasa de un 58% a alrededor de 86.5%. Paralelamente se continúa registrando un descenso para Gamma (P.1) que pasó del 25% en la SE41 al 8% en la SE44. Así mismo, la VOC Alpha (B.1.1.7) también continúa en descenso representando menos del 1% de los casos. Respecto a la VOI Lambda (C.37), también experimenta un

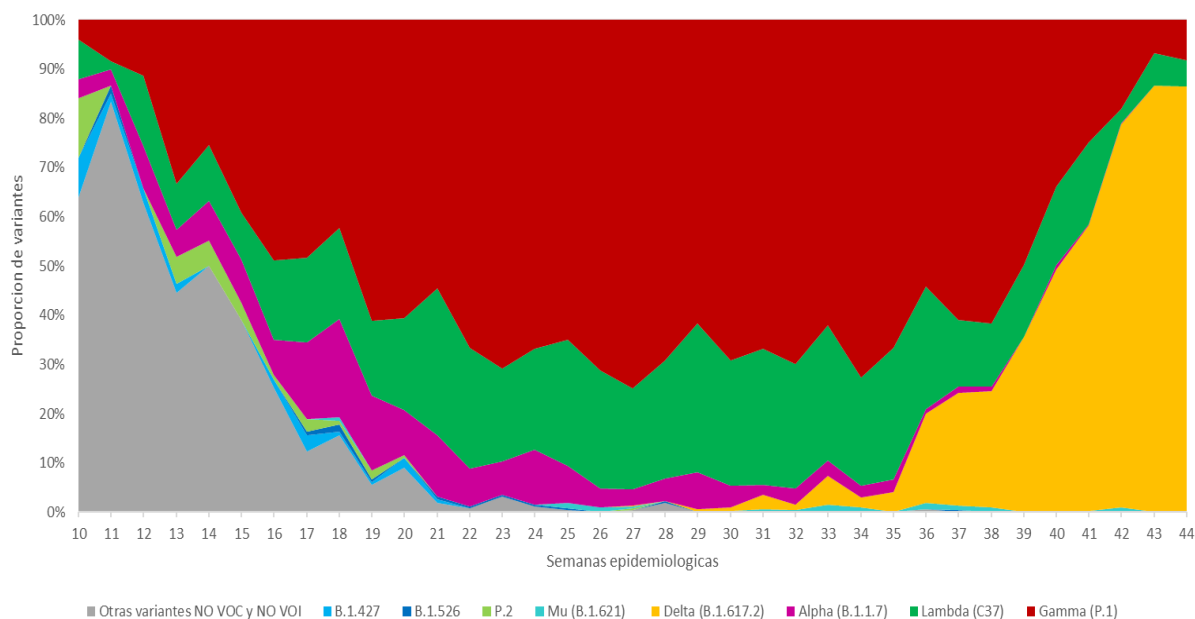
<sup>19</sup> Caso con residencia en Tierra del Fuego y episodio transcurrido en Tucumán en investigación.

<sup>20</sup> A partir de la designación de la OMS de la variante de interés Mu (linajes B.1.621 y B.1.621.1) 8 casos detectados en los meses de Mayo, Junio y Julio fueron reclasificados como tales.



descenso de la proporción de casos que va de un 17% en la SE41 a un 5% en la SE44. (Grafico 2 - Tabla 1).

**Gráfico 2: Distribución porcentual de variantes identificadas en no viajeros según semana epidemiológica de toma de muestra. SE10- SE44. Total país.<sup>21</sup>**



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

**Tabla 1: Proporción de muestras por linaje identificado y por semana epidemiológica de toma de muestra en no viajeros. SE31- SE44. Total país.**

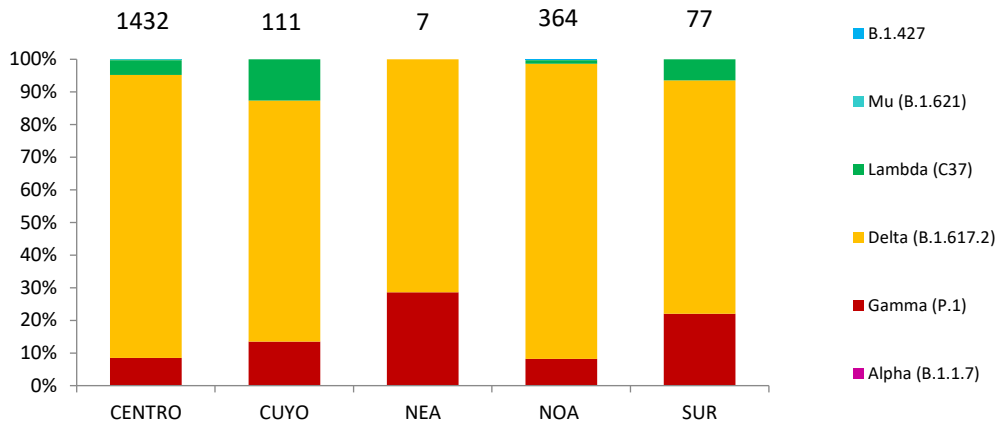
Linaje / SE	31	32	33	34	35	36	37	38	39	40	41	42	43	44
<b>Gamma (P.1)</b>	66,9%	70,0%	62,1%	72,8%	66,7%	54,1%	61,0%	61,7%	49,7%	33,8%	24,9%	18,0%	6,7%	8,2%
<b>Alpha (B.1.1.7)</b>	1,9%	3,2%	3,2%	2,4%	2,5%	1,0%	1,3%	0,9%	0,0%	0,9%	0,3%	0,2%	0,0%	0,0%
<b>Delta (B.1.617.2)</b>	2,9%	1,2%	5,8%	2,1%	4,1%	18,0%	22,9%	23,8%	35,5%	49,3%	57,9%	77,8%	86,7%	86,5%
<b>Lambda (C37)</b>	27,6%	25,2%	27,4%	21,9%	26,7%	24,9%	13,6%	12,8%	14,8%	16,0%	16,7%	2,9%	6,6%	5,3%
<b>Mu (B.1.621)</b>	0,6%	0,4%	1,2%	0,9%	0,0%	1,3%	0,8%	0,9%	0,0%	0,0%	0,3%	0,8%	0,0%	0,0%
<b>Epsilon (B.1.427)</b>	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,2%	0,0%	0,0%
<b>Iota (B.1.526)</b>	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,4%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%
<b>Otras variantes</b>	0,0%	0,0%	0,3%	0,0%	0,0%	0,7%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%

