

DEPARTAMENTO DE
SALUD



Informe Semanal Respuesta COVID-19: Componente Vigilancia Genómica

Semana Epidemiológica Núm. 36:
5 al 11 de septiembre de 2021

Sistemas de Vigilancia de COVID-19

Fecha: 15 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 2,119 casos portadores de variantes de preocupación o interés del SARS-CoV-2 según definidas por los CDC. Hasta la fecha, de los 2,119 casos se ha completado la información epidemiológica de 1,459. La fecha de toma de muestra de estos casos va desde el 3 de diciembre de 2020 hasta el 31 de agosto de 2021.

Selección de Muestras para Secuenciación

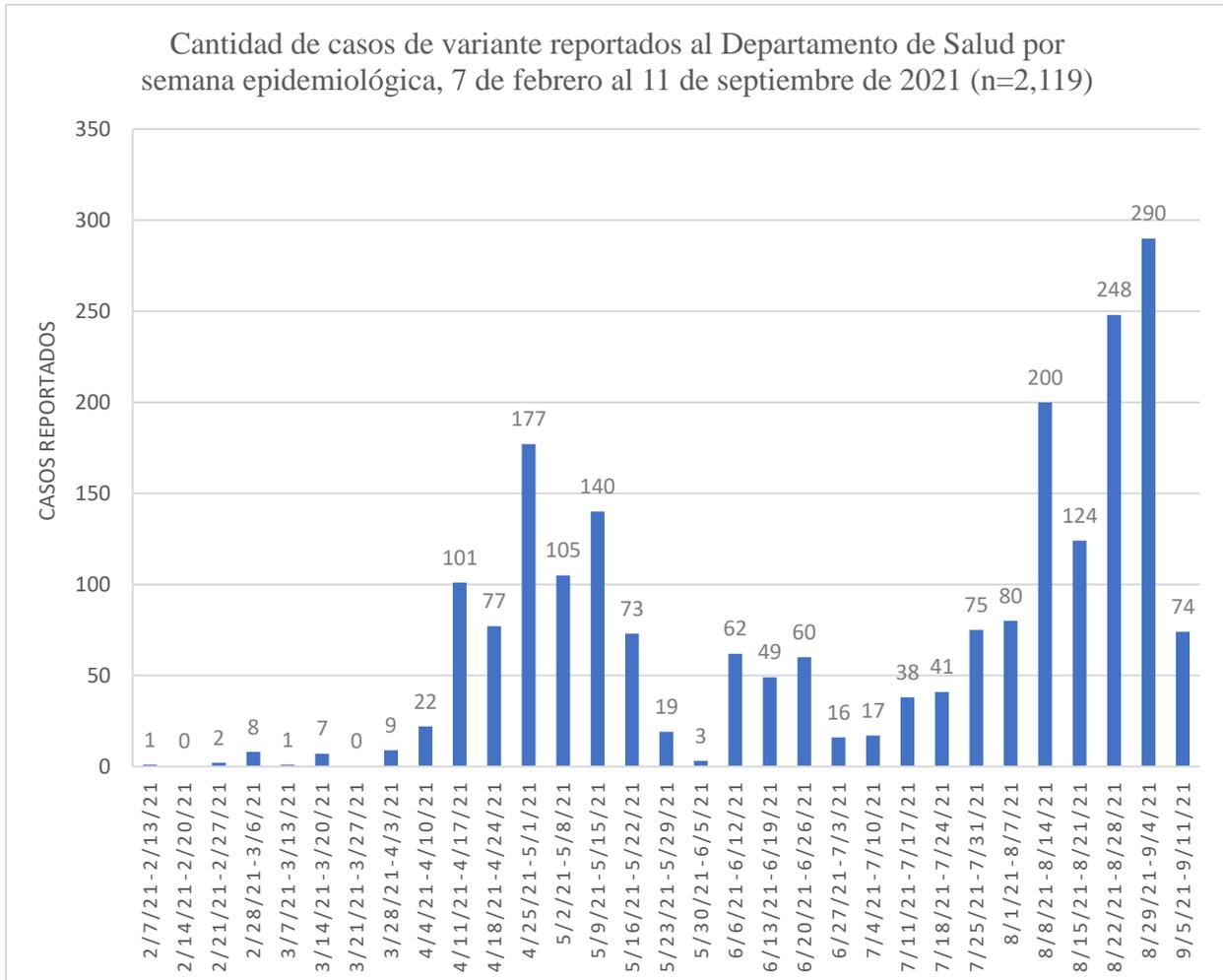
Actualmente, el Sistema de Vigilancia Genómica de Puerto Rico está llevando a cabo dos actividades principales de secuenciación. La primera es el envío semanal de muestras a CDC Atlanta como parte de un programa de vigilancia genómica nacional. La segunda es el envío periódico de muestras al CDC Dengue 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.

