

Reporte N°28: Vigilancia activa de variantes de SARS-CoV-2 en la CABA, provincias de Buenos Aires, Chaco, Neuquén, Santa Fe y Misiones.

Actualización al 28/10/2021.

RESUMEN

Con el objetivo de estudiar las variantes circulantes del virus SARS-CoV-2 en el período comprendido entre el 20/07/21 y el 20/10/21, se analizaron un total de 568 muestras. De las cuales, 188 correspondieron a casos de la CABA, Gran Buenos Aires y alrededores y Gran La Plata, 25 de provincia de Buenos Aires (no AMBA), 18 de provincia de Chaco, 11 de la provincia de Misiones, 93 de Neuquén, y 190 de Santa Fe. Todas estas muestras estudiadas corresponden a individuos sin antecedente de viaje al exterior o contacto estrecho con viajeros. Además, de las 568 muestras, 43 correspondieron a casos especiales (nexo con viajero y confirmación de casos detectados por la técnica de PCR en tiempo real específica para variantes). En 73 casos se realizó la secuenciación completa del genoma del SARS-CoV-2.

En total, se identificó la variante Alpha en 6 casos. La variante Gamma en un total de 286 casos, de los cuales 280 corresponden a casos de circulación comunitaria. La variante Lambda en 90 casos, de éstos, 85 corresponden a circulación comunitaria. Por último, la variante Delta se detectó en un total de 185 casos, de los cuales 153 corresponden a casos de circulación comunitaria seleccionados al azar.

A la fecha, sobre un total de 4992 muestras analizadas a través de la vigilancia activa por secuenciación de *Spike* o de genoma completo, las variantes más frecuentemente detectadas en nuestro país fueron: Gamma en 2163 casos, seguida de Lambda en 1070 casos, Alpha en 310 casos, Delta en 240 casos y Mu en tres casos.

En este reporte, se encontró que la frecuencia de detección de la variante Delta alcanzó el 83,3% (en el GBA), el 84,6% (en la CABA), 21,4% en la provincia de Santa Fe y 41,0% en la provincia de Neuquén en las últimas semanas epidemiológicas analizadas (segunda quincena de octubre). Estos resultados están en consonancia con la situación epidemiológica regional, hasta el momento caracterizada por un incremento de la frecuencia de detección de la variante Delta en simultáneo con el reporte de un número de casos estable o a la suba, tanto en Argentina como en otros países de la región.

Contexto epidemiológico

En los últimos meses, la variante de preocupación (VOC) Delta se ha propagado a múltiples países, causando nuevas olas de infecciones en todo el mundo. Si bien Latinoamérica presenta, hasta el momento, una menor prevalencia de Delta que otras regiones, esta variante se ha detectado en todos los países de la región y en muchos de ellos con casos de transmisión comunitaria. Los últimos informes de los países limítrofes indican que Delta ya es dominante en Brasil, Chile y Uruguay, y que la circulación comunitaria también se ha verificado en Paraguay. Mientras que, en Chile, la variante Delta se encuentra en un rango de 87-92% de los casos para las SE 38-39/2021 (1), en Brasil en un 91,8% de los casos en para septiembre de 2021 (2) y en Uruguay en un 100% de los casos en para octubre de 2021 (3).

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

Con el **objetivo** de continuar con la vigilancia activa de estas variantes, el Consorcio Argentino de Genómica de SARS-CoV-2, a través de los nodos de secuenciación del Laboratorio de Virología del Hospital de Niños Ricardo Gutiérrez (HNRG) (CABA), del Laboratorio UGB-INTA (Castelar, PBA), del Laboratorio IACA (Bahía Blanca, PBA), del Laboratorio Central de Neuquén (Pcia. de Nqn), del Laboratorio del IDICaL del INTA-CONICET (Rafaela, Pcia. de Santa Fe), de los laboratorios CIBIC y Mixto de Biotecnología Acuática (UNR) de Rosario (Pcia. de Santa Fe) y del IMR de Resistencia (Pcia. de Chaco) se realizó la **secuenciación parcial del gen que codifica para la proteína Spike de SARS-CoV-2 en 568 muestras y la secuenciación del genoma completo en 73 muestras obtenidas entre el 20/07/21 y el 20/10/21 de individuos residentes en la CABA, PBA, Neuquén, Chaco, Córdoba, Misiones y Santa Fe.** Todos los casos corresponden a personas sin antecedente de viaje al exterior o contacto estrecho con viajeros. Además, 43 casos correspondieron a selecciones especiales (nexo con viajeros y 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 distintas regiones del país, seleccionando al azar entre el 10-70% del total de los casos positivos detectados la semana previa. Este elevado porcentaje de casos positivos analizados se ha dado en las últimas semanas epidemiológicas informadas en este reporte, debido a la baja positividad que se viene registrando en forma sostenida en las distintas regiones estudiadas.

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

RESULTADOS:

Se analizó la presencia de variantes y mutaciones de relevancia epidemiológica en un total de 568 muestras de individuos residentes en la CABA, PBA, Chaco, Neuquén, Misiones y Santa Fe, mediante el análisis de la región de SARS-CoV-2 que codifica para la proteína *Spike* (codones 428 a 750) y del genoma completo en 73 muestras (Tabla 1).

Aclaración: todos los casos asociados a variantes de preocupación o de interés fueron informados a las autoridades sanitarias pertinentes quienes llevaron adelante las investigaciones epidemiológicas para determinar su origen y/o posible nexos epidemiológico, así como fueron notificadas al SNVS. De esta manera, todos los datos generados por el proyecto PAIS, son utilizados por el Ministerio de Salud de la Nación para realizar los informes técnicos de la SITUACIÓN DE NUEVAS VARIANTES SARS-CoV-2 EN ARGENTINA (<https://www.argentina.gob.ar/coronavirus/informes-diarios/vigilancia-genomica>).

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

Cabe destacar que a pesar de que para algunas regiones se cuenta con un número de muestras limitado como en el GBA Norte y Sur, ante la caída del porcentaje de positividad y ante el aumento del porcentaje de casos positivos secuenciados, la situación actual de circulación de variantes puede ser descripta en forma apropiada, y está contemplada en los análisis estadísticos realizados para cada caso. En la Figura 1 se muestra el número de muestras analizadas e informadas en este reporte por semana epidemiológica.

Respecto de las regiones analizadas en forma semanal en las tablas 2-7 y figuras 2-12 se muestra el número de casos reportados por semana epidemiológica 2020-2021 desde el inicio de la vigilancia molecular de variantes de SARS-CoV-2 por región por el proyecto PAIS, las frecuencias de las variantes de SARS-CoV-2 y secuencias con o sin mutaciones de interés por semana epidemiológica.

Principales observaciones

- En CABA se observó predominancia de variante Delta (84,6%), seguida por Gamma (10,3%) y por Lambda (5,1%) en la última semana analizadas (SE 41, 10 al 16 de octubre).
- En el GBA se observó predominancia de variante Delta (83,3%), seguida por Gamma (8,3%) y por Lambda (8,3%) en la SE 41 (10 al 16 de octubre). La variante Delta se detectó desde SE 33 en el GBA Oeste (Hurlingham) y a la SE 36 en otros partidos del GBA Oeste (Tres de Febrero, La Matanza, Merlo), GBA Norte (Vicente López, Gral. San Martín, San Isidro, Tigre, San Fernando) y GBA Sur (Quilmes, Lanús, San Vicente, Almirante Brown).
- En el GLP se detectó el ingreso de Delta desde SE 35 (Ensenada) y desde la SE 40 en la ciudad de La Plata.
- En la provincia de Santa Fe, la variante Gamma continúa siendo predominante (desde la SE 13) hasta la SE 41, con una frecuencia del 78,6%. A su vez, se detectó el ingreso de Delta desde las SE 35-36, y presenta una frecuencia del 21,4% en la última semana analizada (SE 41, 10 al 16 de octubre). La variante Lambda no se ha detectado en casos al azar desde SE 39.

- En la provincia de Neuquén, se detectó el ingreso de Delta desde las SE 39-40 (cuando representó el 14,3%), pero se observó con una frecuencia del 41,0% en las últimas semanas analizada (SE 41-42, con muestras del 10 al 20 de octubre), seguida por la variante Gamma con el 33,3% y por Lambda con el 25,6%.
- En la provincia de Chaco, desde la SE 27, se observó predominancia de la variante Gamma, seguida por Lambda. En particular, en el periodo comprendido entre las SE 36-40 (5 de septiembre al 9 de octubre), Gamma se encontró en una frecuencia del 68,8% y Lambda, del 31,3%.
- En la ciudad de Bahía Blanca (PBA), con un limitado número de muestras, continúa la tendencia de una distribución homogénea y predominancia de Gamma y Lambda, con detección de Alpha, para las SE 37-38 (12 al 25 de septiembre).
- La ciudad de Mercedes (PBA), también con limitado número de casos, muestra una predominancia de la variante Gamma en 8/12 muestras (66,7%) en el periodo entre el 20 de agosto y el 09 de octubre. Asimismo, se detectó la variante Delta en tres muestras (25%), con un caso detectado en cada una de las SE 37 a SE 39 (12 al 30 de septiembre).

