

## Reporte N°29: Vigilancia activa de variantes de SARS-CoV-2 en la CABA, provincias de Buenos Aires, Chaco, Neuquén, Santa Fe y Tierra del Fuego. Actualización al 05/01/2022.

Primer análisis evolutivo de la variante Omicron de Argentina (en conjunto con el Laboratorio Nacional de Referencia de Enfermedades Respiratorias Virales y el Centro Nacional de Genómica del ANLIS Malbrán).

### RESUMEN

Con el objetivo de estudiar las variantes circulantes del virus SARS-CoV-2 en el período comprendido entre el 01/10/21 y el 31/12/21, se analizaron un total de 1534 muestras, de las cuales 1082 fueron seleccionadas al azar y corresponden a individuos sin antecedente de viaje al exterior o contacto estrecho con viajeros: 431 correspondieron a casos de la CABA, Gran Buenos Aires y alrededores y Gran La Plata, 123 a la provincia de Buenos Aires (no AMBA), 41 a la provincia de Chaco, 92 a la provincia de Tierra del Fuego, 127 a la provincia de Neuquén y 268 a la provincia de Santa Fe. Las 452 muestras restantes correspondieron a casos especiales (nexo con viajero y confirmación de casos detectados por la técnica de RT-qPCR específica para variantes o estudios especiales). En 745 casos se realizó la secuenciación completa del genoma del SARS-CoV-2.

En total, se identificó la variante Alpha en 17 casos, Gamma en 64 casos, Lambda en 107 casos y Delta en 1140 casos. Por último, la variante Omicron se detectó en 203 casos, la mayoría de estos corresponden a infecciones adquiridas en la comunidad.

A la fecha, sobre un total de 6790 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: Gamma en 2379 casos, seguida de Delta en 1392 casos, Lambda en 1200 casos, Alpha en 344 casos, Mu en nueve casos y Omicron en 203 casos.

En este reporte, se detectó la variante Omicron en casos de infecciones adquiridas en la comunidad y seleccionadas al azar en la SE 50 en la CABA (7,7%) y en la provincia de Santa Fe (12,1%), alcanzando el 50% de los casos secuenciados en la SE 51 en ambas jurisdicciones. En la provincia de Tierra del Fuego en la SE51 se detectó en el 61,9%, alcanzando el 87,3% en la última SE del 2021.

Asimismo, en el periodo analizado en este reporte, la variante Delta ha sido la única variante detectada en circulación comunitaria en la región GBA (hasta las SE 49-50) y en las provincias de Neuquén (hasta las SE 47-48) y Chaco (hasta la SE 51). En estas últimas jurisdicciones hasta las SE analizadas, la variante Omicron fue detectada en casos esporádicos, muchos de los cuales tienen antecedente de viaje al exterior o a alguna provincia argentina con circulación comunitaria de esta variante.

El análisis evolutivo de la variante Omicron mostró que todas las secuencias de Argentina correspondieron al linaje derivado BA.1, que es el más extendido a nivel mundial. A su vez, se observaron múltiples introducciones al país, aunque aún con limitados eventos de diversificación.

El análisis evolutivo de la variante Delta mostró que los linajes derivados AY.20, AY.25, AY.75, AY.100 y AY.103 constituyeron el 85% de los linajes detectados en nuestro país en el periodo desde el 4 de julio a 8 de noviembre del 2021. Estos linajes derivados se encuentran asociados principalmente con muestras de los Estados Unidos, México, Brasil y Perú, entre otros.

Los resultados aquí presentados están en consonancia con la situación epidemiológica observada en varios países del mundo, caracterizada hasta el momento por un incremento abrupto de la frecuencia de detección de la variante Omicron, en simultáneo con el reporte de un número muy elevado de casos de detección de SARS-CoV-2 asociados a nuevas olas de infecciones a nivel mundial.

### **Contexto epidemiológico**

En el último semestre, la variante de preocupación (VOC) Delta (linaje B.1.617.2) se ha propagado a múltiples países, causando nuevas olas de infecciones en todo el mundo, llegando a ser predominante en muchos países, incluyendo a los latinoamericanos. Tanto en Argentina, como en Brasil y Chile, la variante Delta se mantuvo como predominante durante los meses de octubre y noviembre de 2021, pero la tendencia comenzó a cambiar con la irrupción de la variante Omicron (1). La variante Delta se ha diversificado en decenas de linajes derivados, denominados como AY.1-AY.133 (2).

El 26 de noviembre de 2021 la OMS clasificó a la variante Omicron como una nueva VOC. Esta variante presenta un gran número de mutaciones distribuidas asimétricamente a lo largo del genoma. Particularmente, incluye entre 26 y 32 mutaciones en la región que codifica para la proteína *Spike*. La mayoría de las secuencias genómicas de Omicron disponibles incluyen una delección en la posición 69-70 de esta proteína que puede causar una falla en algunos ensayos de PCR que tienen como blanco del gen de esta proteína, lo que se conoce como *S-Gene Target Failure* (SGTF). Este marcador, compartido tanto para las variantes Omicron como Alpha, ha facilitado su vigilancia a nivel global.

Al 3 de enero del 2022, la variante Omicron se ha identificado en 132 países, en muchos de ellos con circulación comunitaria y en cada vez más países se constituye como la variante de mayor prevalencia. En Latinoamérica, Omicron ha sido reportada en todos los países excepto Bolivia. En algunos como Argentina, Chile, Brasil y Uruguay ya se detectan casos de transmisión comunitaria y aunque hasta la fecha aún no representa la variante dominante en la región, esta situación podría cambiar en el término de pocas semanas. Omicron se está propagando significativamente más rápido que la variante Delta. En algunos países con transmisión comunitaria, su tasa de duplicación oscila entre 2 y 3 días. Esta característica podría atribuirse, en parte a una mayor transmisibilidad y también a un potencial de escape inmunológico a los anticuerpos neutralizantes (3). Varios estudios *in vitro* indican pérdida de capacidad de neutralización contra Omicron en sueros de individuos que han recibido vacunación primaria o en aquellos que han tenido una infección previa por SARS-CoV-2 (4). En este mismo sentido, la efectividad vacunal frente a las infecciones sintomáticas disminuye significativamente para Omicron en comparación con Delta, sin embargo, la protección contra la hospitalización es mucho mayor que contra la enfermedad sintomática, en particular después de una dosis adicional o de refuerzo (5). La información sobre gravedad clínica asociada a infecciones con Omicron también es limitada, aunque los datos de Sudáfrica (6), Reino Unido (7) y Dinamarca sugieren un riesgo reducido de hospitalización en comparación con Delta.

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 variantes y sus análisis evolutivos, el Consorcio Argentino de Genómica de SARS-CoV-2 realizó la **secuenciación parcial del gen que codifica para la proteína Spike de SARS-CoV-2 en 1534 muestras y la secuenciación del genoma completo en 745 muestras obtenidas entre el 01/10/21 y el 31/12/21 de individuos residentes en la AMBA, PBA, Neuquén, Chaco, Córdoba, Tierra del Fuego y Santa Fe**, a través de los nodos de secuenciación del Laboratorio de Virología del Hospital de Niños Ricardo Gutiérrez (HNRG) (CABA), el Laboratorio UGB-INTA (Castelar, PBA), el Laboratorio IACA (Bahía Blanca, PBA), el Laboratorio Central de Neuquén (Pcia. de Nqn), el 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), de los laboratorios de HRU, UNTDF y CADIC-CONICET (Pcia. de Tierra del Fuego), de los laboratorios del IPAVE-INTA-CIAP y la Fundación para el Progreso de la Medicina (Pcia. De Córdoba) y del IMR de Resistencia (Pcia. de Chaco)

De las 1534 muestras analizadas, la mayoría (1082) corresponden a personas sin antecedente de viaje al exterior o contacto estrecho con viajeros, mientras que, 452 correspondieron a selecciones especiales (nexo con viajeros, confirmación de casos detectados por la técnica de real time específica para variantes, o estudios especiales en personal estratégico vacunado).

**En este reporte se realiza el primer análisis evolutivo genómico de la variante Omicron en la Argentina estudiando 122 genomas provenientes de San Luis, Córdoba, Santa Fe, CABA, PBA, Tierra del Fuego y Chaco. En esta oportunidad se realizó un trabajo en conjunto con el Laboratorio Nacional de Referencia de Enfermedades Respiratorias Virales y el Centro Nacional de Genómica del ANLIS Malbrán.**

**Asimismo, se presenta un análisis evolutivo de la variante Delta en la Argentina para determinar el ingreso y establecimiento del linaje B.1.617.2 y sus derivados que han circulado durante la segunda ola de la COVID-19 en nuestro país.**

### **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 diferentes regiones del país, seleccionando al azar entre el 2,5-70% del total de los casos positivos detectados la semana previa. Este amplio rango de porcentajes de casos secuenciados se debe a que el porcentaje de positividad ha ido aumentando durante el periodo de análisis que abarca este reporte (sobre todo en las últimas 4 SE), por lo que la capacidad máxima de procesamiento semanal de cada nodo y el valor epidemiológico del muestreo en cada caso hizo que varíe el porcentaje de muestras seleccionadas para secuenciar.

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, Mercedes; provincias de Santa Fe, Neuquén y Chaco.

### **RESULTADOS:**

Se analizó la presencia de variantes en un total de 1534 muestras de individuos residentes en la CABA, PBA, Córdoba, Chaco, Neuquén, Tierra del Fuego 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 745 muestras (Tabla 1).

Aclaración: todos los casos asociados a variantes de preocupación o de interés fueron informados 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. De esta manera, todos los datos generados por el proyecto PAIS, son utilizados por el Ministerio de Salud de la Nación para realizar los informes técnicos de la SITUACIÓN DE NUEVAS VARIANTES SARS-CoV-2 EN ARGENTINA (<https://www.argentina.gob.ar/coronavirus/informes-diarios/vigilancia-genomica>).

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. En la Figura 1 se muestra el número de muestras secuenciadas e informadas en este reporte por semana epidemiológica.

Respecto de las regiones analizadas en forma semanal en las **Tablas 2-8 y Figuras 2-13** 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 región 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 de la vigilancia activa de variantes con muestreos regulares:

- En la CABA se observó un incremento de detección de la variante Delta del 87,1% en las SE 41-42 (10 al 23 de octubre del 2021) al 100% en las SE 45-46, predominancia que se mantuvo hasta la SE 49 (5 al 11 de diciembre de 2021). Estos datos son concomitantes con el aumento de positividad de detección de SARS-CoV-2 en los laboratorios centinela. En la SE 50 comenzó de detectarse la variante Omicron en un 7,7% de los casos analizados, que rápidamente subió al 50% en la semana siguiente (SE 51, del 19 al 25 de diciembre de 2021).
- En el GBA, similar a lo observado en la CABA, se observó predominancia de la variante Delta en las SE 41-42 con el 86,2%, que subió al 100% en las SE 45-46 y se mantuvo hasta las SE 49-50 (5 al 18 de diciembre de 2021). La variante Omicron se detectó en la SE 51 en dos casos de cuatro analizados, uno en GBA Oeste (Morón) y el otro en el GBA Sur (Avellaneda). Cabe destacar que se analizaron pocas muestras del GBA durante la última semana del 2021.
- En La Plata, se detectó el ingreso de Omicron en la SE 51 con 2/9 casos sin antecedente de viaje al exterior reportado.
- Para el resto de la PBA, entre el 7/10 y el 23/12 de analizaron un total de 123 casos de los cuales 109 (88,6%) correspondieron a la variante Delta. Como casos particulares de destacar:
  - En Mercedes se detectó un caso de Omicron en la SE 50 sin antecedente de viaje ni nexo con viajero.
  - En Magdalena se detectó un caso de Omicron en la SE 51 sin antecedente de viaje ni nexo con viajero.
  - En la ciudad de Bahía Blanca, durante el periodo analizado y concomitante con el incremento de la positividad observada, se detectó un cambio de circulación de variantes, con presencia de variantes Gamma (37,5%) y Lambda (50%) principalmente hasta las SE 37-

40 a la variante Delta (100%) en las SE 49-50 (4 al 17 de diciembre de 2021). En la SE 51 (18 al 24 de diciembre de 2021) se detectó la variante Omicron ya con un porcentaje del 38,5%.

- En la provincia de Santa Fe, la vigilancia activa de variantes a través del análisis de secuencias parciales de Spike y de genomas completos, permitió determinar que en las SE 41-42 la variante Delta ya prevalecía por sobre Gamma y Lambda con el 56,8% de los casos. Delta continuó siendo la mayoritaria con el 100% de los casos secuenciados en las SE 49. En la SE 50 se comenzó a detectar Omicron en el 12,1% de los casos, porcentaje que subió al 50% en la SE 51.
- En la provincia de Neuquén en el último reporte se había informado el desplazamiento de las variantes Gamma y Lambda por Delta desde las SE 41-42 con una frecuencia del 47,4% para esta última. En este reporte hasta las SE 47-48 (muestras del 20 de noviembre al 3 de diciembre de 2021) la variante Delta constituyó el 100% de los casos detectados en la provincia.
- En la provincia de Chaco, en las SE 39-42, se observó co-circulación de las variantes Gamma (41,7%) y Lambda (58,2%). Ya en las SE 43-46 Delta comienza a ser detectada con el 78,6% de los casos, para pasar a ser el 100% en las SE 47-51. Cabe destacar que para ese tiempo se secuenciaron todos los casos positivos detectados en los Hospitales participantes de la provincia.
- En la provincia de Tierra del Fuego se observó una epidemiología diferente al resto del país. Entre las SE 30-37 la variante Gamma fue la única detectada con sólo 13 casos secuenciados, coincidente con un bajo porcentaje de detección de casos positivos de SARS-CoV-2 en la provincia. Luego en las SE 38-41 sorpresivamente se vuelven a detectar casos de variante Alpha junto con la variante Gamma, y ya en las SE 42-45 (17 de octubre al 13 de noviembre de 2021) se detecta solo la variante Alpha en los 12 casos secuenciados, posiblemente derivados de casos de circulación previa en junio del 2021 (SE 22-26) en la provincia (análisis evolutivos en progreso) (Tabla 7). Posteriormente, en la SE 51 comenzó a detectarse la variante Omicron (61,9%) junto con Delta, porcentaje que subió al 87,3% en la última semana del 2021 (SE 52). Estos datos son coincidentes con un aumento significativo de casos en la provincia.

