

**COVID-19**

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

**SE30/2022**

**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 VOTO<sup>1</sup>  
ELSA BAUMEISTER<sup>2</sup>  
JOSEFINA CAMPOS<sup>3</sup>  
CARLOS GIOVACCHINI<sup>4</sup>

**EQUIPO TECNICO DE REGISTRO Y TRATAMIENTO DE DATOS:**

MARIA PIA BUYAYISQUI<sup>1</sup>  
ALEXIA ECHENIQUE<sup>1</sup>  
MERCEDES PAZ<sup>5</sup>  
DANIELA ALVAREZ<sup>5</sup>  
MARÍA BELEN MARKIEWICZ<sup>1</sup>  
GEORGINA MARTINO<sup>1</sup>  
MARIANA MAURIÑO<sup>1</sup>  
IGNACIO DI PINTO<sup>4</sup>  
EZEQUIEL TRAVIN<sup>4</sup>

---

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

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

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

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

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

## SITUACIÓN ACTUAL NUEVAS VARIANTES SARS-CoV-2

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.

A nivel mundial, del 13 de junio al 13 de julio de 2022, se reportaron a GISAID 200.845 secuencias de SARS-CoV-2. Entre las mismas, Omicron continua siendo la variante dominante que circula a nivel mundial, representando el 95,4 % (191.648) de las secuencias. El 4,4 % restante (8876) se encuentra aún pendiente la asignación de linaje y el 0,2 % (321) son Delta y linajes recombinantes.

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

## 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.

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.

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.<sup>6</sup>

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 relación a los linajes de Omicron, a la SE27, BA.2 representa el 2,61%, mientras que BA.2.12.1 representa el 4,51%, BA.4 representa el 10,57% y BA.5 representa el 53,59%. En comparación con los linajes de Omicron reportados a SE26, BA.2 disminuyó de 3,84% a 2,61 %, BA.2.12.1 disminuyó del 10,59 % al 4,51 %, BA.4 disminuyó del 13,21 % al 10,57 % mientras que BA.5 aumentó del 51,84% a 53,59%.<sup>7</sup>

BA.2 ha demostrado una ventaja de crecimiento en comparación con BA.1.<sup>8</sup> Para BA.2.12.1, BA.4 y BA.5 se estimó un ritmo de crecimiento más rápido en relación a BA.2.<sup>9,10</sup>

<sup>6</sup> Disponible en: [Tracking SARS-CoV-2 variants \(who.int\)](https://www.who.int/publications/m/item/weekly-epidemiological-update-on-covid-19---20-july-2022)

<sup>7</sup> <https://www.who.int/publications/m/item/weekly-epidemiological-update-on-covid-19---20-july-2022>

<sup>8</sup> [https://assets.publishing.service.gov.uk/government/uploads/system/uploads/attachment\\_data/file/1063424/Tech-Briefing-39-25March2022\\_FINAL.pdf](https://assets.publishing.service.gov.uk/government/uploads/system/uploads/attachment_data/file/1063424/Tech-Briefing-39-25March2022_FINAL.pdf)

<sup>9</sup> [https://assets.publishing.service.gov.uk/government/uploads/system/uploads/attachment\\_data/file/1086494/Technical-Briefing-43-28.06.22.pdf](https://assets.publishing.service.gov.uk/government/uploads/system/uploads/attachment_data/file/1086494/Technical-Briefing-43-28.06.22.pdf)

<sup>10</sup> [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.<sup>11</sup>

## 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.<sup>20</sup>

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.<sup>21,22</sup>

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).<sup>23</sup>

Según los datos registrados en GISAID al 18 de julio de 2022, BA.5 se ha informado en 100 países y continúa relacionándose con un aumento de casos y un incremento resultante en las hospitalizaciones y admisiones en la UCI.

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.<sup>12, 13, 14</sup>

El sublinaje BA.2.75 es una variante bajo monitoreo cuyas secuencias más tempranas fueron reportadas desde mayo de 2022. BA.2.75 tiene nueve mutaciones en la proteína S en comparación con BA.2. Aun no hay evidencia de la medida en que estas mutaciones impactan en la transmisibilidad y gravedad de la enfermedad en comparación con otros linajes circulantes. Al 18 de julio, 250 secuencias de BA.2.75 de 15 países han sido reportadas en GISAID.