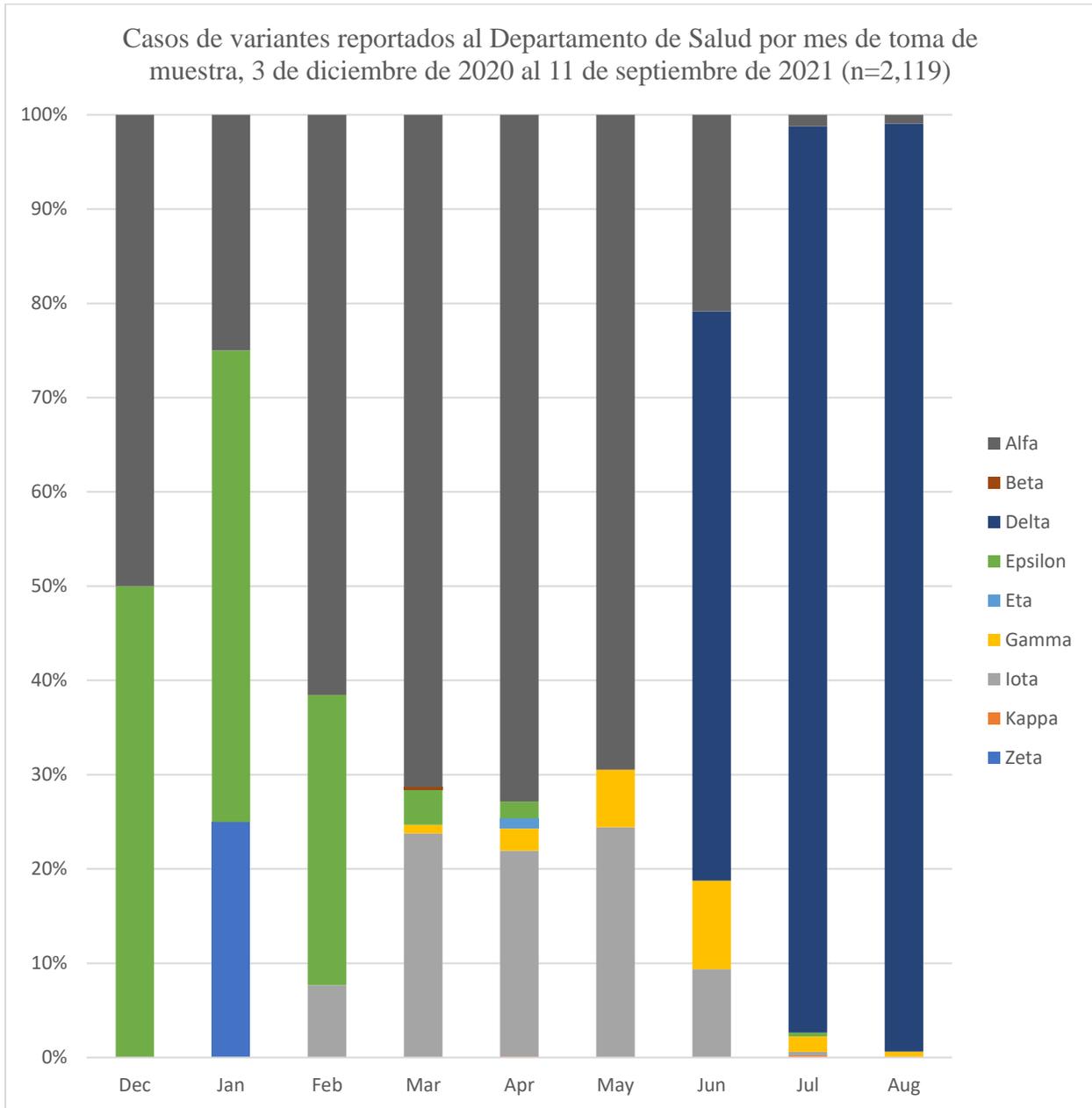
I. Resumen de las variables recopiladas por el Sistema de Vigilancia Genómica

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 o interés, según definidos por los CDC, por fecha de reporte al Departamento de Salud desglosado por semana epidemiológica.



