

Reporte N°32: Vigilancia activa de variantes de SARS-CoV-2 en la CABA, provincias de Buenos Aires, Chaco, Córdoba, Corrientes, Jujuy, La Pampa, Mendoza, Misiones, Neuquén, Salta, Santa Fe y Tierra del Fuego. Actualización 01-07-2022.

RESUMEN

Con el objetivo de estudiar las variantes circulantes del virus SARS-CoV-2 hacia el fin de la 3ra ola y parte de la 4ta de la COVID-19 en diferentes provincias de la Argentina, se analizaron un total de 929 muestras correspondientes al período 09/11/21-13/06/22, de las cuales 916 fueron seleccionadas al azar y corresponden a individuos sin antecedente de viaje al exterior o contacto estrecho con viajeros: 165 correspondieron a casos de la CABA, Gran Buenos Aires y alrededores y Gran La Plata, 39 a la provincia de Buenos Aires (no AMBA), 39 a la provincia de Chaco, 48 a la provincia de Corrientes, 11 a la provincia de La Pampa, 20 a la provincia de Mendoza, 59 a la provincia de Misiones, 95 a la provincia de Neuquén, 51 a la provincia de Salta, 25 a la provincia de Tierra del Fuego y 364 a la provincia de Santa Fe. Además, se analizaron en forma retrospectiva 35 muestras de la provincia de Jujuy (2da ola). Las 13 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 539 casos se realizó la secuenciación completa del genoma del SARS-CoV-2.

En total se identificó la variante Omicron en 899 casos (96,8%), la variante Delta en 29 casos (3,1%) y la variante Lambda en un caso (0,1%). Entre los casos de la variante Omicron, 603 correspondieron al linaje BA.1 (67,1%), 262 al linaje BA.2 (29,1%), 25 al linaje emergente BA.2.12.1 (3,6%) y nueve a alguno de los linajes emergentes BA.4/BA.5 (1%).

Los análisis filogenéticos de secuencias de Omicron de Argentina, obtenidas por Proyecto PAIS entre el 27 de octubre del 2021 y el 13 de junio del 2022, mostraron la presencia mayoritaria de los linajes BA.1, BA.1.1 y BA.1.15; y de BA.2, BA.2.3, BA.2.9 y BA.2.12.1. Para el linaje BA.2, de más reciente introducción y dispersión mundial, se observaron múltiples introducciones al país y también grupos compatibles con cadenas de transmisión local de distribución regional acotada (una o dos provincias), con la excepción de un grupo de transmisión del linaje BA.2.3, con distribución más amplia y asociado mayoritariamente con casos de la región centro-norte del país.

Al cierre de este reporte se incorporaron recientes datos de las provincias Córdoba, Neuquén y Santa Fe.

En este momento, Argentina transita una baja en los casos correspondientes a la cuarta ola que, si bien inicialmente se encontró asociada principalmente al linaje BA.2 de Omicron, en las últimas semanas analizadas se han detectado casos de los linajes emergentes BA.2.12.1 y BA.4/BA.5 en el AMBA, Córdoba, Corrientes, Chaco, Neuquén, Mendoza y Santa Fe; encontrándose BA.2.12.1 entre el ~5-26% de los casos y BA.4/BA.5 entre el ~6-25%.



Contexto epidemiológico

La emergencia, diseminación, establecimiento y dominancia de la variante Omicron ha impulsado olas de la COVID-19 a nivel global generando un número inédito de infecciones. Su extensa circulación y consecuente diversificación ha redundado en la existencia de al menos 231 linajes incluyendo recombinantes (BA.1-BA.5; X*)¹ con constelaciones de mutaciones ligeramente diferentes y diversificación interna. Algunas de ellas podrían diferir en su riesgo potencial para la salud pública. En general, los linajes de Omicron presentan una mayor tasa de transmisión que otros linajes del virus². Los linajes BA.4, BA.5 y BA.2.12.1 de Omicron han adquirido algunas mutaciones adicionales que podrían afectar sus características biológicas (BA.4 y BA.5 incluyen las mutaciones de interés del69/70, L452R y F486V, y BA.2.12.1 las mutaciones L452Q y S704L). Según los datos de GISAID y los informes de situación epidemiológica de la OMS, al 30 de junio de 2022, 58 países informan la detección de la variante BA.4, 62 de la BA.5 y 69 países de la BA.2.12.1. En comparación con BA.2, los linajes BA.2.12.1, BA.4 y BA.5 están asociadas a una mayor evasión en ensayos de neutralización contra plasma de individuos inmunizados y de convalecientes. Así mismo, se ha reportado una asociación importante de estos tres linajes con escape parcial inmune a diversos anticuerpos terapeuticos³. A nivel epidemiológico Omicron continúa siendo la variante dominante que circula a nivel mundial y representa más del 94% las secuencias incluidas en GISAID entre el 27 de mayo y el 27 de junio pasados⁴. El paisaje de variantes se ha venido reconfigurando desde un escenario en la semana epidemiológica (SE) 20 en donde casi el 90% de las secuencias estaba representado por BA.2 y sus derivados, bajando al 64% de las secuencias en la SE 23 (6 al 12 de junio de 2022) y a 25% en la SE 24 (13-19 de junio de 2022). En el caso particular de BA.2.12.1, a nivel global, pasó de representar más del 27% de las secuencias en la SE 20 a 17% en la SE 23 y 11% en la SE 24. Por el contrario, los linajes BA.5 y BA.4 siguen expandiéndose y aumentando en frecuencia. De la SE 22 a la SE 24, la prevalencia de BA.5 pasó del 16% al 43% y en el caso de BA.4 pasó del 6% al 12%. Este aumento de la prevalencia de BA.4 y BA.5 ha coincidido con un aumento de casos de la COVID-19 en diversas regiones a nivel global y, en algunos países, también ha provocado un aumento de las hospitalizaciones y los ingresos a UTIs⁴. De todos modos, más allá de su asociación al escape parcial a anticuerpos neutralizantes inducidos tanto por la vacunación como por la infección⁵, no hay aún evidencia de un cambio en la gravedad asociado a las variantes BA.2.12.1, BA.4 o BA. $5^{6,7}$.



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 425 muestras y la secuenciación del genoma completo en 504 muestras obtenidas entre el 09/11/21 y el 19/06/22 de individuos residentes en la AMBA, PBA, Chaco, Córdoba, Corrientes, La Pampa, Mendoza, Misiones, Neuquén, Salta, 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 (Hurlingham, 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 de Salud Pública e Instituto de Medicina y Biología Experimental de Cuyo (IMBECU) ciudad de Mendoza (pcia. de Mendoza).

De las 929 muestras analizadas, la mayoría (916) corresponden a personas sin antecedente de viaje al exterior o contacto estrecho con viajeros, mientras que los otros 13 correspondieron a selecciones especiales (nexo con viajeros, confirmación de casos detectados por la técnica de real time específica para variantes).

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 2,5-50% 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.

La vigilancia se realiza semanal o quincenalmente a través de los laboratorios centinelas que se encuentran en distintas localidades y provincias que participan del proyecto PAIS.



RESULTADOS:

Se analizó la presencia de variantes en un total de 929 muestras de individuos residentes en el AMBA, PBA, Chaco, Córdoba, Corrientes, La Pampa, Mendoza, Misiones, Neuquén, Salta, 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) en 425 muestras y del genoma completo en 504 muestras (Tabla 1). Además, se analizaron en forma retrospectiva 35 muestras de la provincia de Jujuy del periodo comprendido entre el 04/05/2021 y el 28/10/2021 (segunda ola).

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 2-10 y las Figuras 2-14**, 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 y las frecuencias de las variantes de SARS-CoV-2 por semana epidemiológica desde la SE 36-37/2021 en adelante.