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

En particular, la provincia de Misiones se detectó la presencia de Gamma 8/11 muestras (72,7%) en el período del 31 de mayo al 9 de julio (SE 22-27).

CONCLUSIONES

La segunda ola de la COVID-19 en Argentina ha estado impulsada principalmente por las variantes Gamma y Lambda. Si bien en algunas regiones continúan siendo predominantes, en especial Gamma, en la CABA y el GBA se han visto desplazadas por la variante Delta que ha incrementado su frecuencia en forma incesante desde la SE 35.

En nuestro país, la detección de la variante Delta en casos sin nexo epidemiológico con viajes internacionales, en regiones puntuales y en forma esporádica, comenzó en los meses de julio y agosto. En este reporte, se encontró que la frecuencia de detección de esta variante alcanzó el 84,6% en la CABA y el 83,3% en el GBA, en la última semana analizada (SE 41, 10 al 16 de octubre), y ha comenzado a ser detectada en distintas localidades del interior de la PBA, como Mercedes, Las Heras y Azul. A su vez, se detectó esta variante en la provincia de Santa Fe, desde la SE 35, y en la provincia de Neuquén, desde la SE 39, con frecuencias del 21,4% y del 41% en las últimas semanas analizadas (SE 41-42, 10 al 20 de octubre), respectivamente.

Estos resultados están en consonancia con la situación epidemiológica regional, hasta el momento caracterizada por un incremento de la frecuencia de detección de la variante Delta en simultáneo con el reporte de un número de casos estable o a la suba.

En un contexto de apertura de los ingresos internacionales de países limítrofes y de eliminación de aforos y restricciones, se debe enfatizar la importancia de mantener los protocolos de testeo y

aislamiento de casos positivos, y las medidas de cuidado (ventilación de ambientes, uso de tapabocas, distanciamiento físico) para evitar una mayor propagación de la variante Delta u otras variantes a nuestro país.

Hasta el momento, la vigilancia activa de las variantes de SARS-CoV-2 realizada sobre un total de 4992 muestras de la CABA, provincia de Buenos Aires, Chaco, Córdoba, Neuquén, La Pampa, Santa Fe, Río Negro, Mendoza, Misiones, San Luis y Entre Ríos (Reportes N°9 a 28) obtenidas entre el 26/10/2020 al 20/10/2021 permitió determinar la presencia de ocho variantes de interés epidemiológico en nuestro país: las variantes Alpha, Gamma, Delta, Lambda, Mu, Zeta, Epsilon y Iota.

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

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

Región	Período de muestreo	Alpha	Gamma	Delta	Lambda	E484K ¹	Total
AMBA	31-08 al 16-10	1	48	115	24		188
CABA	05-09 al 16-10		24	82	18		124
GBA Norte	13-09 al 15-10		1	8	1		10
GBA Oeste	06-09 al 12-10	1	13	12	2		28
GBA Sur	07-09 al 15-10		5	8	1		14
GLP	31-08 al 07-10		5	5	2		12
PBA (No AMBA)	20-08 al 09-10	1	14	3	7		25
Bahía Blanca		1	2		3		6
Gral. Pueyrredón			4				4
Mercedes			8	3	1		12
Roque Pérez					1		1
Gral. Madariaga					1		1
Gral. Belgrano					1		1
Chaco	01-09 al 08-10		11		7		18
Pampa del Indio			1				1
Resistencia			2		3		5
Villa Río Bermejito			5		1		6
Coronel Du Graty			1				1
Chorotis			1				1
Tres Isletas					1		1
P. R. Saenz Peña					2		2
La Leonesa			1				1
Neuquén	05-09 al 20-10		56	18	19		93
Neuquén Capital			32	15	13		60
Plottier			4				4
San Martín de los Andes			3		3		6
San Patricio del Chañar			2				2
Zapala			2				2
Andacollo			1				1
Centenario			1		1		2
Chos Malal			1				1
Cutral Co			6		1		7
Junín de los Andes			3	3	1		7

(continúa en la siguiente página).

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

Región	Período de muestreo	Alpha	Gamma	Delta	Lambda	E484K ¹	Total
Santa Fe	20-07 al 18-10	3	143	17	27		190
Pueblo Esther			2				2
Rafaela			9				9
Ricardone				1			1
Roldan		1					1
Rosario		1	76	9	17		103
San Lorenzo				1	1		2
Santa Fe			8	5			13
Villa Ocampo			1				1
Funes			4				4
Reconquista			2				2
Cañada de Gómez			14		1		15
Carcaraña			1				1
Chabas			1		2		3
Casilda			3		2		5
Firmat		1	3				4
Alvarez			3				3
Fighera			1				1
Acebal			2		2		4
Granadero Baigorria					1		1
Bigand			1				1
San Jerónimo Sur			1				1
Bombal			1				1
Desvio Arijon			1				1
El Trebol					1		1
San Jerónimo Norte			2				2
San José del Rincón				1			1
Sauce Viejo			2				2
Villa Constitución			3				3
Tostado			2				2
Misiones²	31-05 al 09-07	1	8		1	1	11
El Dorado			3			1	4
Oberá			1				1
Posadas		1	4		1		6
Nexo viajes	09-08 al 05-10		1	2			3
Selección dirigida³	20-07 al 15-10		5	30	5		40
AMBA			2	9	2		13
Santa Fe			1	9	1		11
Neuquén			2	2	2		6
PBA (No AMBA)				3			3
Azul				3			3
Mendoza				7			7
TOTAL GENERAL	31-05 al 20-10	6	286	185	90	1	568

¹ Mutación que se presenta en forma aislada y no pertenece a VOI/VOC.

² Muestreo realizado para determinar situación epidemiológica de la provincia en la fecha descrita que no contempla la situación actual de proporción de variantes en esa región.

³ Selección de muestras para estudios particulares: confirmación de PCR en tiempo real específica de variantes, personal de salud vacunado de la CABA y el GBA.

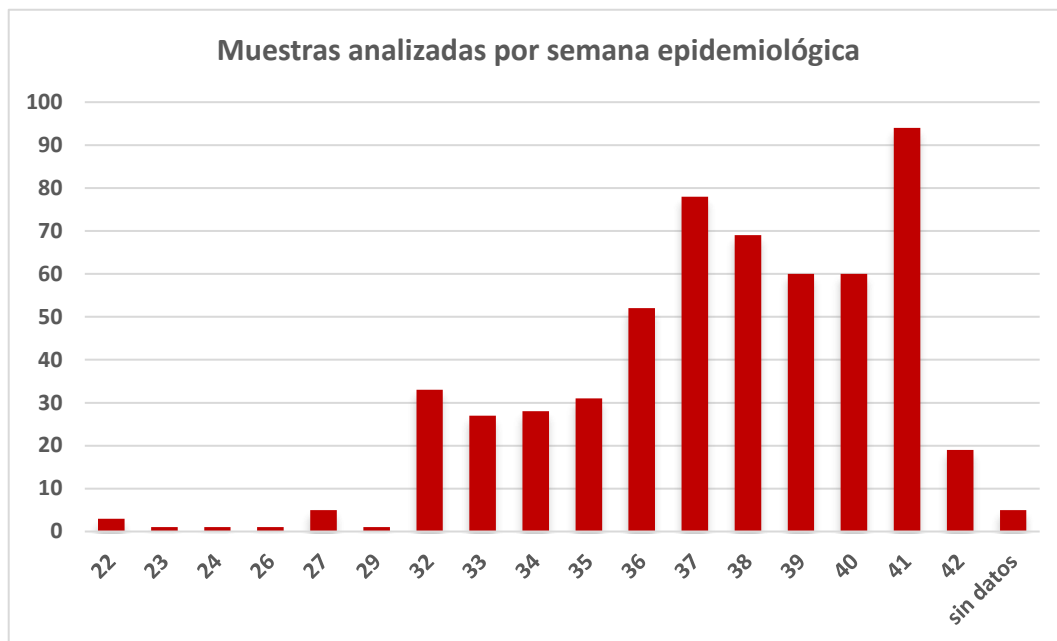


Figura 1. Muestras analizadas en este reporte por semana epidemiológica. NOTA: las muestras sin datos registrados corresponden a casos de Selección dirigida para los que no se dispuso de información temporal (ver pie de Tabla 1).

