

DEPARTAMENTO DE
SALUD



Informe Semanal Respuesta COVID-19: Componente Vigilancia Genómica

Semana Epidemiológica Núm. 37:
12 al 18 de septiembre de 2021

Sistemas de Vigilancia de COVID-19

Fecha: 30 de septiembre de 2021

Introducción: Entre los esfuerzos que el Departamento de Salud de Puerto Rico está realizando para enriquecer la vigilancia de COVID-19 en Puerto Rico se encuentra la secuenciación genómica de muestras representativas de la población y la vinculación de estos datos con las investigaciones epidemiológicas que continuamente se realizan. Mediante el análisis rutinario de estas muestras se pretende monitorear cómo el SARS-CoV-2 cambia con el tiempo, identificar y caracterizar las variantes del virus e investigar cómo las variantes influyen en la severidad de los casos de COVID-19 y en la eficacia de las vacunas y los tratamientos actuales.

Al momento de esta publicación, se han identificado 2,327 casos portadores de variantes de preocupación o interés del SARS-CoV-2 según definidas por los CDC. Hasta la fecha, de los 2,327 casos se ha completado la información epidemiológica de 1,539. La fecha de toma de muestra de estos casos va desde el 3 de diciembre de 2020 hasta el 3 de septiembre de 2021.

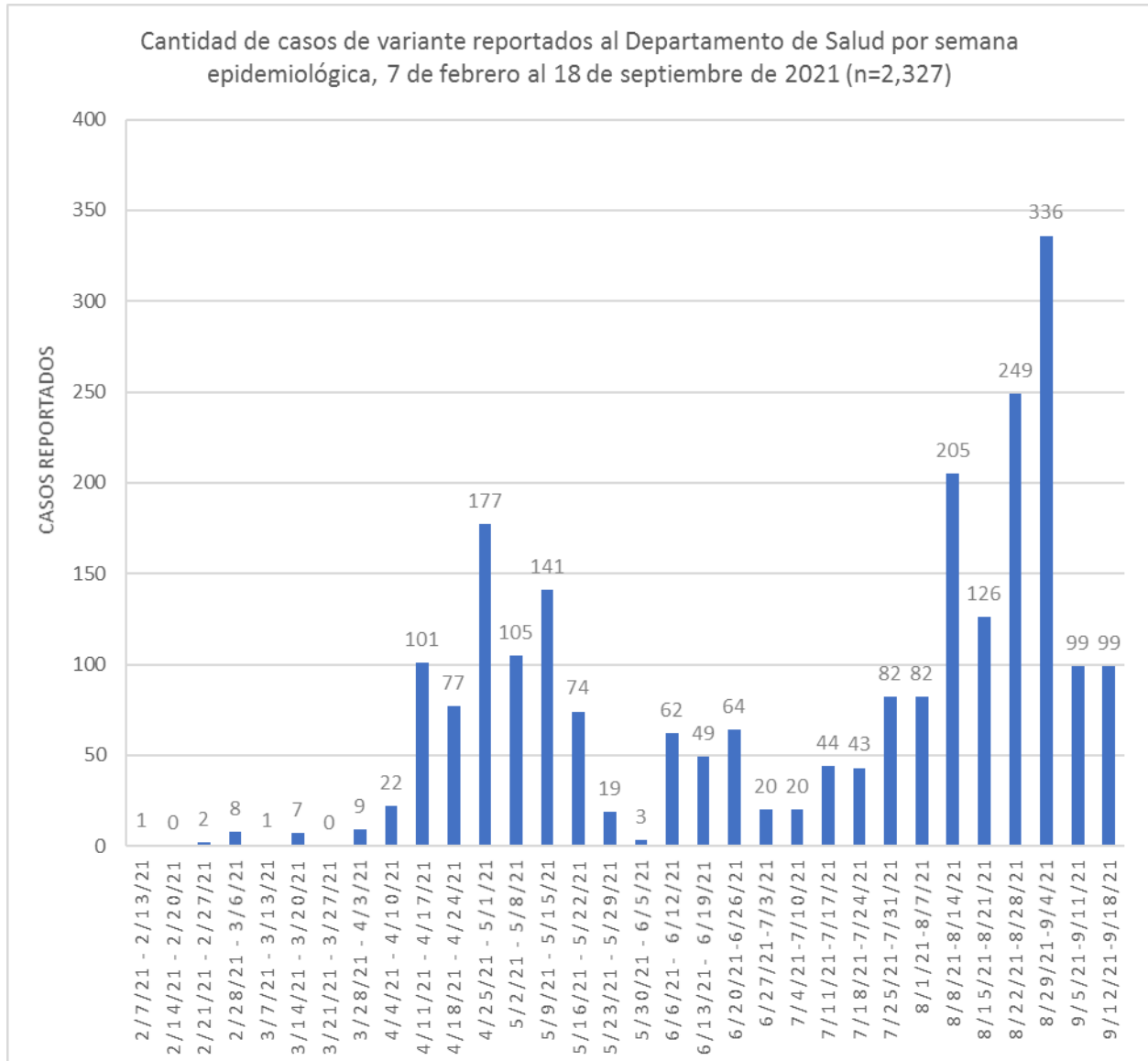
Selección de Muestras para Secuenciación

