

COVID-19

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

SE14/2022

INFORME TÉCNICO

ABRIL 2022



**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 VOTO¹
ELSA BAUMEISTER²
JOSEFINA CAMPOS³
CARLOS GIOVACCHINI⁴

EQUIPO TECNICO DE REGISTRO Y TRATAMIENTO DE DATOS:

MARIA PIA BUYAYISQUI¹
ALEXIA ECHENIQUE¹
MICAELA GAUTO⁵
LUCIA BARTOLOMEU⁵
MARIA PAZ ROJAS MENA⁵
MARIA EUGENIA CHAPARRO⁵
SILVANA CECILIA MAMANI⁵
MARÍA BELEN MARKIEWICZ¹
GEORGINA MARTINO¹
MARIANA MAURÍÑO¹
IGNACIO DI PINTO⁴
EZEQUIEL TRAVIN⁴

¹ Área de Vigilancia, Dirección de Epidemiología.

² Servicio de Virosis Respiratorias, INEI-ANLIS.

³ Plataforma genómica y bioinformática, INEI-ANLIS.

⁴ Dirección de Epidemiología.

⁵ Residencia de Epidemiología, Dirección de Epidemiología.

SITUACIÓN ACTUAL NUEVAS VARIANTES SARS-CoV-2

Dada la evolución continua del virus SARS-CoV-2 y la evolución en la comprensión de los impactos de las diferentes variantes del virus, las definiciones de trabajo de dichas variantes pueden ajustarse periódicamente. En ese contexto, las variantes pueden clasificarse y reclasificarse en función de los criterios para designarse como VOC/VOI/VUM (tanto para variantes que adquieran o se evidencien dichos criterios, o variantes que presentan un riesgo decreciente en relación con otras variantes circulantes).

El 9 de marzo de 2022, la OMS clasifica o subdivide las VOC/VOI/VUM (por sus siglas en inglés, variantes de preocupación, variantes de interés, variantes bajo monitoreo) en “variantes que circulan actualmente” y “variantes circulantes previamente”. Sin embargo, la baja circulación de VOC no altera su clasificación como tal.

De acuerdo a esta nueva subdivisión en el momento actual se clasifican:

VOC en circulación actualmente: Delta y Ómicron

VOI en circulación actualmente: no se reconoce en el momento actual ninguna VOI en circulación.

VUM en circulación actualmente: B.1.640 y BA.1 x AY.4 recombinante.

VOC circulantes anteriormente: Alpha, Beta y Gamma

Durante los últimos seis meses se ha observado una disminución significativa en la circulación de los VOC Alpha, Beta y Gamma en las 6 regiones de OMS.

Respecto a las VOI Lambda (C.37) y Mu (B.1.621; B.1.621.1), debido a su baja prevalencia en el último año, sin circulación notificada durante los últimos 90 días en ninguna de las seis regiones de la OMS, el 9 de marzo de 2022 fueron asignadas como “VOI en circulación previamente”. Asimismo, los linajes B.1.525 (Eta), B.1.526 (Iota), B.1.617.1 (Kappa), B.1.427/ B.1.429 (Epsilon), B.1.1.28.3, alias P.3 (Theta) y B.1.1.28.2,

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.

alias P.2 (Zeta) también son asignados a esta clasificación, no habiendo VOI en circulación actualmente.⁶

Actualmente, la epidemiología genómica global del SARS-CoV-2 se caracteriza por un predominio mundial de la variante Ómicron. Delta continúa siendo la única otra variante con una circulación significativa informada. Entre las 417.147 secuencias reportadas a GISAID con muestras recolectadas en los últimos 30 días, 416.175 (99,8 %) eran Ómicron, 141 (<0,1 %) eran Delta y 562 (<0,2%) secuencias no se asignaron a un linaje Pangolín.

Al 5 de abril, entre los linajes descendientes de Ómicron informados en los últimos 30 días, la proporción relativa de BA.2 ha aumentado al 93,6 %, mientras que BA.1.1 representa el 4,8 % y BA.1 y BA.3 representan <0,1 %. BA.2 se ha vuelto dominante en las seis regiones de la OMS y en 68 países con datos de secuenciación disponibles. Sin embargo, ha habido diferencias subregionales en el ascenso de BA.2; particularmente en América del Sur ya que BA.2 comenzó a aumentar más tarde y a un ritmo más lento en comparación con otras subregiones, representando el 28% de los linajes de Ómicron en la SE11.

En la medida que el virus SARS-CoV-2 continúa evolucionando y dado el nivel actual de transmisión en todo el mundo, surgen nuevas variantes incluidas las recombinantes. La recombinación es común entre los coronavirus y se considera como un evento mutacional esperado.

La variante recombinante de Delta (AY.4) y Ómicron (BA.1) linaje Pangolín XD esta siendo monitoreada como variante bajo monitoreo (VUM), su dispersión parece haber sido limitada en la actualidad (26 secuencias en GISAID). XD ha sido identificada predominantemente en Francia, y en menor proporción en Dinamarca y Bélgica.⁷ Actualmente la evidencia disponible no sugiere que sea más transmisible que otras variantes circulantes.

La variante recombinante de BA.1 y BA.2 linaje Pangolín XE, está siendo monitoreada como parte de la variante Ómicron. Fue detectada por primera vez en el Reino Unido en el mes de enero y aproximadamente 600 secuencias han sido reportadas y confirmadas hasta el 29 de marzo de 2022.

Estudios preliminares sugieren que XE tiene una ventaja en la tasa de crecimiento que representa una transmisión 10% superior en comparación con BA.2; sin embargo, se requieren estudios adicionales para confirmar este hallazgo.⁸

El 26 de noviembre la OMS designo al linaje B.1.1.529 como variante de preocupación (VOC) y la denominó Ómicron.⁹ 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 2021.¹⁰

La variante Ómicron (B.1.1.529) incluye los linajes Pangolín, BA.1, BA.1.1, BA.2 y BA.3. Si bien BA.2 comparte algunas mutaciones con BA.1, también presenta algunas diferencias, entre ellas no porta la delección 69-70 en la proteína Spike asociada con la

⁶ [Weekly epidemiological update on COVID-19 - 15 March 2022 \(who.int\)](#)

⁷ [SARS-CoV-2 variants of concern and variants under investigation \(publishing.service.gov.uk\)](#)

⁸ [Weekly epidemiological update on COVID-19 - 5 April 2022 \(who.int\)](#)

⁹ [Weekly epidemiological update on COVID-19 - 30 November 2021 \(who.int\)](#)

¹⁰ [Weekly epidemiological update on COVID-19 - 21 December 2021 \(who.int\)](#)

falla en la detección del gen S. Adicionalmente, BA.1.1 presenta la mutación R346K la cual podría proveer un potencial de escape inmune adicional.¹¹

