

COVID-19

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

SE39/2021

INFORME TÉCNICO

OCTUBRE 2021



**Ministerio de Salud
Argentina**

AUTORIDADES

PRESIDENTE DE LA NACIÓN

DR. ALBERTO ÁNGEL FERNÁNDEZ

MINISTRA DE SALUD DE LA NACIÓN

DRA. CARLA VIZZOTTI

JEFA DE GABINETE

LIC. SONIA GABRIELA TARRAGONA

SECRETARIA DE ACCESO A LA SALUD

DRA. SANDRA MARCELA TIRADO

SUBSECRETARIO DE MEDICAMENTOS E INFORMACIÓN ESTRATÉGICA

BIOQ. GASTÓN MORÁN

DIRECTORA NACIONAL DE EPIDEMIOLOGÍA E INFORMACIÓN ESTRATÉGICA

DRA. ANALÍA REARTE

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 BAROLOMEU⁵
MARIA PAZ ROJAS MENA⁵
MARÍA BELEN MARKIEWICZ¹
GEORGINA MARTINO¹
MARIANA MAURIÑO¹
EZEQUIEL TRAVIN⁴
AGUSTINA PAGE⁵
CAMILA STIMBAUM⁵
BELEN GROSSO⁵

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

A la fecha hay 4 variantes clasificadas como prioritarias (VOC). A partir del 31 Mayo con una nueva nomenclatura global definida por la OMS⁶:

- Gamma: VOC 20J/501Y.V3 (linaje P.1, originalmente detectada en Manaos)
- Alpha: VOC 20I/501.V1 (linaje B.1.1.7, originalmente detectada en Reino Unido)
- Beta: VOC 20H/501Y.V2 (linaje B.1.351, originalmente detectada en Sudáfrica)
- Delta: VOC 21A/478K.V1 (linaje B.1.617.2, originalmente detectada en India)

A la fecha hay 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*.⁷ 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*.⁸

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.

⁶ <https://www.who.int/activities/tracking-SARS-CoV-2-variants>.

⁷ [Weekly epidemiological update on COVID-19 - 21 September 2021 \(who.int\)](https://www.who.int/news/item/21-09-2021-weekly-epidemiological-update-on-covid-19-21-september-2021)

⁸ [Weekly epidemiological update on COVID-19 - 6 July 2021 \(who.int\)](https://www.who.int/news/item/06-07-2021-weekly-epidemiological-update-on-covid-19-6-july-2021)

El 30 de Agosto el linaje B.1.621 fue designado por la OMS como VOI y recibió la denominación de variante “Mu”. Esto incluye el linaje descendiente Pangolín B.1.621.1. La variante Mu tiene una constelación de mutaciones que indican propiedades potenciales de escape inmunológico.

Desde su primera identificación en Colombia en enero de 2021, ha habido algunos informes esporádicos de casos de la variante Mu y se han informado algunos brotes más grandes en otros países de América del Sur y Europa. Al 29 de agosto, más de 4500 secuencias (3794 secuencias de B.1.621 y 856 secuencias de B.1.621.1) han sido registradas en GISAID desde 39 países. Aunque la prevalencia global de la variante Mu entre los casos secuenciados ha disminuido y actualmente se encuentra por debajo del 0,1%, la prevalencia en Colombia (39%) y Ecuador (13%) ha aumentado constantemente. Se requieren más estudios para comprender las características fenotípicas y clínicas de esta variante.⁹

Respecto del linaje B.1.617.2, denominado Delta, identificado por primera vez en India en octubre del año 2020 y designado por la OMS como variante de preocupación (VOC) en mayo 2021, se ha convertido en uno de los linajes prevalentes en dicho país con posterior expansión a otros países, áreas y territorios.

A partir de Abril de 2021, se observa un aumento exponencial de los casos de la VOC Delta a nivel mundial. En Julio de 2021, se observó un predominio global de la VOC Delta en casi el 90% de las muestras secuenciadas a nivel mundial.¹⁰ Al 28 de Septiembre del corriente, 187 países, áreas y territorios han reportado casos de la variante Delta.¹¹

La variante Delta ha sido asociada a mayor transmisibilidad y mayor tasa de ataque secundario. Una revisión sistemática (pre-print) que comparó el número reproductivo básico (R0) de la variante Delta con las estimaciones tempranas del número reproductivo de cepas no VOC, encontró que el R0 de la variante Delta es en promedio 5.08, siendo superior al de las cepas no VOC. Si bien, los autores especifican que la estimación del R0 en los estudios identificados se realizó en el momento en que la mayoría de los países aún se encontraban bajo medidas de restricción variables, por lo cual puede haber una subestimación de dicho valor.¹² Otro estudio realizado a partir de datos de vigilancia epidemiológica del Reino Unido, estimó una mayor tasa de ataque secundario para los contactos estrechos convivientes de casos ocasionados por la variante Delta en comparación con la VOC Alpha (OR ajustado 1.64 (IC 95 1.26-2.13, p <0.001).¹³

El estudio de un brote originado por la variante Delta en China observó una carga viral relativamente más alta en los casos de Delta que en aquellos infectados por el virus salvaje (SARS-CoV-2 wt) y una tasa de ataque secundario entre los contactos de los casos infectados con variante Delta de 1.4% (IC95 1.1%, 1.8%), un 73.9% (IC95 67.2 - 81.3%) de las transmisiones ocurrieron en periodo presintomático. Los casos índice sin vacunación (OR: 2,84, IC95: 1,19, 8,45) o con una dosis de vacuna (OR: 6,02, IC95: 2,45, 18,16) tuvieron mayor probabilidad de transmitir la infección a sus contactos que aquellos con esquema completo de vacunación.¹⁴

⁹ [Weekly epidemiological update on COVID-19 - 31 August 2021 \(who.int\)](#)

¹⁰ Actualización epidemiológica: Incremento de la variante delta y su impacto potencial en la región de las Américas. OPS 8 de Agosto 2021.

¹¹ [Weekly epidemiological update on COVID-19 - 28 September 2021 \(who.int\)](#)

¹² Liu Y, Rocklöv J. The reproductive number of the Delta variant of SARS-CoV-2 is far higher compared to the ancestral SARS-CoV-2 virus. *Journal of Travel Medicine*. Published online August 9, 2021: taab124. doi:10.1093/jtm/taab124

¹³ Allen H, Vusirikala A, Flanagan J. et al. Increased household transmission of COVID-19 cases associated with SARS-CoV-2 Variant of Concern B.1.617.2: a national case-control study. *Public Health England*, 2021.

¹⁴ 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

En ese contexto, y ante la identificación de conglomerados de casos de COVID-19 con identificación de variante Delta y la notificación de nuevos casos aislados no relacionados con la importación, en el marco de una disminución de casos de COVID-19 en la mayoría de las jurisdicciones del país, el Ministerio de Salud de la Nación insta a los equipos de epidemiología a intensificar la identificación, investigación, notificación y contención de brotes de COVID-19 y casos relacionados con variante Delta. 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](#)

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-2¹⁵ 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.¹⁶

Desde el mes de enero del 2021 hasta el 27 de Septiembre, se han analizado 5977 muestras para la identificación de variantes de SARS-CoV-2, incluyendo la vigilancia en viajeros, en cuadros graves inusitados, personas vacunadas, casos sospechosos de reinfección y vigilancia regular de variantes circulantes.