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

- En la **CABA** se mantuvo la predominancia de la variante Omicron en el 100% de los casos desde la SE 2-3/2022 hasta la última semana analizada en este reporte (Figuras 2 y 3). Respecto de los linajes de Omicron, se observó que el linaje BA.1 fue detectado en el 100% de los casos entre las SE 2 y 5 del 2022. Luego se observó un incremento de detección del linaje BA.2 del 1.8% en las SE 6-7 al 88% en las SE 16-17 (17 al 30 de abril), momento en el cual se comienza a detectar los linajes emergentes BA.2.12.1 con un 3,8% y BA.4/BA.5 con un 3,8%. El linaje BA.2.12.1 continuó detectándose en forma continua hasta las SE 22-23 en donde alcanzó el 25.7%, mientras que en las mismas SE ya se observó un 11.4% de casos compatibles con linajes BA.4/BA.5.
- En el **GBA**, al igual que en la CABA, se mantuvo la predominancia de la variante Omicron en el 100% de los casos desde las SE2-3/2022 hasta la última semana analizada en este reporte (Figuras 4 y 5). Respecto de los linajes de Omicron, se observó que el linaje BA.1 fue detectado en el 100% de los casos entre las SE 2 y 7 del 2022. Luego se observó un incremento de detección del linaje BA.2 del 10% en las SE 8-9 al 100% en las SE 18-19 (1 al 14 de mayo), momento en el cual se comienza a detectar el linaje emergente BA.2.12.1 con un 10% de los casos entre las SE 21 y 23 del 2022 (22 de mayo al 4 de junio).
- En el Gran La Plata, Omicron fue la única variante detectada con 15 casos analizados entre el 02/05/2022 y 18/05/2022. De estas, una correspondió al linaje BA.1, once al linaje BA.2 (73.3%) y tres al linaje emergente BA.2.12.1 (20%).

En el caso de la ciudad de **Bahía Blanca**, ocho de los diez casos analizados correspondieron al linaje BA.2, uno al linaje BA.2.12.1 y uno a alguno de los linajes BA.4/BA.5 (Figura 6). Todas muestras correspondientes al periodo entre el 10 de mayo y el 23 de mayo de 2022.

Para el **resto de la PBA**, entre el 23/01/2022 y el 23/05/2022 se analizaron un total de 39 casos, de los cuales todos correspondieron a la variante Omicron. De estos, dos casos correspondieron a la ciudad de



Chivilcoy (27 de enero), 15 a la ciudad de Mercedes (23 de enero al 4 de marzo) y 12 a la ciudad de Suipacha (28 de enero al 24 de febrero), todos pertenecientes al linaje BA.1 de Omicron.

Cabe destacar que la diferencia de linajes detectados en las distintas localidades de la provincia está relacionada con el periodo de análisis en cada caso.

- En la provincia de **Chaco**, se analizaron 39 casos comprendidos entre el 03/02/2022 y el 13/06/2022 (Figura 7). La variante Omicron se detectó en todos los casos analizados. Respecto de los linajes, BA.1 se detectó en el 100% de los casos entre la SE 52/2021 a la SE11/2022. El linaje BA.2 comenzó a detectarse en las SE 13-15/2022 junto con el linaje emergente BA.2.12.1 cada uno en una frecuencia del 25%. En las semanas siguientes el linaje BA.2 fue el dominante con más del 80% de los casos detectados hasta las SE 22-23.
- Al momento del cierre de este reporte se obtuvieron datos de vigilancia de la provincia de **Córdoba**. Se analizó un total de 23 casos comprendidos entre los días 11/05/2022 al 19/06/2022 (SE 19-SE 24) de distintas localidades de la provincia, de los cuales uno corresponde a un viajero al exterior. Los 22 casos analizados sin nexo con viajeros correspondieron a la variante Omicron, de ellos ocho pertenecen al linaje BA.2, seis a su linaje derivado BA.2.3, uno al BA.2.9, uno al BA.2.10; cuatro al linaje emergente BA.2.12.1 y dos casos sin linaje asignado. El caso del viajero al exterior correspondió al linaje emergente BA.5 (19/06/2022). Aclaración: estos datos no han sido incorporados a los gráficos ni tablas debido a su reciente generación.
- En la provincia de **Corrientes** se estudiaron 48 casos entre el 02/01/2022 y el 08/06/2022 (SE 1-23/2022) (Figura 8). Todas las muestras analizadas correspondieron a la variante Omicron, de las cuales 37 pertenecen al linaje BA.1 (77.1%), nueve al BA.2 (18.7%) y dos al linaje emergente BA.2.12.1 (4.2%).
- En la provincia de **Jujuy** se había informado, en el Reporte N° 31 de PAIS, datos hasta la SE1 del 2022, donde mostraba que Omicron era la única variante detectada. En este reporte se informan en forma retrospectiva datos de la provincia que se obtuvieron posteriormente al reporte 31. Se estudiaron 35 casos entre el 04/05/2021 y el 28/10/2021 (SE 18-43 del 2021). En estos casos se detectó la variante Gamma en cinco casos, la variante Lambda en 23 casos y la variante Delta en un caso. También se detectaron seis casos de linajes de la primera ola (B.1.499, N5 y B.1.1).
- En la provincia de **La Pampa** se estudiaron 11 casos entre el 15/02/2022 y el 16/04/2022 (SE 7-15/2022). Todas las muestras analizadas correspondieron a la variante Omicron, linaje BA.1. Los casos pertenecían a las localidades de General Pico, Ing Luiggi, Intendente Alvear, y Perera.
- En la provincia de **Mendoza** se analizaron 20 casos entre el 09/05/2022 al 08/06/2022 (SE 19-23/2022) (Figura 9). Todas las muestras analizadas correspondieron a la variante Omicron, de las cuales tres pertenecen al linaje BA.1 (15%), 14 al BA.2 (70%) y tres al linaje emergente BA.4 (15%). Cabe mencionar que los tres casos de BA.4 no tienen nexo epidemiológico entre sí.
- En la provincia de **Misiones**, se analizaron 59 casos correspondientes al periodo entre el 9/11/2021 y el 29/01/2022 (45 del 2021 a la SE 4 del 2022). Detectando la variante Omicron (linaje BA.1) en 33 casos (56%), y la variante Delta en los 26 casos restantes (44%).
- En la provincia de **Neuquén** la variante Omicron continuó siendo la única variante detectada durante todo el periodo de análisis, SE 3 a la SE 19 del 2022 (18-01-2022 al 05-06-2022) (Figuras 10 y 11). El linaje BA.1 fue el único detectado en la provincia hasta las SE 14-15/2022, mientras el linaje BA.2 pasó a ser el único detectado en las semanas siguientes (SE 16-19), pero con un bajo número de casos analizados (N=5).

Al momento del cierre de este reporte se obtuvieron nuevos datos de vigilancia de la provincia de Neuquén correspondientes a casos detectados entre los días 5 de mayo y 14 de junio de 2022 (SE 18-24) que no pudieron ser incorporados a los gráficos ni tablas del reporte. Sobre 27 casos analizados, una



muestra correspondió al linaje BA.1 (3,7%), 17 al linaje BA.2 (63%), siete a BA.2.12.1 (25,9%) y dos a BA.4/BA.5 (7,4%).

- En la provincia **Salta** se analizaron un total de 51 casos seleccionados al azar entre el 05/01/2022 y el 13/05/2022 (SE 1 a 19). De éstos, tres correspondieron a la variante Delta, uno a Lambda, y 47 a Omicron y de estos últimos, 46 casos correspondieron al linaje BA.1 y uno al BA.2.
- 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 Omicron continuó siendo la única variante detectada desde las SE 2-3 del 2022 hasta la actualidad (Figuras 12 y 13). Respecto de los linajes de Omicron, se observó que el linaje BA.1 fue detectado en el 100% de los hasta las SE 6-7, detectándose un incremento de la detección del linaje BA.2 desde las SE 8-9 con el 2% de los casos analizados, llegando a ser el único linaje detectado en las SE 20-21 del 2022 (15 al 28 de mayo).

Al momento del cierre de este reporte se obtuvieron nuevos datos de vigilancia de la ciudad de Rosario que no pudieron ser incorporados a los gráficos ni tablas del reporte. En la SE 23 se encontraron 2 casos de BA.4/BA.5 sobre nueve casos (22.2%) y en la SE 24 dos casos de BA.2.12.1, uno de BA.4 y otro de BA.4/BA.5 sobre ocho procesadas (50%).

• En la provincia de **Tierra del Fuego** la variante Omicron, que había sido detectada ya en las SE 48-52 del 2021 con el 52.9% de los casos, pasó a ser la única variante detectada en las SE 3-6/2022 (Figura 14). En estas misma SE comenzó a detectarse el linaje BA.2 (9.1%) por primera vez en la provincia en conjunto con el linaje BA.1 (90.9%) detectado hasta ese momento. Luego, en las SE 19-20, el linaje BA.2 fue el único detectado en las muestras analizadas (N=4).

