

COVID-19

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

SE27/2022

INFORME TÉCNICO

JULIO 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
MERCEDES PAZ⁵
DANIELA ALVAREZ⁵
MARÍA BELEN MARKIEWICZ¹
GEORGINA MARTINO¹
MARIANA MAURIÑO¹
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 anteriormente”. Sin embargo, la baja circulación de VOC no altera su clasificación como tal.

Omicron es actualmente la variante dominante que circula a nivel mundial, donde representa el 92 % de las secuencias reportadas a GISAID en los últimos 30 días, al 30 de Junio de 2022 (en el 8% restante se encuentra aún pendiente la asignación de linaje).

La principal característica de los linajes de Omicron es la mayor tasa de crecimiento sobre otras variantes originada principalmente en la capacidad de evasión inmune. La comparabilidad inclusive se establece entre los distintos linajes, característica que permite mantener la transmisión y/o desplazar a los linajes prevalentes.

La transmisión sostenida de esta variante ha llevado a una significativa evolución intra-VOC. Desde su designación como VOC por la OMS el 26 de noviembre de 2021, los virus que forman parte del complejo Omicron han seguido evolucionando, dando lugar a linajes descendientes con diferentes constelaciones genéticas de mutaciones. Cada linaje que incluye sustituciones en sitios clave puede necesitar más investigación para evaluar si sus características divergen o no de aquellas que definen la variante de preocupación de la que provienen.

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.

El patrón de alta transmisión observado para Ómicron ha facilitado la aparición de mutaciones adicionales que definen diferentes sublinajes clasificados dentro la misma variante. A la fecha, se han reportado globalmente 5 diferentes linajes principales de Ómicron: BA.1, BA.2, BA.3, BA.4 y BA.5 y sus linajes descendientes (BA.1.1, BA.2.12.1, entre otros).

Considerando la importante transmisión de la VOC Omicron en todo el mundo y el consiguiente aumento esperado de la diversidad viral, la OMS ha agregado una nueva categoría a su sistema de seguimiento de variantes, denominada "linajes de VOC bajo monitoreo" (VOC-LUM) para señalar qué linajes de VOC pueden requerir atención prioritaria y monitoreo a nivel mundial. El objetivo principal de esta categoría es investigar si estos linajes pueden representar una amenaza adicional para la salud pública mundial en comparación con otros virus circulantes.

Se definen como "linajes de VOC bajo monitoreo" (VOC-LUM) a las variantes que según el análisis filogenético, pertenecen a una VOC circulante actualmente, que muestran una ventaja en la transmisión en comparación con otras VOC y que tienen cambios aminoacídicos adicionales que se conoce o se sospecha que confieren los cambios observados en la epidemiología y en la ventaja adaptativa.⁶

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

VOC en circulación actualmente: Ómicron.

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

VOC-LUM en circulación actualmente: BA.4, BA.5, BA.2.12.1, BA.2.9.1, BA.2.11, BA.2.13 y BA.2.75.

VUM: No hay variantes bajo monitoreo actualmente.

VOC circulantes anteriormente: Alpha, Beta, Gamma y Delta.

En la actualidad, las proporciones de BA.5 y BA.4 continúan en ascenso en diferentes regiones. BA.5 se ha detectado en 83 países, y durante la semana epidemiológica 25, la proporción de BA.5 entre todas las secuencias registradas semanalmente a GISAID aumento del 37% al 52%. Aunque BA.4 también está aumentando a nivel mundial, la tasa de aumento es menor en comparación con BA.5. BA.4 se ha detectado en 73 países, y representa el 12% de todas las secuencias enviadas durante la semana 25 (en relación al 11 % de la semana previa).

Globalmente, las proporciones de los linajes BA.2 y BA.2.12.1 de Omicron han ido disminuyendo. Durante la semana 25, la prevalencia de BA.2 entre todas las secuencias enviadas a GISAID fue del 9% (una disminución de 16% en la semana anterior) y la prevalencia de BA.2.12.1 fue del 11% (una disminución del 19% en la semana anterior). BA.2 y BA.2.12.1 han sido reportados en 150 y 84 países, respectivamente.⁷

BA.2 ha demostrado una ventaja de crecimiento en comparación con BA.1.⁸ Para BA.2.12.1, BA.4 y BA.5 se estimó un ritmo de crecimiento más rápido en relación a BA.2.^{9,10}

⁶ Disponible en: [Tracking SARS-CoV-2 variants \(who.int\)](https://www.who.int/publications/m/item/weekly-epidemiological-update-on-covid-19--6-july-2022)

⁷ <https://www.who.int/publications/m/item/weekly-epidemiological-update-on-covid-19--6-july-2022>

⁸ https://assets.publishing.service.gov.uk/government/uploads/system/uploads/attachment_data/file/1063424/Tech-Briefing-39-25March2022_FINAL.pdf

⁹ https://assets.publishing.service.gov.uk/government/uploads/system/uploads/attachment_data/file/1086494/Technical-Briefing-43-28.06.22.pdf

¹⁰ [New York State Department of Health Announces Emergence of Recently Identified, Highly Contagious Omicron Subvariants in New York and Urges Continued Vigilance Against COVID-19 \(ny.gov\)](https://www.ny.gov/news/new-york-state-department-of-health-announces-emergence-of-recently-identified-highly-contagious-omicron-subvariants-in-new-york-and-urges-continued-vigilance-against-covid-19)

Omicron BA.2.12.1, BA.4 y BA.5 tienen la mutación característica en el locus S:L452 que podría conferirles una mayor transmisibilidad y características de escape inmunitario.