<sup>11</sup> [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://europea.europa.eu/implications-of-the-emergence-and-spread-of-the-sars-cov-2-variants-of-concern-ba.4-and-ba.5-for-the-eu/eea)

<sup>12</sup> [Weekly epidemiological update on COVID-19 - 18 May 2022 \(who.int\)](https://www.who.int/news/2022/05/18-covid-19-variant-ba.5)

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

<sup>14</sup> [Weekly epidemiological update on COVID-19 - 8 June 2022 \(who.int\)](https://www.who.int/news/2022/06/08-covid-19-variant-ba.5)

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 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.<sup>15</sup>

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.<sup>16, 17</sup>

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.<sup>18</sup> 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.<sup>19</sup>

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).<sup>20</sup>

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.<sup>9</sup>

<sup>15</sup> [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 \(paho.org\)](#)

<sup>16</sup> 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>

<sup>17</sup> 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>

<sup>18</sup> 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).

<sup>19</sup> 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

<sup>20</sup> 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 Bertolini, Laith J. Abu-Raddad medRxiv 2022.02.24.22271440; doi: <https://doi.org/10.1101/2022.02.24.22271440>

<sup>20</sup> [Enhancing response to Omicron SARS-CoV-2 variant \(who.int\)](#)

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

<sup>22</sup> [SARS-CoV-2 variants of concern and variants under investigation \(publishing.service.gov.uk\)](#)

<sup>23</sup> 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 ARGENTINA<sup>21</sup>

### Resumen:

#### Información nacional destacada de la SE 27/2022

- La situación actual de variantes de SARS-CoV-2 en Argentina se caracteriza por una circulación exclusiva de la variante Ómicron.
- La proporción de Ómicron se sitúa en un 100% según la información registrada en el SNVS<sup>2.0</sup> para el total país, entre las muestras analizadas por secuenciación genómica.
- Entre los casos de Ómicron notificados con identificación de linaje, el porcentaje de BA.4 y BA.5 alcanza el 56.3% mientras que para BA.2 es del 28.2%.

En términos acumulados, desde el 1 de enero del 2021 hasta el 25 de julio de 2022, se han analizado y notificado al Sistema Nacional de Vigilancia de la Salud 28175 muestras para la identificación de variantes de SARS-CoV-2, de las cuales 16682 fueron estudiadas por secuenciación genómica y 11493 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.

---

<sup>21</sup> 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<sup>22,23</sup>**

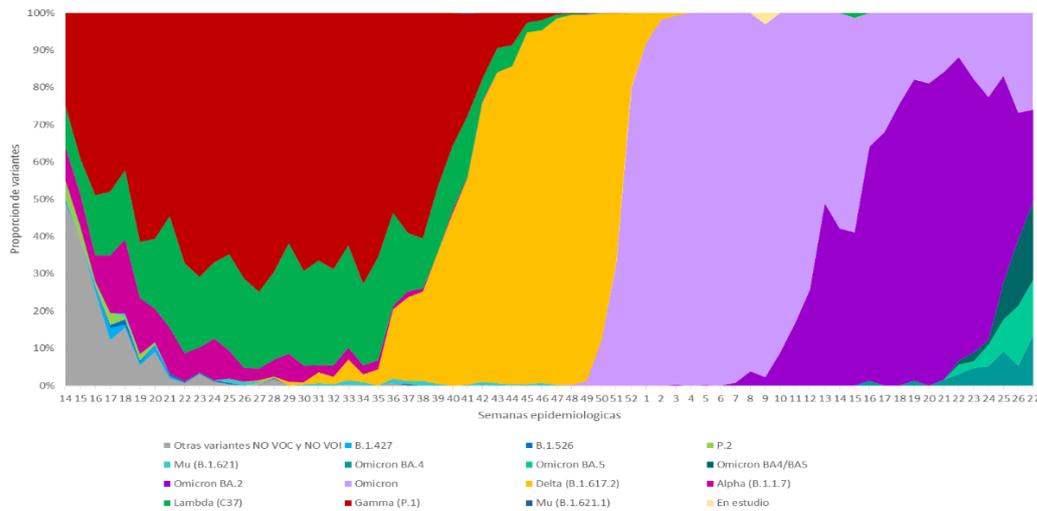
En cuanto al comportamiento temporal durante el periodo analizado puede observarse que la detección de la VOC Ómicron representa el 100% de las muestras analizadas, tanto en la semana 25 como en la SE27.

