

DEPARTAMENTO DE SALUD

SECRETARÍA AUXILIAR PARA LA VIGILANCIA
Y PROTECCIÓN DE LA SALUD PÚBLICA

DIVISIÓN DE EPIDEMIOLOGÍA E INVESTIGACIÓN

Vigilancia Genómica de COVID-19

Informe Anual | Año 2024

Fecha: 24 de junio de 2025



DEPARTAMENTO DE

SALUD

GOBIERNO DE PUERTO RICO



DEPARTAMENTO DE SALUD

SECRETARÍA AUXILIAR PARA LA VIGILANCIA Y PROTECCIÓN DE LA SALUD PÚBLICA
DIVISIÓN DE EPIDEMIOLOGÍA E INVESTIGACIÓN

Tabla de Contenido

I.	Introducción	3
II.	Metodología	5
A.	Criterios de aceptación de muestras positivas a SARS-CoV-2	5
B.	Proceso de envío de muestras y recibo de resultados	5
C.	Recopilación de datos de la Vigilancia Genómica de COVID-19	6
III.	Resultados	7
A.	Cobertura de Secuenciación	7
B.	Prevalencia de linajes de SARS-CoV-2 desde el 2 de enero de 2022 al 28 de diciembre de 2024	10
C.	Prevalencia de linajes de SARS-CoV-2 desde el 2 de enero al 28 de diciembre de 2024	12
D.	Distribución de linajes de SARS-CoV-2 por sexo	17
E.	Distribución de linajes de SARS-CoV-2 por grupo de edad	19
F.	Distribución de linajes de SARS-CoV-2 por región de salud	21
G.	Distribución de linajes de SARS-CoV-2 identificados en viajeros	25
H.	Distribución de variantes y linajes de SARS-CoV-2 identificados en hospitalizados y fallecidos	26
IV.	Sistema de Vigilancia de Aguas Residuales.....	27
A.	Trasfondo	27
B.	Resultados	28
V.	Limitaciones	29
VI.	Fuentes de datos	29
VII.	<i>Disclaimer</i>	29
	Anejo I. Agrupación de variantes y linajes de SARS-CoV-2 en categorías de interés para la Vigilancia Genómica de COVID-19.....	30
	Anejo II. Regiones de Salud del Departamento de Salud de Puerto Rico	32



I. Introducción

Todos los virus, incluido el SARS-CoV-2, el virus que causa el COVID-19, cambian o mutan con el tiempo.¹ Estas mutaciones ocurren aún más rápido en virus que tienen ARN como material genético como es el caso del SARS-CoV-2. En su mayoría, estos cambios tienen poco o ningún impacto en las propiedades del virus. En ocasiones, incluso, pueden impactarlo negativamente. Sin embargo, algunos cambios sí afectan propiedades relevantes tales como la facilidad de propagación, la gravedad de la enfermedad asociada, el rendimiento de las vacunas, los medicamentos terapéuticos y las herramientas de diagnóstico. Cuando uno o varios de estos cambios ocurren, puede haber una ventaja competitiva sobre los otros linajes. Con el tiempo, ciertos linajes con estas ventajas se tornan más prevalentes y circulan en una población. Con respecto al SARS-CoV-2, cuando un linaje o grupo de linajes tiene atributos que requieren acciones de salud pública, las entidades de salud pública pueden designarlos como variantes bajo monitoreo, variantes de preocupación, o variantes de interés.² Para ayudar en la discusión pública referente a las variantes, la Organización Mundial de la Salud (OMS) ha utilizado denominaciones con el alfabeto griego como una forma práctica de referirse a las variantes con otras audiencias. Comenzando en marzo del año 2023, la OMS anunció que las denominaciones griegas serían asignadas sólo a las variantes de preocupación (VOC, por sus siglas en inglés). Sin embargo, las variantes de interés (VOI, por sus siglas en inglés) serían nombradas según los sistemas de nomenclatura como Pango o Nextstrain.¹ Dada la continua evolución del SARS-CoV-2 y el impacto de las variantes sobre la salud pública, las variantes pueden reclasificarse a base de sus atributos y prevalencia.³

En este contexto, el rol de un sistema de vigilancia genómica es rastrear la propagación de las variantes con el fin de monitorear la evolución de los virus a través del tiempo y describir sus efectos en la población. De esta manera, se busca desarrollar intervenciones de salud pública, así como informar futuras decisiones de política pública. En Puerto Rico, el Sistema de Vigilancia Genómica de COVID-19 del Departamento de Salud (DSPR) se estableció en febrero 2021, aunque los esfuerzos de secuenciación comenzaron en el 2020. La vigilancia se basa en pruebas diagnósticas de COVID-19 que provienen de diversas fuentes (véase Figura 1). Este proceso culmina con el enlace de los resultados de secuenciación con la información proveniente de la investigación de caso realizada a cada paciente, integrada en la plataforma BioPortal. Esta investigación recoge principalmente datos sociodemográficos e información sobre sintomatología, historial de exposiciones y curso de la enfermedad.

En términos generales, el sistema se alimenta de dos fuentes: 1) resultados genómicos provenientes de muestras que fueron enviadas a secuenciar por la Vigilancia Genómica a laboratorios colaboradores, y 2) resultados genómicos provenientes de laboratorios e iniciativas independientes que, al culminar el proceso de secuenciación, reportan sus resultados a la Vigilancia Genómica del

¹ World Health Organization. (2025). Tracking SARS-CoV-2 variants. Recuperado el 28 de enero de 2025, de <https://www.who.int/en/activities/tracking-SARS-CoV-2-variants/>

² World Health Organization. (2024). Updated working definitions and primary actions for SARS-CoV-2 variants. Recuperado el 28 de enero de 2025, de <https://www.who.int/publications/m/item/updated-working-definitions-and-primary-actions-for--sars-cov-2-variants>

³ Centers for Disease Control and Prevention. (2023). SARS-CoV-2 Interagency Group. Recuperado el 28 de enero de 2025, de <https://www.cdc.gov/covid/php/interagency-group/index.html>