**Con respecto a los casos de selección dirigida** en la Tabla 1 se muestran las variantes de interés por fecha y localidad detectadas en el periodo analizado. Es importante aclarar que aquellos casos detectados por RT-qPCR específica para variantes y secuenciados, sin antecedente de viaje ni nexo con viajeros, constituyen también casos adquiridos en la comunidad, pero no aportan a los porcentajes de circulación de variantes expresados en las Tablas 2-8 ni en las Figuras 2-13, dado que su secuenciación fue realizada con fines confirmatorios.

En la Tabla 1 se observa que hay 97 casos de la variante Omicron detectadas durante el periodo informado.

- En la PBA (No AMBA) se reportan cinco casos, de los cuales tres fueron detectados en Bolívar porque presentaron *SGTF* con el kit de TaqPath de ThermoFisher. Las mismas no tienen nexo con viajes internacionales, pero sí con viajes a distintas localidades argentinas como Cariló, Carlos Casares en la PBA y Córdoba. Otro caso corresponde a la ciudad de Bahía Blanca con antecedente de viaje al exterior y el último a Mercedes con antecedente de viaje a USA (ambos en SE 51).

- En CABA se detectaron tres casos de los cuales uno tiene nexo con viajeros internacionales y dos fueron detectados por RT-qPCR específica de variantes. Estos dos últimos corresponden a casos de circulación comunitaria.
- En la provincia de Chaco se detectaron tres casos, de los cuales dos tienen antecedente de viaje al exterior (Paraguay y España) y uno con antecedente de viaje a Córdoba.
- En la provincia de Mendoza se detectó un caso por la técnica RT-qPCR de variantes correspondiente a un caso importado desde Panamá.
- Se detectaron 11 casos de la provincia de Santa Fe por la técnica RT-qPCR de variantes o *SGTF* con el kit de TaqPath de ThermoFisher, de los cuales tres tienen antecedente de viaje al exterior.
- Se reportan 73 casos de Omicron en la provincia de Córdoba detectados por la técnica RT-qPCR de variantes, método que se utiliza en el Laboratorio central de Córdoba para hacer la vigilancia de variantes en tiempo real. Estos casos pertenecen a distintos brotes de la provincia de Córdoba de los cuales se obtuvo el genoma completo para realizar los análisis evolutivos (descriptos más adelante).

**Por otro lado, en este reporte se integra información de la provincia de Santa Fe producida por la Laboratorio Central de la ciudad de Santa Fe:**

En el Laboratorio Central de la Ciudad de Santa Fe, se está realizando la caracterización de variantes mediante RT-qPCR con sondas específicas para las diferentes variantes (ThermoFisher). Con este kit se han analizado todos los casos positivos de la zona centro y norte de la provincia de Santa Fe durante los meses de octubre, noviembre y hasta el 23 de diciembre del 2021, a partir del cual el volumen de casos positivos hizo imposible su total tipificación por esta metodología. Luego, en un porcentaje al azar de los casos detectados se utilizó el kit TaqPath® COVID-19 de ThermoFisher para la tipificación de la variante Omicron, valiéndose de la *SGTF* que presenta la misma y que fuera descrita previamente en este reporte como una de sus características.

Las muestras correspondieron a las localidades de Alejandra, Arroyo Ceibal, Avellaneda, Barrancas, Calchaqui, Candiotti, Carlos Pellegrini, Cayasta, Centeno, Ceres, Coronda, Crespo, El Trebol, Emilia, Esperanza, Felicia, Franck, Galvez, Grutly, Helvecia, Hersilia, La Pelada, Laguna Paiva, Las Toscas, Llambi Campbell, Maciel, Marcelino Escalada, Nelson, Nuevo Torino, Pilar, Progreso, Providencia, Rafaela, Reconquista, San Carlos, San Cristobal, San Javier, San Jerónimo Norte, San Justo, San Mariano, Santa Fe, Santa Rosa, Santo Tome, Sarmiento, Sastre, Suardi, Tostado, Videla, Villa Ana, Villa Ocampo, Villa Trinidad.

En la Tabla 9 y Figura 14 se muestran los resultados y se observa como en la zona centro y norte de Santa Fe para la SE 52 (26 al 31 de diciembre de 2021) la variante Omicron ya se detectaba con una frecuencia del 66,7%.

La realización de este tipo de caracterización ha permitido seguir las proporciones de circulación de cada una de las variantes durante el periodo mencionado. A su vez, ha permitido la detección temprana de variantes de preocupación y su selección para secuenciación y caracterización genómica, como se muestra en los demás apartados de este reporte.

## **Análisis evolutivo de la varianteOMICRON:**

### **Análisis de la introducción de Omicron en Argentina**

Se analizó un total de 122 secuencias del genoma completo de la variante Omicron detectadas en Argentina, de las cuales 106 fueron secuenciadas en distintos nodos del Proyecto PAIS y 16 en el Laboratorio Nacional de Referencia de Enfermedades Respiratorias Virales y el Centro Nacional de Genómica del ANLIS Malbrán. De las 122 secuencias, una es de San Luis, 23 son de Santa Fe; tres de Chaco, ocho de la CABA, una de la PBA, una de Tierra del Fuego y 85 de Córdoba.

Respecto de los antecedentes epidemiológicos de los 122 casos secuenciados, uno corresponde a un viajero internacional que arribó a la provincia de San Luis proveniente de Sudáfrica y constituyó el primer caso de la variante Omicron detectado en la Argentina. El caso fue detectado a través de la técnica de RT-qPCR desarrollada en esa provincia y posteriormente confirmada por secuenciación genómica en el INEI-ANLIS Malbrán. Luego se analizaron casos con antecedente de viaje al exterior o nexo con viajeros: uno de Tierra del Fuego, tres casos de la CABA, uno de la PBA dos de Santa Fe y dos de Chaco. De esta última provincia se analizó un caso con antecedente de viaje a la provincia de Córdoba. El resto de los casos analizados de las mencionadas provincias corresponden a casos adquiridos en la comunidad.

Respecto de los casos analizados de la provincia de Córdoba, se secuenciaron 85 casos correspondientes a los brotes que se describen a continuación:

El primer caso se detectó el 7 de diciembre de 2021 en un viajero procedente de Dubai, Emiratos Árabes Unidos, con escala en España, que ingresó al país el 2 de diciembre de 2021 con su familia. A partir de este caso, se detectaron 7 casos más, generando un brote intrafamiliar y algunos casos relacionados en Colonia Caroya. Por otro lado, el 13 de diciembre de 2021 se identificó otro caso positivo para Omicron en una persona procedente de Estados Unidos, hermana de una estudiante que egresó y participó de la primera fiesta en la que se registraron los primeros casos asociados a esta variante. A partir de ese momento, se detectaron más de 100 casos confirmados de Omicron en asistentes a distintos eventos masivos. En las semanas subsiguientes se detectó un abrupto aumento de casos y circulación comunitaria de esta variante en la provincia.

En el análisis filogenético se observó que todas las secuencias de Argentina correspondieron al linaje derivado BA.1, que es el más extendido a nivel mundial.

A su vez, se observó que todos los casos asociados con viajes internacionales se relacionaron con secuencias de distintos países, lo que es compatible con la información epidemiológica disponible (Figura 15). Respecto a los brotes de la provincia de Córdoba, se observó que, por un lado, las secuencias de los casos de Colonia Caroya formaron un grupo junto con algunas secuencias del exterior que incluyó a su caso índice procedente de Dubai, Emiratos Árabes Unidos. Por otro lado, no habría evidencia de que las secuencias obtenidas a partir de los casos asociados con eventos masivos correspondan a una sola introducción a la provincia asociada al primer caso detectado proveniente de los Estados Unidos, dada la distribución de las secuencias en al menos dos grupos genéticos (Figura 15).

Cabe destacar que la diversificación de la variante Omicron es aún limitada a pesar de haberse propagado extensamente a nivel mundial. Estudios posteriores con secuencias de Argentina permitirán analizar en detalle cuáles grupos se han establecido o se establecerán en las distintas regiones de nuestro país.

## **Análisis evolutivo de la variante DELTA:**

### **Análisis del ingreso y establecimiento del linaje B.1.617.2 y sus derivados:**

Se realizó un análisis evolutivo de un total de 560 secuencias del genoma completo de la variante Delta de SARS-CoV-2, incluyendo 125 secuencias argentinas y 435 secuencias obtenidas de la base de datos GISAID. El árbol filogenético (Figura 16) muestra la relación entre las secuencias de Argentina pertenecientes a los diferentes linajes derivados del linaje B.1.617.2 obtenidas a partir de muestras de diferentes regiones del país.

El análisis filogenético permitió determinar que se observaron múltiples introducciones de Delta y grupos monofiléticos de secuencias de Argentina sin nexo epidemiológico conocido, lo que indicó la introducción, establecimiento y transmisión local de la variante en nuestro país. Se observaron grupos que sugieren cadenas de transmisión dispersas a nivel regional o entre provincias distantes (como las provincias de Buenos Aires, Chaco y Mendoza, Figura 16(a)) o circunscritas a una o pocas jurisdicciones (como CABA y la provincia de Santa Fe, Figura 16 (b)).

Los linajes derivados AY.20, AY.25, AY.75, AY.100 y AY.103 constituyeron el 85% de los linajes detectados de la variante Delta en nuestro país en el periodo desde el 4 de julio a 8 de noviembre del 2021 (Figura 17). Estos linajes derivados se encuentran asociados principalmente con muestras de los Estados Unidos, México, Brasil y Perú, entre otros.

## **CONCLUSIONES**

En este reporte se describe la circulación de variantes de SARS-CoV-2 en las últimas semanas epidemiológicas de la segunda ola y el inicio de la tercera ola de la COVID-19 en Argentina.

La segunda ola ha sido impulsada principalmente por las variantes Gamma y Lambda, entre las SE 9 y SE 36 del 2021, y luego dominada por la variante Delta desde las SE 39-40 hasta la SE 48 (27 de noviembre al 3 de diciembre de 2021, periodo en el cual la segunda ola se encontraba casi finalizada).

En el periodo analizado, la variante Delta ha sido la única variante detectada en circulación comunitaria en la región GBA (hasta las SE 49-50) y en las provincias de Neuquén (hasta las SE 47-48), Chaco (hasta la SE 51). En estas últimas jurisdicciones hasta las SE analizadas, la variante Omicron fue detectada en casos esporádicos, muchos de los cuales tienen antecedente de viaje al exterior o a la provincia de Córdoba, con circulación comunitaria de esta variante.

Asimismo, se detectó la variante Omicron en casos de infecciones adquiridas en la comunidad y seleccionadas al azar en la SE 50 en la CABA (7,7%) y en la provincia de Santa Fe (12,1%), alcanzando el 50% de los casos secuenciados en la SE 51 en ambas jurisdicciones. A su vez en la región centro y norte de provincia de Santa Fe, la variante Omicron alcanzó el 66,7% de los casos en SE 52, según datos obtenidos por el Laboratorio Central de la ciudad de Santa Fe mediante análisis de tipificación por RT-qPCR. En la provincia de Tierra del Fuego, se detectó un ingreso abrupto de Omicron en la SE 51 con el 61,9% de los casos secuenciados, llegando al 87,3% de los casos en la última semana del 2021 (SE 52).

El análisis evolutivo de la variante Omicron mostró que todas las secuencias de Argentina correspondieron al linaje derivado BA.1, que es el más extendido a nivel mundial. A su vez, se observaron múltiples introducciones al país, aunque aún con limitados eventos de diversificación.

Los resultados aquí presentados están en consonancia con la situación epidemiológica observada en varios países del mundo, caracterizada por un incremento abrupto de la frecuencia de detección de la variante Omicron en simultáneo con el reporte de un número muy elevado de casos de SARS-CoV-2 asociados a nuevas olas de infecciones a nivel mundial.

En este momento, Argentina transita una tercera ola, que, según nuestros resultados, inicialmente se encontró asociada a la variante Delta y más recientemente al ingreso y propagación de Omicron. Esta nueva ola de infecciones probablemente se deba a causas multifactoriales que incluyen desde la relajación de las medidas de cuidado en la población, el aumento de reuniones sociales por fin de año, el mayor ingreso individuos desde el exterior, hasta características intrínsecas de mayor transmisibilidad y probable evasión de la respuesta inmune de la variante Omicron.

