

Reporte N°27: Vigilancia activa de variantes de SARS-CoV-2 en la CABA, provincias de Buenos Aires, Chaco, Entre Ríos, Córdoba, Neuquén y Santa Fe. Análisis genómico de casos de variante Delta en la Argentina.

Actualización al 24/09/2021.

RESUMEN

Con el objetivo de estudiar las variantes circulantes del virus SARS-CoV-2 en el período comprendido entre el 21/05/21 y el 13/09/21, se analizaron un total de 1318 muestras. De las cuales, 528 correspondieron a casos de la CABA, Gran Buenos Aires y alrededores y Gran La Plata, 200 de provincia de Buenos Aires (no AMBA), 21 de provincia de Chaco, 26 de Entre Ríos, 117 de Neuquén, 15 de Córdoba y 309 de Santa Fe. Todas estas muestras estudiadas corresponden a individuos sin antecedente de viaje al exterior o contacto estrecho con viajeros. Además, de las 1318 muestras, 48 correspondieron a casos especiales (nexo con viajero, estudio de brotes, y confirmación de casos detectados por la técnica de PCR en tiempo real específica para variantes). En 134 casos se realizó la secuenciación completa del genoma del SARS-CoV-2.

En total, se identificó la variante Alpha (linaje B.1.1.7, Reino Unido) en 54 casos. La variante Gamma (linaje P.1, Manaos) en un total de 879 casos, de los cuales 853 corresponden a casos de circulación comunitaria. La variante Lambda (linaje C.37, Andina) en 323 casos, de éstos, 294 corresponden a circulación comunitaria. Se identificó la variante Delta (linaje B.1.617.2, India) en un total de 55 casos, de los cuales 15 corresponden a casos sin nexo epidemiológico conocido. Se identificó la variante Mu (linaje B.1.621, Colombia) en dos casos, ambos sin nexo epidemiológico conocido.

Además, se realizó un muestreo dirigido a la población de personal de salud vacunada de la CABA y GBA (n=48) donde se detectaron 23 casos de la variante Gamma y 24 casos de la variante Lambda.

En este reporte, se encontró que la frecuencia de detección de la variante Delta alcanzó el 9,7% (en el GBA) y el 13,5% (en la CABA) en las últimas semanas epidemiológicas analizadas (principios de septiembre). Estos resultados están en consonancia con la situación epidemiológica regional, hasta el momento caracterizada por un incremento de la frecuencia de detección de la variante Delta en simultáneo con el reporte de un número de casos estable o a la baja, tanto en Argentina como en otros países de la región.

Por otro lado, se estudiaron brotes de casos de Delta provenientes de la provincia de Córdoba y de la CABA. Mediante análisis genómicos y evolutivos se determinó que los casos de variante Delta en la provincia de Córdoba pertenecen a la misma cadena de transmisión a pesar de que no se encontró nexo en algunos casos por investigación epidemiológica, lo que indica que los brotes estarían conectados por casos asintomáticos y circulación viral críptica. En forma similar, el brote de la CABA -vinculado con una institución- se asoció con un caso previo sin nexo epidemiológico con el brote ni con viajes internacionales, lo que sugiere una cadena de transmisión común dentro de la CABA establecida al menos, desde principios de agosto.

A la fecha, sobre un total de 4405 muestras analizadas a través de la vigilancia activa por secuenciación de Spike o de genoma completo, las variantes más frecuentemente detectadas en nuestro país fueron la Gamma (linaje P.1, Manaos) en 1865 casos, seguida de la Lambda (linaje C.37, Andina) en 984 casos, la variante Alpha en 306 casos, la variante Delta en 55 casos y la variante Mu en tres casos. Asimismo, se detectaron 190 casos con otras mutaciones de interés: 144 presentaron exclusivamente la mutación S_E484K, 33 presentaron la mutación S_L452R, y 13 muestras presentaron combinación de otras mutaciones. Todas ellas sin estar asociadas a la constelación de mutaciones de alguna VOC. Finalmente, en un total de 1002 casos se detectaron variantes sin mutaciones de interés asociadas a VOI/VOC.

Contexto epidemiológico

En los últimos meses, la variante de preocupación (VOC) Delta se ha propagado a múltiples países, causando nuevas olas de infecciones en todo el mundo. Si bien Latinoamérica es la región de menor prevalencia de Delta hasta el momento, esta variante se ha detectado en todos los países de la región y en muchos de ellos con casos de transmisión local. Los últimos datos de países limítrofes indican que Delta es dominante en Brasil y en Chile, y que se ha verificado circulación comunitaria en Uruguay y Paraguay. A nivel general, los últimos reportes de mediados de setiembre -algunos con datos preliminares- indican que la variante Delta se encuentra en “baja circulación” en Uruguay (1), y se asociaría a nuevas infecciones con frecuencia del 11.5% en Paraguay (2), 61% en Chile para la SE36 (3) y 74.5% en Brasil para la SE35 (4). En este último, es importante destacar que la frecuencia en los estados de sudeste del país asciende al 85% para la SE35.

Para una revisión detallada sobre las “Características biológicas de las variantes de SARS-CoV-2 de interés epidemiológico y su impacto sobre la eficacia y la efectividad vacunal”, remitirse a <https://doi.org/10.1590/SciELOPreprints.2886> (<http://pais.qb.fcen.uba.ar/reports.php>).

Con el **objetivo** de continuar con la vigilancia activa de estas variantes, el Consorcio Argentino de Genómica de SARS-CoV-2, a través de los nodos de secuenciación del Laboratorio de Virología del Hospital de Niños Ricardo Gutiérrez (HNRG) (CABA), del Laboratorio UGB-INTA (Castelar, PBA), del Laboratorio IACA (Bahía Blanca, PBA), del Laboratorio Central de Neuquén (Pcia. de Nqn), del Laboratorio del IPAVE-CIAP-INTA (Pcia. de Córdoba), del Laboratorio del IDICaL del INTA-CONICET (Rafaela, Pcia. de Santa Fe), de los laboratorios CIBIC y Mixto de Biotecnología Acuática (UNR) de Rosario (Pcia. de Santa Fe) y del IMR de Resistencia (Pcia. de Chaco) se realizó la **secuenciación parcial del gen que codifica para la proteína Spike de SARS-CoV-2 en 1318 muestras y la secuenciación del genoma completo en 134 muestras obtenidas entre el 21/05/21 y el 13/09/21 de individuos residentes en la CABA, PBA, Neuquén, Entre Ríos, Chaco, Córdoba y Santa Fe.** Todos los casos corresponden a personas sin antecedente de viaje al exterior o contacto estrecho con viajeros. Además, 48 casos correspondieron a selecciones especiales (nexo con viajero, estudio de brotes, y confirmación de casos detectados por la técnica de real time específica para variantes). Así como, se realizó un muestreo dirigido a la población de personal de salud vacunada de la CABA y GBA (n=48).

Asimismo, se profundizó el estudio de casos asociados con variante Delta en Argentina y para ello se realizó la secuenciación y análisis evolutivos del genoma completo de 16 muestras provenientes de la CABA y cinco del GBA sin antecedente de viaje al exterior o contacto estrecho con viajeros, dos muestras de Santa Fe con antecedente de viaje al exterior, una de Mendoza de un transportista proveniente de Brasil y diez muestras de individuos de la provincia de Córdoba (uno con antecedente de viaje al exterior, cinco de sus contactos estrechos y otros cuatro casos aislados sin nexo directo con el caso índice).

Muestreo:

En todos los casos en donde se analizó la frecuencia de variantes en circulación comunitaria (correspondiente a personas sin antecedente de viaje al exterior o contacto estrecho con

viajeros), el muestreo se basó en el estudio de distintos centros de salud centinela de distintas regiones del país, seleccionando entre el 10-70% del total de los casos positivos detectados la semana previa. Este elevado porcentaje de casos positivos analizados se ha dado en las últimas semanas epidemiológicas informadas en este reporte, debido a la baja positividad que se viene registrando en forma sostenida en las distintas regiones estudiadas.

En ciertas localidades/provincias la vigilancia se realiza semanal o quincenalmente a través de laboratorios centinelas que participan del proyecto PAIS, como es el caso de la CABA; GBA; localidades de la PBA: Bahía Blanca, La Plata, General Pueyrredón; provincia de Santa Fe y provincia de Neuquén. Y en otras se estudian estados de situación epidemiológica en determinados momentos como es el caso de localidades de la provincia de Chaco, de la provincia de Córdoba, y de la provincia de Entre Ríos.

Los casos de muestreos dirigidos se corresponden con estudios de brotes en instituciones, y parte de un estudio de personal de salud vacunado de la CABA y PBA (que se realiza con los Hospitales Elizalde, Ferrer y Durand) en la que se analiza la variante que está produciendo la infección en los individuos vacunados.

Análisis genómico de la variante Delta:

Para el caso del análisis genómico de la variante Delta se analizaron situaciones particulares asociadas a brotes institucionales (CABA), o en conglomerados (Córdoba), antecedente de viaje al exterior con potencial transmisión en evento social (Mendoza y Santa Fe), y casos detectados sin nexo epidemiológico conocido (CABA, y GBA).

Caso: brote Delta en Córdoba:

En la provincia de Córdoba el primer caso de variante Delta se detectó el 24 de julio en un viajero procedente de Perú a partir del cual se originó el primer brote de magnitud en nuestro país. El caso índice ingresó a la provincia el día 19 de julio y el día 20 tomó contacto con tres integrantes de su familia a partir de los cuales se produjo la propagación del virus a sus familiares directos, y de estos a sus contactos estrechos (CE). A partir de ese momento, se montaron operativos de testeo, de los que se estudiaron 944 casos, y se confirmaron 35 asociados a la VOC Delta. De éstos, 31 correspondieron a familiares y el resto a contactos estrechos no convivientes. De estas muestras, se obtuvo el genoma completo del caso índice, 2 CE familiares (27/7/2021), y 3 CE no convivientes (11-19/8/2021).

Paralelamente, en el marco de la vigilancia clínica a demanda de VOC (estudio de personas con COVID-19 moderado/grave vacunadas con esquema completo, embarazadas, o con COVID-19 severo sin comorbilidad), se detectaron 4 muestras [2 de Córdoba Capital (24 y 27/8/2021) y 2 de Deán Funes (14 y 17/8/2021) sin nexo epidemiológico] compatibles con VOC Delta por RT-PCR en tiempo real, que fueron confirmadas mediante secuenciación del genoma completo.

Caso: brote Delta en institución educativa en la CABA:

En la semana del 5/9/21, se detectaron a través del Laboratorio del Hospital Elizalde cinco muestras positivas para SARS-CoV-2 pertenecientes a una misma institución educativa de la ciudad de Buenos Aires. En tal sentido, las muestras respectivas fueron remitidas al

laboratorio de virología del HNRG para ser secuenciados por la estrategia de secuenciación parcial de *Spike*.

De acuerdo con la investigación epidemiológica y en forma preliminar, se pudo determinar que durante el fin de semana del 28/8/21 dos integrantes de la comunidad educativa asistieron a sendos eventos extraescolares. Cabe destacar, que, si bien se reportaron casos durante la semana anterior en la misma institución, los mismos pertenecían al nivel secundario no pudiéndose identificar hasta el momento nexos epidemiológicos con los casos secuenciados. Por otra parte, tampoco se pudo rescatar las muestras para su secuenciación. Los casos secuenciados fueron confirmados para la variante Delta. En ese análisis además de la constelación de mutaciones característica de la variante Delta en la región secuenciada, se detectó una mutación sinónima (2049 G>A) que compartían todos los casos analizados, apoyando la hipótesis de que podrían tener un origen en común. En la semana posterior se sumaron otros seis casos que fueron también confirmados por secuenciación de *Spike* con la variante Delta y la misma mutación marcadora. Con el objetivo de analizar las relaciones evolutivas, se obtuvo el genoma completo de tres de ellos los que fueron cotejados con muestras secuenciadas anterior y posteriormente al brote (sin nexos con el mismo) por el proyecto PAIS.