En relación al sublinaje BA.2, la evidencia preliminar de estudios limitados sugiere que es más transmisible en comparación con BA.1, en Dinamarca según estimaciones de la tasa de crecimiento, BA.2 es un 30% más transmisible que BA.1.¹² Un análisis de datos aportados a GISAID por diferentes países mostro una ventaja en la tasa de crecimiento de BA.2 sobre BA.1 en los 43 países con suficientes datos de secuencia y co-circulación de los dos linajes.¹³ En Reino Unido se halló una tasa de ataque secundaria para BA.2 superior en comparación con BA.1, siendo en contactos convivientes de 14,3 % (IC95: 13,6 %-14,9 %) frente a 11,4 % (IC95:11,2 %-11,5 %) y en no convivientes de 6,1 % (IC 95: 5,0 %-7,2 %) frente a 4,6% (IC95: 4,5%-4,8%).¹⁴

Estudios preliminares de la efectividad de la vacuna frente a enfermedad sintomática realizados en Reino Unido no hallaron diferencias con esquema completo más dosis de refuerzo entre los sub linajes BA.1 y BA.2.¹⁵

CONOCIMIENTO ACTUAL DE LA VARIANTE

La evidencia reciente indica que la variante Ómicron tiene una ventaja de crecimiento sustancial sobre la variante Delta que lleva a una rápida propagación en la comunidad, con un tiempo de duplicación de 2-3 días. La rápida transmisión de la variante Ómicron podría relacionarse en parte con su capacidad de evasión de la respuesta inmune. Por otro lado, en comparación con la variante Delta, Ómicron infecta más rápidamente los tejidos del tracto respiratorio superior mas que inferior, lo cual podría contribuir a la expansión de esta variante.¹⁶

La información disponible a la fecha evidencia que Ómicron tiene una mayor tasa de ataque secundario y numero reproductivo que la variante Delta. Análisis realizados en Reino Unido en contactos convivientes y no convivientes hallaron un mayor riesgo de transmisión a contactos de un caso índice de variante Ómicron en comparación con Delta. Se observo un mayor riesgo de transmisión domiciliaria utilizando datos de pruebas de rutina (ORa de transmisión de un caso índice de Ómicron en comparación con un caso índice de Delta de 2.9 (IC95 2.4-3.5) y mayor riesgo de que un contacto estrecho se convierta en un caso secundario (ORa 1.96 (IC95 1.77-2.16)). La tasa de ataque secundario estimada en convivientes utilizando datos de seguimiento de contactos para Ómicron es 15,8% (IC95: 14,3% -17,5%) y 10,3% (IC95: 10,1% -10,5%) para Delta.^{11,17}

Otro estudio realizado en Dinamarca, informo una tasa de ataque secundario mas elevada ante un caso índice infectado con la variante Ómicron en comparación con Delta en contactos convivientes (31% versus 21%). Adicionalmente, en este estudio se evaluó que los convivientes no vacunados tuvieron una tasa de ataque secundario 1.17 (IC95 0.99-1.38) veces mayor cuando se infectaron con Ómicron en comparación con la variante Delta, mientras que las personas vacunadas y aquellos que habían recibido una dosis booster de vacuna tuvieron 2.61 veces (IC95 2.34-2.90) y 3.66 veces (IC95 2.65-5.05) mayor tasa de ataque secundario respectivamente, lo cual pudiera relacionarse con la capacidad de la variante Ómicron para evadir la inmunidad. Aunque debe tenerse en cuenta que el riesgo absoluto de infección fue más bajo para las personas vacunadas que para individuos no vacunados (OR de infección para no vacunados de 1.04 (IC95 0.87-1.24) y 0.54 (IC95 0.40-0.71) para dosis booster).¹⁸

¹¹ [Weekly epidemiological update on COVID-19 - 8 February 2022 \(who.int\)](https://www.who.int/news/item/8-february-2022-weekly-epidemiological-update-on-covid-19)

¹² Statens Serum Institute. Risk assessment of Omicron BA.2. Published online 2022. Accessed February 8, 2022. <https://en.ssi.dk/-/media/arkiv/subsites/covid19/risikovurderinger/2022/risk-assesment-of-omicron-ba2.pdf?la=en>

¹³ [Weekly epidemiological update on COVID-19 - 15 February 2022 \(who.int\)](https://www.who.int/news/item/15-february-2022-weekly-epidemiological-update-on-covid-19)

¹⁴ SARS-CoV-2 variants of concern and variants under investigation (publishing.service.gov.uk)

¹⁵ Risk assessment for SARS-CoV-2 variant: VUI-22JAN-01 (BA.2) 26 January 2022 (publishing.service.gov.uk)

¹⁶ Enhancing response to Omicron SARS-CoV-2 variant (who.int)

¹⁷ SARS-CoV-2 variants of concern and variants under investigation (publishing.service.gov.uk)

¹⁸ Frederik Plesner Lyngse, Laust Hvas Mortensen, Matthew J. Denwood, Lasse Engbo Christiansen, Camilla Holten Møller, Robert Leo Skov, Katja Spiess, Anders Fomsgaard, Maria Magdalena Lassaunière, Morten Rasmussen, Marc Stegger, Claus Nielsen, Raphael Niklaus Sieber, Arie Sierra Cohen, Frederik Trier Møller, Maria Overvad, Kåre Mølbak, Tyra Grove Krause, Carsten Thure Kirkeby. SARS-CoV-2 Omicron VOC Transmission in Danish Households. medRxiv 2021.12.27.21268278; doi: <https://doi.org/10.1101/2021.12.27.21268278>

SITUACIÓN ACTUAL DE VARIANTES DE SARS-CoV-2 EN ARGENTINA¹⁶

Resumen:

La situación de variantes de SARS-CoV-2 se caracteriza actualmente por una circulación exclusiva de la variante Ómicron.

En las SE10 de 2022 la proporción de variante Ómicron en casos sin antecedente de viaje internacional ni relacionados con la importación se sitúa en un 100% implicando que la proporción de variante Delta continuo en descenso llegando 0% para la SE10 según la información registrada a la fecha al SNVS^{2.0} para el total país, entre las muestras analizadas por secuenciación genómica.

En cuanto a los sublinajes de variante Ómicron se identifica fundamentalmente BA.1 y BA.1.1 mientras que BA.2 representa menos del 0.5% de las muestras secuenciadas.

En términos acumulados, desde el 1 de enero del 2021 hasta el 03 de abril de 2022, se han analizado y notificado al Sistema Nacional de Vigilancia de la Salud 24395 muestras para la identificación de variantes de SARS-CoV-2, de las cuales 14442 fueron estudiadas por secuenciación genómica y 9953 detectadas por rt-PCR (tamizaje). Las muestras estudiadas incluyen casos confirmados de SARS COV-2 seleccionados para vigilancia regular de variantes circulantes en población general, o por tratarse de cuadros graves, inusitados, personas vacunadas, casos sospechosos de reinfección y viajeros.

¹⁶ El siguiente informe fue redactado con la información producida en el marco de la vigilancia genómica de SARS CoV-2 en base a datos registrados en el Sistema Nacional de Vigilancia de la Salud de casos secuenciados por el INEI-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. Se incluyen además las muestras positivas para la detección de mutaciones específicas de variantes detectadas a través de cribados por rt-PCR.

