

Reporte N°30: Vigilancia activa de variantes de SARS-CoV-2 en la CABA, provincias de Buenos Aires, Corrientes, Chaco, Jujuy, Mendoza, Misiones, Neuquén, Santa Cruz, Santa Fe y Tierra del Fuego. Actualización al 24/02/2022.

RESUMEN

Con el objetivo de estudiar las variantes circulantes del virus SARS-CoV-2 durante la 3ra ola de la COVID-19 en diferentes provincias de la Argentina, se analizaron un total de 1139 muestras correspondientes al período 09/11/21-05/02/22, de las cuales 1067 fueron seleccionadas al azar y corresponden a individuos sin antecedente de viaje al exterior o contacto estrecho con viajeros: 383 correspondieron a casos de la CABA, Gran Buenos Aires y alrededores y Gran La Plata, 107 a la provincia de Buenos Aires (no AMBA), 14 a la provincia de Chaco, 35 a la provincia de Jujuy, 26 a la provincia de Mendoza, 38 a la provincia de Misiones, 162 a la provincia de Neuquén, tres a la provincia de Santa Cruz, 24 a la provincia de Tierra del Fuego, y 265 a la provincia de Santa Fe. Las 72 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 362 casos se realizó la secuenciación completa del genoma del SARS-CoV-2.

En total, y en consonancia con lo informado en el Reporte N°29 de PAIS, se identificó la variante Omicron en 915 casos (80%), la variante Delta en 219 casos (19%) y las variantes Lambda (1) y Mu (2) en tres casos (0.3%), mientras que otros dos fueron indeterminados.

En todos los casos el cambio de predominio de Delta a Omicron fue abrupto: del 7,5% al 78,8% en la CABA; del 5,1% al 54,5% en GBA; del 5,3% al 59,1% en Santa Fé, todos entre las SE 49-50 y las 51-52 de 2021. En Neuquén del 26,2% al 90,6% entre las SE 51-52 de 2021 a las SE 01-02 del 2022. En Tierra del Fuego se detectó por primera vez en las SE 51-52 con el 75,8% de los casos que paso a 92,3% en las semanas siguientes.

Cabe mencionar que con las estrategias de secuenciación parcial de Spike y genoma total se pudo determinar que todas las secuencias pertenecientes a la variante Omicron pertenecen al linaje BA.1 o su derivado BA.1.1. Solo se detectó el linaje BA.2 en un caso en la CABA en la SE 5.

En nuestro país, la tercera ola fue inicialmente impulsada por la variante Delta, sin embargo, la mayor transmisibilidad de Omicron resultó en el total desplazamiento de Delta entre las SE 1-3 de 2022 en todas las provincias del país estudiadas, siendo actualmente la única variante detectada.

Contexto epidemiológico

Durante el último trimestre de 2021 se detectó en diversos países del mundo un aumento abrupto en el número de infecciones causadas por SARS-CoV-2, asociado a la identificación de una nueva variante de preocupación (VOC) denominada Omicron (B.1.1.529) (1) que fue detectada inicialmente en Sudáfrica y Botswana en noviembre de 2021 (2). El ingreso de Omicron a nuestro país fue notificado el 2 de diciembre, en un viajero residente de la Pcia. de San Luis que asistió a un evento laboral en Sudáfrica (3). La variante de preocupación (VOC) Delta (linaje B.1.617.2) que predominaba a nivel mundial fue desplazada por la nueva variante.

Omicron se distingue por presentar 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 impedir la detección del virus en algunos ensayos de PCR que tienen como blanco del gen S, 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 18 de febrero del 2022, la variante Omicron se ha identificado en 140 países (4). Entre las secuencias reportadas a GISAID ya representa casi el 100% de los casos a nivel mundial y aunque falta información de algunos países es muy probable que la situación en Latinoamérica sea la misma.

Del linaje original de Omicron (B.1.1.529) se desprenden 3 sub-linajes que comparten solo un grupo de mutaciones. BA.1 predomina a nivel mundial y puede diferenciarse de otras variantes por la delección en la posición 69-70 de Spike. BA.2, que está en aumento en algunos países como Dinamarca e Israel, no la posee y por lo tanto requiere de secuenciación para diferenciarla de otras variantes. BA.3 todavía circula en pocos países y en un bajo número de casos, pero aun así fue reconocida como un sub-linaje emergente por la OMS. Además de estos sub-linajes, se reconoció un linaje derivado de BA.1 (BA.1.1) que posee una mutación adicional en Spike (R346K).

Omicron se ha propagado significativamente más rápido que todas las variantes anteriores y su tasa de duplicación en el pico de expansión 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 (5). 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 (6). 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 (7). La información sobre gravedad clínica asociada a infecciones con Omicron también es limitada, aunque los datos de Sudáfrica (8), Reino Unido (9) y Dinamarca sugieren un riesgo

reducido de hospitalización en comparación con Delta. Algunos reportes iniciales indican que el sublinaje BA.2 podría ser más transmisible entre personas vacunadas y los estudios sobre su severidad diferencial no son aún concluyentes (10,11).

Sin embargo, en muchos países luego de presentar un pico elevado de casos, incluso mayores que en olas anteriores, este finalmente baja también en forma rápida. Este también es el caso de nuestro país que luego de alcanzar un pico de más de 130.000 casos por día a mediados de enero, 30 días después la cantidad de casos cayó por debajo de 10000 (12).

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, 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 1139 muestras y la secuenciación del genoma completo en 362 muestras obtenidas entre el 09/11/21 y el 15/02/22 de individuos residentes en la AMBA, PBA, Chaco, Corrientes, Jujuy, Mendoza, Misiones, Neuquén, Santa Cruz, Santa Fe y Tierra del Fuego**, 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 IMR de Resistencia (Pcia. de Chaco), 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), los laboratorios de HRU, UNTDF y CADIC-CONICET (Pcia. de Tierra del Fuego), los laboratorios del IPAVE-INTA-CIAP (Córdoba), el laboratorio de Medicina Genómica (Facultad de Medicina, UNNE, Pcia. Corrientes) y Laboratorio Generis (Caleta Olivia, Santa Cruz).

De las 1139 muestras analizadas, la mayoría (1067) corresponden a personas sin antecedente de viaje al exterior o contacto estrecho con viajeros, mientras que, 72 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).

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 2,5-25% del total de los casos positivos detectados en cada centro de salud la semana previa. Este amplio rango de porcentajes de casos secuenciados se debe a que el porcentaje de positividad ha ido variando durante el periodo de análisis que abarca este reporte, por lo que la capacidad máxima de procesamiento semanal de cada nodo y el valor

epidemiológico del muestreo en cada caso hizo que también 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.

RESULTADOS:

Se analizó la presencia de variantes en un total de 1139 muestras de individuos residentes en el AMBA, PBA, Chaco, Corrientes, Jujuy, Mendoza, Misiones, Neuquén, Santa Cruz, Santa Fe y Tierra del Fuego, 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 362 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 y VOI 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 2-7 y Figuras 2-12**, se muestra el número de casos reportados 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 las secuencias con o sin mutaciones de interés por semana epidemiológica 2020-2022.

Principales observaciones de la vigilancia activa de variantes con muestreos regulares:

- En la CABA se observó un incremento de detección de la variante Omicron del 7,5% en las SE 49-50 del 2021 (5 al 18 de diciembre) al 100% en las SE 3-4 del 2022 (16 al 29 de enero), semanas en las que dejó de detectarse la variante Delta entre las muestras analizadas. Esa predominancia de Omicron se mantiene hasta la SE 5 del 2022 (30 de enero al 5 de febrero). Estos datos son concomitantes con el aumento de positividad de detección de SARS-CoV-2 en los laboratorios centinela y el pico de la tercera ola de la COVID-19 registrado en nuestro país.
- En el GBA, al igual que en la CABA, se detectó por primera vez la variante Omicron con un 5,1% de los casos en las SE 49-50 del 2021 (5 al 18 de diciembre) y este porcentaje subió al 100% en las SE 3-4 del 2022 (16 al 29 de enero), predominancia que aún se mantiene hasta la SE 5 del 2022 (30 de enero al 5 de febrero).
- En ambos casos tanto en CABA como en GBA se alcanzó el 100% de los casos en las SE 3-4 del 2022.
- En el Gran La Plata, Omicron fue prácticamente la única variante detectada con 25/26 (96%) casos analizados entre el 01/01/2022 y 27/02/2022.

