

**COVID-19**

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

**SE49/2021**

**INFORME TÉCNICO**

**DICIEMBRE 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>5</sup>

---

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

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

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

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

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

## SITUACIÓN ACTUAL NUEVAS VARIANTES SARS-CoV-2

A la fecha hay 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 Manaus)
- Alpha: VOC 20I/501.V1 (linaje B.1.1.7, originalmente detectada en Reino Unido)
- Beta: VOC 20H/501Y.V2 (linaje B.1.351, originalmente detectada en Sudáfrica)
- Delta: VOC 21A/478K.V1 (linaje B.1.617.2, originalmente detectada en India)
- 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 \(who.int\)](#)

El 26 de noviembre la OMS designó al linaje B.1.1.529 como variante de preocupación (VOC) y la denominó Ómicron.<sup>9</sup> La variante Ómicron se notificó por primera vez a la OMS el 24 de noviembre de 2021 desde Sudáfrica, mientras que el primer caso conocido confirmado por laboratorio se identificó a partir de una muestra recolectada el 9 de noviembre de 2021. La designación como VOC se realizó en vista del potencial de mayor transmisibilidad y / o grado de escape inmunológico, dado el número de mutaciones que posee en la proteína de la espícula, así como los informes epidemiológicos iniciales de Sudáfrica, incluidas las señales de un mayor riesgo de reinfección.<sup>10</sup>

Al 7 de diciembre de 2021, la epidemiología genética global del SARS-CoV-2 se caracteriza por un predominio de la variante Delta, una tendencia descendiente en la proporción de Alpha, Beta y Gamma, y la aparición de Ómicron. A la fecha de elaboración del siguiente informe, se han notificado casos de Ómicron en 57 países de todas las regiones de la OMS. Si bien la mayoría de los casos identificados en estos países están actualmente relacionados con viajes, esto puede cambiar a medida que haya más información disponible. De 899935 secuencias registradas en GISAID con muestras recolectadas en los últimos 60 días, 897886 (99.8%) fueron Delta, 713 (0.1%) fueron Ómicron, 286 (<0.1%) Gamma, 154 (<0.1%) Alpha, 64 (<0,1%) Beta y <0,1% comprendía otras variantes circulantes (incluidos los VOI Mu y Lambda). 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. Para la interpretación de estas proporciones debe considerarse las limitaciones de la vigilancia, incluidas las diferencias en las capacidades de secuenciación y las estrategias de muestreo entre países, así como las demoras en la notificación.<sup>10</sup>

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.

La variante Delta ha sido asociada a mayor transmisibilidad y mayor tasa de ataque secundario. Un 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

<sup>9</sup> [Weekly epidemiological update on COVID-19 - 30 November 2021 \(who.int\)](https://www.who.int/news-room/updates/2021-11-30-covid-19-omicron)

<sup>10</sup> [Weekly epidemiological update on COVID-19 - 7 December 2021 \(who.int\)](https://www.who.int/news-room/updates/2021-12-07-covid-19-omicron)

<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.

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

---

<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

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

*El siguiente informe fue redactado con la información producida en el marco de la vigilancia genómica de SARS CoV-2<sup>13</sup> en base a datos registrados en el Sistema Nacional de Vigilancia de la Salud de casos secuenciados por el INEI-ANLIS y por los distintos laboratorios del Consorcio PAIS con derivaciones aportadas por los laboratorios de diagnóstico en puntos de entrada y por todas las jurisdicciones que envían muestras para su secuenciación en el marco de la vigilancia regular, en viajeros, en casos inusitados, sospecha de reinfección y vacunados.<sup>14</sup> 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 6 de diciembre, se han analizado 12688 muestras para la identificación de variantes de SARS-CoV-2, de las cuales 8504 fueron estudiadas por secuenciación genómica y 4184 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>15, 16</sup>

Entre la SE1-SE48, se registraron al SNVS<sup>2.0</sup> 11693 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 4792 casos no relacionados con la importación o en investigación en las siguientes jurisdicciones: Ciudad de Buenos Aires, provincia de Buenos Aires, Catamarca, Chaco, Chubut, Córdoba, Corrientes, Entre Ríos, Jujuy, La Pampa, La Rioja, Mendoza, Misiones, Neuquén, Río Negro, Salta, San Juan, San Luis, Santa Cruz, Santa Fe, Santiago del Estero, Tierra del Fuego<sup>17</sup> y Tucumán.

En relación al resto de las variantes, se detectaron 4418 casos que correspondieron a la VOC Gamma (VOC 20J/501Y.V3, linaje P.1), 355 a la VOC Alpha (VOC 20I/501Y.V1, linaje B.1.1.7) y 1666 casos a la VOI Lambda (linaje C.37 derivada del B.1.1.1); en 39 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 364 muestras correspondieron a otras variantes no VOC y no VOI.<sup>18</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 SE48, el 81% corresponden a variantes de preocupación, 14.25% a la VOI Lambda (linaje C.37 derivada de B.1.1.1), 0.33% a la VOI Mu (linaje B.1.621), 0.5% a variantes

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

<sup>14</sup> El informe analiza los resultados registrados en el Sistema Nacional de Vigilancia de la Salud para el Evento Vigilancia Genómica aportados por el INEI-ANLIS desde 01-01-2021 hasta 6-12-2021, y por los distintos laboratorios del Consorcio PAIS desde 01-06-2021 hasta 6-12-2021 (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>15</sup> Sujeto a modificaciones por la actualización de los antecedentes epidemiológicos de los casos.