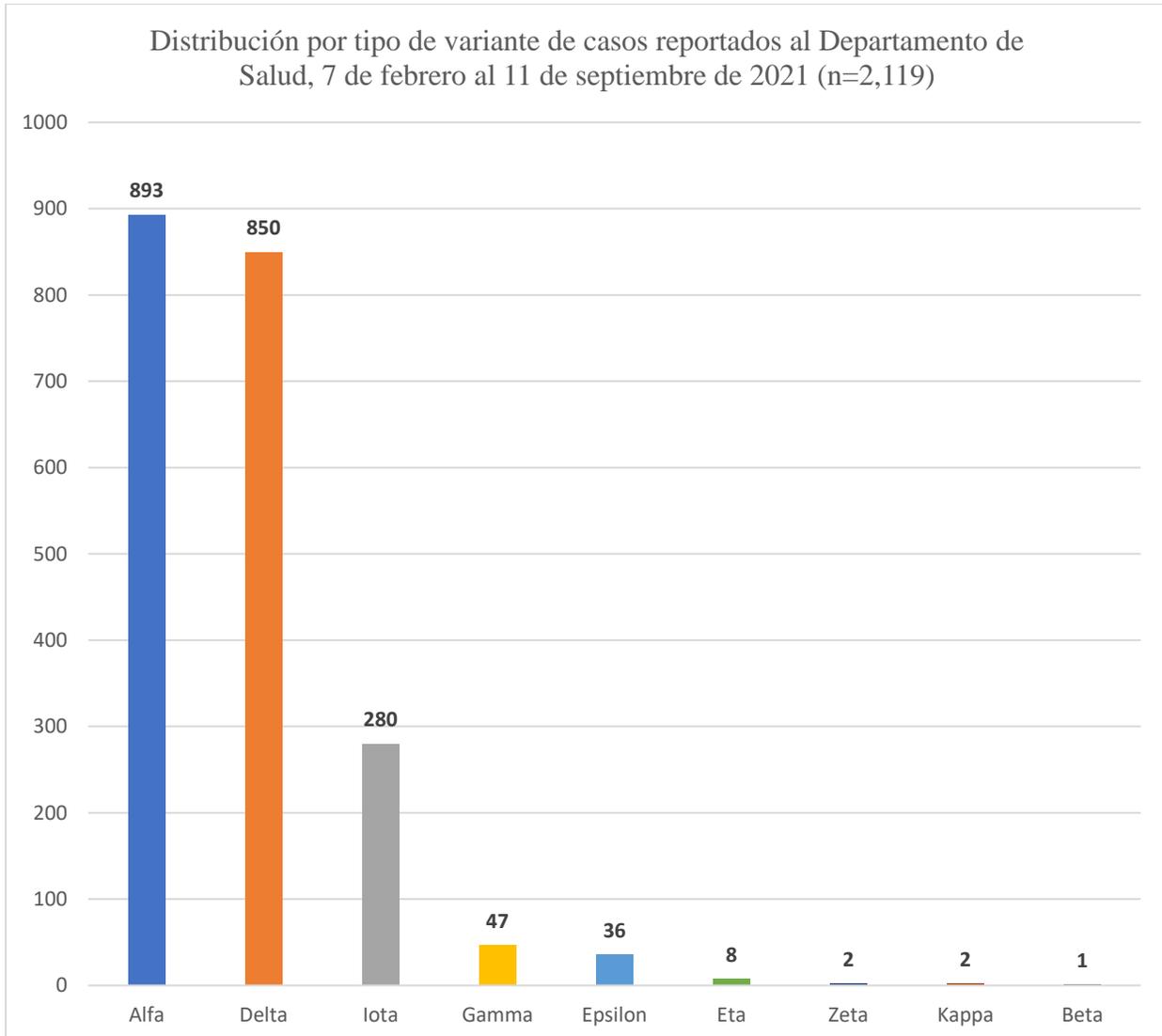
B. Cantidad de casos reportados por mes de toma de muestra. En esta gráfica se muestra la proporción de casos de variantes de preocupación o interés, según definidos por los CDC, por mes de toma de muestra desglosado por tipo de variante.