VIGILANCIA GENÓMICA DE SARS COV-2 EN PERSONAS SIN ANTECEDENTES DE VIAJE NOTIFICADAS AL SNVS.2.0^{17, 18}

En cuanto al comportamiento temporal puede observarse que, en las últimas 7 semanas del periodo analizado, la detección de la VOC Ómicron representa el 100% de las muestras analizadas mientras que para la variante Delta, no se informan casos detectados por secuenciación genómica desde la SE04. En relación a la VOC Gamma (P.1), la VOC Alpha (B.1.1.7) y la VOI Lambda (C.37), no se registran casos en las primeras 10 semanas de 2022. (Grafico 1 - Tabla 1).

Gráfico 1: Distribución porcentual de variantes identificadas en no viajeros según semana epidemiológica de toma de muestra. SE12/2021- SE10/2022. Total país.^{19, 20}

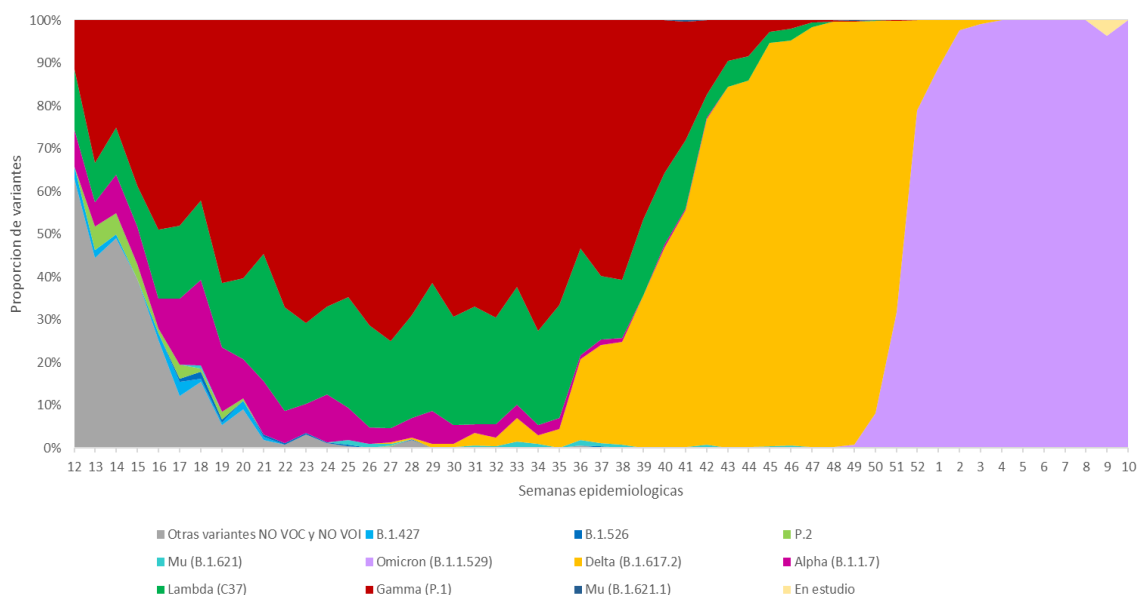


Tabla 1: Proporción de muestras por linaje identificado y por semana epidemiológica de toma de muestra en no viajeros. SE46/2021- SE10/2022. Total país.

Linaje / SE	48	49	50	51	52	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
Gamma (P.1)	0,3%	0,2%	0,0%	0,1%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%
Alpha (B.1.1.7)	0,0%	0,1%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%
Delta (B.1.617.2)	99,4%	99,0%	91,9%	67,7%	20,9%	11,2%	2,2%	0,9%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	3,7%	0,0%
Omicron (B.1.1.529)	0,2%	0,6%	8,0%	32,2%	79,1%	88,8%	97,8%	99,1%	100,0%	100,0%	100,0%	100,0%	100,0%	96,3%	100,0%
Lambda (C37)	0,1%	0,0%	0,1%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%
Mu (B.1.621)	0,1%	0,1%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%
Mu (B.1.621.1)	0,0%	0,1%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%
P.2	0,0%	0,0%	0,1%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%

Fuente: Dirección Nacional de Epidemiología e Información estratégica - Sistema Nacional de Vigilancia de la Salud (SNVS)

¹⁷ Sujeto a modificaciones por la actualización de los antecedentes epidemiológicos de los casos.

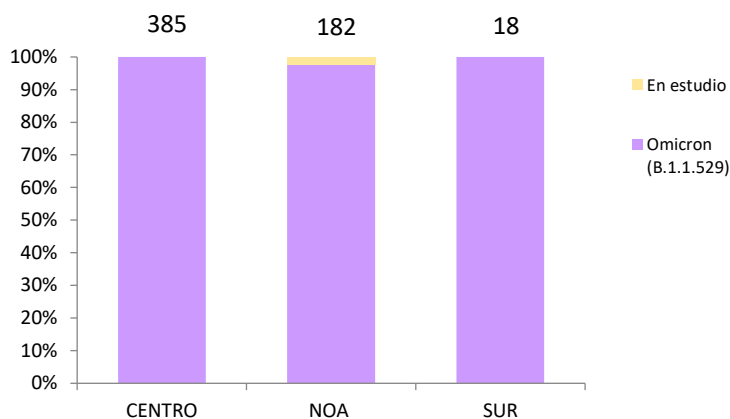
¹⁸ Debido a los tiempos que conlleva el envío de las muestras para secuenciación, la labor de la técnica de secuenciación genómica hasta la obtención de resultados y el registro de los mismos al SNVS.2.0 el número de casos incorporados en las últimas semanas es aún escaso. Esto debe considerarse en la interpretación de este informe.

¹⁹ Datos aportados por las Jurisdicciones al evento nominal "Vigilancia Genómica de SARS COV 2".

²⁰ Las muestras en estudio corresponden a casos probables de variante Delta detectados por rt-PCR los cuales fueron enviados para estudio por secuenciación genómica completa con resultado pendiente. Adicionalmente, 2 muestras que fueron identificadas como Delta probable al estudiarse por secuenciación genómica resultaron variante Ómicron BA.2 y son informadas como tales.

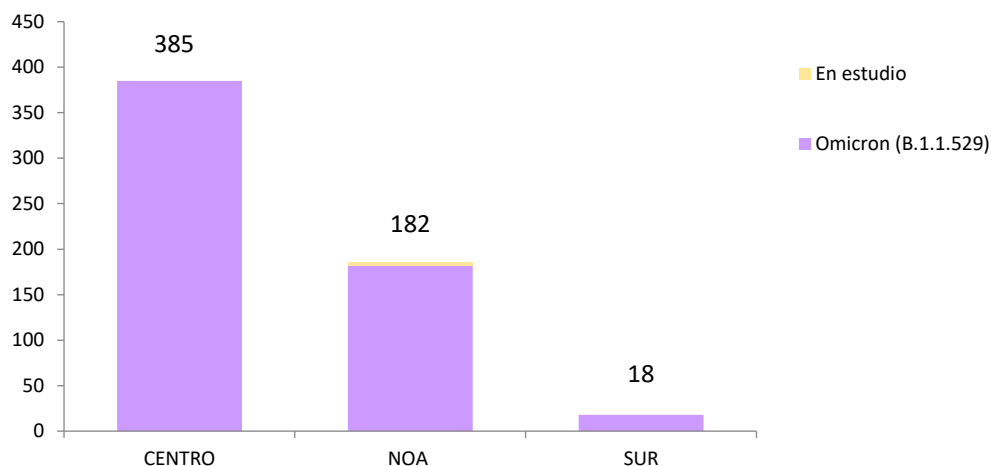
Entre las SE7 – SE10 de 2022 la distribución de variantes prioritarias se caracteriza predominantemente por la detección de la VOC Ómicron, y representa un 100% en todas las regiones del país con muestras disponibles estudiadas y registradas al SNVS.2.0. (Grafico 2 y Grafico 3).