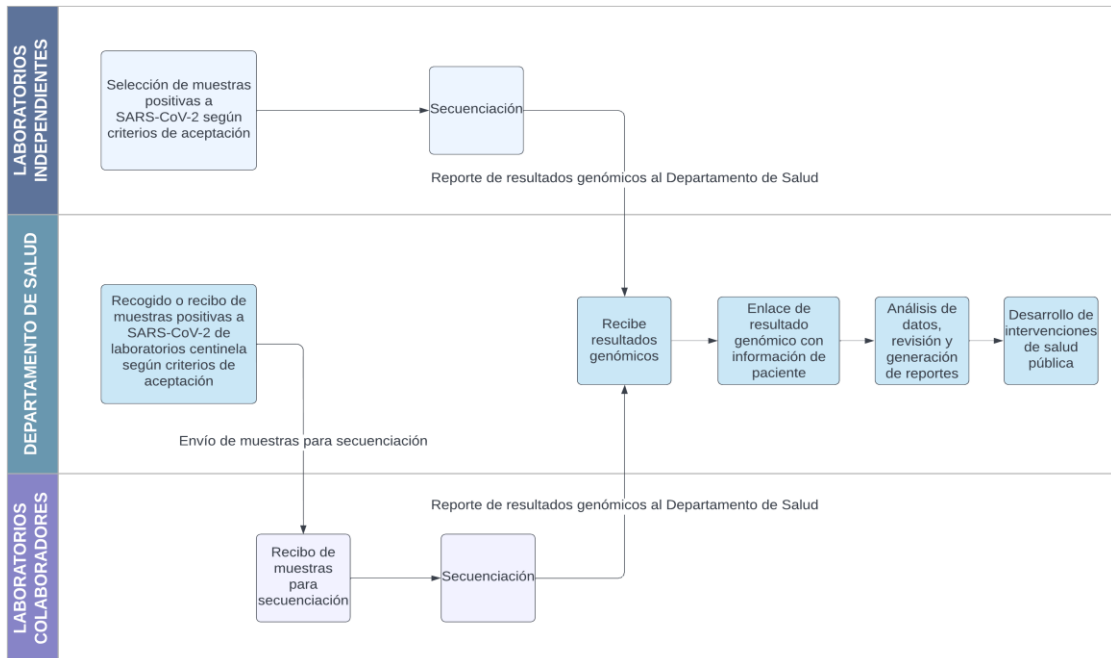


DEPARTAMENTO DE SALUD

SECRETARÍA AUXILIAR PARA LA VIGILANCIA Y PROTECCIÓN DE LA SALUD PÚBLICA
DIVISIÓN DE EPIDEMIOLOGÍA E INVESTIGACIÓN

DSPR. Cabe mencionar que no todas las muestras positivas de COVID-19 son candidatas para secuenciar. Se establecieron múltiples criterios para la aceptación de muestras moleculares asegurando un alto nivel de calidad en la asignación de linajes (véase Sección II-A) El DSPR se esfuerza por obtener muestras representativas de la Isla, así como de poblaciones vulnerables o de interés como los viajeros.

En la **Figura 1** se resumen los procesos internos de la Vigilancia Genómica, así como los externos que producen los resultados genómicos válidos con información de paciente utilizados para generar este informe.





II. Metodología

A. Criterios de aceptación de muestras positivas a SARS-CoV-2

Para asegurar un alto nivel de calidad en las muestras de SARS-CoV-2 al ser recibidas por el Sistema de Vigilancia Genómica de COVID-19, estas deben cumplir con los siguientes criterios:

1. Muestras nasofaríngeas, nasales y de saliva,
2. Muestras que sean positivas por Real-time Polymerase Chain Reaction (RT-PCR),
3. Muestras que hayan sido colectadas dentro de las últimas 72 horas,
4. Tras ser colectadas, las muestras deben almacenarse a una temperatura de 2–8°C. Si se anticipa que las muestras no se distribuirán antes de 72 horas, se deben congelar -80°C,
5. Muestras que hayan sido almacenadas en medios que permitan la secuenciación tales como Phosphate-Buffered Saline 0.85% (salina 0.85%), Viral Transport Media (VTM) o Universal Transport Media (UTM),
6. Muestras que tengan un valor de *Cycle Threshold*⁴ (CT) menor o igual a 30 (≤ 30).

B. Proceso de envío de muestras y recibo de resultados

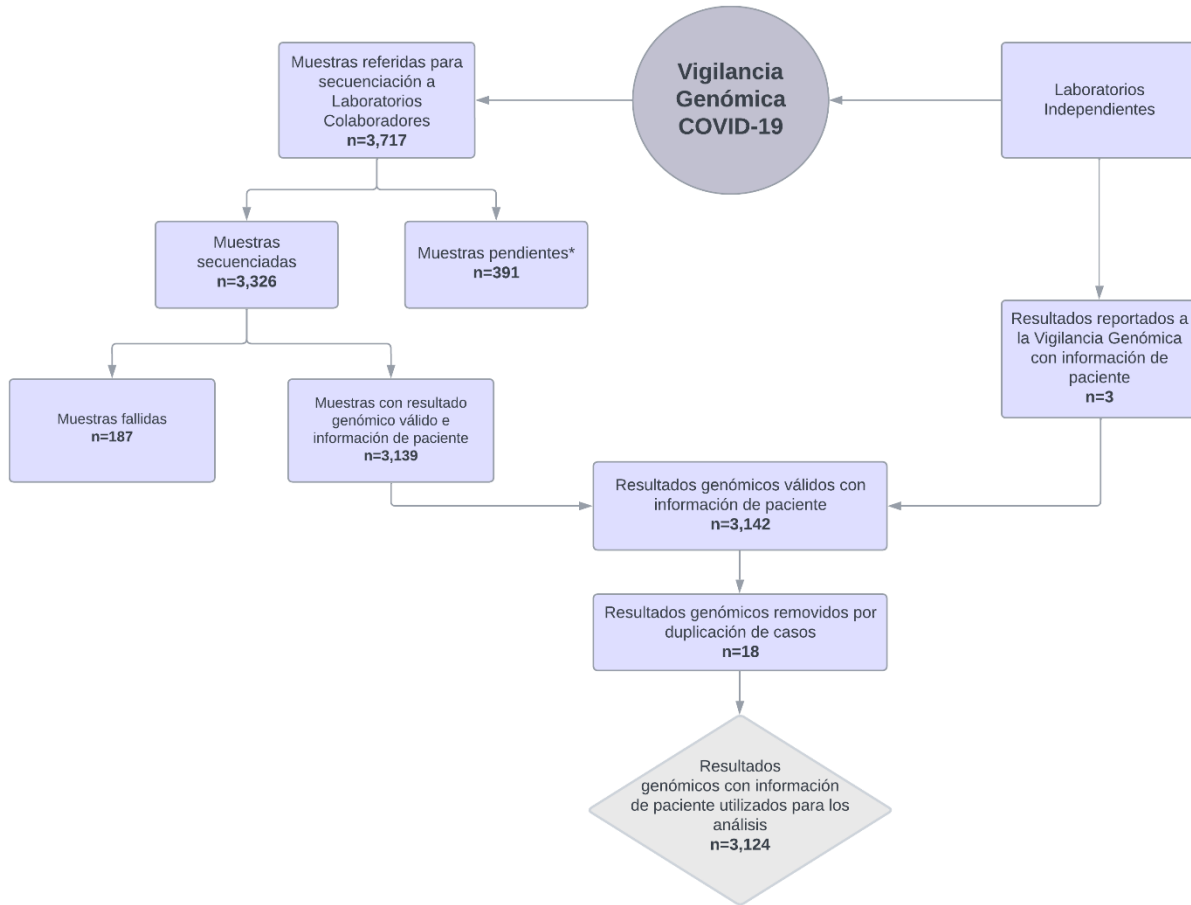
A grandes rasgos, el Sistema de Vigilancia Genómica de COVID-19 lleva a cabo varias actividades de manera continua. La primera consiste en el recogido y envío de muestras provenientes de laboratorios centinela distribuidos en toda la Isla, las cuales son enviadas a laboratorios colaboradores locales para su secuenciación.⁵ La segunda actividad es el recibo de resultados genómicos generados por laboratorios independientes, los cuales procesan muestras y reportan directamente a la Vigilancia Genómica de COVID-19. Una vez recibidos los resultados válidos de secuenciación, tanto de los laboratorios colaboradores como de los independientes, la Vigilancia enlaza estos datos con la información del paciente. A partir de estos resultados se generan reportes periódicos y se alimenta el [portal oficial de datos](#) del Departamento de Salud. En la Figura 2 se detallan los productos de las distintas actividades, así como el flujo de información.

⁴ *Cycle Threshold* (CT) o umbral de ciclos: número de ciclos de amplificación durante una prueba PCR necesarios para detectar el material genético del patógeno. Valores bajos indican mayor cantidad inicial del patógeno.

