

COVID-19

**SITUACIÓN ACTUAL
NUEVAS VARIANTES**

SARS-CoV-2

INFORME TÉCNICO

JULIO 2021



**Ministerio de Salud
Argentina**

AUTORIDADES

PRESIDENTE DE LA NACIÓN

DR. ALBERTO ÁNGEL FERNÁNDEZ

MINISTRA DE SALUD DE LA NACIÓN

DRA. CARLA VIZZOTTI

JEFA DE GABINETE

LIC. SONIA GABRIELA TARRAGONA

SECRETARIA DE ACCESO A LA SALUD

DRA. SANDRA MARCELA TIRADO

SUBSECRETARIO DE MEDICAMENTOS E INFORMACIÓN ESTRATÉGICA

BIOQ. GASTÓN MORÁN

DIRECTORA NACIONAL DE EPIDEMIOLOGÍA E INFORMACIÓN ESTRATÉGICA

DRA. ANALÍA REARTE

TITULAR ADMINISTRACIÓN DE LABORATORIOS E INSTITUTOS DE SALUD (ANLIS “CARLOS MALBRÁN”)

MGTER. PASCUAL FIDELIO

DIRECTORA INSTITUTO NACIONAL DE ENFERMEDADES INFECCIOSAS (INEI-ANLIS “CARLOS MALBRÁN”)

BIOQ. VIVIANA MOLINA

EQUIPO TECNICO DE REDACCIÓN DEL INFORME:

CARLA VOTO¹

ELSA BAUMEISTER²

JOSEFINA CAMPOS³

CARLOS GIOVACCHINI⁴

EQUIPO TECNICO DE REGISTRO Y TRATAMIENTO DE DATOS:

MARIA PIA BUYAYISQUI¹

ALEXIA ECHENIQUE¹

MICAELA GAUTO⁵

LUCIA BARTOLOMEU⁵

MARÍA BELEN MARKIEWICZ¹

GEORGINA MARTINO¹

MARIANA MAURIÑO¹

¹ Área de Vigilancia, Dirección de Epidemiología.

² Servicio de Virosis Respiratorias, INEI-ANLIS.

³ Plataforma genómica y bioinformática, INEI-ANLIS.

⁴ Dirección de Epidemiología.

⁵ Residencia de Epidemiología, Dirección de Epidemiología.

El siguiente apartado fue redactado con la información producida en el marco de la vigilancia genómica de SARS CoV-26, en base a datos registrados en el Sistema Nacional de Vigilancia de la Salud de casos secuenciados por el INEI-ANLIS⁷.

SITUACIÓN ACTUAL NUEVAS VARIANTES SARS-CoV-2

En relación a nuevas variantes, los virus, entre ellos el SARS-CoV-2, cambian continuamente a través de mutaciones. Una variante tiene una o más mutaciones que la diferencian de otras variantes del virus en circulación. Estas mutaciones pueden presentarse en sitios determinantes para la infectividad y respuesta inmune de los hospedadores.

En este contexto surgen algunas variantes que son consideradas de interés, debido a la posibilidad de presentar diferencias en la transmisibilidad, prevalencia, severidad y el reconocimiento de anticuerpos.

Las mutaciones y variantes de SARS-CoV-2 se monitorean a nivel mundial y en nuestro país, a través de la secuenciación del genoma viral.

Se recomienda el uso de dos categorías para hablar de variantes de SARS-CoV-2:

Variante de interés ó Variant of Interest (VOI) y Variante prioritarias ó Variant of Concern (VOC).

Variantes de interés (VOI): fenotípicamente se comporta diferente a una referencia o su genoma presenta mutaciones que llevan a cambios de aminoácidos asociados a cambios fenotípicos establecidos.

Variante prioritaria (VOC): una variante de interés (VOI) es también una variante prioritaria si a través de diferentes estrategias de análisis se demuestra que:

- está asociada a un aumento de transmisibilidad o empeoramiento de la situación epidemiológica en la región;
- está asociada a un aumento de virulencia o cambio en la presentación clínica;
- está asociada a una disminución en la efectividad de las medidas de control, los tests diagnósticos, las vacunas o los tratamientos.

A la fecha hay 4 variantes clasificadas actualmente como prioritarias (VOC). A partir del 31 Mayo con una nueva nomenclatura global definida por la OMS⁸:

- Gamma: VOC 20J/501Y.V3 (linaje P.1, originalmente detectada en Manaus)
- Alpha: VOC 20I/501.V1 (linaje B.1.1.7, originalmente detectada en Reino Unido)
- Beta: VOC 20H/501Y.V2 (linaje B.1.351, originalmente detectada en Sudáfrica)
- Delta: VOC 21A/478K.V1 (linaje B.1.617.2, originalmente detectada en India)

⁶ Para mayor información sobre la integración de la vigilancia genómica a la vigilancia de COVID-19 puede consultarse el siguiente documento [https://bancos.salud.gob.ar/recurso/integracion-de-la-vigilancia-genomica-de-sars-cov-2-la-vigilancia-de-covid-19-traves-del Sistema Nacional de Salud](https://bancos.salud.gob.ar/recurso/integracion-de-la-vigilancia-genomica-de-sars-cov-2-la-vigilancia-de-covid-19-traves-del-Sistema-Nacional-de-Salud).

⁷ Se seleccionaron los casos secuenciados por el INEI-ANLIS por contar con el conjunto de casos secuenciados, incluyendo variantes prioritarias y variantes no prioritarias, de manera tal de poder establecer relaciones de proporcionalidad entre las mismas por lugar y tiempo.

⁸ <https://www.who.int/activities/tracking-SARS-CoV-2-variants>

A la fecha hay 7 variantes clasificadas como de interés (VOI):

- Eta: B.1.525
- Epsilon: B.1.427/ B.1.429
- Zeta: B.1.1.28.2, alias P.2
- Theta: B.1.1.28.3, alias P.3
- Iota: B.1.526 con E484K o S477N
- Kappa: B.1.617.1
- Lambda (C.37)

A la fecha de realización de este informe, los linajes B.1.427/ B.1.429 (Epsilon), B.1.1.28.3, alias P.3 (Theta) y B.1.1.28.2, alias P.2 (Zeta) previamente clasificados como VOI y analizados como tales, fueron reclasificados por OMS en el transcurso de la SE27 como Variantes bajo monitoreo. (Información disponible en [Tracking SARS-CoV-2 variants \(who.int\)](https://www.who.int/tracking-sars-cov-2-variants)). Se actualizará en informes subsiguientes.