Hasta el momento, la vigilancia activa de las variantes de SARS-CoV-2 realizada sobre un total de 6790 muestras de la CABA, provincias de Buenos Aires, Chaco, Córdoba, Neuquén, La Pampa, Santa Fe, Río Negro, Mendoza, Misiones, San Luis, Tierra del Fuego y Entre Ríos (Reportes N°9 a 29) obtenidas entre el 26/10/2020 al 31/12/2021 permitió determinar la presencia de ocho variantes de interés epidemiológico en nuestro país: las variantes Alpha, Gamma, Delta, Omicron, Lambda, Mu, Zeta, Epsilon y Iota.

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.

**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	Omicron	Otras	Total
<b>AMBA</b>	<b>17-10 al 25-12</b>		<b>8</b>	<b>397</b>	<b>6</b>	<b>19</b>		<b>431</b>
CABA	18-10 al 25-12		5	256	2	15		278
GBA Norte	17-10 al 16-12			16				16
GBA Oeste	21-10 al 23-12		2	45	2	1		50
GBA Sur	19-10 al 22-12			69	2	1		72
GLP	16-11 al 22-12		1	11		2		14
Otros	15-12			1				1
<b>PBA (No AMBA)</b>	<b>07-10 al 23-12</b>		<b>2</b>	<b>109</b>	<b>5</b>	<b>7</b>		<b>123</b>
Ayacucho				2				2
Azul				14				14
Bahía Blanca				21	2	5		28
Benito Juárez				2				2
Bolívar				4				4
Bragado				6				6
Carlos Tejedor				1				1
Chivilcoy				3				3
Costa Azul				1				1
Coronel Pringles				1				1
Lamadrid				3				3
Las Flores				2				2
Lobos				12				12
Magdalena				1		1		2
Mercedes			1	20	1	1		23
San Antonio de Areco				1				1
San Bernardo			1	1				2
Santa Teresita				2				2
Suipacha				6				6
Tandil				2	2			4
Trenque Lauquen				1				1
Tres Arroyos				1				1
Urdampilleta				1				1
9 de Julio				1				1
<b>Chaco</b>	<b>15-10 al 23-12</b>		<b>1</b>	<b>34</b>	<b>6</b>			<b>41</b>
Colonia Benítez				1				1
Gral. San Martín				1				1
J. José Castelli				1				1
La Clotilde			1					1
La Escondida				1				1
P. R. Sáenz Peña				3	4			7
Resistencia				27	2			29

(continúa en la siguiente página).

PROYECTO ARGENTINO INTERINSTITUCIONAL DE GENÓMICA  
DE SARS-CoV-2

Región	Período de muestreo	Alpha	Gamma	Delta	Lambda	Omicron	Otras	Total
<b>Santa Fe</b>	<b>14-10 al 26-12</b>	<b>1</b>	<b>7</b>	<b>207</b>	<b>35</b>	<b>18</b>		<b>268</b>
Álvarez				4				4
Arequito				2	1			3
Barrancas				1				1
Calchaquí				1				1
Cañada de Gómez				2				2
Carcarañá				1				1
Casilda				11	1			12
Cayastá			1					1
Ceres				1				1
Colastiné					1			1
Coronel Domínguez				1				1
Esperanza				4	3			7
Firmat				1				1
Franck				3				3
Funes				3		1		4
Galvez				2				2
Gálvez				1				1
Laguna Paiva				2				2
Llambi Campbell				1				1
Marcelino Escalada						1		1
Nelson				1				1
Pilar				2				2
Progreso				1				1
Pueblo Esther				3				3
Rafaela			3	23		9		35
Reconquista			1	2	2			5
Roldán				10	1			11
Rosario		1		71	3			75
San Carlos				1				1
San Cristóbal				2				2
San Javier					1			1
San Jerónimo Norte					2			2
San Jerónimo Sur				2				2
San Lorenzo				2	1	1		4
Santa Fe			2	34	19	6		61
Santo Tomé				2				2
Santo Tomé				1				1
Sastre				1				1
Soldini				2				2
Sunchales				5				5
Villa Mugueta				1				1

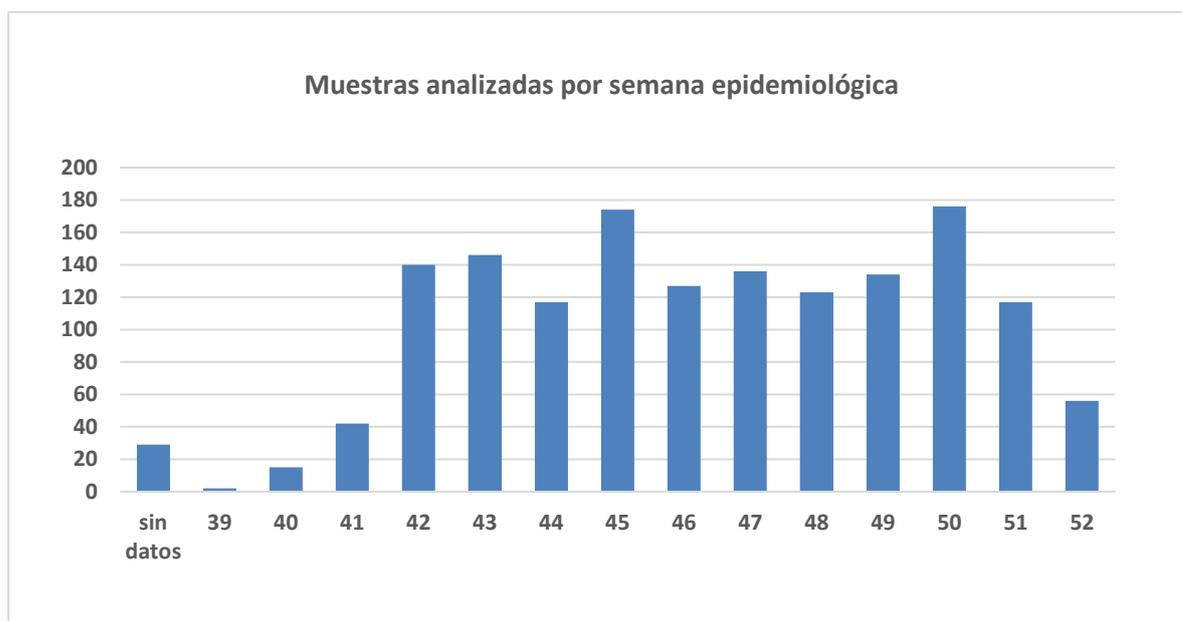
(continúa en la siguiente página).

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

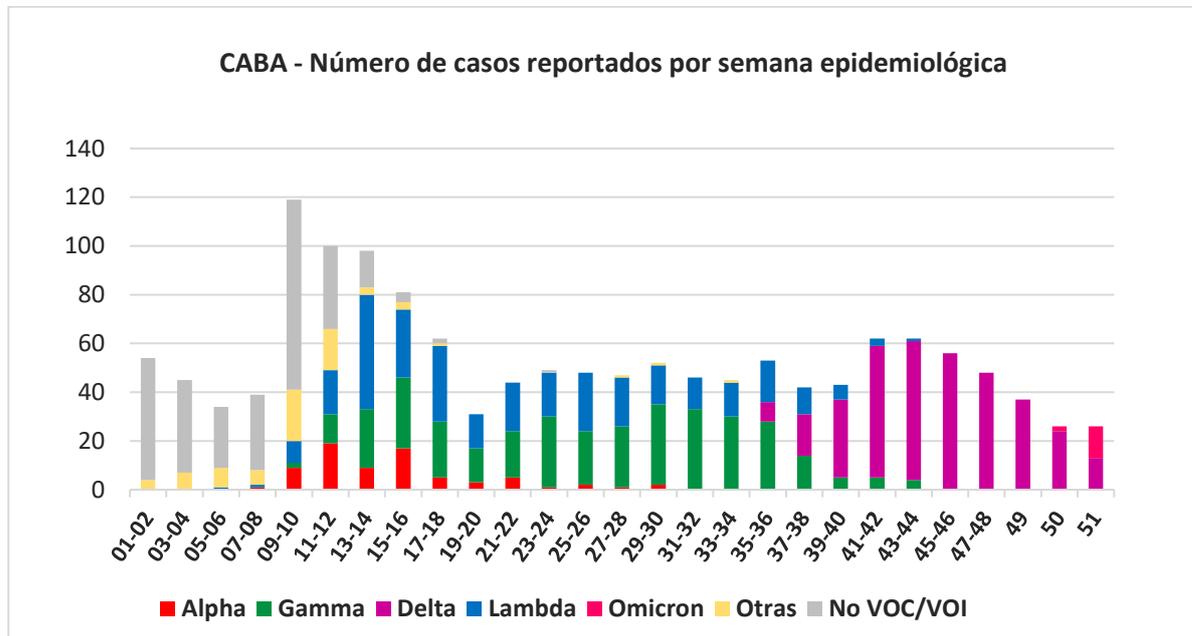
Región	Período de muestreo	Alpha	Gamma	Delta	Lambda	Omicron	Otras	Total
<b>Neuquén</b>	<b>16-10 al 09-12</b>		<b>8</b>	<b>115</b>	<b>4</b>			<b>127</b>
Aluminé				3				3
Centenario				12	2			14
Chos Malal				4				4
Cutral Co			1	2				3
Junín de los Andes				1				1
Neuquén Capital			3	55				58
Plottier			1	4				5
Rincón de los Sauces				1	1			2
San Martín de los Andes			2	18				20
San Patricio del Chañar				5	1			6
Senillosa				3				3
Villa el Chocón				3				3
Villa La Angostura			1	3				4
Zapala				1				1
<b>Tierra del Fuego</b>	<b>04-10 al 31-12</b>	<b>14</b>		<b>16</b>		<b>61</b>	<b>1</b>	<b>92</b>
Tolhuin		3						3
Ushuaia		11		7		54	1	73
Río Grande				9		7		16
<b>Selección dirigida<sup>1</sup></b>	<b>01-10 al 23-12</b>	<b>2</b>	<b>38</b>	<b>261</b>	<b>51</b>	<b>98</b>	<b>2</b>	<b>452</b>
AMBA (CABA)			5	40	1	4		50
PBA (No AMBA)				4		5		9
Chaco						3		3
Córdoba		1	16	98	39	73	2 <sup>2</sup>	229
Mendoza				1		1		2
Neuquén			2	33	1			36
Santa Fe		1	15	74	10	11		111
Tierra del Fuego				11		1		12
<b>TOTAL GENERAL</b>	<b>01-10 al 31-12</b>	<b>17</b>	<b>64</b>	<b>1140</b>	<b>107</b>	<b>203</b>	<b>3</b>	<b>1534</b>

<sup>1</sup> Selección de muestras para estudios particulares: confirmación de RT-PCR en tiempo real específica de variantes, personal de salud vacunado de la CABA y el GBA, nexos viajes nacionales (si está disponible la información) e internacionales, genomas completos de secuencias parciales seleccionadas.

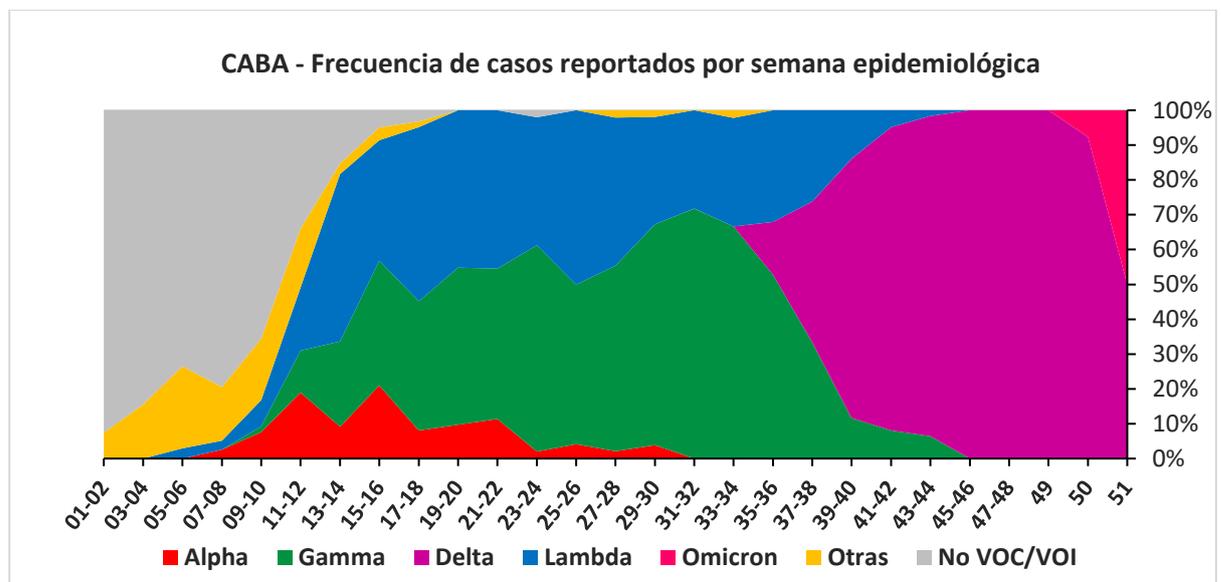
<sup>2</sup> Una Mu y una No VOC/VOI.