Actualmente, el Sistema de Vigilancia Genómica de Puerto Rico está llevando a cabo dos actividades principales de secuenciación. La primera es el envío semanal de muestras a CDC Atlanta como parte de un programa de vigilancia genómica nacional. La segunda es el envío periódico de muestras al CDC Dengue Branch y a la Ponce Health Sciences University. Estas muestras se reciben en el Departamento de Salud desde distintos laboratorios y hospitales de Puerto Rico. Además, dado que los CDC han contratado a laboratorios comerciales de diagnóstico para secuenciar muestras en todo Estados Unidos, semanalmente se reciben notificaciones de muestras secuenciadas de pacientes de Puerto Rico. Toda esta información es recopilada por la Oficina de Epidemiología e Investigación quien se encarga de enlazar los datos genómicos con la información epidemiológica obtenida en la investigación de caso.

Nota: Para ayudar en las discusiones públicas de las variantes, la Organización Mundial de la Salud (OMS) propuso utilizar denominaciones consistentes con el alfabeto griego, es decir, Alfa, Beta, Gamma, etc. como una forma práctica de discutir las variantes con audiencias no científicas.

I. Resumen de las variables recopiladas por el Sistema de Vigilancia Genómica

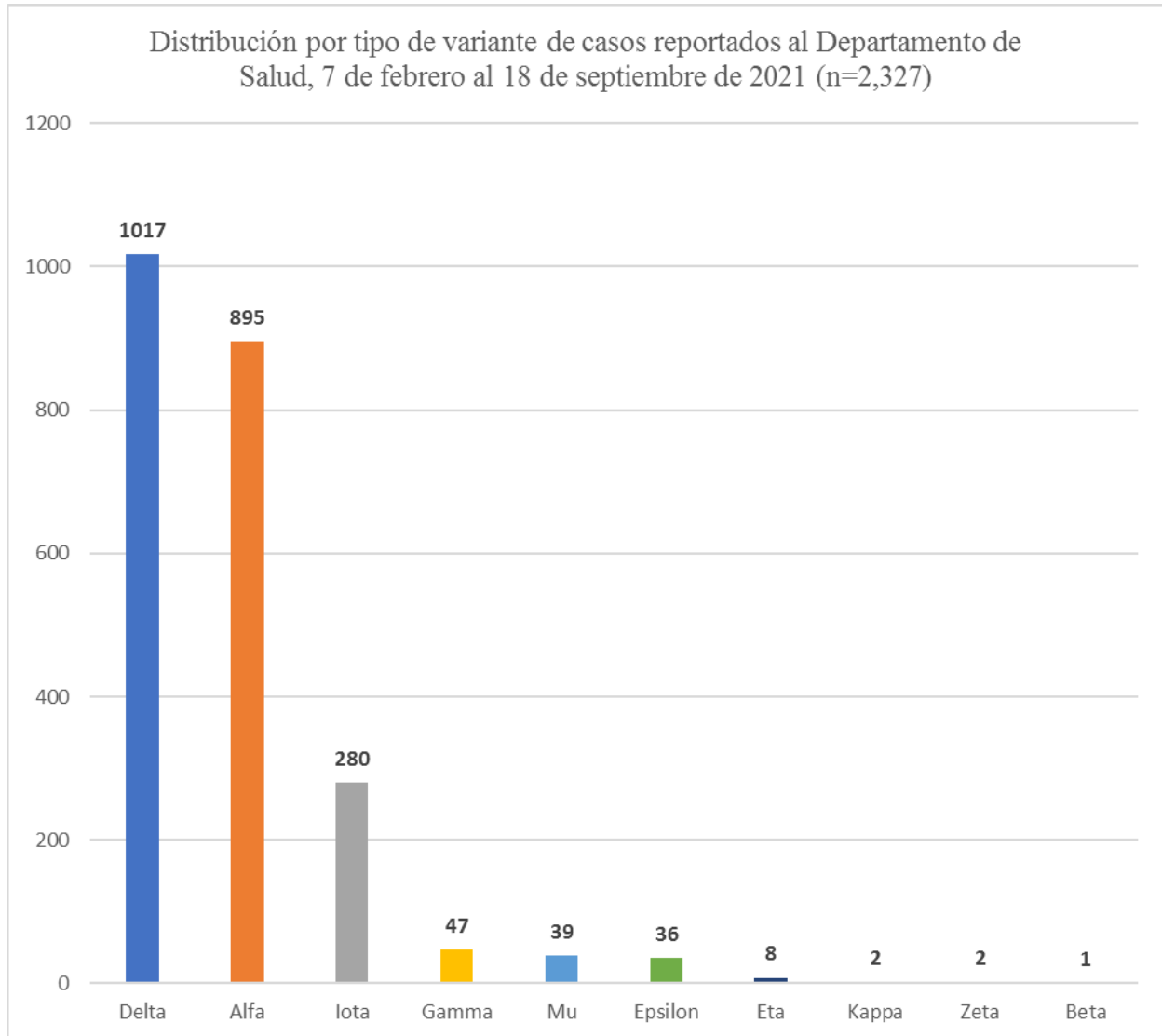
- A. **Cantidad de variantes reportadas al Departamento de Salud por semana epidemiológica.** En esta gráfica se muestra la cantidad de casos de variantes de preocupación, interés o bajo monitoreo, según definidos por los CDC, por fecha de reporte al Departamento de Salud desglosado por semana epidemiológica.