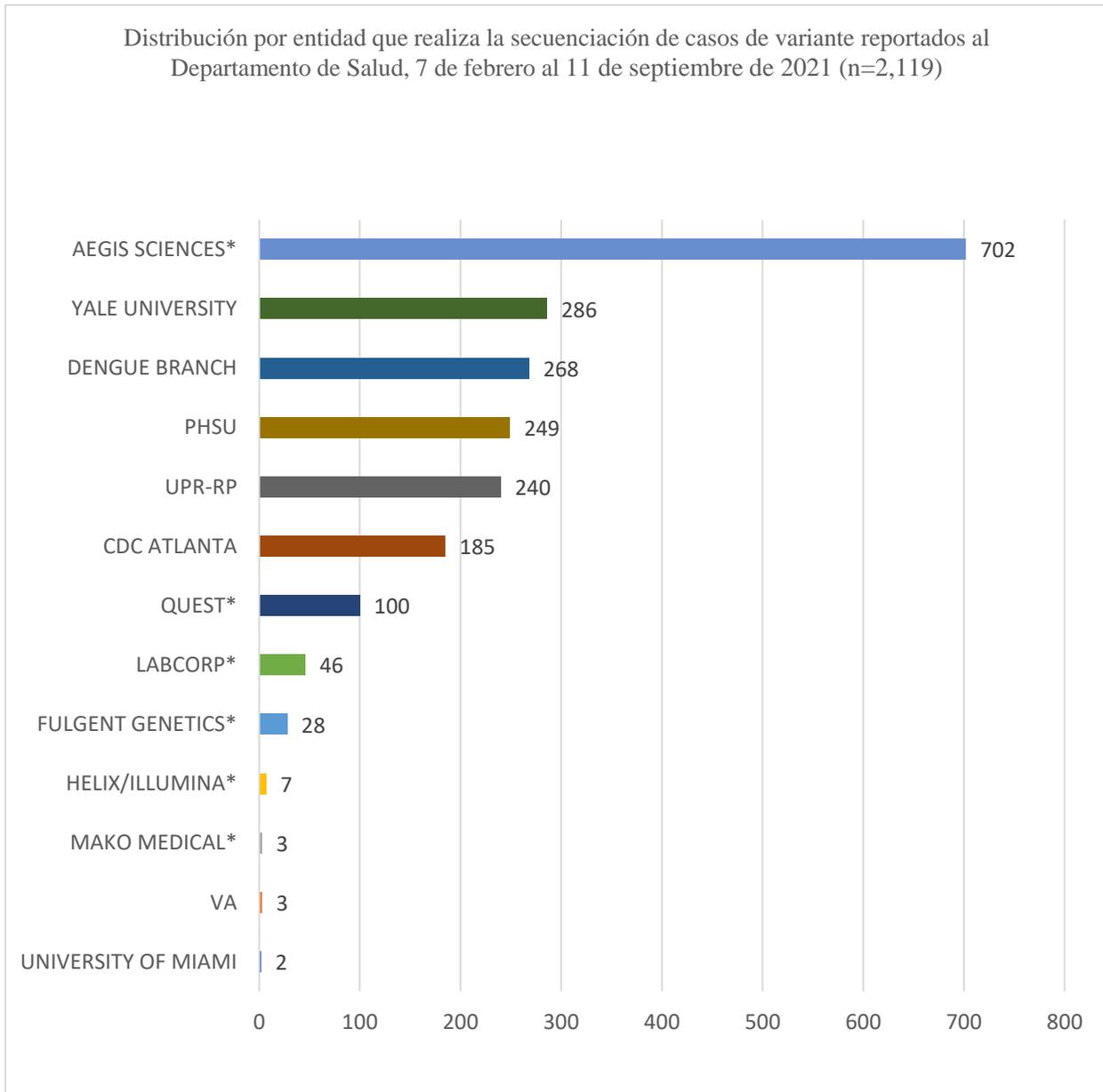
C. Cantidad de casos reportados por mes de toma de muestra desglosado por tipo de variante, 3 de diciembre de 2020 al 11 de septiembre de 2021. En esta tabla se presenta la cantidad de casos de variantes de preocupación o interés, según definidos por los CDC, reportados al Departamento de Salud por mes 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	Delta	Iota	Gamma	Epsilon	Eta	Zeta	Kappa	Beta	TOTAL
Diciembre 2020	1	0	0	0	1	0	0	0	0	2
Enero 2021	2	0	0	0	4	0	2	0	0	8
Febrero 2021	8	0	1	0	4	0	0	0	0	13
Marzo 2021	231	0	77	3	12	0	0	0	1	324
Abril 2021	531	0	159	17	13	8	0	1	0	729
Mayo 2021	91	0	32	8	0	0	0	0	0	131
Junio 2021	20	58	9	9	0	0	0	0	0	96
Julio 2021	6	472	2	8	2	0	0	1	0	491
Agosto 2021	3	320	0	2	0	0	0	0	0	325
TOTAL	893	850	280	47	36	8	2	2	1	2,119