Aclaración: la estrategia de vigilancia de variantes a través de la secuenciación por Sanger del fragmento 29 del CDC que realizan varios nodos permite observar la constelación de mutaciones comunes y propias de los linajes emergentes BA.4 y BA.5, pero no permite diferenciarlas. Por ese motivo se le asigna el "resultado": linajes BA.4/BA.5.

Con respecto a los casos de selección dirigida, en la Tabla 1 se muestran las variantes de interés detectadas entre el 06-01-22 y el 10-06-22. De los 13 casos, cuatro tenían nexo epidemiológico con otros casos detectados, cinco tenían nexo con viaje al exterior y cuatro provenían de confirmación de la detección por RT-qPCR específica para variantes. De estos 13, dos pertenecieron al linaje BA.1 y once al linaje BA.2 de la variante Omicron.



Análisis filogenético de secuencias de Omicron de Argentina

Se realizó un análisis filogenético de secuencias de genoma completo de Omicron pertenecientes a los linajes BA.1, BA.2 y BA.4 de SARS-CoV-2, obtenidas por Proyecto PAIS entre el 27 de octubre del 2021 y el 13 de junio del 2022.

Para el linaje BA.1 se analizaron 1103 secuencias, provenientes de muestras del 27/10/21 al 17/05/2022. En este análisis se observó que la mayor parte de los casos correspondieron al linaje BA.1.1 (79,3%), seguido por BA.1 (sin subclasificar) (13,5%) y BA.1.15 (5,7%), con presencia minoritaria de los linajes derivados BA.1.1.1, BA.1.14.1, BA.1.16, BA.1.17, BA.1.18 y BA.1.20 (Figura 15).

Para el linaje BA.2 se analizaron 181 secuencias, provenientes de muestras del 22/01/22 al 13/06/22. En este análisis se observó al linaje BA.2 (sin subclasificar) en el 55,2% de los casos, seguido por BA.2.3 (20,4%), BA.2.9 (12,7%) y BA.2.12.1 (5,0%), con detección en forma minoritaria de los linajes BA.2.10, BA.2.12, BA.2.31, BA.2.31 y BA.2.44 (Figura 16).

Además, para el linaje BA.2 y sus linajes derivados se estudió la introducción y diversificación viral. Se observaron al menos 65 introducciones independientes al país y la presencia de al menos 20 grupos compatibles con cadenas de transmisión local (al menos dos secuencias de Argentina estrechamente relacionadas filogenéticamente) de distribución acotada (una o dos provincias). Se destaca la presencia de un clado de transmisión interprovincial del linaje BA.2.3 asociado mayoritariamente con casos de la región centro-norte del país (Figura 17).

Del mismo modo, se analizaron las relaciones evolutivas de cinco secuencias de genoma completo de linaje BA.4 provenientes de la CABA, y de las provincias de Chaco y Mendoza. Se observaron al menos dos instrucciones al país, con casos con relación filogenética cercana a secuencias de Sudáfrica y de Europa (Figura 18). Además, se evidencia una posible cadena de transmisión local entre la CABA y Mendoza.

CONCLUSIONES

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

La variante Omicron se tornó mayoritaria entre las SE 52/2021 y SE 01/2022 y desplazó completamente a Delta entre SE 2-4 del 2022 y ha sido la única variante detectada en circulación comunitaria durante el resto del primer semestre del 2022 en todas las provincias analizadas. Particularmente, se detectó la presencia de los linajes de Omicron BA.1, BA.2 y los emergentes BA.2.12.1 y BA.4/BA.5.

En este periodo reportado se ha observado que el linaje BA.2 ha desplazado al linaje BA.1, que fue el que prevaleció en el pico de la tercera ola (reporte PAIS N°30), en consonancia con lo observado en el resto del mundo. El linaje BA.2 ha sido el responsable del pico de la cuarta ola de contagios en Argentina que, sin embargo, fue mucho más moderado en cuanto al número de casos así como al número de hospitalizaciones y muertes (probablemente debido a la combinación de un alta cobertura vacunal y a un bajo número de testeos por cambios en los protocolos de diagnóstico).

En este momento, Argentina transita una baja en los casos correspondientes a la cuarta ola que, si bien inicialmente se encontró asociada principalmente al linaje BA.2 de Omicron, en las últimas semanas analizadas se han detectado casos de los linajes emergentes BA.2.12.1 y BA.4/BA.5 en el AMBA, Córdoba, Corrientes, Chaco, Neuquén, Mendoza y Santa Fe; encontrándose BA.2.12.1 entre el ~5-26% de los casos y BA.4/BA.5 entre el ~6-25%.



Los análisis filogenéticos de secuencias de Omicron de Argentina mostraron la presencia mayoritaria de los linajes BA.1, BA.1.1 y BA.1.15; y de BA.2, BA.2.3, BA.2.9 y BA.2.12.1. Para el linaje BA.2, de más reciente introducción y dispersión mundial, se observaron múltiples introducciones al país y grupos compatibles con cadenas de transmisión local de distribución regional acotada (una o dos provincias), con la excepción de un grupo de transmisión del linaje BA.2.3 asociado mayoritariamente con casos de la región centro-norte del país.

Hasta el momento, la vigilancia activa de las variantes de SARS-CoV-2 realizada sobre un total de 9091 muestras de la CABA, provincias de Buenos Aires, Chaco, Chubut, Córdoba, Corrientes, Entre Ríos, Jujuy, La Pampa, Mendoza, Misiones, Neuquén, Río Negro, Santa Fe, Salta, San Luis, Santa Cruz, Tierra del Fuego y Tucumán (Reportes N°9 a 32) obtenidas entre el 26/10/2020 al 13/06/2022 permitió determinar la presencia de ocho variantes de interés epidemiológico en nuestro país: las variantes Alpha, Gamma, Delta, Omicron, Lambda, Mu, Zeta, Epsilon y lota.

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	Gamma	Lambda	Delta	Omicron BA.1	Omicron BA.2	Omicron BA.2.12.1	Omicron BA.4/BA.5	Otras	No VOC/VOI	Total
AMBA	23-01-22 al 10-06-22				27	115	19	4			165
CABA	25-04-22 al 10-06-22				5	84	13	4			106
GBA Norte	02-05-22 al 02-06-22				1	4					5
GBA Oeste	23-01-22 al 31-05-22				19	3					22
GBA Sur	03-05-22 al 09-06-22				1	13	2				16
GLP	15-05-22 al 17-05-22				1	11	3				15
Sin datos	17-05-2022						1				1
PBA (No AMBA)	23-01-22 al 23-05-22				29	8	1	1			39
Bahía Blanca						8	1	1			10
Chivilcoy					2						2
Mercedes					15						15
Suipacha					12						12
Chaco	03-02-22 al 13-06-22				14	21	3	1			39
Barranqueras						2					2
Castelli						2					2
Colonia Elisa					2						2
Fontana					1						1
General San Martín		·	·		1		·				1
P. R. Saenz Peña					3	3					6
Resistencia					7	14	3	1			25

(cont.)



Región	Período de muestreo	Gamma	Lambda	Delta	Omicron BA.1	Omicron BA.2	Omicron BA.2.12.1	Omicron BA.4/BA.5	Otras	No VOC/VOI	Total
Corrientes	02-01-22 al 08-06-22				37	9	2				48
Concepción					1						1
Corrientes Capital					6	4					10
Curuzú Cuatiá						1	1				2
Goya					2						2
Ituzaingó					4						4
La Cruz					1						1
Montecaseros					4						4
Paso de los Libres					12	3					15
Riachuelo							1				1
Saladas					3						3
Santa Ana						1					1
Santo Tomé					4						4
La Pampa	15-02-22 al 16-04-22				11						11
Gral. Pico					6						6
Ing. Luiggi					1						1
Intendente Alvear					3						3
Parera					1						1
Mendoza	09-05-22 al 08-06-22				3	14		3			20
Guaymallén						1					1
Las Heras						3					3
Mendoza					1	5		3			9
San Rafael					1	4					5
Tupungato					1	1					2

(cont.)