⁵ En años previos, se enviaron muestras para secuenciación a laboratorios en los Estados Unidos como parte de la iniciativa de Vigilancia Genómica Nacional de los Centros para el Control y la Prevención de Enfermedades (CDC, por sus siglas en inglés). Además, se incluyeron muestras provenientes de un centro de pruebas (*testing center*) ubicado en el Aeropuerto Internacional Luis Muñoz Marín, cuyo propósito principal fue monitorear la entrada de nuevas variantes o linajes de SARS-CoV-2 a través de la principal vía de acceso al país. Los resultados de estas actividades han sido presentados en informes previos.



Figura 2. Desglose de muestras recibidas y enviadas para secuenciación, y resultados genómicos recibidos y validados durante el 2024



Nota: *Las muestras pendientes son aquellas que se encuentran actualmente en proceso de secuenciación o muestras en espera de ser enviadas a secuenciar.

C. Recopilación de datos de la Vigilancia Genómica de COVID-19

El banco de datos de la Vigilancia Genómica (alojado en REDCap^{6,7,8}) enlaza los resultados genómicos con la información epidemiológica contenida en el formulario de

⁶ Research Electronic Data Capture (REDCap): plataforma segura diseñada para el almacenamiento y manejo de datos.

⁷ Harris, P. A., Taylor, R., Minor, B. L., Elliott, V., Fernandez, M., O'Neal, L., McLeod, L., Delacqua, G., Delacqua, F., Kirby, J., & Duda, S. N. (2019). The REDCap consortium: Building an international community of software platform partners. *Journal of Biomedical Informatics*, 95(1), 103208. <https://doi.org/10.1016/j.jbi.2019.103208>

⁸ Harris, P. A., Taylor, R., Thielke, R., Payne, J., Gonzalez, N., & Conde, J. G. (2009). Research electronic data capture (REDCap)—A metadata-driven methodology and workflow process for providing translational research informatics support. *Journal of Biomedical Informatics*, 42(2), 377–381. <https://doi.org/10.1016/j.jbi.2008.08.010>



DEPARTAMENTO DE SALUD

SECRETARÍA AUXILIAR PARA LA VIGILANCIA Y PROTECCIÓN DE LA SALUD PÚBLICA
DIVISIÓN DE EPIDEMIOLOGÍA E INVESTIGACIÓN

Investigación de Caso COVID-19, integrado en la plataforma BioPortal. La base de datos sólo contiene resultados genómicos de muestras colectadas en Puerto Rico y de las cuales se tiene la información de paciente. Entre las variables incluidas en la base de datos se encuentran, pero no se limitan a: linajes de SARS-CoV-2 reportados, fecha de toma de muestra, laboratorio que procesó la muestra, entidad que realizó la secuenciación, nombre del paciente, fecha de nacimiento, edad, sexo, municipio y región de residencia, exposición a viaje, sintomatología, hospitalización, fallecimiento, entre otras.

En la siguiente sección se presentan los resultados de los análisis realizados por la Vigilancia Genómica para el año 2024, semanas epidemiológicas 1 a la 52 (2 de enero de 2024 al 28 de diciembre de 2024).

III. Resultados

Para facilitar análisis y comparativas se crearon las siguientes categorías basadas en la prevalencia o el alto potencial de transmisión de los linajes/sublinajes de SARS-CoV-2. En el Anejo I, se describen estas categorías:

- | | |
|------------|---------------------------------|
| 1) EG.5 | 12) KP.2.2 |
| 2) JN.1 | 13) KP.2.3 |
| 3) JN.1.1 | 14) KP.3 |
| 4) JN.1.4 | 15) KP.3.1.1 |
| 5) JN.1.7 | 16) JN.1.16 |
| 6) JN.1.18 | 17) JN.1.18 |
| 7) LB.1 | 18) LZ.1.1 |
| 8) LB.1.3 | 19) JN.1.39 |
| 9) LB.1.7 | 20) JN.1.45 |
| 10) KP.1 | 21) XEC |
| 11) KP.2 | 22) Otros linajes de SARS-CoV-2 |

A. Cobertura de Secuenciación

La cobertura de secuenciación se define como el número de muestras con resultados genómicos válidos y con toma de muestra entre el 2 de enero al 28 de diciembre de 2024 entre la totalidad de pruebas moleculares positivas realizadas en ese mismo periodo. El porcentaje de cobertura podría estar subestimado ya que la cantidad de pruebas moleculares incluye pruebas que no son aptas para la secuenciación tales como la *ID Now*, *Accula*, entre otras.



DEPARTAMENTO DE SALUD

SECRETARÍA AUXILIAR PARA LA VIGILANCIA Y PROTECCIÓN DE LA SALUD PÚBLICA
DIVISIÓN DE EPIDEMIOLOGÍA E INVESTIGACIÓN

Se han establecido las siguientes categorías como indicadores de secuenciación: un porcentaje mayor al 5.00% sugiere una cobertura de secuenciación excelente.^{9,10} Un porcentaje entre 4.99% a 2.50% representa una cobertura buena y que puede ser representativa de las variantes circulando en el periodo.^{11,12} Un porcentaje entre el 2.49% y 1.50% sugiere que estamos monitoreando una muestra moderada cuando se compara con el nivel esperado, la cual podría no ser representativa. Mientras que un valor menor al 1.49% significa que estamos secuenciando una cantidad de muestras baja por lo tanto no es representativa de la población. En la **Tabla 1** se muestran estas categorías. De manera general, para todo el periodo, se alcanzó un nivel de cobertura de 16.04% lo cual se categoriza como excelente. De manera individual, todas las semanas del año 2024 (52 semanas, 100%) alcanzaron el nivel recomendado para la evaluación de distribución de linajes en circulación.

Tabla 1. Categorías para la cobertura de secuenciación de muestras positivas a SARS-CoV-2

Cobertura de secuenciación (%)	Categoría	Color
> 5.00	Excelente	Azul
2.50% - 5.00%	Bueno	Verde
1.50% - 2.49%	Moderado	Amarillo
< 1.49%	Bajo	Rojo

La **Gráfica 1** presenta la cobertura de secuenciación estimada en Puerto Rico para todo el año 2024, desde la semana epidemiológica 1 a la 52. La cobertura de secuenciación fue excelente desde la semana epidemiológica 1 hasta la semana epidemiológica 52. Sin embargo, se observó una disminución en la cobertura de secuenciación durante los meses de febrero, julio, agosto y noviembre. Cabe destacar que los niveles de cobertura más altos se alcanzaron durante los meses de marzo (semanas epidemiológicas 11 y 13) y abril (semana epidemiológica 15).