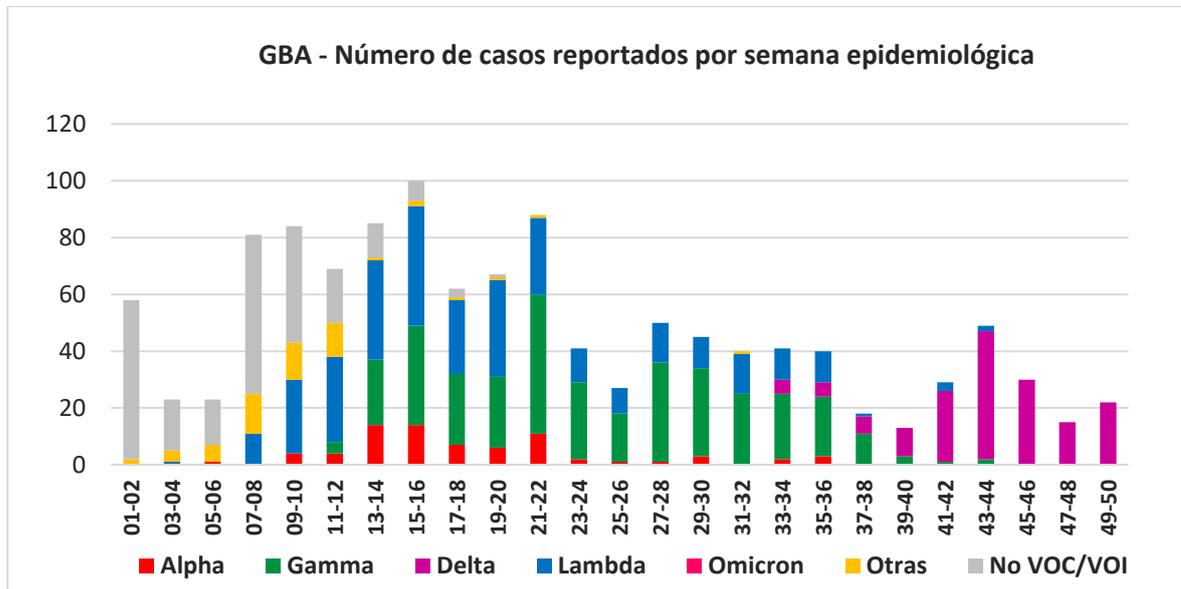
**Figura 1.** Muestras analizadas en este reporte por semana epidemiológica. Las muestras sin datos registrados corresponden a algunos casos de Selección dirigida para los que no se dispuso de información temporal certera.



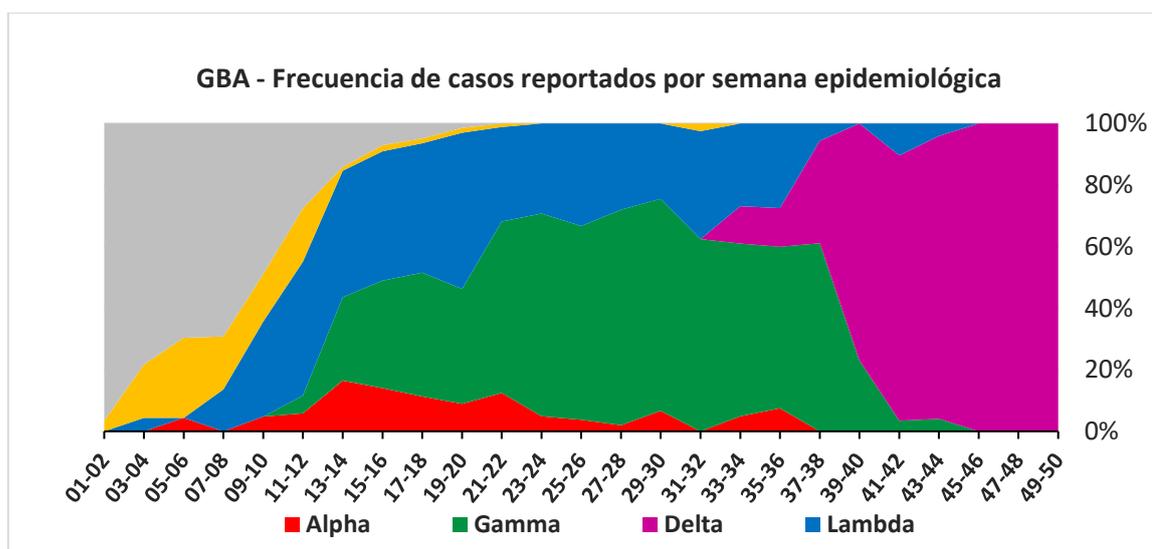
**Figura 2: Número de casos reportados por semana epidemiológica 2020-2021.** Se incluyen solamente casos provenientes de la **CABA** que no presentaron antecedentes de viaje o contacto estrecho con viajeros; en casos con nexos epidemiológico entre sí, solo se consideró uno como representativo.



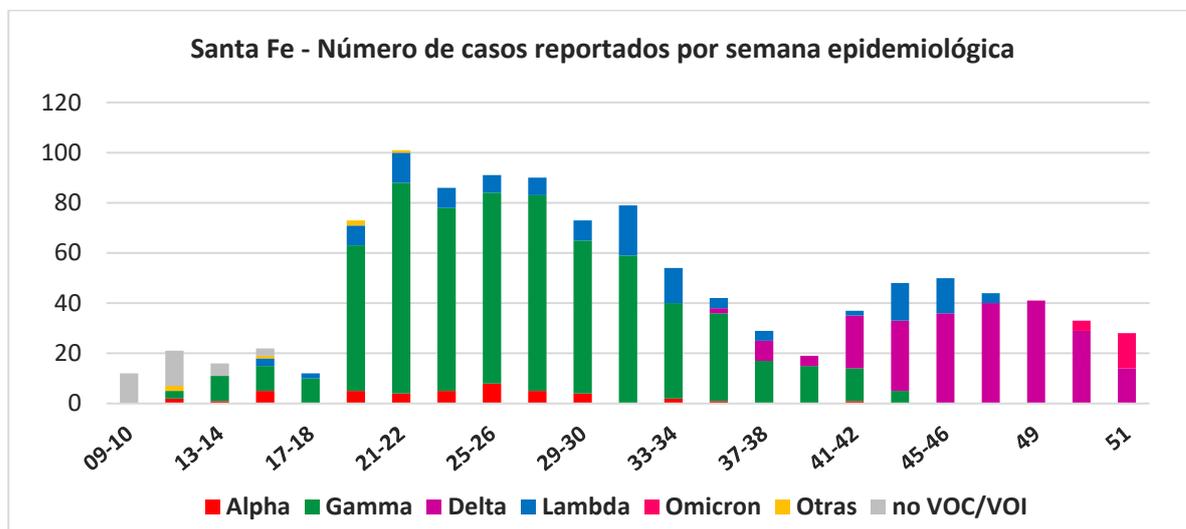
**Figura 3: Frecuencia de variantes de SARS-CoV-2 y secuencias con o sin mutaciones de interés por semana epidemiológica.** Se incluyen solamente casos provenientes de la **CABA** que no presentaron antecedentes de viaje o contacto estrecho con viajeros; en casos con nexos epidemiológico entre sí, solo se consideró uno como representativo.



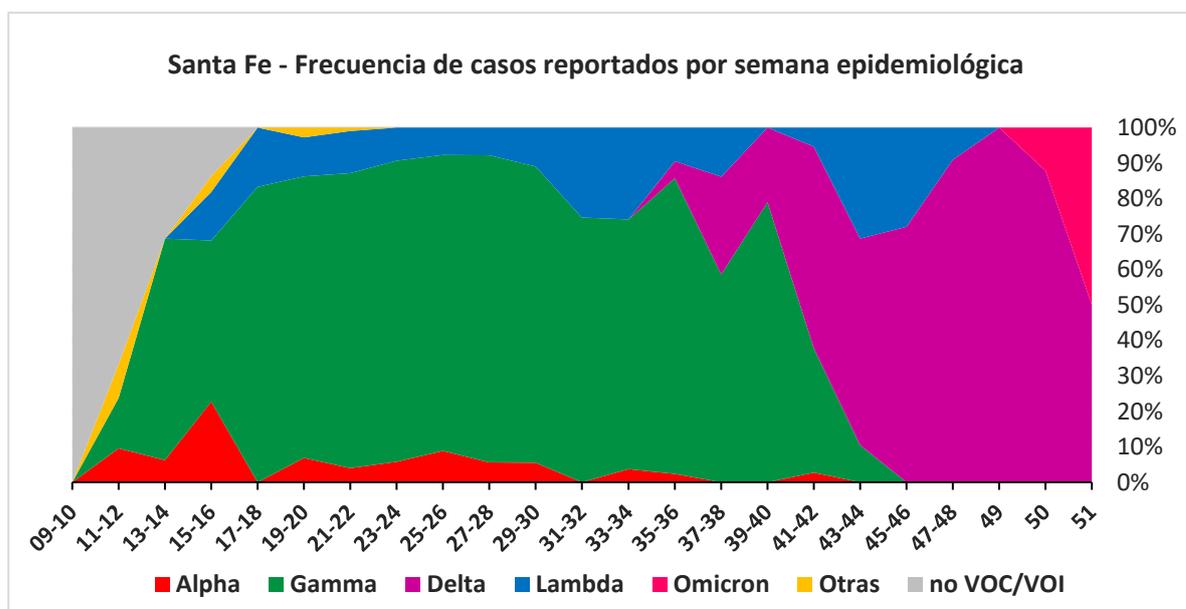
**Figura 4: Número de casos reportados por semana epidemiológica 2020-2021.** Se incluyen solamente casos provenientes del **GBA** que no presentaron antecedentes de viaje o contacto estrecho con viajeros; en casos con nexo epidemiológico entre sí, solo se consideró uno como representativo. Para esta región, la SE51 se encuentra bajo análisis al cierre de este reporte, sin embargo, hasta el momento se detectaron cuatro casos (no incluidos en las Figuras 4 y 5 al no ser representativos de la SE completa): dos Delta y dos Omicron.



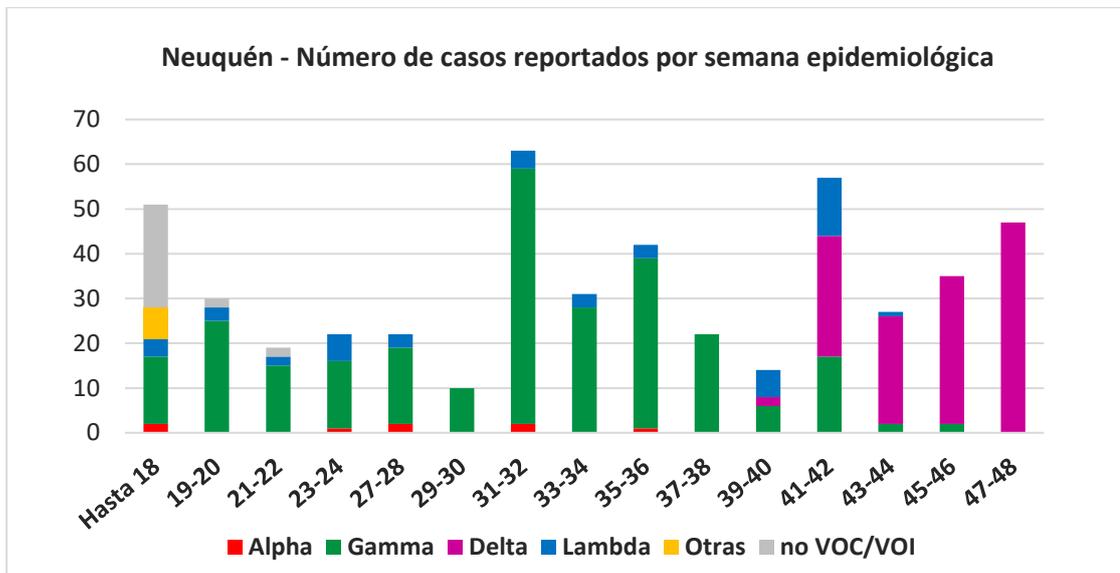
**Figura 5: Frecuencia de variantes de SARS-CoV-2 y secuencias con o sin mutaciones de interés por semana epidemiológica.** Se incluyen solamente casos provenientes del **GBA** que no presentaron antecedentes de viaje o contacto estrecho con viajeros; en casos con nexo epidemiológico entre sí, solo se consideró uno como representativo. Para esta región, la SE51 se encuentra bajo análisis al cierre de este reporte, sin embargo, hasta el momento se detectaron cuatro casos (no incluidos en las Figuras 4 y 5 al no ser representativos de la SE completa): dos Delta y dos Omicron.



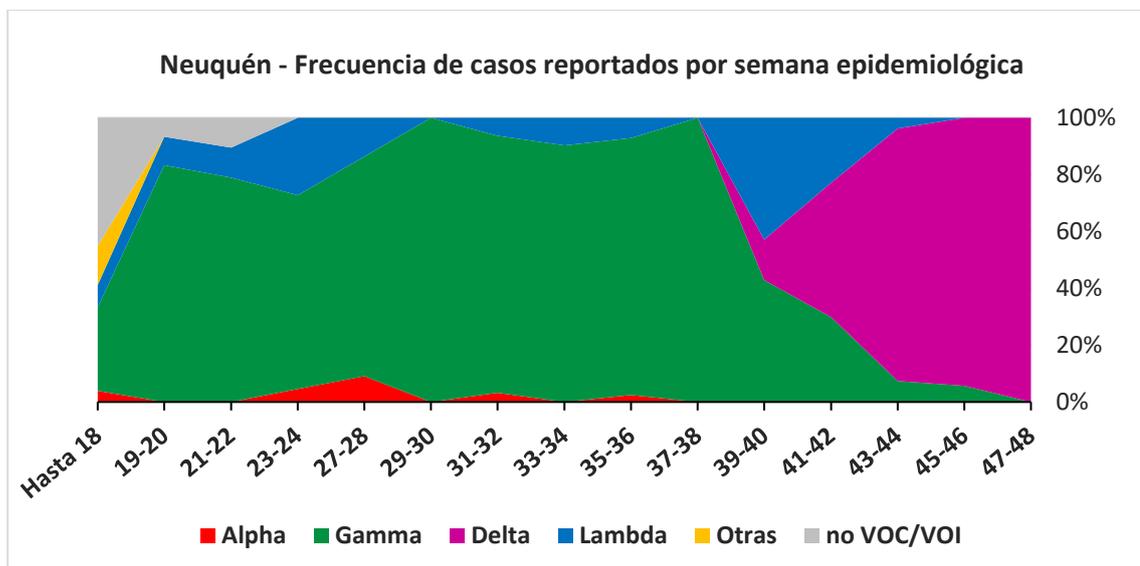
**Figura 6: Número de casos reportados por semana epidemiológica 2020-2021.** Se incluyen solamente casos provenientes de la **provincia de Santa Fe** que no presentaron antecedentes de viaje o contacto estrecho con viajeros; en casos con nexo epidemiológico entre sí, solo se consideró uno como representativo.