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

Entre las SE42-45 la distribución de variantes prioritarias es mayor al 90% en todas las regiones del país. En la región Centro y NOA puede observarse que la proporción de variantes prioritarias entre los casos analizados por secuenciación genómica y rt-PCR, representa un 95% y 98.6%, respectivamente, siendo superior al resto de las regiones. En la región NEA el total de las muestras analizadas en el parámetro temporal señalado corresponde a variantes prioritarias. En la región Cuyo y Sur la proporción de variantes prioritarias entre las muestras estudiadas y registradas al SNVS.2.0. en el periodo analizado es del 87%, y 93.5%, respectivamente. (Grafico 3 y Grafico 4).

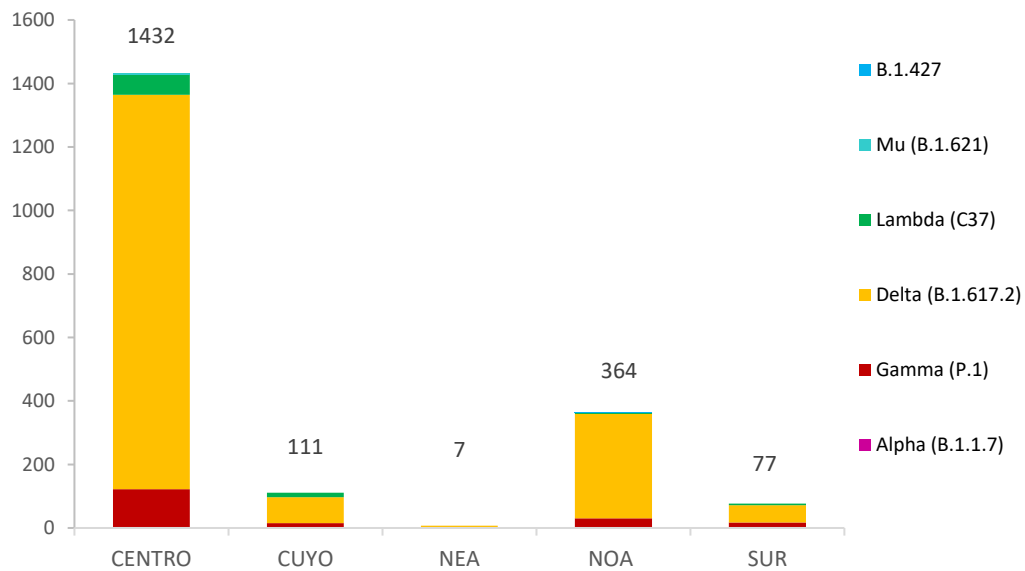
<sup>21</sup> Datos aportados por las Jurisdicciones al evento nominal “Vigilancia Genómica de SARS COV 2”.

**Gráfico 3: Distribución relativa de muestras correspondientes a variantes prioritarias y no prioritarias en no viajeros por Región del País. Periodo analizado SE42-45. n= 1991**



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

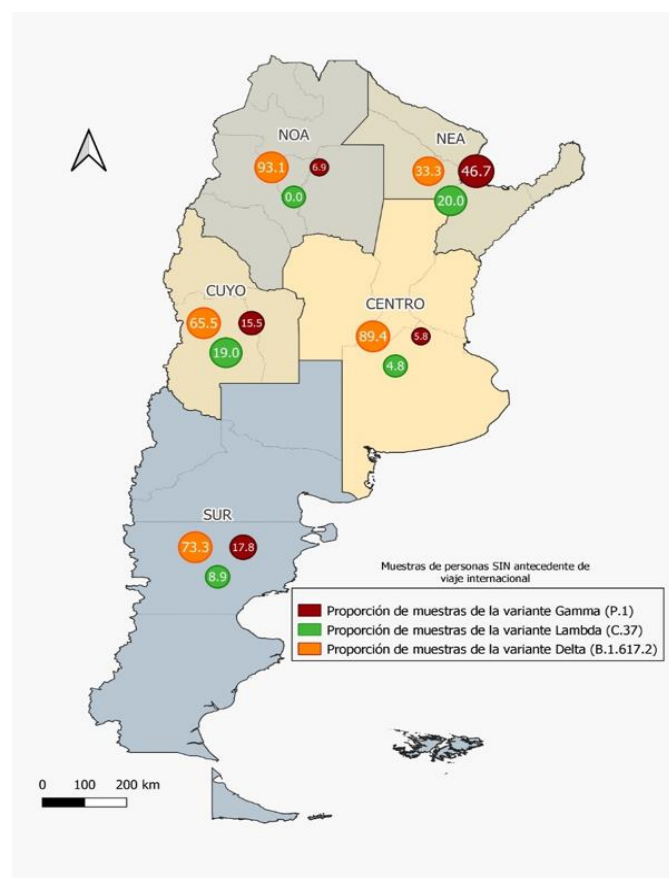
**Gráfico 4: Distribución absoluta de muestras correspondientes a variantes prioritarias y no prioritarias en no viajeros por Región del País. Periodo analizado SE42-45. n= 1991**



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



**Grafico 5: Distribucion porcentual de muestras correspondientes a variante Delta (B.617.2), Gamma (P.1) y Lambda (C.37) en no viajeros por Región del País. Incluye 2 ultimas semanas epidemiologicas con datos representativos disponibles para cada Region hasta el 15-11-2021.** <sup>22</sup>



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

## VIGILANCIA GENOMICA DE SARS COV-2 EN VIAJEROS INTERNACIONALES Y CASOS RELACIONADOS A LA IMPORTACION<sup>23, 24</sup>

Se analizaron para detección de variantes de SARS-CoV-2 973 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 15/11.