El linaje C.37, derivado del B.1.1.1, o variante Andina que ha sido monitoreada desde principio de 2021, ha sido clasificado como VOI por la OMS y denominado Lambda debido a su evidencia de continua emergencia y posibles implicancias fenotípicas.

Ha emergido en la Región Andina, mayormente en Chile (31% de prevalencia desde su reporte), Perú (9%) y Ecuador (8%), siendo identificada en Chile en la SE 44/2020 y ya ha comenzado a circular por diferentes países como transmisión comunitaria y asociada a un aumento de la incidencia de COVID-19.

La secuencia más antigua reportada es de Perú de una muestra de Agosto de 2020. Hasta el 15 de Junio de 2021, 1730 secuencias han sido reportadas en GISAID de 29 países en las 5 regiones de OMS.

Hasta la SE25, en el Laboratorio Nacional de Referencia, INEI ANLIS-Malbrán, se han identificado 196 muestras positivas para COVID-19 del linaje B.1.1.1 con las mutaciones descritas para C.37, de 1445 muestras secuenciadas. La primera detección fue realizada en una muestra remitida por CABA con fecha de toma de muestra 08/11/2020.

Lambda tiene una constelación de mutaciones con posibles implicancias fenotípicas, como aumento de la transmisibilidad y posible aumento de la resistencia a la neutralización de anticuerpos. Las mutaciones características en la proteína “Spike” de esta variante son: G75V, T76I, del247/253, L452Q, F490S, D614G y T859N. Sin embargo, aún hay evidencia limitada del impacto de estos cambios genómicos y se requieren nuevos estudios robustos para entender el impacto de los mismos.

INFORME VIGILANCIA GENÓMICA DE MUESTRAS REMITIDAS AL INEI-ANLIS CARLOS MALBRÁN NOTIFICADAS AL SNVS.2.0

Desde el mes de enero del 2021 hasta el 20 de Junio, se han secuenciado en el Instituto Nacional de Enfermedades Infecciosas (INEI-ANLIS) 1445 muestras incluyendo la vigilancia en viajeros, en cuadros graves inusitados, personas vacunadas y vigilancia regular de variantes circulantes.

Vigilancia genómica en viajeros internacionales⁹:

Se realizó la secuenciación genómica de 250 muestras de viajeros que ingresaron al país y que tuvieron resultados positivos, desde el mes de enero hasta el 20/06.

⁹ Sujeto a modificaciones por la actualización de los antecedentes epidemiológicos de los casos.

En 90 casos se halló la variante de preocupación (VOC) Gamma (20J/501Y.V3, linaje P.1, originalmente detectada en Manaus) y en 55 casos Alpha (VOC 20I/501Y.V1, linaje B.1.1.7, originalmente detectada en Reino Unido).

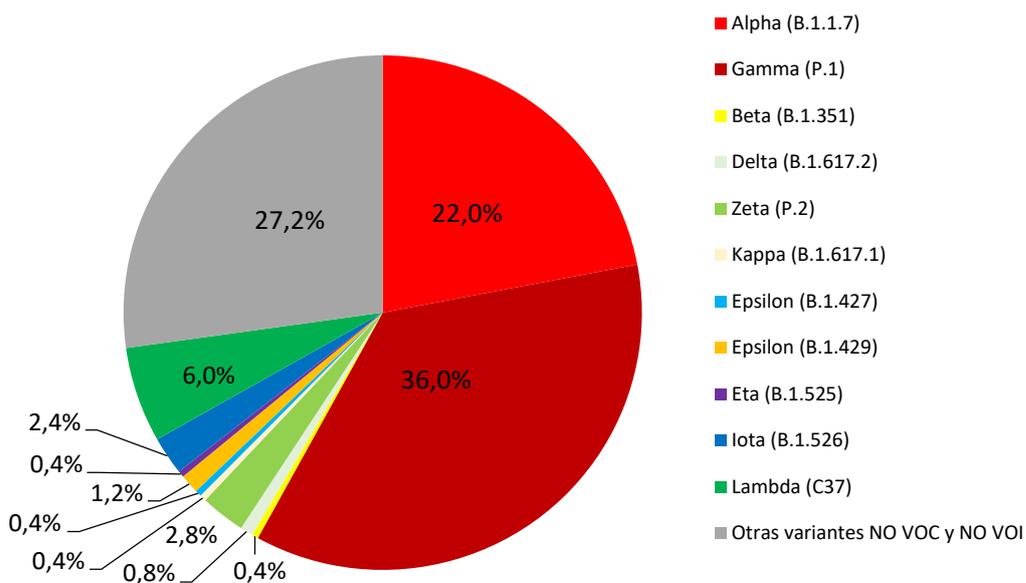
A la fecha de redacción de este informe, fue registrado un caso de la VOC Beta (linaje B.1.351, originalmente detectada en Sudáfrica) en un viajero proveniente de España. Respecto a la VOC Delta (linaje B.1.617.2 reportada originalmente en India), se identificaron 2 casos en viajeros provenientes de Francia y EE.UU. Se identificó además 1 caso de la VOI Kappa (linaje B.1.617.1) en un viajero proveniente de Francia.

En 15 casos se aisló la VOI Lambda (linaje C.37, derivada de B.1.1.1).

Los viajeros en los que se aisló variante Gamma (VOC 20J/501Y.V3, linaje P.1) ingresaron desde México, Brasil, Bolivia, Chile, Colombia y Paraguay.

Los viajeros en los que se aisló la variante Alpha (VOC 20I/501Y.V1, linaje B.1.1.7) ingresaron desde E.E.U.U, México, España, Bangladesh, Panamá y Paraguay.