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.

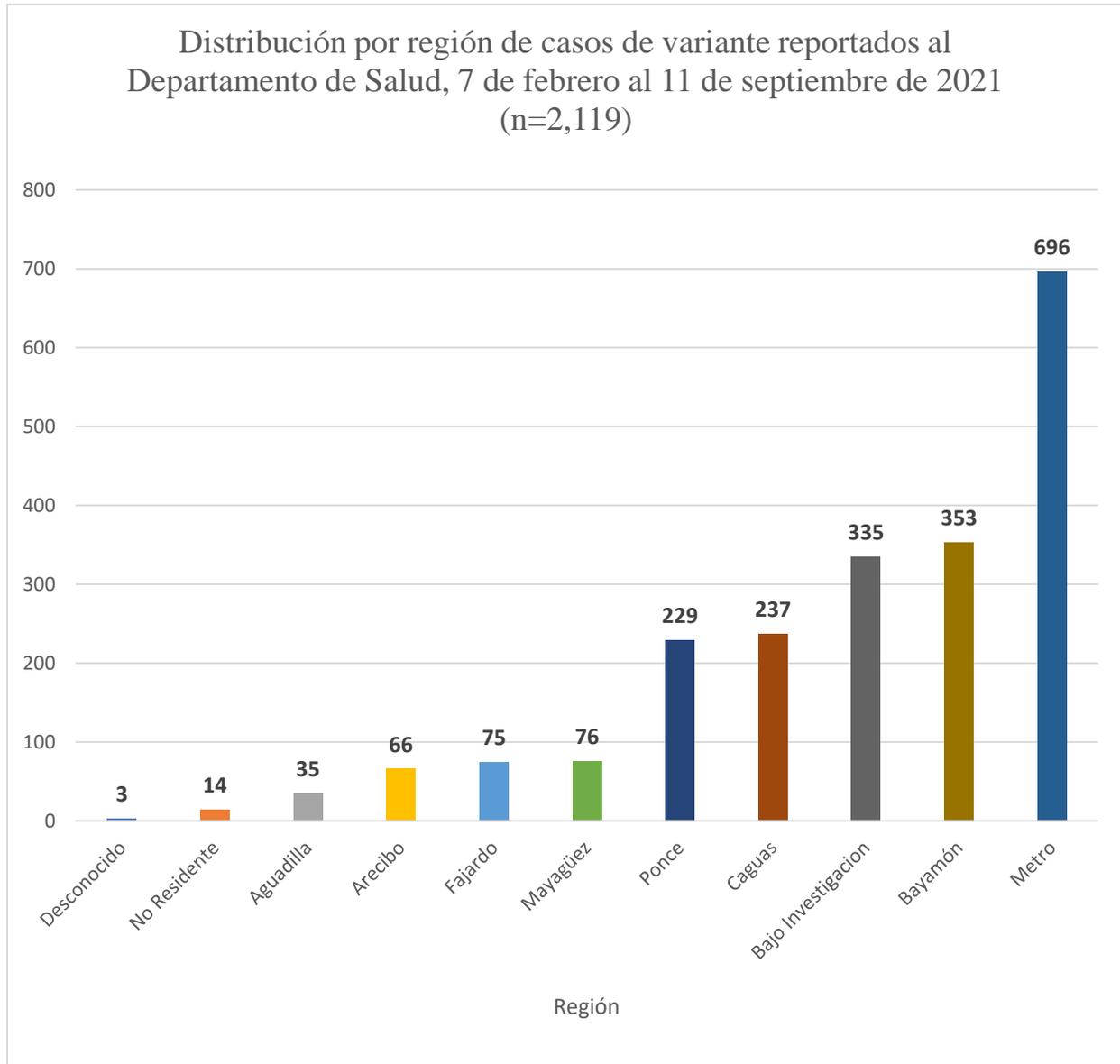


E. Cantidad de casos de variante reportados por entidad que realiza la secuenciación. En esta gráfica se muestra la cantidad de muestras secuenciadas de variantes de preocupación o interés, según definidos por los CDC, reportadas al Departamento de Salud por las entidades que realizan la secuenciación.