- Para el resto de la PBA, entre el 10/12/2021 y el 05/01/2022 se analizaron un total de 107 casos de los cuales 95 (88,8%) correspondieron a la variante Omicron. Como casos particulares de destacar:
 - En Mercedes solo se detectaron dos (2/25) casos de la variante Delta el 26/12/2021, luego todos los casos detectados hasta la SE 3 del 2022 correspondieron a la variante Omicron (23 casos).
 - En Magdalena se detectó Omicron en 13/14 muestras analizadas en las SE 1, 3 y 4 del 2022. Solo se detectó un caso de Delta el 06/01/2022.
 - En la ciudad de Bahía Blanca, en las SE 51 y 52 del 2021 se detectaron las variantes Delta y Omicron en el 52,4% y 47,6% de los casos analizados, respectivamente. Ya en las semanas 1 y 2 del 2022 el porcentaje de Omicron ascendió al 94,1% de los casos.
 - En el Municipio de General Pueyrredón los 12 casos analizados en la SE 5 del 2022 (30/01 al 05/02) correspondieron a la variante Omicron. Lo mismo se observó en el Municipio de la Costa con los siete casos analizados de la misma SE.
 - En la ciudad de Tandil se analizaron los 12 casos analizados en la SE 4 del 2022 (23/01 al 29/01) correspondieron a la variante Omicron.
- 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 49-50 se comenzó a detectar Omicron en el 5,3% de los casos, porcentaje que subió a casi el 100% en las SE 1-2 del 2022 y se mantiene.
- En la provincia de Neuquén en el reporte PAIS N°29 no se había informado detección de la variante Omicron hasta la SE 47-48 del 2021. Ya en las SE 51-52 comienza a detectarse con el 26,2% de los casos analizados, porcentaje que asciende al 90,6% de los casos las dos semanas siguientes (97% entre el 16 y el 22 de enero de 2022).
- En la provincia de Misiones, se analizaron 38 casos correspondientes a las SE 50 del 2021 a la SE 3 del 2022, de las localidades del Andresito, El Dorado, Oberá, Posadas y San Vicente. La variante Omicron se detectó en 24/38 casos analizados y fue detectada a partir de la SE 52 del 2021.
- En la provincia de Chaco, se analizaron 14 casos comprendidos entre el 11/01/2022 y el 15/02/2022. La variante Omicron se detectó en todos los casos analizados.
- En la provincia de Jujuy se estudiaron 26 casos entre el 09/11/2021 al 10/01/2022 (SE 45-52 del 2021 a SE 1 del 2022). En las primeras semanas analizadas (SE 45 del 2021) hasta la SE 50 del 2021 no se detectó la variante Omicron, siendo la variante Delta la predominante con 7/10 casos analizados. Luego en la SE 51 del 2021 comenzaron a detectarse los primeros casos de Omicron, llegando a ser la única variante detectada en la SE 1 del 2022. Cabe señalar que fue la única provincia que presentó secuencias (3) de otras variantes, aparte de Delta y Omicron.
- En la provincia de Corrientes se estudiaron 35 casos entre el 10/11/2021 al 16/01/2022 (SE 49-52 del 2021 a SE 1-3 del 2022). Hasta la SE 52 del 2021 solo se detectó un caso de la variante Omicron de siete casos analizados. Ya en la SE 1 del 2022 la variante Omicron comenzó a detectarse en 6/7 casos y luego en la SE 2 en 17/19 (89,4%) casos analizados.

- En la provincia de Mendoza se analizaron 6 casos entre el 23/12/2021 al 29/12/2021 resultando 5/6 correspondientes a la variante Omicron.
- En la provincia de Santa Cruz tres casos seleccionados al azar el 17/01/2022 correspondieron a la variante Omicron.
- En la provincia de Tierra del Fuego la variante Omicron comenzó a detectarse con un 75,8% de los casos en las SE 51-52 del 2021, porcentaje que subió al 92,3% en las SE1-2 del 2022.
- En todos los casos en que se detectó Omicron, el linaje observado fue BA.1 o su derivado BA.1.1.

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 2-7 ni en las Figuras 2-12, dado que su secuenciación fue realizada con fines confirmatorios.

En la Tabla 1 se observa que hay 72 casos secuenciados provenientes de selección dirigida y de ellos 41 corresponden a la variante Omicron detectadas entre el 12/12/2021 y el 01/02/2022.

- En CABA se detectó un caso de variante Omicron perteneciente al linaje BA.2 en la SE 5 del 2022, originalmente detectado por RT-qPCR específica de variantes por no presentar del69-70 en el gen que codifica para la proteína Spike característica del linaje BA.1 (entre otras mutaciones) y tampoco presentar los marcadores de la variante Delta, última variante en circulación previa a Omicron linaje BA.1. Este caso fue confirmado por secuenciación.

Por otro lado, en este reporte se integra información de la vigilancia de variantes de SARS CoV-2 por RT-qPCR en los municipios de Quilmes y Berazategui.

Analizado, diseñado y realizado por el Laboratorio de Virus Emergentes de la Universidad Nacional de Quilmes (LVE-UNQ).

El LVE-UNQ planteó la hipótesis de que una prueba de RT-qPCR específica para tipificar mutaciones de los genotipos conocidos podría facilitar la vigilancia epidemiológica de las variantes del virus en la región mencionada.

En el Laboratorio de Virus Emergentes de la Universidad Nacional de Quilmes se diseñó una PCR multiplex con transcripción reversa de un solo paso (multiplex RT-qPCR) específica para detectar mutaciones en el gen de la proteína *Spike* (del157-158) y en el gen *Orf1a* (del3675-3677). Asimismo, usando reactivos proporcionados gentilmente por el Dr. Maximiliano Juri Ayub de la Universidad Nacional de San Luis, utilizamos otra prueba de RT-qPCR específica para la determinación de la delección 69-70del en el gen *Spike*.

Se realizó un tamizaje para identificar la presencia de VOC en 663 muestras de casos positivos para SARS-CoV-2 procedentes de la Unidad COVID-19 (Plataforma de Servicios Biotecnológicos, PSB), de la Universidad Nacional de Quilmes. Este conjunto de muestras fue recolectado en los municipios de Quilmes y Berazategui de la Provincia de Buenos Aires entre el 1 de septiembre de 2021 y el 12 de febrero de 2022. Se detectó que 229 casos (34,54%) presentaron mutaciones

compatibles con la variante Delta, mientras que 418 casos (63,05%) presentaron mutaciones compatibles con la variante Omicron, los restantes 16 casos (2,41%) se correspondieron con otras variantes (Gamma y Lambda). En la Figura 13 se muestran estos resultados agrupados por semana epidemiológica (SE). La variante Omicron se detectó desde la SE 50 de 2021, y que desde la SE 3 a la SE 6 de 2022 fue la única variante identificada en las muestras analizadas. En la Figura 14 se muestran las frecuencias relativas de las variantes para este grupo de muestras tomado en los municipios de Quilmes y Berazategui desde la SE 35/2021 a la SE 6/2022.

Para corroborar la metodología, se seleccionaron 10 muestras compatibles con la variante Omicron de acuerdo con el tamizaje realizado (obtenidas entre el 14 y 27 de diciembre de 2021) y se entregaron al nodo central de Proyecto PAIS para su análisis por secuenciación. El ensayo tuvo una concordancia del 100% (10/10) con la secuenciación parcial del gen *Spike*.

De esta manera se pudo concluir que se logró establecer una metodología de genotipificado por pruebas de RT-qPCR de alto rendimiento para realizar el tamizaje de variantes de SARS-CoV-2 y llevar a cabo una vigilancia activa de variantes en la región, el cual se encuentra enteramente a disposición de quienes tengan interés en implementar la técnica.

Por otro lado, este enfoque puede adaptarse rápidamente para detectar mutaciones emergentes e implementarse inmediatamente en laboratorios que ya realizan RT-qPCR en todo el país utilizando equipo, personal y muestras existentes.

CONCLUSIONES

En este reporte se describe la circulación de variantes de SARS-CoV-2 durante el pico de la tercera ola de la COVID-19 en Argentina.

En el periodo analizado, la variante Omicron ha sido la variante mayoritaria detectada en circulación comunitaria en el AMBA alcanzando 100% de las identificaciones en las últimas 3 semanas analizadas (SE 3-5 del 2022).

El mismo panorama se observa en las provincias de Santa Fe (SE 3-4), Misiones (SE 3), Chaco (SE 3) y Tierra del Fuego (SE 3) mientras que en Neuquén la variante supera el 95% (SE 3).

En este momento, Argentina transita una baja en los casos correspondientes a la tercera ola, que, si bien, inicialmente se encontró asociada a la variante Delta (resultados actuales y reporte 29), luego fue impulsada por un abrupto ingreso y propagación de Omicron.

Hasta ahora, casi exclusivamente, los únicos sublinajes detectados por secuenciación del genoma completo del virus son BA.1 y BA.1.1.

Hasta el momento, la vigilancia activa de las variantes de SARS-CoV-2 realizada sobre un total de 7954 muestras de la CABA, provincias de Buenos Aires, Chaco, Córdoba, Corrientes, Jujuy, Neuquén, La Pampa, Santa Fe, Río Negro, Mendoza, Misiones, San Luis, Santa Cruz, Chubut, Tierra del Fuego y Entre Ríos (Reportes N°9 a 30) obtenidas entre el 26/10/2020 al 15/02/2022 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.

**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	Delta	Lambda	Omicron	Mu	Otras	Total
AMBA	05-12-21 al 05-02-22	43		340			383
CABA	15-12-21 al 05-02-22	6		230			236
GBA Norte	23-12-21 al 25-01-22	1		6			7
GBA Oeste	05-12-21 al 31-01-22	31		16			47
GBA Sur	14-12-21 al 01-02-22	4		62			66
GLP	01-01-22 al 27-02-22	1		25			26
Otros	18-01-22			1			1
PBA (No AMBA)	10-12-21 al 01-02-22	12		95			107
Bahía Blanca		8		21			29
Castelli				1			1
Chivilcoy		1					1
General Pueyrredón				12			12
Magdalena		1		13			14
Mercedes		2		23			25
Partido de la Costa				7			7
San Antonio de Areco				2			2
Suipacha				4			4
Tandil				12			12
Chaco	11-01-22 al 15-02-22			14			14
Campo Largo				1			
Colonias Unidas				1			
General San Martín				1			
Loa Frentones				1			
Pampa del Infierno				2			
Pcia. de la Plaza				1			
Resistencia				3			
Sáenz Peña				3			
San Bernardo				1			
Corrientes	10-11-21 al 16-01-22	9		26			35
Bella Vista				1			1
Corrientes Capital		6		14			20
Esquina				1			1
Goya		2		2			4
Ituzaingo				1			1
Mercedes				1			1
Paso de los Libres				1			1
Saladas				1			1
Santa Lucía		1					1
Santo Tomé				2			2
Tabay				1			1
Sin datos				1			1
Jujuy	09-11-21 al 10-01-22	12	1	11	2		26

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

El Carmen	1		1
Humahuaca	1	2	3
La Quiaca	1		1
Ledesma	1		1
Libertador Gral. San Martín	2	1	1
Palpalá	1		1
Perico	2		1
San Salvador de Jujuy	3		8
Mendoza	23-12-21 al 29-12-21	1	5
Godoy Cruz	1		1
Guaymallén			1
Las Heras			2
Luján de Cuyo			1
Misiones	13-12-21 al 17-01-22	14	24
Andresito	1		1
El Dorado	4		4
Oberá	1		1
Posadas	8		18
San Vicente			2
Neuquén	10-12-21 al 18-01-22	71	91
Aluminé	1		3
Andacollo			2
Añelo	1		1
Buta Ranquil			1
Centenario	4		3
Chos Malal	6		2
Junín de los Andes	4		3
Las Coloradas	1		
Las Lajas	1		1
Las Ovejas			1
Loncopué			1
Neuquén Capital	20		34
Picún Leufú	1		1
Plaza Huincul	2		3
Plottier	8		10
Rincón de los Sauces	3		4
San Martín de los Andes	3		12
San Patricio del Chañar	3		1
Senillosa	2		1
Villa La Angostura	6		
Zapala	5		8
Río Negro	27-12-2022	1	1
Cipolletti			1
Santa Cruz	17-01-22	3	3
Perito Moreno			1
Pico Truncado			2