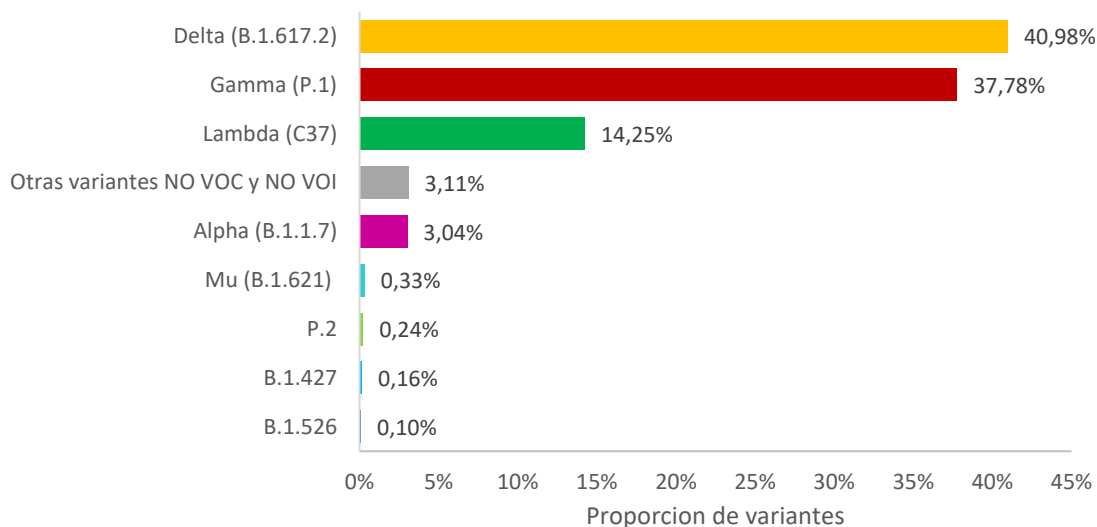
<sup>16</sup> Debido a los tiempos que conlleva el envío de las muestras para secuenciación, la labor de la técnica de secuenciación genómica hasta la obtención de resultados y el registro de los mismos al SNVS.2.0 el número de casos incorporados en las últimas semanas es aún escaso. Esto debe considerarse en la interpretación de este informe.

<sup>17</sup> Caso con residencia en Tierra del Fuego y episodio transcurrido en Tucumán en investigación.

<sup>18</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.

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 40% del total acumulado de muestras con identificación de variante en no viajeros en Argentina. (Grafico 1)

**Gráfico 1: Distribución porcentual de muestras acumuladas correspondientes a variantes prioritarias y no prioritarias en no viajeros. Acumuladas Total País. n= 11693**

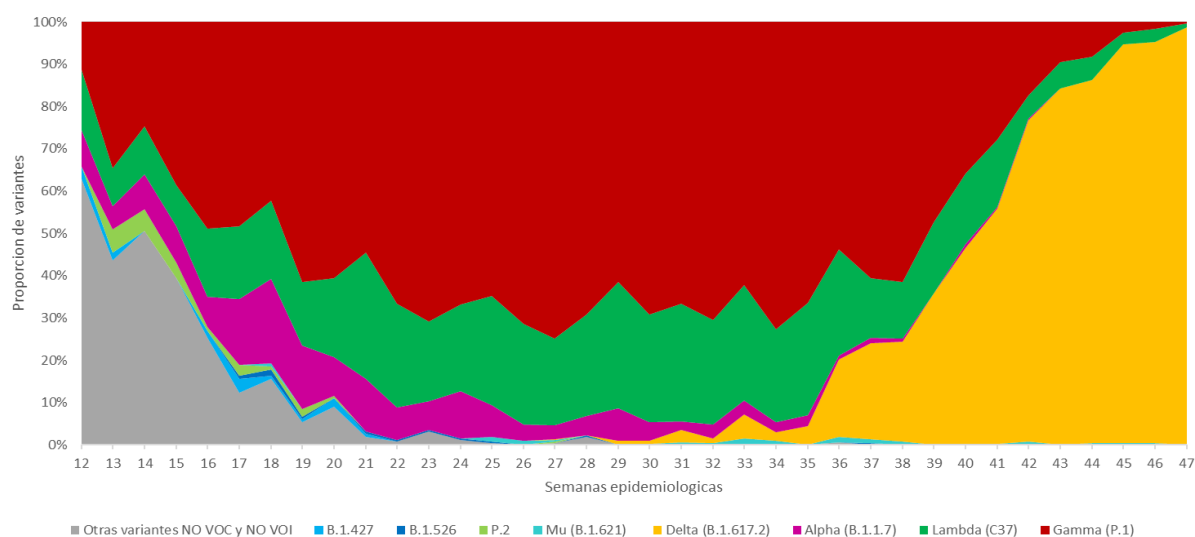


Fuente: Sistema Nacional de Vigilancia de la Salud (SNVS)

En cuanto al comportamiento temporal puede observarse que, en las últimas semanas del periodo analizado, la VOC Delta (B.617.2) continua en ascenso, alcanzando más del 95% hacia la SE47. Paralelamente se continúa registrando un descenso para Gamma (P.1) que pasó del 9.5% en la SE43 a menos del 1% en SE47. Con respecto a la VOC Alpha (B.1.1.7) no se han registrado casos desde la SE42. La VOI Lambda (C.37), también experimenta un descenso de la proporción de casos que va de un 6% en la SE43 a un 1% en la SE47. (Grafico 2 - Tabla 1).



**Gráfico 2: Distribución porcentual de variantes identificadas en no viajeros según semana epidemiológica de toma de muestra. SE12- SE47. Total país.<sup>19</sup>**



**Tabla 1: Proporción de muestras por linaje identificado y por semana epidemiológica de toma de muestra en no viajeros. SE34- SE47. Total país.**

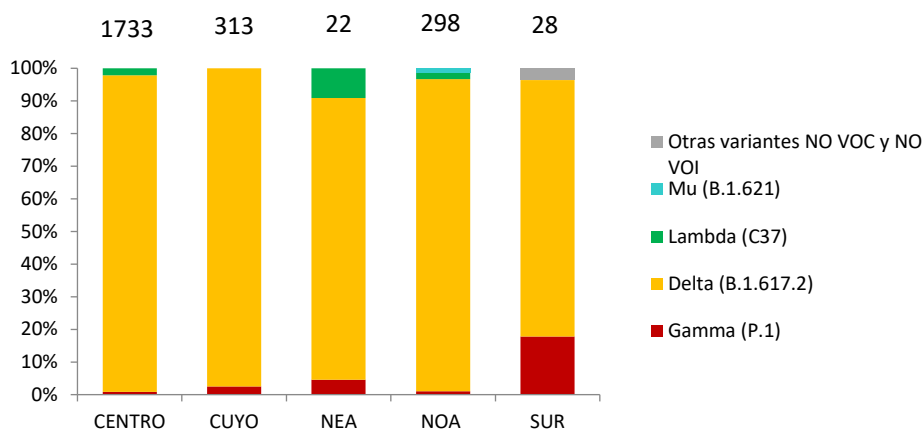
Linaje / SE	34	35	36	37	38	39	40	41	42	43	44	45	46	47
<b>Gamma (P.1)</b>	72,6%	66,5%	53,7%	60,6%	61,5%	47,3%	35,9%	27,7%	17,5%	9,5%	8,2%	2,5%	1,7%	0,3%
<b>Alpha (B.1.1.7)</b>	2,4%	2,5%	1,0%	1,2%	0,9%	0,0%	0,9%	0,2%	0,3%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%
<b>Delta (B.1.617.2)</b>	2,1%	4,4%	18,2%	22,8%	23,5%	35,7%	46,6%	55,7%	75,9%	84,2%	85,9%	94,4%	95,0%	98,7%
<b>Lambda (C37)</b>	22,0%	26,6%	25,1%	14,1%	13,2%	16,9%	16,7%	16,1%	5,4%	6,2%	5,4%	2,7%	3,0%	1,0%
<b>Mu (B.1.621)</b>	0,9%	0,0%	1,3%	0,8%	0,9%	0,0%	0,0%	0,2%	0,7%	0,1%	0,2%	0,3%	0,3%	0,0%
<b>Epsilon (B.1.427)</b>	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,2%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%
<b>Iota (B.1.526)</b>	0,0%	0,0%	0,0%	0,4%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%
<b>Otras variantes</b>	0,0%	0,0%	0,7%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,2%	0,1%	0,0%	0,0%