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

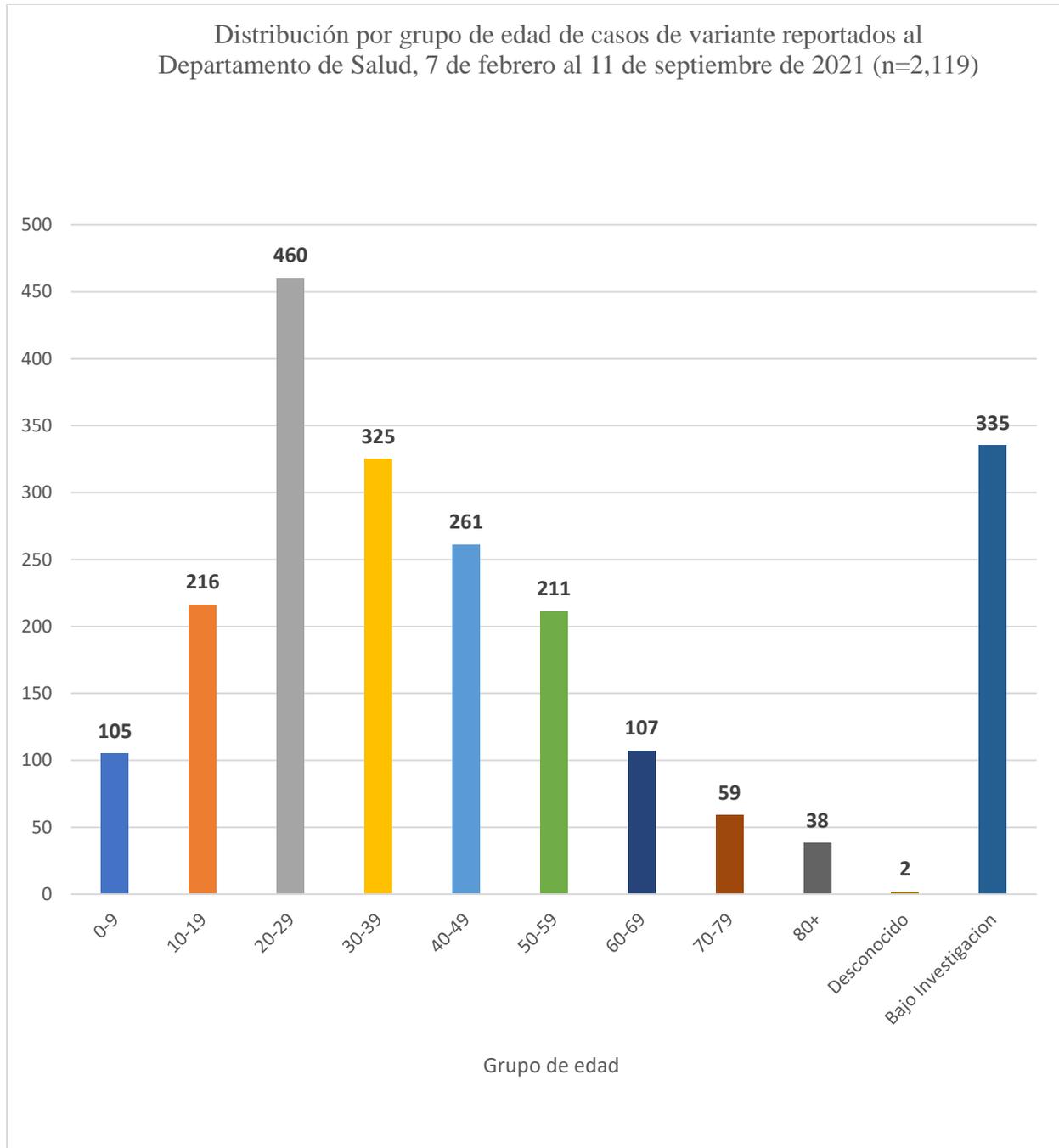
F. Cantidad de casos de variante reportados en cada región de Puerto Rico. En esta gráfica se observa la cantidad de casos de variantes de preocupación o interés, según definidos por los CDC, reportados al Departamento de Salud en cada una de las regiones de salud de Puerto Rico.