Por otro lado, se obtuvieron genomas completos en un total de 13 casos de muestras de la CABA y cinco muestras del GBA (una Lanús, 3 Hurlingham y una Tres de Febrero) que habían sido confirmadas como Delta por secuenciación parcial y que no tenían nexos epidemiológicos conocidos. Respecto de los tres casos de Hurlingham analizados, la investigación epidemiológica realizada muestra que no tendrían nexos entre sí. Además, se secuenció la muestra de un transportista proveniente del sur de Brasil que en su viaje pasando por Mendoza fue diagnosticado como positivo para SARS-CoV-2 y sospechado de tener la variante Delta a través de la real time específica para variantes realizada en dicha provincia.

A su vez se obtuvieron los genomas de dos casos de Santo Tomé, Santa Fe provenientes de dos individuos con antecedente de viaje a exterior (USA).

Aclaración: en todos los casos, cuando se detectó alguna variante que revistiera importancia epidemiológica se avisó inmediatamente a las autoridades sanitarias correspondientes y todos los casos se cargaron al SNVS.

RESULTADOS:

Se analizó la presencia de variantes y mutaciones de relevancia epidemiológica en un total de 1184 muestras de individuos residentes en la CABA, PBA, Neuquén, Entre Ríos, Chaco, Córdoba y Santa Fe, mediante el análisis de la región de SARS-CoV-2 que codifica para la proteína *Spike* (codones 428 a 750) y del genoma completo en 134 muestras (Tabla 1). En todos los casos asociados a variantes de preocupación se informó a las autoridades sanitarias pertinentes quienes llevaron adelante las investigaciones epidemiológicas para determinar su origen y/o posible nexo epidemiológico, así como fueron notificadas al SNVS.

En la tabla 1 se muestra el resumen del número total de casos de variantes VOC, VOI y de mutaciones de interés analizadas e informadas en este reporte, discriminados por región (con sus localidades) y periodo analizado.

Cabe destacar que a pesar de que para algunas regiones se cuenta con un número de muestras limitado, ante la caída sostenida del porcentaje de positividad y ante al aumento del porcentaje de casos positivos secuenciados, la situación actual de circulación de variantes puede ser descripta en forma apropiada.

Respecto de las regiones analizadas en forma semanal en las tablas 2-6 y figuras 1-11 se muestra el número de casos reportados por semana epidemiológica 2020-2021 desde el inicio de la vigilancia molecular de variantes de SARS-CoV-2 por el proyecto PAIS, las frecuencias de las variantes de SARS-CoV-2 y secuencias con o sin mutaciones de interés por semana epidemiológica.

Principales observaciones

Para el caso de las regiones/localidades que se vigilan semanalmente:

- En CABA se observó predominancia de variante Gamma (51,9%), seguida por Lambda (34,6%) y por Delta (13,5%) en las últimas semanas analizadas (SE 35-SE 36, 29 de agosto a 11 de septiembre). Se detectó la presencia de la variante de interés (VOI) Mu en SE 27-28 y en SE 33- SE 34 en forma minoritaria.
- En el GBA se observó predominancia de variante Gamma (54,8%), seguida por Lambda (29,0%) y por Delta (9,7%) en las SE 35-SE 36. La variante Delta se detectó desde SE 33 en el GBA Oeste (partido de Hurlingham) y a la SE 36 en otros partidos del GBA Oeste (Tres de Febrero) y GBA Norte (Vicente López).
- En la provincia de Santa Fe, la variante Gamma se tornó predominante desde la SE 13 y así permaneció hasta las últimas semanas analizadas (SE 31- SE 32), con una frecuencia de 68,1%. A su vez, la variante Lambda mostró un incremento desde las SE 27-SE 28 hasta alcanzar una frecuencia de 31,9% en SE 31-SE 32 (primera quincena de agosto).
- En la provincia de Neuquén, la variante Gamma representó el 95,5% de las muestras en las SE 35- SE 36.
- En la ciudad de Bahía Blanca, la variante Lambda fue la más prevalente (42,9%), seguida por una distribución similar de Alpha (28,6%) y Gamma (28,6%) en las últimas semanas analizadas (SE 35- SE 36).

Para el caso de las localidades/regiones que se vigilaron en forma esporádica (localidades de la PBA, Córdoba, Chaco y Entre Ríos), la Tabla 1 muestra las variantes/mutaciones de interés por fecha y localidad detectadas en el periodo analizado.

En ninguna de las 1318 secuencias de SARS-CoV-2 analizadas se observó la combinación de mutaciones característica de la variante Beta (linaje B.1.351, Sudáfrica).

Análisis genómico de variante Delta de CABA, GBA, Córdoba y Santa Fe (Figura 12):

Casos del brote en Córdoba

- Todas las secuencias analizadas de la provincia de Córdoba pertenecen al linaje derivado AY.20 y formaron un grupo monofilético de alto soporte, indicativo de una **única introducción viral con posterior propagación** en la ciudad de Córdoba y la localidad de Deán Funes.
- Este grupo presentó dos marcadores moleculares: la mutación A24160T en la región que codifica para la proteína *Spike* (cambio no sinónimo en S:V1104L) y C28054T en la región que codifica para la proteína NS8 (cambio no sinónimo en NS8:S54L). A su vez se observó un grupo interno de alto soporte formado por las dos secuencias de la ciudad de Córdoba más recientes (individuos con nexo epidemiológico), que presentó dos marcadores moleculares más: la mutación A1072G (cambio sinónimo en ORF 1a/1ab) y G8936T (cambio no sinónimo A2891S en ORF1a/1ab).

Casos del brote institución educativa en CABA

- Las tres secuencias analizadas a partir de individuos asociados al brote en institución educativa de la CABA formaron un grupo monofilético de alto soporte junto a una secuencia proveniente de un individuo residente de la CABA sin nexo epidemiológico con el brote ni con viajes internacionales, indicativo de una **cadena de transmisión común con virus circulante en la CABA al menos un mes antes de las detecciones en el contexto del brote institucional**.
- Las secuencias de este grupo pertenecen al linaje derivado AY.25 y se asociaron con muestras del mes de julio de los Estados Unidos, lo que sugiere una introducción viral desde aquel país.
- Este grupo presentó tres marcadores moleculares: la mutación C10228T (cambio sinónimo en ORF1a/1ab), G23611A (cambio sinónimo en la posición 2049 del gen S o 683 de la *Spike*) y A27862G (cambio no sinónimo D36G en ORF7b).

Casos de Santa Fe

- Las dos secuencias analizadas a partir de individuos con nexo epidemiológico formaron un grupo monofilético de alto soporte, indicativo de una cadena de transmisión común. Con la información disponible hasta el momento, estas secuencias presentaron seis marcadores moleculares, entre los que se destacan G21586T (cambio no sinónimo S:L8F en *Spike*) y C28236T (cambio no sinónimo R115C en ORF8).

Otros casos de Delta no asociados a brotes

- Para los casos de la CABA y PBA no relacionados al brote institucional (17 casos totales), se observaron al menos cinco introducciones independientes de variante Delta, con relaciones filogenéticas cercanas a secuencias de países de Europa y de los Estados Unidos.
- Siete secuencias de la CABA y la PBA se encontraron cercanamente relacionadas, pero sin mostrar evidencias concluyentes de pertenecer a la misma cadena de transmisión, mientras que dos secuencias formaron un grupo monofilético y se encuentra bajo investigación si se trata de casos con nexo epidemiológico entre sí.
- La secuencia de variante Delta de un transportista proveniente de Brasil detectado en la provincia de Mendoza se asoció con una secuencia de una muestra de junio pasado del estado de Paraná, Brasil.

CONCLUSIONES

La segunda ola de la COVID-19 en Argentina ha estado impulsada principalmente por las variantes Gamma y Lambda. De acuerdo con los resultados presentados en este reporte, ambas variantes se asociaron en el último período con la mayoría de las nuevas infecciones en la CABA y en las provincias de Buenos Aires, Santa Fe, Córdoba, Chaco, Entre Ríos y Neuquén.

En nuestro país, la variante Delta ha sido detectada en casos sin nexo epidemiológico con viajes internacionales en regiones puntuales, en forma esporádica, durante julio y agosto. En este reporte, se encontró que la frecuencia de detección de esta variante alcanzó el 9,7% (GBA) y 13,5% (CABA) en las últimas semanas analizadas (principios de septiembre). Además, se detectó la presencia de la variante Mu en dos casos.

Estos resultados están en consonancia con la situación epidemiológica regional, hasta el momento caracterizada por un incremento de la frecuencia de detección de la variante Delta en simultáneo con el reporte de un número de casos estable o a la baja, tanto en Argentina como en otros países de la región.

Por otro lado, mediante análisis genómicos y evolutivos se determinó que los casos de variante Delta en la provincia de Córdoba pertenecen a la misma cadena de transmisión a pesar de que no se encontró nexo en algunos casos por investigación epidemiológica, lo que indica que los brotes estarían conectados por casos asintomáticos y circulación viral críptica. En forma similar, el brote de una institución educativa de la CABA se asoció con un caso previo sin nexo epidemiológico con el brote ni con viajes internacionales, lo que sugiere una cadena de transmisión común dentro de la CABA establecida al menos, desde principios de agosto.

Esto demuestra la importancia de complementar los estudios epidemiológicos clásicos con los estudios epidemiológicos moleculares, lo que posibilita el abordaje completo de los brotes y eventos relevantes, y permite brindar información útil para optimizar las estrategias de lucha frente a la COVID-19.

En un contexto de apertura inminente de los ingresos internacionales de países limítrofes se debe enfatizar la importancia de mantener los protocolos de testeo y aislamiento para evitar mayores introducciones de la variante Delta u otras variantes a nuestro país.

Hasta el momento, la vigilancia activa de las variantes de SARS-CoV-2 realizada sobre un total de 4405 muestras de la CABA, provincia de Buenos Aires, Chaco, Córdoba, Neuquén, La Pampa, Santa Fe, Río Negro, Mendoza, San Luis y Entre Ríos (Reportes N°9 a 27) obtenidas entre el 26/10/2020 al 13/09/2021 permitió determinar la presencia de ocho variantes de interés epidemiológico en nuestro país: la variante Alpha (linaje B.1.1.7, Reino Unido), la variante Gamma (linaje P.1, Manaus), la variante Lambda (linaje C.37, Andina), la variante Mu (linaje B.1.621, Colombia), la variante Delta (linaje B.1.617.2, India), la variante Zeta (linaje P.2, Río de Janeiro), la variante Epsilon (linajes B.1.427 y B.1.429, California) y la variante Iota (linajes B.1.526, Nueva York).

El Consorcio Argentino Interinstitucional de Genómica de SARS-CoV-2 continuará realizando la vigilancia molecular sobre los casos de circulación comunitaria, a fin de monitorear con rapidez la presencia de variantes de interés epidemiológico internacional y la emergencia de variantes virales locales. A la par, se seguirán caracterizando los genomas completos de SARS-CoV-2 que han circulado desde el inicio de la epidemia en diferentes regiones del país.

**PROYECTO ARGENTINO INTERINSTITUCIONAL DE GENÓMICA
DE SARS-CoV-2**

Tabla 1. Resumen del número total de casos de variantes VOC, VOI y de mutaciones de interés analizadas e informadas en este reporte, discriminados por región y período analizado.

Región	Período de muestreo	Alpha	Gamma	Delta	Lambda	Mu	Mutaciones ¹	No VOC/ VOI	Total
AMBA	18-06 al 13-09	14	334	15	161	2	2		528
CABA	04-07 al 13-09	3	147	7	80	2	1		240
GBA Norte	24-06 al 10-09	2	21	1	15		1		40
GBA Oeste	18-06 al 10-09	2	73	7	28				110
GBA Sur	05-07 al 11-09	5	50		21				76
GLP	11-07 al 10-09		41		15				56
otros	21-07 al 07-09	2	2		2				6
PBA (No AMBA)	02-07 al 13-09	17	118		64		1		200
Alberti			3		2				5
Azul		3	3		1				7
Bahía Blanca		4	21		40		1		66
Chivilcoy			6		1				7
Mar del Plata		4	47		9				60
Mercedes			16		5				21
Puan			1						1
Suipacha			1						1
Tandil		3	15		2				20
Bragado			1						1
Bahía Blanca		3	4		4				11
Córdoba	10-07 al 27-08		9		6				15
Chaco	24-06 al 03-08		13		8				21
P. R. Saenz Pena			1						1
Pampa del Indio			1						1
Puerto Tirol			1						1
Resistencia			4		3				7
Villa Río Bermejito			1						1
La Clotilde					1				1
Coronel Du Graty			1						1
Barranqueras			1						1
Las Palmas					1				1
Fontana			1						1
Makalle					1				1
La Verde			1						1
Gancedo			1						1
Las Brenas					1				1
Concepción del Bermejo					1				1

(continúa en la siguiente página).