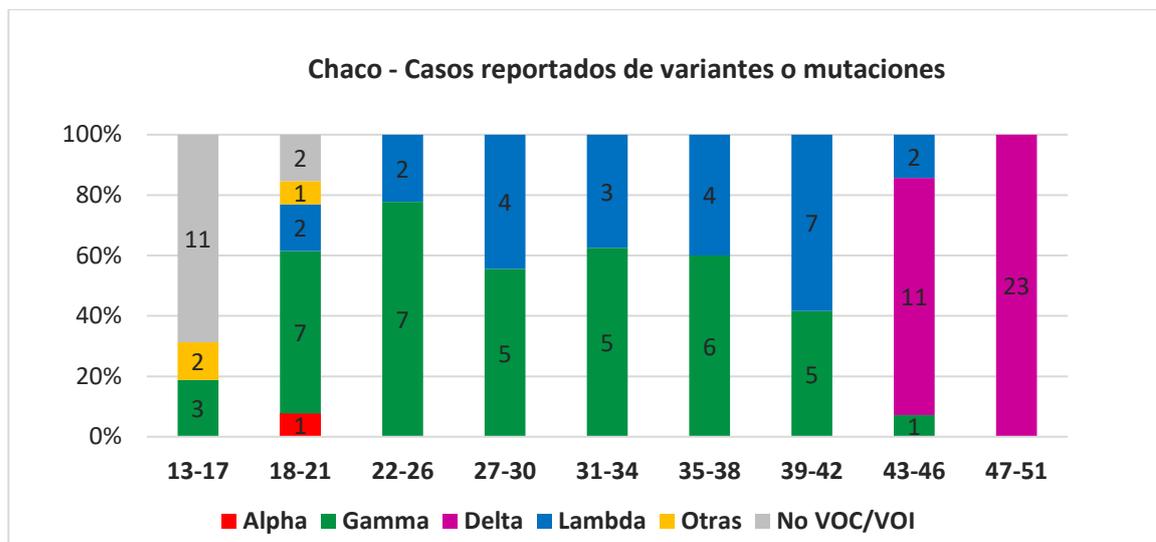
**Figura 7: Frecuencia de variantes de SARS-CoV-2 y secuencias con o sin mutaciones de interés por semana epidemiológica.** Se incluyen solamente casos provenientes de la **provincia de Santa Fe** que no presentaron antecedentes de viaje o contacto estrecho con viajeros; en casos con nexo epidemiológico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



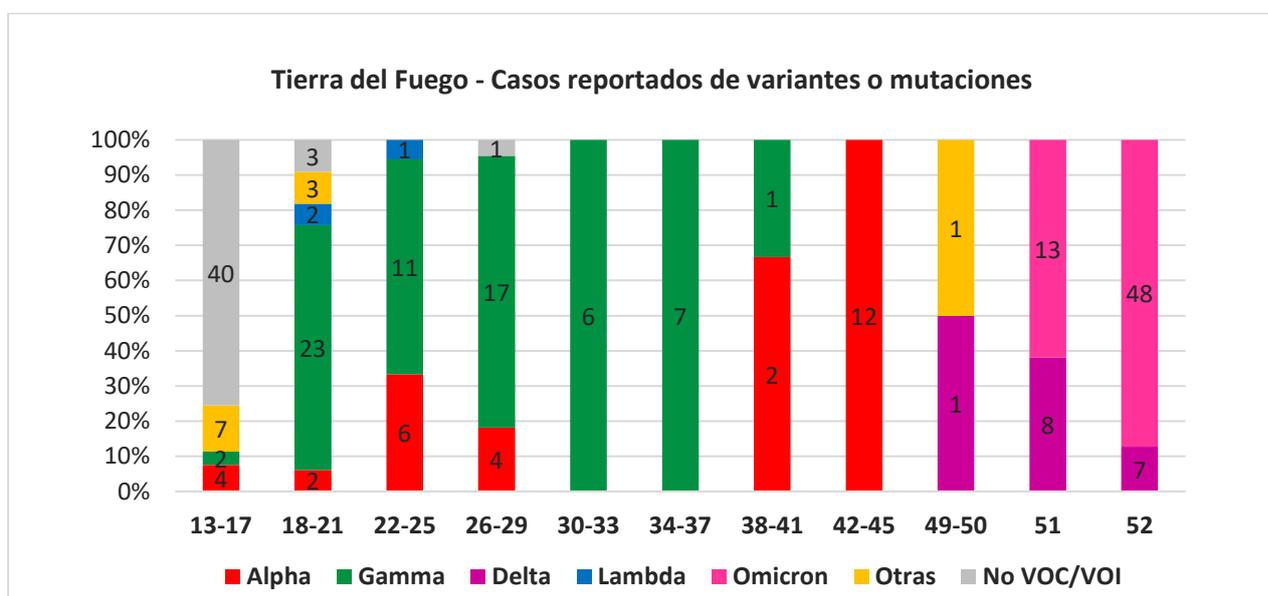
**Figura 8: Número de casos reportados por semana epidemiológica 2020-2021.** Se incluyen solamente casos provenientes de la **provincia de Neuquén** que no presentaron antecedentes de viaje o contacto estrecho con viajeros; en casos con nexo epidemiológico entre sí, solo se consideró uno como representativo. En el período SE 47-48 se incluyen tres muestras de la SE 49.



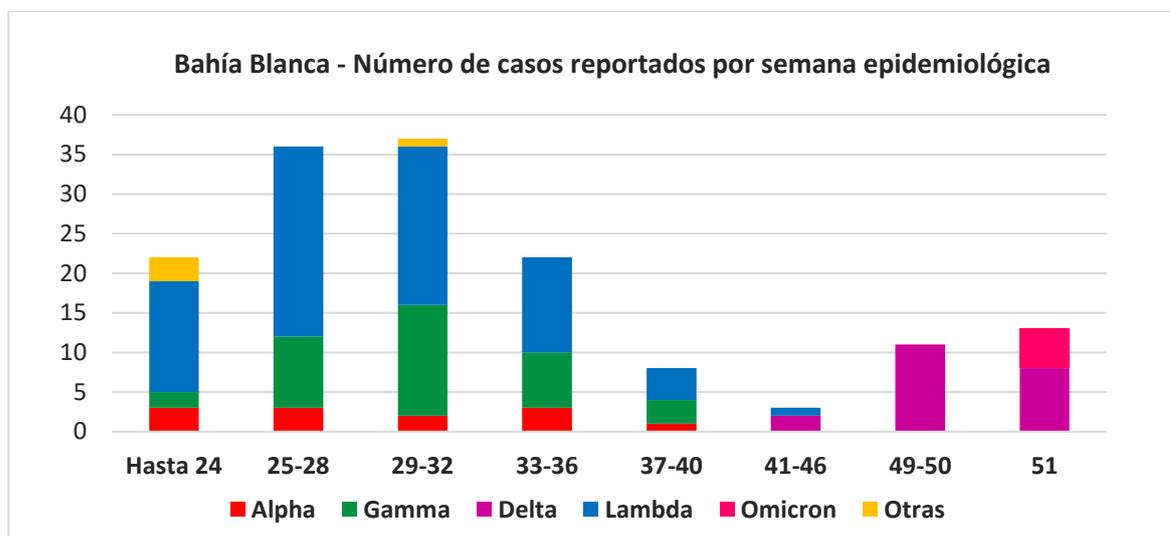
**Figura 9: Frecuencia de variantes de SARS-CoV-2 y secuencias con o sin mutaciones de interés por semana epidemiológica.** Se incluyen solamente casos provenientes de la **provincia de Neuquén** que no presentaron antecedentes de viaje o contacto estrecho con viajeros; en casos con nexo epidemiológico entre sí, solo se consideró uno como representativo. En el período SE 47-48 se incluyen tres muestras de la SE 49.



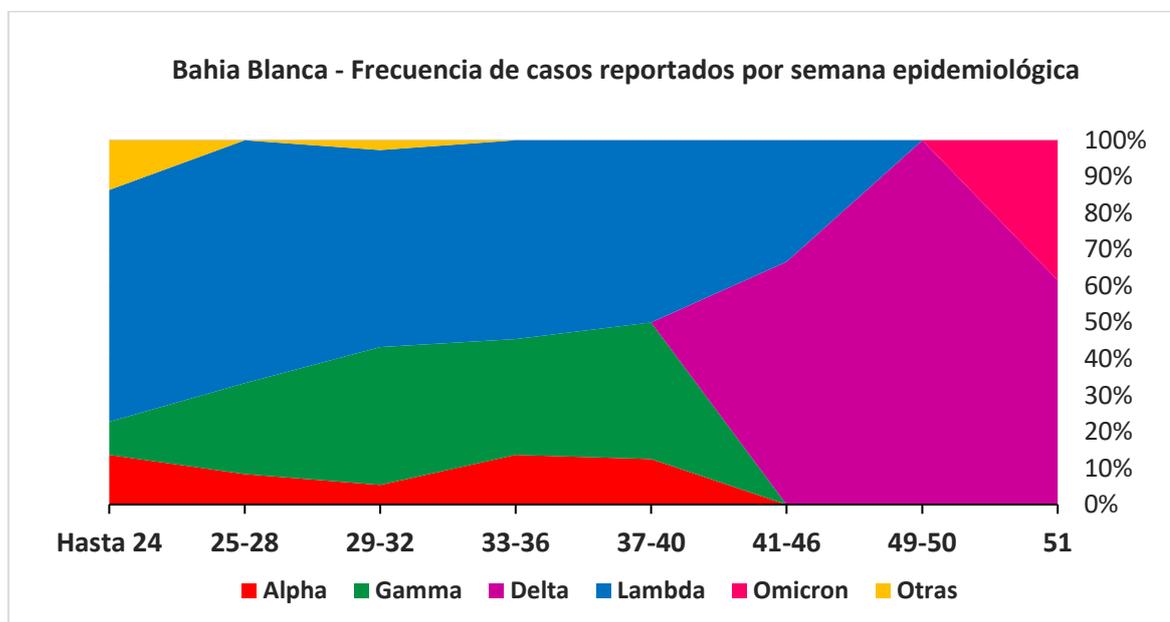
**Figura 10: Frecuencia de variantes de SARS-CoV-2 y secuencias con o sin mutaciones de interés por semana epidemiológica.** Se incluyen solamente casos provenientes de la **provincia de Chaco** que no presentaron antecedentes de viaje o contacto estrecho con viajeros. Sobre las barras se indican el número de casos analizados.



**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 **provincia de Tierra del Fuego** que no presentaron antecedentes de viaje o contacto estrecho con viajeros. Sobre las barras se indican el número de casos analizados.



**Figura 12: 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.



**Figura 13: 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.

**Tabla 2. CABA:** Frecuencia de las variantes y mutaciones por semana epidemiológica (SE) 2021<sup>1</sup>.

SE	Alpha			Gamma			Delta			Lambda			Omicron			Otras <sup>3</sup>			no VOC/VOI			
	Frec (%)	IC95% <sup>2</sup>		Frec (%)	IC95% <sup>2</sup>		Frec (%)	IC95% <sup>2</sup>		Frec (%)	IC95% <sup>2</sup>		Frec (%)	IC95% <sup>2</sup>		Frec (%)	IC95% <sup>2</sup>		Frec (%)	IC95% <sup>2</sup>		
01-02																7,4	2,9	17,6	92,6	82,4	97,1	
03-04																15,6	7,7	28,8	84,4	71,2	92,3	
05-06										2,9	0,2	14,9				23,5	12,4	40,0	73,5	56,9	85,4	
07-08	2,6	0,1	13,2							2,6	0,1	13,2				15,4	7,2	29,7	79,5	64,5	89,2	
09-10	7,6	4,0	13,8	1,7	0,3	5,9				7,6	4,0	13,8				17,6	11,8	25,5	65,5	56,6	73,5	
11-12	19,0	12,5	27,8	12,0	7,0	19,8				18,0	11,7	26,7				17,0	10,9	25,5	34,0	25,5	43,7	
13-14	9,2	4,9	16,5	24,5	17,0	33,9				48,0	38,3	57,7				3,1	0,8	8,6	15,3	9,5	23,7	
15-16	21,0	13,5	31,1	35,8	26,2	46,7				34,6	25,1	45,4				3,7	1,0	10,3	4,9	1,9	12,0	
17-18	8,1	3,5	17,5	37,1	26,2	49,5				50,0	37,9	62,1				1,6	0,1	8,6	3,2	0,6	11,0	
19-20	9,7	3,3	24,9	45,2	29,2	62,2				45,2	29,2	62,2										
21-22	11,4	5,0	24,0	43,2	29,7	57,8				45,5	31,7	59,9										
23-24	2,0	0,1	10,7	59,2	45,2	71,8				36,7	24,7	50,7										
25-26	4,2	0,7	14,0	45,8	32,6	59,7				50,0	36,4	63,6										
27-28	2,1	0,1	11,1	53,2	39,2	66,7				42,6	29,5	56,7				2,1	0,1	11,1				
29-30	3,8	0,7	13,0	63,5	49,9	75,2				30,8	19,9	44,3				1,9	0,1	10,1				
31-32				71,7	57,5	82,7				28,3	17,3	42,5										
33-34				66,7	52,1	78,6				31,1	19,5	45,7				2,2	0,1	11,6				
35-36				52,8	39,7	65,6	15,1	7,9	27,1	32,1	21,1	45,5										
37-38				33,3	21,0	48,4	40,5	27,0	55,5	26,2	15,3	41,1										
39-40				11,6	5,1	24,5	74,4	59,8	85,1	14,0	6,6	27,3										
41-42				8,1	3,5	17,5	87,1	76,6	93,3	4,8	1,3	13,3										
43-44				6,5	2,5	15,4	91,9	82,5	96,5	1,6	0,1	8,6										
45-46							100,0	93,6	100,0													
47-48							100,0	92,6	100,0													
49							100,0	90,6	100,0													
50							92,3	75,9	98,6							7,7	1,4	24,1				
51							50,0	32,1	67,9							50,0	32,1	67,9				

<sup>1</sup> 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.