Gráfico 1: Distribución porcentual de muestras correspondientes a variantes prioritarias y no prioritarias en viajeros. n= 250



Fuente: Sistema Nacional de Vigilancia de la Salud (SNVS)

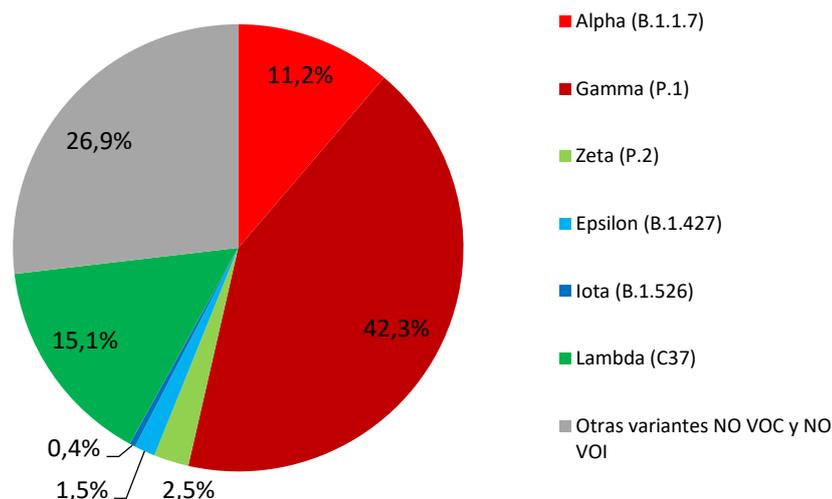
VIGILANCIA GENÓMICA DE SARS COV-2 EN PERSONAS SIN ANTECEDENTES DE VIAJE NOTIFICADAS AL SNVS.2.0

Se registraron al SNVS.2.0 1195 muestras analizadas en personas sin antecedentes de viaje a destino internacional, 506 correspondieron a la variante Gamma (VOC 20J/501Y.V3, linaje P.1), 134 correspondieron a la variante Alpha (VOC 20I/501Y.V1, linaje B.1.1.7), 30 casos a la variante Zeta (VOI 20B/S.484K, linaje P.2, originalmente detectada en Brasil), 18 a la variante Epsilon (21C/452R.V1, linaje B.1.427, originalmente detectada en California), 181 casos a la VOI Lambda (linaje C.37 derivada del B.1.1.1); 5 casos a la VOI Iota (21F/253G.V1, linaje B.1.526), las restantes 321 muestras correspondieron a otras variantes no VOC y no VOI.

Las muestras analizadas provienen de todas las regiones del país estando la mayoría de las provincias representadas.

Para el total país del total de las muestras secuenciadas cerca del 53% correspondieron a variantes de preocupación, 15% a la VOI Lambda (linaje C.37 derivada de B.1.1.1), 5% a otras variantes de interés y el resto corresponden a otras variantes no VOC ni VOI. (Grafico 2)

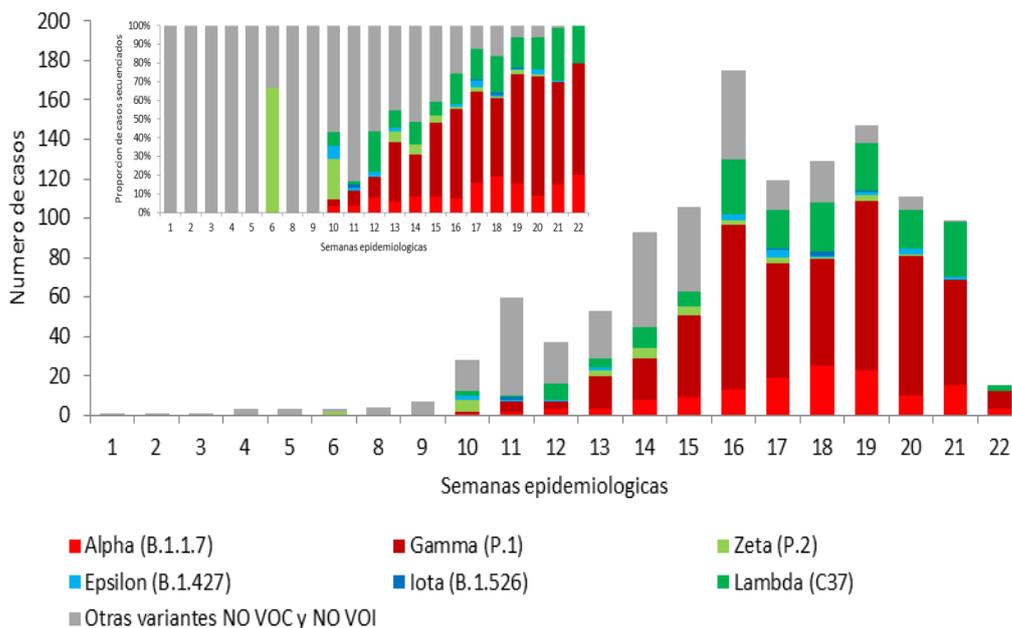
Gráfico 2: Distribución porcentual de muestras correspondientes a variantes prioritarias y no prioritarias en no viajeros. Total País. Acumulado a SE25. n= 1195.



Fuente: Sistema Nacional de Vigilancia de la Salud (SNVS)

Puede observarse que la identificación de variantes prioritarias para el total país se observa en ascenso desde la SE10 hasta el periodo actual. La detección de la VOI Lambda (C.37 derivada de B1.1.1) también continúa en ascenso en el periodo analizado mientras que para otras variantes no VOC y no VOI, a la fecha, se observa un descenso en las detecciones tanto en números absolutos como relativos. (Grafico 3)

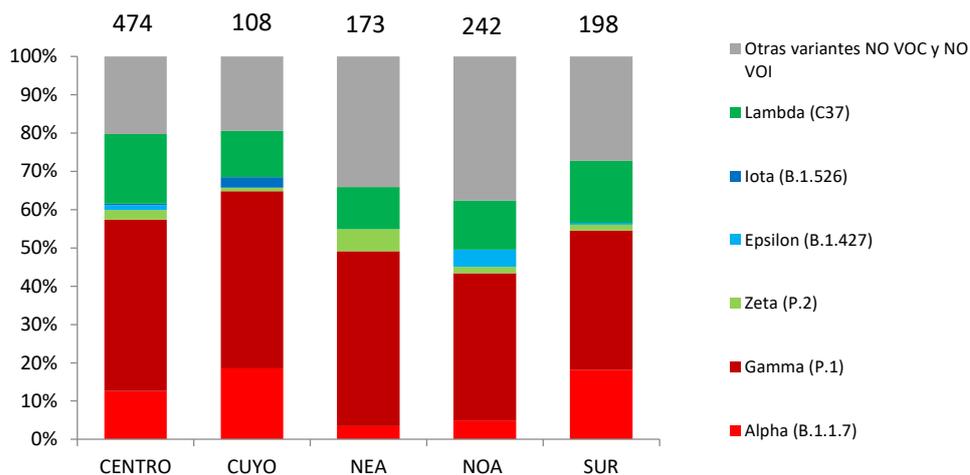
Gráfico 3: Distribución porcentual de muestras correspondientes a variantes prioritarias y no prioritarias en no viajeros según SE de fecha de toma de muestra. Acumuladas a SE25. Total país.