**PROYECTO ARGENTINO INTERINSTITUCIONAL DE GENÓMICA
DE SARS-CoV-2**

Región	Período de muestreo	Alpha	Gamma	Delta	Lambda	Mu	Mutaciones ¹	No VOC/ VOI	Total
Entre Ríos	14-08 al 09-09		17		9				26
P. Belgrano			1						1
Urdinarrain					1				1
V. Paranacito			1						1
C. del Uruguay			2		5				7
Gualeguaychú			10		1				11
Larroque					1				1
Ceibas			1		1				2
Aldea San Juan			1						1
Colón			1						1
Neuquén	06-07 al 05-09	5	103		9				117
Neuquén Capital		2	42		6				50
Picún Leufú			3						3
Plottier			3		1				4
Rincón de los Sauces			1						1
San Martín de los Andes		2	13						15
San Patricio del Chañar			7		1				8
Varvarco			1						1
Villa La Angostura			2						2
Zapala			3						3
Andacollo			2						2
Centenario		1	7						8
Chos Malal			2						2
Cutral Co			3						3
Buta Ranquil			1						1
Las Ovejas			2						2
Añelo			2						2
Junín de los Andes			8		1				9
Las Lajas			1						1

(continúa en la siguiente página).

**PROYECTO ARGENTINO INTERINSTITUCIONAL DE GENÓMICA
DE SARS-CoV-2**

Región	Período de muestreo	Alpha	Gamma	Delta	Lambda	Mu	Mutaciones ¹	No VOC/VOI	Total
Santa Fe	21-05 al 13-08	17	255		37				309
Nelson			1						1
P.G.S.Martin			2						2
Perez					1				1
Pueblo Esther		1	6						7
Rafaela			12		2				14
Ricardone					1				1
Roldan			4						4
Roldan			1						1
Rosario		6	169		27				202
San Jerónimo Norte			1						1
San Justo			3						3
San Lorenzo			4						4
San Martin de las Escobas			2						2
Santa Fe			9						9
Santo Tomé			1						1
Soldini					1				1
Venado Tuerto		2	3						5
Villa Ocampo					1				1
Esperanza		1	2						3
Fortin Olmos					1				1
Calchaqui			1						1
Helvecia			1						1
Calchaquí			1						1
Funes			7						7
Cañada de Gomez			7		2				9
Chabas		1	5						6
Casilda		4	5						9
Firmat		2	2						4
Bustinza			1						1
Alvarez			2						2
Ibarlucea			1						1
Arequito					1				1
Arroyo Seco			1						1
Fighera			1						1
Nexo viajes internacionales			2	2	1				5
Selección dirigida²	18-06 al 11-09		24	38	28		1		91
AMBA			23	26	26		1		76
Santa Fe			1	2	2				5
Córdoba					10				10
sin datos	03-06 al 05-09	1	4					1	6
TOTAL GENERAL		54	879	55	323	2	4	1	1318

¹ Mutaciones de interés que se presentan en forma aislada y no pertenecen a VOI/VOC.

² Selección de muestras para estudios particulares: confirmación de PCR en tiempo real específica de variantes, estudio de brotes, personal de salud vacunado de la CABA y el GBA.

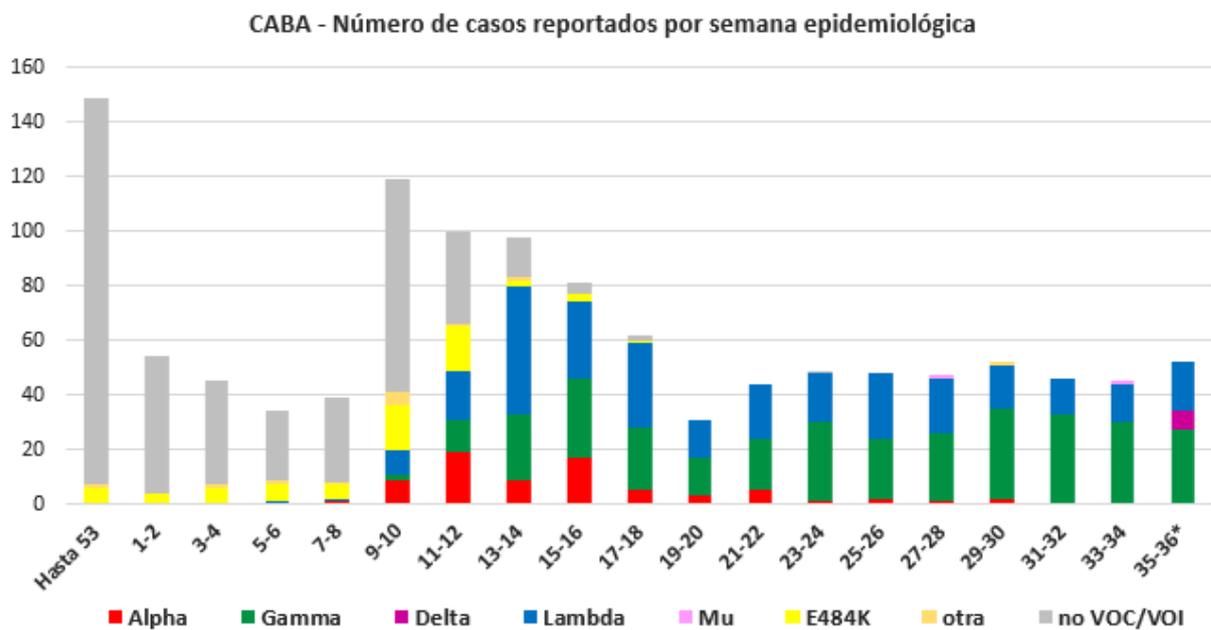


Figura 1: Número de casos reportados por semana epidemiológica 2020-2021. Se incluyen solamente casos provenientes de la **CABA** que no presentaron antecedentes de viaje o contacto estrecho con viajeros; en casos con nexo epidemiológico entre sí, solo se consideró uno como representativo. Sobre las barras se muestra el número de muestras correspondiente a cada variante, mutación o secuencias no VOC/VOI. *En la SE 35-36 se incluye una secuencia de la SE 37.

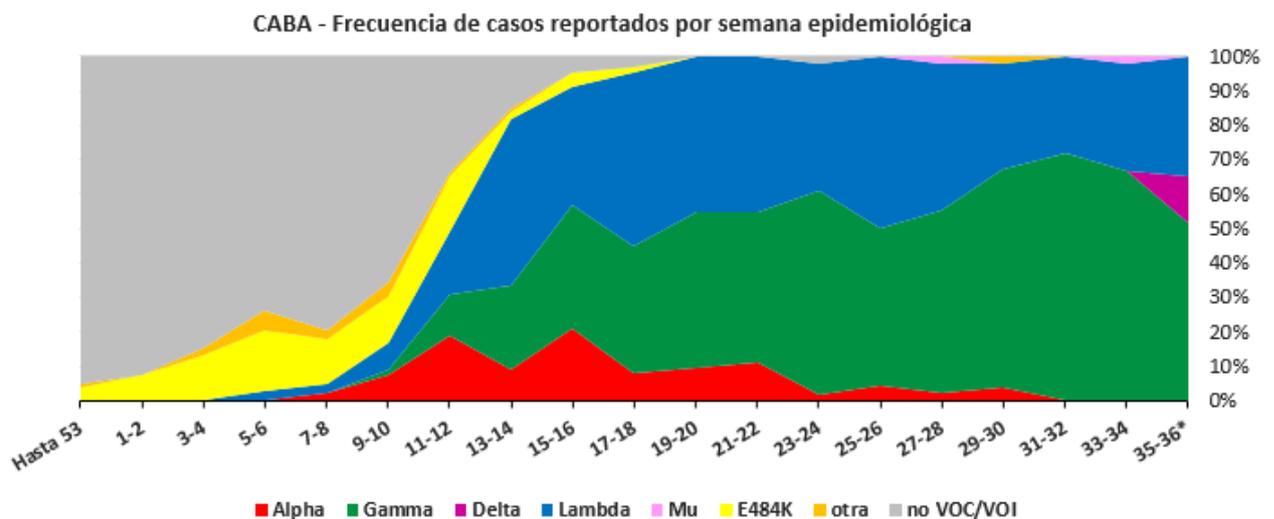


Figura 2: Frecuencia de variantes de SARS-CoV-2 y secuencias con o sin mutaciones de interés por semana epidemiológica. Se incluyen solamente casos provenientes de la **CABA** que no presentaron antecedentes de viaje o contacto estrecho con viajeros; en casos con nexo epidemiológico entre sí, solo se consideró uno como representativo. *En la SE 35-36 se incluye una secuencia de la SE 37.

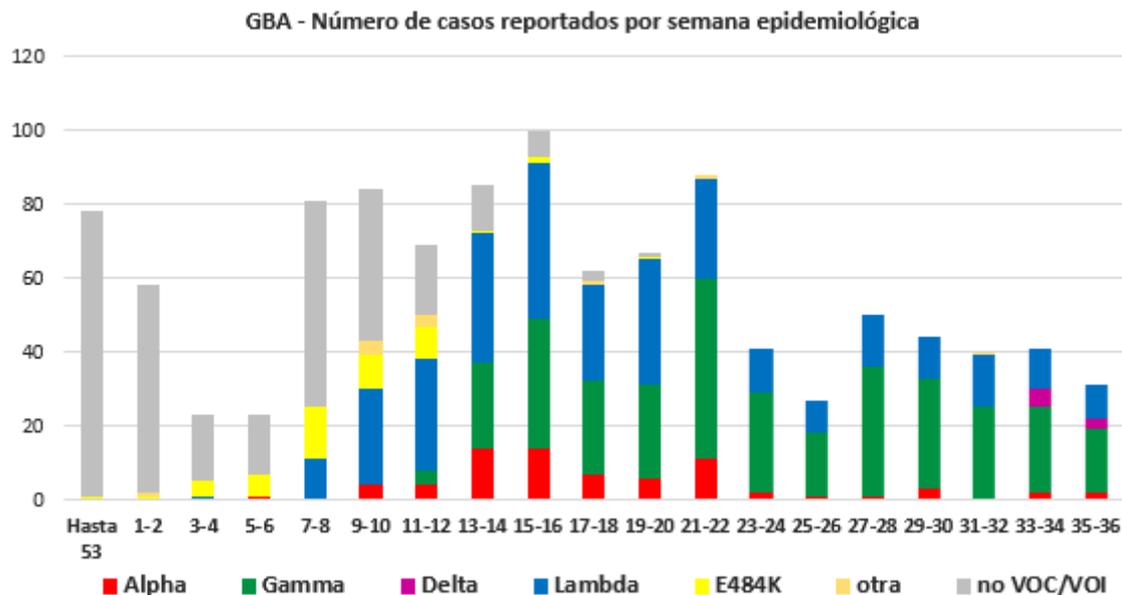


Figura 3: Número de casos reportados por semana epidemiológica 2020-2021. Se incluyen solamente casos provenientes del **GBA** que no presentaron antecedentes de viaje o contacto estrecho con viajeros; en casos con nexo epidemiológico entre sí, solo se consideró uno como representativo. Sobre las barras se muestra el número de muestras correspondiente a cada variante, mutación o secuencias no VOC.