Región	Período de muestreo	Gamma	Lambda	Delta	Omicron BA.1	Omicron BA.2	Omicron BA.4/BA.5	Otras	No VOC/VOI	Total
Misiones	09-11-21 al 29-01-22			26	33					59
Alem				1	1					2
Andresito				1						1
Apostoles				1						1
El Soberbio				1						1
Eldorado				4	8					12
Obera				2	1					3
Posadas				13	20					33
Puerto Rico				2	1					3
San Vicente				1	2					3



Región	Período de muestreo	Gamma	Lambda	Delta	Omicron BA.1	Omicron BA.2	Omicron BA.2.12.1	Omicron BA.4/BA.5	Otras	No VOC/VOI	Total
Neuquén	18-01-21 al 05-06-22				89	6					95
Aluminé					2	1					3
Andacollo					2						2
Añelo					3						3
Bouquet Roldan					1						1
Caviahue					2						2
Centenario					2						2
Chos Malal					2						2
Cutral Co					4						4
El Huecú					1						1
Junín de los Andes					4						4
Las Lajas					2	1					3
Las Ovejas					4						4
Loncopué					3						3
Manzano Amargo					1						1
Neuquén Capital					26	3					29
Plottier					6						6
Rincón de los Sauces					3	1					4
San Martín de los Andes					10						10
San Patricio del Chañar					3						3
Varvarco					2						2
Villa La Angostura					1						1
Zapala					5						5

(cont.)



Región	Período de muestreo	Gamma	Lambda	Delta	Omicron BA.1	Omicron BA.2	Omicron BA.2.12.1	Omicron BA.4/BA.5	Otras	No VOC/VOI	Total
Salta	05-01-22 al 13-05-22		1	3	46	1					51
Aguaray				1	5						6
Cachi					3						3
Cafayate					3						3
El Tala					1						1
Embarcación					8						8
La Candelaria					1						1
La Poma					1						1
Las Lajitas					1						1
Metan					4						4
Molinos					1						1
Mosconi				1							1
Pichanal					1						1
Rosario de la Frontera					1						1
Salta Capital				1	10						11
Salvador Mazza					4	1					5
Tartagal			1		2						3
Tierra del Fuego	06-01-22 al 21-05-22				14	11					25
Río Grande						4					4
Ushuaia					14	7					21

(cont.)



Región	Período de muestreo	Gamma	Lambda	Delta	Omicron BA.1	Omicron BA.2	Omicron BA.4/BA.5	Otras	No VOC/VOI	Total
Santa Fe	03-01-22 al 30-05-22				298	66				364
Acebal					1					1
Alonso Criado					1					1
Alvarez					2					2
Arequito					2	1				3
Barrancas					4					4
Bigand					1					1
Cañada de Gómez					14					14
Casilda					10	3				13
Cayastá					1					1
Chabas					1					1
Coronda					3	1				4
Coronel Dominguez					1					1
Correa					1					1
Desvio Arijon					1					1
Esperanza					8	1				9
Felicia					5					5
Firmat					1					1
Franck					5					5
Funes					2	1				3
Gálvez					3	1				4
Granadero Baigorria					2					2
Grütly					1					1
Helvecia					3					3
Humboldt					5					5
Llambi Campbell					2					2
Lopez					1					1



Marcelino Escalada					2						2
Nuevo Torino						1					1
Pilar					4						4
Progreso					3	1					4
Pueblo Esther					2						2
Rafaela					21	5					26
Ricardone					2						2
Roldán					2	1					3
Rosario					96	43					139
San Carlos					4						4
San Jerónimo Norte					4						4
San Jerónimo Sur					6						6
San Justo					2						2
San Lorenzo					9	2					11
San Martín de las Escobas					2						2
Santa Fe					48	2					50
Santo Domingo					4						4
Santo Tomé						2					2
Sunchales						1					1
Videla					1						1
Vila					1						1
Villa Constitución					4						4
Selección dirigida ¹	06-01-22 al 10-06-22				2	11					13
TOTAL		0	1	29	603	262	25	9	0	0	929

¹Selección 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, nexo viajes nacionales (si está disponible la información) e internacionales, estudios de brotes.



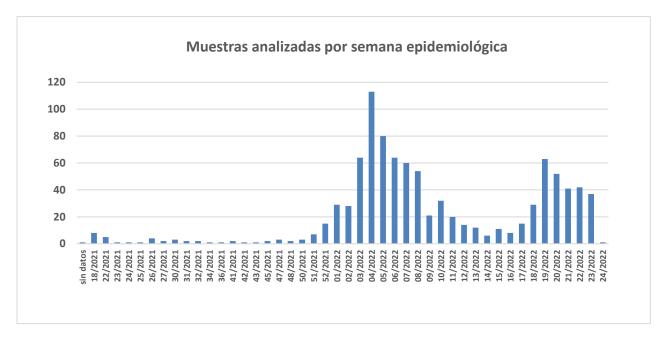


Figura 1. Muestras analizadas en este reporte por semana epidemiológica. Las muestras sin datos registrados corresponden a algunos casos de selección dirigida para los que no se dispuso de información temporal certera.

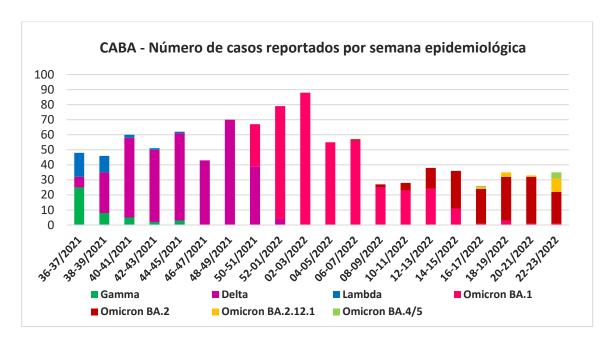


Figura 2: Número de casos reportados por semana epidemiológica 2021-2022. Se incluyen solamente casos provenientes de la **CABA** que no presentaron antecedentes de viaje o contacto estrecho con viajeros; en casos con nexo epidemiológico entre sí, solo se consideró uno como representativo.

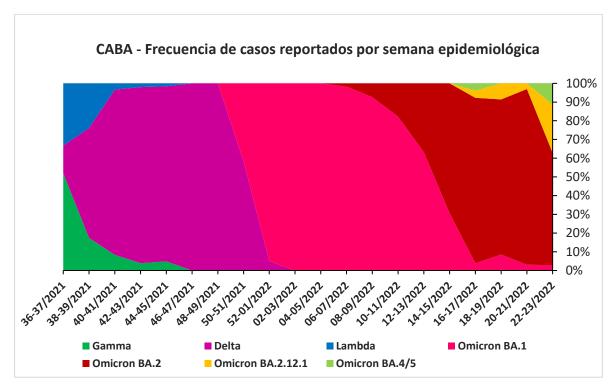


Figura 3: Frecuencia de variantes de SARS-CoV-2 y secuencias con o sin mutaciones de interés por semana epidemiológica. Se incluyen solamente casos provenientes de la CABA que no presentaron antecedentes de viaje o contacto estrecho con viajeros; en casos con nexo epidemiológico entre sí, solo se consideró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

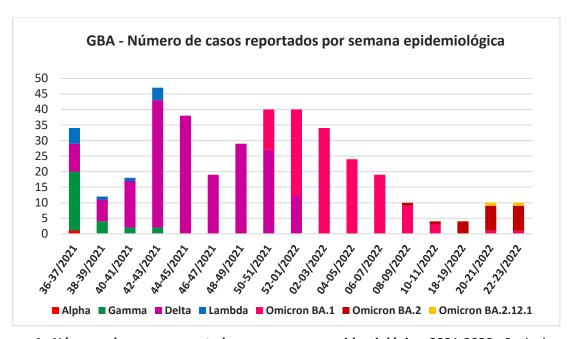


Figura 4: Número de casos reportados por semana epidemiológica 2021-2022. Se incluyen solamente casos provenientes del **GBA** que no presentaron antecedentes de viaje o contacto estrecho con viajeros; en casos con nexo epidemiológico entre sí, solo se consideró uno como representativo.