Fuente: Sistema Nacional de Vigilancia de la Salud (SNVS)

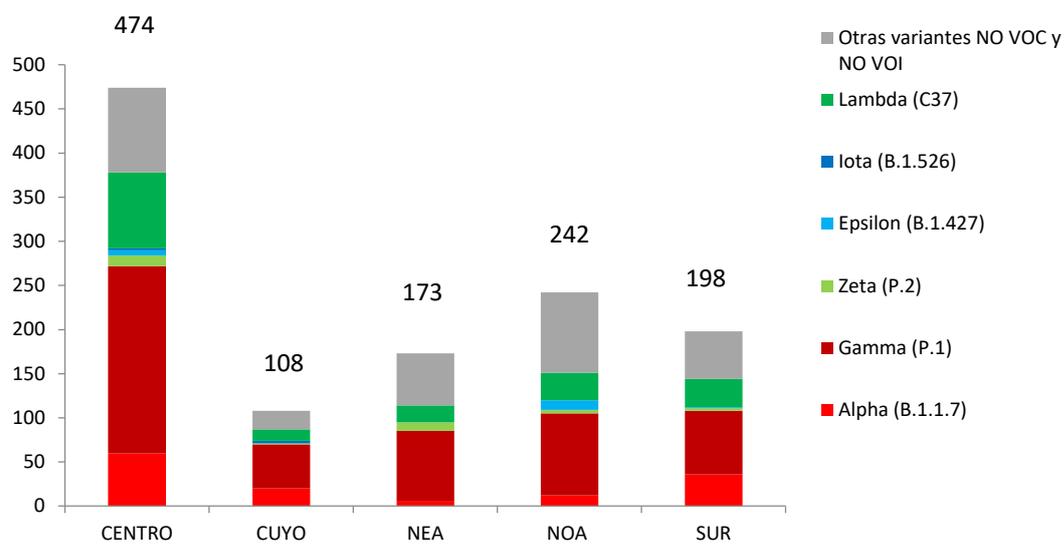
La distribución de variantes prioritarias y no prioritarias difiere según la región del país. En la región Centro, Cuyo y Sur puede observarse que la proporción de variantes prioritarias es superior al resto de las regiones hasta el momento. En la región NOA y NEA la proporción de variantes prioritarias entre las muestras secuenciadas y registradas al SNVS.2.0. alcanza un 43% y un 49%, respectivamente. (Grafico 4 y 5)

Gráfico 4: Distribución relativa de muestras correspondientes a variantes prioritarias y no prioritarias en no viajeros por Región del País. Acumulados a SE25. n= 1195



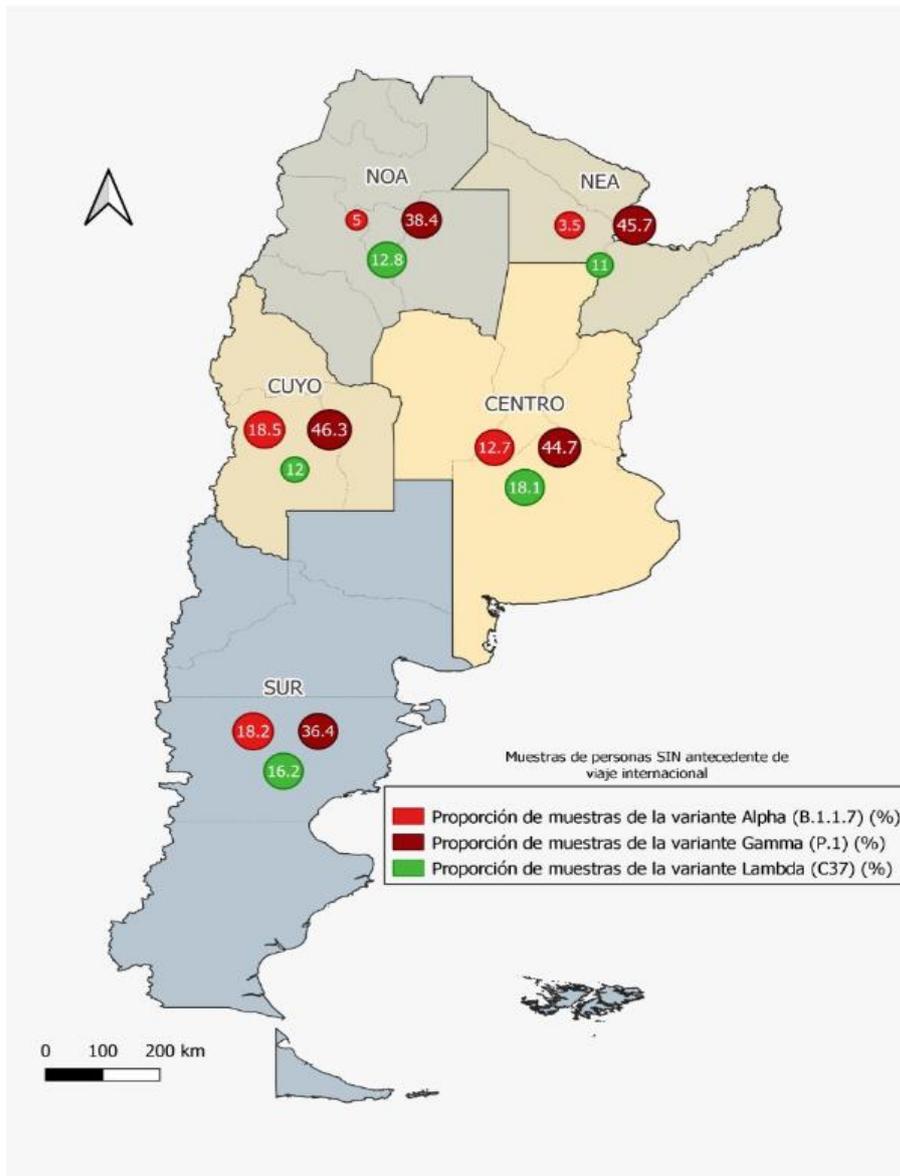
Fuente: Sistema Nacional de Vigilancia de la Salud (SNVS)

Gráfico 5: Distribución absoluta de muestras correspondientes a variantes prioritarias y no prioritarias en no viajeros por Región del País. Acumuladas a SE25. n= 1195



Fuente: Sistema Nacional de Vigilancia de la Salud (SNVS)

Grafico 6: Distribución porcentual de muestras correspondientes a variantes Alpha (B.1.1.7), Gamma (P.1) y Lambda (C.37) en no viajeros por Región del País. Acumulados a SE25.