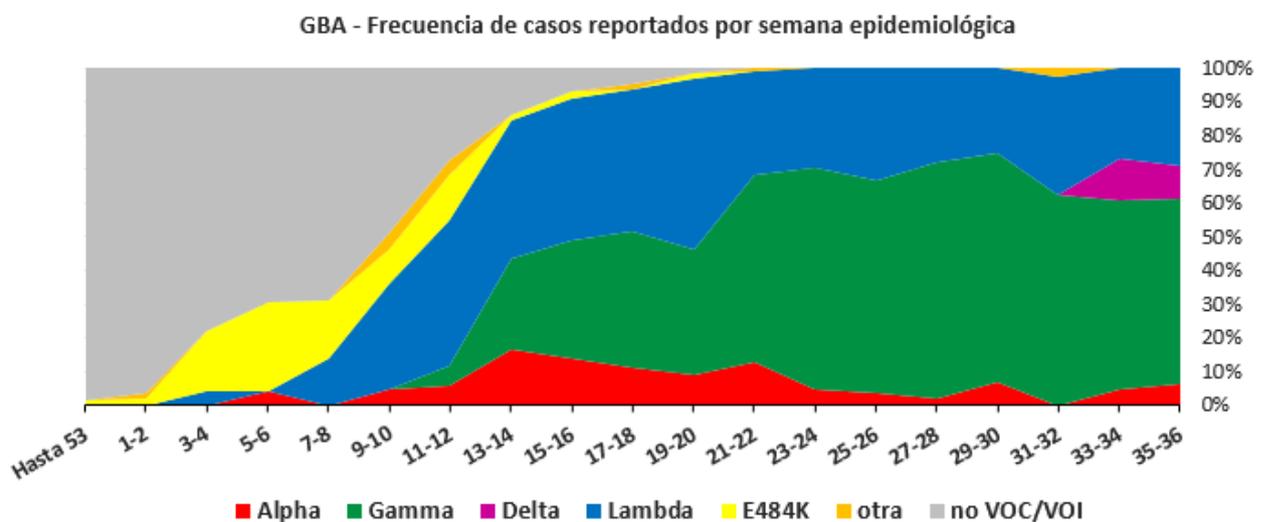


Figura 4: Frecuencia de variantes de SARS-CoV-2 y secuencias con o sin mutaciones de interés por semana epidemiológica. Se incluyen solamente casos provenientes del **GBA** que no presentaron antecedentes de viaje o contacto estrecho con viajeros; en casos con nexo epidemiológico entre sí, solo se consideró uno como representativo.

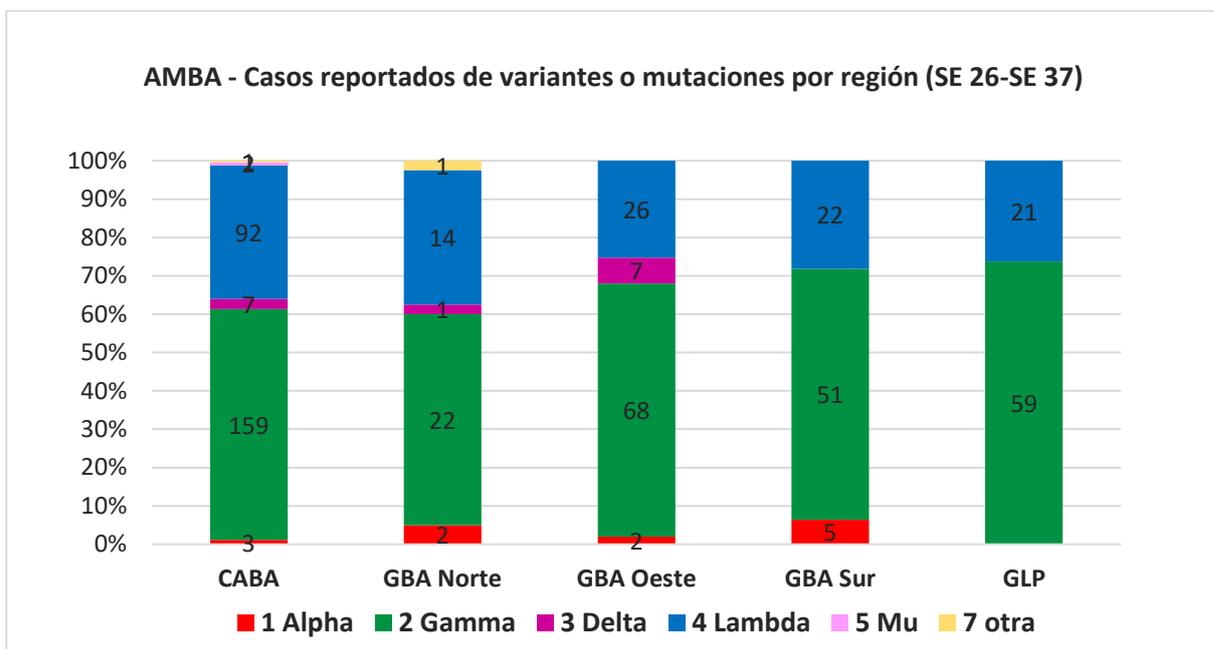


Figura 5: Número acumulado de variantes de SARS-CoV-2 y secuencias con o sin mutaciones de interés por región del AMBA, detectadas en las últimas 12 SE (SE 26-SE 37). Se incluyen solamente casos que no presentaron antecedentes de viaje o contacto estrecho con viajeros; en casos con nexo epidemiológico entre sí, solo se consideró uno como representativo. Sobre las barras se muestra el número de muestras correspondiente a cada variante o mutación. No se detectaron secuencias no VOC /VOI en el período.

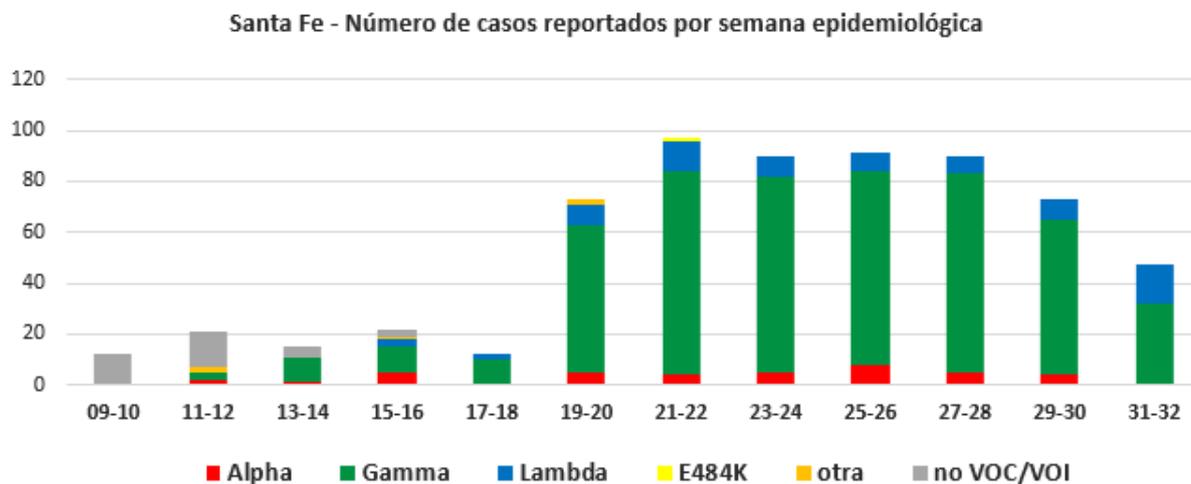


Figura 6: Número de casos reportados por semana epidemiológica 2020-2021. Se incluyen solamente casos provenientes de la **provincia de Santa Fe** que no presentaron antecedentes de viaje o contacto estrecho con viajeros; en casos con nexo epidemiológico entre sí, solo se consideró uno como representativo. Sobre las barras se muestra el número de muestras correspondiente a cada variante, mutación o secuencias no VOC.

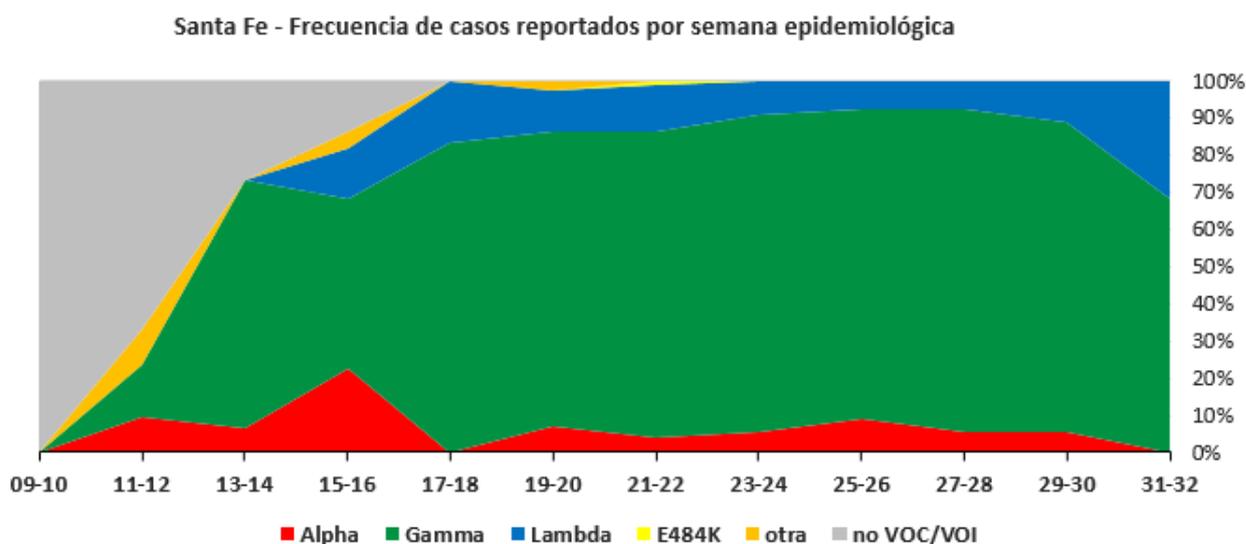


Figura 7: Frecuencia de variantes de SARS-CoV-2 y secuencias con o sin mutaciones de interés por semana epidemiológica. Se incluyen solamente casos provenientes de la **provincia de Santa Fe** que no presentaron antecedentes de viaje o contacto estrecho con viajeros; en casos con nexo epidemiológico entre sí, solo se consideró uno como representativo.

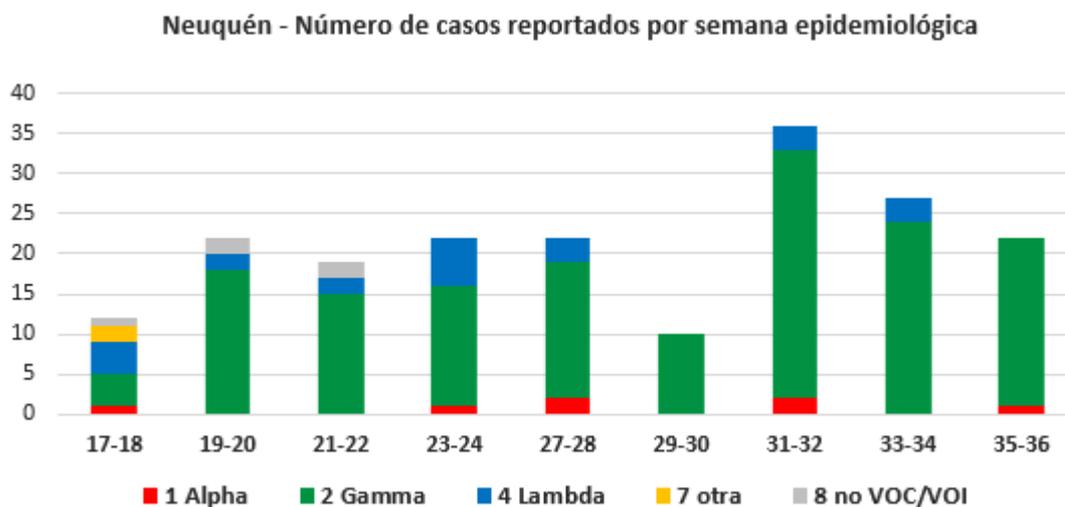


Figura 8: Número de casos reportados por semana epidemiológica 2020-2021. Se incluyen solamente casos provenientes de la **provincia de Neuquén** que no presentaron antecedentes de viaje o contacto estrecho con viajeros; en casos con nexos epidemiológicos entre sí, solo se consideró uno como representativo. Sobre las barras se muestra el número de muestras correspondiente a cada variante, mutación o secuencias no VOC.