En 625 casos se halló la variante prioritaria Delta (linaje B.1.617.2 reportada originalmente en India), en 143 casos se identificó la variante de preocupación (VOC) Gamma (20J/501Y.V3, linaje P.1, originalmente detectada en Manaus) y en 69 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.

<sup>22</sup> Para mantener una mayor estabilidad en las proporciones y lograr mayor representatividad, se incluyeron las 2 últimas semanas epidemiológicas con más de 15 muestras analizadas por Región.

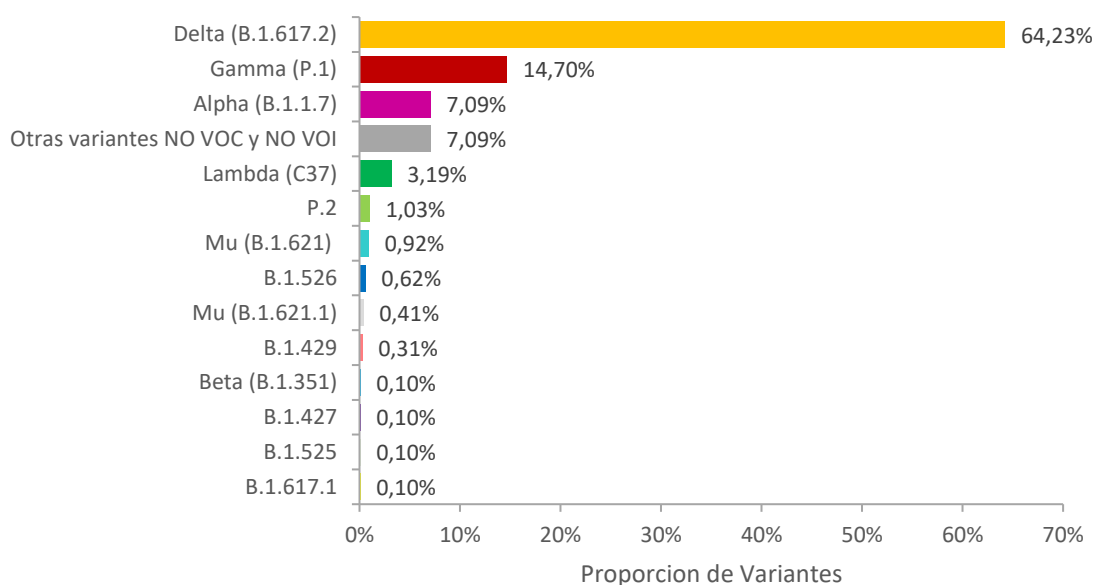
<sup>23</sup> Los casos pueden experimentar variaciones en su clasificación acorde a la actualización de la investigación epidemiológica de cada Jurisdicción y su registro al SNVS.2.0.

<sup>24</sup> Actualización de medidas de Sanidad de Fronteras 01-11-2021: Disponible en: [BOLETIN OFICIAL REPUBLICA ARGENTINA - MEDIDAS DE SANIDAD DE FRONTERAS - Decisión Administrativa 1064/2021](https://www.argentina.gob.ar/salud/medidas-de-sanidad-de-fronteras)

En cuanto a las variantes de interés, en 31 casos se aisló la VOI Lambda (linaje C.37, derivada de B.1.1.1) y en 13 casos la VOI Mu<sup>25</sup> (9 de ellos con linaje B.1.621 y 4 casos con linaje B.1.621.1), esta última en viajeros provenientes de Colombia, Venezuela y México.

A la fecha de publicación de este informe, fue detectado el primer caso de variante Ómicron en Argentina en un viajero procedente de Sudáfrica. La persona de 38 años es residente en la provincia de San Luis, presenta esquema completo de vacunación y antecedente de COVID-19 en marzo 2021.<sup>26</sup>

**Gráfico 6: Distribución porcentual de muestras correspondientes a variantes prioritarias y no prioritarias analizadas por secuenciación genómica y rt-PCR en viajeros y casos relacionados a la importación. n= 973**



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

### Características demográficas y clínicas de los casos analizados en no viajeros y registrados al evento Vigilancia Genómica del SNVS<sup>2.0</sup> para el total país.<sup>27</sup>

Entre la SE1-SE45, se han registrado al Evento de Vigilancia Genómica del SNVS.2.0 8976 muestras analizadas para identificación de variantes de SARS-CoV-2 incluyendo la vigilancia regular de variantes circulantes, cuadros graves inusitados, personas vacunadas y casos sospechosos de reinfección. Del total de muestras notificadas, 6963 (78%) se corresponden con variantes prioritarias (VOC) y 2013 (22%) son variantes no prioritarias (VOI y Otras variantes).

La mediana de edad para el total de los casos estudiados es de 39 años<sup>28</sup>. En cuanto a la distribución por grupo de edad para el periodo analizado, se observa que tanto los

<sup>25</sup> A partir de la designación de la OMS de la variante de interés Mu (linajes B.1.621 y B.1.621.1) 9 casos fueron reclasificados como tales.

<sup>26</sup> Información disponible en: [Primer caso de variante Ómicron de SARS CoV-2 detectado en Argentina en un viajero procedente de Sudáfrica | Argentina.gob.ar](https://www.argentina.gob.ar/salud/comunicacion/primer-caso-omicron-sars-cov-2-detectado-en-argentina-en-un-viajero-procedente-de-sudafrica)

<sup>27</sup> Sujeto a modificaciones en la medida en que se aporte nueva información al sistema para el periodo analizado.

<sup>28</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.