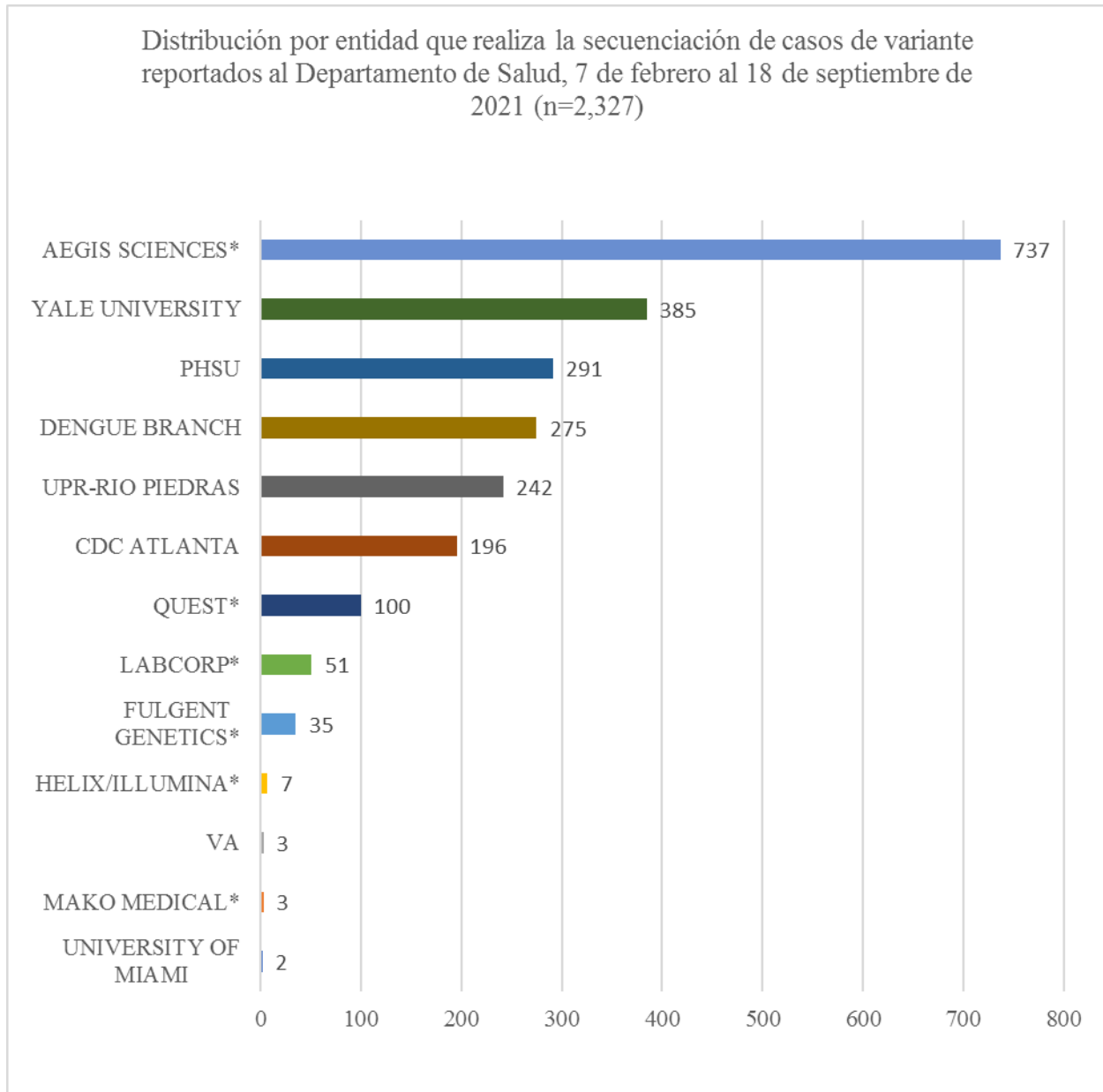
C. Cantidad de casos reportados por mes de toma de muestra desglosado por tipo de variante, 3 de diciembre de 2020 al 18 de septiembre de 2021. En esta tabla se presenta la cantidad de casos de variantes de preocupación, interés o bajo monitoreo, según definidos por los CDC, reportados al Departamento de Salud por mes de toma de muestra y por tipo de variante. Según la información analizada por el Sistema de Vigilancia Genómica, a partir de junio del 2021, la variante Delta se colocó como la variante con el mayor número de secuencias detectadas superando la variante Alfa la cual hasta ese momento era la predominante. Aunque ambas variantes son de preocupación, la variante Delta es hasta dos veces más transmisible que las otras variantes y algunos datos sugieren que podría causar una enfermedad más grave que las variantes anteriores en personas no vacunadas (Referencia: Variante delta: los datos científicos que conocemos. Fuente: <https://www.cdc.gov/coronavirus/2019-ncov/variants/delta-variant.html>). La tercera variante con más casos detectados es la Iota, la cual es una variante de interés por causar una posible reducción en la efectividad de algunos tratamientos de anticuerpos monoclonales.