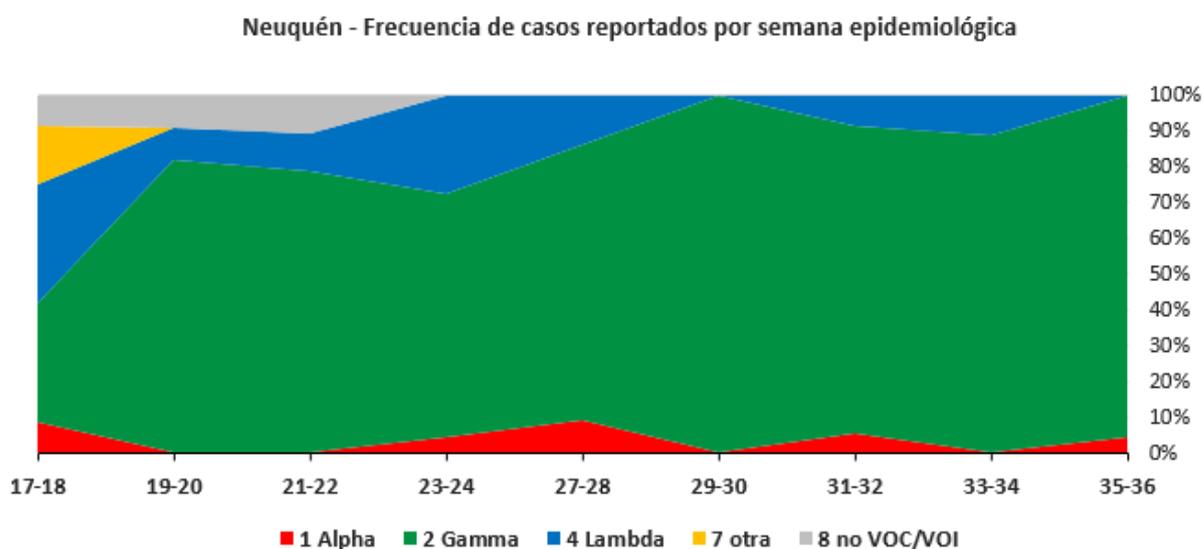


Figura 9: Frecuencia de variantes de SARS-CoV-2 y secuencias con o sin mutaciones de interés por semana epidemiológica. Se incluyen solamente casos provenientes de la **provincia de Neuquén** que no presentaron antecedentes de viaje o contacto estrecho con viajeros; en casos con nexos epidemiológicos entre sí, solo se consideró uno como representativo.

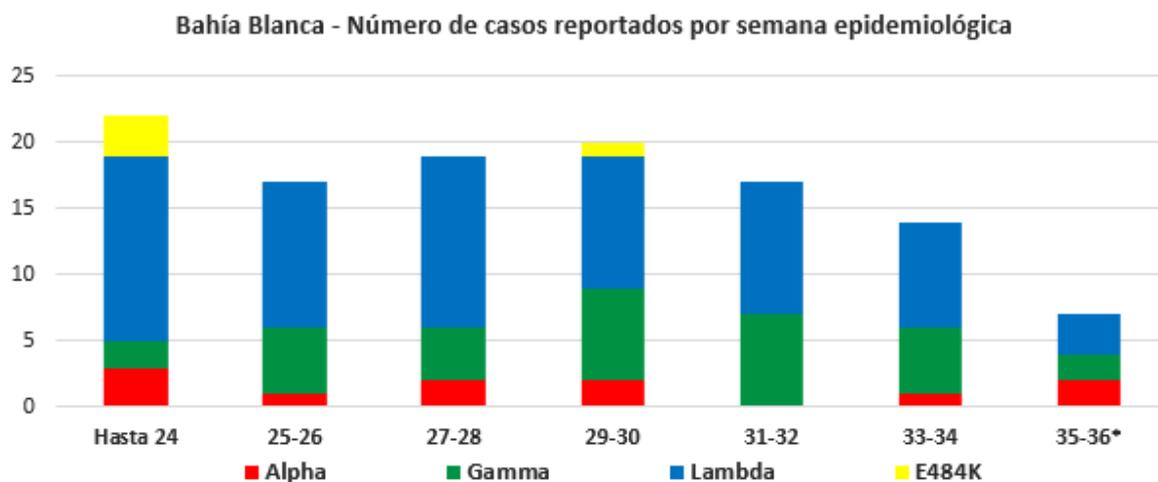


Figura 10: Número de casos reportados por semana epidemiológica 2020-2021. Se incluyen solamente casos provenientes de la **ciudad de Bahía Blanca** que no presentaron antecedentes de viaje o contacto estrecho con viajeros; en casos con nexo epidemiológico entre sí, solo se consideró uno como representativo. Sobre las barras se muestra el número de muestras correspondiente a cada variante, mutación o secuencias no VOC.

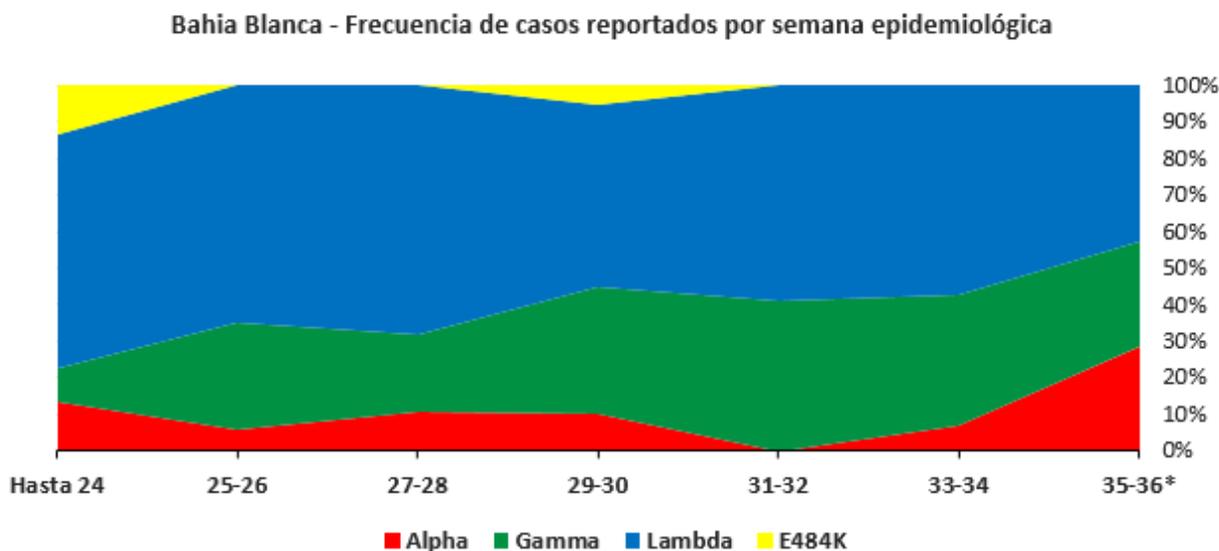


Figura 11: Frecuencia de variantes de SARS-CoV-2 y secuencias con o sin mutaciones de interés por semana epidemiológica. Se incluyen solamente casos provenientes de la **ciudad de Bahía Blanca** que no presentaron antecedentes de viaje o contacto estrecho con viajeros; en casos con nexo epidemiológico entre sí, solo se consideró uno como representativo.

PROYECTO ARGENTINO INTERINSTITUCIONAL DE GENÓMICA DE SARS-CoV-2

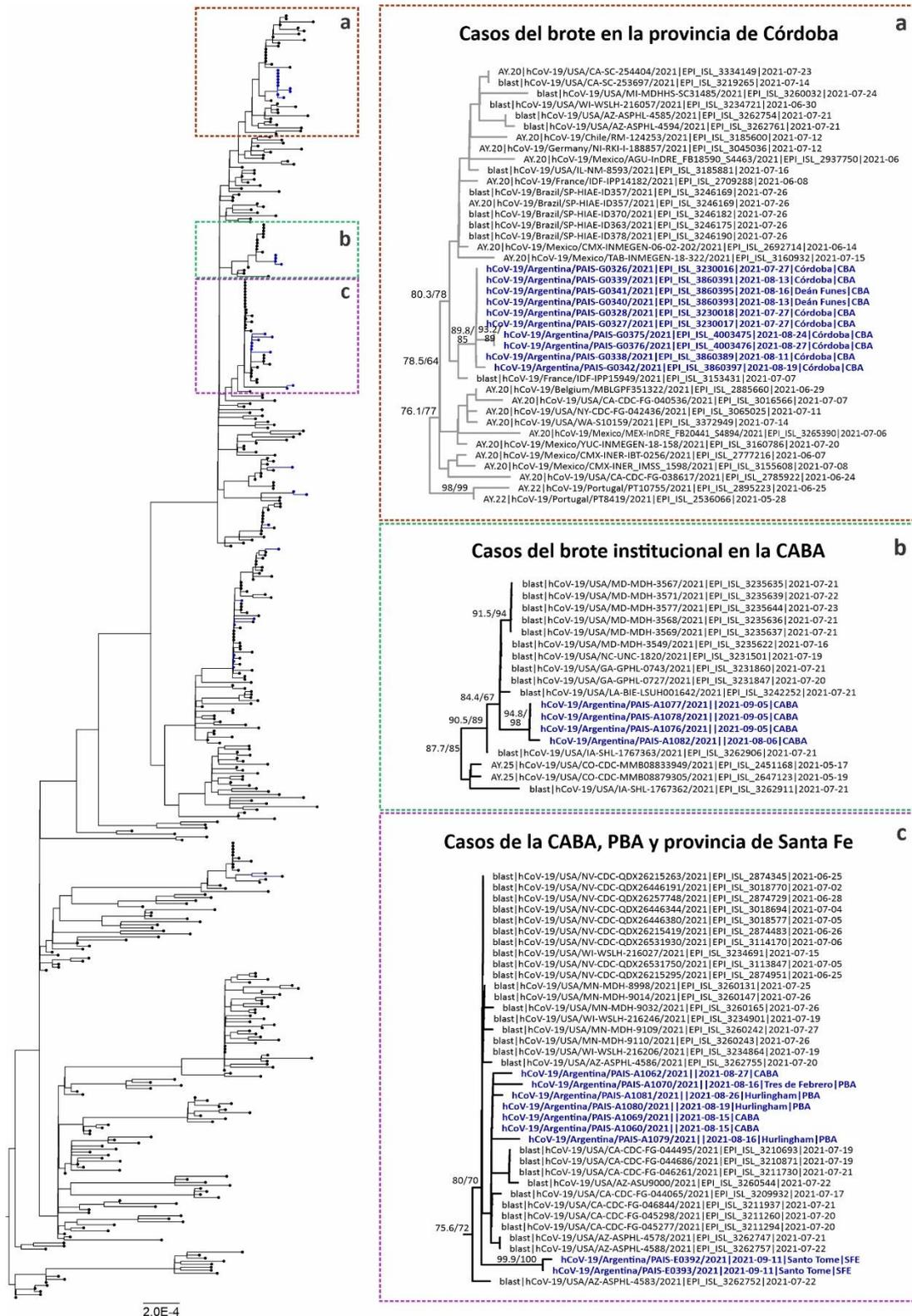


Figura 12. Análisis filogenético de SARS-CoV-2. Se muestra en forma ampliada algunos grupos de interés del linaje B.1.617.2 y sus derivados (variante Delta). El valor de soporte (SH-like/UFB) se muestra sólo para algunos grupos seleccionados.

Tabla 2. CABA: Frecuencia de las variantes y mutaciones por semana epidemiológica (SE) 2020-2021.