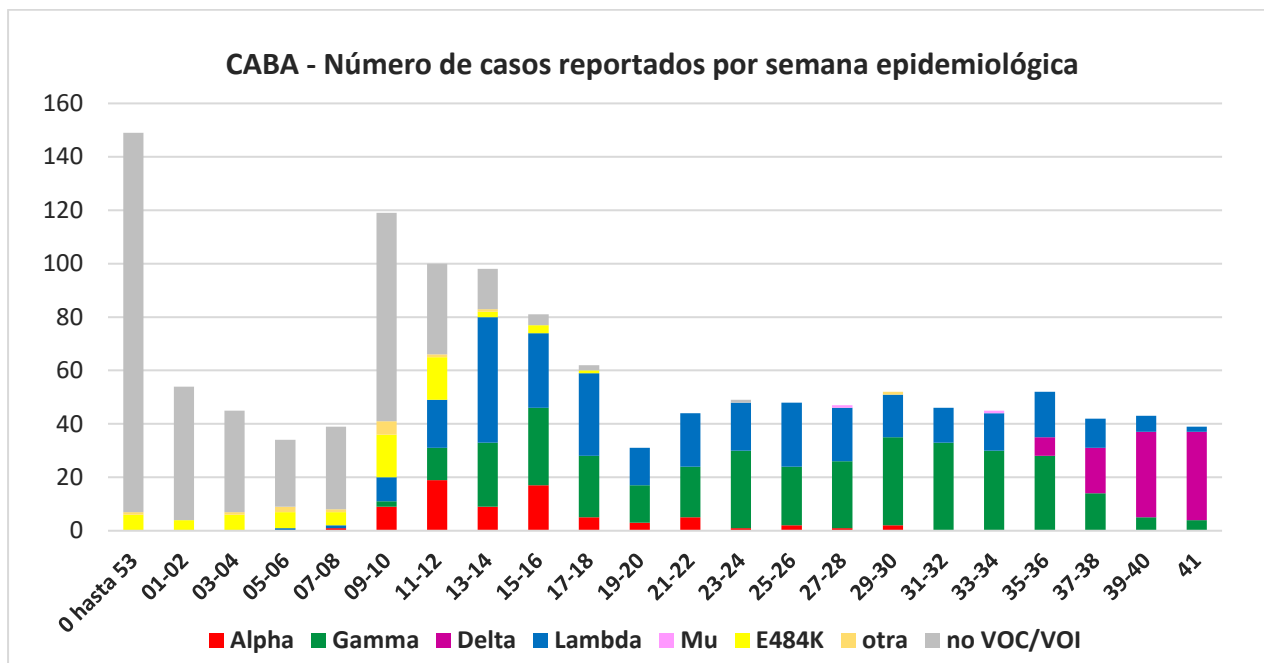


Figura 2: Número de casos reportados por semana epidemiológica 2020-2021. Se incluyen solamente casos provenientes de la CABA que no presentaron antecedentes de viaje o contacto estrecho con viajeros; en casos con nexo epidemiológico entre sí, solo se consideró uno como representativo.

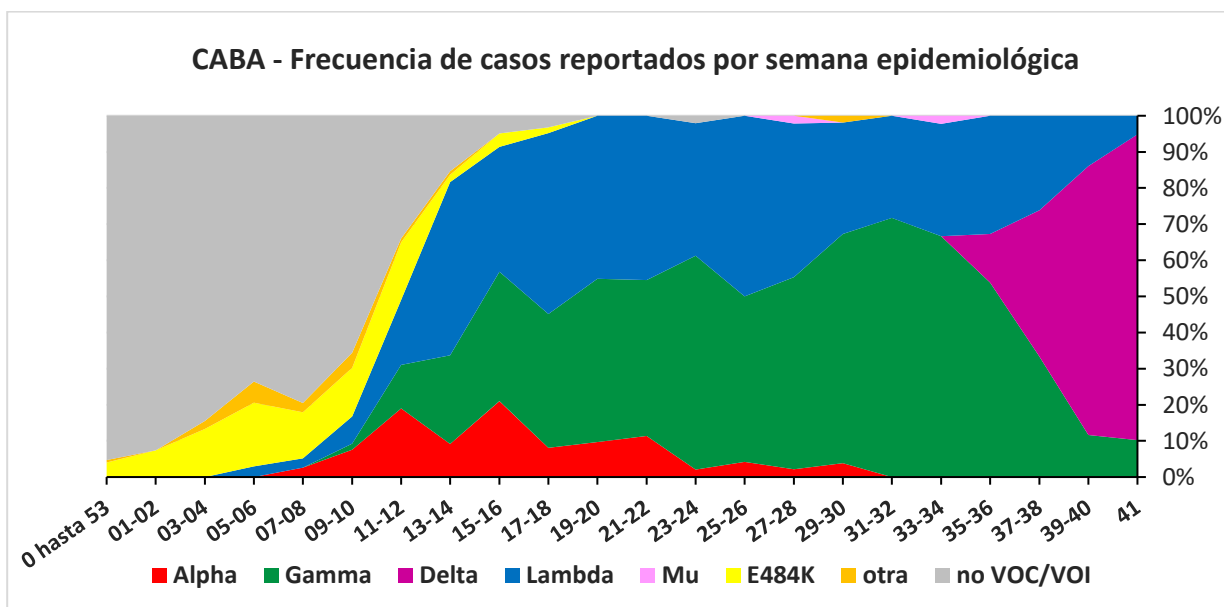


Figura 3: Frecuencia de variantes de SARS-CoV-2 y secuencias con o sin mutaciones de interés por semana epidemiológica. Se incluyen solamente casos provenientes de la CABA que no presentaron antecedentes de viaje o contacto estrecho con viajeros; en casos con nexo epidemiológico entre sí, solo se consideró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

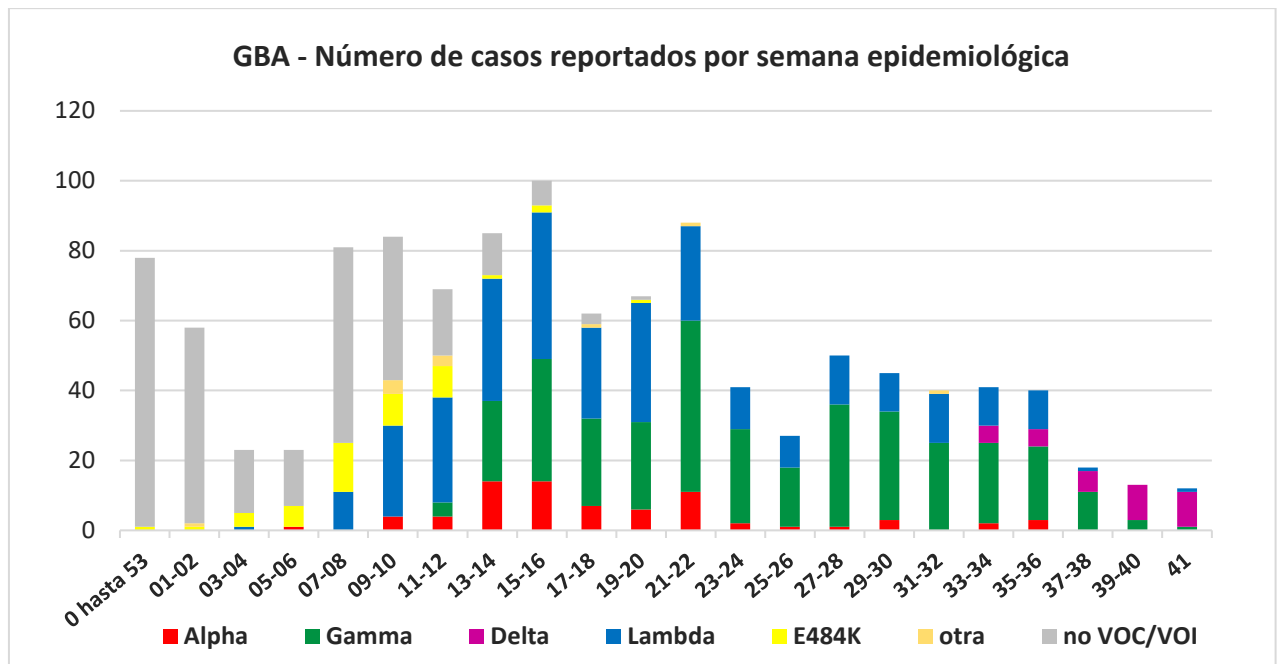


Figura 4: Número de casos reportados por semana epidemiológica 2020-2021. Se incluyen solamente casos provenientes del GBA que no presentaron antecedentes de viaje o contacto estrecho con viajeros; en casos con nexo epidemiológico entre sí, solo se consideró uno como representativo. Sobre las barras se muestra el número de muestras correspondiente a cada variante, mutación o secuencias no VOC.