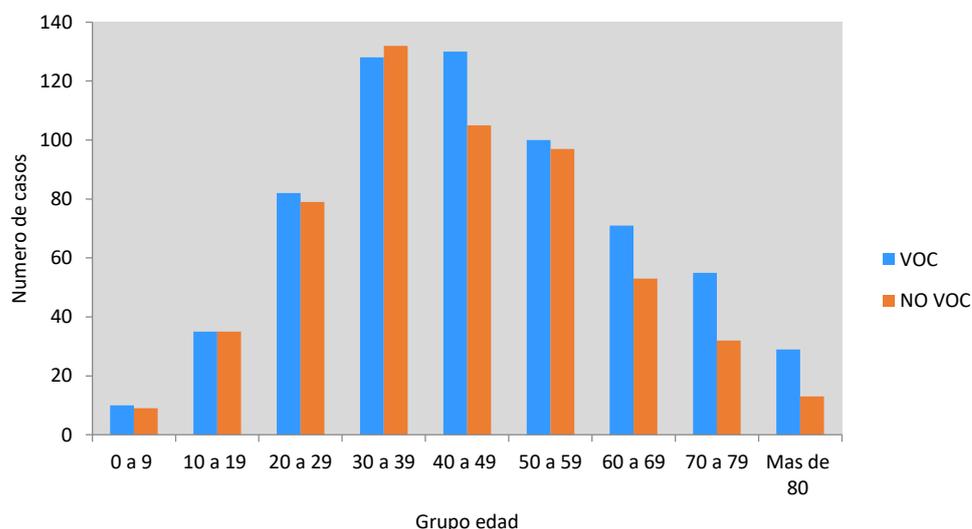
Fuente: Sistema Nacional de Vigilancia de la Salud (SNVS)

Características demográficas y clínicas de los casos secuenciados y registrados al evento Vigilancia Genómica del SNVS^{2.0} para el total país.¹⁰

Desde el mes de enero del 2021 hasta el 20 de Junio, se han registrado al Evento de Vigilancia Genómica 1195 muestras analizadas por secuenciación genómica incluyendo la vigilancia regular de variantes circulantes, cuadros graves inusitados, personas vacunadas y casos sospechosos de reinfección. Del total de muestras notificadas, 640 se corresponden con variantes prioritarias (VOC) y 555 son variantes no prioritarias (VOI y Otras variantes).

La mediana de edad para el total de los casos secuenciados es de 42 años¹¹. En cuanto a la distribución por grupo de edad se observa que los casos en los que se detectaron VOC corresponden de manera aproximadamente homogénea al grupo de 40-49 años y de 30-39 años. Los casos en los que se detectaron variantes no prioritarias pertenecen en mayor número al grupo de edad de 30-39 años. (Grafico 1)

Grafico 1: Distribución por grupo edad de casos secuenciados con detección de VOC y no VOC para el total país. (n=1195)



Fuente: Sistema Nacional de Vigilancia de la Salud (SNVS)

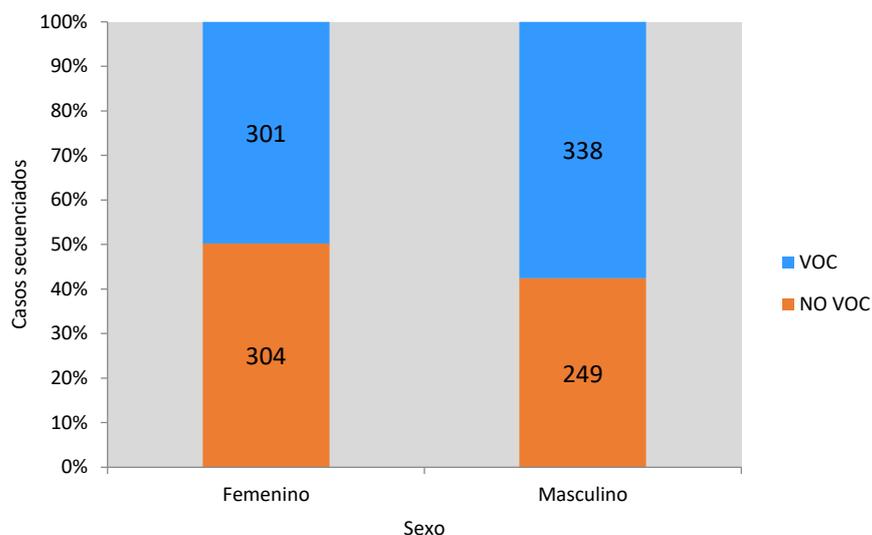
En cuanto a la distribución por sexo de los casos secuenciados, se analizaron 605 casos en mujeres y 587 en hombres¹². Entre las mujeres, 301 casos (49.75%) corresponden a variantes prioritarias y 304 casos (50.25%) a variantes no prioritarias. Respecto a los hombres, en 338 (57.58%) casos se detectan variantes prioritarias y en 249 casos (42.42%) variantes no prioritarias. (Grafico 2)

¹⁰ Sujeto a modificaciones en la medida en que se aporte nueva información al sistema para el período analizado.

¹¹ Las muestras analizadas al momento no solo corresponden a las muestras enviadas como parte de la vigilancia regular sino que también representan muestreos por conveniencia y están orientadas al estudio de casos inusitados, post-vacunación, sospecha de reinfección y estudios de brotes. En consecuencia, pueden no corresponderse con una distribución que sea representativa de la población general.

¹² Hay 3 casos con sexo indeterminado: 1 caso con detección de VOC y 2 casos con detección de no VOC

Grafico 2: Distribución por sexo de casos secuenciados con detección de VOC y no VOC para el total país. (n=1192)



Fuente: Sistema Nacional de Vigilancia de la Salud (SNVS)

Distribución de variantes prioritarias y no prioritarias en casos secuenciados según gravedad