Entre los diferentes linajes de esta variante, se observa que BA.4 y BA.5 se encuentran en ascenso en las últimas 3 semanas epidemiológicas, mientras que la proporción de BA.2 disminuye.

Entre la SE25 y SE27 la proporción de BA.4 aumenta de 9.2% a 13.6% (y a 15.5% si se consideran solo las muestras con identificación de linaje), BA.5 se incrementa de 8.5% a 14.8% (y a 16.9% si se consideran solo las muestras con identificación de linaje), y Ómicron compatible con BA.4/BA.5 aumenta de 10% a 20.9% (y a 23.9% si se consideran solo las muestras con identificación de linaje). La proporción de BA.2 desciende de 55.4% a 24.7% (y a 28.2% si se consideran solo las muestras con identificación de linaje).

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- SE27/2022. Total país.<sup>24, 25, 26</sup>**



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

<sup>22</sup> Sujeto a modificaciones por la actualización de los antecedentes epidemiológicos de los casos.

<sup>23</sup> Debido a los tiempos que conlleva el envío de las muestras para secuenciación, la labor de la técnica de secuenciación genómica hasta la obtención de resultados y el registro de los mismos al SNVS.2.0 el número de casos incorporados en las últimas semanas es aún escaso. Esto debe considerarse en la interpretación de este informe.

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

<sup>25</sup> 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.

<sup>26</sup> -Entre los casos de Ómicron, se detectan 5 casos de Ómicron compatible con XQ (linaje recombinante BA.1.1 y BA.2) y 2 Ómicron compatible con XT (linaje recombinante BA.1 y BA.2) confirmados por secuenciación completa.

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

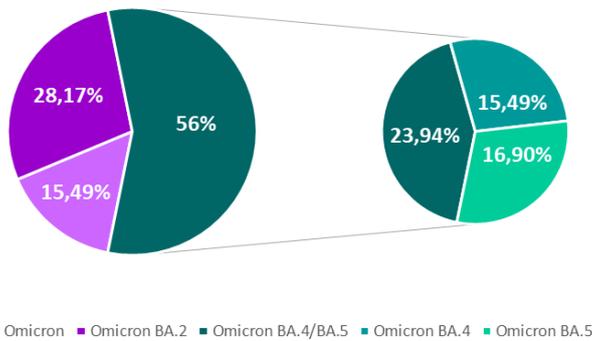
-Entre los casos de Ómicron BA.2, se informan al SNVS.2.0 112 casos con resultado Ómicron BA.2.12.1 (66 estudiados por secuenciación completa o parcial y 46 probables por rt-PCR) y 3 casos de BA.2.9.1 detectados por secuenciación genómica completa o parcial.

**Tabla 1: Proporción de muestras según linaje y semana epidemiológica de toma de muestra en no viajeros. SE12/2022- SE27/2022. Total país.**

Linaje / SE	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27
Lambda (C37)	0,0%	0,0%	0,0%	1,4%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%
Omicron	74,3%	51,1%	57,8%	57,5%	35,9%	32,0%	24,5%	17,9%	18,9%	15,9%	11,9%	17,8%	22,6%	16,9%	26,8%	25,9%
Omicron BA.2	25,7%	48,9%	42,2%	41,1%	62,8%	68,0%	75,5%	80,8%	81,1%	82,5%	81,4%	73,4%	65,2%	55,4%	33,9%	24,7%
Omicron BA.4	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	1,3%	0,0%	0,0%	1,3%	0,0%	1,6%	3,1%	4,7%	5,2%	9,2%	5,4%	13,6%
Omicron BA.5	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	2,6%	1,8%	5,8%	8,5%	16,1%	14,8%
Omicron BA.4/BA.5	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	1,0%	2,4%	1,3%	10,0%	17,9%	21,0%	