Mes	Alfa	Beta	Delta	Epsilon	Eta	Gamma	Iota	Kappa	Mu	Zeta	TOTAL
Diciembre 2020	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	2
Enero 2021	2	0	0	4	0	0	0	0	0	2	8
Febrero 2021	8	0	0	4	0	0	1	0	0	0	13
Marzo 2021	233	1	0	12	0	3	77	0	0	0	326
Abril 2021	531	0	0	13	8	17	159	1	0	0	729
Mayo 2021	91	0	0	0	0	8	32	0	2	0	133
Junio 2021	20	0	58	0	0	9	9	0	25	0	121
Julio 2021	6	0	472	2	0	8	2	1	12	0	503
Agosto 2021	3	0	483	0	0	2	0	0	0	0	488
Septiembre 2021	0	0	4	0	0	0	0	0	0	0	4
TOTAL	895	1	1,017	36	8	47	280	2	39	2	2,327

D. Cantidad de casos de variante reportados desglosados por tipo de variante. En esta gráfica se muestra la cantidad de casos de cada variante de preocupación o interés, según definidos por los CDC, reportada al Departamento de Salud.

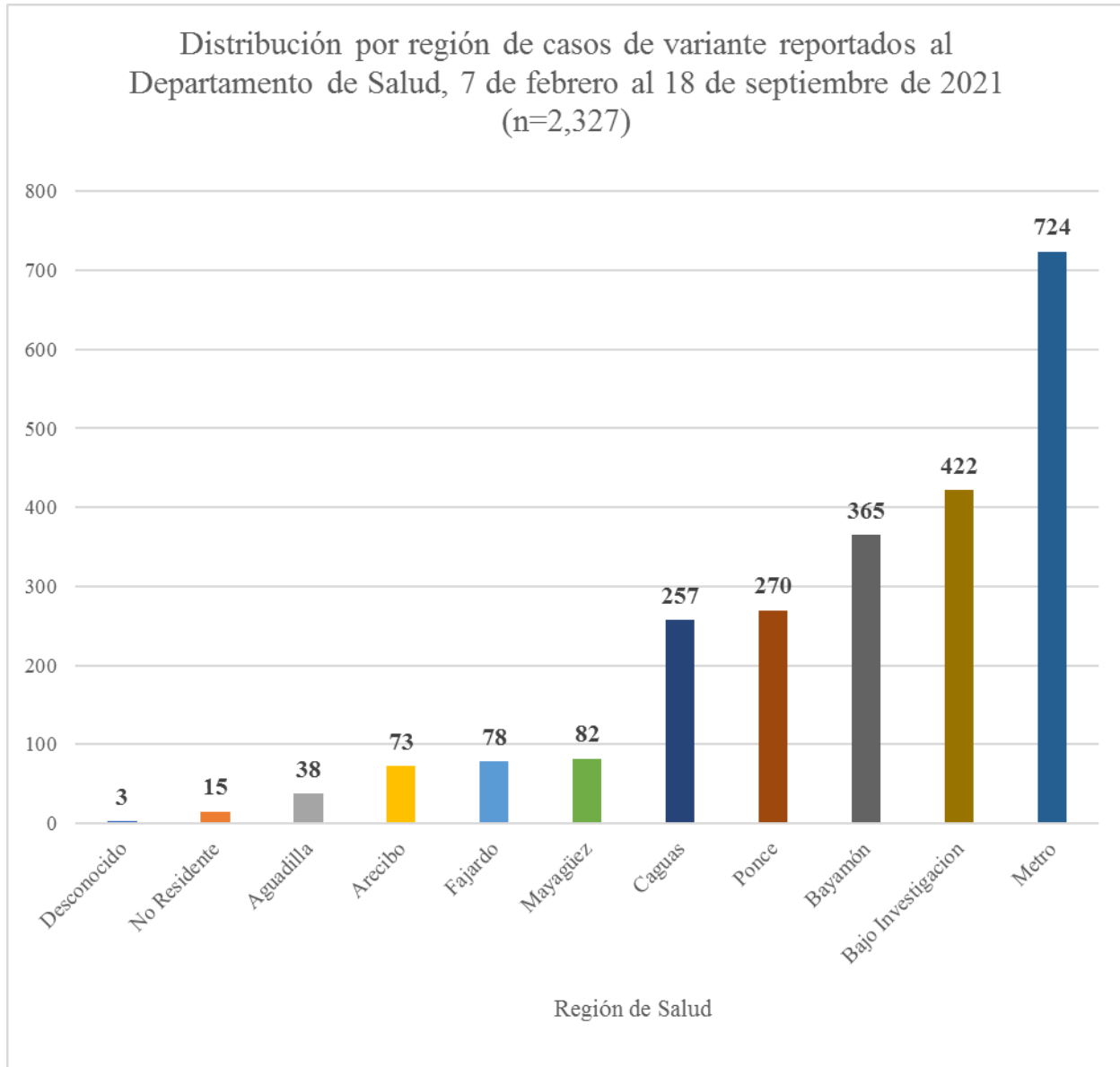