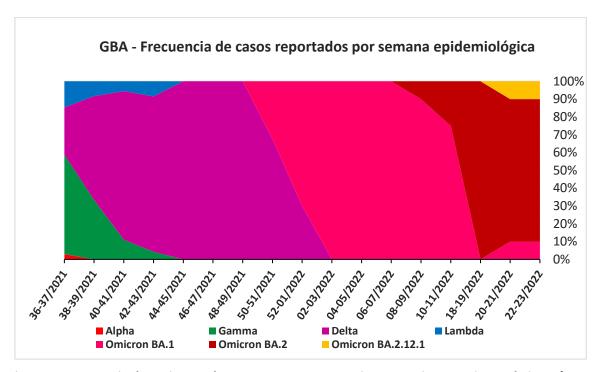


Figura 5: Frecuencia de variantes de SARS-CoV-2 y secuencias con o sin mutaciones de interés por semana epidemiológica. Se incluyen solamente casos provenientes del GBA que no presentaron antecedentes de viaje o contacto estrecho con viajeros; en casos con nexo epidemiológico entre sí, solo se consideró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

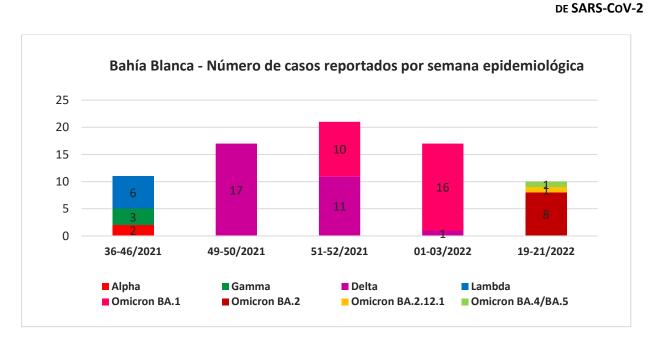


Figura 6: Número de casos reportados por semana epidemiológica 2021-2022. Se incluyen solamente casos provenientes de la **ciudad de Bahía Blanca** que no presentaron antecedentes de viaje o contacto estrecho con viajeros; en casos con nexo epidemiológico entre sí, solo se consideró uno como representativo.

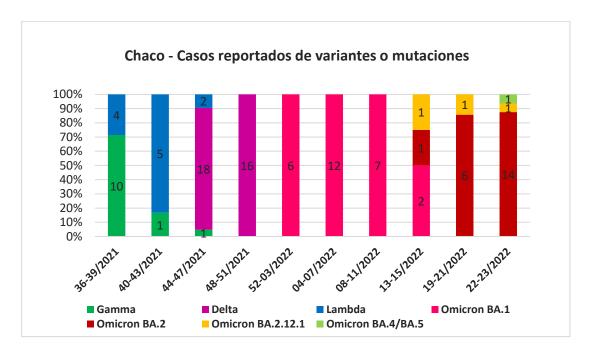


Figura 7: Frecuencia de variantes de SARS-CoV-2 y secuencias con o sin mutaciones de interés por semana epidemiológica. Se incluyen solamente casos provenientes de la provincia de Chaco que no presentaron antecedentes de viaje o contacto estrecho con viajeros. Sobre las barras se indican el número de casos analizados.

DE SARS-COV-2

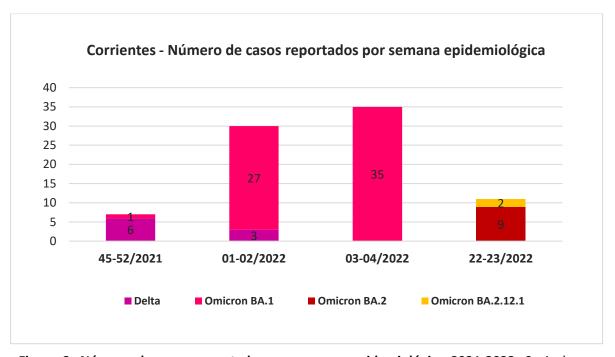


Figura 8: Número de casos reportados por semana epidemiológica 2021-2022. Se incluyen solamente casos provenientes de la **provincia de Corrientes** que no presentaron antecedentes de viaje o contacto estrecho con viajeros; en casos con nexo epidemiológico entre sí, solo se consideró uno como representativo.

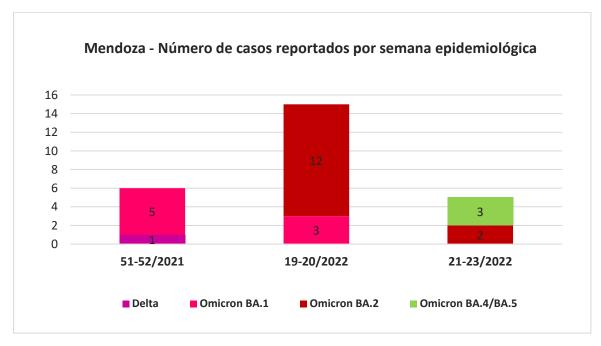


Figura 9: Número de casos reportados por semana epidemiológica 2021-2022. Se incluyen solamente casos provenientes de la **provincia de Mendoza** que no presentaron antecedentes de viaje o contacto estrecho con viajeros; en casos con nexo epidemiológico entre sí, solo se consideró uno como representativo.

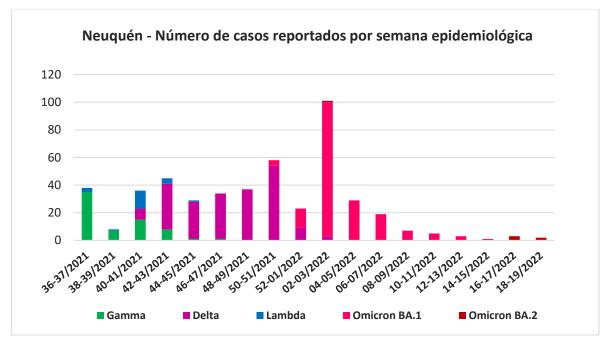


Figura 10: Número de casos reportados por semana epidemiológica **2021-2022**. Se incluyen solamente casos provenientes de la **provincia de Neuquén** que no presentaron antecedentes de viaje o contacto estrecho con viajeros; en casos con nexo epidemiológico entre sí, solo se consideró uno como representativo.

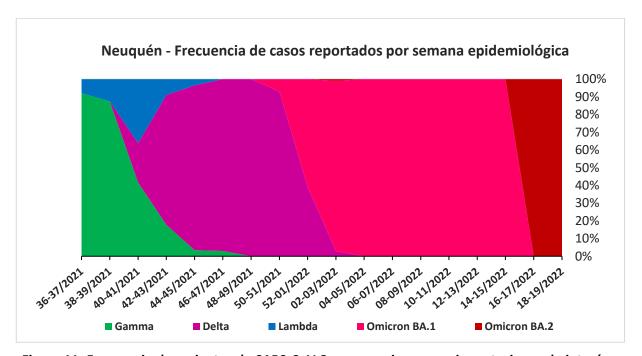


Figura 11: Frecuencia de variantes de SARS-CoV-2 y secuencias con o sin mutaciones de interés por semana epidemiológica. Se incluyen solamente casos provenientes de la provincia de Neuquén que no presentaron antecedentes de viaje o contacto estrecho con viajeros; en casos con nexo epidemiológico entre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

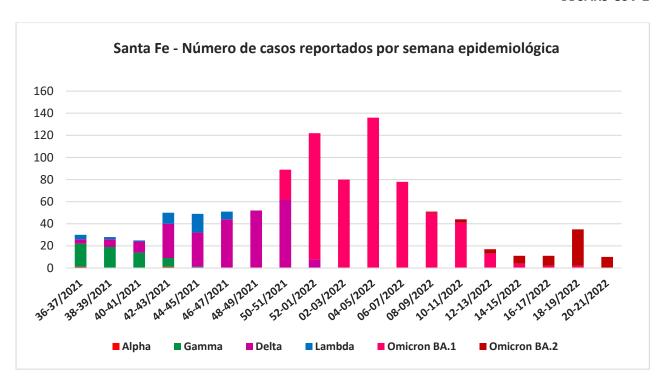


Figura 12: Número de casos reportados por semana epidemiológica 2021-2022. Se incluyen solamente casos provenientes de la provincia de Santa Fe que no presentaron antecedentes de viaje o contacto estrecho con viajeros; en casos con nexo epidemiológico entre sí, solo se consideró uno como representativo. En SE 20-21/2022 se incluyeron dos muestras de SE 22/2022.