<sup>2</sup> El intervalo de confianza de la frecuencia se estimó mediante el método de Wilson / Brown, implementado en el programa Graph Pad Prism v.8.3 (San Diego, California, Estados Unidos, www.graphpad.com).

<sup>3</sup> Se incluyen detecciones de mutaciones de interés que no pertenecen a secuencias con la combinación de mutaciones características de las variantes indicadas.

**Tabla 3. GBA:** Frecuencia de las variantes y mutaciones por semana epidemiológica (SE) 2021<sup>1</sup>.

SE	Alpha			Gamma			Delta			Lambda			Otras <sup>3</sup>			no VOC/VOI		
	Frec (%)	IC95% <sup>2</sup>		Frec (%)	IC95% <sup>2</sup>		Frec (%)	IC95% <sup>2</sup>		Frec (%)	IC95% <sup>2</sup>		Frec (%)	IC95% <sup>2</sup>		Frec (%)	IC95% <sup>2</sup>	
01-02													3,4	0,6	11,7	96,6	88,3	99,4
03-04										4,3	0,2	21,0	17,4	7,0	37,1	78,3	58,1	90,3
05-06	4,3	0,2	21,0										26,1	12,5	46,5	69,6	49,1	84,4
07-08										13,6	7,8	22,7	17,3	10,6	26,9	69,1	58,4	78,1
09-10	4,8	1,9	11,6							31,0	22,1	41,5	15,5	9,3	24,7	48,8	38,4	59,3
11-12	5,8	2,3	14,0	14,0	5,8	2,3				43,5	32,4	55,2	17,4	10,2	28,0	27,5	18,4	39,0
13-14	16,5	10,1	25,8	37,3	27,1	18,8				41,2	31,3	51,8	1,2	0,1	6,4	14,1	8,3	23,1
15-16	14,0	8,5	22,1	44,7	35,0	26,4				42,0	32,8	51,8	2,0	0,4	7,0	7,0	3,4	13,7
17-18	11,3	5,6	21,5	52,7	40,3	29,0				41,9	30,5	54,3	1,6	0,1	8,6	4,8	1,3	13,3
19-20	9,0	4,2	18,2	49,3	37,3	26,7				50,7	39,1	62,3	1,5	0,1	8,0	1,5	0,1	8,0
21-22	12,5	7,1	21,0	65,6	55,7	45,3				30,7	22,0	41,0	1,1	0,1	6,2			
23-24	4,9	0,9	16,1	78,4	65,9	50,5				29,3	17,6	44,5						
25-26	3,7	0,2	18,3	78,5	63,0	44,2				33,3	18,6	52,2						
27-28	2,0	0,1	10,5	80,9	70,0	56,2				28,0	17,5	41,7						
29-30	6,7	2,3	17,9	80,5	68,9	54,3				24,4	14,2	38,7						
31-32				75,8	62,5	47,0				35,0	22,1	50,5	2,5	0,1	12,9			
33-34	4,9	0,9	16,1	70,1	56,1	41,0	12,2	5,3	25,5	26,8	15,7	41,9						
35-36	7,5	2,6	19,9	67,1	52,5	37,5	12,5	5,5	26,1	27,5	16,1	42,8						
37-38				79,7	61,1	38,6	33,3	16,3	56,3	5,6	0,3	25,8						
39-40				50,3	23,1	8,2	76,9	49,7	91,8									
41-42				17,2	3,4	0,2	86,2	69,4	94,5	10,3	3,6	26,4						
43-44				13,7	4,1	0,7	91,8	80,8	96,8	4,1	0,7	13,7						
45-46							100,0	88,6	100,0									
47-48							100,0	79,6	100,0									
49-50							100,0	85,1	100,0									

<sup>1</sup>Se incluyen solamente casos provenientes del **Gran Buenos Aires** que no presentaron antecedentes de viaje o contacto estrecho con viajeros; en casos con nexo epidemiológico entre sí, solo se consideró uno como representativo. Para esta región, la SE51 se encuentra bajo análisis al cierre de este reporte, sin embargo, hasta el momento se detectaron cuatro casos (no incluidos en la tabla ni en las Figuras 4 y 5 al no ser representativos de la SE completa): dos Delta y dos Omicron.

<sup>2</sup>El intervalo de confianza de la frecuencia se estimó mediante el método de Wilson / Brown, implementado en el programa Graph Pad Prism v.8.3 (San Diego, California, Estados Unidos, www.graphpad.com).

<sup>3</sup>Se incluyen detecciones de mutaciones de interés que no pertenecen a secuencias con la combinación de mutaciones características de las variantes indicadas.

**Tabla 4. Santa Fe:** Frecuencia de las variantes y mutaciones por semana epidemiológica (SE) 2021<sup>1</sup>.

SE	Alpha			Gamma			Delta			Lambda			Omicron			Otras <sup>3</sup>			no VOC/VOI		
	Frec (%)	IC95% <sup>2</sup>		Frec (%)	IC95% <sup>2</sup>		Frec (%)	IC95% <sup>2</sup>		Frec (%)	IC95% <sup>2</sup>		Frec (%)	IC95% <sup>2</sup>		Frec (%)	IC95% <sup>2</sup>		Frec (%)	IC95% <sup>2</sup>	
09-10																					
11-12	9,5	1,7	28,9	14,3	5,0	34,6										9,5	1,7	28,9	66,7	45,4	82,8
13-14	6,3	0,3	28,3	62,5	38,6	81,5													31,3	14,2	55,6
15-16	22,7	10,1	43,4	45,5	26,9	65,3				13,6	4,7	33,3				4,5	0,2	21,8	13,6	4,7	33,3
17-18				83,3	55,2	97,0				16,7	3,0	44,8									
19-20	6,8	3,0	15,1	79,5	68,8	87,1				11,0	5,7	20,2				2,7	0,5	9,5			
21-22	4,0	1,6	9,7	83,2	74,7	89,2				11,9	6,9	19,6				1,0	0,1	5,4			
23-24	5,8	2,5	12,9	84,9	75,8	90,9				9,3	4,8	17,3									
25-26	8,8	4,5	16,4	83,5	74,6	89,7				7,7	3,8	15,0									
27-28	5,6	2,4	12,4	86,7	78,1	92,2				7,8	3,8	15,2									
29-30	5,5	2,2	13,3	83,6	73,4	90,3				11,0	5,7	20,2									
31-32				74,7	64,1	83,0				25,3	17,0	35,9									
33-34	3,7	0,7	12,5	70,4	57,2	80,9				25,9	16,1	38,9									
35-36	2,4	0,1	12,3	83,3	69,4	91,7	4,8	0,8	15,8	9,5	3,8	22,1									
37-38				58,6	40,7	74,5	27,6	14,7	45,7	13,8	5,5	30,6									
39-40				78,9	56,7	91,5	21,1	8,5	43,3												
41-42	2,7	0,1	13,8	35,1	21,8	51,2	56,8	40,9	71,3	5,4	1,0	17,7									
43-44				10,4	4,5	22,2	58,3	44,3	71,2	31,3	19,9	45,3									
45-46							72,0	58,3	82,5	28,0	17,5	41,7									
47-48							90,9	78,8	96,4	9,1	3,6	21,2									
49							100,0	91,4	100,0												
50							87,9	72,7	95,2				12,1	4,8	27,3						
51							50,0	32,6	67,4				50,0	32,6	67,4						

<sup>1</sup> 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. Se realizó además la detección de un caso de variante Delta correspondiente a la SE52, no incluido en la tabla.

<sup>2</sup> El intervalo de confianza de la frecuencia se estimó mediante el método de Wilson / Brown, implementado en el programa Graph Pad Prism v.8.3 (San Diego, California, Estados Unidos, [www.graphpad.com](http://www.graphpad.com)).

<sup>3</sup> Se incluyen detecciones de mutaciones de interés que no pertenecen a secuencias con la combinación de mutaciones características de las variantes indicadas.

**Tabla 5. Neuquén:** Frecuencia de las variantes y mutaciones por semana epidemiológica (SE) 2021<sup>1</sup>.

SE	Alpha			Gamma			Delta			Lambda			Otras <sup>3</sup>			no VOC/VOI		
	Frec (%)	IC95% <sup>2</sup>		Frec (%)	IC95% <sup>2</sup>		Frec (%)	IC95% <sup>2</sup>		Frec (%)	IC95% <sup>2</sup>		Frec (%)	IC95% <sup>2</sup>		Frec (%)	IC95% <sup>2</sup>	
<b>Hasta 18</b>	<b>3,9</b>	0,7	13,2	<b>29,4</b>	18,7	43,0				<b>7,8</b>	3,1	18,5	<b>13,7</b>	6,8	25,7	<b>45,1</b>	32,3	58,6
<b>19-20</b>				<b>83,3</b>	66,4	92,7				<b>10,0</b>	3,5	25,6				<b>6,7</b>	1,2	21,3
<b>21-22</b>				<b>78,9</b>	56,7	91,5				<b>10,5</b>	1,9	31,4				<b>10,5</b>	1,9	31,4
<b>23-24</b>	<b>4,5</b>	0,2	21,8	<b>68,2</b>	47,3	83,6				<b>27,3</b>	13,2	48,2						
<b>27-28</b>	<b>9,1</b>	1,6	27,8	<b>77,3</b>	56,6	89,9				<b>13,6</b>	4,7	33,3						
<b>29-30</b>				<b>100,0</b>	72,2	100,0												
<b>31-32</b>	<b>3,2</b>	0,6	10,9	<b>90,5</b>	80,7	95,6				<b>6,3</b>	2,5	15,2						
<b>33-34</b>				<b>90,3</b>	75,1	96,7				<b>9,7</b>	3,3	24,9						
<b>35-36</b>	<b>2,4</b>	0,1	12,3	<b>90,5</b>	77,9	96,2				<b>7,1</b>	2,5	19,0						
<b>37-38</b>				<b>100,0</b>	85,1	100,0												
<b>39-40</b>				<b>42,9</b>	21,4	67,4	<b>14,3</b>	2,5	39,9	<b>42,9</b>	21,4	67,4						
<b>41-42</b>				<b>29,8</b>	19,5	42,7	<b>47,4</b>	35,0	60,1	<b>22,8</b>	13,8	35,2						
<b>43-44</b>				<b>7,4</b>	1,3	23,4	<b>88,9</b>	71,9	96,1	<b>3,7</b>	0,2	18,3						
<b>45-46</b>				<b>5,7</b>	1,0	18,6	<b>94,3</b>	81,4	99,0									
<b>47-48</b>							<b>100,0</b>	92,4	100,0									

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

<sup>2</sup>El intervalo de confianza de la frecuencia se estimó mediante el método de Wilson / Brown, implementado en el programa Graph Pad Prism v.8.3 (San Diego, California, Estados Unidos, [www.graphpad.com](http://www.graphpad.com)).

<sup>3</sup>Se incluyen detecciones de mutaciones de interés que no pertenecen a secuencias con la combinación de mutaciones características de las variantes indicadas.

**Tabla 6. Chaco:** Frecuencia de las variantes y mutaciones por semana epidemiológica (SE) 2021<sup>1</sup>.

SE	Alpha			Gamma			Delta			Lambda			Otras <sup>3</sup>			no VOC/VOI		
	Frec (%)	IC95% <sup>2</sup>		Frec (%)	IC95% <sup>2</sup>		Frec (%)	IC95% <sup>2</sup>		Frec (%)	IC95% <sup>2</sup>		Frec (%)	IC95% <sup>2</sup>		Frec (%)	IC95% <sup>2</sup>	
13-17				18,8	6,6	43,0							12,5	2,2	36,0	68,8	44,4	85,8
18-21	7,7	0,4	33,3	53,8	29,1	76,8				15,4	2,7	42,2	7,7	0,4	33,3	15,4	2,7	42,2
22-26				77,8	45,3	96,1				22,2	3,9	54,7						
27-30				55,6	26,7	81,1				44,4	18,9	73,3						
31-34				62,5	30,6	86,3				37,5	13,7	69,4						
35-38				60,0	31,3	83,2				40,0	16,8	68,7						
39-42				41,7	19,3	68,0				58,3	32,0	80,7						
43-46				7,1	0,4	31,5	78,6	52,4	92,4	14,3	2,5	39,9						
47-51							100,0	85,7	100,0									

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

<sup>2</sup> El intervalo de confianza de la frecuencia se estimó mediante el método de Wilson / Brown, implementado en el programa Graph Pad Prism v.8.3 (San Diego, California, Estados Unidos, [www.graphpad.com](http://www.graphpad.com)).