E. Cantidad de casos de variante reportados por entidad que realiza la secuenciación. En esta gráfica se muestra la cantidad de muestras secuenciadas de variantes de preocupación, interés o bajo monitoreo, según definidos por los CDC, reportadas al Departamento de Salud por las entidades que realizan la secuenciación.



*Variantes identificadas por laboratorios comerciales a través de contrato con los CDC de secuenciación de muestras.

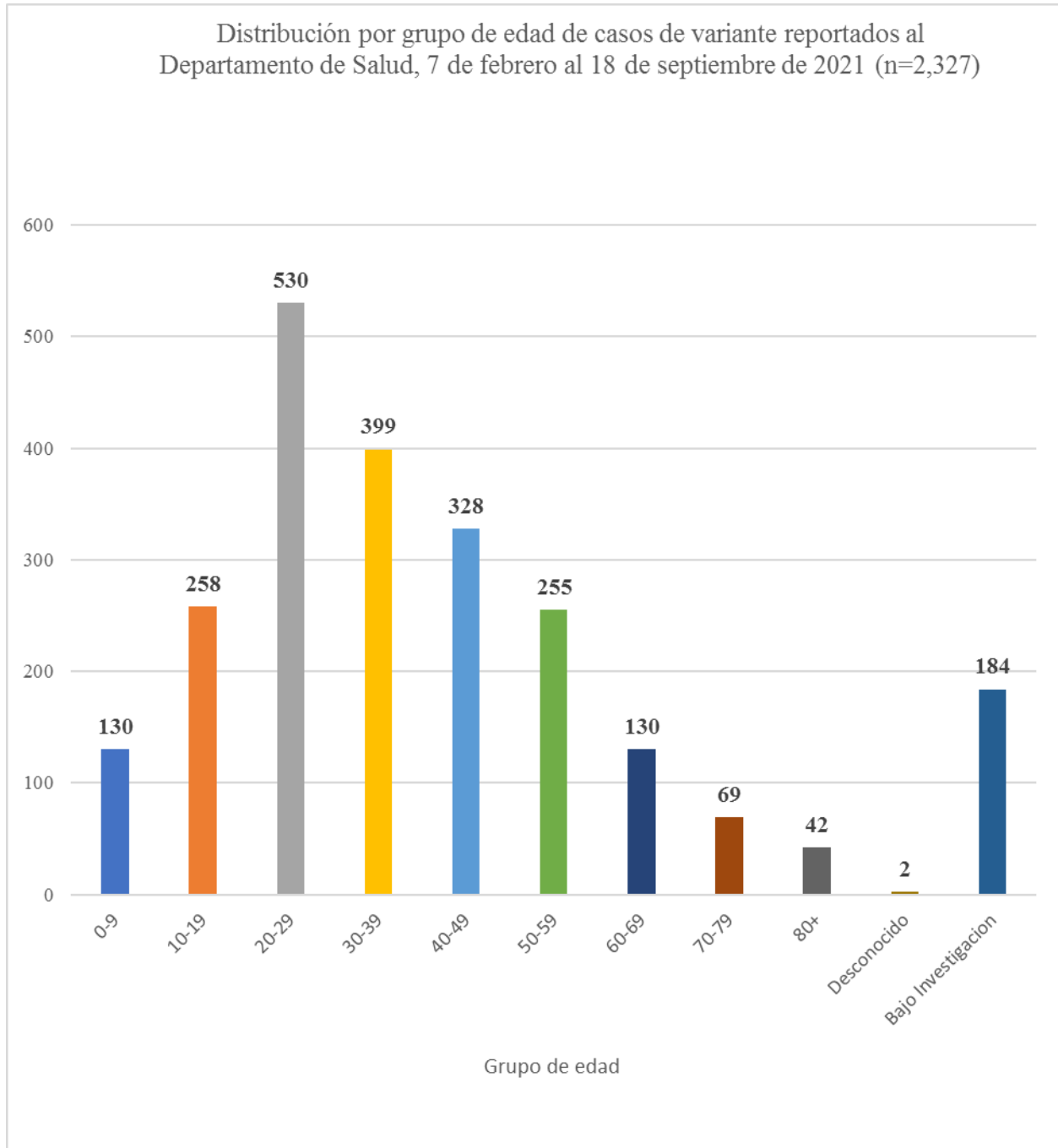
- F. Cantidad de casos de variante reportados en cada región de Puerto Rico.** En esta gráfica se observa la cantidad de casos de variantes de preocupación, interés o bajo monitoreo, según definidos por los CDC, reportados al Departamento de Salud en cada una de las regiones de salud de Puerto Rico.