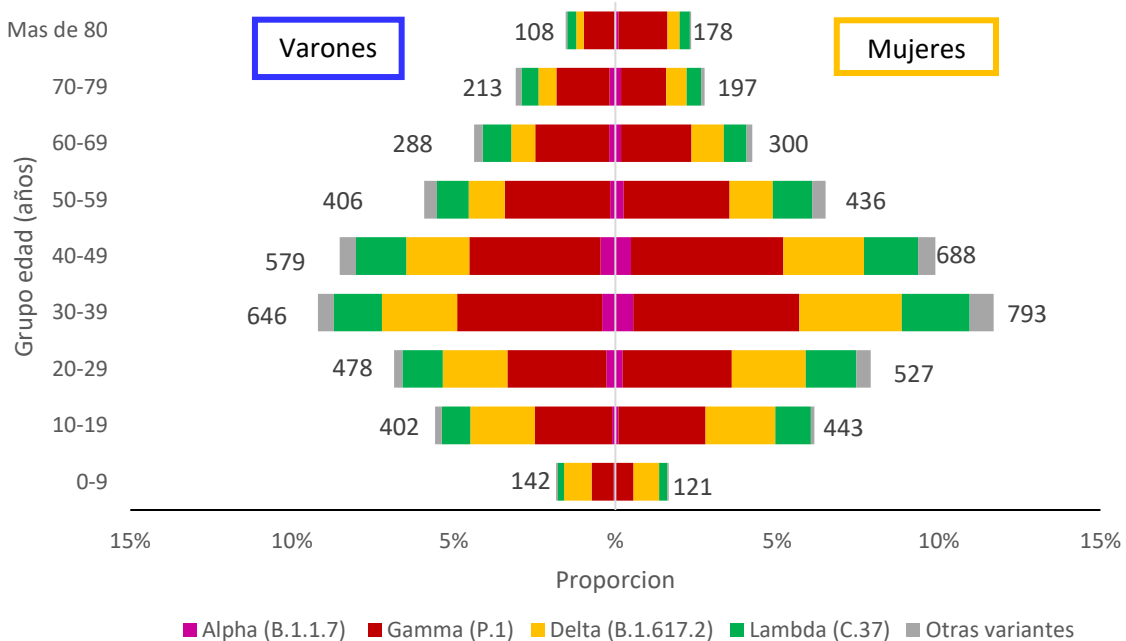
Respecto a la distribución por sexo de los casos estudiados, se analizaron 4757 casos en mujeres y 4197 en hombres<sup>29</sup>. Entre las mujeres, 3683 (77.4%) casos pertenecen a variantes prioritarias y 1074 (22.6%) casos a variantes no prioritarias. Mientras que, en los hombres, en 3262 (77.7%) casos se detectan variantes prioritarias y en 935 (22.3%) 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 tanto en menores de 10 años como a partir de los 70 y hasta los 80 años, es superior en varones. En el resto de los grupos etarios la distribución de variantes prioritarias es mayor entre las mujeres. Al analizar el subgrupo de la VOC Delta se observa un mayor número absoluto de casos en varones menores de 10 años mientras que para el resto de los grupos etarios es superior en mujeres.

La detección de la variante Lambda (C.37) presenta una frecuencia absoluta superior entre mujeres menores de 60 años mientras que entre los 60-79 años es algo mayor entre varones. A partir de los 80 años la distribución es aproximadamente homogénea siendo algo superior para las mujeres.

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. (Grafico 1).

**Gráfico 1: Distribución de variantes prioritarias y no prioritarias por grupo edad y sexo de casos secuenciados para el total país. (n=8954)<sup>30</sup>**



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

<sup>29</sup> Hay 22 casos con sexo indeterminado: 18 casos con detección de VOC y 4 casos con detección de no VOC.

<sup>30</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 analizados según gravedad

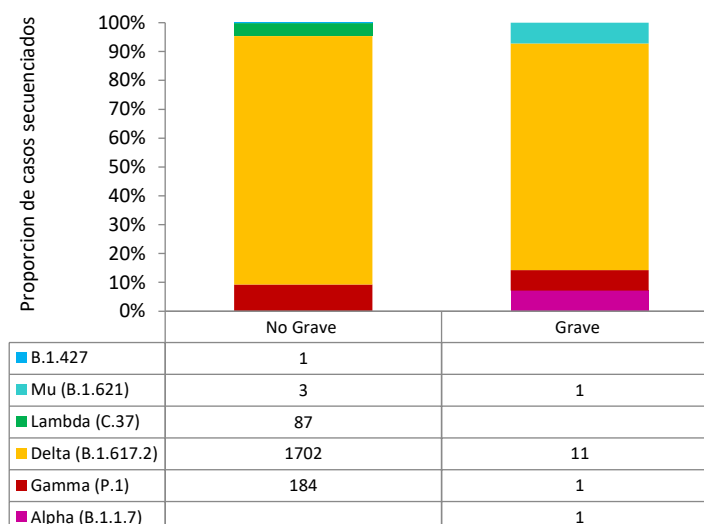
Del total de casos estudiados entre la SE42-45, se registraron al SNVS<sup>2.0</sup>, 14 casos con evolución grave y 1977 casos sin criterio de gravedad<sup>31</sup>.

En cuanto a la distribución de variantes prioritarias en el periodo analizado, se detectan 1 caso de variante Gamma (VOC 20J/501Y.V3, linaje P.1), 1 caso de la VOC Alpha (VOC 20I/501Y.V1, linaje B.1.1.7) y 11 (78.6%) casos de la VOC Delta (B.1.617.2) con evolución grave; mientras que, en los casos no graves, 184 (9.3%) corresponden a la variante Gamma (VOC 20J/501Y.V3, linaje P.1) y 1702 (86%) a la VOC Delta.

En el periodo analizado, la proporción de la variante Delta (B.1.617.2) es mayor para los casos no graves que para aquellos con criterio de gravedad.

Respecto a la distribución de la VOI Lambda (linaje C.37 derivada de B.1.1.1) para el mismo periodo, se detectan 87 (4.4%) casos no graves y ninguno con criterio de gravedad. (Grafico 2).