VIGILANCIA GENOMICA DE SARS COV-2 EN VIAJEROS INTERNACIONALES Y CASOS RELACIONADOS A LA IMPORTACION¹⁷

Se realizó la secuenciación genómica de 800 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 27/09.

En 137 casos se halló la variante de preocupación (VOC) Gamma (20J/501Y.V3, linaje P.1, originalmente detectada en Manaos) 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.

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

Los viajeros en los que se aisló la variante Alpha (VOC 20I/501Y.V1, linaje B.1.1.7) ingresaron desde E.E.U.U, México, España, Francia, Bangladesh, Brasil, Panamá y Paraguay.

A la fecha de redacción de este informe, fueron identificados 462 casos de la variante prioritaria Delta (linaje B.1.617.2 reportada originalmente en India), de los cuales 337

¹⁵ 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>.

¹⁶ 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 27-09-2021, y por los distintos laboratorios del Consorcio PAIS desde 01-06-2021 hasta 27-09-2021 (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).

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

tienen antecedente de viaje internacional, mientras que 125 son casos relacionados a la importación.^{18,19}

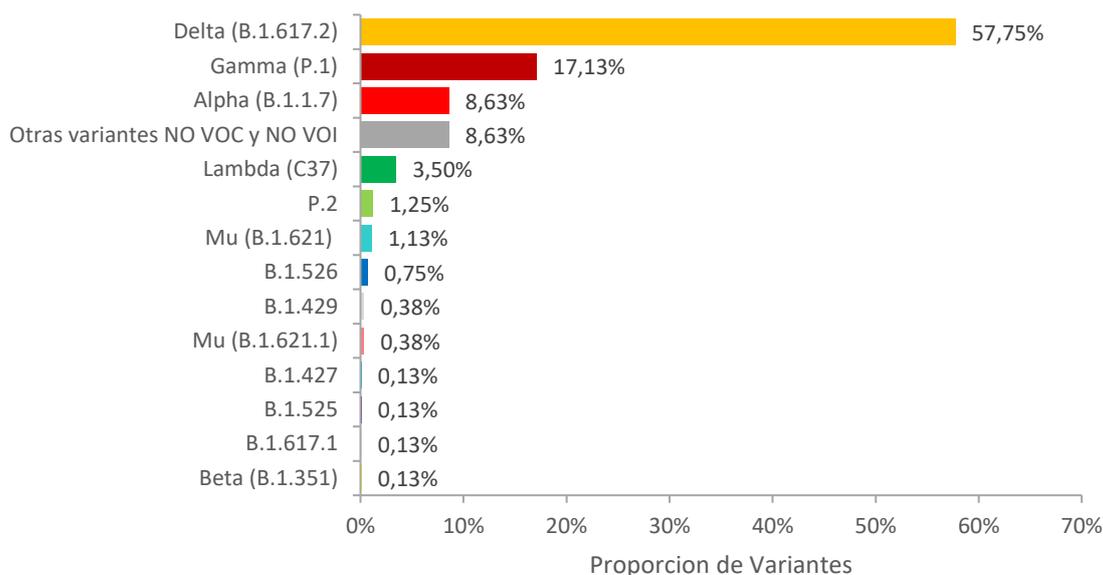
Las muestras corresponden a residentes de provincia de Buenos Aires, Ciudad de Buenos Aires, Chubut, Córdoba, Corrientes, Entre Ríos, La Rioja, Mendoza, Rio Negro, Salta, Santa Cruz, Santa Fe, Tierra del Fuego y Tucumán.

Los viajeros en los que se aisló la variante Delta provenían de Estados Unidos, Francia, España, Holanda, Dinamarca, Serbia y Montenegro, Ucrania, Egipto, Paraguay, Uruguay, Bolivia, Brasil, Perú, Colombia, Venezuela, Panamá y México.

Entre los casos correspondientes a viajeros internacionales, más del 55% había resultado negativo al ingreso al país y se detectaron luego durante el período de aislamiento obligatorio en su domicilio posterior al viaje ya sea porque desarrollaron síntomas o porque realizaron la prueba diagnóstica obligatoria al séptimo día de control.

En cuanto a las variantes de interés, en 28 casos se aisló la VOI Lambda (linaje C.37, derivada de B.1.1.1) y en 12 casos la VOI Mu²⁰ (9 de ellos con linaje B.1.621 y 3 casos con linaje B.1.621.1), esta última en viajeros provenientes de Colombia, Venezuela y México.

Gráfico 1: Distribución porcentual de muestras correspondientes a variantes prioritarias y no prioritarias en viajeros y casos relacionados a la importación. n= 800



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

¹⁸ Incluye los casos de variante Delta (B.1.617.2) detectados por secuenciación genómica y por técnica multiplex RT-PCR real time.

¹⁹ 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.

²⁰ 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.

VIGILANCIA GENÓMICA DE SARS COV-2 EN PERSONAS SIN ANTECEDENTES DE VIAJE NOTIFICADAS AL SNVS.2.0^{21, 22}

Entre la SE1-SE38, se registraron al SNVS.2.0 5177 muestras analizadas por secuenciación genómica en personas sin antecedentes de viaje a destino internacional ni relacionados a la importación o en investigación.

A la fecha de redacción de este informe, en la búsqueda activa de casos de variante Delta (linaje B.1.617.2), se detectaron 99 casos no relacionados con la importación o en investigación²³ de los cuales 41 tienen residencia en Ciudad de Buenos Aires, 17 casos en provincia de Buenos Aires, 14 en Córdoba, 2 en Corrientes, 2 en Mendoza, 2 casos en Salta, 20 en Santa Fe y 1 en la provincia de Tucumán.

En relación al resto de las variantes, se detectaron 3236 casos que correspondieron a la VOC Gamma (VOC 20J/501Y.V3, linaje P.1), 327 a la VOC Alpha (VOC 20I/501Y.V1, linaje B.1.1.7) y 1087 casos a la VOI Lambda (linaje C.37 derivada del B.1.1.1); en 12 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 18 casos el linaje B.1.427 (21C/452R.V1, originalmente detectado en EE.UU) y en 11 casos el linaje B.1.526 (21F/253G.V1). Las restantes 359 muestras correspondieron a otras variantes no VOC y no VOI.²⁴

Las muestras analizadas provienen de todas las regiones del país estando la mayoría de las provincias representadas.

Se observa que, para el total país, del total de las muestras secuenciadas aproximadamente el 71% corresponden a variantes de preocupación, 21% a la VOI Lambda (linaje C.37 derivada de B.1.1.1), 0.23% a la VOI Mu (linaje B.1.621), 1% a variantes bajo monitoreo y el resto corresponden a otras variantes no VOC ni VOI. (Grafico 2).