SE	Alpha		Gamma		Delta		Lambda		Mu		E484K		Otra		no VOC/VOI		Total
	Frecuencia (%)	IC 95%	Frecuencia (%)	IC 95%	Frecuencia (%)	IC 95%	Frecuencia (%)	IC 95%	Frecuencia (%)	IC 95%	Frecuencia (%)	IC 95%	Frecuencia (%)	IC 95%	Frecuencia (%)	IC 95%	
Hasta 53	0,0	-	0,0	-	0,0	-	0,0	-	0,0	-	4,0	1,7-8,7	0,7	<0,01-4,1	95,3	90,5-97,9	149
1-2	0,0	-	0,0	-	0,0	-	0,0	-	0,0	-	7,4	2,4-18,0	0,0	-	92,6	81,9-97,6	54
3-4	0,0	-	0,0	-	0,0	-	0,0	-	0,0	-	13,3	5,9-26,6	2,2	<0,01-12,6	84,4	70,9-92,6	45
5-6	0,0	-	0,0	-	0,0	-	2,9	<0,01-16,2	0,0	-	17,6	8,0-33,9	5,9	0,7-20,1	73,5	56,7-85,6	34
7-8	2,6	<0,01-14,4	0,0	-	0,0	-	2,6	<0,01-14,4	0,0	-	12,8	5,1-27,2	2,6	<0,01-14,4	79,5	64,2-89,6	39
9-10	7,6	3,9-13,9	1,7	0,1-6,3	0,0	-	7,6	3,9-13,9	0,0	-	13,4	8,4-20,8	4,2	1,6-9,7	65,5	56,6-73,5	119
11-12	19,0	12,4-27,9	12,0	6,8-20,0	0,0	-	18,0	11,6-26,8	0,0	-	16,0	10,0-24,5	1,0	<0,01-6,0	34,0	25,4-43,7	100
13-14	9,2	4,7-16,7	24,5	17,0-33,9	0,0	-	48,0	38,3-57,7	0,0	-	2,0	0,1-7,6	1,0	<0,01-6,1	15,3	9,4-23,8	98
15-16	21,0	13,4-31,2	35,8	26,2-46,7	0,0	-	34,6	25,1-45,4	0,0	-	3,7	0,8-10,8	0,0	-	4,9	1,6-12,4	81
17-18	8,1	3,1-17,9	37,1	26,1-49,6	0,0	-	50,0	37,9-62,1	0,0	-	1,6	<0,01-9,4	0,0	-	3,2	0,2-11,7	62
19-20	9,7	2,6-25,7	45,2	29,1-62,2	0,0	-	45,2	29,2-62,2	0,0	-	0,0	-	0,0	-	0,0	-	31
21-22	11,4	4,5-24,4	43,2	29,7-57,8	0,0	-	45,5	31,7-60,0	0,0	-	0,0	-	0,0	-	0,0	-	44
23-24	2,0	<0,01-11,7	59,2	45,2-71,8	0,0	-	36,7	24,6-50,8	0,0	-	0,0	-	0,0	-	2,0	<0,01-11,7	49
25-26	4,2	0,3-14,8	45,8	32,6-59,7	0,0	-	50,0	36,4-63,6	0,0	-	0,0	-	0,0	-	0,0	-	48
27-28	2,1	<0,01-12,1	53,2	39,2-66,7	0,0	-	42,6	29,5-56,7	2,1	<0,01-12,1	0,0	-	0,0	-	0,0	-	47
29-30	3,8	0,3-13,7	63,5	49,8-75,2	0,0	-	30,8	19,9-44,3	0,0	-	0,0	-	1,9	-	0,0	-	52
31-32	0,0	-	71,7	57,4-82,8	0,0	-	28,3	17,2-42,7	0,0	-	0,0	-	0,0	-	0,0	-	46
33-34	0,0	-	66,7	52,0-78,7	0,0	-	31,1	19,5-45,7	2,2	<0,01-12,6	0,0	-	0,0	-	0,0	-	45
35-36*	0,0	-	51,9	38,7-64,9	13,5	6,4-25,6	34,6	23,1-48,2	0,0	-	0,0	-	0,0	-	0,0	-	52

¹ Se incluyen solamente casos provenientes de la CABA que no presentaron antecedentes de viaje o contacto estrecho con viajeros; en casos con nexos epidemiológicos entre sí, solo se consideró uno como representativo.

² El intervalo de confianza ajustado de la frecuencia se estimó mediante el método de Wald modificado (Agresti y Coull. *Am. Stat.* 1998. doi: 10.2307/2685469).

³ Se incluyen detecciones de la mutación E484K que no pertenecen a secuencias con la combinación de mutaciones característica de VOI/VOC.

* Se incluye una secuencia correspondiente a SE37.

Tabla 3. GBA: Frecuencia de las variantes y mutaciones por semana epidemiológica (SE) 2020-2021.

SE	Alpha		Gamma		Delta		Lambda		E484K		Otra		no VOC/VOI		Total
	Frecuencia (%)	IC 95%	Frecuencia (%)	IC 95%	Frecuencia (%)	IC 95%	Frecuencia (%)	IC 95%	Frecuencia (%)	IC 95%	Frecuencia (%)	IC 95%	Frecuencia (%)	IC 95%	
Hasta 53	0,0	-	0,0	-	0,0	-	0,0	-	1,3	<0,01-7,6	0,0	-	98,7	92,4->99,9	78
1-2	0,0	-	0,0	-	0,0	-	0,0	-	1,7	<0,01-10,0	1,7	<0,01-10,0	96,6	87,6-99,7	58
3-4	0,0	-	0,0	-	0,0	-	4,3	<0,01-22,6	17,4	6,4-37,7	0,0	-	78,3	57,7-90,8	23
5-6	4,3	<0,01-22,6	0,0	-	0,0	-	0,0	-	26,1	12,3-46,8	0,0	-	69,6	48,9-84,6	23
7-8	0,0	-	0,0	-	0,0	-	13,6	7,6-22,9	17,3	10,5-27,1	0,0	-	69,1	58,4-78,2	81
9-10	4,8	1,5-12,0	0,0	-	0,0	-	31,0	22,1-41,5	10,7	5,5-19,3	4,8	1,5-12,0	48,8	38,4-59,3	84
11-12	5,8	1,8-14,4	5,8	1,9-14,4	0,0	-	43,5	32,4-55,2	13,0	6,8-23,2	4,3	1,0-12,5	27,5	18,3-39,1	69
13-14	16,5	10,0-25,9	27,1	18,7-37,4	0,0	-	41,2	31,3-51,8	1,2	<0,01-7,0	0,0	-	14,1	8,1-23,2	85
15-16	14,0	8,4-22,3	35,0	26,4-44,8	0,0	-	42,0	32,7-51,8	2,0	0,1-7,4	0,0	-	7,0	3,2-14,0	100
17-18	11,3	5,3-21,8	40,3	29,0-52,8	0,0	-	41,9	30,5-54,3	0,0	-	1,6	<0,01-9,4	4,8	1,1-13,8	62
19-20	9,0	3,8-18,5	37,3	26,7-49,3	0,0	-	50,7	39,0-62,4	1,5	<0,01-8,8	0,0	-	1,5	<0,01-8,7	67
21-22	12,5	7,0-21,2	55,7	45,3-65,7	0,0	-	30,7	22,0-41,0	0,0	-	1,1	<0,01-6,8	0,0	-	88
23-24	4,9	0,5-17,0	65,9	50,5-78,5	0,0	-	29,3	17,5-44,6	0,0	-	0,0	-	0,0	-	41
25-26	3,7	<0,01-19,8	63,0	44,2-78,5	0,0	-	33,3	18,5-52,3	0,0	-	0,0	-	0,0	-	27
27-28	2,0	<0,01-11,5	70,0	56,2-81,0	0,0	-	28,0	17,4-41,8	0,0	-	0,0	-	0,0	-	50
29-30	6,8	1,7-18,9	68,2	53,4-80,1	0,0	-	25,0	14,4-39,6	0,0	-	0,0	-	0,0	-	44
31-32	0,0	-	62,5	47,0-75,8	0,0	-	35,0	22,1-50,6	0,0	-	2,5	<0,01-14,0	0,0	-	40
33-34	4,9	0,5-17,0	56,1	41,0-70,1	12,2	4,9-26,0	26,8	15,6-42,1	0,0	-	0,0	-	0,0	-	41
35-36	6,5	0,8-21,8	54,8	37,8-70,9	9,7	2,6-25,7	29,0	15,9-46,8	0,0	-	0,0	-	0,0	-	31

¹ Se incluyen solamente casos provenientes de la CABA que no presentaron antecedentes de viaje o contacto estrecho con viajeros; en casos con nexo epidemiológico entre sí, solo se consideró uno como representativo.

² El intervalo de confianza ajustado de la frecuencia se estimó mediante el método de Wald modificado (Agresti y Coul. *Am. Stat.* 1998. doi: 10.2307/2685469).

³ Se incluyen detecciones de la mutación E484K que no pertenecen a secuencias con la combinación de mutaciones característica de VOI/VOC.

Tabla 4. Santa Fe: Frecuencia de las variantes y mutaciones por semana epidemiológica (SE) 2020-2021.

SE	Alpha		Gamma		Lambda		E484K		Otra		no VOC/VOI		Total
	Frecuencia (%)	IC 95%	Frecuencia (%)	IC 95%	Frecuencia (%)	IC 95%	Frecuencia (%)	IC 95%	Frecuencia (%)	IC 95%	Frecuencia (%)	IC 95%	
9-10	0,0	-	0,0	-	0,0	-	0,0	-	0,0	-	100,0	78,4-100	12
11-12	9,5	1,4-30,1	14,3	4,1-35,5	0,0	-	0,0	-	9,5	1,4-30,1	66,7	45,2-82,9	21
13-14	6,7	<0,01-31,8	66,7	41,5-85,0	0,0	-	0,0	-	0,0	-	26,7	10,5-52,4	15
15-16	22,7	9,7-43,8	45,5	26,9-65,4	13,6	3,9-34,2	0,0	-	4,5	<0,01-23,5	13,6	3,9-34,2	22
17-18	0,0	-	83,3	54,0-96,5	16,7	3,5-46,0	0,0	-	0,0	-	0,0	-	12
19-20	6,8	2,6-15,4	79,5	68,7-87,2	11,0	5,4-20,4	0,0	-	2,7	0,2-10,0	0,0	-	73
21-22	4,1	1,3-10,5	82,5	73,6-88,9	12,4	7,1-20,5	1,0	<0,01-6,2	0,0	-	0,0	-	97
23-24	5,6	2,1-12,7	85,6	76,7-91,5	8,9	4,5-16,8	0,0	-	0,0	-	0,0	-	90
25-26	8,8	4,3-16,6	83,5	74,4-89,9	7,7	3,5-15,3	0,0	-	0,0	-	0,0	-	91
27-28	5,6	2,1-12,7	86,7	78,0-92,4	7,8	3,6-15,4	0,0	-	0,0	-	0,0	-	90
29-30	5,5	1,7-13,7	83,6	73,3-90,5	11,0	5,4-20,4	0,0	-	0,0	-	0,0	-	73
31-32	0,0	-	68,1	53,8-79,7	31,9	20,3-46,2	0,0	-	0,0	-	0,0	-	47

¹ Se incluyen solamente casos provenientes de la CABA que no presentaron antecedentes de viaje o contacto estrecho con viajeros; en casos con nexos epidemiológicos entre sí, solo se consideró uno como representativo.

² El intervalo de confianza ajustado de la frecuencia se estimó mediante el método de Wald modificado (Agresti y Coul. *Am. Stat.* 1998. doi: 10.2307/2685469).

³ Se incluyen detecciones de la mutación E484K que no pertenecen a secuencias con la combinación de mutaciones característica de VOI/VOC.

Tabla 5. Neuquén: Frecuencia de las variantes y mutaciones por semana epidemiológica (SE) 2020-2021.