PROYECTO ARGENTINO INTERINSTITUCIONAL DE GENÓMICA
DE SARS-CoV-2

Región	Período de muestreo	Delta	Lambda	Omicron	Mu	Otras	Total
Santa Fe	12-12-21 al 29-01-22	26		239			265
Acebal				7			7
Alvarez		1		3			4
Arequito		1		6			7
Barrancas				3			3
Bigand				5			5
Bustanza				1			1
Calchaquí				1			1
Cañada de Gómez		1		12			13
Casilda		2		8			10
Chabas				2			2
Coronel Dominguez				2			2
Correa				4			4
El Trebol				1			1
Esperanza		1					1
Eusebia				1			1
Frontera				1			1
Galvez				1			1
Gobernador Crespo				1			1
Helvecia		1		1			2
Humboldt				1			1
La Gallareta		2					2
Laguna Paiva				1			1
Los Molinos				2			2
Pilar				1			1
Progreso				1			1
Pueblo Esther		1		8			9
Rafaela		1		21			22
Reconquista				5			5
Ricardone		1		2			3
Roldán		1		6			7
Rosario		10		85			95
San Jerónimo Sur		1		1			2
San Lorenzo		1		6			7
Santa Fe				31			31
Soldini				5			5
Sunchales				1			1
Villa Constitución				2			2
Villa Eloisa		1					1

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

Región	Período de muestreo	Delta	Lambda	Omicron	Mu	Otras	Total
Tierra del Fuego	30-12-21 al 21-01-22	2		22			24
Río Grande		1		1			2
Ushuaia		1		21			22
Selección dirigida¹	12-12-21 al 01-02-22	29		41		2	72
AMBA				16			16
Buenos Aires (No AMBA)				2			2
Chubut		1		2		2	5
Mendoza				3			3
Neuquén		10		8			18
Santa Cruz		1		5			6
Santa Fe		15					15
Tierra del Fuego				4			4
Sin datos		2		1			3
Sin datos				3			3
TOTAL GENERAL	09-11-21 al 15-02-22	219	1	915	2	2	1139

¹ 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.

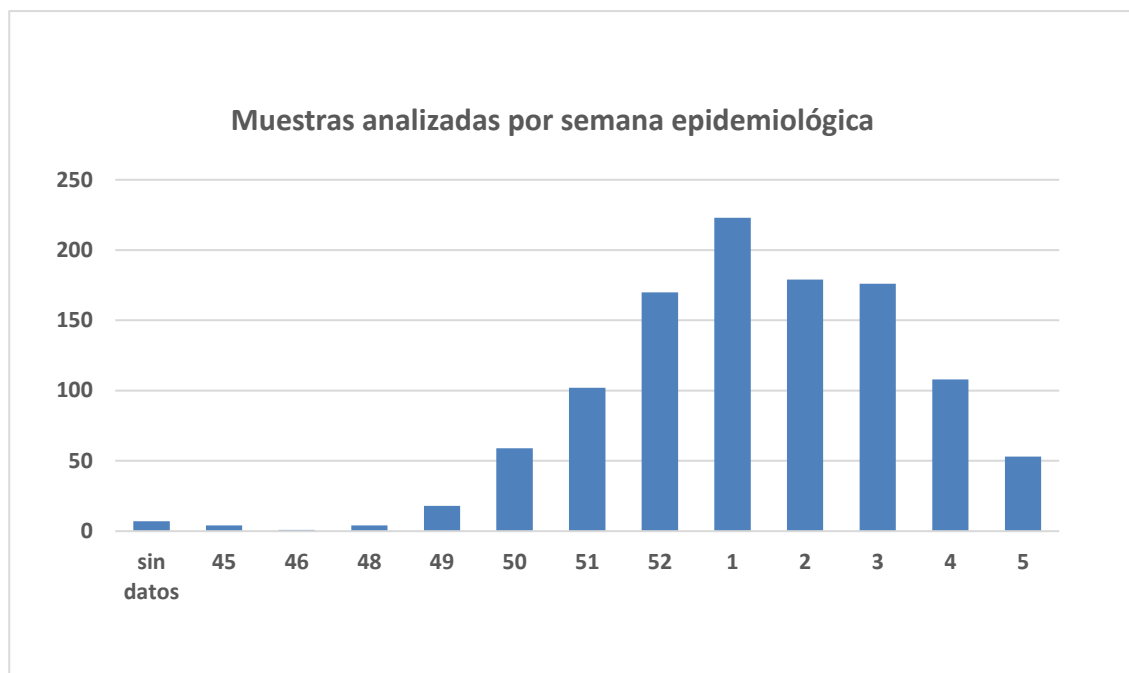


Figura 1. Muestras analizadas en este reporte por semana epidemiológica. Las muestras sin datos registrados corresponden a algunos casos de selección dirigida para los que no se dispuso de información temporal certera.

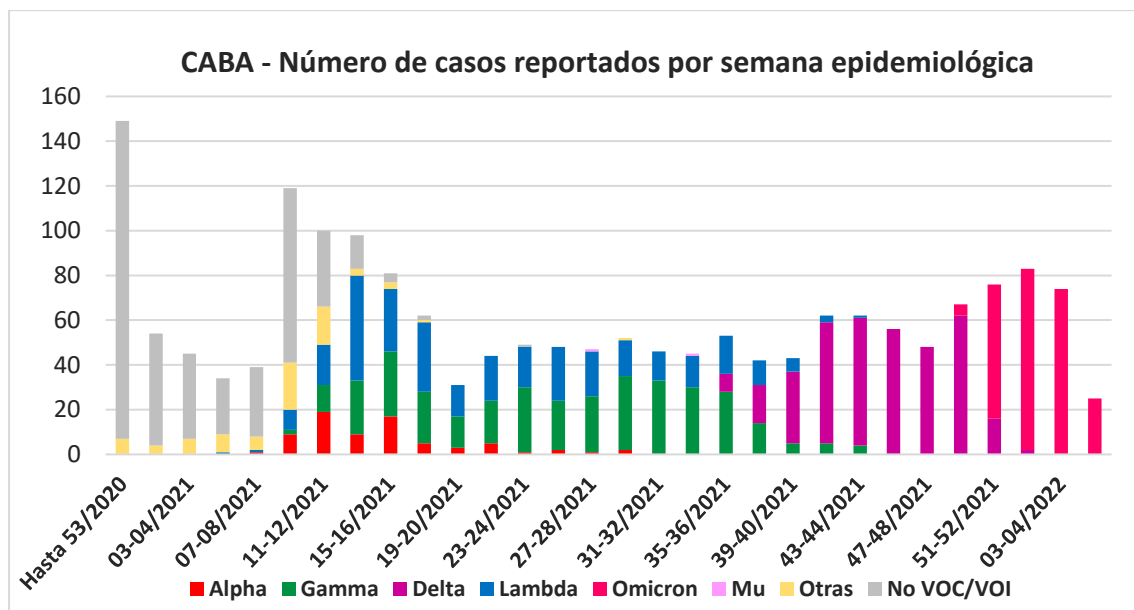


Figura 2: Número de casos reportados por semana epidemiológica 2020-2021. Se incluyen solamente casos provenientes de la **CABA** que no presentaron antecedentes de viaje o contacto estrecho con viajeros; en casos con nexo epidemiológico entre sí, solo se consideró uno como representativo. Para esta región, las SE 5-6/2022 se encuentran bajo análisis al cierre de este reporte y los casos no fueron incluidos en las Figuras al no ser representativos de la SE completa.

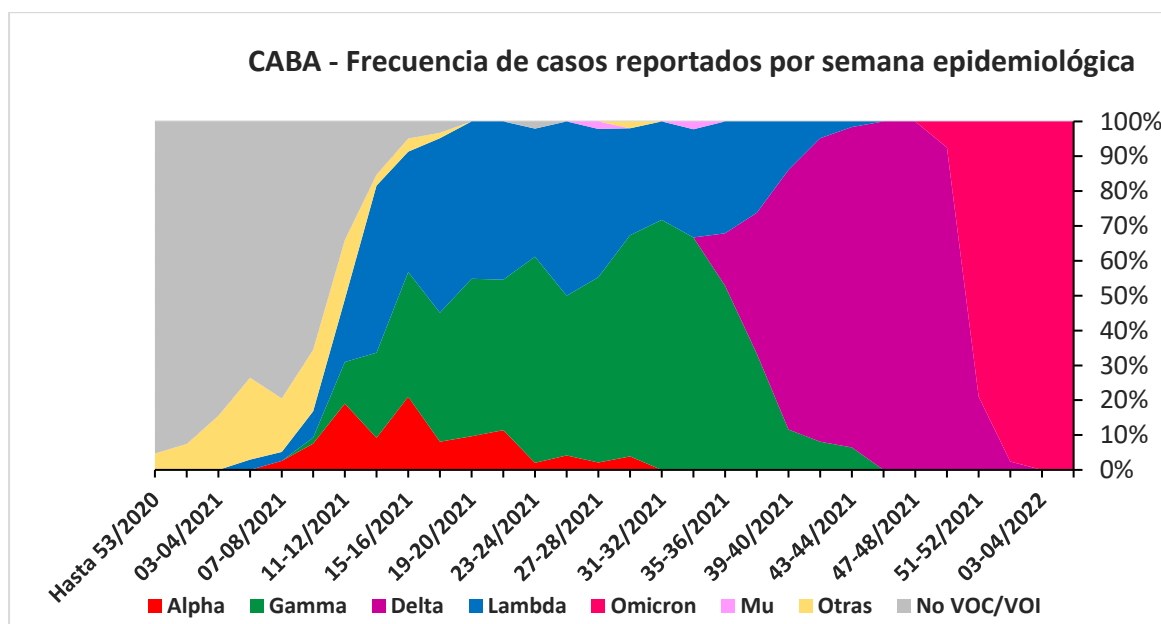


Figura 3: Frecuencia de variantes de SARS-CoV-2 y secuencias con o sin mutaciones de interés por semana epidemiológica. Se incluyen solamente casos provenientes de la **CABA** que no presentaron antecedentes de viaje o contacto estrecho con viajeros; en casos con nexo epidemiológico entre sí, solo se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