Gráfico 2: Distribución relativa de muestras correspondientes a variantes prioritarias y no prioritarias en no viajeros por Región del País. Periodo analizado SE7/2022-SE10/2022. n= 589²¹



Fuente: Dirección Nacional de Epidemiología e Información estratégica - Sistema Nacional de Vigilancia de la Salud (SNVS)

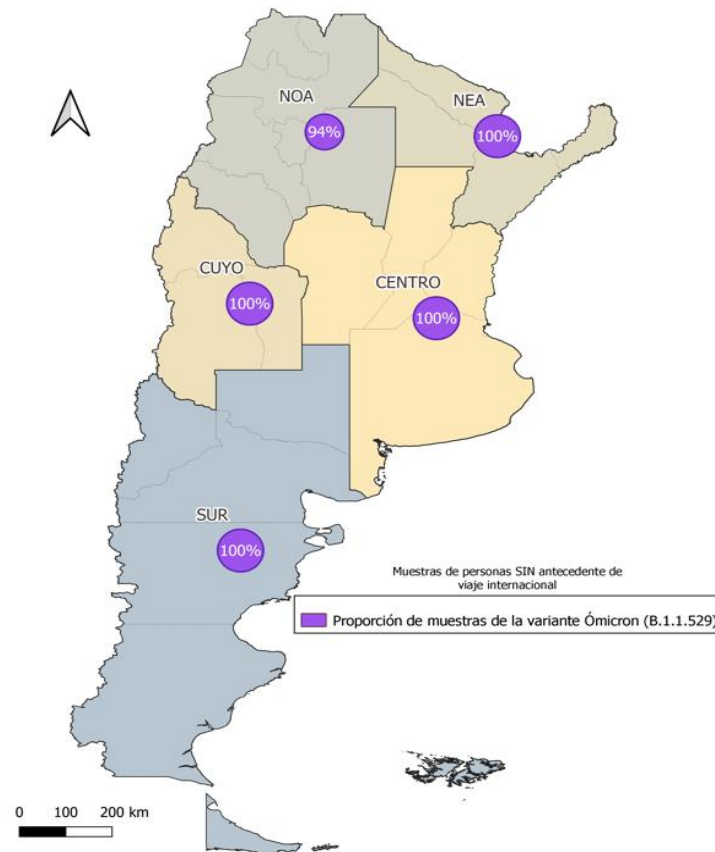
Gráfico 3: Distribución absoluta de muestras correspondientes a variantes prioritarias y no prioritarias en no viajeros por Región del País. Periodo analizado SE7/2022-SE10/2022. n= 589



Fuente: Dirección Nacional de Epidemiología e Información estratégica - Sistema Nacional de Vigilancia de la Salud (SNVS)

²¹ Las regiones Cuyo y NEA registran al SNVS.2.0 menos de 10 muestras analizadas por secuenciación genómica para el periodo analizado.

Mapa 1: Distribución proporcional de variantes en no viajeros según región. Incluye las últimas dos semanas con 15 o más muestras analizadas registradas en el SNVS.^{2,0} para cada Región hasta el 03-04-2022. ^{22, 23}



Fuente: Dirección Nacional de Epidemiología e Información estratégica - Sistema Nacional de Vigilancia de la Salud (SNVS)

Nota: Las muestras analizadas por secuenciación genómica en el periodo analizado corresponden en un 100% a la variante Ómicron. Aquellas muestras con resultado negativo para variante Ómicron detectadas por rt-PCR fueron enviadas para estudio por secuenciación genómica completa al Laboratorio Nacional de Referencia. Esta aclaración debe considerarse para la interpretación de las proporciones por región del país.

²² Para mantener una mayor estabilidad en las proporciones y lograr mayor representatividad, se incluyeron las últimas semanas epidemiológicas con al menos 15 muestras analizadas.

“Otras variantes” corresponde a casos de variantes de SARS-CoV-2 detectadas en el periodo analizado que sean diferentes de Delta y Ómicron.

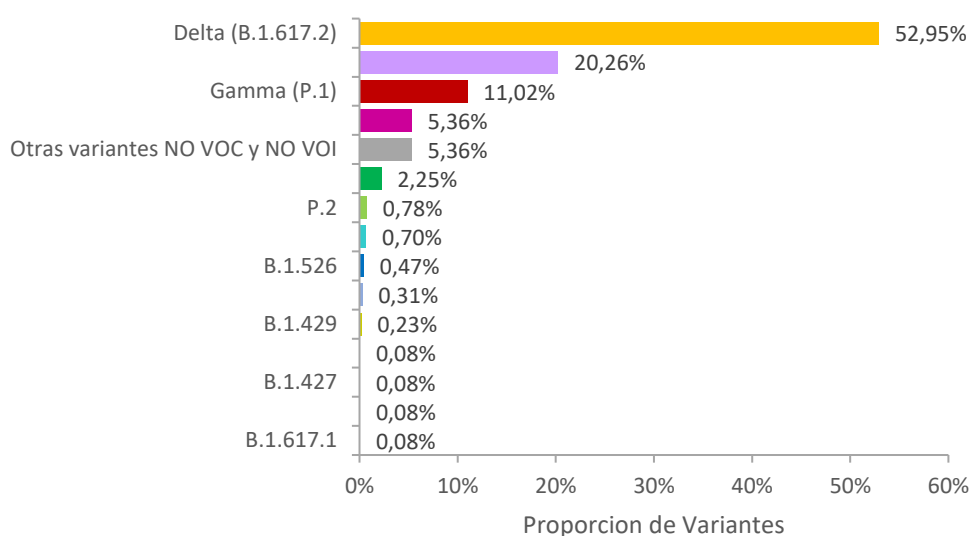
²³ Para el parámetro temporal analizado se registran datos aportados por las siguientes Jurisdicciones: Buenos Aires, CABA, Córdoba, Entre Ríos, Santa Fe, Mendoza, San Luis, Chaco, Corrientes, Catamarca, Salta, Tucumán, Neuquén, Río Negro y Santa Cruz. Para la interpretación de las proporciones señaladas, debe considerarse que el número total de muestras para el periodo analizado correspondiente a cada región, es variable según la Región del país: Región Centro: n= 123; Región Cuyo: n= 15; Región NEA: n=22; Región NOA: n=67; Región Sur: n=16.

VIGILANCIA GENOMICA DE SARS COV-2 EN VIAJEROS INTERNACIONALES Y CASOS RELACIONADOS A LA IMPORTACION²⁴

Se analizaron para detección de variantes de SARS-CoV-2 1288 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 de 2021 hasta el 03/04 de 2022.