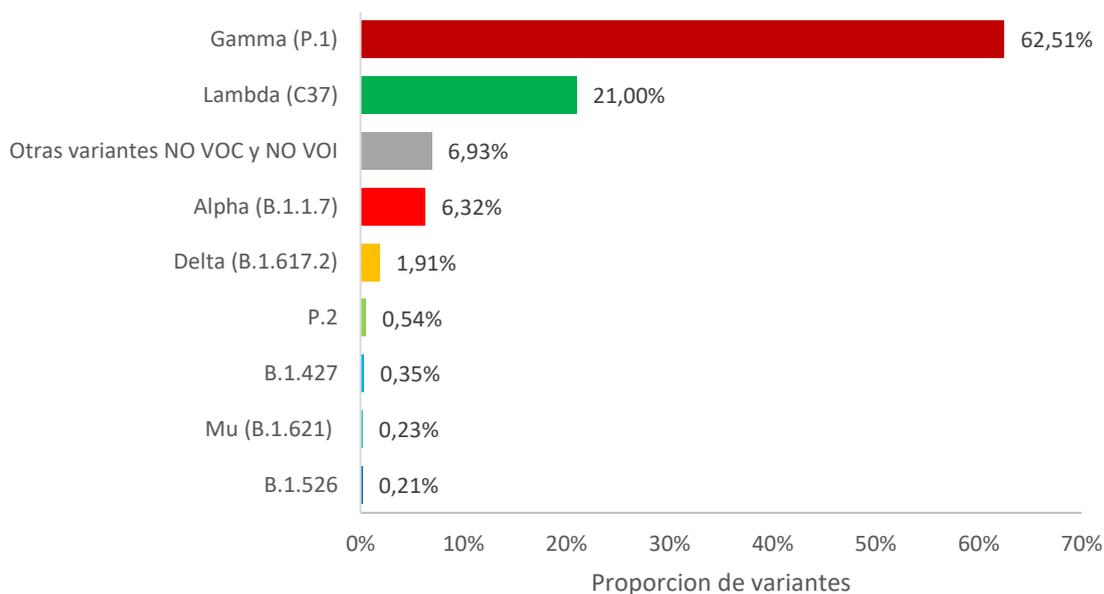
²¹ Sujeto a modificaciones por la actualización de los antecedentes epidemiológicos de los casos.

²² 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.

²³ Incluye los casos de variante Delta (B.1.617.2) detectados por secuenciación genómica y por técnica multiplex RT-PCR real time.

²⁴ 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.

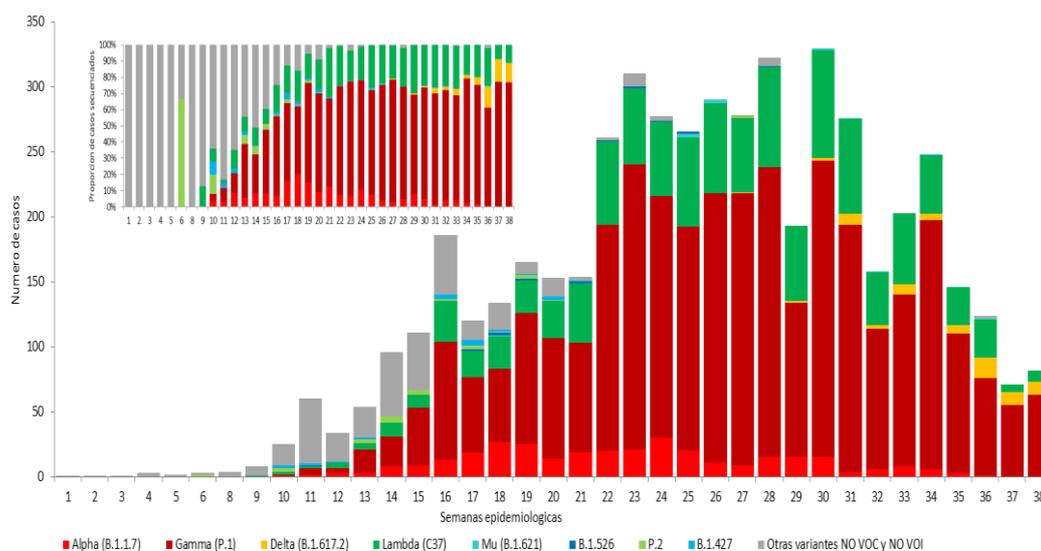
Gráfico 2: Distribución porcentual de muestras correspondientes a variantes prioritarias y no prioritarias en no viajeros. Total País. n= 5177



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

La identificación de variantes prioritarias para el total país se observa en ascenso desde la SE10 hasta el periodo actual. La detección de la VOI Lambda (C.37 derivada de B1.1.1) también continúa en ascenso en las últimas semanas mientras que para otras variantes no VOC y no VOI se observa un descenso en las detecciones tanto en números absolutos como relativos a expensas del incremento de las variantes de preocupación. (Gráfico 3).²⁵

Gráfico 3: Distribución porcentual y absoluta de variantes identificadas en no viajeros según SE de toma de muestra. SE1- SE38. Total país.

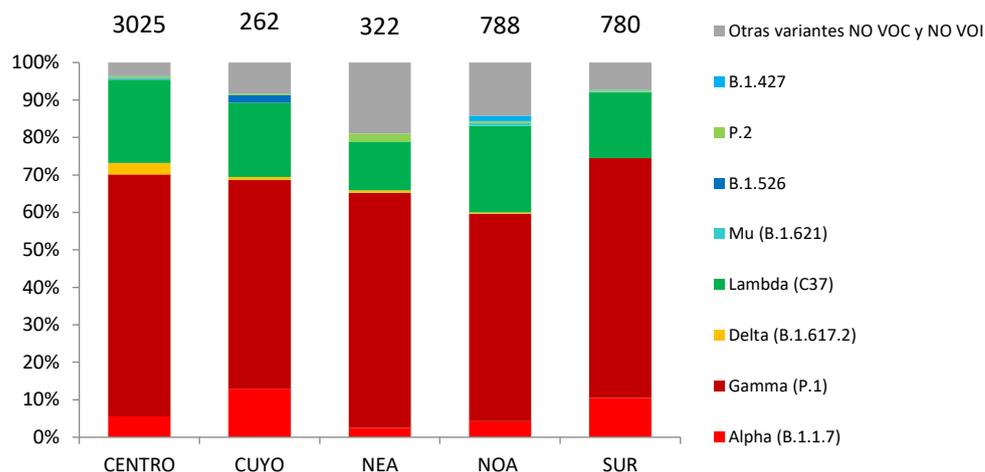


Fuente: Sistema Nacional de Vigilancia de la Salud (SNVS)

²⁵ Los datos de las últimas semanas corresponden fundamentalmente a la búsqueda activa de variante Delta por técnicas moleculares y esto debe considerarse en la interpretación del análisis.