G. Cantidad de casos de variante reportados al Departamento de Salud desglosados por región y por tipo de variante, 7 de febrero al 11 de septiembre de 2021 (n=2,119). En esta tabla se muestra la cantidad de casos de variantes de preocupación o interés, 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	Delta	Iota	Gamma	Epsilon	Eta	Kappa	Zeta	Beta	Total
METRO	236	360	65	21	6	6	1	1	0	696
BAYAMÓN	178	121	39	7	6	1	0	0	1	353
BAJO INVESTIGACION	190	94	41	4	6	0	0	0	0	335
CAGUAS	89	127	10	4	6	0	1	0	0	237
PONCE	106	80	38	2	3	0	0	0	0	229
MAYAGÜEZ	14	19	39	4	0	0	0	0	0	76
FAJARDO	29	28	10	3	3	1	0	1	0	75
ARECIBO	34	11	17	1	3	0	0	0	0	66
AGUADILLA	13	4	16	1	1	0	0	0	0	35
NO RESIDENTE	3	6	5	0	0	0	0	0	0	14
DESCONOCIDO	1	0	0	0	2	0	0	0	0	3
TOTAL	893	850	280	47	36	8	2	2	1	2,119

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 o interés, 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 11 de septiembre de 2021 (n=2,119). En esta tabla se observa la cantidad de casos de variantes de preocupación o interés, 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=893	73	5	67	190
Beta Total=1	0	0	0	0
Gamma Total=47	12	8	3	4
Delta Total=850	136	17	125	94
Epsilon Total=36	9	1	3	6
Zeta Total=2	1	0	0	0
Eta Total=8	0	0	0	0
Iota Total=280	22	1	30	41
Kappa Total=2	1	0	0	0
TOTAL = 2,119	254	32	228	335

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 11 de septiembre de 2021 (n=2,119). En esta tabla se presenta información sobre la sintomatología y el curso de la enfermedad de los pacientes identificados con variantes de preocupación o interés, según definidos por los CDC.

VARIANTE	Sintomáticos	Sintomáticos que requirieron hospitalización	Asintomáticos	Información de sintomatología desconocida²	Bajo Investigación³
Alfa Total=893	553	53	102	48	190
Beta Total=1	0	0	1	0	0
Gamma Total=47	30	3	9	4	4
Delta Total=850	552	37	68	136	94
Epsilon Total=36	26	1	1	3	6
Zeta Total=2	2	0	0	0	0
Eta Total=8	7	1	1	0	0
Iota Total=280	185	19	41	13	41
Kappa Total=2	2	0	0	0	0
TOTAL = 2,119	1,357	114	223	204	335

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 11 de septiembre de 2021 (n=2,119). En esta tabla se presenta el estatus actual de los pacientes identificados con variantes de preocupación o interés, según definidos por los CDC.