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

Entre las SE45-48 la distribución de variantes prioritarias es mayor al 90% en todas las regiones del país. En la región Centro y Cuyo puede observarse que la proporción de variantes prioritarias entre los casos analizados por secuenciación genómica y rt-PCR, representa un 98% y 100%, respectivamente, siendo superior al resto de las regiones. En las regiones NEA, NOA y Sur la proporción de variantes prioritarias entre las muestras estudiadas y registradas al SNVS.2.0. en el periodo analizado es del 91%, 97% y 96%, respectivamente. (Gráfico 3 y Gráfico 4).

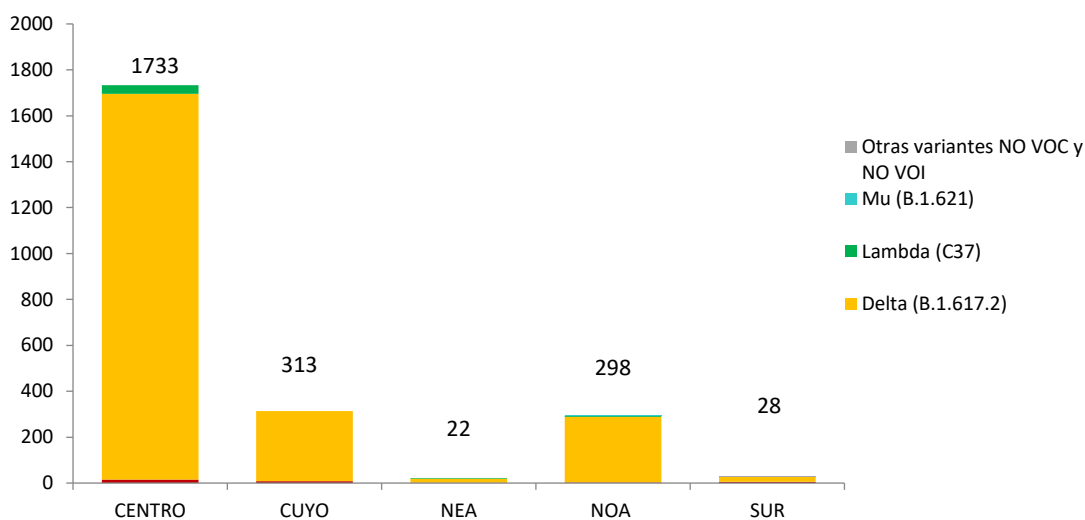
<sup>19</sup> Datos aportados por las Jurisdicciones al evento nominal “Vigilancia Genómica de SARS COV 2”.

**Gráfico 3: Distribución relativa de muestras correspondientes a variantes prioritarias y no prioritarias en no viajeros por Región del País. Periodo analizado SE45-48. n= 2394**



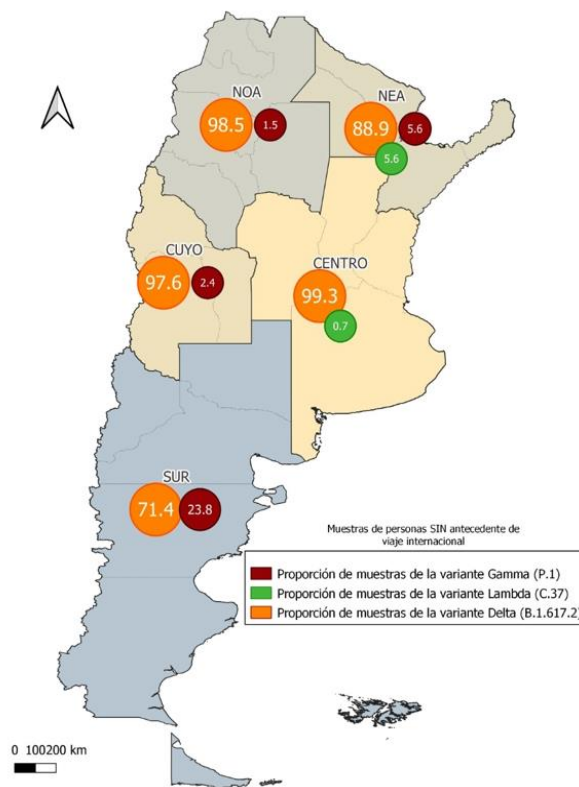
Fuente: Sistema Nacional de Vigilancia de la Salud (SNVS)

**Gráfico 4: Distribución absoluta de muestras correspondientes a variantes prioritarias y no prioritarias en no viajeros por Región del País. Periodo analizado SE45-48. n= 2394**



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

**Grafico 5: Distribución proporcional de muestras correspondientes a variante Delta (B.617.2), Gamma (P.1) y Lambda (C.37) en no viajeros según región. Incluye 2 últimas semanas epidemiológicas con datos representativos disponibles para cada Region hasta el 06-12-2021.** <sup>20</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>21, 22</sup>

Se analizaron para detección de variantes de SARS-CoV-2 995 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 06/12.

En 649 casos se halló la variante prioritaria Delta (linaje B.1.617.2 reportada originalmente en India), en 142 casos se identificó la variante de preocupación (VOC) Gamma (20J/501Y.V3, linaje P.1, originalmente detectada en Manaus)<sup>23</sup> 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>20</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>21</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>22</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](#)

<sup>23</sup> 1 caso de variante Gamma fue reclasificado en función de los antecedentes epidemiológicos consignados.