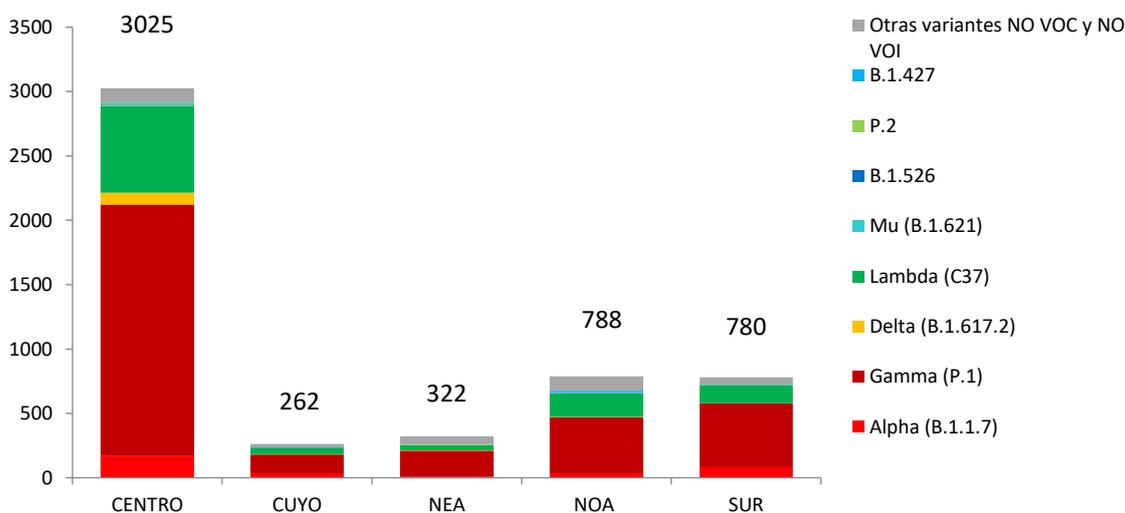
La distribución de variantes prioritarias y no prioritarias difiere según la región del país. En la región Centro y Sur puede observarse que la proporción de variantes prioritarias entre los casos analizados por secuenciación genómica, representa más del 70%, siendo superior al resto de las regiones hasta el momento. En las regiones Cuyo, NOA y NEA la proporción de variantes prioritarias entre las muestras secuenciadas y registradas al SNVS.2.0. en el periodo analizado es del 69%, 60% y 66%, respectivamente. (Grafico 4 y Grafico 5).

Gráfico 4: Distribución relativa de muestras correspondientes a variantes prioritarias y no prioritarias en no viajeros por Región del País. Hasta la SE38. n= 5177



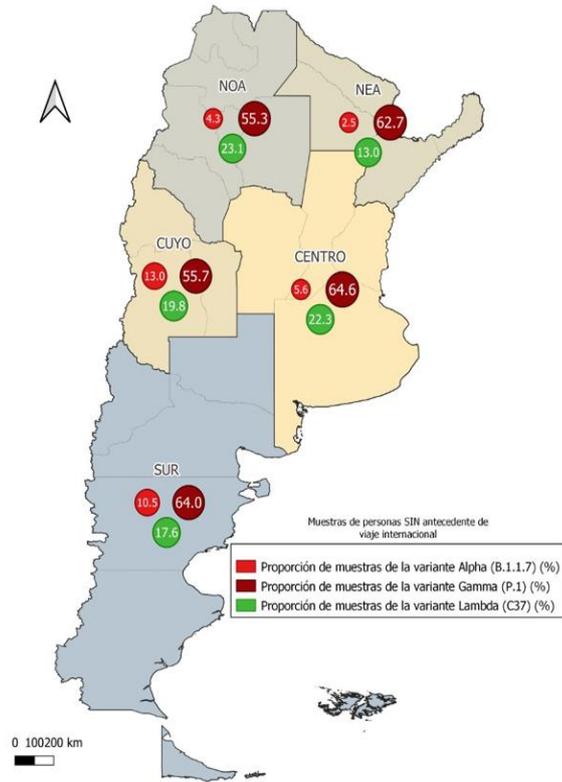
Fuente: Sistema Nacional de Vigilancia de la Salud (SNVS)

Gráfico 5: Distribución absoluta de muestras correspondientes a variantes prioritarias y no prioritarias en no viajeros por Región del País. Hasta la SE38. n= 5177



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

Grafico 6: Distribucion porcentual de muestras correspondientes a variantes Alpha (B.1.1.7), Gamma (P.1) y Lambda (C.37) en no viajeros por Región del País. Acumulados hasta la SE38.



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

Características demográficas y clínicas de los casos secuenciados y registrados al evento Vigilancia Genómica del SNVS^{2.0} para el total país.²⁶

Entre la SE1-SE38, se han registrado al Evento de Vigilancia Genómica del SNVS.2.0 5177 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, 3662 (71%) se corresponden con variantes prioritarias (VOC) y 1515 (29%) son variantes no prioritarias (VOI y Otras variantes).

La mediana de edad para el total de los casos estudiados es de 41 años²⁷. 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 secuenciados, se analizaron 2704 casos en mujeres y 2455 en hombres²⁸. Entre las mujeres, 1880 (69.5%) casos pertenecen a variantes prioritarias y 824 (30.5%) casos a variantes no prioritarias. Mientras que, en los hombres, en 1766 (72%) casos se detectan variantes prioritarias y en 689 (28%) 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 50 y hasta los 80 años, es superior en varones. Entre los 10-49 años y en mayores de 80 años, la distribución de variantes prioritarias es mayor entre las mujeres.

La detección de la variante Lambda (C.37) presenta una frecuencia absoluta superior entre mujeres menores de 60 años mientras que entre los 60-69 años es algo mayor entre varones. A partir de los 70 años la distribución es aproximadamente homogénea en ambos sexos.