Los linajes BA.4 y BA.5 se detectaron por primera vez en Sudáfrica en enero y febrero de 2022 respectivamente, convirtiéndose en las variantes dominantes en ese país en mayo de 2022.

Una tendencia creciente en las tasas de notificación de casos y la positividad de las pruebas sugirieron que estos dos linajes se asociaron al aumento de casos observado en Sudáfrica entre abril y mayo de 2022. En Portugal, BA.5 se ha convertido en la variante predominante y un incremento en las proporciones de BA.5 se ha acompañado por un aumento en los casos de COVID-19.¹¹

CONOCIMIENTO ACTUAL DE LA VARIANTE

La evidencia 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 más que inferior, lo cual podría contribuir a la expansión de esta variante.²⁰

La información disponible indica que Ómicron tiene una mayor tasa de ataque secundario y número 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 observó un mayor riesgo de transmisión domiciliar 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.^{21,22}

Otro estudio realizado en Dinamarca, informó una tasa de ataque secundario más 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).²³

En EE.UU el linaje BA.2.12.1 se ha propagado más rápidamente que el resto de los linajes en ese país con un incremento paralelo en el número de casos de COVID-19.^{12, 13, 14}

Si bien aún no hay evidencia con respecto a ningún cambio en la gravedad de los casos con BA.4, BA.5 o BA.2.12.1 en comparación con BA.2, en algunos países, el aumento de casos también resultó en un aumento en las hospitalizaciones, admisiones en UCI y muertes. En países donde la incidencia de BA.4, BA.5 o BA.2.12.1 se encuentra en descenso, el aumento de casos, hospitalizaciones, admisiones en UCI y muertes ha sido menor en comparación con los periodos previos de prevalencia de Omicron BA.1 y/o BA.2.⁷

Han sido detectados eventos recombinantes entre las variantes de preocupación y están siendo monitoreados a nivel mundial. La variante recombinante de Delta (AY.4) y Ómicron (BA.1) linaje Pangolín XD identificado predominantemente en Francia; recombinaciones entre los sublinajes BA.1 y BA.2 de Omicron, a destacar según los sitios de recombinación XE, XR, XL, XN, XP y XQ detectados principalmente en Reino Unido. A la fecha, no hay evidencia que indique un aumento

¹¹ [Implications of the emergence and spread of the SARS-CoV-2 variants of concern BA.4 and BA.5 for the EU/EEA \(europa.eu\)](https://europe.ecdc.europa.eu/en/news/news-detail/implications-of-the-emergence-and-spread-of-the-sars-cov-2-variants-of-concern-ba.4-and-ba.5-for-the-eu/eea)

¹² [Weekly epidemiological update on COVID-19 - 18 May 2022 \(who.int\)](https://www.who.int/news-room/weekly-epidemiological-update-on-covid-19-18-may-2022)

¹³ [CDC COVID Data Tracker: Variant Proportions](https://www.cdc.gov/covid/data-tracker/variant-proportions)

¹⁴ [Weekly epidemiological update on COVID-19 - 8 June 2022 \(who.int\)](https://www.who.int/news-room/weekly-epidemiological-update-on-covid-19-8-june-2022)

significativo de la capacidad de transmisión o cambios en la forma clínica o la gravedad de la enfermedad debido a la infección con virus recombinantes.¹⁵

En relación al linaje BA.2, la evidencia disponible indica que es más transmisible con una tasa de crecimiento y número reproductivo superior, en comparación con BA.1.^{16,17}

Datos del Reino Unido estimaron una efectividad del esquema primario de vacunación y dosis booster para la prevención de enfermedad sintomática similar para ambos sublinajes de Omicron.¹⁸ Otro estudio conducido en Suecia sugiere que la protección de las vacunas frente a enfermedad severa se mantuvo relativamente estable entre aquellos con tres dosis de vacuna durante el periodo de transición de BA.1 a BA.2, aunque evaluaron una reducción de la efectividad entre los que contaban con dos dosis de vacuna.¹⁹

Si bien se ha sugerido que la infección previa con uno de los sublinajes de Omicron confiere una importante protección frente a la infección por otro sublinaje, esta protección no es completa y se ha evaluado en el corto plazo luego de la infección primaria (94.9% de protección para BA.2 luego de la infección con BA.1 y 85.6% para BA.1 posterior a la infección con BA.2).²⁰

Análisis preliminares realizados en Reino Unido no hallaron una diferencia significativa en cuanto al antecedente de vacunación en aquellos casos infectados con BA.4 y BA.5 en comparación con BA.2, lo cual podría sugerir una protección por vacunas comparable a la evaluada previamente. Sin embargo, se requiere de estudios con un diseño adecuado para evaluar la efectividad de las vacunas frente a estos linajes.⁹

¹⁵ [Emergencia de sublinajes y eventos de recombinación: evolución genética del SARS-CoV-2. - 13 de abril de 2022 - OPS/OMS | Organización Panamericana de la Salud \(paho.org\)](#)

¹⁶ Analyses of Omicron genomes from India reveal BA.2 as a more transmissible variant Ashwin Atkulwar, Akif Rehman, Y. Imaan, Mumtaz Baig. medRxiv 2022.04.25.22274272; doi: <https://doi.org/10.1101/2022.04.25.22274272>