⁹ Warmbrod, K., West, R., Frieman, M., George, D., Martin, E., & Rivers, C. (2021). Staying Ahead of the Variants: Policy Recommendations to Identify and Manage Current and Future Variants of Concern. <https://centerforhealthsecurity.org/sites/default/files/2023-02/20210216-covid19-variants.pdf>

¹⁰ Vavrek, D., Speroni, L., Curnow, K. J., Oberholzer, M., Moeder, V., & Febbo, P. G. (2021). Genomic surveillance at scale is required to detect newly emerging strains at an early timepoint. <https://doi.org/10.1101/2021.01.12.21249613>

¹¹ European Centre for Disease Prevention and Control. (2021). Guidance for representative and targeted genomic SARS-CoV-2 monitoring. <https://www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/guidance-representative-and-targeted-genomic-sars-cov-2-monitoring>

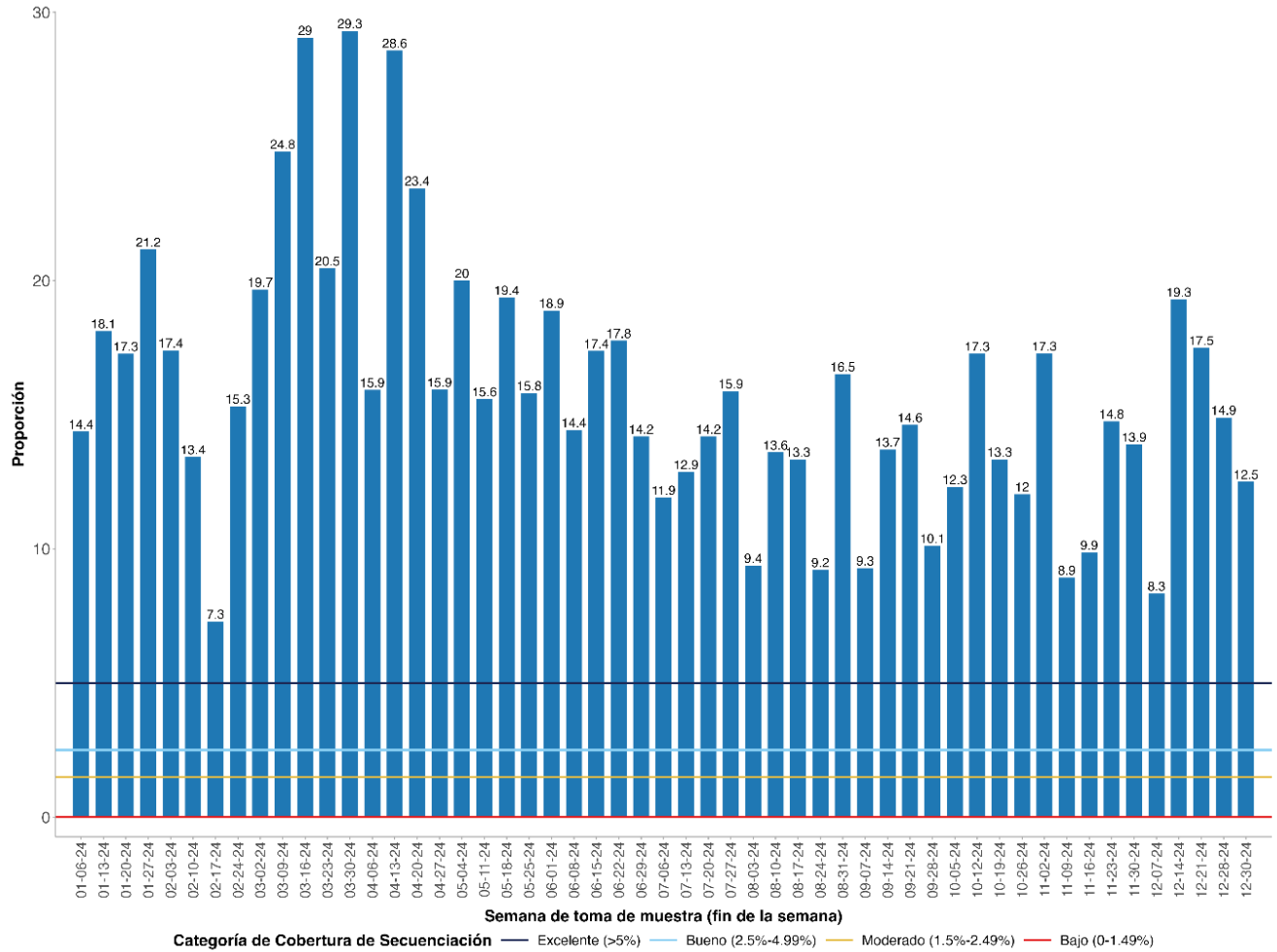
¹² World Health Organization. (2021). Guidance for surveillance of SARS-COV-2 variants: Interim guidance, 9 August 2021. Recuperado el 10 de noviembre de 2022, de <https://apps.who.int/iris/handle/10665/343775>



DEPARTAMENTO DE SALUD

SECRETARÍA AUXILIAR PARA LA VIGILANCIA Y PROTECCIÓN DE LA SALUD PÚBLICA
DIVISIÓN DE EPIDEMIOLOGÍA E INVESTIGACIÓN

Gráfica 1. Proporción de muestras secuenciadas basadas en total de pruebas moleculares en Puerto Rico por semana epidemiológica para el periodo del 2 de enero al 28 de diciembre de 2024 (n=3,124)





DEPARTAMENTO DE SALUD

SECRETARÍA AUXILIAR PARA LA VIGILANCIA Y PROTECCIÓN DE LA SALUD PÚBLICA
DIVISIÓN DE EPIDEMIOLOGÍA E INVESTIGACIÓN

B. Prevalencia de linajes de SARS-CoV-2 desde el 2 de enero de 2022 al 28 de diciembre de 2024

Desde el 2 de enero de 2022 hasta el 28 de diciembre de 2024, se han reportado a la Vigilancia Genómica 21,279 resultados válidos. En la **Gráfica 2** se presenta la frecuencia acumulada de linajes de SARS-CoV-2 más prevalentes o de interés reportados a la Vigilancia Genómica COVID-19 durante este periodo, basado en la fecha de toma de muestra. A lo largo de estos tres años, se ha observado un cambio progresivo en la frecuencia de los linajes circulantes, reflejando la evolución del virus y la introducción de nuevas variantes en distintas fases de la pandemia. Mientras que linajes como BA.1 y BA.2 predominaron en los primeros meses de 2022, estos fueron reemplazados por linajes de BA.5 y, posteriormente, por linajes de XBB y JN.1 hacia finales de 2023 y durante el 2024.