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

**Gráfico 2: Distribución relativa de linajes de Ómicron identificados en SE27 de 2022.**



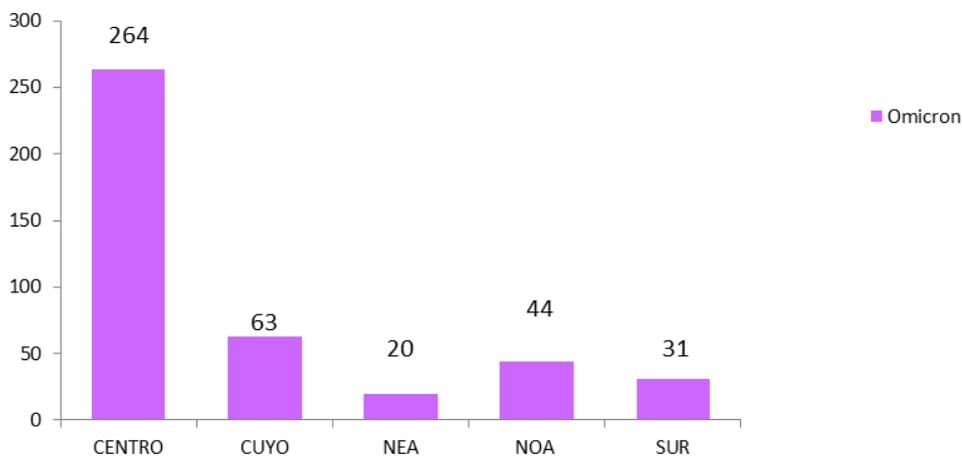
➤ Para la SE27, se registran datos aportados por las siguientes Jurisdicciones: Buenos Aires, CABA, Chaco, Corrientes, Mendoza y Tucumán.

Sistema Nacional de Vigilancia de la Salud (SNVS)

Fuente: Dirección Nacional de Epidemiología e Información estratégica -

Entre las SE24–SE27 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 3: Distribución absoluta de muestras correspondientes a variantes prioritarias y no prioritarias en no viajeros por Región del País. Periodo analizado SE24/2022-SE27/2022. n= 422**



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 relacionado con la importación, se analizaron 1405 muestras para detección de variantes de SARS-CoV-2. Entre los casos estudiados en las últimas 4 semanas hasta el 25/07 de 2022 la variante Ómicron es predominante.

En relación a los linajes de Ómicron, fueron registrados al SNVS.<sup>2.0</sup> 63 casos de BA.2, 1 caso de BA.4, 4 casos de BA.5 y 2 de Ómicron compatible con BA.4/BA.5 en viajeros provenientes de Brasil, Uruguay, Chile, Colombia, República Dominicana, Cuba, México, Estados Unidos, Suiza, España, Italia, Inglaterra, Alemania, Turquía y Egipto.