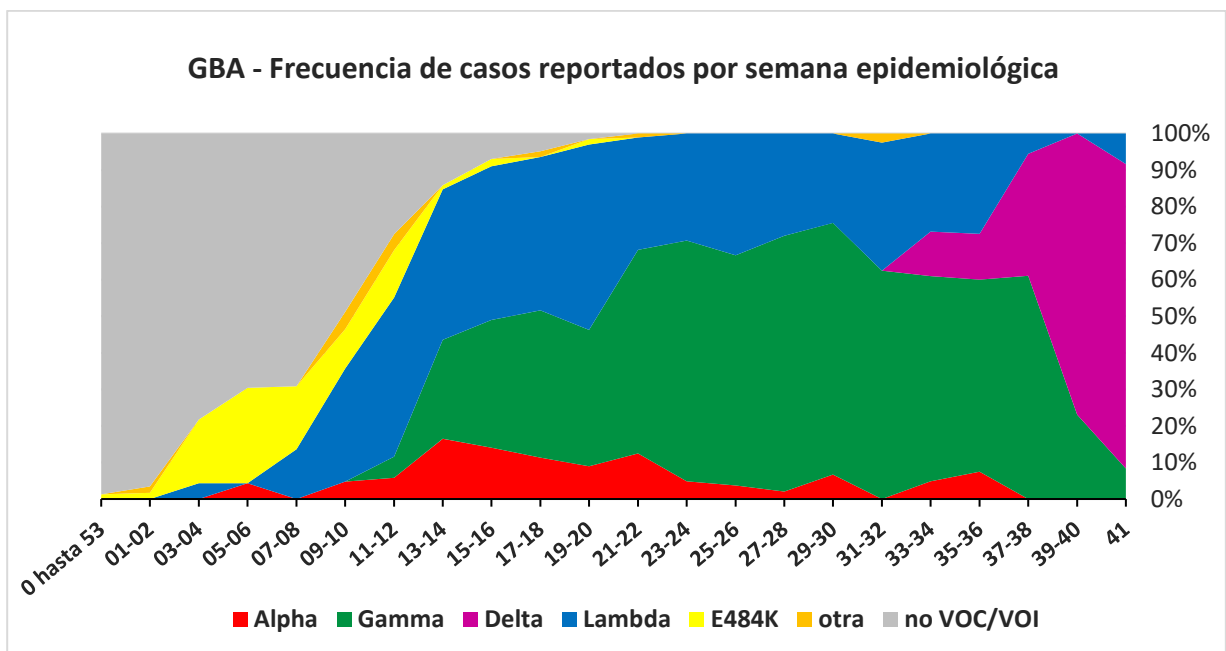


Figura 5: Frecuencia de variantes de SARS-CoV-2 y secuencias con o sin mutaciones de interés por semana epidemiológica. Se incluyen solamente casos provenientes del GBA que no presentaron antecedentes de viaje o contacto estrecho con viajeros; en casos con nexo epidemiológico entre sí, solo se consideró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

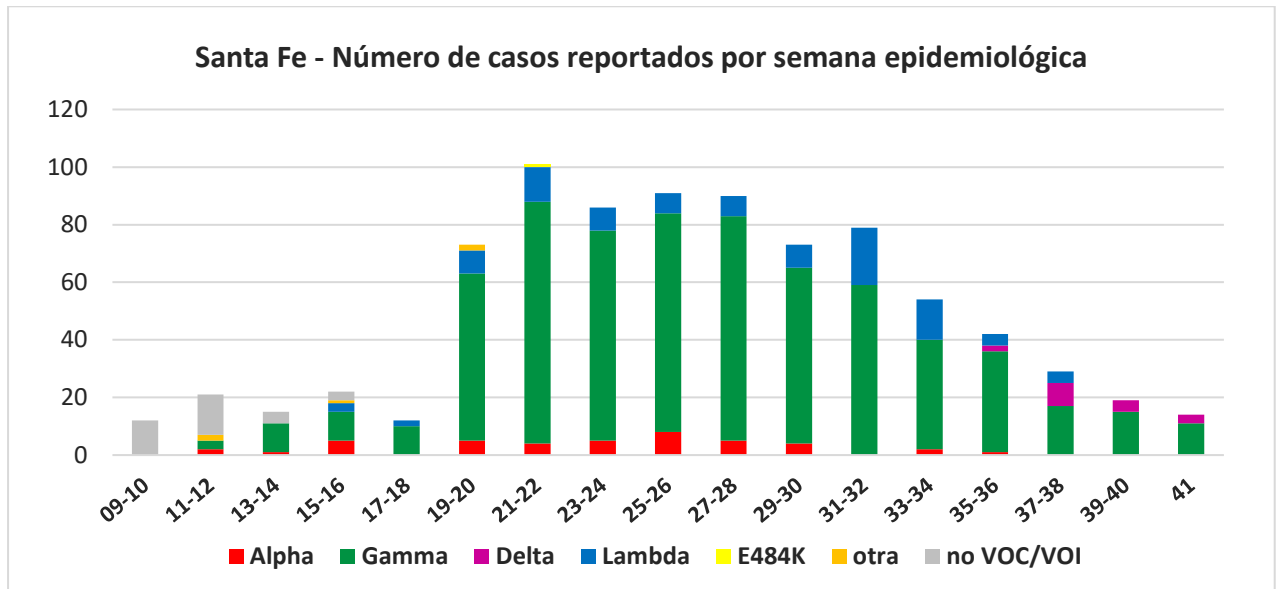


Figura 6: Número de casos reportados por semana epidemiológica 2020-2021. Se incluyen solamente casos provenientes de la **provincia de Santa Fe** que no presentaron antecedentes de viaje o contacto estrecho con viajeros; en casos con nexo epidemiológico entre sí, solo se consideró uno como representativo. Sobre las barras se muestra el número de muestras correspondiente a cada variante, mutación o secuencias no VOC. En la SE 41 se incluyen dos muestras de la SE 42.

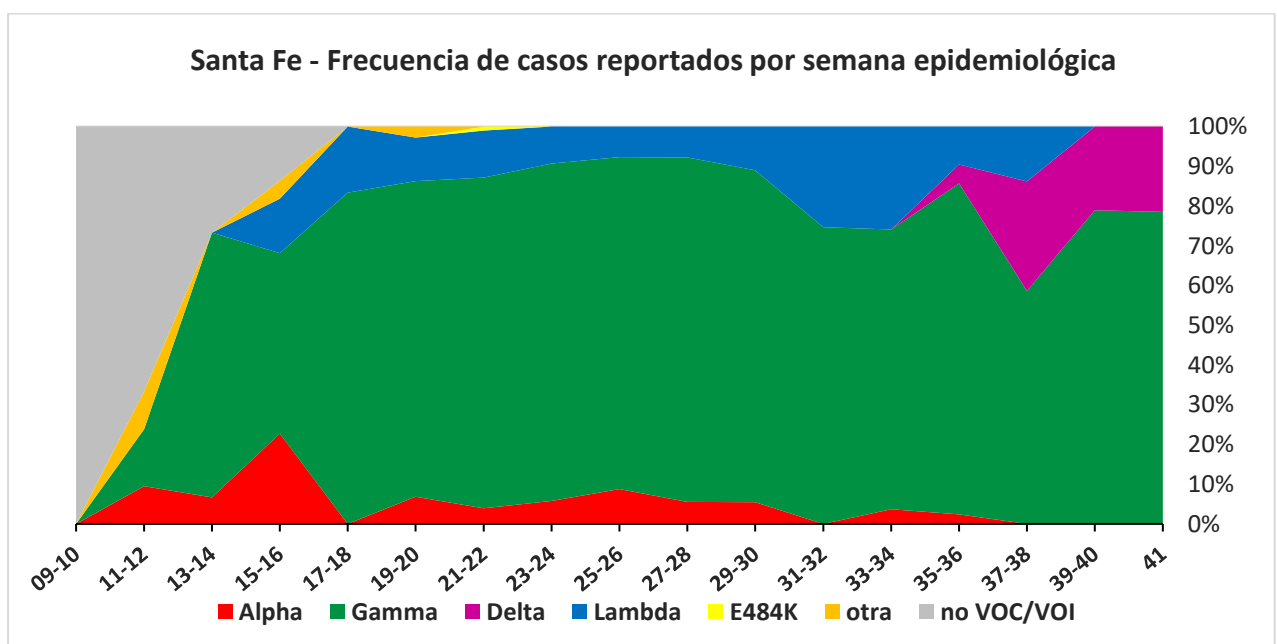


Figura 7: Frecuencia de variantes de SARS-CoV-2 y secuencias con o sin mutaciones de interés por semana epidemiológica. Se incluyen solamente casos provenientes de la **provincia de Santa Fe** que no presentaron antecedentes de viaje o contacto estrecho con viajeros; en casos con nexo epidemiológico entre sí, solo se consideró uno como representativo. En la SE 41 se incluyen dos muestras de la SE 42.