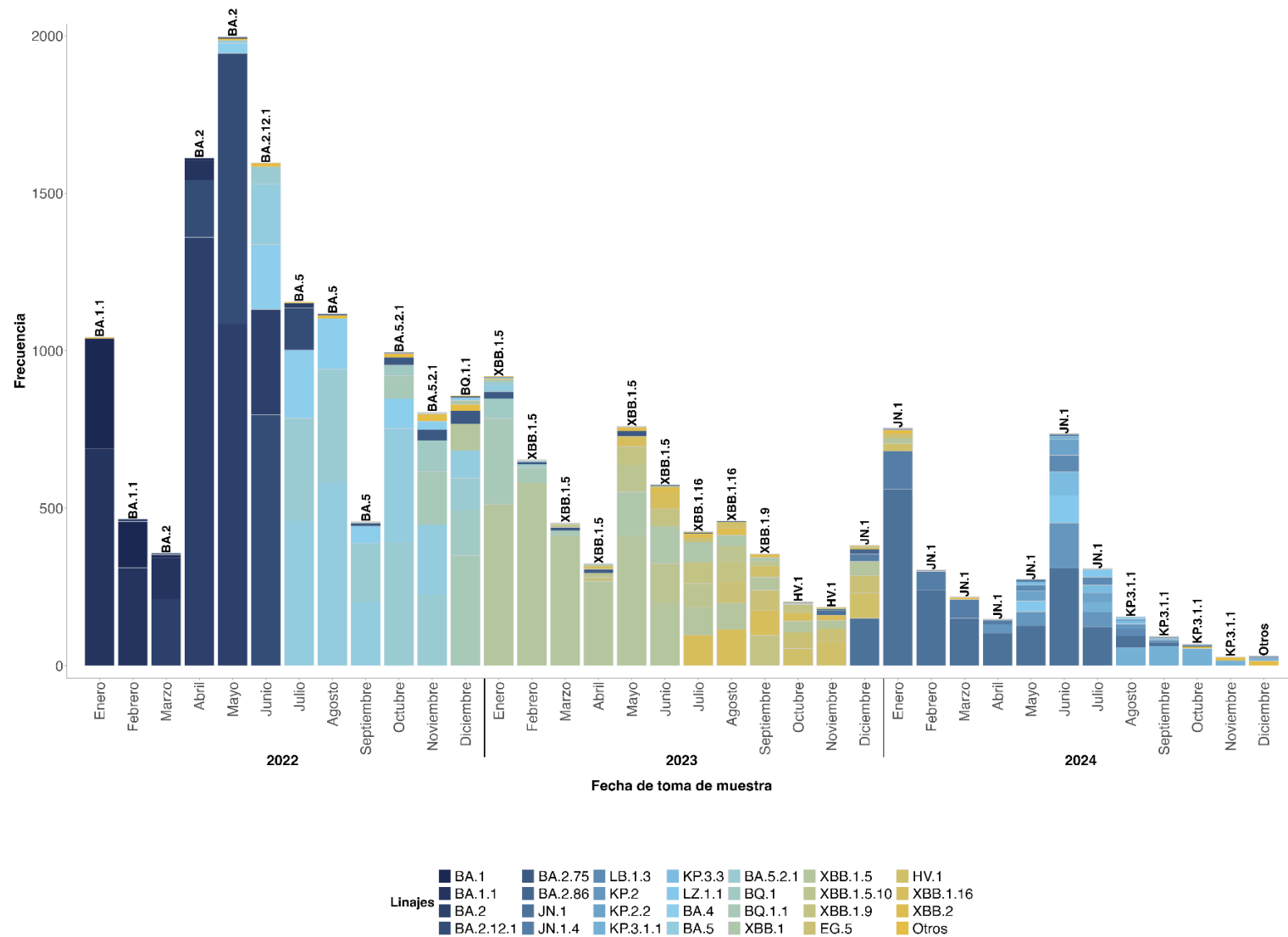
De las muestras secuenciadas durante este periodo de tres años, se identificaron los siguientes linajes: **BA.1** (n=513, 2.4%), **BA.1.1** (n=1,198, 5.6%), **BA.2** (n=3,032, 14.2%), **BA.2.12.1** (n=1,981, 9.3%), **BA.2.75** (n=187, 0.9%), **BA.2.86** (n=24, 0.1%), **JN.1** (n=1,835, 8.6%), **JN.1.4** (n=292, 1.4%), **LB.1.3** (n=125, 0.6%), **KP.2** (n=291, 1.4%), **KP.2.2** (n=120, 0.6%), **KP.3.1.1** (n=240, 1.1%), **KP.3.3** (n=129, 0.6%), **LZ.1.1** (n=154, 0.7%), **BA.4** (n=805, 3.8%), **BA.5** (n=2,145, 10.1%), **BA.5.2.1** (n=1,652, 7.8%), **BQ.1** (n=353, 1.6%), **BQ.1.1** (n=933, 4.4%), **XBB.1** (n=402, 1.9%), **XBB.1.5** (n=2,804, 13.2%), **XBB.1.5.10** (n=367, 1.7%), **XBB.1.9** (n=400, 1.9%), **EG.5** (n=320, 1.5%), **HV.1** (n=293, 1.4%), **XBB.1.16** (n=435, 2.0%), **XBB.2** (n=85, 0.4%) y **otros linajes de SARS-CoV-2** (n=164, 0.8%).



DEPARTAMENTO DE SALUD

SECRETARÍA AUXILIAR PARA LA VIGILANCIA Y PROTECCIÓN DE LA SALUD PÚBLICA
DIVISIÓN DE EPIDEMIOLOGÍA E INVESTIGACIÓN

Gráfica 2. Frecuencia de variantes y linajes de SARS-CoV-2 que se han reportado al Sistema de Vigilancia Genómica de COVID-19 en Puerto Rico durante el periodo del 2 de enero de 2022 al 28 de diciembre de 2024 (n=21,279)





DEPARTAMENTO DE SALUD

SECRETARÍA AUXILIAR PARA LA VIGILANCIA Y PROTECCIÓN DE LA SALUD PÚBLICA
DIVISIÓN DE EPIDEMIOLOGÍA E INVESTIGACIÓN

C. Prevalencia de linajes de SARS-CoV-2 desde el 2 de enero al 28 de diciembre de 2024

En la **Gráfica 3** se presenta la proporción de linajes de SARS-CoV-2 que han sido reportados a la Vigilancia Genómica de COVID-19 desde el 2 de enero al 28 de diciembre de 2024, basado en la fecha de toma de muestra. En la **Gráfica 4** se presenta la frecuencia de linajes de SARS-CoV-2 categorizados reportados durante ese mismo periodo, mientras que la **Gráfica 5** presenta la proporción de dichos linajes dentro del total de muestras secuenciadas. De las muestras secuenciadas durante la semana epidemiológica 1 a la 52, se identificaron los siguientes linajes de SARS-CoV-2: **EG.5** (n=40, 1.3%), **JN.1** (n=821, 26.3%), **JN.1.1** (n=68, 2.2%), **JN.1.4** (n=269, 8.6%), **JN.1.7** (n=132, 4.2%), **JN.1.8** (n=60, 1.9%), **LB.1** (n=55, 1.8%), **LB.1.3** (n=131, 4.2%), **LB.1.7** (n=51, 1.6%), **KP.1** (n=85, 2.7%), **KP.2** (n=189, 6.1%), **KP.2.2** (n=120, 3.8%), **KP.2.3** (n=102, 3.3%), **KP.3** (n=156, 5.0%), **KP.3.1.1** (n=240, 7.7%), **KP.3.3** (n=129, 4.1%), **JN.1.16** (n=63, 2.0%), **JN.1.18** (n=60, 1.9%), **LZ.1.1** (n=154, 4.9%), **JN.1.39** (n=55, 1.8%), **JN.1.45** (n=56, 1.8%), **XEC** (n=32, 1.0%) y **otros linajes de SARS-CoV-2** (n=56, 1.8%). Desde la primera semana epidemiológica de 2024 (2 al 6 de enero), se mantuvo el patrón de dominancia observado a finales de 2023, siendo la variante JN.1 la más dominante. Esta variante se mantuvo dominante hasta la semana epidemiológica 16, representando el 52% de las muestras secuenciadas durante esas dieciséis semanas. A partir del 21 de abril (semana epidemiológica 17), la variante KP.2 se convirtió en la más prevalente, manteniéndose así hasta la semana epidemiológica 22 (26 de mayo al 1 de junio). Durante los meses de junio y julio (semanas epidemiológicas 23 a la 29), además de la variante KP.2, otras dos variantes prevalecieron en las muestras secuenciadas: KP.3.3 y LZ.1.1. Desde la semana epidemiológica 30 (21 de julio), la variante KP.3.1.1 comenzó su periodo de dominancia que sostuvo hasta mediados del mes de noviembre, representando el 50% de las muestras durante esas diecisiete semanas. Finalmente, desde la semana epidemiológica 47 hasta el cierre del año (semana epidemiológica 52; 28 de diciembre), la variante recombinante XEC se convirtió en la más prevalente, representando 51% de las muestras secuenciadas.