SE	Alpha		Gamma		Lambda		Otra		no VOC/VOI		Total
	Frecuencia (%)	IC 95%	Frecuencia (%)	IC 95%	Frecuencia (%)	IC 95%	Frecuencia (%)	IC 95%	Frecuencia (%)	IC 95%	
17-18	8,3	<0,01-37,5	33,3	13,5-61,2	33,3	13,5-61,2	16,7	3,5-46,0	8,3	<0,01-37,5	12
19-20	0,0	-	81,8	60,9-93,3	9,1	1,3-29,0	0,0	-	9,1	1,3-29,0	22
21-22	0,0	-	78,9	56,1-92,0	10,5	1,7-32,6	0,0	-	10,5	1,7-32,6	19
23-24	4,5	<0,01-23,5	68,2	47,1-83,8	27,3	12,9-48,4	0,0	-	0,0	-	22
27-28	9,1	1,3-29,0	77,3	56,1-90,3	13,6	3,9-34,2	0,0	-	0,0	-	22
29-30	0,0	-	100,0	75,1-100	0,0	-	0,0	-	0,0	-	10
31-32	5,6	0,6-19,1	86,1	70,9-94,4	8,3	2,1-22,6	0,0	-	0,0	-	36
33-34	0,0	-	88,9	71,1-97,0	11,1	3,0-28,9	0,0	-	0,0	-	27
35-36	4,5	<0,01-23,5	95,5	76,5->99,9	0,0	-	0,0	-	0,0	-	22

¹ Se incluyen solamente casos provenientes de la CABA que no presentaron antecedentes de viaje o contacto estrecho con viajeros; en casos con nexos epidemiológicos entre sí, solo se consideró uno como representativo.

² El intervalo de confianza ajustado de la frecuencia se estimó mediante el método de Wald modificado (Agresti y Coul. *Am. Stat.* 1998. doi: 10.2307/2685469).

³ Se incluyen detecciones de la mutación E484K que no pertenecen a secuencias con la combinación de mutaciones característica de VOI/VOC.

Tabla 6. Bahía Blanca: Frecuencia de las variantes y mutaciones por semana epidemiológica (SE) 2020-2021.

SE	Alpha		Gamma		Lambda		E484K		Total
	Frecuencia (%)	IC 95%	Frecuencia (%)	IC 95%	Frecuencia (%)	IC 95%	Frecuencia (%)	IC 95%	
Hasta 24	13,6	3,9-34,2	9,1	1,3-29,0	63,6	42,9-80,4	13,6	3,9-34,2	22
25-26	5,9	<0,01-28,9	29,4	13,0-53,4	64,7	41,2-82,8	0,0	-	17
27-28	10,5	1,7-32,6	21,1	7,9-43,9	68,4	45,8-84,8	0,0	-	19
29-30	10,0	1,6-31,3	35,0	18,0-56,8	50,0	29,9-70,1	5,0	<0,01-25,4	20
31-32	0,0	-	41,2	21,6-64,0	58,8	35,9-78,4	0,0	-	17
33-34	7,1	<0,01-33,5	35,7	11,3-55,0	57,1	32,5-78,7	0,0	-	14
35-36*	28,6	7,6-64,8	28,6	7,6-64,8	42,9	15,7-75,0	0,0	-	7

¹ Se incluyen solamente casos provenientes de la CABA que no presentaron antecedentes de viaje o contacto estrecho con viajeros; en casos con nexo epidemiológico entre sí, solo se consideró uno como representativo.

² El intervalo de confianza ajustado de la frecuencia se estimó mediante el método de Wald modificado (Agresti y Coul. *Am. Stat.* 1998. doi: 10.2307/2685469).

³ Se incluyen detecciones de la mutación E484K que no pertenecen a secuencias con la combinación de mutaciones característica de VOI/VOC.

* Se incluye una secuencia correspondiente a SE37.

Estrategias de secuenciación empleada:

Para el caso de la **secuenciación de genomas completos** en el Nodo del IDICaL del INTA-CONICET de Rafaela (Santa Fe), en el Laboratorio de Virología del HNRG (CABA) y del IMR de Resistencia (Chaco) del se utilizó el protocolo de amplificación y secuenciación de ARTIC para Minlon modificado (<https://dx.doi.org/10.17504/protocols.io.bbmuik6w>).

Se realizó la **secuenciación parcial del gen que codifica para la proteína Spike** a través del método tradicional de Sanger, utilizando el protocolo de secuenciación recomendado por el CDC (https://wwwnc.cdc.gov/eid/article/26/10/20-1800_article), mediante la amplificación del segmento 29 del protocolo mencionado (fragmento comprendido entre los aminoácidos S_428 y S_750). En la **Figura 13** se representan los cambios aminoacídicos en el gen S de SARS-CoV-2 característicos de las variantes de interés epidemiológico y se indica la porción abarcada por el fragmento secuenciado.

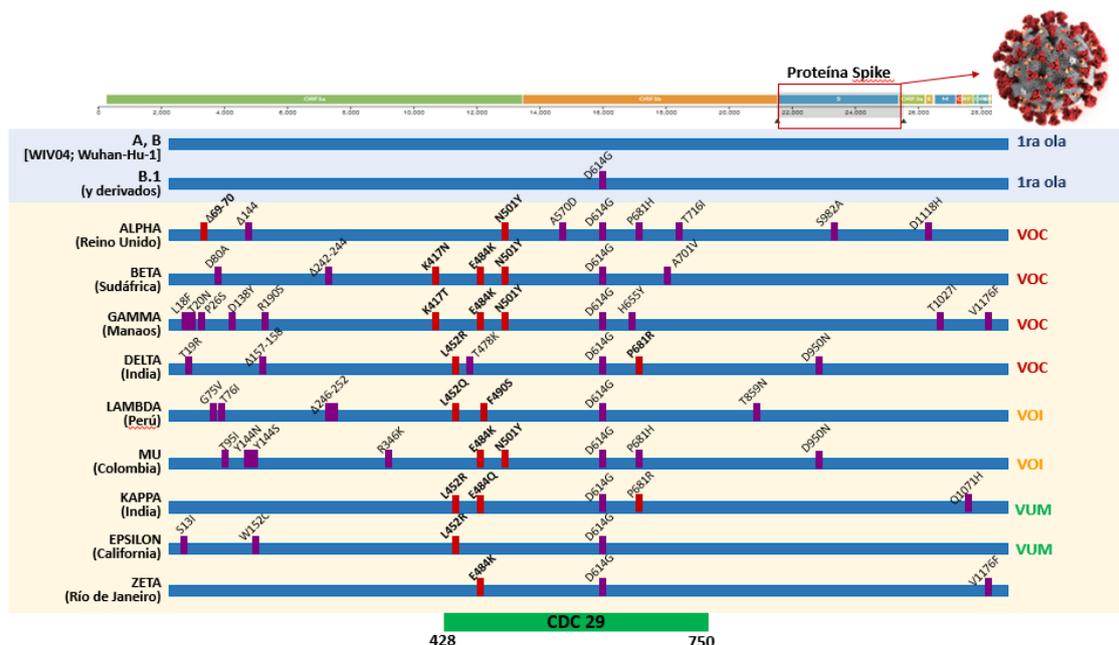


Figura 13. Representación de los cambios aminoacídicos en el gen S de SARS-CoV-2 característicos de algunas de las variantes de interés epidemiológico: variantes de preocupación (VOC), variantes de interés (VOI) y variantes bajo seguimiento adicional (VUM). Los cambios indicados en rojo corresponden a los de mayor impacto potencial sobre la biología viral o la neutralización por anticuerpos. Se indica el fragmento 29 del protocolo del CDC utilizado para la vigilancia activa de variantes (codones S_428 a S_750).

Análisis filogenético:

Se realizó un análisis filogenético con secuencias de SARS-CoV-2 que incluyó secuencias de referencias de varios linajes, secuencias de referencia de linaje B.1.617.2 y sus linajes derivados (variante Delta), las secuencias de variante Delta de Argentina analizadas en este reporte y las diez secuencias con mejor score de alineamiento por análisis de BLAST de cada una (contra la base de datos GISAID al 19 de septiembre de 2021). El alineamiento se construyó con MAFFT v7.486, el árbol de máxima verosimilitud se construyó con IQ-TREE v.2.1. La confiabilidad de las

ramas o agrupamientos se evaluó mediante los métodos de *SH-approximate likelihood ratio test (SH-like)* (1000 réplicas) y *Ultrafast bootstrap Approximation (UFB)* (1000 réplicas). Agradecemos a los laboratorios que generaron y compartieron datos de secuencias a través de la Iniciativa GISAID, cuyos datos fueron incluidos en este análisis.

Participantes en este reporte:

Nodo secuenciación y análisis HNRG (CABA): Dolores Acuña; Mercedes Nabaes; Laura Valinotto; Stephanie Goya; Mónica Natale; Silvina Lusso; Alicia S. Mistchenko; Mariana Viegas.

Nodo secuenciación y análisis UGB-INTA Castelar (Hurlingham, PBA): María Inés Gismondi, Maria José Dus Santos, Paula del Carmen Fernandez, Marianne Muñoz, Andrea Puebla, Guido König, Sofia Bengoa Luoni y Marco Cacciabue.

Nodo de secuenciación del IDICaL (Instituto de Investigaciones en la Cadena Láctea) del INTA-CONICET Rafaela, provincia de Santa Fe: María Florencia Eberhardt; Cecilia Camussone; Matías Irazoqui; Ariel Amadio.

Nodo de Secuenciación IMR Instituto de Medicina Regional, Resistencia provincia de Chaco: Bettina Brusés, Laura Formichelli, Griselda Oria, Melina Lorenzini, Javier Musin y Horacio Lucero.

Nodo de secuenciación de provincia de Córdoba, IPAVE-INTA-CIAP: Franco Fernández, Nathalie Marquez y Humberto Debat.

Nodo de secuenciación y análisis Laboratorio Central de Neuquén (Ministerio de Salud) (Provincia de Neuquén): Melina Leonor Mazzeo; Luis Alfredo Pianciola; Ailen Fernández, Carolina Pintos, Cecilia Ziehm.

Nodo secuenciación del Laboratorio Mixto de Biotecnología Acuática, Facultad de Ciencias Bioquímicas y Farmacéuticas (UNR) y Subsecretaría de Proyectos Científicos y Tecnológicos de la Provincia de Santa Fe: Silvia Arranz, Vanina Villanova, Victoria Posner, Agustina Cerri.

Nodo de secuenciación y bioinformática de CIBIC Laboratorio (Rosario, provincia de Santa Fe): Javier Sfalcin, Analía Seravalle, Clara Fay, Martina Fay, Fabián Fay.

Nodo de secuenciación y bioinformática del Departamento de Biología y genética molecular; IACA Laboratorios (Bahía Blanca, provincia de Buenos Aires): Estefanía Tittarelli; Ariel Suárez; Edgardo Raul Streitenberger; María Verónica Masciovecchio

Nodo de bioinformática y evolución del Grupo “Virología Humana” (IBR-CONICET/UNR) y Facultad de Ciencias Bioquímicas y Farmacéuticas (UNR): Adriana Giri, Elisa Bolatti, Pablo Casal, Agustina Cerri, Diego Chouhy, M. Florencia Re, Gastón Viarengo. CIFASIS-CONICET-UNR: Ignacio García Labari, Joaquín Ezpeleta, Flavio Spetale, Javier Murillo, Laura Angelone, Sofía Lavista Llanos, Pilar Bulacio, Elisabeth Tapia.

Nodo central evolución Proyecto PAIS: Carolina Torres, Laura Mojsiejczuk, Paula Aulicino, Guido König, Humberto Debat, Mariana Viegas.

Carga de datos al SNVS: Camila Luzzardo.

COE COVID -Epidemiología, Ciudad de Buenos Aires: Paula Sujansky, Patricia Angeleri, Mónica Velanzuela.

Nodos de toma y procesamiento de muestras clínicas:

Laboratorio de Virología, Hospital de Niños Dr. Ricardo Gutiérrez (CABA): Alicia Mistchenko, Erica Grandis, María Cristina Alvarez López, María Elina Acevedo, Oscar Jacquez, Sofía Alexay, Mariángeles Barreda Fink, María Emilia Villegas, Raquel Barquez, Estela Chascón, Jorgelina Caruso, Karina Zacarías, Cristian Díaz, Oscar Luna, Cristian Turchiaro, Julián Cipelli, Guillermo Thomas, Carla Medina, Natalia Labarta.