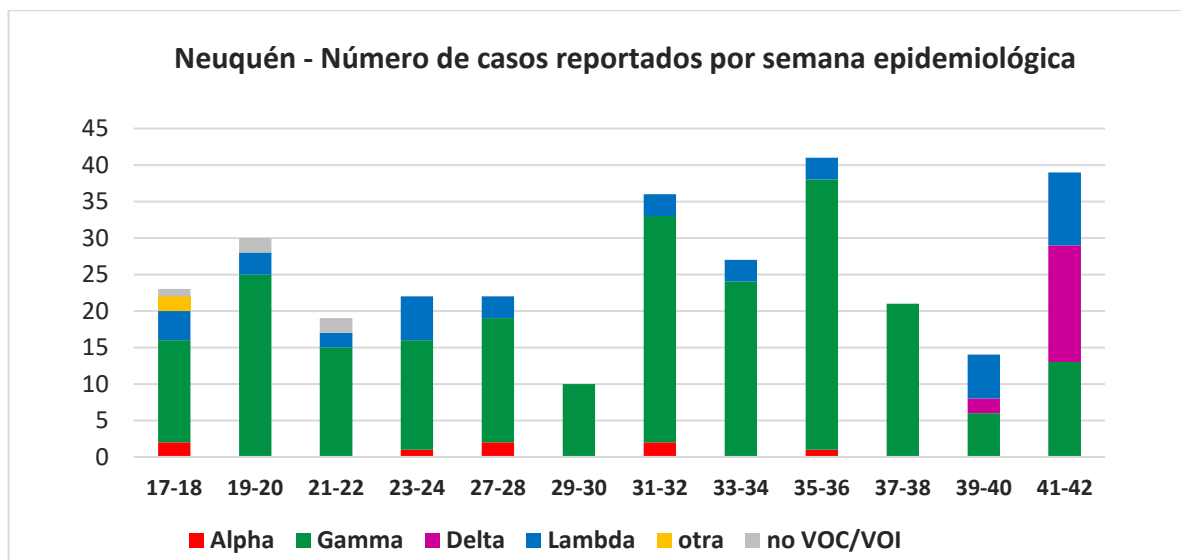


Figura 8: Número de casos reportados por semana epidemiológica 2020-2021. Se incluyen solamente casos provenientes de la **provincia de Neuquén** que no presentaron antecedentes de viaje o contacto estrecho con viajeros; en casos con nexos epidemiológicos entre sí, solo se consideró uno como representativo.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

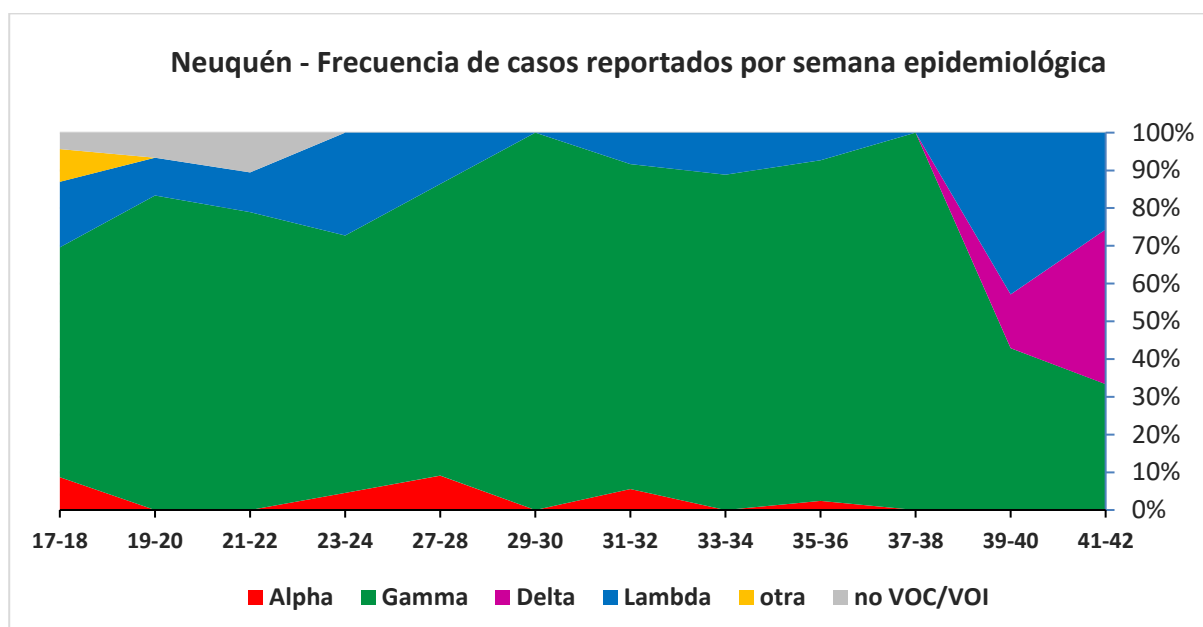


Figura 9: Frecuencia de variantes de SARS-CoV-2 y secuencias con o sin mutaciones de interés por semana epidemiológica. Se incluyen solamente casos provenientes de la **provincia de Neuquén** que no presentaron antecedentes de viaje o contacto estrecho con viajeros; en casos con nexos epidemiológicos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

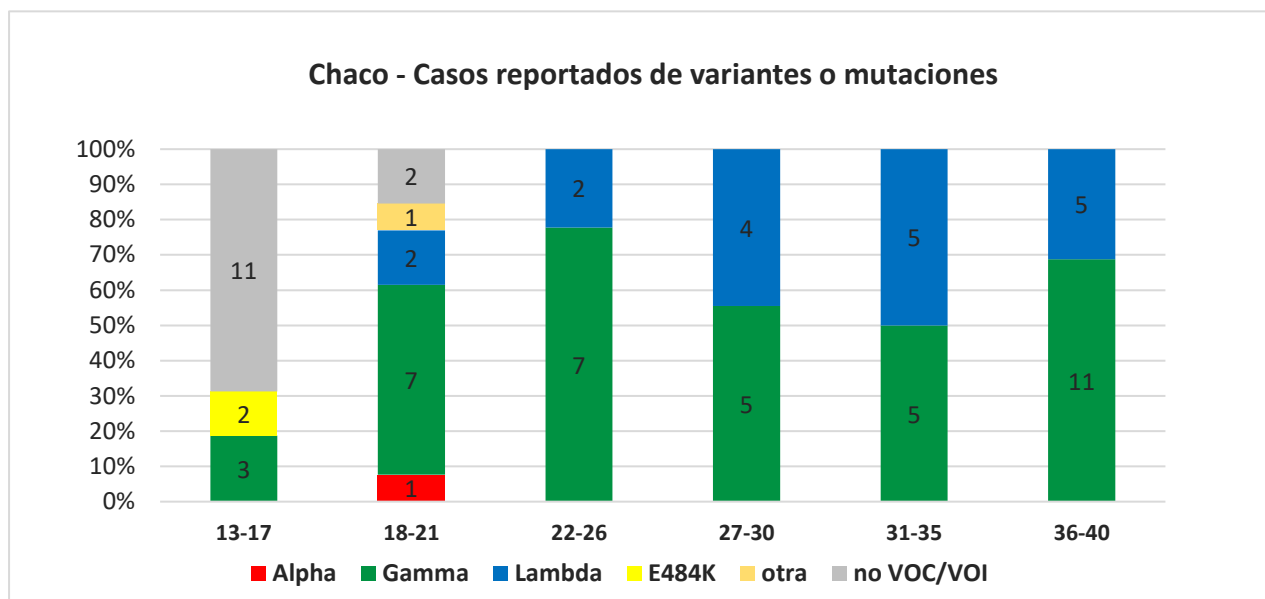


Figura 10: Frecuencia de variantes de SARS-CoV-2 y secuencias con o sin mutaciones de interés por semana epidemiológica. Se incluyen solamente casos provenientes de la **provincia de Chaco** que no presentaron antecedentes de viaje o contacto estrecho con viajeros.