G. Cantidad de casos de variante reportados al Departamento de Salud desglosados por región y por tipo de variante, 7 de febrero al 18 de septiembre de 2021 (n=2,327). En esta tabla se muestra la cantidad de casos de variantes de preocupación, interés o bajo monitoreo, según definidos por los CDC, reportados al Departamento de Salud en cada una de las regiones de salud de Puerto Rico desglosado por tipo de variante.

REGIÓN	VARIANTE										
	Alfa	Beta	Delta	Epsilon	Eta	Gamma	Iota	Kappa	Mu	Zeta	Total
METRO	236	0	373	6	6	21	65	1	15	1	724
BAJO INVESTIGACIÓN	192	0	179	6	0	4	41	0	0	0	422
BAYAMÓN	178	1	129	6	1	7	39	0	4	0	365
PONCE	106	0	121	3	0	2	38	0	0	0	270
CAGUAS	89	0	137	6	0	4	10	1	10	0	257
MAYAGÜEZ	14	0	20	0	0	4	39	0	5	0	82
FAJARDO	29	0	30	3	1	3	10	0	1	1	78
ARECIBO	34	0	15	3	0	1	17	0	3	0	73
AGUADILLA	13	0	7	1	0	1	16	0	0	0	38
NO RESIDENTE	3	0	6	0	0	0	5	0	1	0	15
DESCONOCIDO	1	0	0	2	0	0	0	0	0	0	3
TOTAL	895	1	1017	36	8	47	280	2	39	2	2327

H. Cantidad de casos de variante reportados desglosados por grupo de edad. En esta gráfica se observa la cantidad de casos de variantes de preocupación, interés o bajo monitoreo, según definidos por los CDC, reportados al Departamento de Salud por grupo de edad.



I. Cantidad de casos de variante que reportaron exposición de viaje¹ en la investigación de caso, 7 de febrero al 18 de septiembre de 2021 (n=2,327). En esta tabla se observa la cantidad de casos de variantes de preocupación, interés o bajo monitoreo, según definidos por los CDC, que reportaron en su investigación de caso haber realizado un viaje doméstico o internacional.

Variante	Viaje doméstico	Viaje internacional	Información de viajes desconocida	Bajo investigación
Alfa Total=895	73	5	67	192
Beta Total=1	0	0	0	0
Delta Total=1,017	142	18	160	179
Epsilon Total=36	9	1	3	6
Eta Total=8	0	0	0	0
Gamma Total=47	12	8	3	4
Iota Total=280	22	1	30	41
Kappa Total=2	1	0	0	0
Mu Total=39	6	6	10	0
Zeta Total=2	1	0	0	0
TOTAL = 2,327	266	39	273	422

¹Una exposición de viaje implica que el caso indicó haber viajado en las dos semanas previas al inicio de síntomas o toma de muestra positiva. Un caso pudo haber hecho ambos tipos de viaje.

J. Características de sintomatología por tipo de variante, 7 de febrero al 18 de septiembre de 2021 (n=2,327). En esta tabla se presenta información sobre la sintomatología y el curso de la enfermedad de los pacientes identificados con variantes de preocupación, interés o bajo monitoreo, según definidos por los CDC.