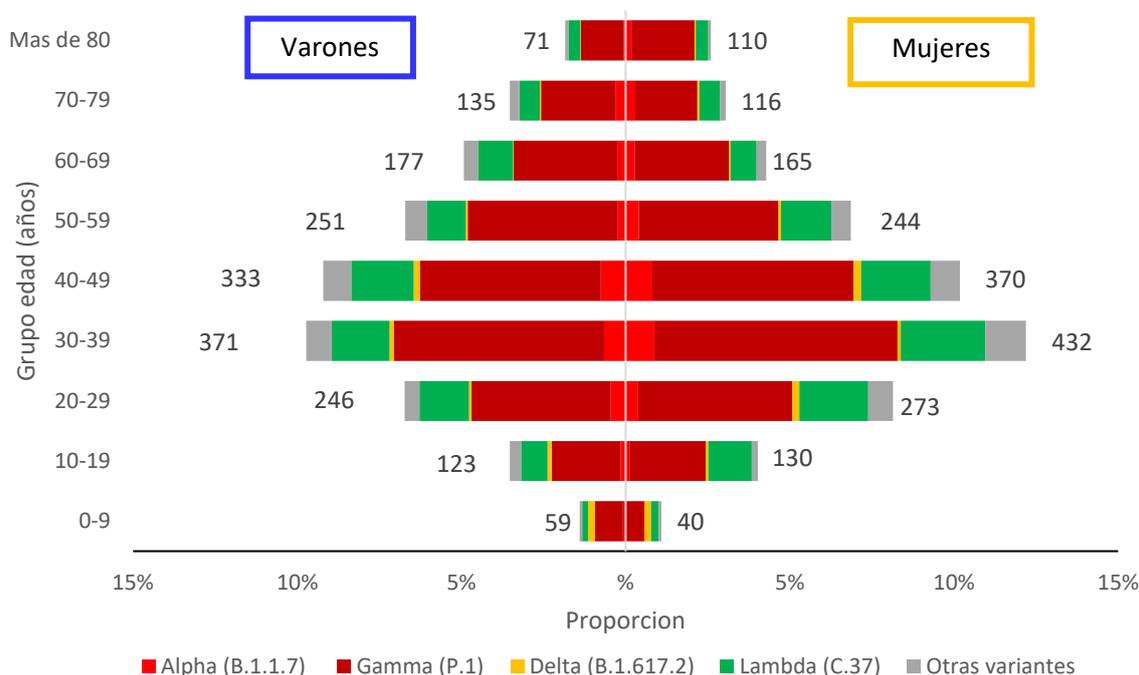
Respecto a la distribución de variantes no prioritarias, entre los 20-49 años la frecuencia absoluta es superior para mujeres mientras que en el resto de los grupos de edad es algo mayor para los varones. (Grafico 1).

²⁶ Sujeto a modificaciones en la medida en que se aporte nueva información al sistema para el período analizado.

²⁷ 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.

²⁸ Hay 18 casos con sexo indeterminado: 16 casos con detección de VOC y 2 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=5159)²⁹



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

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

Del total de casos secuenciados, se registraron al SNVS^{2.0}, 475 casos con evolución grave y 4702 casos sin criterio de gravedad³⁰.

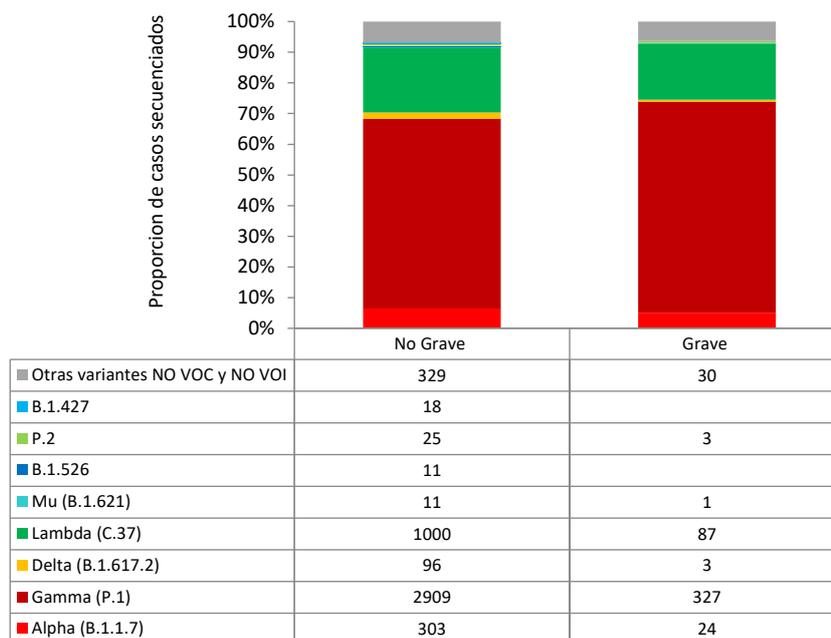
En cuanto a la distribución de variantes prioritarias, en los casos graves 327 (69%) corresponden a la variante Gamma (VOC 20J/501Y.V3, linaje P.1) y 24 (5%) a la variante Alpha (VOC 20I/501Y.V1, linaje B.1.1.7) mientras que en los casos no graves, 2909 (62%) corresponden a la variante Gamma (VOC 20J/501Y.V3, linaje P.1) y 303 (6.4%) a la variante Alpha (VOC 20I/501Y.V1, linaje B.1.1.7). En el periodo analizado, la proporción de la variante Gamma (P.1) es mayor para los casos graves que para aquellos sin criterio de gravedad mientras que la distribución de la variante Alpha (B.1.1.7) es algo superior en los casos no graves.

Respecto a la distribución de la VOI Lambda (linaje C.37 derivada de B.1.1.1), se detectan 87 (18.3%) casos graves y 1000 (21.3%) casos con evolución no grave, siendo algo superior en los casos sin criterio de gravedad para el periodo analizado. (Gráfico 2).

²⁹ Los números absolutos por grupo de edad y sexo corresponden al total de variantes prioritarias (VOC).

³⁰ 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 secuenciados según criterio de gravedad para el total país. (n=5177).



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

Investigación de variantes prioritarias y no prioritarias en casos con antecedente de vacunación para SARS-CoV-2

Entre la SE1- SE38, se registraron un total de 2777 casos analizados por secuenciación genómica con antecedente de vacunación para SARS-CoV-2, 1415 casos luego de la aplicación de la primera dosis de vacuna y 1362 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 inmunización³¹.

Entre 2822 casos estudiados no inmunizados un 60.6% corresponde a la variante Gamma (VOC 20J/501Y.V3, linaje P.1), 6.8% a Alpha (VOC 20I/501Y.V1, linaje B.1.1.7), 1.8% a la VOC Delta (B.1.617.2), 19.5% a la variante Lambda (C.37 derivada de B.1.1.1), 0.3% a la VOI Mu (B.1.621), 1.6% a Variantes bajo monitoreo y un 9.6% a otras variantes no VOC y no VOI.

En los 1197 casos considerados inmunizados, un 65.5% corresponde a la variante Gamma (VOC 20J/501Y.V3, linaje P.1), 6.2% a Alpha (VOC 20I/501Y.V1, linaje B.1.1.7), 2% a la VOC Delta (B.1.617.2), 23.5% a la variante Lambda (C.37 derivada de B.1.1.1), 0.2% a la VOI Mu (B.1.621), 0.3% a Variantes bajo monitoreo y 2.3% a otras variantes no VOC y no VOI.

³¹ Se consideran **inmunizados** a los casos en personas que han recibido la primera dosis de vacuna y hayan pasado al menos 21 días desde la fecha de vacunación y la fecha de toma de muestra.