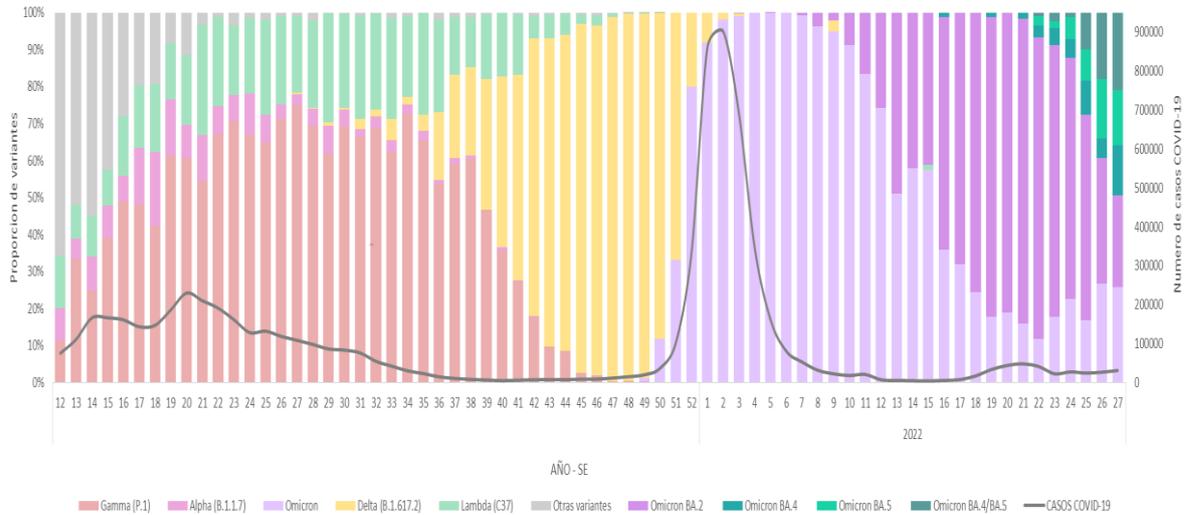
### *Variantes de SARS-CoV-2 en relación al número de casos y fallecidos de COVID-19.<sup>27</sup>*

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. En las últimas tres semanas del periodo analizado, los linajes BA.4 y BA.5 se encuentran en ascenso, los casos de COVID-19 registran un incremento del 9% entre las semana 26 y 25 y de 17% entre la 27 y 26. 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.

---

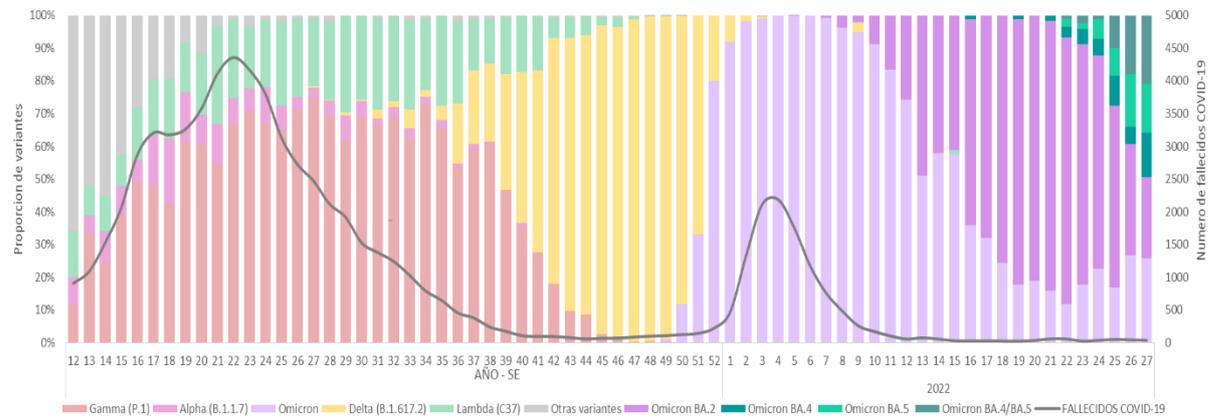
<sup>27</sup> Para el análisis del número de casos la semana epidemiológica se construye con la información de la fecha de inicio de síntomas, si esta no está presente con la fecha de consulta, la fecha de toma de muestra o la fecha de notificación del caso. y fallecidos de COVID-19 se considera la fecha 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.

**Gráfico 4: Casos confirmados de COVID-19 y proporción de variantes de SARS-CoV-2 por semana epidemiológica. SE12/2021- SE27/2022. Total País. <sup>28</sup>**



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

**Gráfico 5: Casos de COVID-19 fallecidos y proporción de variantes de SARS-CoV-2 por semana epidemiológica. SE12/2021- SE27/2022. Total País.**



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

<sup>28</sup> 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.