**Gráfico 2: Distribución porcentual de variantes en casos analizados según criterio de gravedad para el total país. (n=1991).**



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

<sup>31</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 analizados según antecedente de vacunación para SARS-CoV-2*

*En concordancia con los objetivos específicos de la vigilancia genómica de SARS-COV-2, se indica el estudio de variantes de SARS-COV-2 en pacientes vacunados que desarrollen cuadros moderados o severos de la enfermedad y según tiempo transcurrido desde la fecha de aplicación (más información disponible en: [SNVS\\_integracion-de-la-vigilancia-genomica\\_de\\_SARS-CoV-2.pdf](#) ([salud.gob.ar](#)). Esto resulta en un muestreo no aleatorio, orientado al estudio de pacientes vacunados graves como uno de los subgrupos de interés para el monitoreo de variantes genómicas y mutaciones de interés emergentes del virus, lo cual debe considerarse en la interpretación de la información integrada en el siguiente apartado.*

Entre la SE42- SE45, se registraron un total de 1444 casos analizados para detección de variantes de SARS COV 2 con antecedente de vacunación para SARS-CoV-2, 302 casos luego de la aplicación de la primera dosis de vacuna y 1142 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>32</sup>.

Entre 692 casos estudiados no inmunizados un 82% corresponde a la variante Delta (B.1.617.2), un 12.7% a la VOC Gamma (VOC 20J/501Y.V3, linaje P.1), un 5% a la variante Lambda (C.37 derivada de B.1.1.1) y un 0.3% a la VOI Mu (B.1.621).

En los 199 casos con inmunización parcial, un 89.5% corresponde a la VOC Delta (B.1.617.2), un 6% a la variante Gamma (VOC 20J/501Y.V3, linaje P.1), un 0.5% a Alpha (VOC 20I/501Y.V1, linaje B.1.1.7), un 3.5% a la variante Lambda (C.37 derivada de B.1.1.1) y un 0.5% a la VOI Mu (B.1.621).

En aquellas personas con esquema de vacunación completo, sobre un total de 1100 casos seleccionados para estudio de variantes, un 88% corresponde a la variante Delta (B.1.617.2), un 7.7% a la VOC Gamma (VOC 20J/501Y.V3, linaje P.1), un 4% a la variante Lambda (C.37 derivada de B.1.1.1), un 0.09% a la VOI Mu (B.1.621) y un 0.03% a variantes bajo monitoreo.

La distribución de la proporción de variantes prioritarias es de 94.6% para los casos estudiados no inmunizados y de 96% para aquellos con inmunización parcial, mientras que en los casos analizados para la detección de variantes de SARS-CoV-2 con esquema completo de vacunación la proporción de VOC es de 95.7%. (Grafico 3 y Grafico 4). La distribución de proporciones debe interpretarse considerando que los casos de COVID-19 con esquema de vacunación parcial y completa son uno de los grupos prioritarios para el análisis de variantes de SARS-CoV-2. Por otro lado, en el periodo analizado la VOC Delta es la variante prevalente en el país y esto debe considerarse también para la interpretación de los resultados detallados para los tres grupos analizados.

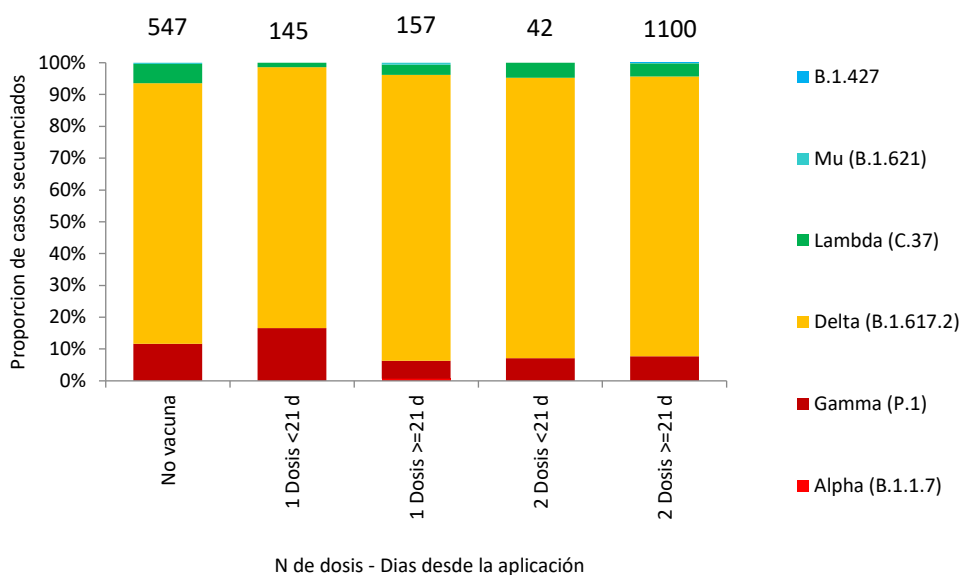
---

<sup>32</sup> Se consideran casos con **inmunización parcial** aquellas 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.

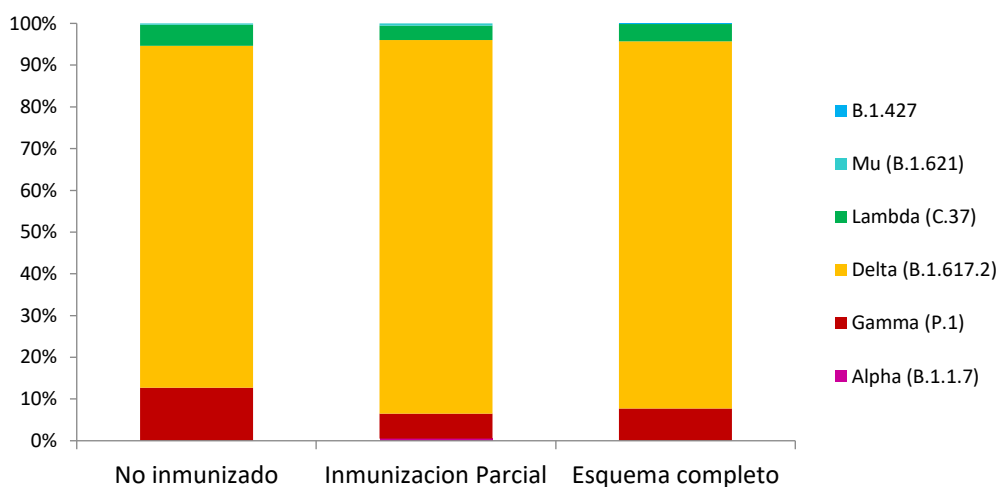
Se consideran personas con **esquema completo de vacunación** a aquellas que recibieron la segunda dosis de vacuna al menos 21 días antes a la fecha de toma de la muestra.