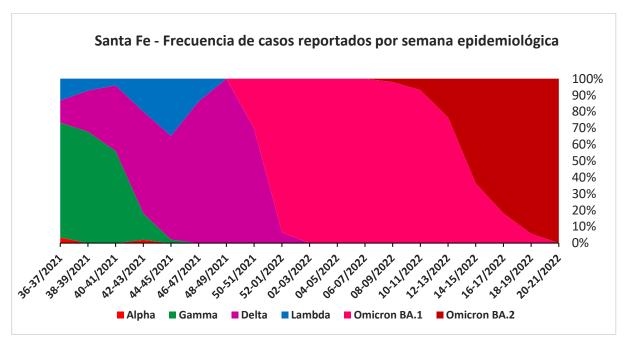


Figura 13: Frecuencia de variantes de SARS-CoV-2 y secuencias con o sin mutaciones de interés por semana epidemiológica. Se incluyen solamente casos provenientes de la provincia de Santa Fe que no presentaron antecedentes de viaje o contacto estrecho con viajeros; en casos con nexo epidemiológico entre sí, solo se consideró uno como representativo. En SE 20-21/2022 se incluyeron dos muestras de SE 22/2022.



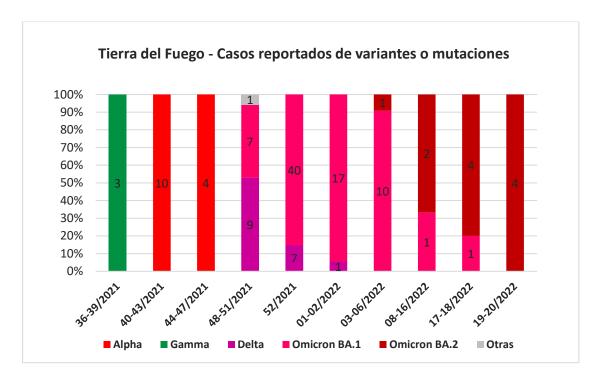


Figura 14: Frecuencia de variantes de SARS-CoV-2 y secuencias con o sin mutaciones de interés por semana epidemiológica. Se incluyen solamente casos provenientes de la provincia de Tierra del Fuego que no presentaron antecedentes de viaje o contacto estrecho con viajeros. Sobre las barras se indican el número de casos analizados.

Tabla 2. CABA: Frecuencia de las variantes y mutaciones por semana epidemiológica (SE) 2021-20221.

	(Gamma			Lambda			Delta		Om	icron B	A.1	Om	icron B	A.2	Omici	on BA.2	.12.1	Omi	cron BA	.4/5	
SE	Frec (%)	IC95	5%²	Frec (%)	IC9	5%²	Frec (%)	IC9	5%²	Frec (%)	IC9	5%²	Frec (%)	IC9	5%²	Frec (%)	IC95	5%²	Frec (%)	IC95	5%²	Total
36-37/2021	52,1	38,3	65,5	33,3	21,7	47,5	14,6	7,2	27,2													48
38-39/2021	17,4	9,1	30,7	23,9	13,9	37,9	58,7	44,3	71,7													46
40-41/2021	8,3	3,6	18,1	3,3	0,6	11,4	88,3	77,8	94,2													60
42-43/2021	3,9	0,7	13,2	2,0	0,1	10,3	94,1	84,1	98,4													51
44-45/2021	4,8	1,3	13,3	1,6	0,1	8,6	93,5	84,6	97,5													62
46-47/2021							100,	91,8	100,0													43
48-49/2021							100,	94,8	100,0													70
50-51/2021							58,2	46,3	69,3	41,8	30,7	53,7										67
52-01/2022							5,1	2,0	12,3	94,9	87,7	98,0										79
02-03/2022										100,0	95,8	100,0										88
04-05/2022										100,0	93,5	100,0										55
06-07/2022										98,2	90,7	99,9	1,8	0,1	9,3							57
08-09/2022										92,6	76,6	98,7	7,4	1,3	23,4							27
10-11/2022										82,1	64,4	92,1	17,9	7,9	35,6							28
12-13/2022										63,2	47,3	76,6	36,8	23,4	52,7							38
14-15/2022										30,6	18,0	46,9	69,4	53,1	82,0							36
16-17/2022										3,8	0,2	18,9	88,5	71,0	96,0	3,8	0,2	18,9	3,8	0,2	18,9	26
18-19/2022										8,6	3,0	22,4	82,9	67,3	91,9	8,6	3,0	22,4				35
20-21/2022										3,0	0,2	15,3	93,9	80,4	98,9	3,0	0,2	15,3				33
22-23/2022										2,9	0,1	14,5	60,0	43,6	74,4	25,7	14,2	42,1	11,4	4,5	26,0	35

¹Se 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).



Tabla 3. GBA: Frecuencia de las variantes y mutaciones por semana epidemiológica (SE) 2021-20221.

		Alpha			Gamma			Lambda	9		Delta		Om	icron B	A.1	Om	icron B	A.2	Omicr	on BA.2	.12.1	
SE	Frec (%)	IC9	5%²	Frec (%)	IC9	5%²	Frec (%)	IC9	5%²	Frec (%)	IC9	5%²	Frec (%)	IC9)5%²	Frec (%)	IC9	5%²	Frec (%)	IC95	%²	Total
36-37/2021	2,9	0,2	14,9	55,9	39,5	71,1	14,7	6,4	30,1	26,5	14,6	43,1										34
38-39/2021				33,3	13,8	60,9	8,3	0,4	35,4	58,3	32,0	80,7										12
40-41/2021				11,1	2,0	32,8	5,6	0,3	25,8	83,3	60,8	94,2										18
42-43/2021				4,3	0,8	14,2	8,5	3,4	19,9	87,2	74,8	94,0										47
44-45/2021										100,0	90,8	100,0										38
46-47/2021										100,0	83,2	100,0										19
48-49/2021										100,0	88,3	100,0										29
50-51/2021										67,5	52,0	79,9	32,5	20,1	48,0							40
52-01/2022										30,0	18,1	45,4	70,0	54,6	81,9							40
02-03/2022													100,0	89,8	100,0							34
04-05/2022													100,0	86,2	100,0							24
06-07/2022													100,0	83,2	100,0							19
08-09/2022													90,0	59,6	99,5	10,0	0,5	40,4				10
10-11/2022													75,0	30,1	98,7	25,0	1,3	69,9				4
18-19/2022														.,	-,	100,0	51,0	100,0				4
20-21/2022													10,0	0,5	40,4	80,0	49,0	96,4	10,0	0,5	40,4	10
22-23/2022													10,0	0,5	40,4	80,0	49,0	96,4	10,0	0,5	40,4	10

¹Se 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).

Tabla 4. Bahía Blanca: Frecuencia de las variantes y mutaciones por semana epidemiológica (SE) 2021-20221.

	Þ	Alpha	G	amma		Lambda	9		Delta		Om	icron B	A.1	Om	icron B	A.2	Omicro	on BA.2	2.12.1	Omic	ron BA.4/5	Total
SE	Frec (%)	IC95%²	Frec (%)	IC95%²	Frec (%)	IC9	5%²	Frec (%)	IC9	5%²	Frec (%)	IC9	5%²	Frec (%)	IC9	5%²				Frec (%)	IC95%²	
36-46/2021 49-50/2021	18,2	3,2 47,7	27,3	9,7 56,6	54,5	28,0	78,7	100,0	81,6	100,0												11 17
51-52/2021								52,4	32,4	71,7	47,6	28,3	67,6									21
01-03/2022								5,9	0,3	27,0	94,1	73,0	99,7									17
19-21/2022														80,0	49,0	96,4	10,0	0,5	40,4	10,0	0,5 40,4	10

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

Tabla 5. Chaco: Frecuencia de las variantes y mutaciones por semana epidemiológica (SE) 2021-20221.

	(Gamma			Lambda			Delta		Om	icron B	A.1	Om	icron B	A.2	Omicro	on BA.2	.12.1	Omic	ron BA.	4/5	
SE	Frec (%)	IC95	5%²	Frec (%)	IC95	5%²	Frec (%)	IC95	%²	Frec (%)	IC9	5%²	Frec (%)	IC9	5%²	Frec (%)	IC95	5%²	Frec (%)	IC95	% ²	Total
36-39/2021	71,4	45,4	88,3	28,6	11,7	54,6																14
40-43/2021 44-47/2021	16,7 4,8	0,9 0,2	56,4 22,7	83,3 9,5	43,6 1,7	99,1 28,9	85,7	65,4	95,0													6 21
48-51/2021	.,0	0,2	,,	3,3	-,,	20,5	100,	,	100,0													16
52-03/2022										100,0	61,0	100,0										6
04-07/2022										100,0	75,8	100,0										12
08-11/2022										100,0	64,6	100,0										7
13-15/2022										50,0	8,9	91,1	25,0	1,3	69,9	25,0	1,3	69,9				4
19-21/2022													85,7	48,7	99,3	14,3	0,7	51,3				7
22-23/2022													87,5	64,0	97,8	6,3	0,3	28,3	6,3	0,3	28,3	16

¹Se 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).