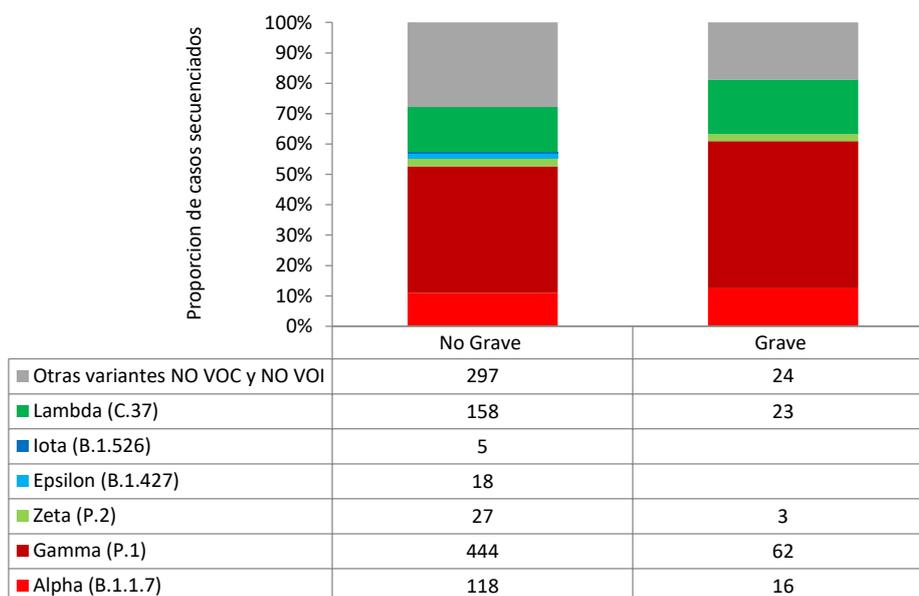
Del total de casos secuenciados, se registraron al SNVS^{2,0}, 128 casos con evolución grave y 1067 casos sin criterio de gravedad¹³.

En cuanto a la distribución de variantes prioritarias, en los casos graves 62 (48.4%) corresponden a la variante Gamma (VOC 20J/501Y.V3, linaje P.1) y 16 (12.5%) a la variante Alpha (VOC 20I/501Y.V1, linaje B.1.1.7) mientras que en los casos no graves, 444 (41.6%) corresponden a la variante Gamma (VOC 20J/501Y.V3, linaje P.1) y 118 (11%) a la variante Alpha (VOC 20I/501Y.V1, linaje B.1.1.7). En el periodo analizado, tanto la proporción de la variante Gamma (P.1) como Alpha (B.1.1.7) es mayor para los casos graves que para aquellos sin criterio de gravedad.

Respecto a la distribución de la VOI Lambda (linaje C.37 derivada de B.1.1.1), se detectan 23 (18%) casos graves y 158 (14.8%) casos con evolución no grave, siendo algo superior en el primer grupo. (Grafico 3).

¹³ Se definen como **graves** aquellos casos registrados al SNVS.2.0 bajo el evento “Caso sospechoso de COVID-19, influenza y OVR” que requirieron ingreso a unidad de cuidados críticos y/o fallecidos.

Grafico 3: Distribución porcentual de variantes en casos secuenciados según criterio de gravedad para el total país. (n=1195).



Fuente: Sistema Nacional de Vigilancia de la Salud (SNVS)

Investigación de variantes prioritarias y no prioritarias en casos con antecedente de vacunación para SARS-CoV-2

Hacia la SE25, se estudiaron por secuenciación genómica un total de 481 casos con antecedente de vacunación para SARS-CoV-2, 196 casos luego de la aplicación de la primera dosis de vacuna y 285 casos posterior a la aplicación de la segunda dosis.

Se describe la distribución de los resultados según el número de dosis recibidas y la condición de inmunización¹⁴.

Entre 788 casos estudiados no inmunizados un 42.8% corresponde a la variante Gamma (VOC 20J/501Y.V3, linaje P.1), 9.4% a Alpha (VOC 20I/501Y.V1, linaje B.1.1.7), 12.5% a la variante Lambda (C.37 derivada de B.1.1.1), 4.3% a otras variantes de interés y un 31% a otras variantes no VOC y no VOI.

En los 159 casos considerados inmunizados, un 39.6% corresponde a la variante Gamma (VOC 20J/501Y.V3, linaje P.1), 20.13% a Alpha (VOC 20I/501Y.V1, linaje B.1.1.7), 22.6% a la variante Lambda (C.37 derivada de B.1.1.1), 2.52% a otras variantes de interés y 15% a otras variantes no VOC y no VOI.

En aquellas personas con esquema de vacunación completo, sobre un total de 248 casos, un 42.74% corresponde a la variante Gamma (VOC 20J/501Y.V3, linaje P.1),

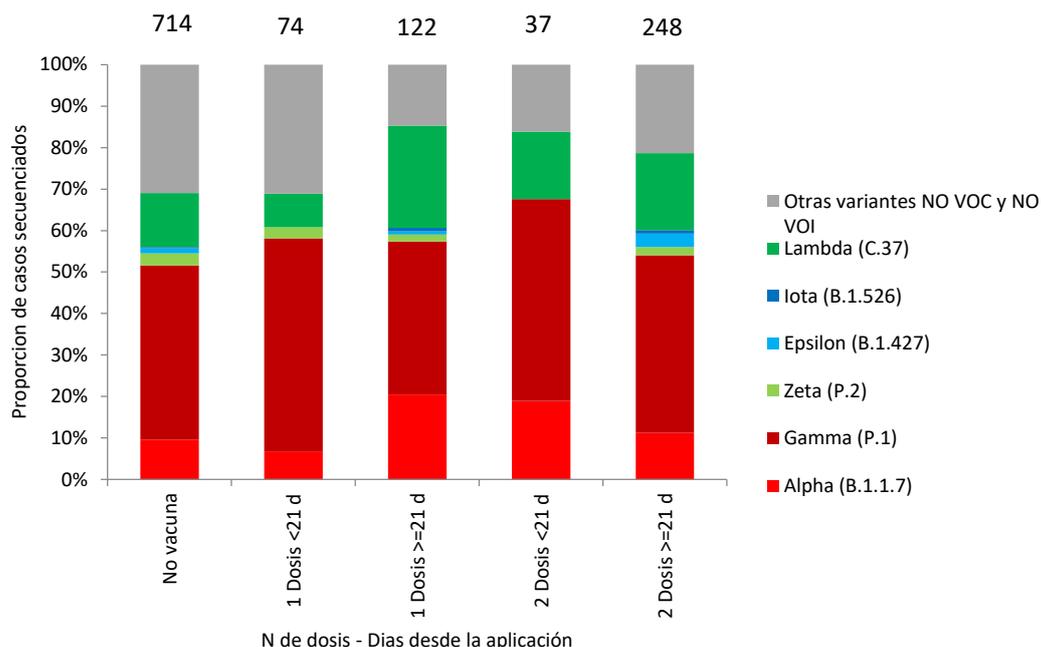
¹⁴ Se consideran **inmunizados** a los casos en personas que han recibido la primera dosis de vacuna y hayan pasado al menos 21 días desde la fecha de vacunación y la fecha de toma de muestra.