**Gráfico 3: Distribución porcentual de variantes en casos estudiados según número de dosis de vacuna y tiempo transcurrido desde la aplicación para el total país SE42-45.**



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

**Gráfico 4: Distribución porcentual de variantes en casos estudiados según condición de inmunización para el total país SE42-45<sup>33</sup>.**



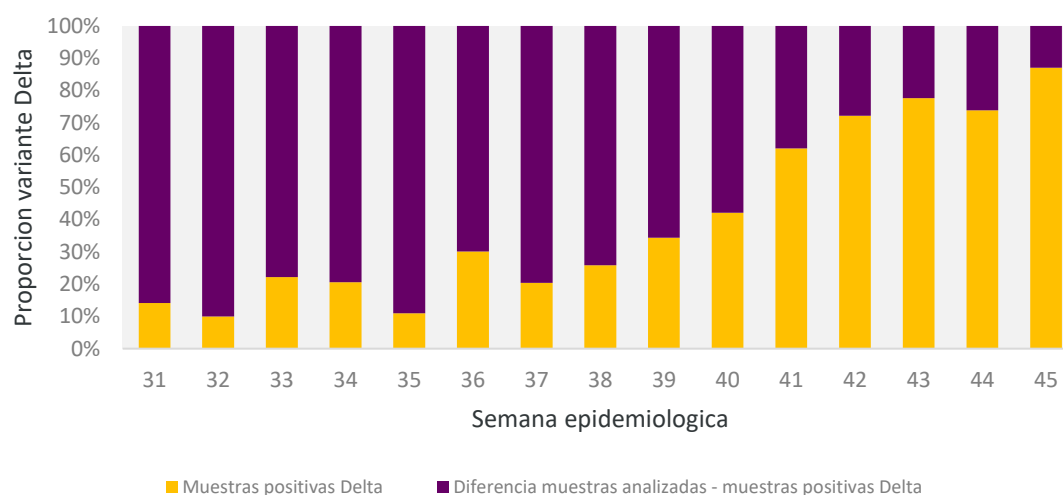
Fuente: Sistema Nacional de Vigilancia de la Salud (SNVS) y Registro Federal de Vacunación Nominalizado (NoMiVac)

<sup>33</sup> No inmunizados: casos secuenciados en personas no vacunadas más casos en personas que recibieron la primera 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; Inmunización parcial: 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.

### Tamizaje mediante rt-PCR específica: Delta (B.1.617.2)

El monitoreo de la variante Delta mediante técnica molecular de rt-PCR que permite detectar algunas de sus mutaciones específicas, según la información aportada al SNVS.2.0 por 8 Jurisdicciones del país, permite estimar que la proporción de casos probables de Delta entre las muestras analizadas en no viajeros se incrementa de un 62% en la SE41 a un 87% en la SE45.

**Gráfico 1: Proporción de variante Delta probable entre las muestras analizadas por PCR específica en no viajeros registradas al SNVS.2.0. SE31-45.** <sup>34</sup>



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

**Tabla 1: Proporción de variante Delta probable entre las muestras analizadas por PCR específica en no viajeros por Jurisdicción y semana epidemiológica correspondiente.**

PROVINCIA	Ultima semana con datos registrados	% Variante Delta probable en la última semana	% Variante Delta probable en semana previa
CABA	45	98.21	92.41
Córdoba	45	80.30	58.05
Santa Fe	45	91.43	79.20
Mendoza	44	48.39	-
Sgo. Del Estero	45	71.43	40.00
Tucumán	44	86.21	-
Salta	45	91.49	96.97
La Pampa	45	60.00	30.77

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

<sup>34</sup> Datos notificados al evento agrupado “Variantes de SARS COV 2 por RT-PCR en vigilancia poblacional” a la fecha por las siguientes Jurisdicciones: Ciudad de Buenos Aires, Córdoba, Santa Fe, Mendoza, Santiago del Estero, Tucumán, Salta y La Pampa.



### Vigilancia de Brotes de SARS-CoV-2 en Argentina

Los brotes de cualquier etiología forman parte de los eventos de notificación obligatoria (Resolución 1715/07). La notificación de brotes la realizan las áreas de epidemiología jurisdiccionales a la Dirección Nacional de Epidemiología a través del Formulario de Notificación de Brote Ante el riesgo.

En el contexto epidemiológico actual en Argentina, el Ministerio de Salud de Nación en conjunto con las autoridades jurisdiccionales, insta a los equipos de salud a fortalecer la investigación epidemiológica de brotes de COVID-19 e investigación de las variantes de SARS-CoV-2 asociadas.<sup>35</sup>

A la fecha de redacción de este informe, 45 brotes de COVID-19 han sido informados por las Jurisdicciones. (Tabla 1).

**Tabla 1: Brotes y conglomerados de COVID-19 reportados por las Jurisdicciones a SE45.**<sup>36</sup>

Provincia	Brotes acumulados (SE34- SE45)		Tipo de Institución	Variante de SARS-CoV-2 identificada	Casos Hospitalizados	Casos fallecidos
	Brotes	Casos asociados				
Buenos Aires	22	374	Institución educativa: 20 Otros - Institución educativa: 1 Residencia Geriatrica: 1	Delta (B.1.617.2): 3  En estudio: 14	0	SE*
CABA	2	118	Institución educativa: 2	Delta (B.1.617.2): 1  En estudio: 1	0	0
Entre Ríos	1	4	Otros	En estudio	0	0
Santa Fe	3	97	Reunión social- Institución educativa: 1 Institución educativa: 1 Otros: 1	Gamma (P.1): 3	0	0
Mendoza	2	93	Institución educativa: 1 Residencia Geriatrica: 1	Delta (B.1617.2): 2	SE*	0
San Juan	1	35	Residencia Geriatrica	En estudio	-	2
San Luis	1	12	Institución educativa	Delta (B.1617.2)	0	0
Salta	2	12	Otros: 2	Delta (B.1.617.2): 2	1	1
Santiago del Estero	1	11	Institución educativa - Espacio laboral	Delta (B.1.617.2)	0	0
Tucumán	1	15	Otros	Delta (B.1.617.2)	0	0

<sup>35</sup> Información disponible en: [Banco de Recursos de Comunicación del Ministerio de Salud de la Nación | Riesgo de circulación de variante Delta de SARS CoV-2 en Argentina](#)

<sup>36</sup> La información sobre brotes y conglomerados de casos de COVID-19 puede experimentar variaciones en la medida que se aporta información actualizada por las Jurisdicciones.