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).

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

		Delta		Omic	ron E	8A.1	On	nicron B	A.2	Omicro	on BA.2	.12.1	Total
SE	Frec (%)	ICS	95%²	Frec (%)	ICS	95%²	Frec (%)	IC9	5%²	Frec (%)	IC95	5%²	
45-52/2021 01-02/2022	85,7 10,0	48, 3,5	99,3 25,6	14,3 90,0	0,7 74,	51,3 96,5							7 30
03-04/2022	10,0	3,3	23,0	100,0	90,	100,							35
22-23/2022							81,8	52,3	96,8	18,2	3,2	47,7	11

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

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

	Delta			Omicron BA.1			On	nicron B	A.2	Omi	Total		
SE	Frec (%)	IC95%²		Frec (%)	IC95%²		Frec (%)	IC95%²		Frec (%)	IC95	IC95%²	
51-52/2021 19-20/2022	16,7	0,9	56,4	83,3 20,0	43, 7,0	99,1 45,2	80,0	54,8	93,0				6 15
21-23/2022							40,0	7,1	76,9	60,0	23,1	92,9	5

¹Se 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).

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).



Tabla 8. Neuquén: Frecuencia de las variantes y mutaciones por semana epidemiológica (SE) 2021-20221.

	(Gamma		Lambda			Delta			Om	icron B	A.1	Om			
SE	Frec (%)	IC95	5%²	Frec (%)		Frec (%)	IC95%²		Frec (%)	IC95%²		Frec (%)	IC95%²		Total	
36-37/2021	92,1	79,2	97,3	7,9	2,7	20,8										38
38-39/2021	87,5	52,9	99,4	12,5	0,6	47,1										8
40-41/2021	41,7	27,1	57,8	36,1	22,5	52,4	22,2	11,7	38,1							36
42-43/2021	17,8	9,3	31,3	8,9	3,5	20,7	73,3	59,0	84,0							45
44-45/2021	3,4	0,2	17,2	3,4	0,2	17,2	93,1	78,0	98,8							29
46-47/2021	2,9	0,2	14,9				97,1	85,1	99,8							34
48-49/2021							100,	90,6	100,0							37
50-51/2021							93,1	83,6	97,3	6,9	2,7	16,4				58
52-01/2022							39,1	22,2	59,2	60,9	40,8	77,8				23
02-03/2022							3,0	0,8	8,4	96,0	90,3	98,4	1,0	0,1	5,4	101
04-05/2022										100,0	88,3	100,0				29
06-07/2022										100,0	83,2	100,0				19
08-09/2022										100,0	64,6	100,0				7
10-11/2022										100,0	56,6	100,0				5
12-13/2022										100,0	43,9	100,0				3
14-15/2022										100,0	5,1	100,0				1
16-17/2022													100,0	43,9	100,0	3
18-19/2022													100,0	17,8	100,0	2

¹Se 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).

Tabla 9. Santa Fe: Frecuencia de las variantes y mutaciones por semana epidemiológica (SE) 2021-20221.

		Alpha			Gamma			Lambda			Delta			Omicron BA.1			Omicron BA.2		
SE	Frec (%)	IC95	5%²	Frec (%)	IC95	5%²	Frec (%)	IC9	5%²	Frec (%)	IC9	5%²	Frec (%)	ICS)5%²	Frec (%)	IC9	5%²	Total
36-37/2021	3,3	0,2	16,7	70,0	52,1	83,3	13,3	5,3	29,7	13,3	5,3	29,7							30
38-39/2021				67,9	49,3	82,1	7,1	1,3	22,6	25,0	12,7	43,4							28
40-41/2021				56,0	37,1	73,3	4,0	0,2	19,5	40,0	23,4	59,3							25
42-43/2021	2,0	0,1	10,5	16,0	8,3	28,5	20,0	11,2	33,0	62,0	48,2	74,1							50
44-45/2021				2,0	0,1	10,7	34,7	22,9	48,7	63,3	49,3	75,3							49
46-47/2021							13,7	6,8	25,7	86,3	74,3	93,2							51
48-49/2021										100,0	93,1	100,0							52
50-51/2021										69,7	59,5	78,2	30,3	21,8	40,5				89
52-01/2022										6,6	3,4	12,4	93,4	87,6	96,6				122
02-03/2022													100,0	95,4	100,0				80
04-05/2022													100,0	97,3	100,0				136
06-07/2022													100,0	95,3	100,0				78
08-09/2022													98,0	89,7	99,9	2,0	0,1	10,3	51
10-11/2022													93,2	81,8	97,7	6,8	2,3	18,2	44
12-13/2022													76,5	52,7	90,4	23,5	9,6	47,3	17
14-15/2022													36,4	15,2	64,6	63,6	35,4	84,8	11
16-17/2022													18,2	3,2	47,7	81,8	52,3	96,8	11
18-19/2022													5,7	1,0	18,6	94,3	81,4	99,0	35
20-21/20223																100,0	72,2	100,0	10

¹Se 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 dos muestras de SE 22/2022.



Tabla 10. Tierra del Fuego: Frecuencia de las variantes y mutaciones por semana epidemiológica (SE) 2021-20221.

	Alpha			Gamma			Delta			Om	icron B	٩.1	Om			
SE	Frec (%)	IC9	5%²	Frec (%)	1095%2		Frec (%)	IC95%²		Frec (%)	IC95%²		Frec (%)	IC95%²		Total
36-39/2021				100	43,85	100										3
40-43/2021	100,0	72,2	100,0													10
44-47/2021	100,0	51,0	100,0													4
48-51/2021							52,9	31,0	73,8	41,2	21,6	64,0				17
52/2021							14,9	7,4	27,7	85,1	72,3	92,6				47
01-02/2022							5,6	0,3	25,8	94,4	74,2	99,7				18
03-06/2022										90,9	62,3	99,5	9,1	0,5	37,7	11
08-16/2022										33,3	1,7	88,2	66,7	11,8	98,3	3
17-18/2022										20,0	1,0	62,4	80,0	37,6	99,0	5
19-20/2022													100,0	51,0	100,0	4

¹Se 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).





Figura 15. Proporción de linajes derivados de BA.1 en muestras argentinas desde el 27/10/2021 al 17/05/2022.

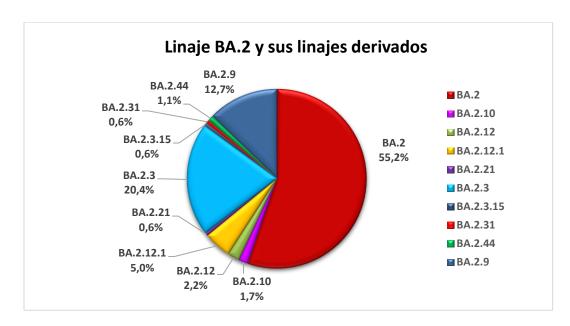


Figura 16. Proporción de linajes derivados de BA.2 en muestras argentinas desde el 22/01 al 13/06/2022.



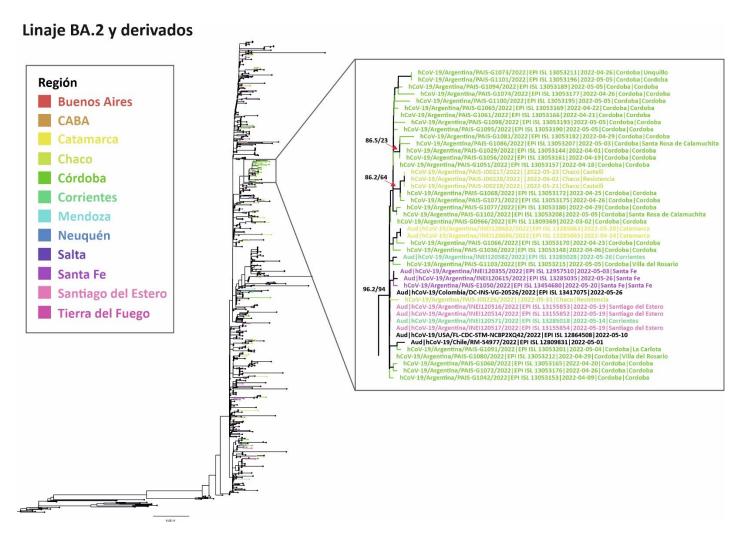


Figura 17. Análisis filogenético del linaje BA.2 de la variante Omicron. Se muestra amplificado el grupo con secuencias de Argentina de amplia distribución en la región centro-norte del país. En colores se muestran los casos asociados a distintas regiones del país y en negro se indican las secuencias de otras partes del mundo. El valor de soporte (SH-aLRT/UFB) se muestra sólo para algunos grupos seleccionados.