VARIANTE	Sintomáticos	Sintomáticos que requirieron hospitalización	Asintomáticos	Información de sintomatología desconocida²	Bajo Investigación³
Alfa Total=895	553	53	102	48	192
Beta Total=1	0	0	1	0	0
Delta Total=1,017	605	39	75	158	179
Epsilon Total=36	26	1	1	3	6
Eta Total=8	7	1	1	0	0
Gamma Total=47	30	3	9	4	4
Iota Total=280	185	19	41	13	41
Kappa Total=2	2	0	0	0	0
Mu Total=39	24	4	5	10	0
Zeta Total=2	2	0	0	0	0
TOTAL = 2,327	1,434	120	235	236	422

²Información de sintomatología desconocida implica que el caso nunca se pudo contactar o que se contactó, pero no se completó la entrevista inicial por lo cual se desconoce si tuvo síntomas.

³Bajo investigación implica que aún se está en proceso de obtener la información del caso.

K. Estatus actual del paciente por tipo de variante, 7 de febrero al 18 de septiembre de 2021 (n=2,327). En esta tabla se presenta el estatus actual de los pacientes identificados con variantes de preocupación, interés o bajo monitoreo, según definidos por los CDC.

VARIANTE	Recuperado ⁴	Fallecido	Bajo Seguimiento ⁵	Estatus Desconocido ⁶	Bajo Investigación ⁷
Alfa Total=895	640	16	0	47	192
Beta Total=1	1	0	0	0	0
Delta Total=1,017	552	7	0	279	179
Epsilon Total=36	26	0	0	4	6
Eta Total=8	8	0	0	0	0
Gamma Total=47	36	0	0	7	4
Iota Total=280	221	5	0	13	41
Kappa Total=2	2	0	0	0	0
Mu Total=39	19	4	0	16	0
Zeta Total=2	2	0	0	0	0
TOTAL = 2,327	1,507	32	0	366	422

⁴Recuperado implica que el aislamiento fue descontinuado.

⁵Bajo seguimiento implica que al momento el caso se mantiene en aislamiento en su hogar u hospitalizado.

⁶Estatus desconocido implica que el caso nunca se pudo contactar o que no se pudo contactar para seguimiento por lo que se desconoce su estatus actual.

⁷Bajo investigación implica que aún se está en proceso de obtener la información del caso.

II. **Definiciones: Variantes de preocupación, interés y bajo monitoreo según el esquema de clasificación de los Centros para el Control y la Prevención de Enfermedades (CDC)** (Referencia: Clasificaciones y definiciones de las variantes del SARS-CoV-2 del 23 de septiembre de 2021. Fuente: <https://www.cdc.gov/coronavirus/2019-ncov/variants/variant-info.html>)

1. **Variantes de preocupación (actualizado el 22 de septiembre de 2021):** Las variantes designadas como Variantes de Preocupación incluyen variantes para la que existe evidencia de un aumento en la transmisibilidad, de una mayor gravedad de la enfermedad (por ejemplo, un aumento de las hospitalizaciones o de las muertes), de una reducción significativa de la neutralización por parte de los anticuerpos generados durante la infección o la vacunación anteriores, de una menor eficacia de los tratamientos o las vacunas, o de fallos en la detección del diagnóstico.

Nomenclatura OMS	Linaje PANGO	Mutaciones	Detectado inicialmente	Atributos
Delta	B.1.617.2, sublinajes AY	T19R (V70F*) T95I G142D E156- F157- R158G (A222V*) (W258L*) (K417N*) L452R T478K D614G P681R D950N	2020-09-22, India	<ul style="list-style-type: none"> • 2 veces más transmisible que variantes anteriores • Potencial impacto en la neutralización por terapias de anticuerpos monoclonales EUA • Potencial impacto en la neutralización por terapias de anticuerpos monoclonales EUA

2. **Variantes de Interés (actualizado el 22 de septiembre de 2021):** Las variantes designadas como Variantes de Interés incluyen variantes con marcadores genéticos específicos a los que se ha asociado a cambios en la unión al receptor, una menor neutralización por los anticuerpos generados contra una infección anterior o la vacunación, una menor eficacia de los tratamientos, el posible impacto del diagnóstico, o el aumento pronosticado en la transmisibilidad o gravedad de la enfermedad.

Al momento no hay variantes de interés.

3. **Variantes Bajo Monitoreo (actualizado el 22 de septiembre de 2021):** Las variantes designadas como Variantes Bajo Monitoreo incluyen variantes para las que existen datos que

indican un impacto potencial o claro en las medidas médicas aprobadas o autorizadas, o que se han asociado con una enfermedad más grave o con un aumento de la transmisión, pero que ya no se detectan o que circulan a niveles muy bajos en los Estados Unidos, y como tales, no suponen un riesgo significativo e inminente para la salud pública en el país.