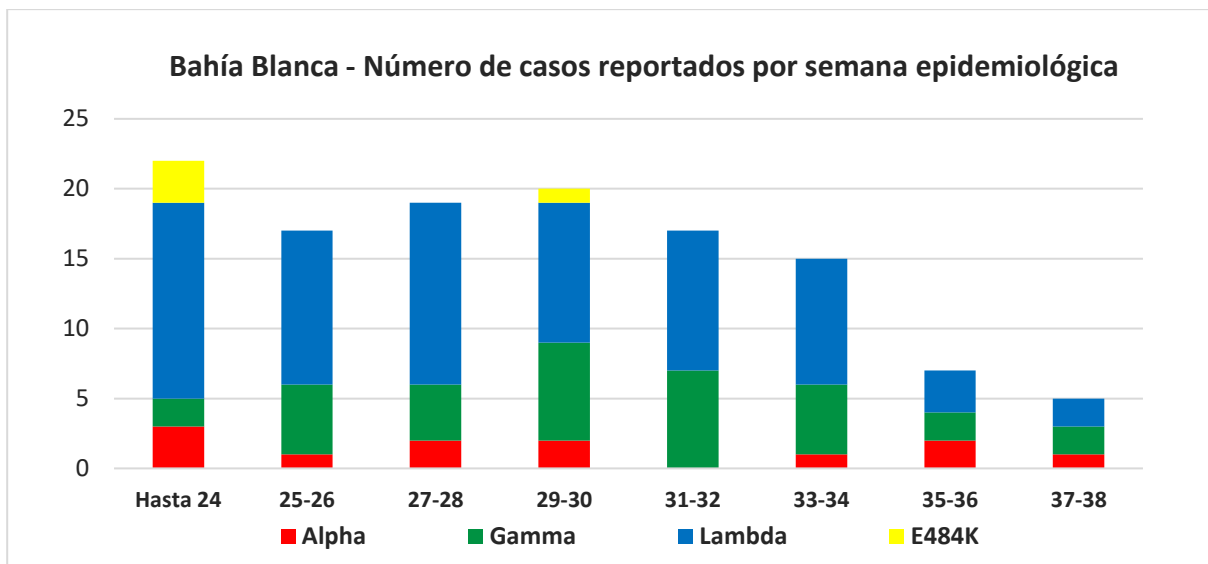


Figura 11: Número de casos reportados por semana epidemiológica 2020-2021. Se incluyen solamente casos provenientes de la ciudad de Bahía Blanca que no presentaron antecedentes de viaje o contacto estrecho con viajeros; en casos con nexos epidemiológicos entre sí, solo se consideró uno como representativo. Sobre las barras se muestra el número de muestras correspondiente a cada variante, mutación o secuencias no VOC. En la SE 37-38 se incluye una muestra de la SE 39.

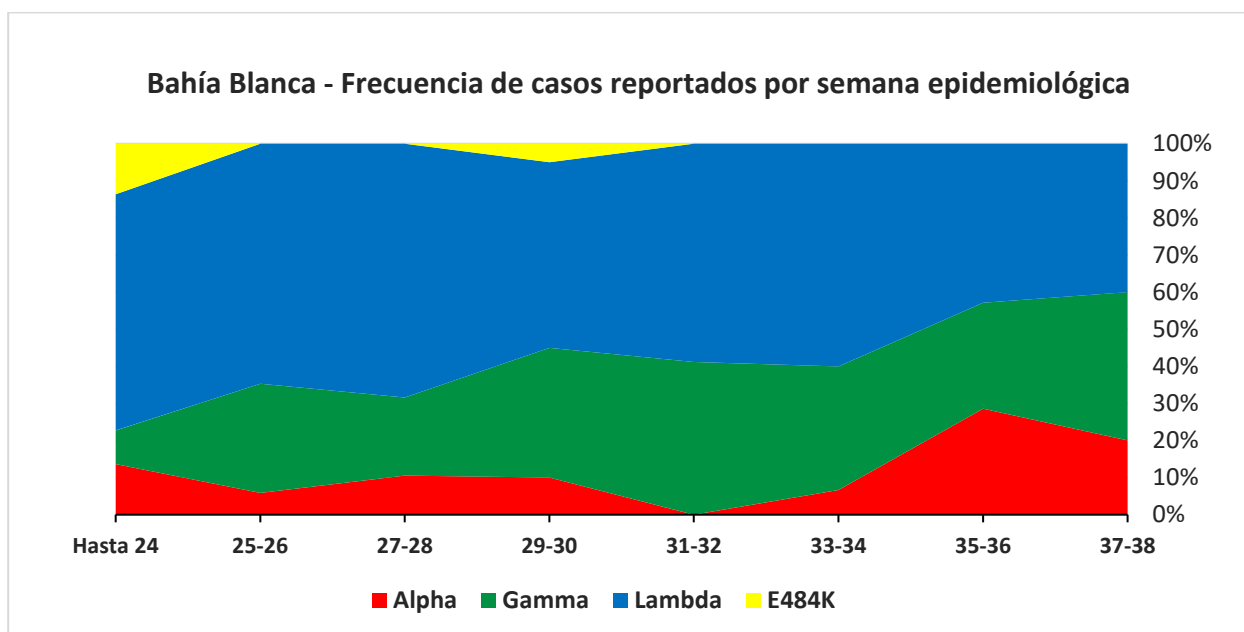


Figura 12: Frecuencia de variantes de SARS-CoV-2 y secuencias con o sin mutaciones de interés por semana epidemiológica. Se incluyen solamente casos provenientes de la ciudad de Bahía Blanca que no presentaron antecedentes de viaje o contacto estrecho con viajeros; en casos con nexos epidemiológicos entre sí, solo se consideró uno como representativo. En la SE 37-38 se incluye una muestra de la SE 39.

Tabla 2. CABA: Frecuencia de las variantes y mutaciones por semana epidemiológica (SE) 2020-2021¹.

SE	Alpha			Gamma			Delta			Lambda			Mu			E484K ³			Otras ⁴			no VOC/VOI					
	Frec (%)	IC95% ²		Frec (%)	IC95% ²		Frec (%)	IC95% ²		Frec (%)	IC95% ²		Frec (%)	IC95% ²		Frec (%)	IC95% ²		Frec (%)	IC95% ²		Frec (%)	IC95% ²				
Hasta 53																											
01-02																											
03-04																											
05-06										2,9	0,2	14,9				17,6	8,3	33,5	5,9	1,0	19,1	73,5	56,9	85,4			
07-08	2,6	0,1	13,2							2,6	0,1	13,2				12,8	5,6	26,7	2,6	0,1	13,2	79,5	64,5	89,2			
09-10	7,6	4,0	13,8	1,7	0,3	5,9				7,6	4,0	13,8				13,4	8,4	20,7	4,2	1,8	9,5	65,5	56,6	73,5			
11-12	19,0	12,5	27,8	12,0	7,0	19,8				18,0	11,7	26,7				16,0	10,1	24,4	1,0	0,1	5,4	34,0	25,5	43,7			
13-14	9,2	4,9	16,5	24,5	17,0	33,9				48,0	38,3	57,7				2,0	0,4	7,1	1,0	0,1	5,6	15,3	9,5	23,7			
15-16	21,0	13,5	31,1	35,8	26,2	46,7				34,6	25,1	45,4				3,7	1,0	10,3				4,9	1,9	12,0			
17-18	8,1	3,5	17,5	37,1	26,2	49,5				50,0	37,9	62,1				1,6	0,1	8,6				3,2	0,6	11,0			
19-20	9,7	3,3	24,9	45,2	29,2	62,2				45,2	29,2	62,2															
21-22	11,4	5,0	24,0	43,2	29,7	57,8				45,5	31,7	59,9															
23-24	2,0	0,1	10,7	59,2	45,2	71,8				36,7	24,7	50,7										2,0	0,1	10,7			
25-26	4,2	0,7	14,0	45,8	32,6	59,7				50,0	36,4	63,6															
27-28	2,1	0,1	11,1	53,2	39,2	66,7				42,6	29,5	56,7	2,1	0,1	11,1												
29-30	3,8	0,7	13,0	63,5	49,9	75,2				30,8	19,9	44,3							1,9	0,1	10,1						
31-32				71,7	57,5	82,7				28,3	17,3	42,5															
33-34				66,7	52,1	78,6				31,1	19,5	45,7	2,2	0,1	11,6												
35-36				53,8	40,5	66,7	13,5	6,7	25,3	32,7	21,5	46,2															
37-38				33,3	21,0	48,4	40,5	27,0	55,5	26,2	15,3	41,1															
39-40				11,6	5,1	24,5	74,4	59,8	85,1	14,0	6,6	27,3															
41				10,3	4,1	23,6	84,6	70,3	92,8	5,1	0,9	16,9															

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

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

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

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

⁴ Se incluyen detecciones de mutaciones de interés que no pertenecen a secuencias con la combinación de mutaciones característica de VOI/VOC.

Tabla 3. GBA: Frecuencia de las variantes y mutaciones por semana epidemiológica (SE) 2020-2021¹.