\* SE (Sin especificar): Refiere a la comunicación por la Jurisdicción de casos hospitalizados o fallecidos según corresponda en los que no se describe el recuento del número de casos a la fecha de redacción del informe.

Chubut	1	15	Institución educativa	En estudio	0	0
La Pampa	1	16	Actividad deportiva	En estudio	0	0
Neuquén	7	63	Institución educativa: 4 Espacio laboral: 1 Residencia geriátrica: 1 Establecimiento de Salud: 1	En estudio: 6	3	2

Fuente: elaboración propia de la Dirección de Epidemiología en base a datos del SNVS, información proveniente de los brotes reportados al Formulario de Notificación de Brote 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 16 de noviembre de 2021.

Tabla 1 - Variantes de preocupación (VOC)

WHO	Alpha	Beta	Gamma	Delta
CLADO NEXTSTRAIN	20I (V1)	20H (V2)	20J (V3)	21A, 21I, 21J
CLADO GISAID	GRY (GR/501Y.V1)	GH/501Y.V2	GR/501Y.V3	G/478K.V1
Linaje Pangolín	B.1.1.7	B.1.351	P.1	B.1.617.2
Detectada inicialmente	UK-Reino Unido	SA-Sudáfrica	Brasil	India
Muestra más antigua detectada	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 aminoacídicos adicionales monitoreados <sup>1</sup>	+S:484K +S:452R	+S:L18F	+S:681H	+S:417N
Transmisibilidad	Aumento de la transmisibilidad	Aumento de la transmisibilidad	Aumento de la transmisibilidad	Aumento de la transmisibilidad
Severidad de la enfermedad	Posible riesgo incrementado de hospitalización, posible aumento de riesgo para severidad y mortalidad	Posible riesgo incrementado de hospitalización, posible aumento de riesgo de mortalidad en hospitalizaciones	Posible riesgo incrementado de hospitalización, posible riesgo incrementado de severidad	Posible riesgo incrementado de hospitalización
Riesgo de reinfección	Se mantiene la actividad neutralizante, riesgo de reinfección similar	Reducción de actividad neutralizante reportada. Se	Moderada reducción en la actividad neutralizante	Reducción de actividad neutralizante reportada.

		mantiene respuesta celular		
<b>Impacto en el diagnóstico</b>	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 impacto en test de PCR o test de antígenos observado

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

**Respecto a la variante Ómicron, se actualizarán las características a medida que nueva información se encuentre disponible.**

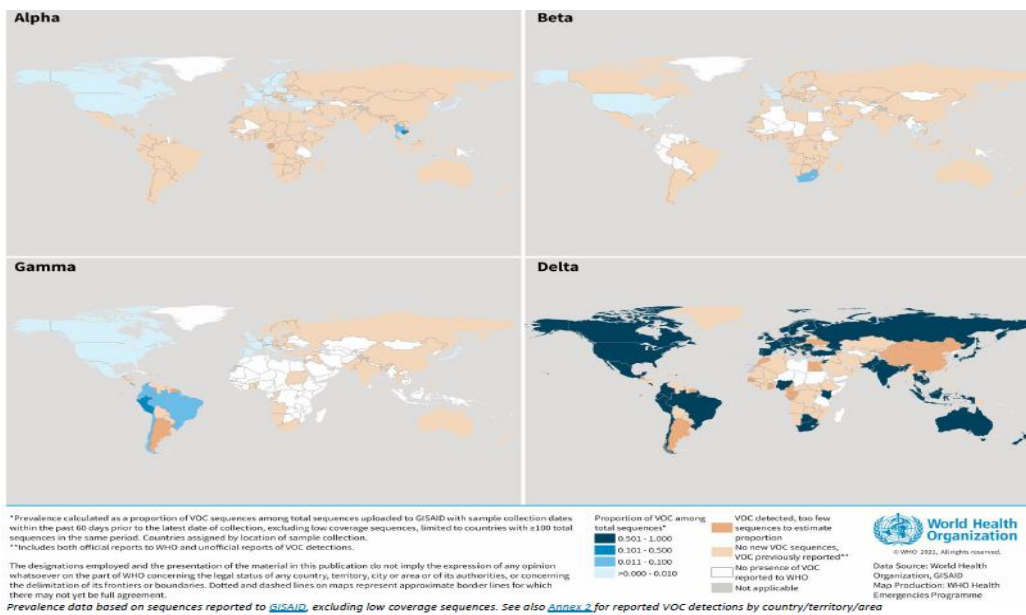
Tabla 2- VOC definidas por OMS y su impacto en vacunas (Referencias al pie de tabla)