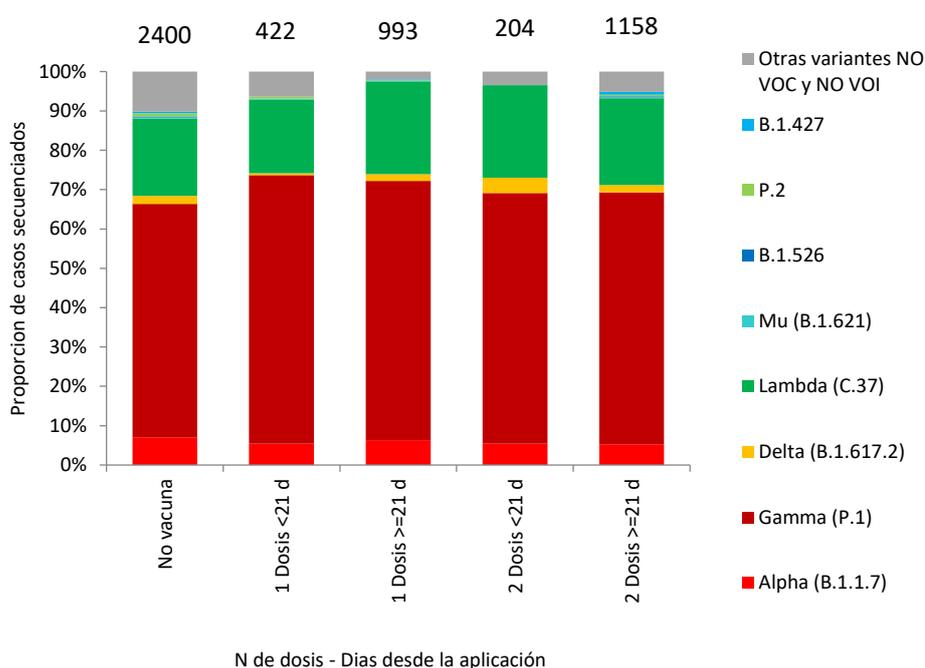
Se consideran **no inmunizados** a todos los casos secuenciados que no recibieron la vacuna o a los casos confirmados de Covid-19 que fueron analizados por secuenciación genómica que estuvieran vacunados, pero en los que hayan pasado menos de 21 días desde la aplicación de la primera dosis de vacuna y la toma de la muestra o los casos en los que la fecha de toma de muestra para secuenciación genómica precede a la fecha de aplicación de la vacuna.

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

En aquellas personas con esquema de vacunación completo, sobre un total de 1158 casos, un 64% corresponde a la variante Gamma (VOC 20J/501Y.V3, linaje P.1), 5.3% a Alpha (VOC 20I/501Y.V1, linaje B.1.1.7), 2% a la VOC Delta (B.1.617.2), 22% a la variante Lambda (C.37 derivada de B.1.1.1), 0.2% a la VOI Mu (B.1.621), 1.6% a Variantes bajo monitoreo y un 5.2% a otras variantes no VOC y no VOI.

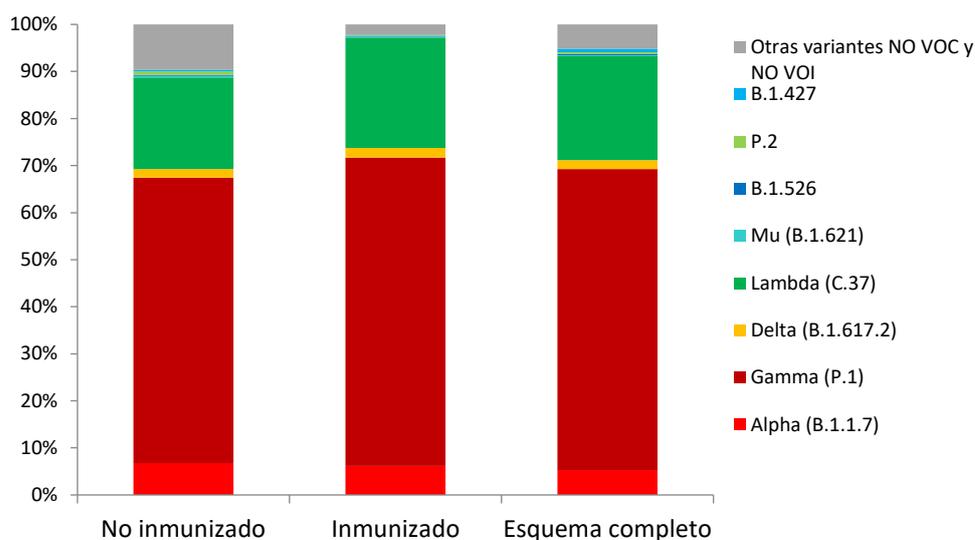
La distribución de la proporción de variantes prioritarias es de 69.3% para los casos no inmunizados y de 73.7% para los inmunizados, mientras que en los casos con esquema completo de vacunación la proporción de VOC es de 71.2%. (Grafico 3 y Grafico 4).

Gráfico 3: Distribución porcentual de variantes en casos secuenciados según número de dosis de vacuna y tiempo transcurrido desde la aplicación para el total país hasta la SE38.



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

Gráfico 4: Distribución porcentual de variantes en casos secuenciados según condición de inmunización para el total país hasta SE38³².



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

Del total de 2777 casos con caracterización genómica y antecedente de vacunación para SARS-CoV-2, se registraron al SNVS.2.0 226 fallecimientos, 27 casos en personas no inmunizadas, 134 en inmunizados y 65 casos con esquema completo de vacunación.³³

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

Linajes	No inmunizado	Inmunizado	Esquema completo
Alpha (B.1.1.7)		7	1
Delta (B.1.617.2)		1	1
Gamma (P.1)	19	89	51
Lambda (C.37)	4	32	12
Mu (B.1.621)		1	
P.2	1	1	
Otras variantes NO VOC y NO VOI	3	3	
Total general	27	134	65

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

³² No inmunizados: casos secuenciados en personas no vacunadas más casos en personas que recibieron la primera dosis y aún no pasaron 21 días desde la vacunación en la fecha de toma de muestra o casos en los que la fecha de toma de muestra para secuenciación precede a la fecha de aplicación de la vacuna; Inmunizados: casos en personas que han recibido la primera dosis y hayan pasado al menos 21 días desde la fecha de vacunación y la fecha de toma de muestra, más los casos en personas que han recibido la segunda dosis pero no han pasado todavía 21 días hasta la fecha de toma de la muestra; Esquema completo: personas que han recibido la segunda dosis de vacuna y han pasado al menos 21 desde la aplicación de la segunda dosis y la fecha de toma de la muestra.

³³ Casos con antecedente de vacunación para SARS-CoV-2 con registro de fallecimiento al SNVS.2.0

Situación de variante Delta en Argentina

Hasta el 27 de Septiembre de 2021, en Argentina, han sido identificados 561 casos de variante Delta de SARS-CoV-2 de las cuales 462 corresponden a casos importados o relacionados con la importación y 99 casos sin relación con la importación o en investigación.