SE	Alpha			Gamma			Delta			Lambda			Mu			E484K ³			Otras ⁴			no VOC/VOI		
	Frec (%)	IC95% ²		Frec (%)	IC95% ²		Frec (%)	IC95% ²		Frec (%)	IC95% ²		Frec (%)	IC95% ²		Frec (%)	IC95% ²		Frec (%)	IC95% ²		Frec (%)	IC95% ²	
Hasta 53																								
01-02													1,3	0,1	6,9				98,7	93,1	99,9			
03-04										4,3	0,2	21,0	1,7	0,1	9,1	1,7	0,1	9,1	96,6	88,3	99,4			
05-06	4,3	0,2	21,0										17,4	7,0	37,1				78,3	58,1	90,3			
07-08										13,6	7,8	22,7	26,1	12,5	46,5				69,6	49,1	84,4	4,3	0,2	21,0
09-10	4,8	1,9	11,6							17,3	10,6	26,9							69,1	58,4	78,1			
11-12	5,8	2,3	14,0	5,8	2,3	14,0				31,0	22,1	41,5	10,7	5,7	19,1	4,8	1,9	11,6	48,8	38,4	59,3	4,8	1,9	11,6
13-14	16,5	10,1	25,8	27,1	18,8	37,3				43,5	32,4	55,2	13,0	7,0	23,0	4,3	1,2	12,0	27,5	18,4	39,0	5,8	2,3	14,0
15-16	14,0	8,5	22,1	35,0	26,4	44,7				41,2	31,3	51,8	1,2	0,1	6,4				14,1	8,3	23,1	16,5	10,1	25,8
17-18	11,3	5,6	21,5	40,3	29,0	52,7				42,0	32,8	51,8	2,0	0,4	7,0				7,0	3,4	13,7	14,0	8,5	22,1
19-20	9,0	4,2	18,2	37,3	26,7	49,3				41,9	30,5	54,3				1,6	0,1	8,6	4,8	1,3	13,3	11,3	5,6	21,5
21-22	12,5	7,1	21,0	55,7	45,3	65,6				50,7	39,1	62,3	1,5	0,1	8,0				1,5	0,1	8,0	9,0	4,2	18,2
23-24	4,9	0,9	16,1	65,9	50,5	78,4				30,7	22,0	41,0				1,1	0,1	6,2				12,5	7,1	21,0
25-26	3,7	0,2	18,3	63,0	44,2	78,5				29,3	17,6	44,5										4,9	0,9	16,1
27-28	2,0	0,1	10,5	70,0	56,2	80,9				33,3	18,6	52,2										3,7	0,2	18,3
29-30	6,7	2,3	17,9	68,9	54,3	80,5				28,0	17,5	41,7										2,0	0,1	10,5
31-32				62,5	47,0	75,8				24,4	14,2	38,7										6,7	2,3	17,9
33-34	4,9	0,9	16,1	56,1	41,0	70,1	12,2	5,3	25,5	35,0	22,1	50,5				2,5	0,1	12,9						
35-36	7,5	2,6	19,9	52,5	37,5	67,1	12,5	5,5	26,1	26,8	15,7	41,9										4,9	0,9	16,1
37-38				61,1	38,6	79,7	33,3	16,3	56,3	27,5	16,1	42,8										7,5	2,6	19,9
39-40				23,1	8,2	50,3	76,9	49,7	91,8	5,6	0,3	25,8												
41				8,3	0,4	35,4	83,3	55,2	97,0	8,3	0,4	35,4												

¹ 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.

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

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

⁴ Se incluyen detecciones de mutaciones de interés que no pertenecen a secuencias con la combinación de mutaciones característica de VOI/VOC.

Tabla 4. Santa Fe: Frecuencia de las variantes y mutaciones por semana epidemiológica (SE) 2021¹.

SE	Alpha			Gamma			Delta			Lambda			Mu			E484K ³			Otras ⁴			no VOC/VOI					
	Frec (%)	IC95% ²		Frec (%)	IC95% ²		Frec (%)	IC95% ²		Frec (%)	IC95% ²		Frec (%)	IC95% ²		Frec (%)	IC95% ²		Frec (%)	IC95% ²		Frec (%)	IC95% ²				
09-10																			100,0	75,8	100,0						
11-12	9,5	1,7	28,9	14,3	5,0	34,6													9,5	1,7	28,9	66,7	45,4	82,8	9,5	1,7	28,9
13-14	6,7	0,3	29,8	66,7	41,7	84,8													26,7	10,9	52,0	6,7	0,3	29,8			
15-16	22,7	10,1	43,4	45,5	26,9	65,3				13,6	4,7	33,3				4,5	0,2	21,8	13,6	4,7	33,3	22,7	10,1	43,4			
17-18				83,3	55,2	97,0				16,7	3,0	44,8															
19-20	6,8	3,0	15,1	79,5	68,8	87,1				11,0	5,7	20,2				2,7	0,5	9,5				6,8	3,0	15,1			
21-22	4,0	1,6	9,7	83,2	74,7	89,2				11,9	6,9	19,6	1,0	0,1	5,4							4,0	1,6	9,7			
23-24	5,8	2,5	12,9	84,9	75,8	90,9				9,3	4,8	17,3										5,8	2,5	12,9			
25-26	8,8	4,5	16,4	83,5	74,6	89,7				7,7	3,8	15,0										8,8	4,5	16,4			
27-28	5,6	2,4	12,4	86,7	78,1	92,2				7,8	3,8	15,2										5,6	2,4	12,4			
29-30	5,5	2,2	13,3	83,6	73,4	90,3				11,0	5,7	20,2										5,5	2,2	13,3			
31-32				74,7	64,1	83,0				25,3	17,0	35,9															
33-34	3,7	0,7	12,5	70,4	57,2	80,9				25,9	16,1	38,9										3,7	0,7	12,5			
35-36	2,4	0,1	12,3	83,3	69,4	91,7	4,8	0,8	15,8	9,5	3,8	22,1										2,4	0,1	12,3			
37-38				58,6	40,7	74,5	27,6	14,7	45,7	13,8	5,5	30,6															
39-40				78,9	56,7	91,5	21,1	8,5	43,3																		
41*				78,6	52,4	92,4	21,4	7,6	47,6																		

¹ 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.

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

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

⁴ Se incluyen detecciones de mutaciones de interés que no pertenecen a secuencias con la combinación de mutaciones característica de VOI/VOC.

*En la SE 41 se incluyen dos muestras de la SE 42.

Tabla 5. Neuquén: Frecuencia de las variantes y mutaciones por semana epidemiológica (SE) 2021¹.

SE	Alpha			Gamma			Delta			Lambda			Otras ³			no VOC/VOI		
	Frec (%)	IC95% ²		Frec (%)	IC95% ²		Frec (%)	IC95% ²		Frec (%)	IC95% ²		Frec (%)	IC95% ²		Frec (%)	IC95% ²	
17-18	8,7	1,5	26,8	60,9	40,8	77,8				17,4	7,0	37,1	8,7	1,5	26,8	4,3	0,2	21,0
19-20				83,3	66,4	92,7				10,0	3,5	25,6				6,7	1,2	21,3
21-22				78,9	56,7	91,5				10,5	1,9	31,4				10,5	1,9	31,4
23-24	4,5	0,2	21,8	68,2	47,3	83,6				27,3	13,2	48,2						
27-28	9,1	1,6	27,8	77,3	56,6	89,9				13,6	4,7	33,3						
29-30				100,0	72,2	100,0												
31-32	5,6	1,0	18,1	86,1	71,3	93,9				8,3	2,9	21,8						
33-34				88,9	71,9	96,1				11,1	3,9	28,1						
35-36	2,4	0,1	12,6	90,2	77,5	96,1				7,3	2,5	19,4						
37-38				100,0	84,5	100,0												
39-40				42,9	21,4	67,4	14,3	39,9	2,5	42,9	21,4	67,4						
41-42				33,3	49,0	20,6	41,0	27,1	56,6	25,6	41,1	14,6						

¹ 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.

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

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

Tabla 6. Chaco: Frecuencia de las variantes y mutaciones por semana epidemiológica (SE) 2021¹.

SE	Alpha			Gamma			Lambda			E484K ³			Otras ⁴			no VOC/VOI		
	Frec (%)	IC95% ²		Frec (%)	IC95% ²		Frec (%)	IC95% ²		Frec (%)	IC95% ²		Frec (%)	IC95% ²		Frec (%)	IC95% ²	
13-17				18,8	6,6	43,0				12,5	2,2	36,0				68,8	44,4	85,8
18-21	7,7	0,4	33,3	53,8	29,1	76,8	15,4	2,7	42,2				7,7	0,4	33,3	15,4	2,7	42,2
22-26				77,8	45,3	96,1	22,2	3,9	54,7									
27-30				55,6	26,7	81,1	44,4	18,9	73,3									
31-35				50,0	23,7	76,3	50,0	23,7	76,3									
36-40				68,8	44,4	85,8	31,3	14,2	55,6									

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

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

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

⁴ Se incluyen detecciones de mutaciones de interés que no pertenecen a secuencias con la combinación de mutaciones característica de VOI/VOC.

Tabla 7. Bahía Blanca: Frecuencia de las variantes y mutaciones por semana epidemiológica (SE) 2021¹.