¹⁷ Transmission of SARS-CoV-2 Omicron VOC subvariants BA.1 and BA.2: Evidence from Danish Households Frederik Plesner Lyngse, Carsten Thure Kirkeby, Matthew Denwood, Lasse Engbo Christiansen, Kåre Mølbak, Camilla Holten Møller, Robert Leo Skov, Tyra Grove Krause, Morten Rasmussen, Raphael Niklaus Sieber, Thor Bech Johannesen, Troels Lillebaek, Jannik Fonager, Anders Fomsgaard, Frederik Trier Møller, Marc Stegger, Maria Overvad, Katja Spiess, Laust Hvas Mortensen medRxiv 2022.01.28.22270044; doi: <https://doi.org/10.1101/2022.01.28.22270044>

¹⁸ Kirsebom FCM, Andrews N, Stowe J, et al. COVID-19 Vaccine Effectiveness against the Omicron BA.2 variant in England. medRxiv; 2022. DOI: [10.1101/2022.03.22.22272691](https://doi.org/10.1101/2022.03.22.22272691).

¹⁹ COVID-19 vaccine effectiveness against severe disease from SARS-CoV-2 Omicron BA.1 and BA.2 subvariants – surveillance results from southern Sweden, December 2021 to March 2022

²⁰ Protection of Omicron sub-lineage infection against reinfection with another Omicron sub-lineage Hiam Chemaitelly, Houssein H. Ayoub, Peter Coyle, Patrick Tang, Hadi M. Yassine, Hebah A. Al-Khatib, Maria K. Smatti, Mohammad R. Hasan, Zaina Al-Kanaani, Einas Al-Kuwari, Andrew Jeremijenko, Anvar Hassan Kaleeckal, Ali Nizar Latif, Riyazuddin Mohammad Shaik, Hanan F. Abdul-Rahim, Gheyath K. Nasrallah, Mohamed Ghaith Al-Kuwari, Adeel A. Butt, Hamad Eid Al-Romaihi, Mohamed H. Al-Thani, Abdullatif Al-Khal, Roberto Bertollini, Laith J. Abu-Raddad medRxiv 2022.02.24.22271440; doi: <https://doi.org/10.1101/2022.02.24.22271440>

²⁰ Enhancing response to Omicron SARS-CoV-2 variant (who.int)

²¹ [Weekly epidemiological update on COVID-19 - 8 February 2022 \(who.int\)](#)

²² SARS-CoV-2 variants of concern and variants under investigation (publishing.service.gov.uk)

²³ 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, Arieh 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 ARGENTINA²¹

Resumen:

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

En la SE24 de 2022 la proporción de Ómicron en casos sin antecedente de viaje internacional ni relacionados con la importación se sitúa en un 100% según la información registrada en el SNVS^{2.0} para el total país, entre las muestras analizadas por secuenciación genómica.

En cuanto a los linajes de Ómicron, el porcentaje de BA.2 en SE24 es del 61%, mientras que BA.4 y BA.5 representan el 6.4% y 4.5%, respectivamente.

En términos acumulados, desde el 1 de enero del 2021 hasta el 5 de julio de 2022, se han analizado y notificado al Sistema Nacional de Vigilancia de la Salud 27563 muestras para la identificación de variantes de SARS-CoV-2, de las cuales 16273 fueron estudiadas por secuenciación genómica y 11290 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.

²¹ 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^{22, 23}

En cuanto al comportamiento temporal durante el periodo analizado puede observarse que la detección de la VOC Ómicron representa el 100% de las muestras analizadas. Entre los diferentes linajes de esta variante, se observa que BA.2 continúa representado más del 60% de las muestras analizadas en los últimos 60 días.

La proporción de los linajes BA.4 y BA.5 presentan un incremento gradual en las últimas 3 semanas epidemiológicas alcanzando un 6.4% y un 4.5% respectivamente, en la SE24.

Para el resto de las variantes del virus (incluida Delta) no se registran casos desde la SE03 de 2022 (Gráfico 1 - Tabla 1).

Gráfico 1: Distribución porcentual de variantes identificadas en no viajeros según semana epidemiológica de toma de muestra. SE14/2021- SE24/2022. Total país.^{24, 25, 26}