Del total de los casos correspondientes a viajeros internacionales, más del 55% había resultado negativo al ingreso al país y se detectaron luego durante el período de aislamiento obligatorio en su domicilio posterior al viaje ya sea porque desarrollaron síntomas o porque realizaron la prueba diagnóstica obligatoria al séptimo día de control.

Las jurisdicciones de residencia en las cuales se han identificado casos en viajeros internacionales son: Buenos Aires, Ciudad de Buenos Aires, Chubut, Córdoba, La Rioja, Mendoza, Rio Negro, Salta, Santa Cruz, Santa Fe, Tierra del Fuego y Tucumán.

En relación a los casos de Delta sin antecedente de viaje y no relacionados con la importación o en investigación, se detectaron:

Cuarenta y un (41) casos con residencia en Ciudad de Buenos Aires – 15 de los cuales están vinculados a un brote institucional-; diecisiete casos (17) con residencia en provincia de Buenos Aires -1 de ellos vinculado al brote institucional de CABA-; catorce (14) casos en la provincia de Córdoba, 13 relacionados entre sí, pertenecientes a un mismo conglomerado cuyo origen se encuentra en investigación y adicionalmente, un caso sin antecedente de viaje se encuentra en investigación; veinte (20) casos con residencia en Santa Fe, dos (2) casos con residencia en Corrientes, dos (2) casos con residencia en Salta; dos (2) casos con residencia en Mendoza; un (1) caso con residencia en Tucumán. (Tabla 1).

De los casos con variante Delta identificada 6 corresponden a personas fallecidas: femenino, 46 años, sin antecedente de viaje, 2 dosis de vacuna; masculino, 50 años, sin antecedente de viaje, 2 dosis de vacuna; femenino, 82 años, no vacunado, sin antecedente de viaje; masculino, 63 años, no vacunado, importado; masculino, 47 años, con una dosis de vacuna importado; y femenino, 39 años, relacionado con la importación, no vacunado: 3 dentro del grupo de casos importados o relacionados con la importación y 3 sin antecedentes de viaje.

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 y ante el riesgo de circulación extendida de variante Delta, 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, 6 brotes de COVID-19 han sido informados por las Jurisdicciones. (Tabla 2).

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](#)

Tabla 1: Casos de variante Delta según condición.³⁵

Provincias	Viajeros con variante delta	Casos de variante delta relacionados con la importación	Casos de variante delta no relacionados con la importación o en investigación	Total casos variante delta
Buenos Aires	116	3	17	136
CABA	153	7	41	201
Chubut	1			1
Córdoba	23	111	14	148
Corrientes			2	2
Entre Ríos		3		3
La Rioja	2			2
Mendoza	6		2	8
Río Negro	2			2
Salta	1		2	3
Santa Cruz	1			1
Santa Fe	23	1	20	44
Tierra del Fuego	2			2
Tucumán	7		1	8
TOTAL	337	125	99	561

Fuente: elaboración propia de la Dirección de Epidemiología en base a datos del SNVS e informes provinciales de las investigaciones epidemiológicas.

Tabla 2: Brotes y conglomerados de casos de COVID-19 reportados por las Jurisdicciones a SE38.

Provincia	Localidad	Semana epidemiológica de inicio	Tipo de Institución	Variante de SARS-CoV-2 identificada	Casos totales	Casos Hospitalizados	Casos fallecidos
CABA	CABA	36	Institución educativa	Delta (B.1.617.2)	64*	0	0
Chubut	Lago Rosario	38	Institución educativa	En estudio	15	0	0
Salta	Cafayate	34	Otros	Delta (B.1.617.2)	5	1	1
Salta	Capital	36	Otros	Delta (B.1.617.2)	7	0	0
Santa Fe	Rafaela	35	Reunión social- Institución educativa	Gamma (P.1)	18	0	0
Santa Fe	Reconquista	38	Otros	Gamma (P.1)	34	0	0

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.

³⁵ 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.

*Pendiente actualización de información de brote por la Jurisdicción.

SITUACIÓN INTERNACIONAL

En las Tablas 1-3 se muestran las variantes VOC y VOI definidas por OMS al 28 de Septiembre de 2021.

Tabla 1 - Variantes de preocupación (VOC)

WHO	Alpha	Beta	Gamma	Delta
CLADO NEXTSTRAIN	20I (V1)	20H (V2)	20J (V3)	21A
CLADO GISAJD	GRY (GR/501Y.V1)	GH/501Y.V2	GR/501Y.V3	G/478K.V1
Linaje Pangolín	B.1.1.7	B.1.351	P.1	B.1.617.2
Detectada inicialmente	UK-Reino Unido	SA-Sudáfrica	Brasil	India
Muestra más antigua detectada	20 SEP 2020	MAY 2020	NOV 2020	OCT 2020
Mutaciones importantes en la "S"	Delección H69/V70; delección Y144; N501Y; A570D; D614G, P681H, T716I, S982A, D1118H	Delección D80A, D215G, 241/243, K417N, E484K, N501Y, D614G, A701V	L18F, T20N, P26S, D138Y, R190S, K417T, E484K, N501Y, D614G H655Y, T1027I, V1176F	L452R, D614G, P681R, ± (E484Q, Q107H, T19R, del157/158, T478K, D950N)
Cambios aminoácidos adicionales monitoreados ¹	+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, aumento de la tasa de ataque secundaria.
Severidad de la enfermedad	Riesgo incrementado de hospitalización, posible aumento de riesgo para severidad y mortalidad	No confirmada, posible aumento de riesgo de mortalidad en hospitalizaciones	Posible riesgo incrementado de hospitalización, riesgo de severidad	Riesgo incrementado de hospitalización
Riesgo de reinfección	Se mantiene la actividad neutralizante, riesgo de reinfección similar	Reducción de actividad neutralizante reportada. Se mantiene respuesta celular	Moderada reducción en la actividad neutralizante	Reducción de actividad neutralizante reportada.
Impacto en el diagnóstico	Impacto limitado, falla de la detección de gen S (SGTF), sin impacto en el resultado final multitarget; sin impacto en la detección por antígenos	Sin impacto en RT-PCR ni en la detección por antígenos	No reportados hasta la fecha	No reportados hasta la fecha