Entre los casos estudiados se observa que el 89.7% corresponde a variantes de preocupación, 5.3% a otras variantes no VOC ni VOI, 2.3% a la VOI Lambda (linaje C.37 derivada de B.1.1.1), 1.6% a variantes bajo monitoreo y 1% a la VOI Mu (linaje B.1.621; B.1.621.1).

Gráfico 4: 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= 1288



Fuente: Dirección Nacional de Epidemiología e Información estratégica - Sistema Nacional de Vigilancia de la Salud (SNVS)

A la fecha fueron detectados 57 casos de variante Ómicron BA.2, 16 en personas con antecedente de viaje internacional y 41 casos se encuentran en investigación.

Las provincias de residencia de los casos corresponden a Ciudad de Buenos Aires, provincia de Buenos Aires, Santa Fe, San Luis y Tucumán. (Tabla 2)

Los casos con antecedente de viaje internacional provienen de Brasil, Uruguay, Republica Dominicana, Suiza, España, Inglaterra, Turquía y Egipto.

²⁴ 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.

Tabla 2: Casos de variante Ómicron BA.2 confirmados y probables según condición por provincia de residencia del caso registrados en SNVS.2.0 hasta el 03-04-2022.

Provincias	Viajeros con variante Ómicron BA.2	Casos de variante Ómicron BA.2 relacionados con la importación	Casos de variante Ómicron BA.2 no relacionados con la importación o en investigación	Total casos variante Ómicron BA.2
Buenos Aires	2		8	10
CABA	14		28	42
San Luis			1	1
Santa Fe			3	3
Tucumán			1	1
Total general	16	0	41	57

Fuente: Dirección Nacional de Epidemiología e Información estratégica - Sistema Nacional de Vigilancia de la Salud (SNVS)

Características demográficas de los casos analizados en no viajeros y registrados al evento Vigilancia Genómica del SNVS^{2.0} para el total país.²⁵

Hasta el 03 de abril de 2022, se han registrado al Evento de Vigilancia Genómica del SNVS.^{2.0} 23107 muestras analizadas para identificación de variantes de SARS-CoV-2 incluyendo la vigilancia regular de variantes circulantes en población general, cuadros graves inusitados, personas vacunadas y casos sospechosos de reinfección. Del total de muestras notificadas, 20939 (91%) se corresponden con variantes prioritarias (VOC) y 2168 (9%) son variantes no prioritarias (VOI y Otras variantes).

La mediana de edad para el total de los casos estudiados, en concordancia con los casos de COVID-19 registrados a nivel nacional, es de 38 años²⁶. En cuanto a la distribución por grupo de edad para el periodo analizado, se observa que los casos en los que se detectaron variantes prioritarias corresponden al grupo de 30-39 años en primer lugar y de 20-29 años en segundo lugar.

Respecto a la distribución por sexo de los casos estudiados, se analizaron 12509 casos en mujeres y 10554 en hombres²⁷. Tanto en mujeres como en hombres aproximadamente el 90% de las muestras analizadas correspondieron a variantes 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 Ómicron, en los grupos etarios entre 10 a 59 años y en mayores de 80 años la frecuencia absoluta es superior entre mujeres, mientras que entre los menores de 10 años y en el grupo de 70-79 años la distribución es levemente superior en varones. Para el grupo de 60-69 años la distribución por sexo es homogénea.

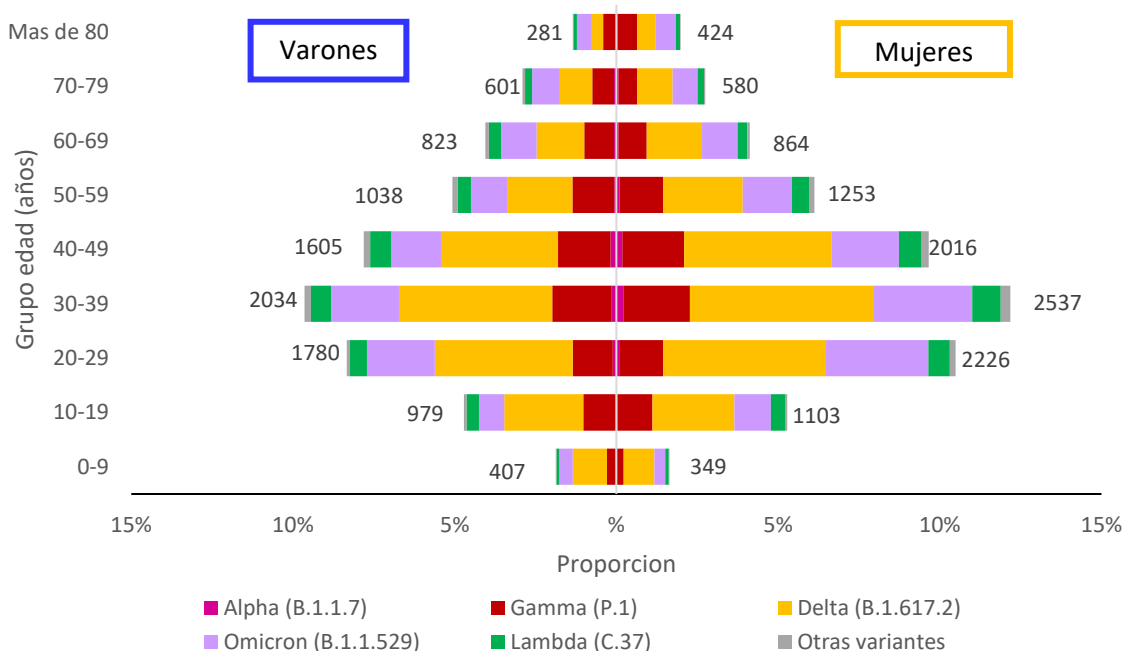
²⁵ Sujeto a modificaciones en la medida en que se aporte nueva información al sistema para el período analizado.

²⁶ 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.

²⁷ Hay 44 casos con sexo indeterminado: 39 casos con detección de VOC y 5 casos con detección de no VOC.

En relación a la VOC Delta se observa un mayor número absoluto de casos en varones menores de 10 años, para el resto de los grupos etarios es superior en mujeres. (Gráfico 5).