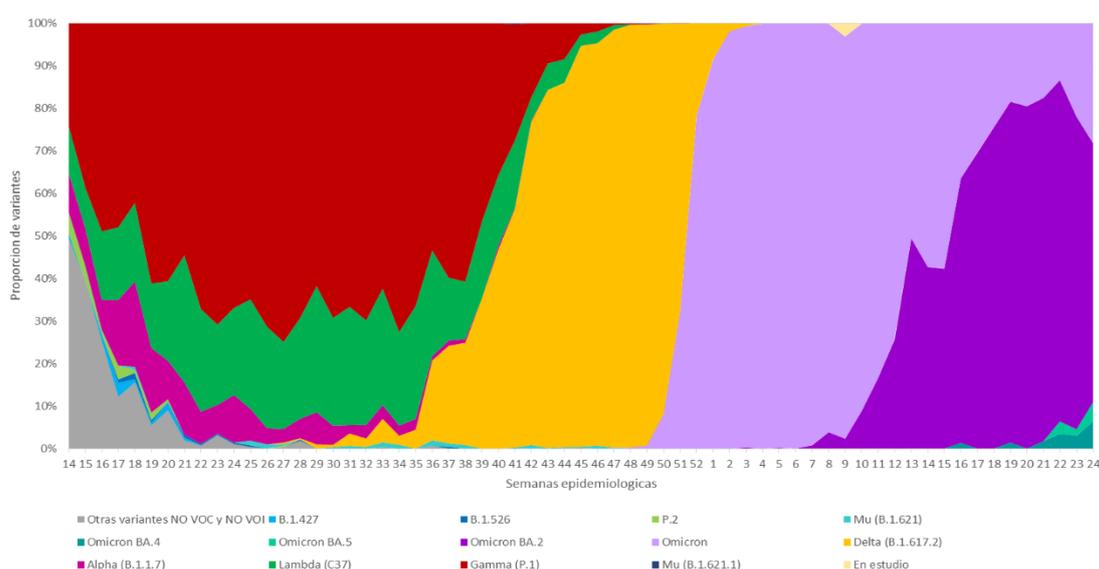


Tabla 1: Proporción de muestras por linaje identificado y por semana epidemiológica de toma de muestra en no viajeros. SE09/2022- SE24/2022. Total país.

Linaje / SE	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24
Omicron	97,6%	91,2%	83,3%	71,4%	50,5%	57,3%	57,7%	36,5%	30,4%	24,5%	18,4%	19,5%	17,5%	13,4%	22,0%	28,2%
Omicron BA.2	2,4%	8,8%	16,7%	24,8%	49,5%	42,7%	42,3%	62,2%	69,6%	75,5%	80,1%	80,5%	80,7%	80,2%	73,5%	60,9%
Omicron BA.4	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	1,4%	0,0%	0,0%	1,4%	0,0%	1,8%	3,5%	3,0%	6,4%
Omicron BA.5	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%	2,9%	1,5%	4,5%

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

²² Sujeto a modificaciones por la actualización de los antecedentes epidemiológicos de los casos.

²³ 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.

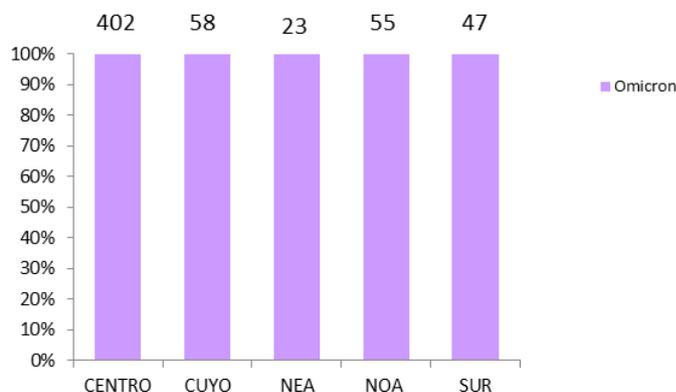
²⁴ Datos aportados por las Jurisdicciones al evento nominal "Vigilancia Genómica de SARS COV 2".

²⁵ Las muestras en estudio corresponden a casos probables de variante Delta detectados por rt-PCR los cuales no fue posible obtener secuenciación de genoma completo.

²⁶ Las variantes recombinantes Omicron compatible con XQ y Omicron compatible con XT, si bien no se especifican en el gráfico, son analizadas en el grupo Omicron debido al escaso número de muestras detectadas en el periodo analizado.

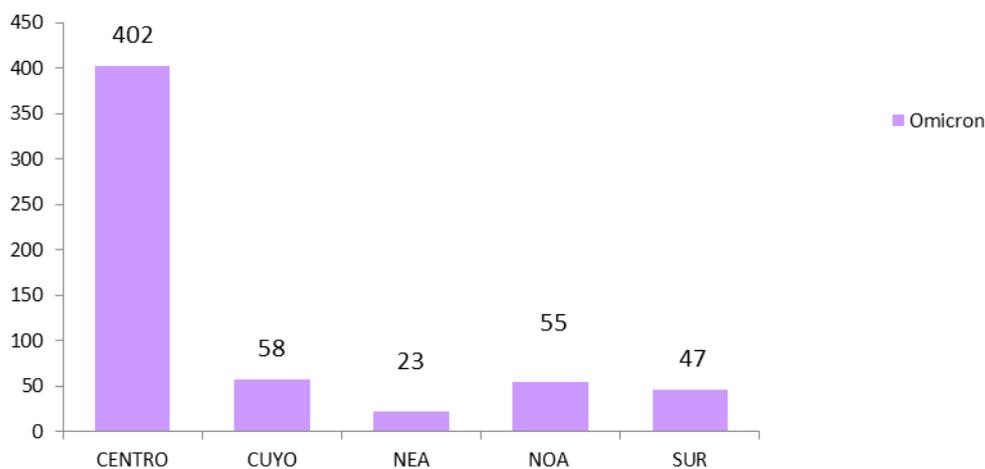
Entre las SE21–SE24 de 2022 la distribución de variantes prioritarias se caracteriza exclusivamente por la detección de la VOC Ómicron, que representa un 100% en todas las regiones del país que registran muestras estudiadas y registradas en el SNVS.2.0 (Gráficos 2 y 3).