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

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 (1), Moderna-mRNA-1273/Pfizer BioNTech-Comirnaty (1), Pfizer BioNTech-Comirnaty (5)</p> <p>↓: AstraZeneca- Vaxzevria (1)</p> <ul style="list-style-type: none"> • Enfermedad sintomática: ↔: Moderna-mRNA-1273 (1), Moderna-mRNA-1273/Pfizer BioNTech-Comirnaty (1), Pfizer BioNTech-Comirnaty (4) ↔ a ↓: AstraZeneca-Vaxzevria (3) ↓: Novavax-Covavax (1) • Infección: ↔: Moderna-mRNA-1273 (1) Pfizer BioNTech-Comirnaty (2) <p>↔ a ↓: AstraZeneca-Vaxzevria (2)</p>	<p>↔: Anhui ZL-Recombinant (2), Beijing CNBG-BBIBP-CorV (1), Bharat-Covaxin (2), Gamaleya-Sputnik V (3), Janssen-Ad26.COV 2.5 (3), SII Covishield (1)</p> <p>↔ a ↓: Pfizer BioNTech-Comirnaty (37) Sinovac-CoronaVac (5) Moderna-mRNA-1273 (11)</p> <p>↓: AstraZeneca-Vaxzevria (4), Moderna-mRNA-1273/ Pfizer BioNTech-Comirnaty (1), Novavax-Covavax (1)</p>
Beta	<p>Mantiene protección contra enfermedad severa, reducción en la protección frente a enfermedad sintomática, evidencia limitada</p> <ul style="list-style-type: none"> • Enfermedad severa: ↔: Janssen Ad26.COV 2.5 (1), Pfizer BioNTech-Comirnaty (2) • Enfermedad sintomática: ↔: Janssen-Ad26. COV 2.5 (1), Pfizer BioNTech-Comirnaty (1) ↓↓↓: AstraZeneca-Vaxzevria (1), Novavax-Covavax (1) • Infección: ↔: Moderna-mRNA-1273 (1) <p>↓: Pfizer BioNTech-Comirnaty (1)</p>	<p>↔ a ↓: Anhui ZL-Recombinante (3), Beijing CNBG- BBIBP-CorV (2)</p> <p>↔ a ↓↓: AstraZeneca-Vaxzevria (5)</p> <p>↓: Bharat-Covaxin (2), SII Covishield (1)</p> <p>↓ a ↓↓: Gamaleya-Sputnik V (3), Janssen-Ad26.COV 2.5 (5) Moderna- mRNA-1273 (13), Pfizer BioNTech-Comirnaty (35), Sinovac-CoronaVac (5)</p> <p>↓↓↓: Novavax-Covavax (1), Moderna-mRNA-1273/ Pfizer BioNTech-Comirnaty (1)</p>
Gamma	<p>Impacto incierto, evidencia limitada</p> <p>Enfermedad severa: No evidencia</p> <ul style="list-style-type: none"> • Enfermedad sintomática: No evidencia <p>Infección: ↔ Sinovac-CoronaVac (1)</p>	<p>↔ Anhui ZL-Recombinante (1)</p> <p>↔ to ↓: Pfizer BioNTech-Comirnaty, (20), Sinovac-CoronaVac (4)</p> <p>↓: AstraZeneca-Vaxzevria (2), Gamaleya-Sputnik V (2), Janssen-Ad26.COV 2.5 (2), Moderna- mRNA-1273 (6)</p>
Delta	<p>Mantiene Protección contra enfermedad severa; posible protección reducida contra enfermedad sintomática e infección. Evidencia limitada.</p> <ul style="list-style-type: none"> • Enfermedad severa: ↔: AstraZeneca- Vaxzevria (2), Moderna-mRNA-1273 (1), Pfizer BioNTech-Comirnaty (5) • Enfermedad sintomática: ↔ a ↓: Pfizer BioNTech-Comirnaty (4) <p>↓: Bharat-Covaxin (1)</p> <p>↔ a ↓↓: AstraZeneca- Vaxzevria (3)</p> <ul style="list-style-type: none"> • Infección: ↓: AstraZeneca-Vaxzevria (1), Pfizer BioNTech-Comirnaty (1) 	<p>↔ a ↓: Bharat-Covaxin (3), Anhui ZL-Recombinant (2), Pfizer BioNTech-Comirnaty (12)</p> <p>↓: Janssen-Ad26.COV 2.5 (3), Moderna- mRNA-1273 (4), SII – Covishield (2), Gamaleya-Sputnik V (2)</p> <p>↓ a ↓↓: AstraZeneca-Vaxzevria (5)</p> <p>↓↓: Moderna-mRNA-1273/ Pfizer BioNTech-Comirnaty (1)</p> <p>↓ a ↓↓↓: Sinovac-CoronaVac (3)</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 - 21 September 2021 \(who.int\)](https://www.who.int/publications/m/item/weekly-epidemiological-update-on-covid-19-21-september-2021)

Figura 1 - Países que reportaron los linajes Alpha (B.1.1.7), Beta (B.135), Gamma (P.1) y Delta (B.1.617.2) al 28 de Septiembre 2021.

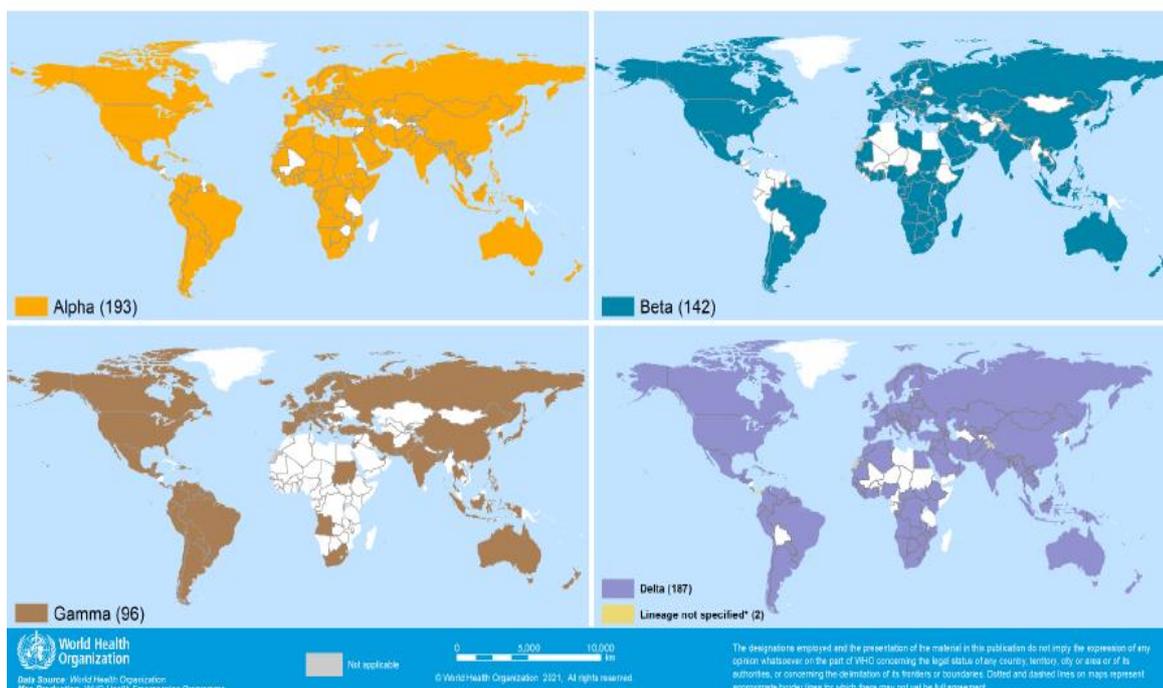


Tabla 3 - En la siguiente tabla se muestran las VOI en investigación al 28 de Septiembre 2021 según OMS.

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