Laboratorio de Biología Molecular, Hospital Cosme Argerich (CABA): Marcia Pozzati, Jéscica Galeano, Florencia Rodríguez, Florencia Funez, Andrea Fernández, Karina Polanski.

Laboratorio de Biología molecular del Hospital General de Agudos Dr. Carlos G. Durand (CABA): Clara Theaux, Guillermo Notaristéfano, María Belén Rodríguez Cardozo, Constanza Marina, Noelia Anzorena, Estela Dima, Cecilia Irrazábal, Lucas Dahinten, Camila Elsegood, Silvia Matillas, Natasha Frisone, Albano Costa, Nuria Cañellas Walter Loayza, Martín Rodríguez Saá, Natalia Chiussi, Noelia Narduzzi, Anisa Marchissio, Belen Warszatska, Ailin Domínguez, Maricel Leivas, Maryury Colina, Adriana Rozo, Laura Jurado, María Fernanda Yaunguzian, Romina Gatica, Flavia Rivarola, Rocío Carrón, Yesica Castro. Promoción y Protección de la Salud: Miriam Bruno, Eugenia Langan, Laura Álvarez

Laboratorio de Biología Molecular Hospital Pedro de Elizalde (CABA): Javier Indart, Jaqueline Rocovich, Luciana Montoto Piazza, Gretel Wenk, María Eugenia Martín, María Florencia Sanchez, Paulina Marchetti, Franco Morandi, María Laura Sueiro, Aldana Claps, Laura Bressan, Federico José Torres, Julián Chamorro, Julieta Gondolessi, Marisa Lorena Gómez, Belen Carolina Diaz, Daiana Rosales, Florencia Alegre, Natalia Zamora, Emilce osaba, Eugenia Paez, Vivian Bosker.

Hospital Alemán (CABA): Eugenia Ibañez; María Paula Della Latta; Natalia García allende.

Departamento de Biología y genética molecular; IACA Laboratorios (Bahía Blanca, provincia de Buenos Aires): Estefanía Tittarelli; Ariel Suárez; Edgardo Raul Streitenberger; María Verónica Masciovecchio.

Centro Provincial de Referencia VIH/SIDA y Hepatitis Virales – Instituto Biológico Dr Tomás Perón (La Plata, PBA): Aldana Gatti; Aldana Nardone; Carolina Talavera; Camila Real; María Eugenia Suarez; Felipe Szymanowski; Francisco Nogueira Laspair; Karen Nicole Fresina; Lucrecia Carlos; Magali Sanchez; Maria Valle; Matías Romanko; Rosario Dehaut; Samanta Ten Huver; Daniela Sanchez; Silvia González; Sol Pagliari; Susana Gimenez; Valeria Gutierrez; Vanina Dolcini; Marisa Corazza.

Laboratorio de salud pública, Facultad de Ciencias Exactas, UNLP (La Plata, PBA): Rosana Isabel Toro; Andrés Angelletti; V́ctoria Cabassi; Victoria Nadalich; Andrés Cordero; Laura Delaplace.

Laboratorio del Hospital San Roque de Gonnet (La Plata, PBA): Rosana Isabel Toro, Victoria Nadalich, Paula Carassi, Evelyn De la Rubia.

Laboratorio de Virología, HIEAyC "San Juan de Dios" (La Plata, PBA): Ercole, Regina; Gatelli, Andrea; Di Bella, Sofia; Malaissi, Luciano; Colmeiro, Maria; Angeletti, Andres; Martinez, Agustina; Ferioli, Martina.

Instituto Nacional de Epidemiología "Dr. Jara" (Mar del Plata, PBA): Irene Pagano; Osvaldo Uez; Carlos Jose Cimmino.

Laboratorio del Hospital Zonal Especializado Materno Infantil “Argentina Diego” de Azul, provincia de Buenos Aires: Guillermina; María Belén Arpaia; Farinella Bagnozzi y Santiago Hernán Gauna.

Laboratorio de Virología de la Facultad de Veterinaria de la Universidad Nacional del Centro de la provincia de Buenos Aires (UNCPBA) (Tandil, provincia de Buenos Aires): Guillermina Dolcini; Sandra Perez; Victoria Nieto Farias, Carolina Ceriani.

Laboratorio del Hospital Interzonal General de Agudos “Evita” (Lanús; provincia de Buenos Aires): Erica Luczak; Isabel Desimone; Omar Grossi; Lorena Serrano; Rubén Pelagamos; Alejandra Musto.

Laboratorio de Virología Molecular – Hospital Blas L. Dubarry (Mercedes, PBA): María Belén Mónaco; Sebastián Gabriel Zunino; José Jaramillo Ortiz; Carla Antonella Massone; Leandro García; Flavia Noelia Minutto; Gabriela Elena Zunino; Belén Ubaldo; Elizabeth Joyce Maleplate; Anna Belén Calloni; **Departamento de Ciencias Básicas – Universidad Nacional de Luján (provincia de Buenos Aires):** María Inés Gismondi

Laboratorio de Diagnóstico-UNIDAD COVID- Universidad Nacional de Hurlingham (Hurlingham, BA): María José Dus Santos, Marina Mozgovej, Marcela Pilloff, Adriana Fernández Souto, Natalia Calienni, Marisa Lorenzo, Angélica M Ramirez, David Ybarra, Pablo Raies, Juan Manuel Velazquez, Blanc Daiana Sofia, Cristina Belén Serrano, Daniela Vega, Sabrina Amalfi, Vanina Saraullo, Angel Arias, Camila Frydman, Luis Castillo, Valeria Marsal, Didier Garnham Mercedes, Boero Carolina Jazmín, Germán Albornoz.

CIBIC Laboratorio (Rosario, provincia de Santa Fe): Javier Sfalcin, Analía Seravalle, Clara Fay, Martina Fay, Mariana Galizzi, Fabián Fay.

Laboratorio Central, Ministerio de Salud de la provincia de Córdoba: Gabriela Barbás, Gonzalo Castro, Paola Sicilia y Laura López.

Instituto de Virología “Dr. J. M. Vanella” Facultad de Ciencias Médicas - Universidad Nacional de Córdoba: Viviana Ré, María Belén Pisano.

Centro de Tecnología en Salud Pública (CTSP), Facultad de Ciencias Bioquímicas y Farmacéuticas (FCByF)-Universidad Nacional de Rosario (UNR) y Hospital Provincial del Centenario (Rosario, provincia de Santa Fe): Ana Laura Cavatorta, Julián Acosta, Eduardo Codino, María Belén Martí, Lucía Moriena, Alejandra Asueta, Laureana Villarreal, Ailén Ponzi, Camila Bogado, Lucía Porfiri, Paula Díaz Viñuela, Florencia Dassie, Milca Bordón, Mauro Balseiro. IDICER-CONICET-UNR: Spinelli Silvana.

Laboratorio Central (Santa Fe, provincia de Santa Fe): Carlos Pastor; Guillermo Ojeda; Gabriela Rompató; Viviana Mugna.

Laboratorio del Hospital “Jaime Ferré” SAMCO Rafaela (provincia de Santa Fe): Verónica Pandolfi, Juan Franco Quaranta, Cristina Isaías.

Laboratorio de la Dirección de Epidemiología (Santa Rosa, provincia de La Pampa): Claudia Rechimont, José Carlos Usero, Matías Villasana.

Laboratorio Central de Neuquén, Ministerio de Salud (Neuquén, provincia de Neuquén): Luis Pianciola, Melina Mazzeo, Beatriz Carolina Pinto, María Cecilia Ziehm, María Ailén Fernández.

Servicio de Inmunología del Hospital Perrando e Instituto de Medicina Regional de la UNNE (Resistencia, provincia de Chaco): María Delia Foussal; Gerardo Deluca; Gustavo Giusiano; Horacio Lucero y Marcelo Marin.

Laboratorio Central de Salud Pública de Provincia de Chaco (Resistencia, provincia de Chaco):

Natalia Andrea Ayala y María Verónica Gómez, Erica Struss, Esteban Paredes.

Hospital Pediátrico Dr. Avelino Castelan (Resistencia, provincia de Chaco):

Marino Goia, Lopez María Cecilia, Gili Andrea.

Laboratorio de Virología del Hospital JJ Urquiza (Concepción del Uruguay, provincia de Entre Ríos):

Manuel Arca, Agustina Bonnet, Florencia Rojas, Marlene Giraldes, Alejandra Lezica, Florencia Rojas, Jessica Carrocino, Luis Fick, Magalí Roller, Betiana Paucar, Florencia Garelli, Sabrina Cerutti, Fernando Gadea, Facundo Punzi, Francisco Arca, Anabella Gimenez, Florencia Rodríguez

Laboratorio de biología molecular del Hospital Centenario (Gualetzuaychú, provincia de Entre Ríos):

Gustavo Levin, Débora Kesselman, Paulina Melchiori, Leticia Siri, Ignacio Bourlot.

Instituto de Investigaciones Biomédicas en Retrovirus y Sida, CONICET-UBA (CABA):

Adamczyk Alan, Alves Camila, Arruvito Lourdes, Azzolina Rolon Sabrina, Belauzarán Laura, Benencio Paula, Berardino Bruno, Berini Carolina, Biglione Mirna, Blond Oliver, Budziński Maia, Cabrerizo Gonzalo, Cairolí Victoria, Carobene Mauricio, Cassime Silvia, Cassime Ricardo, Ceballos Ana, Cevallos Cintia Gisela, Czernikier Alejandro, Delpino María Victoria, Di Diego García Facundo, Duarte Alejandra, Ducasa Nicolás, Elía Andrés, Elizalde María Mercedes, Erdocia Mariana, Fabiano, Martina, Fava Agustina, Felder Leandro, Flichman Diego, Fontecha María Belén, Friedrich Adrián David, Fuchs Wighman Federico, Gatti Ramiro Daniel, Geffner Jorge, Ghiglione Yanina Alejandra, Giannone Denise Anabella, Girotti Romina, Giusti Sebastián, Gómez Claudio, Gonzalez Polo Virginia, Hermida Alava Katherine, Holgado María Pia, Laufer Natalia, Leicaj Luz, Longueira Yesica, Lopez Malizzia Alvaro, Manselle Cocco Montana, Mansilla María Agustina, Marin Franco Jose, Massillo Cintia, Mazzitelli Ignacio, Melucci Ganzarain Claudia, Meneghini María Agustina, Molina María Carolina, Montesano Fernando, Morando Nicolás, Ostrowski Matías, Pampuro Sandra, Paletta Ana Luz, Pando María, Pascuale Carla, Penas Federico, Pérez Paula, Piccardo Claudio, Perialisi Azul, Pippo Mónica, Polo María Laura, Quiroga Cecilia, Quiroga Florencia, Ramirez Ezequiel, Remes Lenicov Federico, Rodriguez Jimena, Sabatté Juan, Salomón Horacio, Salvatori Melina, Sananes Inés, Santilli Cecilia, Sede Mariano, Seery Vanesa, Sierra Jessica Mariel, Sonzogni Silvina, Speroni Micaela, Trifone César, Trotta Aldana, Turk Gabriela, Varese Augusto, Vellón Luciano, Vera Aguilar Douglas, Vergara Maricef, Vernerí Paula, Waisman Ariel Witteveen Camila.

Fondos:

Proyecto IP COVID-19 N°08, Focem (FONDO PARA LA CONVERGENCIA ESTRUCTURAL DE MERCOSUR) COF 03/11 Covid-19.

REFERENCIAS:

1. https://www.gub.uy/ministerio-salud-publica/sites/ministerio-salud-publica/files/2021-09/Situaci%C3%B3n%20Delta%20-%2017_09_2021.pdf
2. <https://www.mspbs.gov.py/portal/23968/sigamos-cuidandonos-reportan-mas-casos-de-delta-en-paraguay.html>

3. https://vigilancia.ispch.gob.cl/app_direct/varcovid/
4. <http://www.genomahcov.fiocruz.br/dashboard/>