Gráfico 5: Distribución de variantes prioritarias y no prioritarias por grupo edad y sexo de casos secuenciados para el total país. (n=23063)²⁸



Fuente: Dirección Nacional de Epidemiología e Información estratégica - Sistema Nacional de Vigilancia de la Salud (SNVS)

Variantes de SARS-CoV-2 en relación al número de casos y fallecidos de COVID-19.²⁹

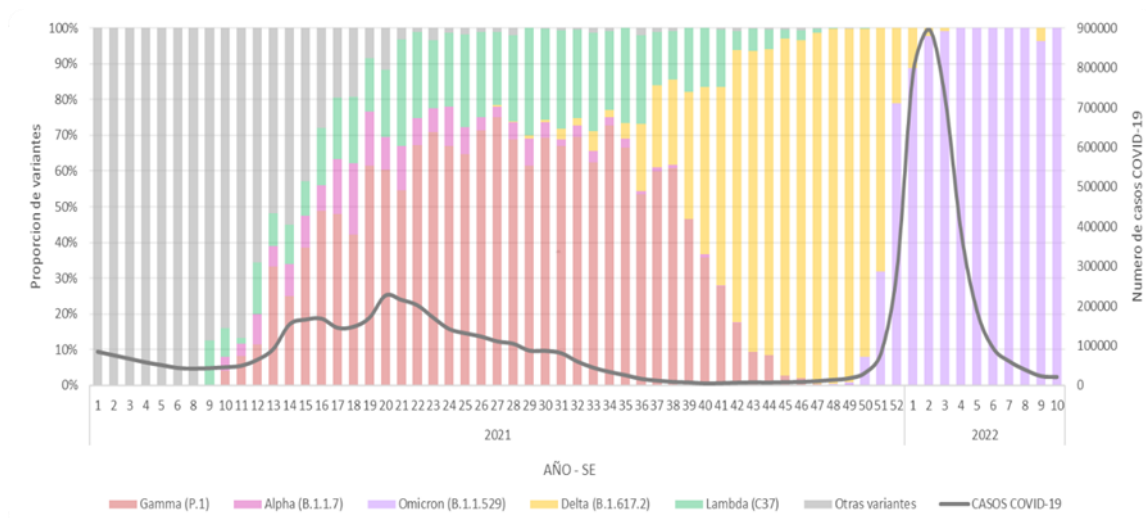
Al analizar de manera integrada la distribución temporal de los casos confirmados y fallecidos de COVID-19 en relación a la proporción de variantes de SARS-CoV-2, se observa que durante el año 2021, la curva epidémica nacional presenta un ascenso desde la SE8 con el mayor número de casos registrados en SE16 y SE20, periodo durante el cual predominan las detecciones de la VOC Gamma (P.1) en primer lugar, y de la VOI Lambda (C.37) en segundo lugar. Asimismo, el mayor número de fallecidos de COVID-19 registrados a la fecha, se observa en coincidencia con la prevalencia de dichas variantes. A partir de la SE41 y por un periodo de 10 semanas, la variante Delta predomina entre las muestras analizadas para identificación de variantes de SARS-COV-2 sin un correlato con aumento en número de casos ni de fallecidos (un descenso sostenido hasta la semana 40 y un leve aumento hasta la SE49). A partir de SE50 y hasta la SE2/2022, en coincidencia con la aparición y rápida propagación de la VOC Ómicron en Argentina, se observa el mayor aumento del número de casos en menor tiempo de toda la pandemia hasta el momento. A partir de la SE3 se registra un descenso en el número de casos de COVID-19, la variante Ómicron continúa siendo predominante. Como puede observarse en los gráficos 6 y 7 el mayor número de casos

²⁸ Los números absolutos por grupo de edad y sexo corresponden al total de variantes prioritarias (VOC) halladas en no viajeros: Delta (B.1.617.2), Gamma (P.1), Alpha (B.1.1.7), Ómicron (B.1.1529).

²⁹ Para el análisis del número de casos y fallecidos de COVID-19 se considera la fecha de diagnóstico de los casos. Para la identificación de variantes de SARS-CoV-2 se considera la fecha de toma de muestra para secuenciación genómica o técnica molecular.

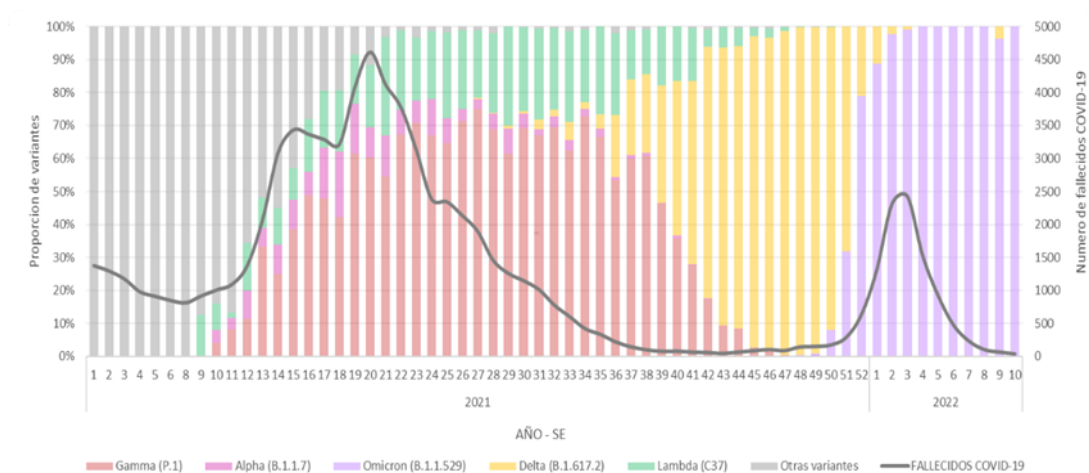
estuvo asociado a la variante Ómicron en la tercera ola. Por otra parte, entre las SE48/2021 y SE02/2022 el número de fallecidos registra un incremento, aunque en mucha menor proporción y casos absolutos que en las olas anteriores.

Gráfico 6: Casos confirmados de COVID-19 y proporción de variantes de SARS-CoV-2 por semana epidemiológica. SE1/2021- SE10/2022. Total País.³⁰



Fuente: Dirección Nacional de Epidemiología e Información estratégica - Sistema Nacional de Vigilancia de la Salud (SNVS)

Gráfico 7: Casos de COVID-19 fallecidos y proporción de variantes de SARS-CoV-2 por semana epidemiológica. SE1/2021- SE10/2022. Total País.



Fuente: Dirección Nacional de Epidemiología e Información estratégica - Sistema Nacional de Vigilancia de la Salud (SNVS)

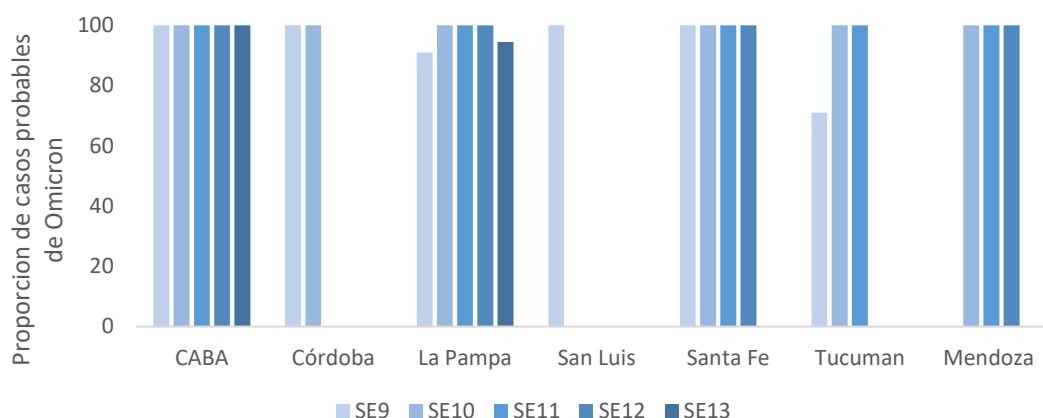
³⁰ Los casos de variante Delta informados en SE09 son casos probables detectados por rt-PCR cuyo resultado de secuenciación genómica completa se encuentra pendiente a la fecha de publicación de este informe.