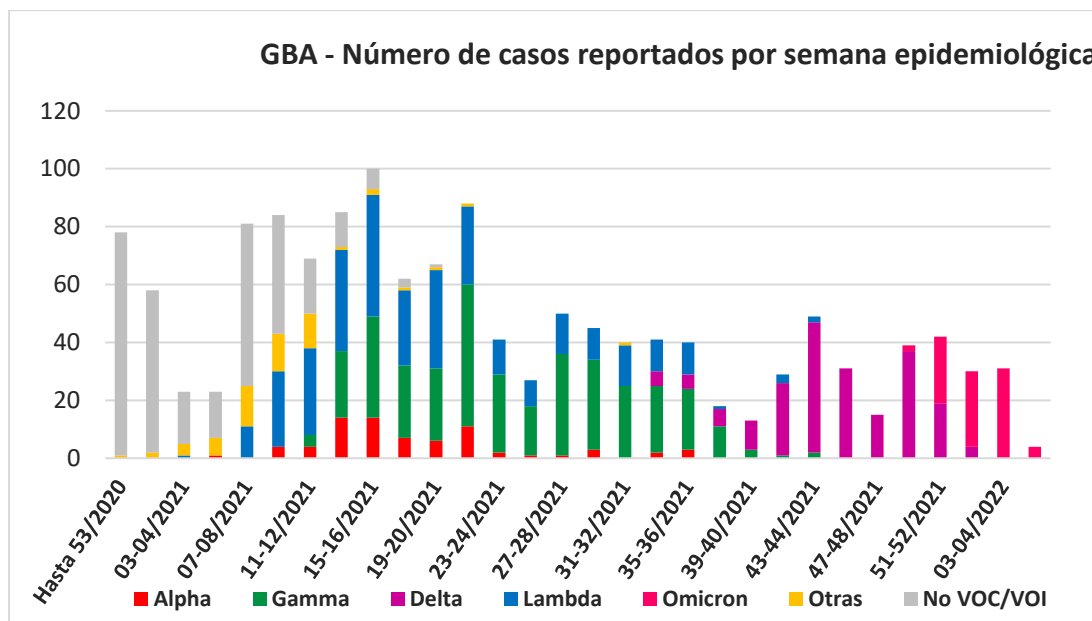


Figura 4: Número de casos reportados por semana epidemiológica 2020-2021. Se incluyen solamente casos provenientes del **GBA** que no presentaron antecedentes de viaje o contacto estrecho con viajeros; en casos con nexo epidemiológico entre sí, solo se consideró uno como representativo. Para esta región, las SE 5-6/2022 se encuentran bajo análisis al cierre de este reporte y los casos no fueron incluidos en las Figuras al no ser representativos de la SE completa.

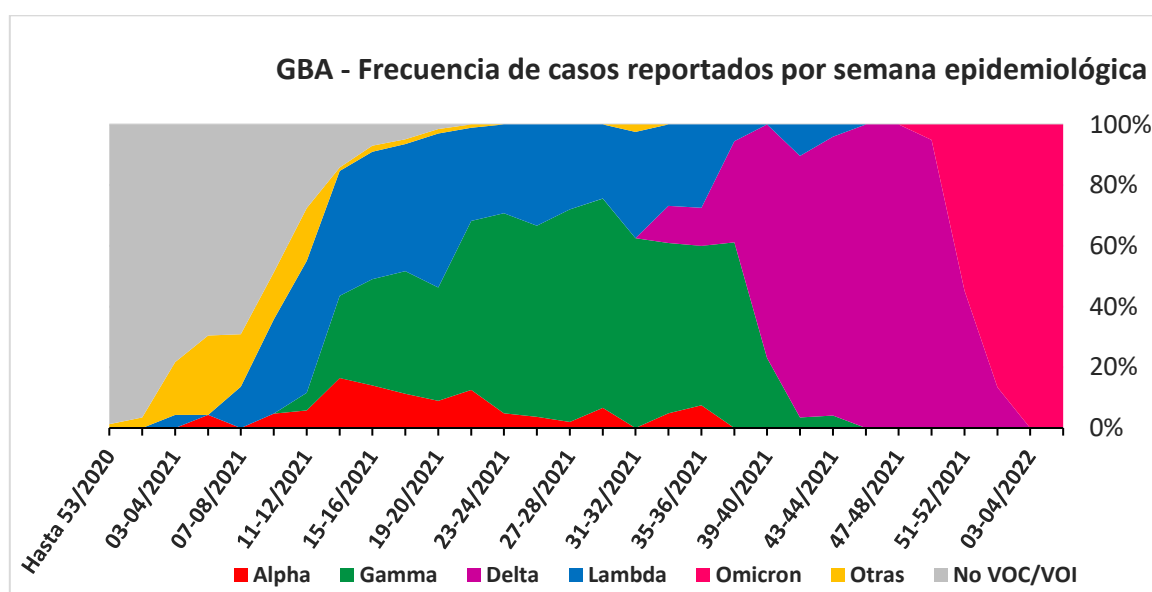


Figura 5: Frecuencia de variantes de SARS-CoV-2 y secuencias con o sin mutaciones de interés por semana epidemiológica. Se incluyen solamente casos provenientes del **GBA** que no presentaron antecedentes de viaje o contacto estrecho con viajeros; en casos con nexo epidemiológico entre sí, solo se consideró uno como representativo.

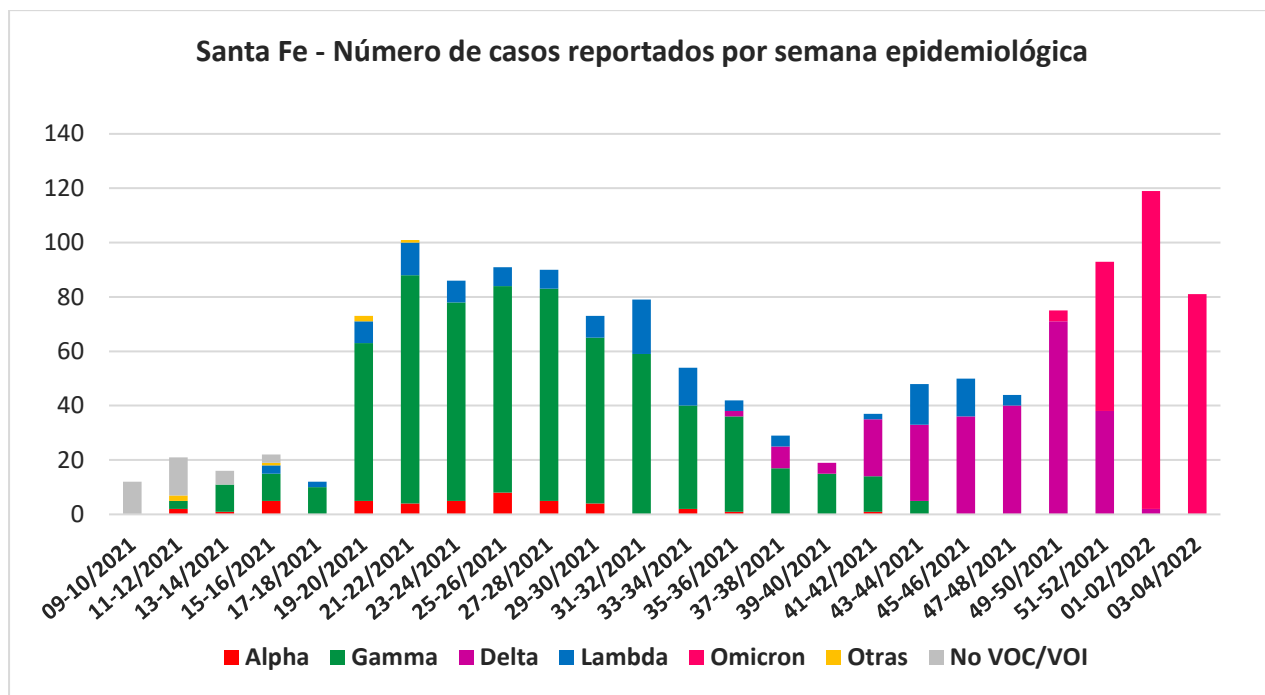


Figura 6: Número de casos reportados por semana epidemiológica 2020-2021. Se incluyen solamente casos provenientes de la **provincia de Santa Fe** que no presentaron antecedentes de viaje o contacto estrecho con viajeros; en casos con nexo epidemiológico entre sí, solo se consideró uno como representativo.