Gráfico 2: Distribución relativa de muestras correspondientes a variantes prioritarias y no prioritarias en no viajeros por Región del País. Periodo analizado SE21/2022-SE24/2022. n= 585



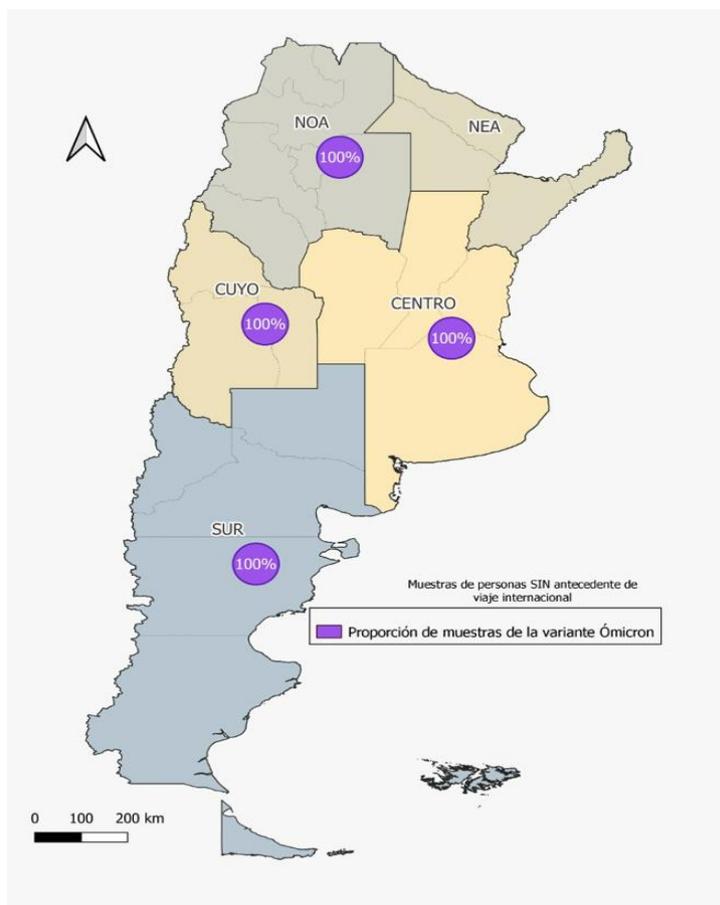
Fuente: Dirección Nacional de Epidemiología e Información estratégica - Sistema Nacional de Vigilancia de la Salud (SNVS)

Gráfico 3: Distribución absoluta de muestras correspondientes a variantes prioritarias y no prioritarias en no viajeros por Región del País. Periodo analizado SE21/2022-SE24/2022. n= 585



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

Mapa 1: Distribución proporcional de variantes en no viajeros según región. Incluye las últimas dos semanas con 15 o mas muestras analizadas registradas en el SNVS^{2.0} para cada region hasta el 05-07-2022. ^{27, 28}



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

En cuanto a casos con antecedente de viaje internacional o relacionados con la importación, se analizaron 1402 muestras para detección de variantes de SARS-CoV-2. Entre los casos estudiados en las últimas 4 semanas hasta el 05/07 de 2022 la variante Omicron es predominante.

En relación a los linajes de Omicron, fueron registrados al SNVS.^{2.0} 52 casos de BA.2, 1 caso de BA.4 y 4 casos de BA.5 en viajeros provenientes de Brasil, Uruguay, Chile, Colombia, República Dominicana, Cuba, México, Estados Unidos, Suiza, España, Italia, Inglaterra, Turquía y Egipto.

²⁷ Para mantener una mayor estabilidad en las proporciones y lograr mayor representatividad, se incluyeron las últimas semanas epidemiológicas con al menos 15 muestras analizadas.

²⁸ Para el parámetro temporal analizado se registran datos aportados por las siguientes Jurisdicciones: Buenos Aires, CABA, Córdoba, Entre Ríos, Santa Fe, Mendoza, San Luis, Catamarca, Jujuy, Santiago del Estero, Tucumán, La Pampa, Neuquén 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= 180; Región Cuyo= 24; Región NOA: n= 30; Región Sur: n=20. La región NEA registra menos de 15 muestras estudiadas para el periodo analizado.

Situación de linajes de Ómicron en Argentina.

A la fecha fueron detectados 1160 casos de Omicron BA.2, 27 casos de BA.4 y 16 casos de BA.5.²⁹ Los antecedentes de los casos se encuentran detallados en Tabla 2.

Los casos con detección de Omicron BA.4 y BA.5 corresponden a personas que residen en provincia de Buenos Aires, Ciudad de Buenos Aires, Catamarca, Entre Ríos, La Pampa, Mendoza, Salta, San Luis, Santa Cruz y Santa Fe. (Tabla 2).