DEPARTAMENTO DE SALUD

SECRETARÍA AUXILIAR PARA LA VIGILANCIA Y PROTECCIÓN DE LA SALUD PÚBLICA
DIVISIÓN DE EPIDEMIOLOGÍA E INVESTIGACIÓN

Los linajes predominantes en Puerto Rico durante el 2024 (por ejemplo, JN.1, KP.2 y KP.3.1.1) reflejan patrones similares a los observados en Estados Unidos (EE. UU.), donde estos mismos linajes también presentaron periodos de dominancia en el mismo año.¹³ Esto sugiere que las variantes identificadas en Puerto Rico siguen tendencias similares a las de EE. UU., posiblemente debido a la frecuente interacción y desplazamiento de personas entre ambos lugares. Es importante señalar que la reducción en la frecuencia de detección de ciertos linajes hacia finales del año no debe interpretarse como su desaparición, sino que coincide con una disminución general en la incidencia de casos de COVID-19 en Puerto Rico. Esta menor incidencia reportada puede estar influenciada, en parte, por cambios en las conductas de búsqueda de pruebas diagnósticas, ya que las personas no acuden a los laboratorios con la misma frecuencia que en los primeros años de la pandemia. Dado que las pruebas de laboratorio son la base para el conteo de casos, esta reducción en su utilización impacta directamente la disponibilidad de muestras para secuenciación. Por lo tanto, la distribución observada de linajes durante las últimas semanas del año podría estar influenciada por una menor representatividad del total de casos. Esta limitación debe considerarse al interpretar las tendencias, especialmente en periodos de baja transmisión comunitaria.

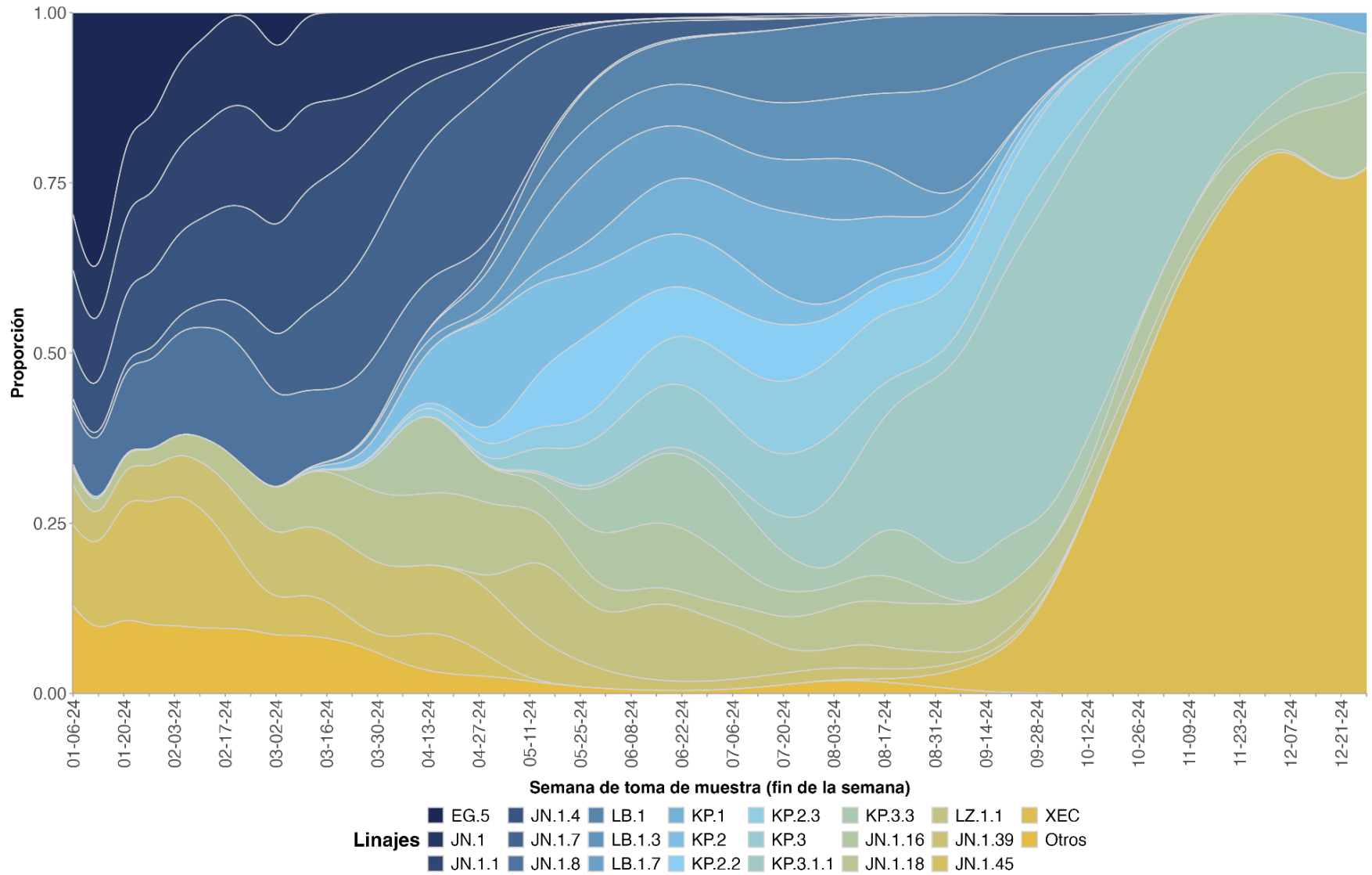
¹³ Centers for Disease Control and Prevention. (2025). COVID Data Tracker: Variant Proportions. Recuperado el 24 de junio de 2025, de https://data.cdc.gov/Laboratory-Surveillance/SARS-CoV-2-Variant-Proportions/jr58-6yxp/about_data



DEPARTAMENTO DE SALUD

SECRETARÍA AUXILIAR PARA LA VIGILANCIA Y PROTECCIÓN DE LA SALUD PÚBLICA
DIVISIÓN DE EPIDEMIOLOGÍA E INVESTIGACIÓN

Gráfica 3. Proporción de variantes y linajes de SARS-CoV-2 que se han reportado al Sistema de Vigilancia Genómica de COVID-19 en Puerto Rico durante el periodo del 2 de enero al 28 de diciembre de 2024 (n=3,124)