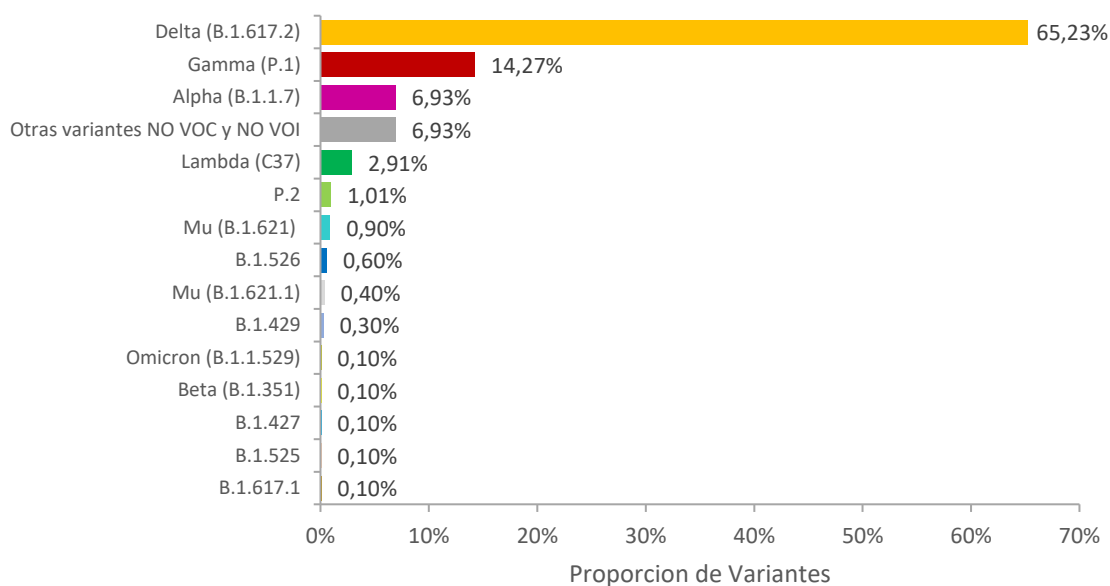
En cuanto a las variantes de interés, en 29 casos se aisló la VOI Lambda (linaje C.37, derivada de B.1.1.1)<sup>24</sup> y en 13 casos la VOI Mu<sup>25</sup> (9 de ellos con linaje B.1.621 y 4 casos con linaje B.1.621.1), esta última en viajeros provenientes de Colombia, Venezuela y México.

A la fecha de publicación de este informe, en Argentina se detectaron 6 casos de variante Ómicron de SARS-CoV-2 con confirmación por secuenciación genómica completa. Los casos corresponden a 1 viajero procedente de Sudáfrica (detectado en la provincia de San Luis), 1 viajero procedente de Dubái, Emiratos Árabes Unidos (detectado en la provincia de Córdoba) y otro viajero procedente de EE. UU (residente en la provincia de Santa Fe). Adicionalmente se detectaron 3 casos relacionados con la importación vinculados al caso procedente de Dubái.<sup>26, 27</sup>

Los 6 casos fueron confirmados por secuenciación completa (5 en el Malbrán y 1 en el INTA Rafaela) y todos tuvieron pruebas preliminares que detectaron a los casos probables de Ómicron en las 3 provincias involucradas (San Luis, Córdoba y Santa Fe).

Por otra parte, se encuentra en estudio un caso probable de Ómicron en la provincia de Córdoba con aproximadamente más de 100 casos asociados. Se trata de una persona proveniente de EE.UU. que asiste a una fiesta de egresados al otro día de arribar a Argentina, en la que participaron varios colegios de la ciudad. Entre los afectados hay estudiantes, docentes y familiares. La muestra ha sido derivada para su secuenciación completa.

**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= 995**



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

<sup>24</sup> Dos casos de variante Lambda fueron reclasificados en función del resultado final obtenido por secuenciación genómica completa.

<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](#)

<sup>27</sup> Información disponible en: [El Ministerio de Salud confirma 4 casos de SARS CoV-2 de la variante Ómicron en Córdoba y estudia 1 caso en la provincia de Santa Fé | Argentina.gob.ar](#)

### **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>28</sup>**

Entre la SE1-SE48, se han registrado al Evento de Vigilancia Genómica del SNVS.2.0 11693 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, 9565 (82%) se corresponden con variantes prioritarias (VOC) y 2128 (18%) son variantes no prioritarias (VOI y Otras variantes).

La mediana de edad para el total de los casos estudiados es de 38 años<sup>29</sup>. En cuanto a la distribución por grupo de edad para el periodo analizado, se observa que tanto los casos en los que se detectaron variantes prioritarias como no prioritarias corresponden al grupo de 30-39 años en primer lugar y de 40-49 años en segundo lugar.

Respecto a la distribución por sexo de los casos estudiados, se analizaron 6237 casos en mujeres y 5432 en hombres<sup>30</sup>. Entre las mujeres, 5105 (81.8%) casos pertenecen a variantes prioritarias y 1132 (18.2%) casos a variantes no prioritarias. Mientras que, en los hombres, en 4440 (81.7%) casos se detectan variantes prioritarias y en 992 (18.3%) 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.