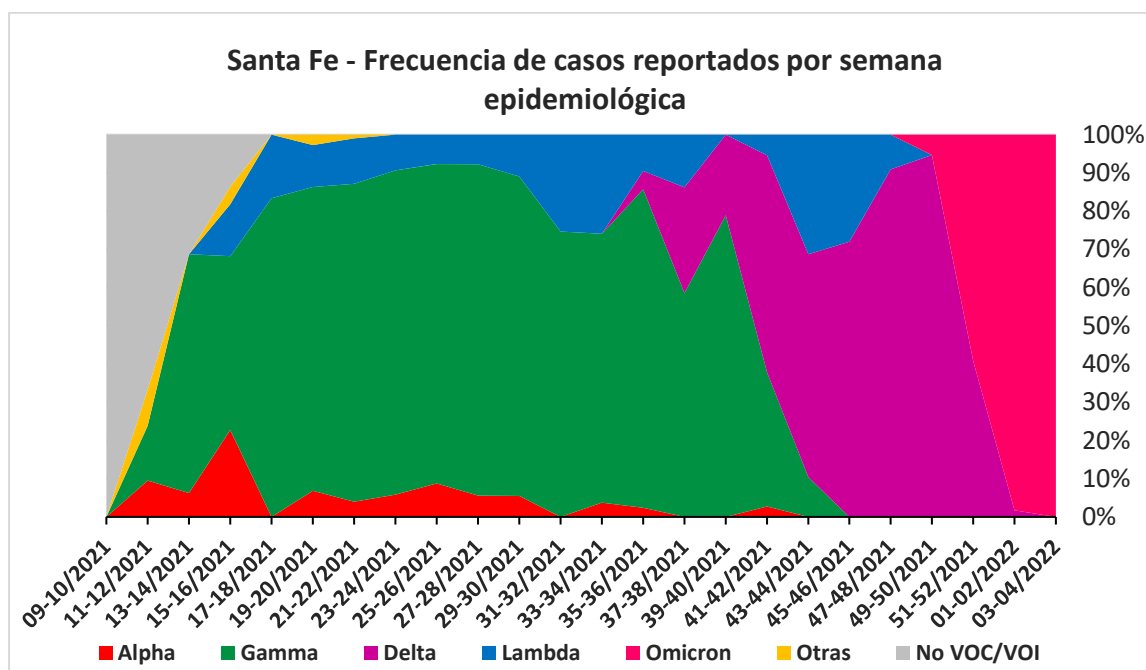


Figura 7: Frecuencia de variantes de SARS-CoV-2 y secuencias con o sin mutaciones de interés por semana epidemiológica. Se incluyen solamente casos provenientes de la **provincia de Santa Fe** que no presentaron antecedentes de viaje o contacto estrecho con viajeros; en casos con nexo epidemiológico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

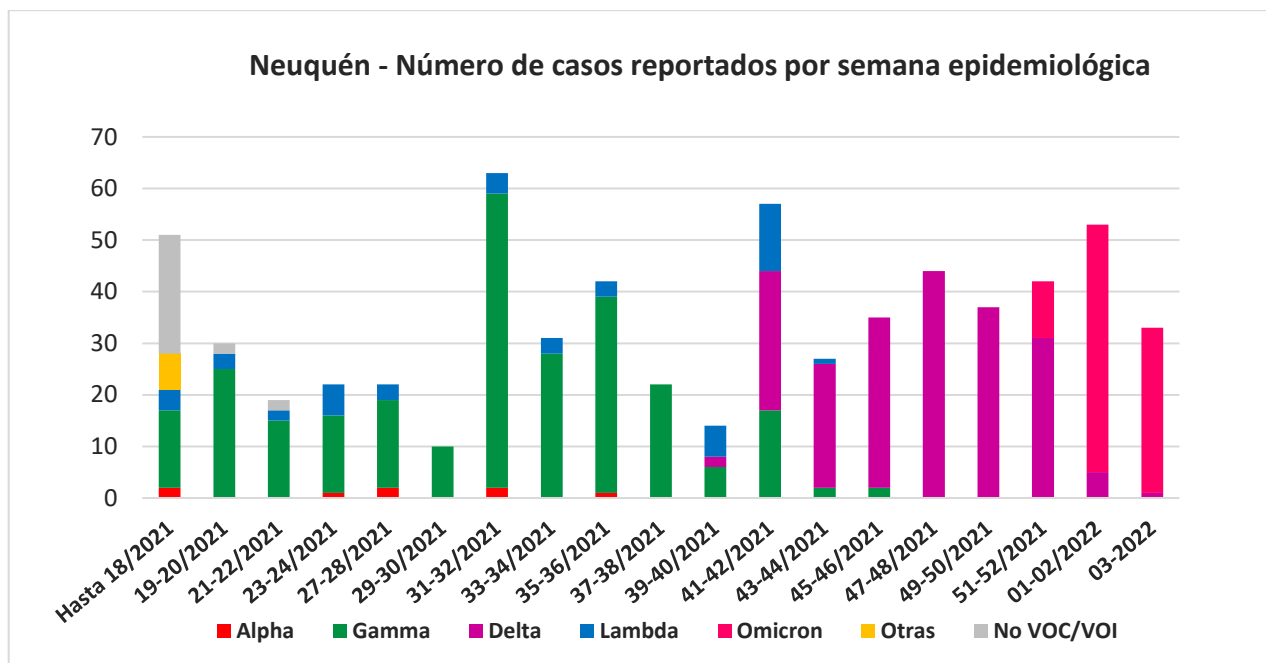


Figura 8: Número de casos reportados por semana epidemiológica 2020-2021. Se incluyen solamente casos provenientes de la **provincia de Neuquén** que no presentaron antecedentes de viaje o contacto estrecho con viajeros; en casos con nexo epidemiológico entre sí, solo se consideró uno como representativo.

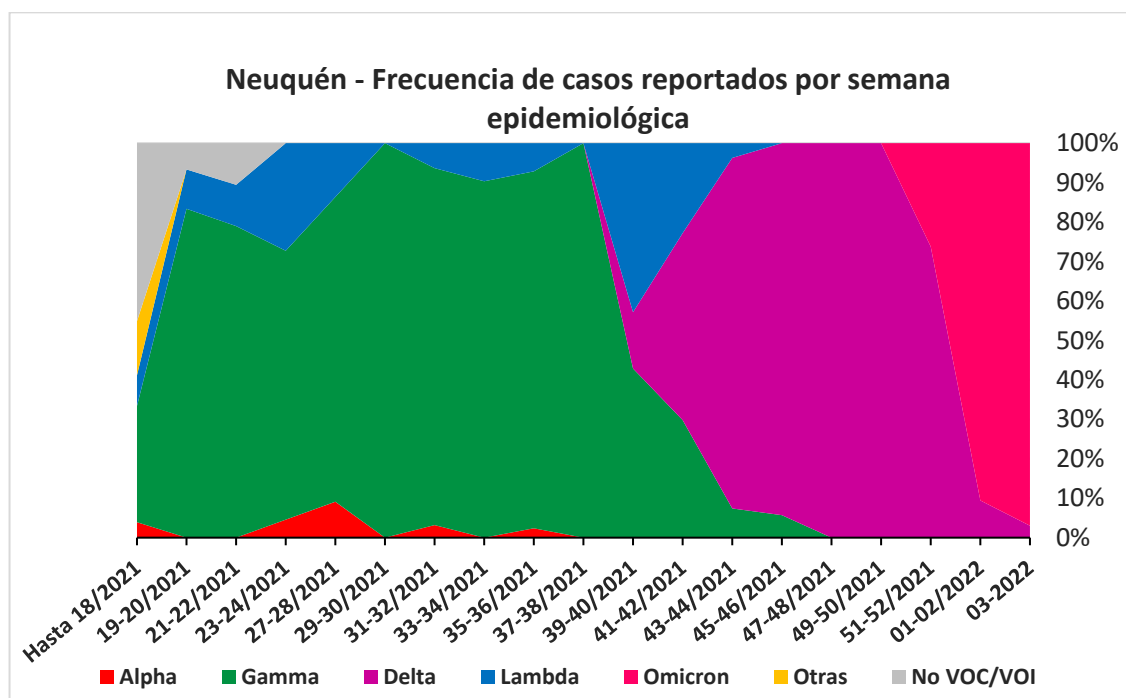


Figura 9: Frecuencia de variantes de SARS-CoV-2 y secuencias con o sin mutaciones de interés por semana epidemiológica. Se incluyen solamente casos provenientes de la **provincia de Neuquén** que no presentaron antecedentes de viaje o contacto estrecho con viajeros; en casos con nexo epidemiológico entre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

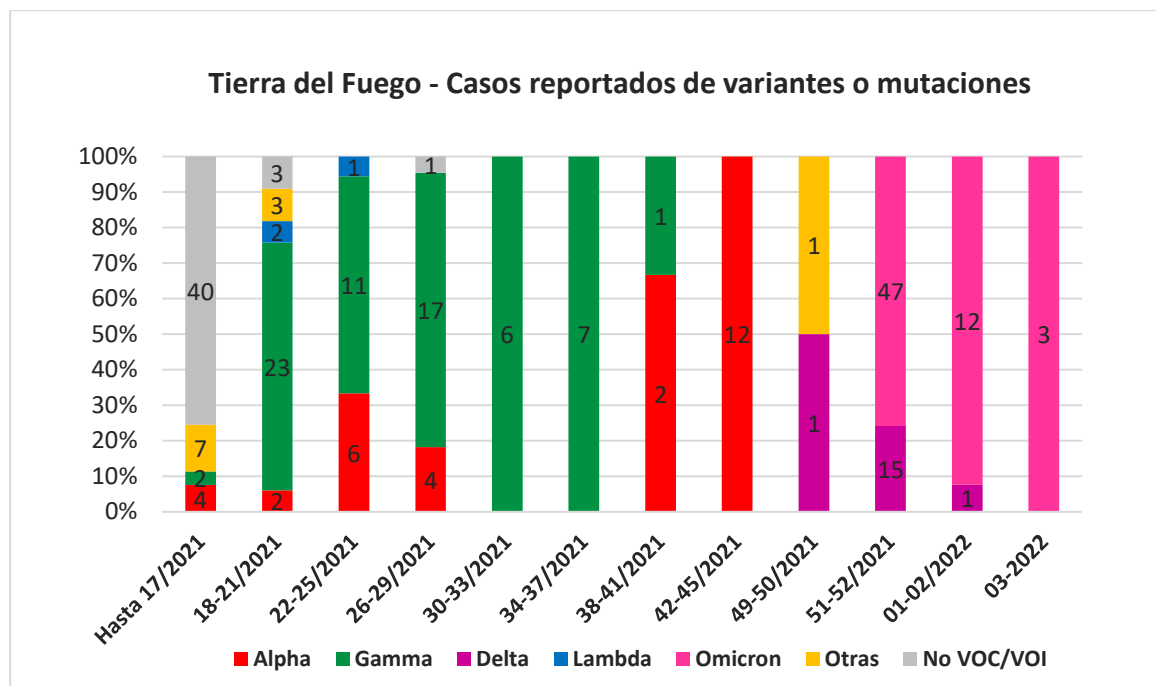


Figura 10: Frecuencia de variantes de SARS-CoV-2 y secuencias con o sin mutaciones de interés por semana epidemiológica. Se incluyen solamente casos provenientes de la **provincia de Tierra del Fuego** que no presentaron antecedentes de viaje o contacto estrecho con viajeros. Sobre las barras se indican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