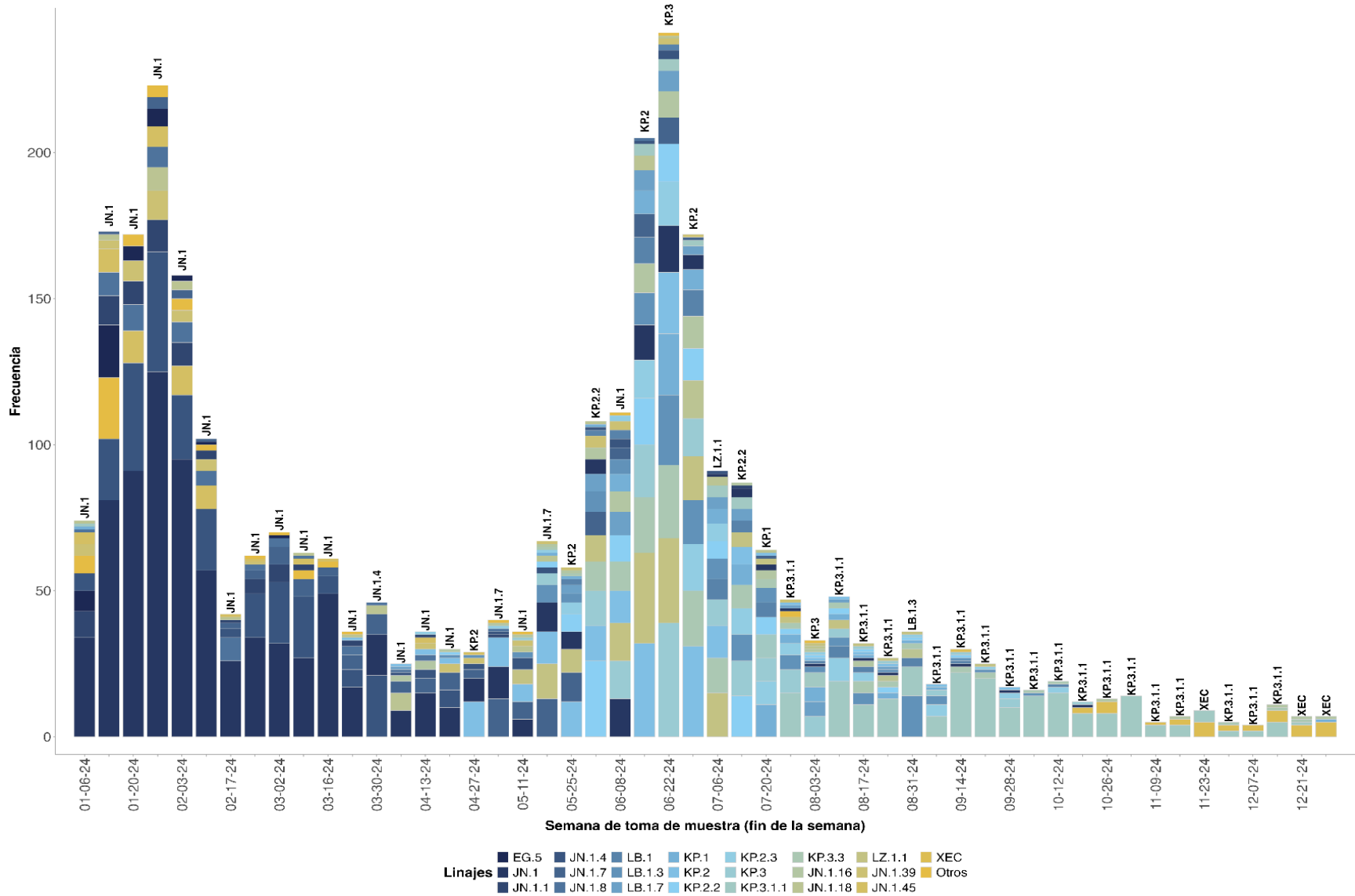




DEPARTAMENTO DE SALUD

SECRETARÍA AUXILIAR PARA LA VIGILANCIA Y PROTECCIÓN DE LA SALUD PÚBLICA
DIVISIÓN DE EPIDEMIOLOGÍA E INVESTIGACIÓN

Gráfica 4. Frecuencia de variantes y linajes de SARS-CoV-2 que se han reportado al Sistema de Vigilancia Genómica de COVID-19 en Puerto Rico durante el periodo del 2 de enero al 28 de diciembre de 2024 (n=3,124)

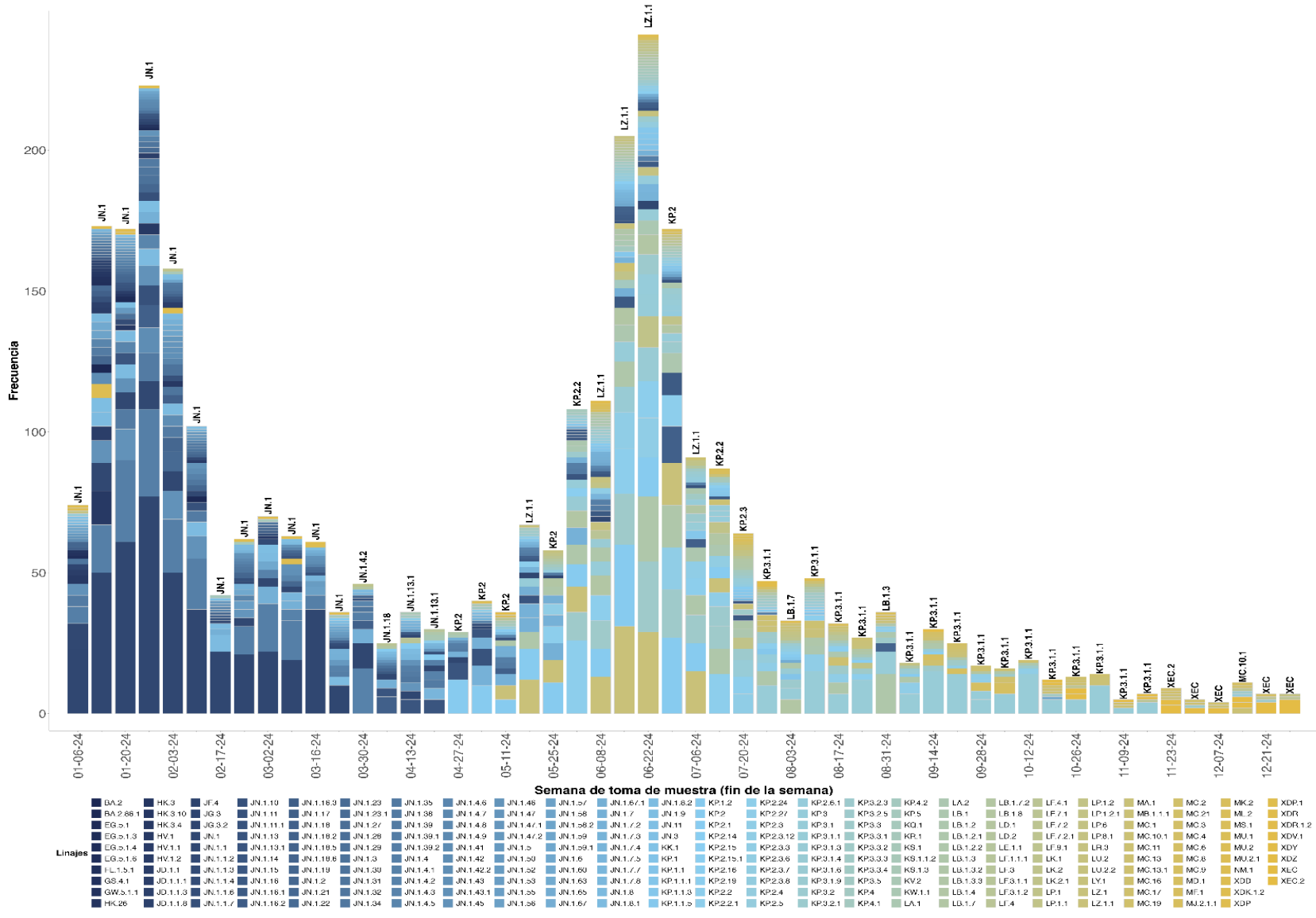




DEPARTAMENTO DE SALUD

SECRETARÍA AUXILIAR PARA LA VIGILANCIA Y PROTECCIÓN DE LA SALUD PÚBLICA
 DIVISIÓN DE EPIDEMIOLOGÍA E INVESTIGACIÓN

Gráfica 5. Frecuencia de variantes y linajes de SARS-CoV-2 que se han reportado al Sistema de Vigilancia Genómica de COVID-19 en Puerto Rico durante el periodo del 2 de enero al 28 de diciembre de 2024 (n=3,124)