Se consideran **no inmunizados** a todos los casos secuenciados que no recibieron la vacuna o a los casos confirmados de Covid-19 que fueron analizados por secuenciación genómica que estuvieran vacunados pero en los que hayan pasado menos de 21 días desde la aplicación de la primera dosis de vacuna y la toma de la muestra o los casos en los que la fecha de toma de muestra para secuenciación genómica precede a la fecha de aplicación de la vacuna. Se consideran personas con **esquema completo de vacunación** a aquellas que recibieron la segunda dosis de vacuna al menos 21 días antes a la fecha de toma de la muestra.

11.3% a Alpha (VOC 20I/501Y.V1, linaje B.1.1.7), 18.5% a la variante Lambda (C.37 derivada de B.1.1.1), 6% a otras variantes de interés y un 21.37% a otras variantes no VOC y no VOI.

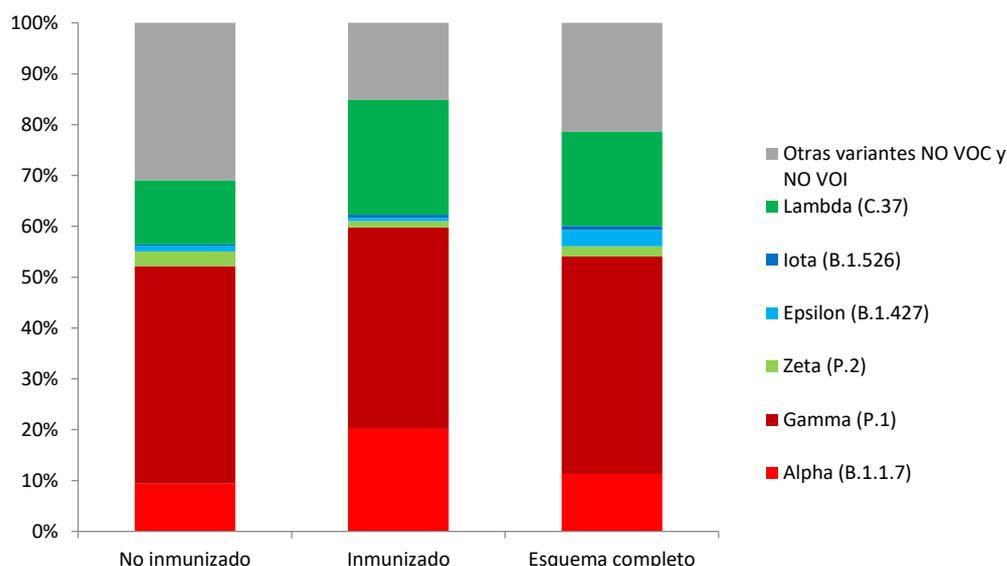
La distribución de la proporción de variantes prioritarias es de 52% para los casos no inmunizados y 59.75% para los inmunizados, mientras que en los casos con esquema completo de vacunación la proporción de VOC es de 54%. (Grafico 4 y Grafico 5).

Grafico 4: Distribución porcentual de variantes en casos secuenciados según número de dosis de vacuna y tiempo transcurrido desde la aplicación para el total país hacia SE25.



Fuente: Sistema Nacional de Vigilancia de la Salud (SNVS) y Registro Federal de Vacunación Nominalizado (NoMiVac)

Grafico 5: Distribución porcentual de variantes en casos secuenciados según condición de inmunización para el total país hacia SE25¹⁵.



Fuente: Sistema Nacional de Vigilancia de la Salud (SNVS) y Registro Federal de Vacunación Nominalizado (NoMiVac)

Del total de 481 casos con secuenciación genómica y antecedente de vacunación para SARS-CoV-2, se registraron al SNVS.2.0 46 fallecimientos, 12 casos en personas no inmunizadas, 31 en inmunizados y 3 casos con esquema completo de vacunación.¹⁶

Tabla 1: Distribución absoluta de variantes prioritarias y no prioritarias en casos fallecidos según condición de inmunización.

Etiquetas de fila	No inmunizado	Inmunizado	Esquema completo
Alpha (B.1.1.7)		5	
Gamma (P.1)	6	14	2
C37 (Andina)	3	8	1
Zeta (P.2)	1	1	
Otras variantes NO VOC y NO VOI	2	3	
Total general	12	31	3

Fuente: Sistema Nacional de Vigilancia de la Salud (SNVS) y Registro Federal de Vacunación Nominalizado (NoMiVac)

¹⁵ No inmunizados: casos secuenciados en personas no vacunadas más casos en personas que recibieron la primer dosis y aún no pasaron 21 días desde la vacunación en la fecha de toma de muestra o casos en los que la fecha de toma de muestra para secuenciación precede a la fecha de aplicación de la vacuna; Inmunizados: casos en personas que han recibido la primera dosis y hayan pasado al menos 21 días desde la fecha de vacunación y la fecha de toma de muestra, más los casos en personas que han recibido la segunda dosis pero no han pasado todavía 21 días hasta la fecha de toma de la muestra; Esquema completo: personas que han recibido la segunda dosis de vacuna y han pasado al menos 21 desde la aplicación de la segunda dosis y la fecha de toma de la muestra.

¹⁶ Casos con antecedente de vacunación para SARS-CoV-2 con registro de fallecimiento al SNVS.2.0

SITUACIÓN INTERNACIONAL

En las Tabla 1 y 2 se muestran las variantes VOI y VOC definidas por OMS al 22 de Junio de 2021.