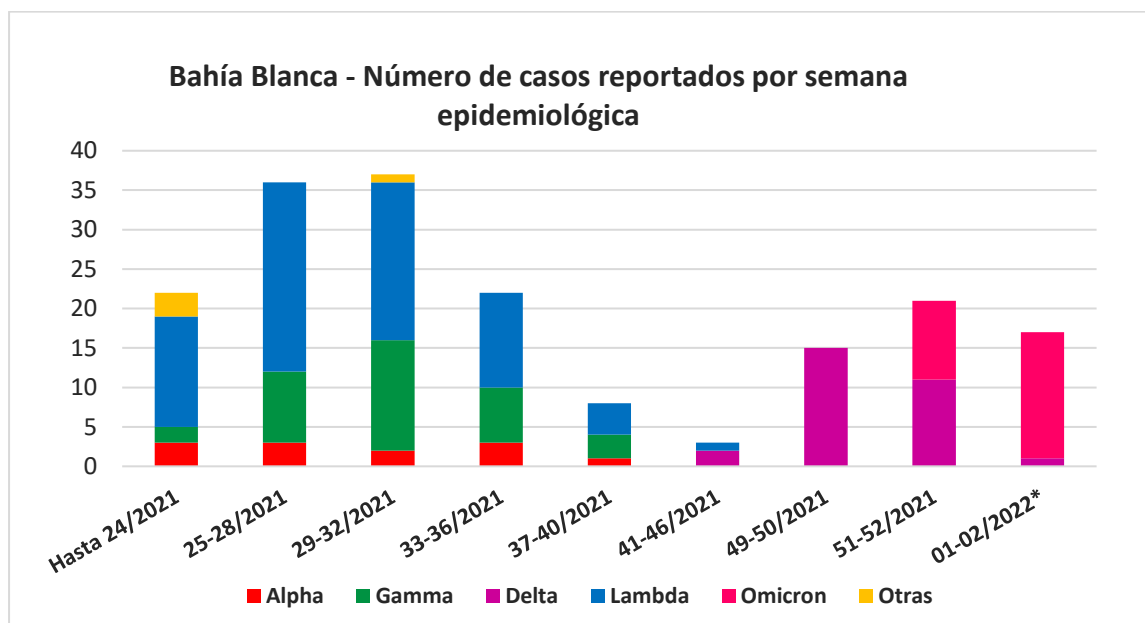


Figura 11: Número de casos reportados por semana epidemiológica 2020-2021. Se incluyen solamente casos provenientes de la **ciudad de Bahía Blanca** que no presentaron antecedentes de viaje o contacto estrecho con viajeros; en casos con nexo epidemiológico entre sí, solo se consideró uno como representativo. *Se incluye una muestra de SE03/2022

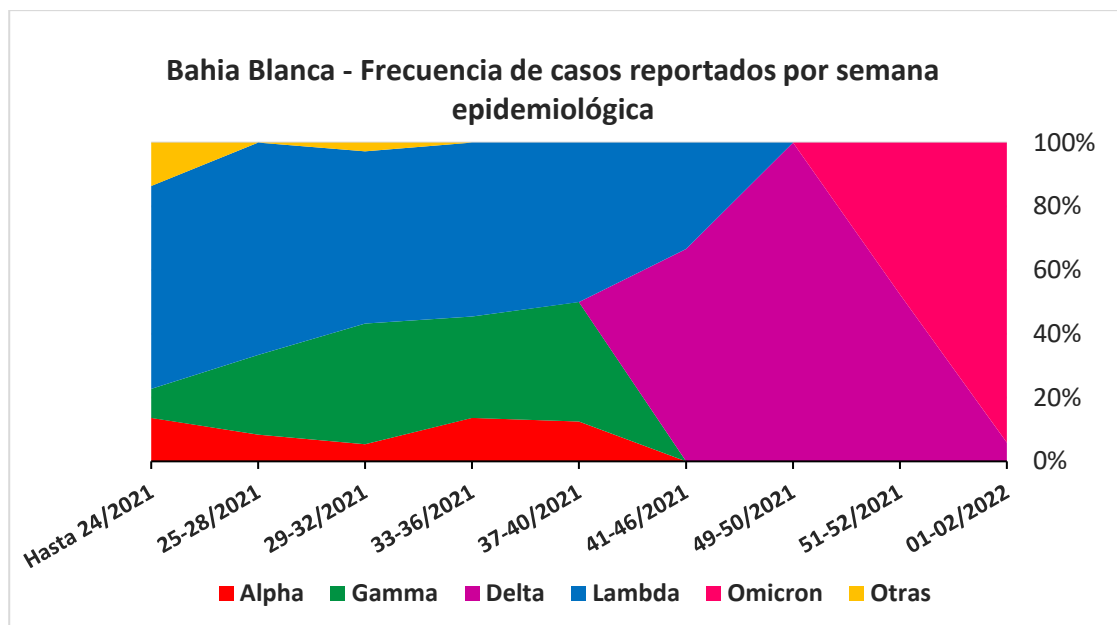


Figura 12: Frecuencia de variantes de SARS-CoV-2 y secuencias con o sin mutaciones de interés por semana epidemiológica. Se incluyen solamente casos provenientes de la ciudad de Bahía Blanca que no presentaron antecedentes de viaje o contacto estrecho con viajeros; en casos con nexo epidemiológico entre sí, solo se consideró uno como representativo. *Se incluye una muestra de SE03/2022

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

Tabla 2. CABA: Frecuencia de las variantes y mutaciones por semana epidemiológica (SE) 2020-2022¹.

SE	Alpha			Gamma			Delta			Lambda			Omicron			Mu			Otras ³			No VOC/VOI		
	Frec (%)	IC95% ²		Frec (%)	IC95% ²		Frec (%)	IC95% ²		Frec (%)	IC95% ²		Frec (%)	IC95% ²		Frec (%)	IC95% ²		Frec (%)	IC95% ²		Frec (%)	IC95% ²	
Hasta 53/2020																			4,7	2,3	9,4	95,3	90,6	97,7
01-02/2021																			7,4	2,9	17,6	92,6	82,4	97,1
03-04/2021																			15,6	7,7	28,8	84,4	71,2	92,3
05-06/2021										2,9	0,2	14,9							23,5	12,4	40,0	73,5	56,9	85,4
07-08/2021	2,6	0,1	13,2							2,6	0,1	13,2							15,4	7,2	29,7	79,5	64,5	89,2
09-10/2021	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
11-12/2021	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
13-14/2021	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
15-16/2021	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
17-18/2021	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
19-20/2021	9,7	3,3	24,9	45,2	29,2	62,2				45,2	29,2	62,2												
21-22/2021	11,4	5,0	24,0	43,2	29,7	57,8				45,5	31,7	59,9												
23-24/2021	2,0	0,1	10,7	59,2	45,2	71,8				36,7	24,7	50,7										2,0	0,1	10,7
25-26/2021	4,2	0,7	14,0	45,8	32,6	59,7				50,0	36,4	63,6												
27-28/2021	2,1	0,1	11,1	53,2	39,2	66,7				42,6	29,5	56,7				2,1	0,1	11,1						
29-30/2021	3,8	0,7	13,0	63,5	49,9	75,2				30,8	19,9	44,3							1,9	0,1	10,1			
31-32/2021				71,7	57,5	82,7				28,3	17,3	42,5												
33-34/2021				66,7	52,1	78,6				31,1	19,5	45,7				2,2	0,1	11,6						
35-36/2021				52,8	39,7	65,6	15,1	7,9	27,1	32,1	21,1	45,5												
37-38/2021				33,3	21,0	48,4	40,5	27,0	55,5	26,2	15,3	41,1												
39-40/2021				11,6	5,1	24,5	74,4	59,8	85,1	14,0	6,6	27,3												
41-42/2021				8,1	3,5	17,5	87,1	76,6	93,3	4,8	1,3	13,3												
43-44/2021				6,5	2,5	15,4	91,9	82,5	96,5	1,6	0,1	8,6												
45-46/2021							100,0	93,6	100,0															
47-48/2021							100,0	92,6	100,0															
49-50/2021							92,5	83,7	96,8				7,5	3,2	16,3									
51-52/2021							21,1	13,4	31,5				78,9	68,5	86,6									
01-02/2022							2,4	0,4	8,4				97,6	91,6	99,6									
03-04/2022													100,0	95,1	100,0									
05/2022													100,0	86,7	100,0									

¹ Se incluyen solamente casos provenientes que no presentaron antecedentes de viaje o contacto estrecho con viajeros.

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

³ 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) 2020-2022¹.