Tabla 2: Casos de variante Ómicron confirmados y probables según condición por provincia de residencia del caso registrados en SNVS.2.0 hasta el 05-07-2022.³⁰

Provincias	Omicron BA.2				Omicron BA.4				Omicron BA.5			
	Casos en Viajeros	Casos relacionados con la importación	Casos no relacionados con la importación o en investigación	Total de casos	Casos en Viajeros	Casos relacionados con la importación	Casos no relacionados con la importación o en investigación	Total de casos	Casos en Viajeros	Casos relacionados con la importación	Casos no relacionados con la importación o en investigación	Total de casos
Buenos Aires	6	0	185	191	0	0	1	1	1	0	1	2
CABA	54	0	375	429	1	0	3	4	3	0	6	9
Catamarca	0	0	10	10	0	0	4	4	0	0	2	2
Chaco	0	0	33	33	0	0	0	0	0	0	0	0
Cordoba	0	0	49	49	0	0	0	0	0	0	0	0
Corrientes	0	0	22	22	0	0	0	0	0	0	0	0
Entre Rios	0	0	85	85	0	0	2	2	0	0	1	1
Jujuy	0	0	11	11	0	0	0	0	0	0	0	0
La Pampa	0	0	6	6	0	0	0	0	0	0	1	1
Mendoza	1	0	53	54	0	0	6	6	0	0	0	0
Rio Negro	0	0	3	3	0	0	0	0	0	0	0	0
Salta	0	0	6	6	0	0	1	1	0	0	1	1
San Juan	0	0	2	2	0	0	0	0	0	0	0	0
San Luis	0	0	17	17	0	0	1	1	0	0	0	0
Santa Cruz	0	1	18	19	0	0	6	6	0	0	0	0
Santa Fe	0	0	171	171	0	0	2	2	0	0	0	0
Santiago del Estero	0	0	20	20	0	0	0	0	0	0	0	0
Tucuman	0	0	32	32	0	0	0	0	0	0	0	0
Total general	61	1	1098	1160	1	0	26	27	4	0	12	16

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

- ✓ Entre los casos de Ómicron BA.2, se informan al SNVS.2.0 82 casos con resultado Ómicron BA.2.12.1 (31 estudiados por secuenciación completa o parcial y 51 probables por rt-PCR) y 2 casos de BA.2.9.1 detectados por secuenciación completa.
- ✓ Adicionalmente se detectan 5 casos de Omicron compatible con XQ (linaje recombinante BA.1.1 y BA.2) y 2 Omicron compatible con XT (linaje recombinante BA.1 y BA.2).

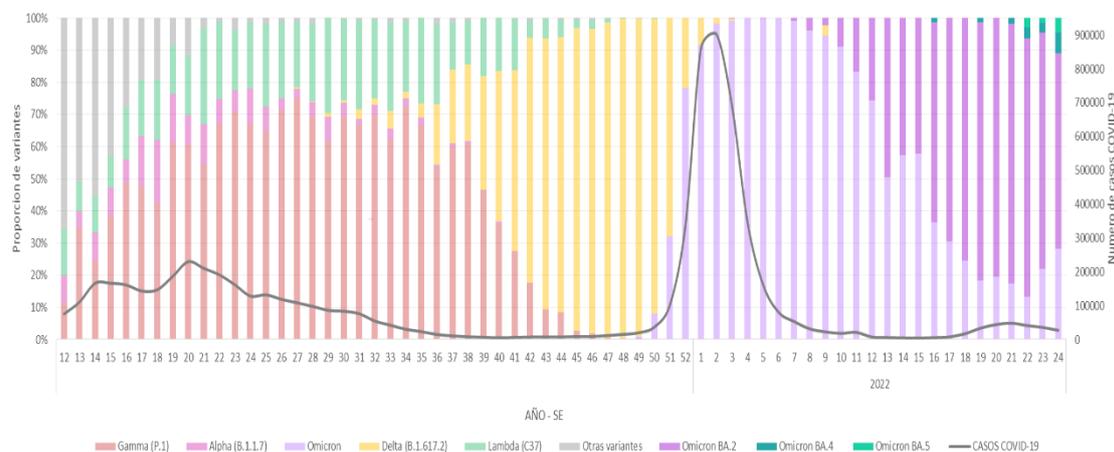
²⁹ Adicionalmente, se registran 3 casos compatibles con Omicron BA4/BA5 estudiados por secuenciación parcial del genoma viral, pendiente resultado definitivo de linaje.

³⁰ 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.

Variantes de SARS-CoV-2 en relación al número de casos y fallecidos de COVID-19.³¹

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, el mayor número de casos registrados se detecta en el periodo durante el cual predominan las variantes Gamma (P.1) en primer lugar, y 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. Como puede observarse en los gráficos 6 y 7 el mayor número de casos estuvo asociado a la variante Ómicron en la tercera ola. A partir de la SE3 y hasta la SE16 de 2022 se registra un descenso en los casos de COVID-19, la variante Ómicron continúa siendo predominante. Entre las SE16 y 21 el número de casos de COVID-19 comienza a ascender nuevamente, se registra la aparición y propagación del linaje Ómicron BA.2. Para las últimas 4 semanas del periodo analizado, se detectan casos de Omicron BA.4 y BA.5, los casos confirmados de COVID-19 se mantienen con una tendencia en descenso. Por otra parte, entre las SE48/2021 y SE03/2022 el número de fallecidos registra un incremento, aunque en mucha menor proporción y casos absolutos que en las olas anteriores.