<sup>3</sup> Se incluyen detecciones de mutaciones de interés que no pertenecen a secuencias con la combinación de mutaciones características de las variantes indicadas.

**Tabla 7. Tierra del Fuego:** Frecuencia de las variantes y mutaciones por semana epidemiológica (SE) 2021<sup>1</sup>.

SE	Alpha			Gamma			Delta			Lambda			Omicron			Otras <sup>3</sup>			no VOC/VOI		
	Frec (%)	IC95% <sup>2</sup>		Frec (%)	IC95% <sup>2</sup>		Frec (%)	IC95% <sup>2</sup>		Frec (%)	IC95% <sup>2</sup>		Frec (%)	IC95% <sup>2</sup>		Frec (%)	IC95% <sup>2</sup>		Frec (%)	IC95% <sup>2</sup>	
13-17	7,5	3,0	17,9	3,8	0,7	12,8										13,2	6,5	24,8	75,5	62,4	85,1
18-21	6,1	1,1	19,6	69,7	52,7	82,6				6,1	1,1	19,6				9,1	3,1	23,6	9,1	3,1	23,6
22-25	33,3	16,3	56,3	61,1	38,6	79,7				5,6	0,3	25,8									
26-29	18,2	7,3	38,5	77,3	56,6	89,9													4,5	0,2	21,8
30-33				100,0	61,0	100,0															
34-37				100,0	64,6	100,0															
38-41	66,7	11,8	98,3	33,3	1,7	88,2															
42-45	100,0	75,8	100,0																		
49-50							50	2,6	97,4							50	2,6	97,4			
51							38,1	20,8	59,1				61,9	40,9	79,2						
52							12,7	6,3	24,0				87,3	76,0	93,7						

<sup>1</sup> Se incluyen solamente casos provenientes de la **provincia de Tierra del Fuego** que no presentaron antecedentes de viaje o contacto estrecho con viajeros; en casos con nexo epidemiológico entre sí, solo se consideró uno como representativo.

<sup>2</sup> El intervalo de confianza de la frecuencia se estimó mediante el método de Wilson / Brown, implementado en el programa Graph Pad Prism v.8.3 (San Diego, California, Estados Unidos, [www.graphpad.com](http://www.graphpad.com)).

<sup>3</sup> Se incluyen detecciones de mutaciones de interés que no pertenecen a secuencias con la combinación de mutaciones características de las variantes indicadas.

**Tabla 8. Bahía Blanca:** Frecuencia de las variantes y mutaciones por semana epidemiológica (SE) 2021<sup>1</sup>.

SE	Alpha			Gamma			Delta			Lambda			Omicron			Otras <sup>3</sup>			no VOC/VOI		
	Frec (%)	IC95% <sup>2</sup>		Frec (%)	IC95% <sup>2</sup>		Frec (%)	IC95% <sup>2</sup>		Frec (%)	IC95% <sup>2</sup>		Frec (%)	IC95% <sup>2</sup>		Frec (%)	IC95% <sup>2</sup>		Frec (%)	IC95% <sup>2</sup>	
Hasta 24	13,6	4,7	33,3	9,1	1,6	27,8				63,6	43,0	80,3				13,6	4,7	33,3	13,6	4,7	33,3
25-28	8,3	2,9	21,8	25,0	13,8	41,1				66,7	50,3	79,8							8,3	2,9	21,8
29-32	5,4	1,0	17,7	37,8	24,1	53,9				54,1	38,4	69,0			2,7	0,1	13,8		5,4	1,0	17,7
33-36	13,6	4,7	33,3	31,8	16,4	52,7				54,5	34,7	73,1							13,6	4,7	33,3
37-40	12,5	0,6	47,1	37,5	13,7	69,4				50,0	21,5	78,5							12,5	0,6	47,1
41-46							66,7	11,8	98,3	33,3	1,7	88,2									
49-50							100,0	74,1	100,0												
51							61,5	35,5	82,3				38,5	17,7	64,5						

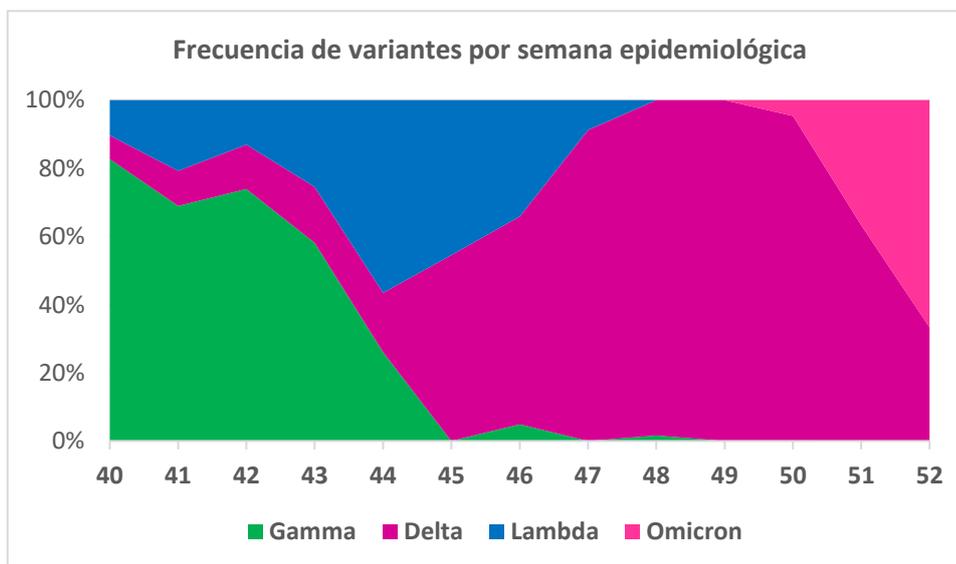
<sup>1</sup> Se incluyen solamente casos provenientes de la **ciudad de Bahía Blanca** que no presentaron antecedentes de viaje o contacto estrecho con viajeros; en casos con nexo epidemiológico entre sí, solo se consideró uno como representativo.

<sup>2</sup> El intervalo de confianza de la frecuencia se estimó mediante el método de Wilson / Brown, implementado en el programa Graph Pad Prism v.8.3 (San Diego, California, Estados Unidos, [www.graphpad.com](http://www.graphpad.com)).

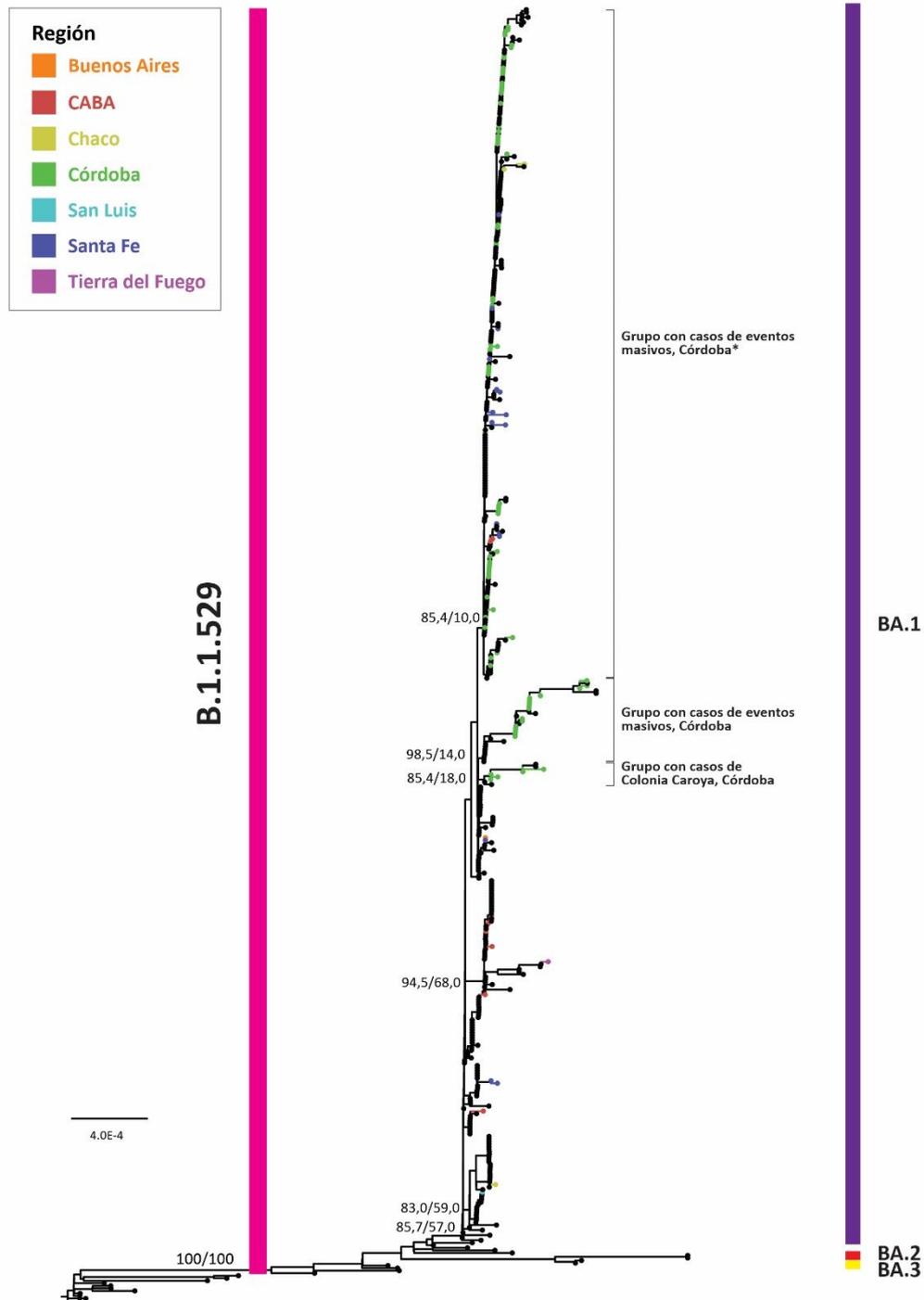
<sup>3</sup> Se incluyen detecciones de mutaciones de interés que no pertenecen a secuencias con la combinación de mutaciones características de las variantes indicadas.

**Tabla 9. Santa Fe zona centro y norte:** Frecuencia de las variantes y mutaciones por semana epidemiológica (SE) del 2021 obtenidos a partir de **vigilancia por RT-qPCR específica de variantes de ThermoFisher hasta el 23/12/2021 y por el kit TaqPath COVID-19 ThermoFisher, en la zona centro y norte de la provincia de Santa Fe.**

SE	Gamma (%)	Delta (%)	Lambda (%)	Omicron (%)	Total de casos
40	82,8%	6,9%	10,3%	0,0%	29
41	69,0%	10,3%	20,7%	0,0%	29
42	73,9%	13,0%	13,0%	0,0%	23
43	58,2%	16,4%	25,5%	0,0%	55
44	26,1%	17,4%	56,5%	0,0%	46
45	0,0%	54,5%	45,5%	0,0%	22
46	4,9%	61,0%	34,1%	0,0%	41
47	0,0%	91,2%	8,8%	0,0%	57
48	1,6%	98,4%	0,0%	0,0%	62
49	0,0%	100,0%	0,0%	0,0%	76
50	0,0%	95,4%	0,0%	4,6%	108
51	0,0%	63,4%	0,0%	36,6%	232
52	0,0%	33,3%	0,0%	66,7%	90

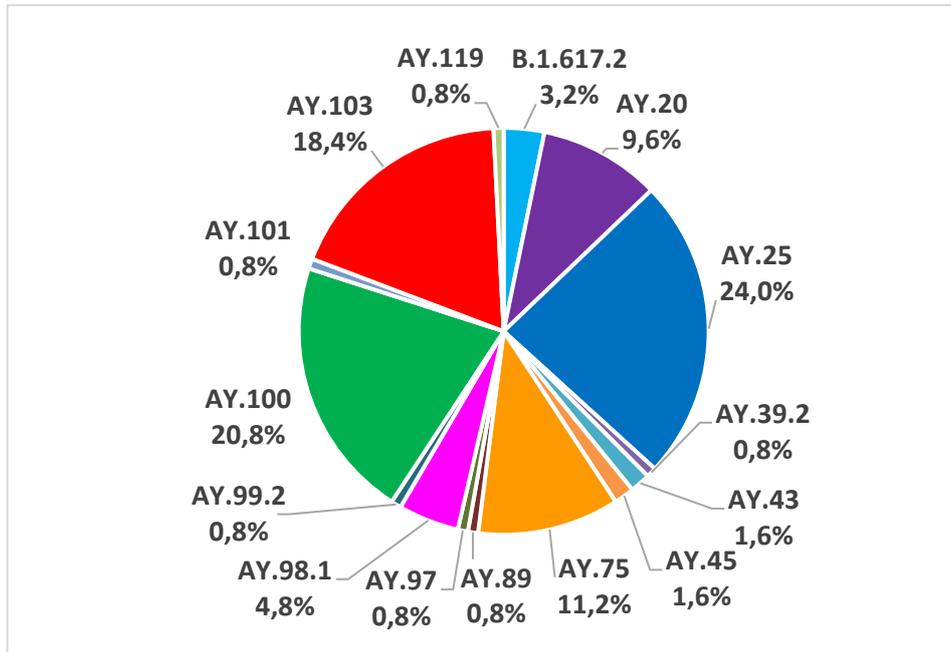


**Figura 14.** Frecuencia de variantes detectadas por el Laboratorio Central de Santa Fe por las técnicas de RT-qPCR con sondas específicas para variantes de ThermoFisher hasta el 23/12/2021 y por el kit TaqPath COVID-19 ThermoFisher, en la zona Norte y Centro de la provincia de Santa Fe.