Tabla 1 - Variantes de preocupación (VOC)

WHO	Alpha	Beta	Gamma	Delta
CLADO NEXTSTRAIN	20I (V1)	20H (V2)	20J (V3)	21A
CLADO GISAID	GRY (GR/501Y.V1)	GH/501Y.V2	GR/501Y.V3	G/478K.V1
Linaje Pangolín	B.1.1.7	B.1.351	B.1.1.28.1 /P.1	B.1.617.2
Detectada inicialmente	UK-Reino Unido	SA-Sudáfrica	BR-Manaos	India
Muestra más antigua detectada	20 SEP 2020	MAY 2020	NOV 2020	OCT 2020
Mutaciones importantes en la "S"	Delección H69/V70; delección Y144; N501Y; A570D; D614G, P681H, T716I, S982A, D1118H	Delección D80A, D215G, 241/243, K417N, E484K, N501Y, D614G, A701V	L18F, T20N, P26S, D138Y, R190S, K417T, E484K, N501Y, D614G H655Y, T1027I, V1176F	L452R, D614G, P681R, ± (E484Q, Q107H, T19R, del157/158, T478K, D950N)
Transmisibilidad	Aumento de la transmisibilidad, aumento de la tasa de ataque secundaria	Aumento de la transmisibilidad	Aumento de la transmisibilidad	Aumento de la transmisibilidad, aumento de la tasa de ataque secundaria
Severidad de la enfermedad	Riesgo incrementado de hospitalización, posible aumento de	No confirmada, posible aumento de riesgo de mortalidad en hospitalización	No confirmada, posible riesgo incrementado de hospitalización	No confirmada, posible riesgo incrementado de hospitalización

	riesgo para severidad y mortalidad	es		
Riesgo de reinfección	Se mantiene la actividad neutralizante, riesgo de reinfección similar	Reducción de actividad neutralizante reportada. Se mantiene respuesta celular	Moderada reducción en la actividad neutralizante	Reducción de actividad neutralizante reportada.
Impacto en el diagnóstico	Impacto limitado, falla de la detección de gen S (SGTF), sin impacto en el resultado final multitarget; sin impacto en la detección por antígenos	Sin impacto en RT-PCR ni en la detección por antígenos	No reportados hasta la fecha	No reportados hasta la fecha

Tabla 2- VOC definidas por OMS y su impacto en vacunas

	Impacto en efectividad/ eficacia de las vacunas	Impacto en la capacidad de neutralización por vacunas
Alpha	<p>Mantiene Protección contra la enfermedad</p> <ul style="list-style-type: none"> • Enfermedad grave: Sin pérdida / pérdida mínima: Pfizer BioNTech-Comirnaty • Enfermedad sintomática: Sin pérdida / mínima: AstraZeneca- Vaxzevria, Novavax-Covavax, Pfizer BioNTech-Comirnaty • Infección: No / pérdida mínima: Pfizer BioNTech-Comirnaty • Infección asintomática: No / pérdida mínima: Pfizer BioNTech- Comirnaty; Pérdida no concluyente / 	<p>Pérdida nula / mínima: Bharat-Covaxin, Gamaleya-Sputnik V, Moderna- mRNA-1273, Novavax-Covavax, Pfizer BioNTech-Comirnaty, Beijing CNBG-BBIBP-CorV, Sinovac-CoronaVac</p> <ul style="list-style-type: none"> • Pérdida mínima / moderada: AstraZeneca-Vaxzevria

	<p>moderada-sustancial, tamaño de muestra limitado: AstraZeneca-Vaxzevria</p>	
Beta	<p>Protección reducida contra enfermedad; evidencia limitada</p> <ul style="list-style-type: none"> • Enfermedad grave: No / pérdida mínima: Janssen Ad26.COV 2.5, Pfizer BioNTech-Comirnaty • Enfermedad leve-moderada: Sin pérdida / mínima: Janssen-Ad26. COV 2.5; Pérdida moderada: Novavax-Covavax; Pérdida no concluyente / sustancial, tamaño de muestra limitado: AstraZeneca-Vaxzevria • Infección: Pérdida moderada: Pfizer BioNTech-Comirnaty • Infección asintomática: sin evidencia 	<p>Pérdida mínima / modesta: Bharat-Covaxin, Beijing CNBG- BBIBP-CorV, Sinovac-CoronaVac, Anhui ZL - Recombinant</p> <ul style="list-style-type: none"> • Pérdida mínima a sustancial: Moderna-mRNA-1273, Pfizer BioNTech-Comirnaty • Pérdida de moderada a sustancial: AstraZeneca-Vaxzevria, Gamaleya-Sputnik V, Janssen-Ad26.COV 2.5, Novavax-Covavax
Gamma	<p>Protección probable contra la enfermedad; evidencia muy limitada sobre tres vacunas</p> <ul style="list-style-type: none"> • Enfermedad sintomática: Sin pérdida / mínima: Sinovac CoronaVac ; ninguna / mínima a modesta pérdida: dosis única de Moderna- mRNA-1273 o Pfizer BioNTech-Comirnaty. • Infección: No / pérdida mínima: Sinovac- CoronaVac 	<p>Sin pérdida / mínima: AstraZeneca-Vaxzevria, Sinovac-CoronaVac</p> <ul style="list-style-type: none"> • Pérdida mínima a moderada: Moderna- mRNA-1273, Pfizer BioNTech-Comirnaty • Pérdida modesta: Janssen-Ad26.COV
Delta	<p>Mantiene Protección contra enfermedad grave; posible protección reducida contra enfermedad e infección; evidencia limitada en solo dos vacunas</p> <ul style="list-style-type: none"> • Enfermedad grave: No / pérdida mínima: Pfizer BioNTech-Comirnaty, AstraZeneca- Vaxzevria • Enfermedad sintomática: ninguna / pérdida mínima a 	<p>Pérdida nula / mínima: Bharat-Covaxin</p> <ul style="list-style-type: none"> • No / Pérdida mínima a moderada: Pfizer BioNTech Comirnaty, Bharat-Covaxin • Pérdida sustancial: dosis única de AstraZeneca-Vaxzevria

CLADO GISAID	G/484K.V3	GH/452R.V1	GR/484K.V2	GR/1092K.V1	GH/253G.V1	G/452R.V3	GR/452Q.V1
Linaje Pangolín	B.1.525	B.1.427/ B.1.429	P.2	P.3	B.1.526 (E484K o S477N)	B.1.617.1	C.37
Nombres alternativos		CAL.20C/ L452R		PHL- B.1.1.28			
Detectada inicialmente	Múltiples países	EEUU	Brasil	Filipinas	EEUU	India	Peru
Muestra más antigua detectada	DIC 2020	MARZ 2020	ABR 2020	ENE 2021	NOV 2020	OCT 2020	AGO 2020
Mutaciones importantes en la "S"	Q52R, A67V, del69/70, del144, E484K, D614G, Q677H, F888L	S13I, W152C, L452R, D614G	E484K, D614G, V1176F	141/143del, E484K, N501Y, D614G, P681H, E1092K, H1101Y, V1176F	L5F, T95I, D253G, D614G, A701V, + (E484K o S477N)	E154K, L452R, E484Q, D614G, P681R, Q1071H	G75V, T76I, del247/253, L452Q, F490S, D614G y T859N

argentina.gob.ar/salud