SE	Alpha			Gamma			Delta			Lambda			Omicron			Otras ³			No VOC/VOI		
	Frec (%)	IC95% ²		Frec (%)	IC95% ²		Frec (%)	IC95% ²		Frec (%)	IC95% ²		Frec (%)	IC95% ²		Frec (%)	IC95% ²		Frec (%)	IC95% ²	
Hasta 53/2020																1,3	0,1	6,9	98,7	93,1	99,9
01-02/2021																3,4	0,6	11,7	96,6	88,3	99,4
03-04/2021										4,3	0,2	21,0				17,4	7,0	37,1	78,3	58,1	90,3
05-06/2021	4,3	0,2	21,0													26,1	12,5	46,5	69,6	49,1	84,4
07-08/2021										13,6	7,8	22,7				17,3	10,6	26,9	69,1	58,4	78,1
09-10/2021	4,8	1,9	11,6							31,0	22,1	41,5				15,5	9,3	24,7	48,8	38,4	59,3
11-12/2021	5,8	2,3	14,0	5,8	2,3	14,0				43,5	32,4	55,2				17,4	10,2	28,0	27,5	18,4	39,0
13-14/2021	16,5	10,1	25,8	27,1	18,8	37,3				41,2	31,3	51,8				1,2	0,1	6,4	14,1	8,3	23,1
15-16/2021	14,0	8,5	22,1	35,0	26,4	44,7				42,0	32,8	51,8				2,0	0,4	7,0	7,0	3,4	13,7
17-18/2021	11,3	5,6	21,5	40,3	29,0	52,7				41,9	30,5	54,3				1,6	0,1	8,6	4,8	1,3	13,3
19-20/2021	9,0	4,2	18,2	37,3	26,7	49,3				50,7	39,1	62,3				1,5	0,1	8,0	1,5	0,1	8,0
21-22/2021	12,5	7,1	21,0	55,7	45,3	65,6				30,7	22,0	41,0				1,1	0,1	6,2			
23-24/2021	4,9	0,9	16,1	65,9	50,5	78,4				29,3	17,6	44,5									
25-26/2021	3,7	0,2	18,3	63,0	44,2	78,5				33,3	18,6	52,2									
27-28/2021	2,0	0,1	10,5	70,0	56,2	80,9				28,0	17,5	41,7									
29-30/2021	6,7	2,3	17,9	68,9	54,3	80,5				24,4	14,2	38,7									
31-32/2021				62,5	47,0	75,8				35,0	22,1	50,5				2,5	0,1	12,9			
33-34/2021	4,9	0,9	16,1	56,1	41,0	70,1	12,2	5,3	25,5	26,8	15,7	41,9									
35-36/2021	7,5	2,6	19,9	52,5	37,5	67,1	12,5	5,5	26,1	27,5	16,1	42,8									
37-38/2021				61,1	38,6	79,7	33,3	16,3	56,3	5,6	0,3	25,8									
39-40/2021				23,1	8,2	50,3	76,9	49,7	91,8												
41-42/2021				3,4	0,2	17,2	86,2	69,4	94,5	10,3	3,6	26,4									
43-44/2021				4,1	0,7	13,7	91,8	80,8	96,8	4,1	0,7	13,7									
45-46/2021							100,0	89,0	100,0												
47-48/2021							100,0	79,6	100,0												
49-50/2021							94,9	83,1	99,1				5,1	0,9	16,9						
51-52/2021							45,2	31,2	60,1				54,8	39,9	68,8						
01-02/2022							13,3	5,3	29,7				86,7	70,3	94,7						
03-04/2022													100,0	89,0	100,0						
05/2022													100,0	51,0	100,0						

¹ Se incluyen solamente casos provenientes que no presentaron antecedentes de viaje o contacto estrecho con viajeros.

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

³ 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) 2021-2022¹.

SE	Alpha			Gamma			Delta			Lambda			Omicron			Otras ³			No VOC/VOI		
	Frec (%)	IC95% ²		Frec (%)	IC95% ²		Frec (%)	IC95% ²		Frec (%)	IC95% ²		Frec (%)	IC95% ²		Frec (%)	IC95% ²		Frec (%)	IC95% ²	
09-10/2021																			100,0	75,8	100,0
11-12/2021	9,5	1,7	28,9	14,3	5,0	34,6													66,7	45,4	82,8
13-14/2021	6,3	0,3	28,3	62,5	38,6	81,5													31,3	14,2	55,6
15-16/2021	22,7	10,1	43,4	45,5	26,9	65,3				13,6	4,7	33,3							13,6	4,7	33,3
17-18/2021				83,3	55,2	97,0				16,7	3,0	44,8									
19-20/2021	6,8	3,0	15,1	79,5	68,8	87,1				11,0	5,7	20,2									
21-22/2021	4,0	1,6	9,7	83,2	74,7	89,2				11,9	6,9	19,6									
23-24/2021	5,8	2,5	12,9	84,9	75,8	90,9				9,3	4,8	17,3									
25-26/2021	8,8	4,5	16,4	83,5	74,6	89,7				7,7	3,8	15,0									
27-28/2021	5,6	2,4	12,4	86,7	78,1	92,2				7,8	3,8	15,2									
29-30/2021	5,5	2,2	13,3	83,6	73,4	90,3				11,0	5,7	20,2									
31-32/2021				74,7	64,1	83,0				25,3	17,0	35,9									
33-34/2021	3,7	0,7	12,5	70,4	57,2	80,9				25,9	16,1	38,9									
35-36/2021	2,4	0,1	12,3	83,3	69,4	91,7	4,8	0,8	15,8	9,5	3,8	22,1									
37-38/2021				58,6	40,7	74,5	27,6	14,7	45,7	13,8	5,5	30,6									
39-40/2021				78,9	56,7	91,5	21,1	8,5	43,3												
41-42/2021	2,7	0,1	13,8	35,1	21,8	51,2	56,8	40,9	71,3	5,4	1,0	17,7									
43-44/2021				10,4	4,5	22,2	58,3	44,3	71,2	31,3	19,9	45,3									
45-46/2021							72,0	58,3	82,5	28,0	17,5	41,7									
47-48/2021							90,9	78,8	96,4	9,1	3,6	21,2									
49-50/2021							94,7	87,1	97,9				5,3	2,1	12,9						
51-52/2021							40,9	31,4	51,0				59,1	49,0	68,6						
01-02/2022							1,7	0,3	5,9				98,3	94,1	99,7						
03-04/2022													100,0	95,5	100,0						

¹ Se incluyen solamente casos provenientes que no presentaron antecedentes de viaje o contacto estrecho con viajeros.

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

³ 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) 2021-2022¹.

SE	Alpha			Gamma			Delta			Lambda			Omicron			Otras ³			No VOC/VOI		
	Frec (%)	IC95% ²		Frec (%)	IC95% ²		Frec (%)	IC95% ²		Frec (%)	IC95% ²		Frec (%)	IC95% ²		Frec (%)	IC95% ²		Frec (%)	IC95% ²	
Hasta 18/2021	3,9	0,7	13,2	29,4	18,7	43,0				7,8	3,1	18,5				13,7	6,8	25,7	45,1	32,3	58,6
19-20/2021				83,3	66,4	92,7				10,0	3,5	25,6							6,7	1,2	21,3
21-22/2021				78,9	56,7	91,5				10,5	1,9	31,4							10,5	1,9	31,4
23-24/2021	4,5	0,2	21,8	68,2	47,3	83,6				27,3	13,2	48,2									
27-28/2021	9,1	1,6	27,8	77,3	56,6	89,9				13,6	4,7	33,3									
29-30/2021				100,0	72,2	100,0															
31-32/2021	3,2	0,6	10,9	90,5	80,7	95,6				6,3	2,5	15,2									
33-34/2021				90,3	75,1	96,7				9,7	3,3	24,9									
35-36/2021	2,4	0,1	12,3	90,5	77,9	96,2				7,1	2,5	19,0									
37-38/2021				100,0	85,1	100,0															
39-40/2021				42,9	21,4	67,4	14,3	2,5	39,9	42,9	21,4	67,4									
41-42/2021				29,8	19,5	42,7	47,4	35,0	60,1	22,8	13,8	35,2									
43-44/2021				7,4	1,3	23,4	88,9	71,9	96,1	3,7	0,2	18,3									
45-46/2021				5,7	1,0	18,6	94,3	81,4	99,0												
47-48/2021							100,0	92,0	100,0												
49-50/2021							100,0	90,6	100,0												
51-52/2021							73,8	58,9	84,7				26,2	15,3	41,1						
01-02/2022							9,4	4,1	20,3				90,6	79,7	95,9						
03-2022							3,0	0,2	15,3				97,0	84,7	99,8						

¹ Se incluyen solamente casos provenientes que no presentaron antecedentes de viaje o contacto estrecho con viajeros.

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

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

Tabla 6. Tierra del Fuego: Frecuencia de las variantes y mutaciones por semana epidemiológica (SE) 2021-2022¹.

SE	Alpha			Gamma			Delta			Lambda			Omicron			Otras ³			No VOC/VOI		
	Frec (%)	IC95% ²		Frec (%)	IC95% ²		Frec (%)	IC95% ²		Frec (%)	IC95% ²		Frec (%)	IC95% ²		Frec (%)	IC95% ²		Frec (%)	IC95% ²	
Hasta 17/2021	7,5	3,0	17,9	3,8	0,7	12,8										13,2	6,5	24,8	75,5	62,4	85,1
18-21/2021	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
22-25/2021	33,3	16,3	56,3	61,1	38,6	79,7				5,6	0,3	25,8									
26-29/2021	18,2	7,3	38,5	77,3	56,6	89,9													4,5	0,2	21,8
30-33/2021				100,0	61,0	100,0															
34-37/2021				100,0	64,6	100,0															
38-41/2021	66,7	11,8	98,3	33,3	1,7	88,2															
42-45/2021	100,0	75,8	100,0																		
49-50/2021							50,0	2,6	97,4							50,0	2,6	97,4			
51-52/2021							24,2	15,2	36,2				75,8	63,8	84,8						
01-02/2022							7,7	0,4	33,3				92,3	66,7	99,6						
03-2022													100,0	43,9	100,0						

¹ Se incluyen solamente casos provenientes que no presentaron antecedentes de viaje o contacto estrecho con viajeros.

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

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

Tabla 7. Bahía Blanca: Frecuencia de las variantes y mutaciones por semana epidemiológica (SE) 2021-2022¹.