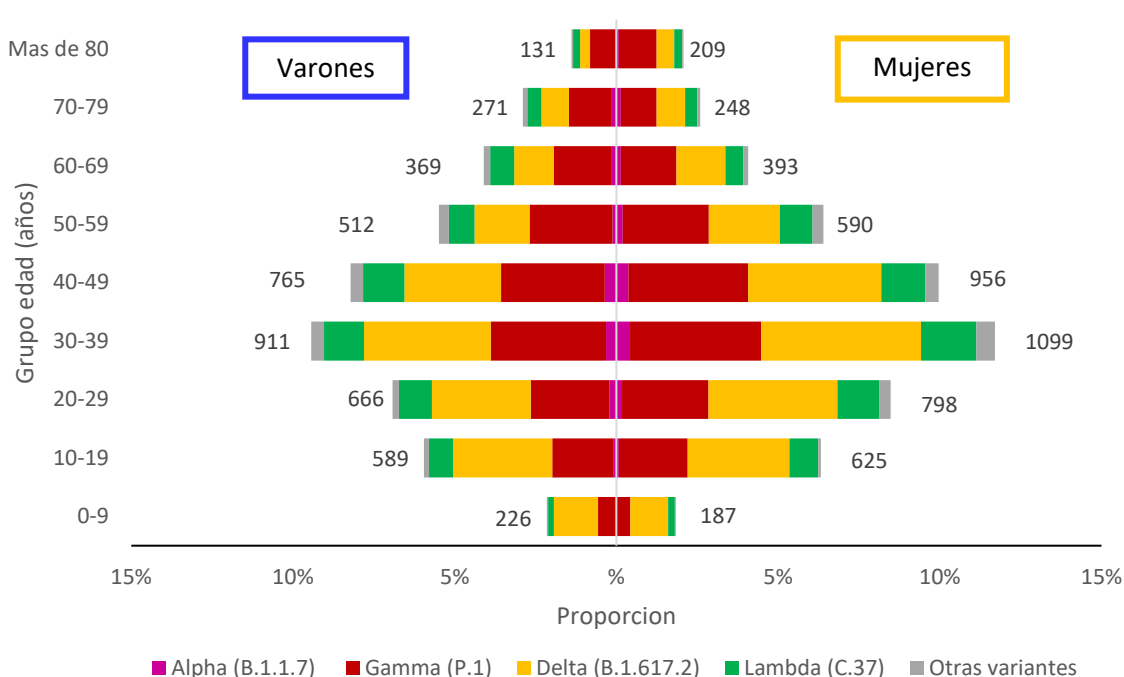
Respecto a la distribución de variantes no prioritarias, entre los 20-59 años la frecuencia absoluta es superior para mujeres mientras que en el resto de los grupos de edad es algo mayor para los varones. (Grafico 1).

<sup>28</sup> Sujeto a modificaciones en la medida en que se aporte nueva información al sistema para el período analizado.

<sup>29</sup> Las muestras analizadas al momento no solo corresponden a las muestras enviadas como parte de la vigilancia regular sino que también representan muestreos por conveniencia y están orientadas al estudio de casos inusitados, post-vacunación, sospecha de reinfección y estudios de brotes. En consecuencia, pueden no corresponderse con una distribución que sea representativa de la población general.

<sup>30</sup> Hay 24 casos con sexo indeterminado: 20 casos con detección de VOC y 4 casos con detección de no VOC.

**Gráfico 1: Distribución de variantes prioritarias y no prioritarias por grupo edad y sexo de casos secuenciados para el total país. (n=11669)<sup>31</sup>**



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

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

Del total de casos estudiados entre la SE45-48, se registraron al SNVS<sup>2.0</sup>, 22 casos con evolución grave y 2372 casos sin criterio de gravedad<sup>32</sup>.

En cuanto a la distribución de variantes prioritarias en el periodo analizado, se detectan 19 (86.4%) casos de la VOC Delta (B.1.617.2) y 1 caso de variante Gamma (VOC 20J/501Y.V3, linaje P.1) con evolución grave; mientras que, en los casos no graves, 2293 (96.7%) corresponden a la VOC Delta y 31 (1.3%) a la variante Gamma (VOC 20J/501Y.V3, linaje P.1).

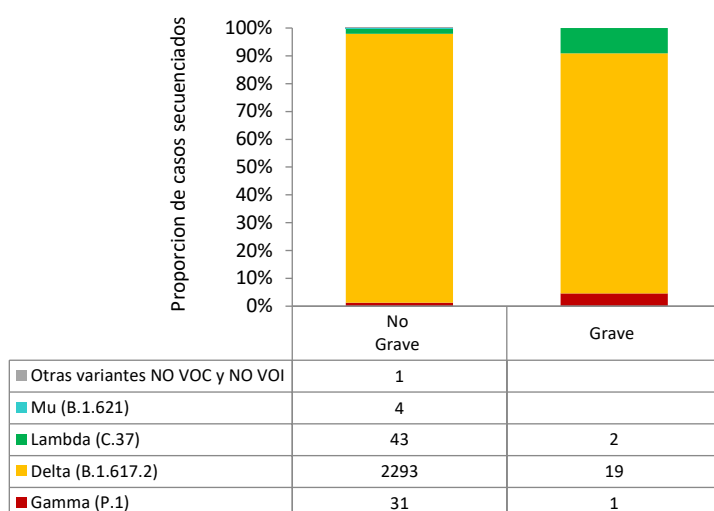
En el periodo analizado, la proporción de la variante Delta (B.1.617.2) es mayor para los casos no graves que para aquellos con criterio de gravedad.

Respecto a la distribución de la VOI Lambda (linaje C.37 derivada de B.1.1.1) para el mismo periodo, se detectan 43 (1.8%) casos no graves y 2 casos con criterio de gravedad. (Gráfico 2).

<sup>31</sup> Los números absolutos por grupo de edad y sexo corresponden al total de variantes prioritarias (VOC).

<sup>32</sup> Se definen como **graves** aquellos casos registrados al SNVS.2.0 bajo el evento "Caso sospechoso de COVID-19, influenza y OVR" que requirieron ingreso a unidad de cuidados críticos y/o fallecidos.

**Gráfico 2: Distribución porcentual de variantes en casos analizados según criterio de gravedad para el total país. (n=2394).**



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

### 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 SE45- SE48, se registraron un total de 1868 casos analizados para detección de variantes de SARS COV 2 con antecedente de vacunación para SARS-CoV-2, 339 casos luego de la aplicación de la primera dosis de vacuna y 1529 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>33</sup>.

Entre 603 casos de COVID-19 en pacientes sin vacunación o con primera dosis de vacuna dentro de los 21 días posvacunación estudiados por secuenciación genómica, un 96.7% correspondió a la variante Delta (B.1.617.2), un 1.3% a la VOC Gamma (VOC 20J/501Y.V3, linaje P.1) y un 2% a la variante Lambda (C.37 derivada de B.1.1.1).