SE	Alpha			Gamma			Lambda			E484K ³		
	Frec (%)	IC95% ²		Frec (%)	IC95% ²		Frec (%)	IC95% ²		Frec (%)	IC95% ²	
Hasta 24	13,6	4,7	33,3	9,1	1,6	27,8	63,6	43,0	80,3	13,6	4,7	33,3
25-26	5,9	0,3	27,0	29,4	13,3	53,1	64,7	41,3	82,7			
27-28	10,5	1,9	31,4	21,1	8,5	43,3	68,4	46,0	84,6			
29-30	10,0	1,8	30,1	35,0	18,1	56,7	50,0	29,9	70,1	5,0	0,3	23,6
31-32				41,2	21,6	64,0	58,8	36,0	78,4			
33-34	6,7	0,3	29,8	33,3	15,2	58,3	60,0	35,7	80,2			
35-36	28,6	5,1	64,1	28,6	5,1	64,1	42,9	15,8	75,0			
37-38*	20,0	1,0	62,4	40,0	7,1	76,9	40,0	7,1	76,9			

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

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

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

*Se incluye una muestra de la SE 39.

Estrategias de secuenciación empleada:

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

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 13** se representan los cambios aminoacídicos en el gen S de SARS-CoV-2 característicos de las variantes de interés epidemiológico y se indica la porción abarcada por el fragmento secuenciado.

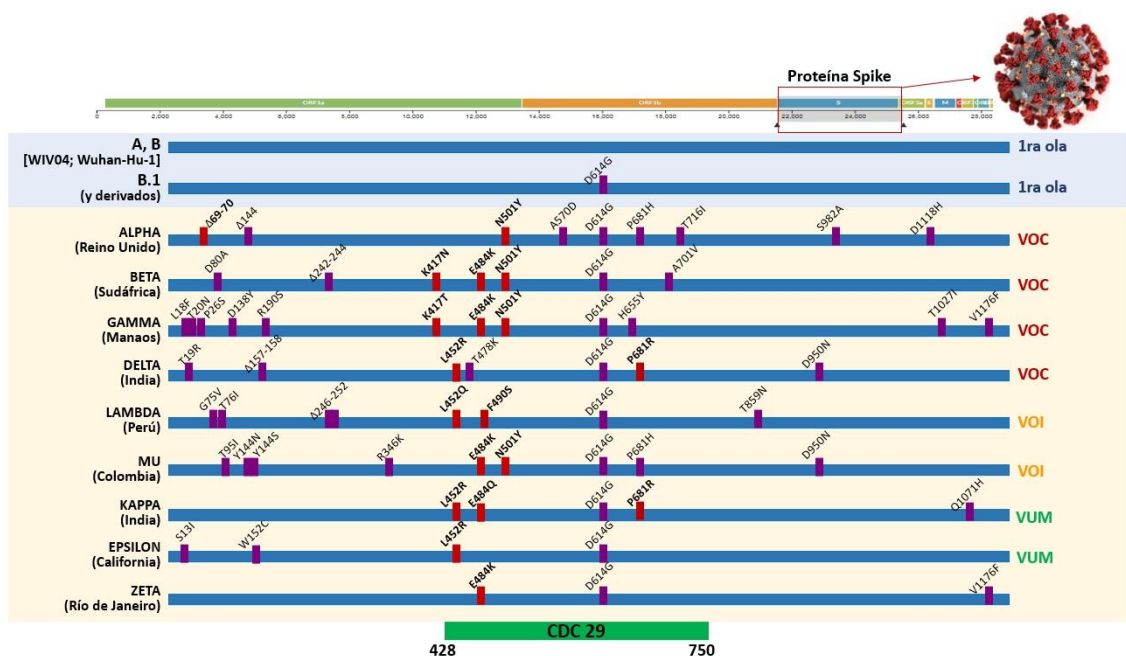


Figura 13. Representación de los cambios aminoacídicos en el gen S de SARS-CoV-2 característicos de algunas de las variantes de interés epidemiológico: variantes de preocupación (VOC), variantes de interés (VOI) y variantes bajo seguimiento adicional (VUM). Los cambios indicados en rojo corresponden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

Participantes en este reporte:

Nodo central evolución Proyecto PAIS (análisis integral y escritura del reporte): Carolina Torres, Laura Mojsiejczuk, Paula Aulicino, Guido König, Humberto Debat, Mariana Viegas.

Nodos de secuenciación:

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

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

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

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

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

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

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

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

Nodo de 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.

Nodos de toma y procesamiento de muestras clínicas:

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

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

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

Gatica, Flavia Rivarola, Rocío Carrón, Yesica Castro. Promoción y Protección de la Salud: Miriam Bruno, Eugenia Langan, Laura Álvarez

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

Laboratorio del Hospital Interzonal General de Agudos "Evita" (Lanús; PBA): Erica Luczak; Isabel Desimone; Omar Grossi; Lorena Serrano; Rubén Pelagamos; Alejandra Musto.

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

Laboratorio de Diagnóstico-UNIDAD COVID- Universidad Nacional de Hurlingham (Hurlingham, PBA): María José Dus Santos, Marina Mozgovej, Marcela Pilloff, Adriana

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

Fernández Souto, Pablo Raies, Valeria Marsal, Juan Manuel Velazquez, Daiana Sofia Blanc, Mercedes Didier Garnham, Germán Albornoz, Agustín Lara, Martín Lemos Vilches, Natalia Caleni.

CIBIC Laboratorio (Rosario, provincia de Santa Fe): Javier Sfalcin, Analía Seravalle, Clara Fay, Martina Fay, Mariana Galizzi, 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 del Hospital "Jaime Ferré" SAMCO Rafaela (provincia de Santa Fe): Verónica Pandolfi, Juan Franco Quaranta, Cristina Isaías.

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

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

Laboratorio Central de Salud Pública de Provincia de Chaco (Resistencia, provincia de Chaco): Natalia Andrea Ayala y María Verónica Gómez, Erica Struss, Esteban Paredes.

Hospital Pediátrico Dr. Avelino Castelan (Resistencia, provincia de Chaco): Marino Goia, Lopez María Cecilia, Gili Andrea.

Servicio de Microbiología, Hospital 4 de Junio (Presidencia Roque Saenz Peña, provincia de Chaco): Andrea Carolina Piedrabuena.

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 del HOSPITAL NOTTI (Ciudad de Mendoza, provincia de Mendoza): Sandra Grucci, Vanina Eibar, Noelia Cuglia, Adriana Recabarren, Daiana Lang, Clara Pott Godoy.

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

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

Instituto de Investigaciones Biomédicas en Retrovirus y Sida, CONICET-UBA (CABA): Adamczyk Alan, Alves Camila, Arruvito Lourdes, Azzolina Rolon Sabrina, Belauzarán Laura, Benencio Paula, Berardino Bruno, Berini Carolina, Biglione Mirna, Blond Oliver, Budziński Maia, Cabrerizo Gonzalo, Cairolí Victoria, Carobene Mauricio, Cassime Silvia, Cassime Ricardo, Ceballos Ana, Cevallos Cintia Gisela, Czernikier Alejandro, Delpino María Victoria, Di Diego García Facundo, Duarte Alejandra, Ducasa Nicolás, Elía Andrés, Elizalde María Mercedes, Erdocia Mariana, Fabiano, Martina, Fava Agustina, Felder Leandro, Flichman Diego, Fontecha María Belén, Friedrich Adrián David, Fuchs Wighman Federico, Gatti Ramiro Daniel, Geffner Jorge, Ghiglione Yanina Alejandra, Giannone Denise Anabella, Girotti Romina, Giusti Sebastián, Gómez Claudio,

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

Gonzalez Polo Virginia, Hermida Alava Katherine, Holgado María Pia, Laufer Natalia, Leicaj Luz, Longueira Yesica, Lopez Malizzia Alvaro, Manselle Cocco Montana, Mansilla María Agustina, Marin Franco Jose, Massillo Cintia, Mazzitelli Ignacio, Melucci Ganzarain Claudia, Meneghini María Agustina, Molina María Carolina, Montesano Fernando, Morando Nicolás, Ostrowski Matías, Pampuro Sandra, Paletta Ana Luz, Pando María, Pascuale Carla, Penas Federico, Pérez Paula, Piccardo Claudio, Perialisi Azul, Pippo Mónica, Polo María Laura, Quiroga Cecilia, Quiroga Florencia, Ramirez Ezequiel, Remes Lenicov Federico, Rodriguez Jimena, Sabatté Juan, Salomón Horacio, Salvatori Melina, Sananes Inés, Santilli Cecilia, Sede Mariano, Seery Vanesa, Sierra Jessica Mariel, Sonzogni Silvina, Speroni Micaela, Trifone César, Trotta Aldana, Turk Gabriela, Varese Augusto, Vellón Luciano, Vera Aguilar Douglas, Vergara Maricef, Vernerí Paula, Waisman Ariel Witteveen Camila.

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

Fondos:

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

REFERENCIAS:

1. https://vigilancia.ispch.gob.cl/app_direct/varcovid/
2. <http://www.genomahcov.fiocruz.br/dashboard/>
3. <https://www.elpais.com.uy/informacion/salud/casos-covid-uruguay-son-variante-delta.html>