**Figura 15. Análisis filogenético de la variante Omicron en la Argentina.** Se indican con distintos colores los casos asociados a distintas jurisdicciones. El valor de soporte (SH-like/UFB) se muestra sólo para algunos grupos seleccionados. En color negro se indican las secuencias de otras partes del mundo. \*Incluye secuencias de otras provincias de Argentina, según los colores indicados en la leyenda.





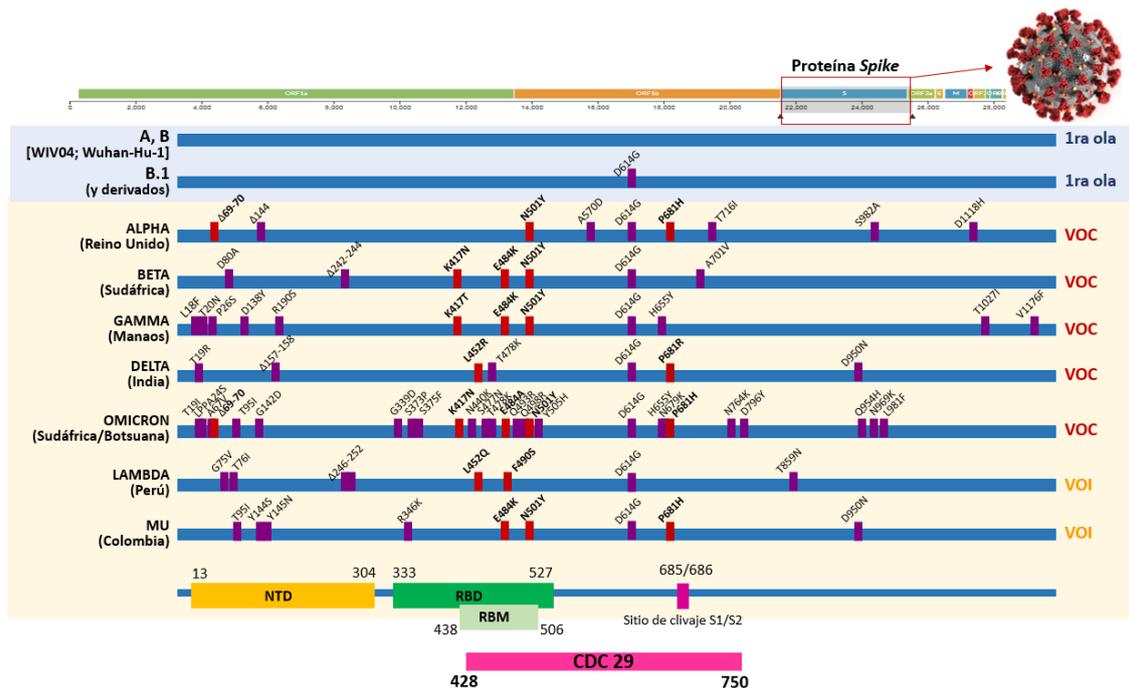
**Figura 17.** Variante Delta. Distribución de porcentajes del linaje B.1.617.2 y sus linajes derivados sobre un total de 125 secuencias argentinas obtenidas entre el 4 de julio y 8 de noviembre del 2021.

**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) se utilizó el protocolo de amplificación y secuenciación de ARTIC para Minlon modificado (<https://www.protocols.io/view/ncov-2019-sequencing-protocol-v3-locost-bh42j8ye>) y de Midnight para Minlon (<https://community.nanoporetech.com/protocols/pcr-tiling-of-sars-cov-2-virus-with-rapid-barcoding-and-midnight>).

Para el caso de los nodos de secuenciación Laboratorio Central de Neuquén, Fundación para el Progreso de la Medicina, ciudad de Córdoba y HRU, UNTDF y CADIC-CONICET de la Pcia. de Tierra del Fuego se utilizó el kit Illumina COVIDSeq Test IVD proporcionado por ([https://support.illumina.com/clinical\\_support/clinical\\_kits/illumina-covidseq-test-ivd/documentation.html](https://support.illumina.com/clinical_support/clinical_kits/illumina-covidseq-test-ivd/documentation.html))

Para el caso de la **secuenciación parcial del gen que codifica para la proteína Spike**, se utilizó el método tradicional de Sanger, con el protocolo de secuenciación recomendado por el CDC ([https://wwwnc.cdc.gov/eid/article/26/10/20-1800\\_article](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 18** 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 18.** Representación de los cambios aminoacídicos en el gen S de SARS-CoV-2 característicos de las variantes de variantes de preocupación (VOC) y variantes de interés (VOI). 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 algunos linajes principales y derivados, las secuencias de variante Omicron (Figura 15) o de la variante Delta (Figura 16) de Argentina y las diez secuencias de la base de datos GISAID más similares a cada una de ellas (análisis de AudacityInstant o BLAST). Los alineamientos se construyeron 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 central evolución Proyecto PAIS (análisis integral y escritura del reporte):** Carolina Torres, Paula Aulicino, Guido König, Humberto Debat, Mariana Viegas.

#### **Nodos de secuenciación:**

**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, Mercedes Didier Garnham 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; Matías Irazoqui; Ariel Amadío.

**Nodo de Secuenciación y bioinformática IMR Instituto de Medicina Regional, Resistencia provincia de Chaco:** Bettina Brusés, Laura Formichelli, Melina Lorenzini Campos, Javier Mussin, Griselda Oria y Horacio Lucero, Raúl Maximiliano Acevedo.

**Nodo de secuenciación y análisis Laboratorio Central de Neuquén (Ministerio de Salud) (Provincia de Neuquén):** Melina Leonor Mazzeo; Luis Alfredo Pianciola; Ailen Fernández, Carolina Rastellini, Julia Ousset, 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, Florencia Mascali.

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

**Fundación para el Progreso de la Medicina, ciudad de Córdoba:** Maximiliano Zeballos, Andrea Lucca.

**Nodo de secuenciación de Tierra del Fuego:** HRU, UNTDF y CADIC-CONICET (Provincia de Tierra del Fuego): Santiago Ceballos; Ivan Gramundi; Cristina Nardi; Fernando Gallego; Ezequiel Rojas.

**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, Germán R. Pérez, Gastón Viarengo. CIFASIS-CONICET-UNR: Ignacio García Labari, Joaquín Ezpeleta, Flavio Spetale, Javier Murillo, Laura Angelone, Sofía Lavista Llanos, Pilar Bulacio, Elisabeth Tapia.

**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.

**Laboratorio Nacional de Referencia de Enfermedades Respiratorias Virales, Centro Nacional de influenza de la OMS. Servicio Virosis Respiratorias INEI-ANLIS “Dr Carlos G Malbrán” (CABA):** Andrea Pontoriero, Estefanía Benedetti, Martín Avaro, Mara Russo, María Elena Dattero, Elsa Baumeister.

**UO Centro Nacional de genómica-ANLIS “Dr Carlos G Malbrán” (CABA):** Sol Haim, Julián Sanchez Loria, Denise Dbelder, Tomás Poklepovich, Josefina Campos.

**Carga de datos al SNVS:** Camila Luzzardo.

**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, Jésica 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, Maria 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; 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.

**Laboratorio Hospital Municipal Santamarina de Montegrande/secretaría de Salud de Esteban Echeverría (Monte Grande, PBA):** María del Carmen Izquierdo, Magali Fucile, Marcela Mariel Díaz, Gabriel Ive, Beatriz Irene Livellara.

**Laboratorio de salud pública, Facultad de Ciencias Exactas, UNLP (La Plata, PBA):** Rosana Isabel Toro; Andrés Angelletti; Victoria 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.

**Laboratorio Vacunas Salud (VacSal) del Instituto de Biotecnología y Biología Molecular de la Facultad de Ciencias Exactas de la Universidad Nacional de La Plata-CONICET, PBA:** Nicolás Ambrosio; Pablo Martin Aispuro; Keila Belhart; Daniela Bottero; Magalí Gabrielli; Alejandra Giordano; Aníbal Lodeiro; Erika Rudi; Eugenia Zurita y Daniela Hozbor.

**Laboratorio del Hospital Zonal Especializado Materno Infantil "Argentina Diego" de Azul, PBA:** Guillermina; María Belén Arpaia; Farinella Bagnozzi y Santiago Hernán Gauna.

**Laboratorio del Hospital Interzonal General de Agudos "Evita" (Lanús; PBA):** 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 (PBA):** María Inés Gismondi

**Laboratorio de Diagnóstico-UNIDAD COVID- Universidad Nacional de Hurlingham (Hurlingham, PBA):** María José Dus Santos, Marina Mozgovej, Marcela Pilloff, Adriana Fernández Souto, Pablo Raies, Valeria Marsal, Juan Manuel Velazquez, Daiana Sofia Blanc, Mercedes Didier Garnham, Germán Albornoz, Agustín Lara, Martín Lemos Vilches, Natalia Caleni.

**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 de Biología Molecular Bolívar (LABBO, PBA):** María Estela Jofré, María Roció Larreche, Marina Ticeira, Fiorella Di Claudio, Romina Cabrerizo, María Laura Caviglia, María de los Ángeles D'Andrea, Felisa Lescano, Micaela Martínez.

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

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

**CIBIC Laboratorio (Rosario, provincia de Santa Fe):** Javier Sfalcin, Analía Seravalle, Clara Fay, Martina Fay, Mariana Galizzi, Alejandra Manzur, Sofía Fagot y Fabián Fay.

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

**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 (Resistencia, provincia de Chaco):** María Delia Foussal y Guillermo Cano.

**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.

**Servicio de Microbiología, Hospital 4 de Junio (Presidencia Roque Saenz Peña, provincia de Chaco):** Andrea Carolina Piedrabuena, Mendoza Mayra y Jurasek Gabriela.

**Laboratorio del HOSPITAL CENTRAL (Ciudad de Mendoza, provincia de Mendoza):** María Liliana Videla, Luciano Lima, Andrea Naser, Pablo Rico, Valeria Fontana, Héctor Horacio Cuello.

**LABORATORIO DE SALUD PUBLICA (Ciudad de Mendoza, provincia de Mendoza):** Viviana Leiva, Silvia Zerrer, Belén Ortiz, Silvina Denita, Luciana Martinez, Cristian Garay, Fernando Giuliani.

**Dirección de epidemiología provincia de Mendoza:** Andrea Falaschi, Aguirre Carolina, Erica Negri, Bosio Lia, Patricia Robledo, María Belén Peralta Roca. Coordinador Red de Laboratorios del Ministerio de Salud de la provincia de Mendoza: Carlos Espul

**Programa Laboratorio de Salud Pública "Dr Dalmiro Pérez Laborda" (Ministerio de Salud de la provincia de San Luis):** Juan Manuel Talía, María Agustina Lacaze, Jorge Bohn, Blanca Hebe Esteves, Eliana Maria Rosales, Juan Pablo Perez Diaz, Matias Perez Diaz, Francisco Jofré, Florencia Cabral Bombardieri, Julieta Peñalva, Gustavo Rivero, Marcelo Olivera, Leonardo Aguilera, Anna Chiara Mastrodonato, Luciana Molina, Dra. Ludmila Campos, Federico Quijano, Erica Carrizo

**Fondos:**

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

**REFERENCIAS:**

- (1) Outbreak info; <https://outbreak.info/>
- (2) <https://www.pango.network/>
- (3) J. Clin. Med. 2022, 11(1), 30; <https://doi.org/10.3390/jcm11010030>.
- (4) MedRxiv; <https://doi.org/10.1101/2021.12.07.21267432>
- (5) UK Health Security Agency:  
[https://assets.publishing.service.gov.uk/government/uploads/system/uploads/attachment\\_data/file/1044481/Technical-Briefing-31-Dec-2021-Omicron\\_severity\\_update.pdf](https://assets.publishing.service.gov.uk/government/uploads/system/uploads/attachment_data/file/1044481/Technical-Briefing-31-Dec-2021-Omicron_severity_update.pdf)
- (6) MedRxiv; <https://doi.org/10.1101/2021.12.21.21268116>
- (7) University of Edinburgh; [https://www.research.ed.ac.uk/en/publications/severity-of-omicron-variant-of-concern-and-vaccine-effectiveness-?fbclid=IwAR3OTgg5KBwFRPIYpIpRI0uI3i\\_zF8t8zKfrQvIJRhgpw\\_Rp35UxHMFvfqc](https://www.research.ed.ac.uk/en/publications/severity-of-omicron-variant-of-concern-and-vaccine-effectiveness-?fbclid=IwAR3OTgg5KBwFRPIYpIpRI0uI3i_zF8t8zKfrQvIJRhgpw_Rp35UxHMFvfqc)