Asimismo, en los 309 casos de COVID-19 con esquema de vacunación parcial, estudiados por secuenciación genómica, un 96.7% corresponde a la VOC Delta

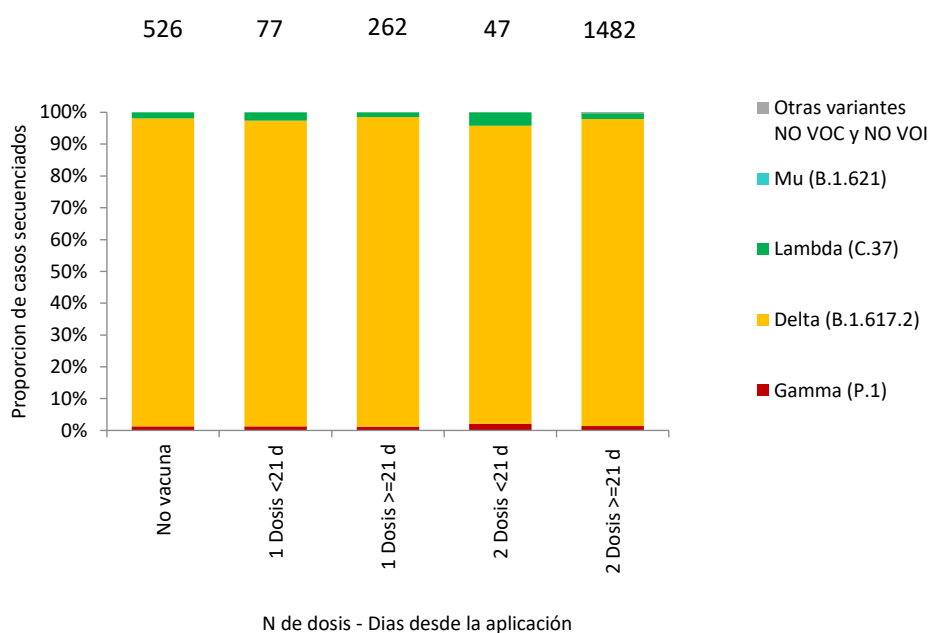
<sup>33</sup> Se consideran casos con **esquema de vacunación parcial** aquellas personas que han recibido la primera dosis de vacuna y hayan pasado al menos 21 días desde la fecha de vacunación y la fecha de toma de muestra. Se consideran **no vacunados** a todos los casos secuenciados que no recibieron 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 al menos la segunda dosis de vacuna al menos 21 días antes a la fecha de toma de la muestra.

(B.1.617.2), un 1.3% a la variante Gamma (VOC 20J/501Y.V3, linaje P.1) y un 2% a la variante Lambda (C.37 derivada de B.1.1.1).

Entre los 1482 casos de COVID-19 con esquema de vacunación completo, estudiados por secuenciación genómica, un 96.5% corresponde a la variante Delta (B.1.617.2), un 1.35% a la VOC Gamma (VOC 20J/501Y.V3, linaje P.1), un 1.8% a la variante Lambda (C.37 derivada de B.1.1.1), un 0.3% a la VOI Mu (B.1.621) y un 0.07% a otras variantes no VOC ni VOI.

La distribución de variantes prioritarias en los diferentes grupos analizados según antecedente de vacunación es de aproximadamente un 98%. Esto debe interpretarse considerando que los casos de COVID-19 con esquema de vacunación parcial y completa son 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. (Grafico 3 y Grafico 4).

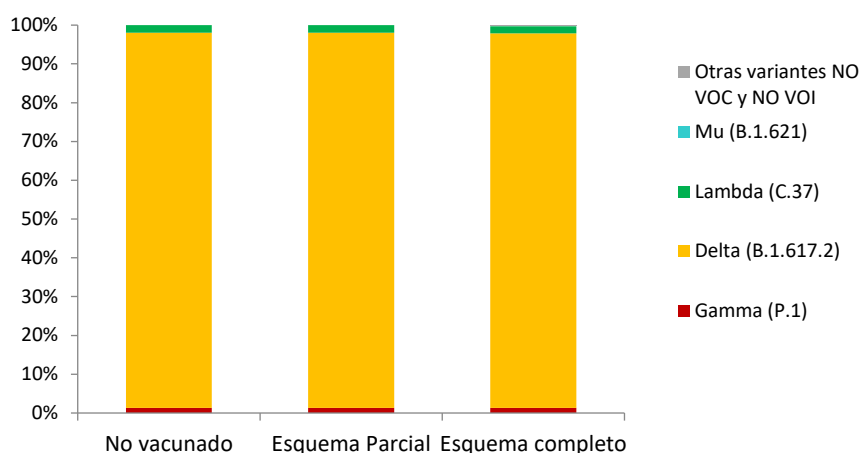
**Gráfico 3: Distribución porcentual de variantes en casos estudiados según número de dosis de vacuna y tiempo transcurrido desde la aplicación para el total país SE45-48.**



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 vacunación para el total país SE45-48<sup>34</sup>.**



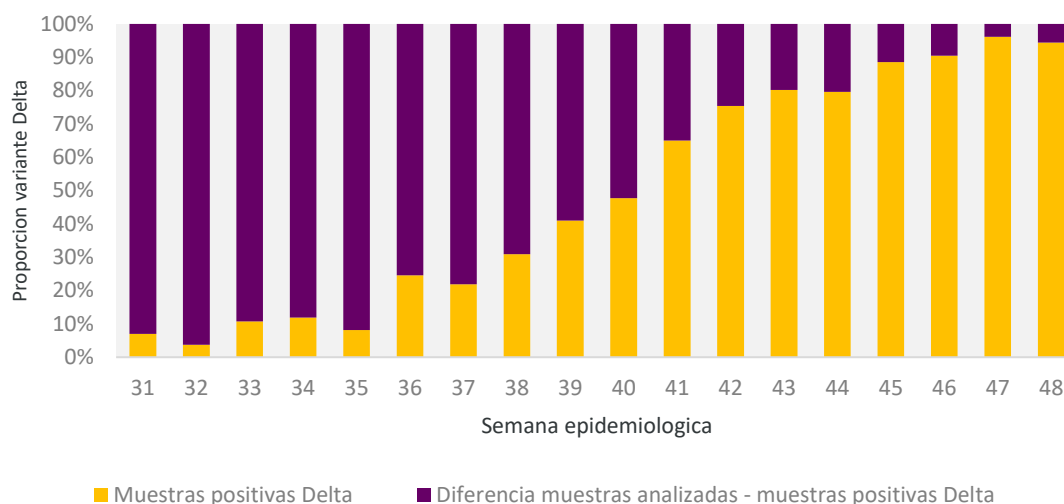
Fuente: Sistema Nacional de Vigilancia de la Salud (SNVS) y Registro Federal de Vacunación Nominalizado (NoMiVac)

### 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 9 Jurisdicciones del país, permite estimar que la proporción de casos probables de Delta entre las muestras analizadas en no viajeros se incrementa de un 80% en la SE44 a un 94.4% en la SE48.

<sup>34</sup> **No vacunados:** 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; **Esquema de vacunación 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 al menos la segunda dosis de vacuna y han pasado 21 o más desde la aplicación de la segunda dosis y la fecha de toma de la muestra.