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 (2), Moderna-mRNA-1273/Pfizer BioNTech-Comirnaty (1), AstraZeneca-Vaxzevria/ SII Covishield (2), Pfizer BioNTech-Comirnaty (6)</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>Enfermedad sintomática: ↔: Moderna-mRNA-1273 (1), Moderna-mRNA-1273/Pfizer BioNTech-Comirnaty (1), Pfizer BioNTech-Comirnaty (4) ↔ a ↓: AstraZeneca-Vaxzevria/ SII Covishield (5) ↓: Novavax-Covavax (1)</li> <li>Infección: ↔: Moderna-mRNA-1273 (3) Pfizer BioNTech-Comirnaty (3)</li> </ul> <p>↔ a ↓: AstraZeneca-Vaxzevria/ SII Covishield (4)</p>	<p>↔: Anhui ZL-Recombinant (2), Beijing CNBG-BBIBP-CorV (1), Bharat-Covaxin (2), Janssen-Ad26.COV 2.5 (4)</p> <p>↔ a ↓: Pfizer BioNTech-Comirnaty (40), Moderna-mRNA-1273 (12), Moderna-mRNA-1273/Pfizer BioNTech-Comirnaty (2), AstraZeneca-Vaxzevria/ SII Covishield (8), Gamaleya-Sputnik V (4), ↔ a ↓↓: Sinovac- Coronavac (6)</p> <p>↓: Novavax-Covavax (1)</p>
Beta	<p><b>Mantiene protección contra enfermedad severa, reducción en la protección frente a enfermedad sintomática, evidencia limitada</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>Enfermedad severa: ↔: Janssen Ad26.COV 2.5 (1), Pfizer BioNTech-Comirnaty (3), Moderna-mRNA-1273 (1)</li> <li>Enfermedad sintomática: ↔: Janssen-Ad26. COV 2.5 (1), Moderna-mRNA-1273 (1), Pfizer BioNTech-Comirnaty (2), ↔ a ↓↓↓: AstraZeneca-Vaxzevria/ SII Covishield (2), ↓↓↓: Novavax-Covavax (1)</li> <li>Infección: ↔: Moderna-mRNA-1273 (1)</li> </ul> <p>↓: Pfizer BioNTech-Comirnaty (1)</p>	<p>↔ a ↓: Anhui ZL-Recombinante (3), Beijing CNBG- BBIBP-CorV (2)</p> <p>↓: Bharat-Covaxin (2)</p> <p>↓ a ↓↓: AstraZeneca-Vaxzevria / SII Covishield (8), Gamaleya-Sputnik V (3), Janssen-Ad26.COV 2.5 (8) Moderna- mRNA-1273 (16), Pfizer BioNTech-Comirnaty (41), ↓ a ↓↓↓: Sinovac-CoronaVac (6)</p> <p>↓↓ a ↓↓↓: Moderna-mRNA-1273/ Pfizer BioNTech-Comirnaty (2), Gamaleya-Sputnik V (5)</p> <p>↓↓↓ Novavax-Covavax (1)</p>
Gamma	<p><b>Impacto incierto, evidencia limitada</b></p> <p>Enfermedad severa: ↔: AstraZeneca-Vaxzevria/ SII Covishield (1), Moderna-mRNA-1273 (1), Pfizer BioNTech-Comirnaty (2)</p> <p>Enfermedad sintomática: ↔: AstraZeneca-Vaxzevria/ SII Covishield (1), Moderna-mRNA-1273 (1), Pfizer BioNTech-Comirnaty (1)</p> <p>Infección: ↔ AstraZeneca-Vaxzevria/ SII Covishield (1), Moderna-mRNA-1273 (1), Pfizer BioNTech-Comirnaty (1), Sinovac-CoronaVac (1)</p>	<p>↔ Anhui ZL-Recombinante (1)</p> <p>↔ to ↓: Pfizer BioNTech-Comirnaty, (24), Sinovac-CoronaVac (4), AstraZeneca-Vaxzevria / SII Covishield (3), Janssen-Ad26.COV 2.5 (4)</p> <p>↓: Moderna- mRNA-1273 (8)</p> <p>↓ a ↓↓: Gamaleya-Sputnik V (3)</p>
Delta	<p><b>Mantiene Protección contra enfermedad severa; posible protección reducida contra enfermedad sintomática e infección. Evidencia limitada.</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>Enfermedad severa: ↔: AstraZeneca- Vaxzevria/ SII Covishield (3), Moderna-mRNA-1273 (2), Pfizer BioNTech-Comirnaty (6)</li> <li>Enfermedad sintomática: ↔: Moderna-mRNA-1273 (1), ↔ a ↓: Pfizer BioNTech-Comirnaty (4), ↔ a ↓↓: AstraZeneca-Vaxzevria/ SII Covishield (5), ↓: Bharat-Covaxin (1)</li> <li>Infección: ↔: Moderna-mRNA-1273 (3), ↔ a ↓: AstraZeneca- Vaxzevria/ SII Covishield (4), Pfizer BioNTech-Comirnaty (3), ↓↓↓: Janssen Ad26.COV 2.5 (3)</li> </ul>	<p>↔ a ↓: Bharat-Covaxin (3), Anhui ZL-Recombinant (2), Pfizer BioNTech-Comirnaty (19)</p> <p>↔ a ↓↓: Janssen Ad26.COV 2.5 (8)</p> <p>↓: AstraZeneca-Vaxzevria (9), Moderna- mRNA-1273 (7)</p> <p>↓ a ↓↓: Moderna-mRNA-1273/ Pfizer BioNTech-Comirnaty (2)</p> <p>↓ a ↓↓↓: Sinovac-CoronaVac (4)</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. Numero de estudios se muestra entre paréntesis.

<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 \(who.int\)](#); [Weekly epidemiological update on COVID-19 - 7 September 2021 \(who.int\)](#); [Weekly epidemiological update on COVID-19 - 16 November 2021 \(who.int\)](#)

**Figura 1 – Prevalencia de variantes de preocupación (VOC) en los últimos 60 días y datos históricos al 16 de noviembre 2021.**



**Tabla 3 - En la siguiente tabla se muestran las VOI en investigación al 16 de noviembre 2021 según OMS.**

WHO	Lambda	Mu
CLADO NEXTSTRAIN	21G	21H
CLADO GISAID	GR/452Q.V1	GH
Linaje Pangolin	C.37	B.1.621
Detectada inicialmente	Perú	Colombia
Muestra más antigua detectada	DIC 2020	ENE 2021
Mutaciones importantes en la "S"	G75V, T76I, del247/253, L452Q, F490S, D614G y T859N	R346K, E484K, N501Y, D614G, P681H

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