VARIANTE	Recuperado ⁴	Fallecido	Bajo Seguimiento ⁵	Estatus Desconocido ⁶	Bajo Investigación ⁷
Alfa Total=893	640	16	0	47	190
Beta Total=1	1	0	0	0	0
Gamma Total=47	36	0	0	7	4
Delta Total=850	489	7	7	253	94
Epsilon Total=36	26	0	0	4	6
Zeta Total=2	2	0	0	0	0
Eta Total=8	8	0	0	0	0
Iota Total=280	221	5	0	13	41
Kappa Total=2	2	0	0	0	0
TOTAL = 2,119	1,425	28	7	324	335

⁴Recuperado implica que el aislamiento fue discontinuado.

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 (Referencia: Clasificaciones y definiciones de las variantes del SARS-CoV-2 del 14 de septiembre de 2021. Fuente: <https://www.cdc.gov/coronavirus/2019-ncov/variants/variant-info.html>)

A. Variante de interés: tiene 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 incluye: Eta (B.1.525), Iota (B.1.526), Kappa (B.1.617.1) y B.1.617.3.

**A partir del 27 de julio de 2021, la variante Zeta (P.2) fue eliminada de la lista de variantes de interés por los CDC*

***A partir del 17 de agosto de 2021, la variante Epsilon (B.1.427 y B.1.429) fue eliminada de la lista de variantes de interés por los CDC*

B. Variante de preocupación: existe evidencia de una mayor transmisibilidad, casos más graves de enfermedad (mayor cantidad de hospitalizaciones o muertes), reducción significativa en la neutralización por los anticuerpos generados durante una infección anterior o la vacunación, menor efectividad de los tratamientos o las vacunas, o fallas de detección de diagnóstico. **Al momento incluye: Alfa (B.1.1.7), Beta (B.1.351), Gamma (P.1) y Delta (B.1.617.2).**

C. Variante de gran consecuencia: muestra una clara evidencia de que las medidas de prevención o las medidas médicas paliativas han reducido significativamente la efectividad con respecto a las variantes que circularon previamente. Actualmente, no hay variantes del SARS-CoV-2 que alcancen el nivel de gran consecuencia.

D. Tipos de variante identificadas en Puerto Rico hasta la fecha:

- **Variantes de preocupación:**

- **Alfa-B.1.1.7:** inicialmente detectada en Reino Unido. Características: alrededor de 50% de aumento de transmisión y un probable aumento en gravedad de síntomas. Se entiende tiene un impacto mínimo en la efectividad del tratamiento de anticuerpos monoclonales, los sueros de convalecientes y la vacunación.
- **Beta-B.1.351:** inicialmente detectada en Sudáfrica. Características: alrededor de 50% de aumento de transmisión y un probable aumento en gravedad de síntomas. Impacto moderado en la efectividad del tratamiento de anticuerpos monoclonales, los sueros de convalecientes y la vacunación.
- **Gamma-P.1:** Inicialmente detectada en Brasil. Características: reducción en neutralización por algunos tratamientos monoclonales, por sueros de convaleciente y por la vacunación.
- **Delta-B.1.617.2:** inicialmente identificada en la India. Características: mayor transmisibilidad, reducción en la efectividad del tratamiento de anticuerpos monoclonales, los sueros de convalecientes y la vacunación.

- **Variantes de Interés:**

- **Eta-B.1.525:** inicialmente detectada en Nueva York. Características: posible reducción en la efectividad del tratamiento de anticuerpos monoclonales, los sueros de convalecientes y la vacunación.

- **Iota-B.1.526:** inicialmente detectada en Nueva York. Características: susceptibilidad reducida a la combinación de los tratamientos de anticuerpos monoclonales bamlanivimab y etesevimab, los sueros de convalecientes y la vacunación.
- **Kappa-B.1.617.1:** inicialmente identificada en la India. Características: posible reducción en la efectividad del tratamiento de anticuerpos monoclonales, los sueros de convalecientes y la vacunación.
- **B.1.617.3:** inicialmente identificada en la India. Características: posible reducción en la efectividad del tratamiento de anticuerpos monoclonales, los sueros de convalecientes y la vacunación.

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