**Gráfico 1: Proporción de variante Delta probable entre las muestras analizadas por PCR específica en no viajeros registradas al SNVS.2.0. SE31-48.** <sup>35</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	48	100	99.26
Buenos Aires	47	100	88
Córdoba	48	92.25	92.99
Santa Fe	48	98.48	95.35
Mendoza	48	100	96.67
Santiago del Estero	46	80	71.43
Tucumán	48	100	97.50
Salta	47	100	93.62
La Pampa	48	79.49	100

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

### 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

<sup>35</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, provincia de Buenos Aires, Córdoba, Santa Fe, Mendoza, Santiago del Estero, Tucumán, Salta y La Pampa.

investigación epidemiológica de brotes de COVID-19 e investigación de las variantes de SARS-CoV-2 asociadas.<sup>36</sup>

A la fecha de redacción de este informe, 48 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 SE48.**<sup>37, 38</sup>

Provincia	Brotes acumulados (SE34- SE48)		Tipo de Institución	Variante de SARS-CoV-2 identificada	Casos Hospitalizados	Casos fallecidos
	Brotes	Casos asociados				
Buenos Aires	23	401	Institución educativa: 21 Otros - Institución educativa: 1 Residencia Geriátrica: 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	4	135	Institución educativa: 1 Residencia Geriátrica: 3	Delta (B.1.617.2): 4	SE*	3
San Juan	1	35	Residencia Geriátrica	SE <sup>39</sup>	-	2
San Luis	1	12	Institución educativa	Delta (B.1.617.2)	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
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.

<sup>36</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>37</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.

<sup>38</sup> Brotes y conglomerados de casos de COVID-19 registrados hasta el 6-12-2021.

<sup>39</sup> Variante de interés sin especificar linaje.

## SITUACIÓN INTERNACIONAL

En las Tablas 1-3 se muestran las variantes VOC y VOI definidas por OMS al 7 de diciembre de 2021.

Tabla 1 - Variantes de preocupación (VOC)

WHO	Alpha	Beta	Gamma	Delta	Ómicron
CLADO NEXTSTRAIN	20I (V1)	20H (V2)	20J (V3)	21A, 21I, 21J	21K
CLADO GISAID	GRY (GR/501Y.V1)	GH/501Y.V2	GR/501Y.V3	G/478K.V1	GR/484A
Linaje Pangolín	B.1.1.7	B.1.351	P.1	B.1.617.2	B.1.1.529
Detectada inicialmente	UK-Reino Unido	SA-Sudáfrica	Brasil	India	Múltiples países
Muestra más antigua detectada	SEP 2020	MAY 2020	NOV 2020	OCT 2020	NOV 2021
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)	A67V, Δ69-70, T95I, G142D, Δ143-145, Δ211, ins214EPE, G339D, S371L, S373P, S375F, K417N, N440K, G446S, S477N, T478K, E484A, Q493R, G496S, Q498R, N501Y, Y505H, T547K, D614G, H655Y, N679K, P681H, N764K, D796Y, N856K, Q954H, N969K, L981F <sup>40</sup>
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	En estudio. No hay aun evidencia directa de aumento de 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	Se desconoce. Datos de outcomes clínicos bajos revisión.
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.	Evidencia preliminar sugiere un posible incremento de riesgo de re-infección.
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 impacto en test de PCR o test de antígenos observado	Las PCR continúan detectando Ómicron. Impacto en test rápido de antígenos en investigación.*

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

Respecto a la utilidad de pruebas diagnósticas para la detección de variante Ómicron, la OMS informa que es poco probable que las pruebas de PCR que incluyan múltiples objetivos genéticos se vean afectadas y deben continuar usándose para detectar la infección por SARS-CoV-2, incluida la variante Ómicron. La

<sup>40</sup> [SARS-CoV-2 variants of concern as of 3 December 2021 \(europa.eu\)](https://www.euro.who.int/en/health-topics/communicable-diseases/news-room/2021/12/sars-cov-2-variants-of-concern-as-of-3-december-2021)

mayoría de las secuencias variantes de Ómicron notificadas incluyen una mutación de delección 69-70 en la proteína Spike. La presencia de la delección 69-70 provoca la no detección de algunos objetivos del gen S en los ensayos de PCR, como el kit combinado TaqPath COVID-19 y el kit TaqPath COVID-19 CE-IVD RT-PCR (Thermo Fisher Scientific). Esta falla de la diana del gen S (SGTF) puede usarse como un marcador sugestivo de Ómicron. Sin embargo, la confirmación debe realizarse mediante la secuenciación genómica, ya que esta delección se encuentra en otras VOC (por ejemplo, Alpha y subconjuntos de Gamma y Delta) que actualmente circulan a niveles bajos a nivel mundial, pero posiblemente circulan a niveles más altos a nivel local. Fuente: [Weekly epidemiological update on COVID-19 - 7 December 2021 \(who.int\)](#)