Información aportada a partir del Tamizaje de variantes.

El tamizaje de las variantes Delta y Ómicron por rt-PCR permite detectar algunas de sus mutaciones específicas y obtener resultados preliminares para detectar cambios en su frecuencia.

Según la información aportada al SNVS.^{2.0} por las distintas Jurisdicciones y en relación a la situación epidemiológica actual, en las últimas tres semanas la proporción de variante Ómicron se sitúa en un 100%³¹. (Gráfico 1; Tabla 1).³²

Gráfico 1: Proporción de variante Ómicron por rt-PCR en no viajeros por Jurisdicción y semana epidemiológica correspondiente.³³



Fuente: Dirección Nacional de Epidemiología e Información estratégica - Sistema Nacional de Vigilancia de la Salud (SNVS)

Tabla 1: Proporción de variante Delta por rt-PCR 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	12	0	0
Buenos Aires	2	1.89	2.44
Córdoba	1	4.71	4.85
Santa Fe	9	0	-
San Luis	4	0	22.5
Chaco	1	27.91	-
Corrientes	1	50	-
Sgo. Del Estero	5	0	2.63
Tucumán	1	39.29	46.55
La Pampa	13	0	0
La Rioja	5	0	0

Fuente: Dirección Nacional de Epidemiología e Información estratégica - Sistema Nacional de Vigilancia de la Salud (SNVS)

³¹ Aquellas muestras analizadas para tamizaje de variantes con resultado negativo para Ómicron y en base a la información disponible a la fecha, corresponden a muestras no aptas para el diagnóstico y no implican la circulación de una variante diferente.

³² En SE13 la provincia de Santa Fe registra 1 muestra positiva de variante Ómicron y la provincia de Santa Cruz 7/7 muestras positivas para variante Ómicron.

³³ SE1: Periodo: 2/01 a 8/01; SE 2: Periodo 09/01 al 15/01; SE3: Periodo: 16/01 a 22/01; SE4: Periodo 23/01 al 29/01; SE5: Periodo: 30/01 al 05/02; SE6: Periodo: 06/02 al 12/02; SE7: Periodo: 13/02 al 19/02; SE8: 20/02 al 26/02; SE9: 27/02 al 05/03; SE10: 06/03 al 12/03; SE11: 13/03 al 19/03; SE12: 20/03 al 26/03; SE13: 27/03 al 2/04.

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 de Epidemiología del Ministerio de Salud de la Nación a través del Formulario de Notificación de Brote.

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.³⁴

A la fecha de redacción de este informe, en términos acumulados 75 brotes de COVID-19 han sido informados por las Jurisdicciones. No se registraron nuevos brotes de COVID-19 en las últimas 2 semanas epidemiológicas. (Tabla 1).

Tabla 1: Brotes y conglomerados de COVID-19 reportados por las Jurisdicciones a SE14/2022.³⁵

Provincia	Brotes acumulados (SE34- SE7)		Tipo de Institución	Variante de SARS-CoV-2 identificada	Casos Hospitalizados	Casos fallecidos
	Brotes	Casos asociados				
Buenos Aires	38	570	Institución educativa: 27	Delta (B.1.617.2): 4	9	2
			Otros - Institución educativa: 1	Ómicron (B.1.1.529):1		
			Viaje grupal:3	En estudio: 14		
			Residencia Geriátrica: 2			
			Otros:5			
CABA	2	118	Institución educativa: 2	Delta (B.1.617.2): 1	0	0
				En estudio: 1		
Córdoba	1	812	Otros	Ómicron (B.1.1.529):1	1	0
Entre Ríos	1	4	Viaje grupal	En estudio	0	0
Santa Fe	3	97	Reunión social- Institución educativa: 1	Gamma (P.1): 3	0	0
			Institución educativa: 1			
			Otros: 1			
Mendoza	12	183	Institución educativa: 6 Residencia Geriátrica: 5 Espacio laboral:1	Delta (B.1617.2): 8	SE*	3
San Juan	1	35	Residencia Geriátrica	SE*	-	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
Chubut	1	15	Institución educativa	En estudio	0	0
La Pampa	1	16	Actividad deportiva	En estudio	0	0
Neuquén	10	84	Institución educativa: 5 Espacio laboral: 1 Residencia geriátrica:1 Establecimiento de Salud: 2 Otros: 1	En estudio: 7	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.

³⁴ 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](#)

³⁵ 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.

SITUACIÓN INTERNACIONAL

En las Tablas 1-3 se muestran las variantes VOC y VOI que circulan actualmente y circulantes anteriormente definidas por OMS al 5 de abril de 2022.

Tabla 1 - Variantes de preocupación (VOC)

WHO	Alpha*	Beta*	Gamma*	Delta	Ómicron
CLADO NEXTSTRAIN	20I (V1)	20H (V2)	20J (V3)	21A, 21I, 21J	21K, 21L, 21M
CLADO GISAID	GRY (GR/501Y.V1)	GH/501Y.V2	GR/501Y.V3	G/478K.V1	GRA
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 ³⁶
Cambios aminoacídicos adicionales monitoreados ¹	+S:484K +S:452R	+S:L18F	+S:681H	+S:417N	+R346K
Transmisibilidad	Aumento de la 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 reducido de hospitalización y enfermedad severa.
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.	Riesgo incrementado 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.

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

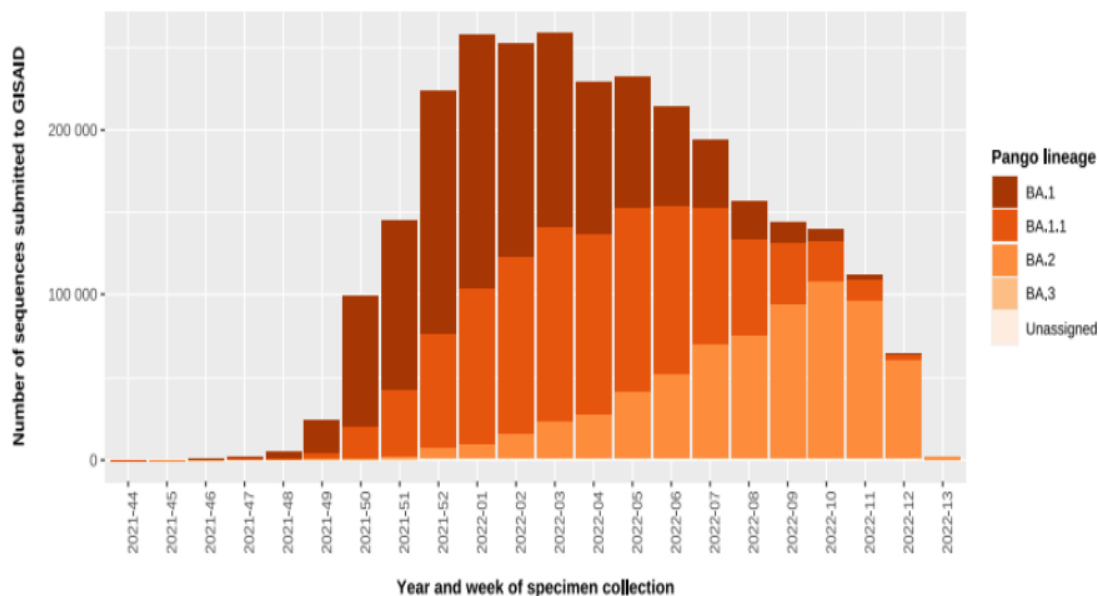
* Designadas por OMS como "VOC circulantes previamente" el 9 de marzo de 2022.