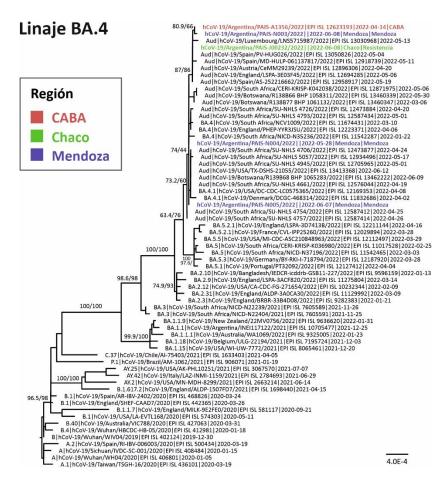


Figura 18. Análisis filogenético del linaje BA.4 de la variante Omicron. En colores se muestran los casos asociados a distintas regiones del país y en negro se indican las secuencias de otras partes del mundo. El valor de soporte (SH-aLRT/UFB) se muestra sólo para algunos grupos seleccionados.

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), en el Laboratorio UGB-INTA (Hurlingham, PBA), 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 y HRU, UNTDF y CADIC-CONICET de la Pcia. de Tierra del Fuego se utilizó el kit Illumina COVIDSeq Test IVD proporcionado por ANLIS-Malbran.

(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), mediante la amplificación del segmento 29 del protocolo mencionado (fragmento comprendido entre los aminoácidos S_428 y S_750). En la **Figura 19** se representan los cambios aminoacídicos en el gen S de SARS-CoV-2 característicos de los linajes de Omicron⁸ y se indica la porción abarcada por el fragmento secuenciado.

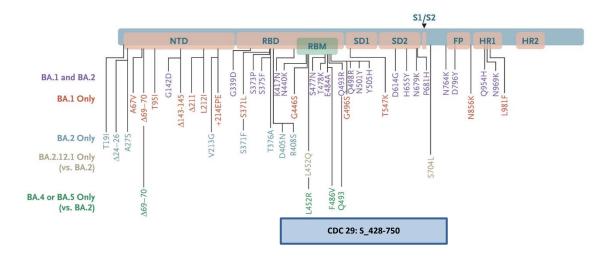


Figura 19. Representación de los cambios aminoacídicos en el gen S de SARS-CoV-2 característicos de los distintos linajes de la variante de preocupación (VOC) Omicron representados en distintos colores. Se indica el fragmento 29 del protocolo del CDC utilizado para la vigilancia activa de variantes (codones 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, y las secuencias de variante Omicron de linajes BA.1, BA.2 (Figura 17) o BA.4 (Figura 18) de Argentina. En el caso de los análisis para los



linajes BA.2 y BA.4 se incluyeron además las cinco secuencias de la base de datos GISAID más similares a cada una de ellas (análisis de AudacityInstant). 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-aLRT) (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, Marco Cacciabue, Marisa Farber, Andrea Peralta, Ana Distefano, Monica Fass, Laura Lozano y Pablo Vera.

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 análisis Laboratorio Central de Neuquén (Ministerio de Salud) (Provincia de Neuquén): Melina Leonor Mazzeo; Luis Alfredo Pianciola; Ailen Fernández, Carolina Rastellini, Julia Ousset, María Eugenia Terenzio, Florencia Chierchie, Carolina Pintos, Epidemiología: 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; Yesica Alvarez.

Nodo de secuenciación y análisis del Laboratorio de Salud Pública e Instituto de Medicina y Biología Experimental de Cuyo (IMBECU) (ciudad de Mendoza, provincia de Mendoza): María Silvia Ferrer, Belén Ortiz, Fernando Giuliani, Sofía Gómez, María Victoria Sanchez, Juan Pablo Mackern, Fiorella Campo Verde, Niubis Cayado, Laura Gomez, Juan Manuel Fernández, Abigail Moretta, Carlos Espul.

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, 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, Silvia Matilla, Natasha Frisone, Albano Costa, Nuria Cañellas, Walter Loayza, Natalia Chiussi, Anisa Marchissio, Belén Warszatska, Maricel Leivas, Adriana Rozo, Yesica Castro, Camila Fontana. 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; Agustina Riso Patrón, Daniela Faggionato.

Laboratorio de Hospital El Cruce Dr. Néstor C. Kirchner, CEMET (Florencio Varela, provincia de Buenos Aires): Martin Zubieta; Marilina Rahhal, Alan Gómez, Pedro Paggi, Gastón Montecino, Tatiana Herlein y Facundo Albarenque.

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 de salud pública, Facultad de Ciencias Exactas, UNLP (La Plata, PBA): Rosana Isabel Toro; Andrés Angelletti; Víctoria 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 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 Mozgovoj, 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 la Dirección de Epidemiología (Santa Rosa, provincia de La Pampa): Claudia Rechimont, José Carlos Usero, Matías Villasana, María de los Ángeles Irastorza

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 Rompato; Viviana Mugna.

Laboratorio Central, Ministerio de Salud (Córdoba, provincia de Córdoba): Gabriela Barbas; Gonzalo Castro. Instituto de Virología "Dr.J.M.Vanella" Facultad de Ciencias Médicas, Universidad Nacional de Córdoba (provincia de Córdoba): Viviana Ré, María Belen Pisano.



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): Melina Leonor Mazzeo; Luis Alfredo Pianciola; Ailen Fernández, Carolina Rastellini, Julia Ousset, María Eugenia Terenzio, Florencia Chierchie, Carolina Pintos, Cecilia Ziehm.

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. Epidemiología: Angelina Bobadilla

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, 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://outbreak.info/situation-reports/Omicron
- 2. Viana, R., Moyo, S., Amoako, D. G., Tegally, H., Scheepers, C., Althaus, C. L., ... & de Oliveira, T. (2022). Rapid epidemic expansion of the SARS-CoV-2 Omicron variant in southern Africa. Nature, https://doi.org/10.1038/s41586-022-04411-y



- 3. Yamasoba, D., Kosugi, Y., Kimura, I., Fujita, S., Uriu, K., Ito, J., & Sato, K. (2022). Sensitivity of novel SARS-CoV-2 Omicron subvariants, BA. 2.11, BA. 2.12. 1, BA. 4 and BA. 5 to therapeutic monoclonal antibodies. bioRxiv. https://doi.org/10.1101/2022.05.03.490409
- 4. https://www.who.int/docs/default-source/coronaviruse/situation-reports/20220629_weekly_epi_update_98.pdf
- 5. Hachmann, N. P., Miller, J., Collier, A. R. Y., Ventura, J. D., Yu, J., Rowe, M., ... & Barouch, D. H. (2022). Neutralization Escape by SARS-CoV-2 Omicron Subvariants BA. 2.12. 1, BA. 4, and BA. 5. New England Journal of Medicine. https://doi.org/10.1056/NEJMc2206576
- Tegally, H., Moir, M., Everatt, J., Giovanetti, M., Scheepers, C., Wilkinson, E., ... & de Oliveira, T. (2022). Continued Emergence and Evolution of Omicron in South Africa: New BA. 4 and BA. 5 lineages. *medRxiv*. https://doi.org/10.1101/2022.05.01.22274406
- 7. Cao, Y. R., Yisimayi, A., Jian, F., Song, W., Xiao, T., Wang, L., ... & Xie, X. S. (2022). BA. 2.12. 1, BA. 4 and BA. 5 escape antibodies elicited by Omicron infection. bioRxiv. https://doi.org/10.1101/2022.04.30.489997
- 8. Hachmann NP, Miller J, Collier AY, Ventura JD, Yu J, Rowe M, Bondzie EA, Powers O, Surve N, Hall K, Barouch DH. Neutralization Escape by SARS-CoV-2 Omicron Subvariants BA.2.12.1, BA.4, and BA.5. N Engl J Med. 2022 Jun 22. doi: 10.1056/NEJMc2206576. Epub ahead of print. PMID: 35731894.