Gráfico 4: Casos confirmados de COVID-19 y proporción de variantes de SARS-CoV-2 por semana epidemiológica. SE12/2021- SE24/2022. Total País. ³²

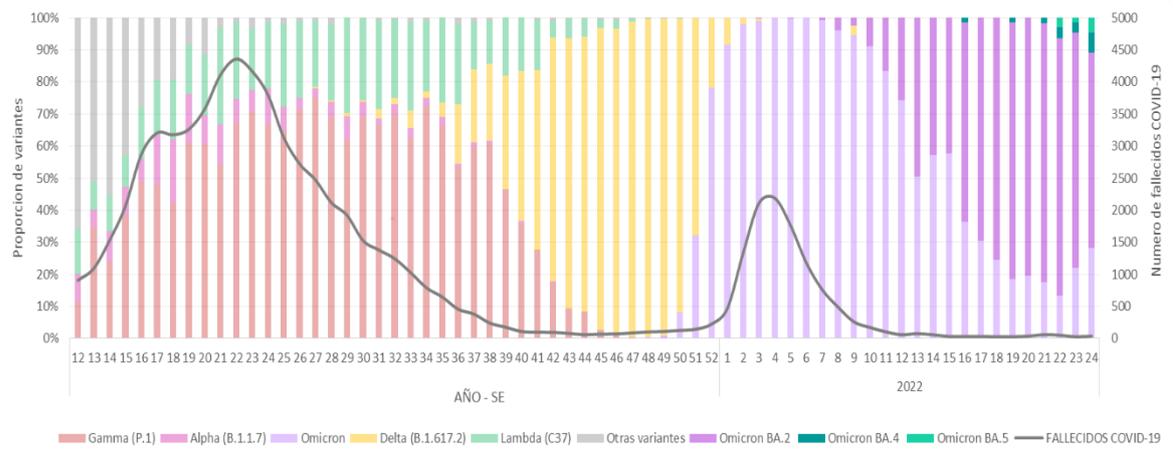


Fuente: Dirección Nacional de Epidemiología e Información estratégica - Sistema Nacional de Vigilancia de la Salud (SNVS)

³¹ Para el análisis del número de casos la semana epidemiológica se construye con la información de la fecha de inicio de síntomas, si esta no está presente con la fecha de consulta, la fecha de toma de muestra o la fecha de notificación del caso. y fallecidos de COVID-19 se considera la fecha de diagnóstico de los casos. Para el análisis de fallecidos se considera semana de fallecimiento. Para la identificación de variantes de SARS-CoV-2 se especifica la fecha de toma de muestra para secuenciación genómica o técnica molecular.

³² Los casos de variante Delta informados en SE09 son casos probables detectados por rt-PCR los cuales no fue posible obtener secuenciación de genoma completo.

Gráfico 5: Casos de COVID-19 fallecidos y proporción de variantes de SARS-CoV-2 por semana epidemiológica. SE12/2021- SE24/2022. Total País.



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

SITUACIÓN INTERNACIONAL

En las Tablas 1-4 se muestran las variantes de SARS-CoV-2 que circulan actualmente y circulantes anteriormente definidas por OMS al 6 de julio de 2022.

Tabla 1 – Características fenotípicas de la VOC Ómicron (Referencias al pie de tabla)

WHO	Ómicron (B.1.1.529)	Sublinajes de Ómicron			
		BA.1	BA.2	BA.4	BA.5
Transmisibilidad	Ventaja de crecimiento y transmisibilidad incrementada en comparación con Delta	Menor transmisibilidad en comparación con BA.2	Transmisibilidad incrementada en comparación con BA.1	Ventaja de crecimiento en comparación con BA.2	Ventaja de crecimiento sobre BA.2
Severidad de la enfermedad	Globalmente la evidencia sugiere menor severidad, aunque los resultados entre estudios son discordantes con estudios recientes que reportan similar o mayor severidad en comparación con Delta.	Sin diferencia en la severidad de la enfermedad en comparación con BA.2	Sin diferencia en la severidad de la enfermedad en comparación con BA.1	La evidencia disponible no sugiere una diferencia en la severidad de la enfermedad en comparación con BA.1	La evidencia disponible no sugiere una diferencia en la severidad de la enfermedad en comparación con BA.1
Riesgo de reinfección	Riesgo reducido de reinfección por Ómicron si previamente infectado con una variante diferente de SARS-CoV-2 en comparación con no infectados.	Riesgo reducido de reinfección por BA.1 posterior a una infección previa por BA.2	Riesgo reducido de reinfección por BA.2 posterior a una infección previa por BA.1	Sin datos disponibles	Sin datos disponibles
Impacto en el diagnóstico	Los ensayos de PCR que incluyen múltiples targets genéticos mantienen su precisión para detectar Ómicron, la falla en la detección del gen S (SGTF) puede ser un sustituto para la detección. No impacto en la sensibilidad de las pruebas rápidas de antígeno	Falla de la detección de gen S (SGTF)	La mayoría detección del gen S positiva	Falla de la detección de gen S (SGTF)	Falla de la detección de gen S (SGTF)

Información actualizada al 25 de mayo de 2022 - Bibliografía de referencia disponible en [Weekly epidemiological update on COVID-19 - 6 July 2022 \(who.int\)](#)

Gráfico 1 – Panel A y B: Número y porcentaje de secuencias de SARS-CoV-2 remitidas a GISAID desde el 1 de abril al 3 de julio de 2022.