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

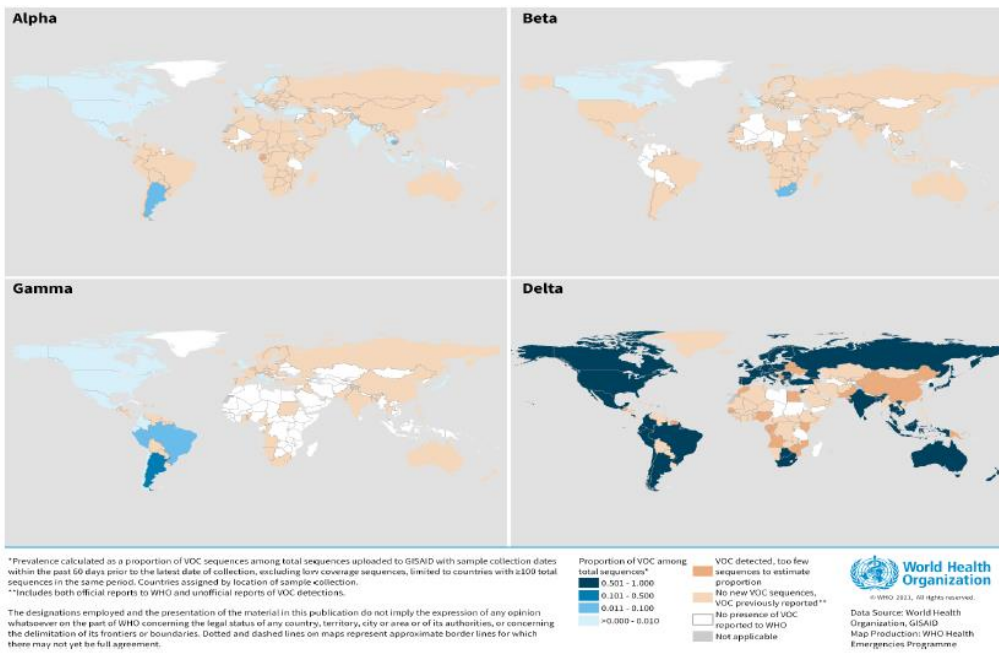
VOC	Impacto en efectividad/ eficacia de las vacunas (Referencias al pie de tabla)	Impacto en la capacidad de neutralización por vacunas
Alpha	<p><b>Mantiene Protección contra la enfermedad severa, sintomática e infección.</b></p> <p>Enfermedad severa: ↔: Moderna-mRNA-1273 (2), Moderna-mRNA-1273/Pfizer BioNTech-Comirnaty (1), AstraZeneca-Vaxzevria/ SII Covishield (2), Pfizer BioNTech-Comirnaty (6)</p> <p>• 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)</p> <p>• Infección: ↔: Moderna-mRNA-1273 (3) Pfizer BioNTech-Comirnaty (3)</p> <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 (42), Moderna-mRNA-1273 (13), 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> <p>• Enfermedad severa: ↔: Janssen Ad26.COV 2.5 (1), Pfizer BioNTech-Comirnaty (3), Moderna-mRNA-1273 (1)</p> <p>• 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)</p> <p>• Infección: ↔: Moderna-mRNA-1273 (1)</p> <p>↓: Pfizer BioNTech-Comirnaty (1)</p>	<p>↔ a ↓: Beijing CNBG- BBIBP-CorV (2), Anhui ZL-Recombinante (3)</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 (17), Pfizer BioNTech-Comirnaty (42), ↓ 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, (26), 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> <p>• Enfermedad severa: ↔: AstraZeneca- Vaxzevria/ SII Covishield (3), Moderna-mRNA-1273 (3), Pfizer BioNTech-Comirnaty (6)</p> <p>• Enfermedad sintomática: ↔: Moderna-mRNA-1273 (1), ↔ a ↓: Pfizer BioNTech-Comirnaty (4), ↔ a ↓↓: AstraZeneca-Vaxzevria/ SII Covishield (5), ↓: Bharat-Covaxin (1)</p> <p>• Infección: ↔: Moderna-mRNA-1273 (3), ↔ a ↓: AstraZeneca- Vaxzevria/ SII Covishield (4), Pfizer BioNTech-Comirnaty (3), ↓↓↓: Janssen Ad26.COV 2.5 (3)</p>	<p>↔ a ↓: Bharat-Covaxin (3), Anhui ZL-Recombinant (2), Pfizer BioNTech-Comirnaty (21)</p> <p>↔ a ↓↓: Janssen Ad26.COV 2.5 (8)</p> <p>↓: AstraZeneca-Vaxzevria (9), Moderna- mRNA-1273 (9)</p> <p>↓ a ↓↓: Moderna-mRNA-1273/ Pfizer BioNTech-Comirnaty (2), Gamaleya-Sputnik V (3)</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.

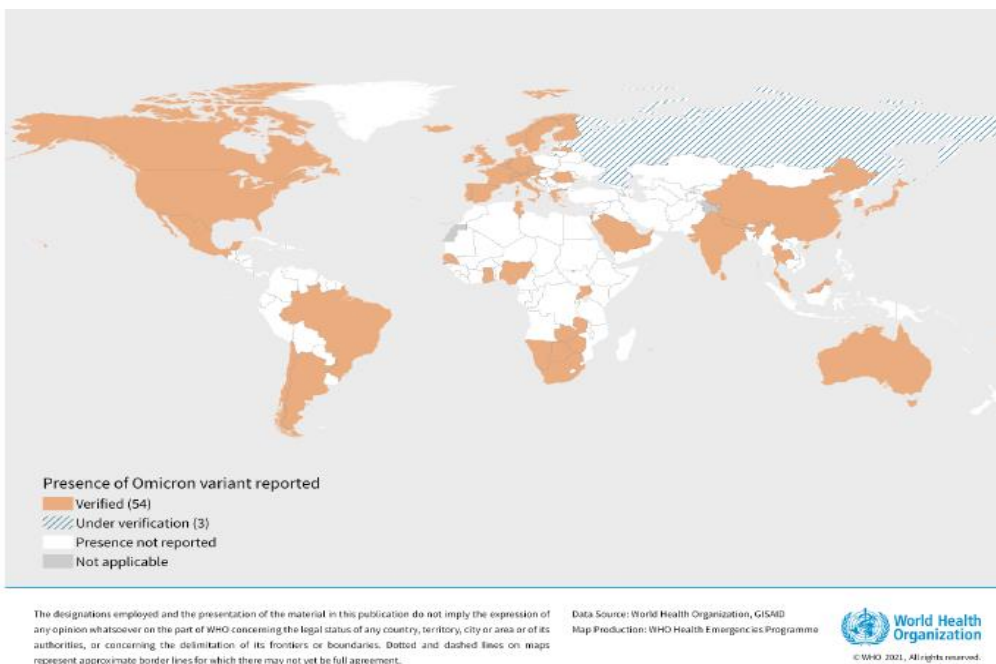
<https://www.who.int/publications/m/item/weekly-epidemiological-update-on-covid-19---25-may-2021>; [Weekly epidemiological update on COVID-19 - 6 July 2021 \(who.int\)](https://www.who.int/publications/m/item/weekly-epidemiological-update-on-covid-19-6-july-2021); [Weekly epidemiological update on COVID-19 - 7 September 2021 \(who.int\)](https://www.who.int/publications/m/item/weekly-epidemiological-update-on-covid-19-7-september-2021); [Weekly epidemiological update on COVID-19 - 30 November 2021 \(who.int\)](https://www.who.int/publications/m/item/weekly-epidemiological-update-on-covid-19-30-november-2021)

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

**Figura 1 – Prevalencia de variantes de preocupación (VOC) en los últimos 60 días y datos históricos al 7 de diciembre 2021.**



**Figura 2 – Detección de variante de preocupación (VOC) Ómicron al 7 de diciembre 2021.**



**Tabla 3 - En la siguiente tabla se muestran las VOI en investigación al 7 de diciembre 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)