Nomenclatura OMS	Linaje PANGO	Mutaciones	Detectado inicialmente	Atributos
Alfa	B.1.1.7, Q.1-Q.8	delección 69/70 delección 144Y N501Y A570D D614G P681H T716I S982A D1118H	2020-02-07, Reino Unido	<ul style="list-style-type: none"> • ~ 50% más transmisible • Probablemente una mayor gravedad en función de las hospitalizaciones y las tasas de letalidad • Impacto mínimo en la neutralización por terapias de anticuerpos monoclonales EUA • Impacto mínimo en la neutralización por sueros convalecientes y pos-vacunación
Beta	B.1.351, B.1.351.2, B.1.351.3	D80A D215G delección 241/243 K417N E484K N501Y D614G A701V	2020-03-27, Sudáfrica	<ul style="list-style-type: none"> • ~ 50% más transmisible • Impacto moderado en la neutralización por terapias de anticuerpos monoclonales EUA • Impacto moderado en la neutralización por sueros convalecientes y pos-vacunación
Gamma	P.1, P.1.1, P.1.2	L18F T20N P26S D138Y R190S K417T E484K N501Y D614G H655Y T1027I V1176F	2020-04-07, Brasil	<ul style="list-style-type: none"> • Impacto moderado en la neutralización por terapias de anticuerpos monoclonales EUA • Impacto moderado en la neutralización por sueros convalecientes y pos-vacunación

Nomenclatura OMS	Linaje PANGO	Mutaciones	Detectado inicialmente	Atributos
Eta	B.1.525	Q52R A67V delección 69/70 delección 144/145 E484K D614G Q677H F888L	2020-12-11, Internacional	<ul style="list-style-type: none"> • Potencial impacto en la neutralización en terapias de anticuerpos monoclonales EUA • Potencial impacto en la neutralización por sueros convalecientes y pos-vacunación
Iota	B.1.526	L5F T95I D253G E484K D614G A701V	2020-04-21, New York	<ul style="list-style-type: none"> • Potencial impacto en la neutralización en terapias de anticuerpos monoclonales EUA • Potencial impacto en la neutralización por sueros convalecientes y pos-vacunación
Kappa	B.1.617.1	L452R E484Q D614G P681R Q1071H	2020-03-03, India	<ul style="list-style-type: none"> • Potencial impacto en la neutralización en terapias de anticuerpos monoclonales EUA • Potencial impacto en la neutralización por sueros convalecientes y pos-vacunación
N/A	B.1.617.3	T19R L452R E484Q D614G P681R	2021-01-03, India	<ul style="list-style-type: none"> • Potencial impacto en la neutralización en terapias de anticuerpos monoclonales EUA • Potencial impacto en la neutralización por sueros convalecientes y pos-vacunación
Epsilon	B.1.427/ B.1.429	S13I W152C L452R D614G	2020-04-01, US- California	<ul style="list-style-type: none"> • ~ 20% más transmisible • Impacto significativo en la neutralización en algunas terapias de anticuerpos monoclonales EUA • Impacto moderado en la neutralización por sueros convalecientes y pos-vacunación

Nomenclatura OMS	Linaje PANGO	Mutaciones	Detectado inicialmente	Atributos
Zeta	P.2	E484K D614G V1176F	2020-04-13, Brazil	<ul style="list-style-type: none"> • Potencial impacto en la neutralización en terapias de anticuerpos monoclonales EUA • Potencial impacto en la neutralización por sueros convalecientes y pos-vacunación.
Mu	B.1.621, B.1.621.1	T95I Y144S Y145N R346K E484K N501Y D614G P681H D950N	2021-01-11, Colombia	<ul style="list-style-type: none"> • Mayor transmisibilidad • Potencial impacto en la neutralización en terapias de anticuerpos monoclonales EUA • Potencial impacto en la neutralización por sueros convalecientes y pos-vacunación

4. Variantes de gran consecuencia (actualizado el 22 de septiembre de 2021): Las variantes designadas como Variantes de Gran Consecuencia incluyen aquéllas para las cuales existe evidencia clara de que las medidas de prevención o las medidas médicas correctivas tienen una eficacia significativamente reducida en relación con las variantes que circulaban anteriormente.

Al momento no hay variantes de gran consecuencia.

Nota Aclaratoria: Existen discrepancias entre la cantidad reportada a la Oficina de Epidemiología e Investigación y la reportada en el Dashboard dado que hay casos que aún no han sido publicados por los laboratorios en la base de datos pública GISAID, pero que sí fueron reportados al Departamento de Salud.

Preparado por:
Lorena B. Hernández Fradera

Revisado por:
Equipo Principal Oficial de Epidemiología