## SITUACIÓN INTERNACIONAL

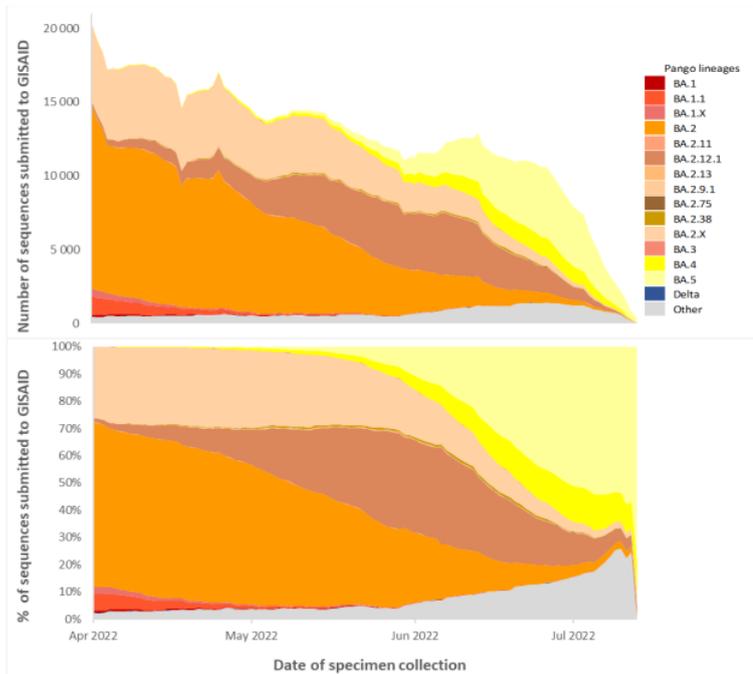
En las Tablas 1-3 se muestran las variantes de SARS-CoV-2 que circulan actualmente y circulantes anteriormente definidas por OMS al 20 de julio de 2022.

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

WHO	Ómicron (B.1.1.529)	Linajes de Ómicron			
		BA.1	BA.2	BA.4	BA.5
<b>Transmisibilidad</b>	Ventaja de crecimiento y transmisibilidad incrementada en comparación con Delta	Menor ventaja de crecimiento en comparación con BA.2, BA.4 y BA.5	Menor ventaja de crecimiento en comparación con BA.4 y BA.5	Ventaja de crecimiento en comparación con BA.2	Ventaja de crecimiento en comparación con BA.4
<b>Severidad de la enfermedad</b>	Globalmente la evidencia sugiere menor severidad, aunque los resultados entre algunos estudios son discordantes con estudios recientes que reportan similar o menor severidad en comparación con Delta.	Sin diferencia en la severidad de la enfermedad en comparación con BA.2, BA.4 y BA.5	Sin diferencia en la severidad de la enfermedad en comparación con BA.4 y BA.5	La evidencia disponible no sugiere una diferencia en la severidad de la enfermedad en comparación con BA.2 y BA.5	La evidencia disponible no sugiere una diferencia en la severidad de la enfermedad en comparación con BA.2 y BA.4
<b>Riesgo de reinfección</b>	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	Protección frente a la infección posterior a una infección previa con BA.2	Protección frente a la infección posterior a una infección previa con BA.2
<b>Impacto en el diagnóstico</b>	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 20 de julio de 2022 - Bibliografía de referencia disponible en <https://www.who.int/publications/m/item/weekly-epidemiological-update-on-covid-19---20-july-2022>

**Gráfico 1 – Panel A y B: Número y porcentaje de secuencias de SARS-CoV-2 remitidas a GISAID desde el 1 de abril al 18 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 18 July 2022.

Fuente: <https://www.who.int/publications/m/item/weekly-epidemiological-update-on-covid-19---20-july-2022>

**Tabla 2 - En la siguiente tabla se muestran las VOC circulantes previamente al 20 de julio de 2022 según OMS.**

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

**Tabla 3 - En la siguiente tabla se muestran las VOI circulantes previamente al 20 de julio de 2022 según OMS.**

WHO	Lambda	Mu	Epsilon	Zeta	Eta	Theta	Iota	Kappa
CLADO NEXTST RAIN	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

*primero  
la gente*



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