SE	Alpha			Gamma			Delta			Lambda			Omicron			Otras ³		
	Frec (%)	IC95% ²		Frec (%)	IC95% ²		Frec (%)	IC95% ²		Frec (%)	IC95% ²		Frec (%)	IC95% ²		Frec (%)	IC95% ²	
Hasta 24/2021	13,6	4,7	33,3	9,1	1,6	27,8				63,6	43,0	80,3				13,6	4,7	33,3
25-28/2021	8,3	2,9	21,8	25,0	13,8	41,1				66,7	50,3	79,8						
29-32/2021	5,4	1,0	17,7	37,8	24,1	53,9				54,1	38,4	69,0				2,7	0,1	13,8
33-36/2021	13,6	4,7	33,3	31,8	16,4	52,7				54,5	34,7	73,1						
37-40/2021	12,5	0,6	47,1	37,5	13,7	69,4				50,0	21,5	78,5						
41-46/2021							66,7	11,8	98,3	33,3	1,7	88,2						
49-50/2021							100,0	79,6	100,0									
51-52/2021							52,4	32,4	71,7				47,6	28,3	67,6			
01-02/2022							5,9	0,3	27,0				94,1	73,0	99,7			

¹ Se incluyen solamente casos provenientes que no presentaron antecedentes de viaje o contacto estrecho con viajeros.

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

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

Figura 13. Número de casos reportados de variantes de SARS-CoV-2 por semana epidemiológica 2021-2022 (Quilmes-Berazategui).

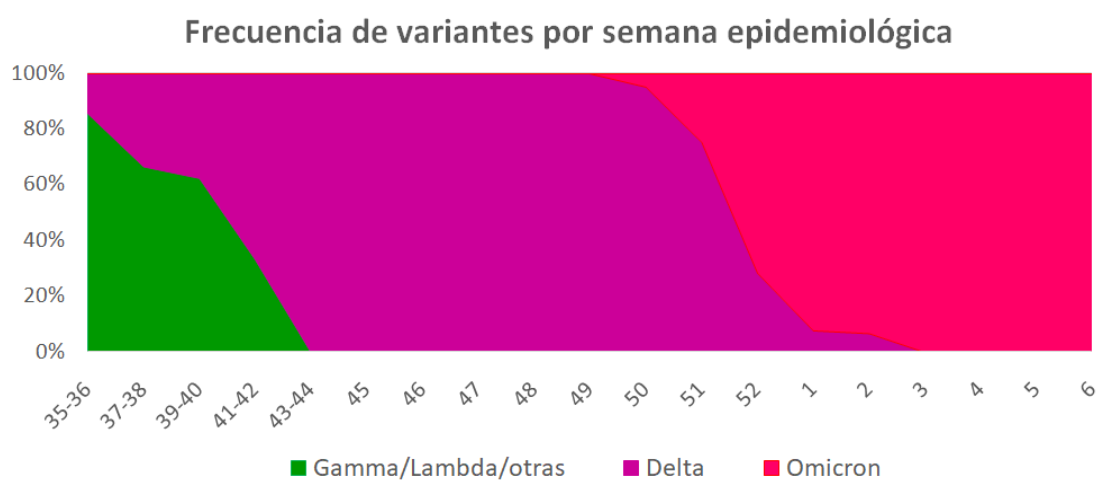
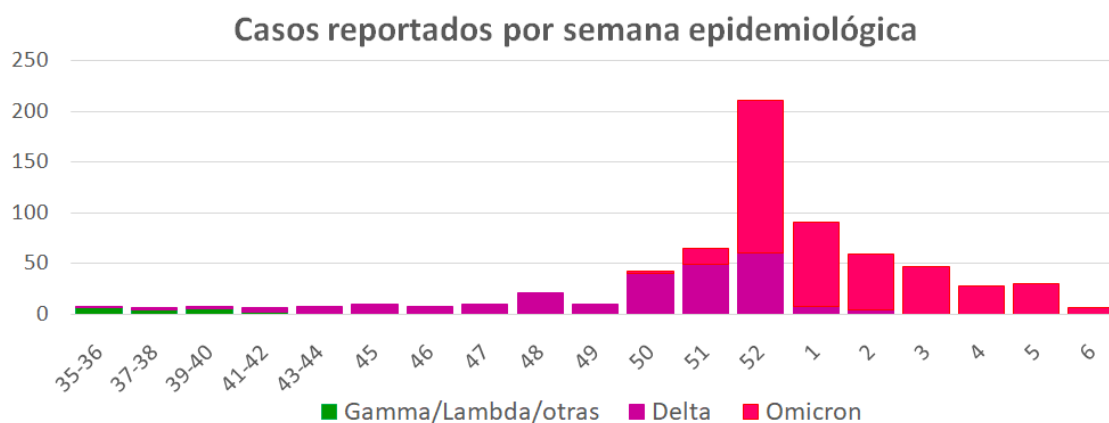


Figura 14. Frecuencias relativas de variantes de SARS-CoV-2 (Quilmes-Berazategui) por semana epidemiológica 2021-2022. Se utilizó una RT-qPCR diseñada por LVE-UNQ.

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>).

(https://support.illumina.com/clinical_support/clinical_kits/illumina-covidseq-test-ivd/documentation.html)

Figura 15. Representación de los cambios aminoacídicos en el gen S de SARS-CoV-2 característicos de las 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).

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, María 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 Amadio.

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, Mariana Galizzi, 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 y análisis IPAVE-INTA-CIAP (Córdoba): Franco Fernández, Nathalie Marquez, y Humberto Debat.

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. Bioinformática: Raúl Maximiliano Acevedo (**Instituto de Botánica del Nordeste (CONICET-UNNE), Corrientes**).

Nodo de secuenciación y análisis del Laboratorio de Medicina Genómica, Facultad de Medicina, UNNE (Corrientes, provincia de Corrientes): Florencia Ferrini, Guillermo Acevedo, María de los Ángeles Martínez, Carla Zimmerman. Epidemiología: Angelina Bobadilla.

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

Nodo de secuenciación y análisis del Laboratorio Generis (Caleta Olivia, Santa Cruz): Rodrigo Nielsen, Ana Catalina Blazquez, Paula López Ullán, Alejandra Rivero, Daiana Domínguez, Giselle Tello, González María Eugenia, Nazareno Puchi, Carla Tolaba, Pablo García.

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.

Carga de datos al SNVS: Camila Luzzardo.

Desarrollo y mantenimiento de página web Proyecto PAIS (<http://pais.qb.fcen.uba.ar/>): IQUIBICEN e IC - CONICET y Facultad de Ciencias Exactas y Naturales (UBA): Adrián Turjanski, Ezequiel Sosa, Jonathan Zaiat; IQUIBICEN - CONICET y Facultad de Ciencias Exactas y Naturales (UBA). Equipo de trabajo: Marcelo Martí, Claudio Schuster; Instituto de Cálculo - CONICET y Facultad de Ciencias Exactas y Naturales (UBA). Equipo de trabajo: Darío Fernández Do Porto, Florencia Castello, Federico Serral.

Nodos de toma y procesamiento de muestras clínicas:

Laboratorio de Virología, Hospital de Niños Dr. Ricardo Gutiérrez (CABA): Alicia Mistchenko, Erica Grandis, María Cristina Álvarez 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, 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.

Laboratorio de Virus Emergentes, Departamento de Ciencia y Tecnología, Universidad Nacional de Quilmes (Quilmes, provincia de Buenos Aires): Leopoldo Gebhard, Juan Manuel Carballada, Mercedes Pastorini, Gabriel Iglesias, Sandra Goñi.

Unidad de Emergencia COVID-19, Plataforma de Servicios Biotecnológicos, Universidad Nacional de Quilmes (Bernal, provincia de Buenos Aires): Alejandro Castello; Hernán Farina; Sandra Goñi; Georgina Cardama; Norailys Lorenzo; Humberto Lamdan; Marcelo Mandile; Alejandra Zinni; Carla Capobianco; Gustavo Bada

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

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 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 Ambrosis; 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 del Hospital Ramón Santamarina de Tandil: Carolina Gomez

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

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.

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

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 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 Central De Redes y Programas (Ministerio de Salud, Corrientes, provincia de Corrientes): Natalia Ruiz Diaz; Gerardo Andino, Silvina Martínez, Susana Soto, José Espinoza, Martín Coceres.

Laboratorio de Alta Complejidad (LACMI), Instituto de Genética Humana (IGeHM), Parque de la Salud de la provincia de Misiones, Universidad Nacional de Misiones (UNaM): Karina Salvatierra, Carmen Gonzales, Tania A. Benitez, Daiana Urquiza, Mara Vogel, Carina Ludojoski, Gaston Silva, Ronald Fontana, Cecilia Aguirre y Marcelo Gamarra

Laboratorio Central de Salud Pública (San Salvador de Jujuy, provincia de Jujuy): Claudia Maza Díaz, Miguel Alejandro Charre; Ariel David Fridman; Claudia Mamani; Fabiana Vaca.

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.

Fondos:

Proyecto IP COVID-19 N°08, Focem (FONDO PARA LA CONVERGENCIA ESTRUCTURAL DE MERCOSUR) COF 03/11 Covid-19. Ministerio de Ciencia, Tecnología e Innovación de la Nación. Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas.

REFERENCIAS:

- (1) [https://www.who.int/news/item/26-11-2021-classification-of-omicron-\(b.1.1.529\)-sars-cov-2-variant-of-concern](https://www.who.int/news/item/26-11-2021-classification-of-omicron-(b.1.1.529)-sars-cov-2-variant-of-concern)
- (2) <https://www.nature.com/articles/d41586-022-00215-2>
- (3) <https://www.argentina.gob.ar/noticias/primer-caso-de-variante-omicron-de-sars-cov-2-detectado-en-argentina-en-un-viajero>
- (4) <https://Outbreak.info>

- (5) J. Clin. Med. 2022, 11(1), 30; <https://doi.org/10.3390/jcm11010030>.
- (6) MedRxiv; <https://doi.org/10.1101/2021.12.07.21267432>
- (7) 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
- (8) MedRxiv; <https://doi.org/10.1101/2021.12.21.21268116>
- (9) <https://www.research.ed.ac.uk/en/publications/severity-of-omicron-variant-of-concern-and-vaccine-effectiveness->
- (10) <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC8845508/>
- (11) [https://linkinghub.elsevier.com/retrieve/pii/S0002-9440\(22\)00044-X](https://linkinghub.elsevier.com/retrieve/pii/S0002-9440(22)00044-X)
- (12) <https://covidstats.com.ar/>