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>Mantiene Protección contra la enfermedad severa, sintomática e infección.</p> <p>Enfermedad severa: ↔: Moderna-mRNA-1273 (2), AstraZeneca- Vaxzevria/ SII Covishield (2), Pfizer BioNTech-Comirnaty (6)</p> <p>• Enfermedad sintomática: ↔: Moderna-mRNA-1273 (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) ↔ 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 (5)</p> <p>↔ a ↓: Pfizer BioNTech-Comirnaty (48), Moderna-mRNA-1273 (15), AstraZeneca-Vaxzevria/ SII Covishield (9), Gamaleya-Sputnik V (3), ↔ a ↓↓: Sinovac- Coronavac (8)</p> <p>↓: Novavax-Covavax (2)</p>
Beta	<p>Mantiene protección contra enfermedad severa, reducción en la protección frente a enfermedad sintomática, evidencia limitada</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) ↓: Pfizer BioNTech-Comirnaty (1)</p>	<p>↔ a ↓: Anhui ZL-Recombinante (3)</p> <p>↓: Bharat-Covaxin (2) Beijing CNBG- BBIBP-CorV (3),</p> <p>↓ a ↓↓: AstraZeneca-Vaxzevria / SII Covishield (11), Gamaleya-Sputnik V (4), Janssen-Ad26.COV 2.5 (9) Moderna- mRNA-1273 (26), Pfizer BioNTech-Comirnaty (57), Gamaleya-Sputnik V (4), ↓ a ↓↓↓: Sinovac-CoronaVac (7),</p> <p>↓↓ a ↓↓↓ Novavax-Covavax (2)</p>
Gamma	<p>Impacto incierto, evidencia limitada</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>Infeccion: ↔ AstraZeneca-Vaxzevria/ SII Covishield (1), Moderna-mRNA-1273 (1), Pfizer BioNTech-Comirnaty (1), Sinovac-CoronaVac (1)</p>	<p>↔ Anhui ZL-Recombinante (1)</p> <p>↔ a ↓: Pfizer BioNTech-Comirnaty, (28), AstraZeneca-Vaxzevria / SII Covishield (4), Janssen-Ad26.COV 2.5 (5)</p> <p>↓: Moderna- mRNA-1273 (10), Sinovac-CoronaVac (5), Gamaleya-Sputnik V (1), Novavax-Covavax (1)</p>
Delta	<p>Mantiene Protección contra enfermedad severa; posible protección reducida contra enfermedad sintomática e infección.</p> <p>• Enfermedad severa: ↔: AstraZeneca- Vaxzevria/ SII Covishield (3), Moderna-mRNA-1273 (4), Pfizer BioNTech-Comirnaty (7) - ↓: Janssen Ad26.COV 2.5 (1)</p> <p>• Enfermedad sintomática: ↔: Moderna-mRNA-1273 (2), ↓: Bharat-Covaxin (1) ↔ a ↓: Pfizer BioNTech-Comirnaty (5), ↔ a ↓↓: AstraZeneca- Vaxzevria/ SII Covishield (6)</p> <p>• Infección: ↔: Moderna-mRNA-1273 (6), ↔ a ↓: AstraZeneca- Vaxzevria/ SII Covishield (5), Pfizer BioNTech-Comirnaty (7), ↓↓↓: Janssen Ad26.COV 2.5 (1)</p>	<p>↔ a ↓: Bharat-Covaxin (4), Anhui ZL-Recombinant (2), Pfizer BioNTech-Comirnaty (41), Beijing CNBG- BBIBP-CorV (3),</p> <p>↔ a ↓↓: Janssen Ad26.COV 2.5 (11)</p> <p>↓ a ↓↓: Sinovac-CoronaVac (10)</p> <p>↓ a ↓↓↓: Gamaleya-Sputnik V (3)</p> <p>↓: AstraZeneca-Vaxzevria (15), Moderna- mRNA-1273 (15)</p>
Ómicron	<p>Protección reducida frente a infección y enfermedad sintomática. Posible reducción de la protección frente a enfermedad severa, evidencia limitada.</p> <p>Enfermedad severa: ↓ a ↓↓: Moderna-mRNA-1273 (1), ↓↓ a ↓↓↓: Pfizer BioNTech-Comirnaty (3)</p> <p>Enfermedad sintomática: ↓↓ a ↓↓↓: Moderna-mRNA-1273 (2), ↓↓↓: AstraZeneca- Vaxzevria/ SII Covishield (1), Pfizer BioNTech-Comirnaty (2)</p> <p>Infección: ↓↓↓ AstraZeneca- Vaxzevria/ SII Covishield (1), Moderna-mRNA-1273 (3), Pfizer BioNTech-Comirnaty (3)</p>	<p>↔ a ↓↓↓: Beijing CNBG- BBIBP-CorV (3) Janssen Ad26.COV 2.5 (4)</p> <p>↓↓: Bharat-Covaxin (1), Gamaleya-Sputnik V (1)</p> <p>↓↓↓: AstraZeneca- Vaxzevria/ SII Covishield (7), Moderna- mRNA-1273 (18), Pfizer BioNTech-Comirnaty (38)</p> <p>↓↓ a ↓↓↓: Sinovac-CoronaVac (5)</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.

Gráfico 1 – Incidencia de linajes de Ómicron por semana de fecha de toma de muestra.



Global distribution of Omicron lineages from sequences and metadata submitted to [GISAID](#)
 Data was extracted from [GISAID](#) on 22 March 2022 at 14:00 CET; figures are correct at the time of printing

Tabla 3 - En la siguiente tabla se muestran las VOI circulantes previamente al 5 de abril de 2022 según OMS.

WHO	Lambda	Mu	Epsilon	Zeta	Eta	Theta	Iota	Kappa
CLADO NEXTSTRAIN	21G	21H	21C	20B/S.484K	21D	21E	21F	21B
CLADO GISAID	GR/452Q.V1	GH	GH/452R.V1	GR/484K.V2	G/484K.V3	GR/1092K.V1	GH/253G.V1	G/452R.V3
Linaje Pangolin	C.37	B.1.621	B.1.427 B.1.429	P.2	B.1.525	P.3	B.1.526	B.1.617.1
Detectada inicialmente	Perú	Colombia	EE. UU	Brasil	Múltiples países	Filipinas	EE. UU	India
Muestra más antigua detectada	DIC 2020	ENE 2021	MAR 2020	ABR 2020	DIC 2020	ENE 2021	NOV 2020	OCT 2020

argentina.gob.ar/salud