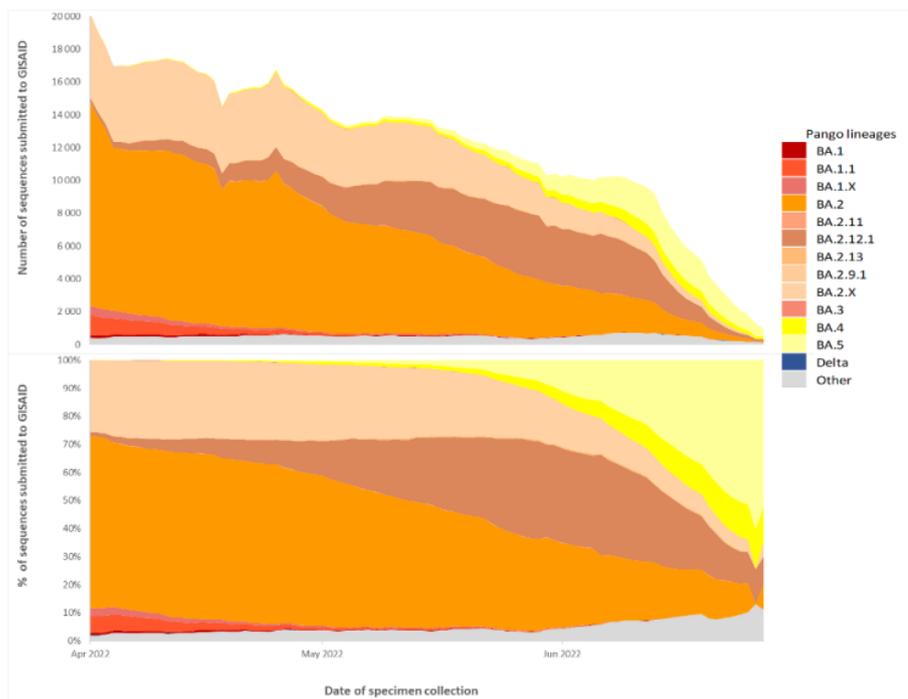


Figure 4 Panel A shows the number and **Panel B** the percentage of all circulating variants since 1 April 2022. Omicron sister-lineages and additional Omicron VOC descendent lineages under further monitoring (VOC-VUM) are shown. BA.1.X and BA.2.X include all BA.1 and BA.2 pooled descendent lineages, except those already shown in the figure above. Source: SARS-CoV-2 sequence data and metadata from GISAID, as of 3 July 2022.

Fuente: <https://www.who.int/publications/m/item/weekly-epidemiological-update-on-covid-19--6-july-2022>

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

Variante	Impacto en efectividad/ eficacia de las vacunas (Referencias al pie de tabla)	Impacto en la capacidad de neutralización por vacunas
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 (2), ↓↓ a ↓↓↓: Pfizer BioNTech-Comirnaty (5)</p> <p>Enfermedad sintomática: ↓↓ a ↓↓↓: Moderna-mRNA-1273 (2), ↓↓↓: AstraZeneca-Vaxzevria/ SII Covishield (1), Pfizer BioNTech-Comirnaty (3)</p> <p>Infección: ↓↓↓ AstraZeneca- Vaxzevria/ SII Covishield (1), Moderna-mRNA-1273 (3), Pfizer BioNTech-Comirnaty (3)</p>	<p>↓ a ↓↓: Beijing CNBG- BBIBP-CorV (4) ↓ a ↓↓↓: Janssen Ad26.COV 2.5 (4) ↓↓: Bharat-Covaxin (1), Gamaleya-Sputnik V (1) ↓↓↓: AstraZeneca- Vaxzevria/ SII Covishield (7), Moderna-mRNA-1273 (18), Pfizer BioNTech-Comirnaty (47) ↓↓ a ↓↓↓: Sinovac-CoronaVac (5)</p>
<p>Resumen de la evidencia de la EV frente a Alpha, Beta, Gamma y Delta: Información disponible en informes previos: Informes vigilancia genómica Argentina.gob.ar¹</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.

¹ Referencias: <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 - 11 January 2022 \(who.int\)](https://www.who.int/publications/m/item/weekly-epidemiological-update-on-covid-19-11-january-2022); <https://www.who.int/publications/m/item/weekly-epidemiological-update-on-covid-19---25-january-2022>; [Weekly epidemiological update on COVID-19 - 27 April 2022 \(who.int\)](https://www.who.int/publications/m/item/weekly-epidemiological-update-on-covid-19-27-april-2022)

² [Weekly epidemiological update on COVID-19 - 22 June 2022 \(who.int\)](https://www.who.int/publications/m/item/weekly-epidemiological-update-on-covid-19-22-june-2022)

Tabla 3 - En la siguiente tabla se muestran las VOC circulantes previamente al 6 de julio de 2022 según OMS.

WHO	Alpha	Beta	Gamma	Delta
CLADO NEXTSTRAIN	20I (V1)	20H (V2)	20J (V3)	21A, 21I, 21J
CLADO GISAID	GRY (GR/501Y.V1)	GH/501Y.V2	GR/501Y.V3	G/478K.V1
Linaje Pangolín	B.1.1.7	B.1.351	P.1	B.1.617.2
Detectada inicialmente	UK-Reino Unido	SA-Sudáfrica	Brasil	India
Muestra más antigua detectada	SEP 2020	MAY 2020	NOV 2020	OCT 2020

Tabla 4 - En la siguiente tabla se muestran las VOI circulantes previamente al 6 de julio de 2022 según OMS.

WHO	Lambda	Mu	Epsilon	Zeta	Eta	Theta	Iota	Kappa
CLADO NEXTSTRAIN	21G	21H	21C	20B/S.48 4K	21D	21E	21F	21B
CLADO GISAID	GR/452Q .V1	GH	GH/452R. V1	GR/484K. V2	G/484K.V 3	GR/1092 K.V1	GH/253G .V1	G/452R.V 3
Linaje Pangolín	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