DEPARTAMENTO DE SALUD

SECRETARÍA AUXILIAR PARA LA VIGILANCIA Y PROTECCIÓN DE LA SALUD PÚBLICA
DIVISIÓN DE EPIDEMIOLOGÍA E INVESTIGACIÓN

D. Distribución de linajes de SARS-CoV-2 por sexo

En la **Tabla 2** y la **Gráfica 6** se presenta la frecuencia y proporción de casos por linajes de SARS-CoV-2 categorizados que han sido reportados al Departamento de Salud por sexo biológico al nacer desde el 2 de enero al 28 de diciembre de 2024. Entre los casos reportados a la Vigilancia Genómica durante el año 2024, el 55% correspondió a personas de sexo femenino y el 45 % a personas de sexo masculino. Esta tendencia hacia una mayor proporción de casos en mujeres se observó en la mayoría de los linajes identificados, incluyendo EG.5 (75%), JN.1.7 (67%) y JN.1.1 (66%). Sin embargo, algunos linajes mostraron una mayor proporción de casos en hombres, como JN.1.18 (70% masculino), JN.1.39 (56.4% masculino) y JN.1.45 (58.9% masculino). Estos resultados reflejan únicamente los casos secuenciados y reportados a la Vigilancia Genómica y no necesariamente representan la distribución de infecciones por sexo a nivel poblacional (véase Tabla 2).

Tabla 2. Frecuencia y proporción de linajes de Ómicron categorizados por sexo que se han reportado al Sistema de Vigilancia Genómica COVID-19 en Puerto Rico durante el periodo del 2 de enero al 28 de diciembre de 2024* (n=3,124)

Categorías	Sexo		Total n (%)
	Femenino n (%)	Masculino n (%)	
EG.5	30 (75.0)	10 (25.0)	40 (100.0)
JN.1	447 (54.4)	374 (45.6)	821 (100.0)
JN.1.1	45 (66.2)	23 (33.8)	68 (100.0)
JN.1.4	128 (47.6)	141 (52.4)	269 (100.0)
JN.1.7	88 (66.7)	44 (33.3)	132 (100.0)
JN.1.8	42 (70.0)	18 (30.0)	60 (100.0)
LB.1	30 (54.5)	25 (45.5)	55 (100.0)
LB.1.3	73 (55.7)	58 (44.3)	131 (100.0)
LB.1.7	29 (56.9)	22 (43.1)	51 (100.0)
KP.1	56 (65.9)	29 (34.1)	85 (100.0)
KP.2	93 (49.2)	96 (50.8)	189 (100.0)
KP.2.2	56 (46.7)	64 (53.3)	120 (100.0)
KP.2.3	52 (51.0)	50 (49.0)	102 (100.0)
KP.3	87 (55.8)	69 (44.2)	156 (100.0)
KP.3.1.1	138 (57.5)	102 (42.5)	240 (100.0)



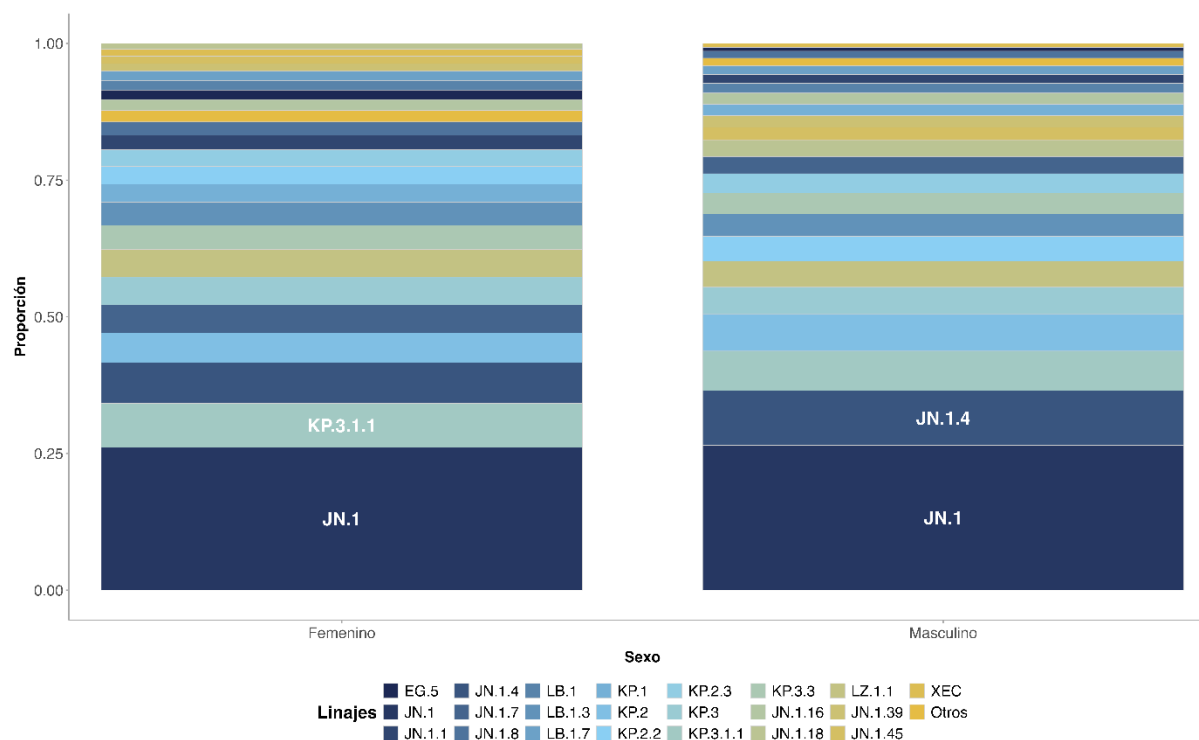
DEPARTAMENTO DE SALUD

SECRETARÍA AUXILIAR PARA LA VIGILANCIA Y PROTECCIÓN DE LA SALUD PÚBLICA
DIVISIÓN DE EPIDEMIOLOGÍA E INVESTIGACIÓN

Categorías	Sexo		Total n (%)
	Femenino n (%)	Masculino n (%)	
KP.3.3	75 (58.1)	54 (41.9)	129 (100.0)
JN.1.16	34 (54.0)	29 (46.0)	63 (100.0)
JN.1.18	18 (30.0)	42 (70.0)	60 (100.0)
LZ.1.1	87 (56.5)	67 (43.5)	154 (100.0)
JN.1.39	24 (43.6)	31 (56.4)	55 (100.0)
JN.1.45	23 (41.1)	33 (58.9)	56 (100.0)
XEC	22 (68.8)	10 (31.2)	32 (100.0)
Otros	36 (64.3)	20 (35.7)	56 (100.0)
Total	1,713 (54.8)	1,411 (45.2)	3,124 (100.0)

*Porcientos (%) por fila.

Gráfica 6. Proporción de variantes y linajes de SARS-CoV-2 por sexo que se han reportado al Sistema de Vigilancia Genómica de COVID-19 en Puerto Rico durante el periodo del 2 de enero al 28 de diciembre de 2024 (n=3,124)





DEPARTAMENTO DE SALUD

SECRETARÍA AUXILIAR PARA LA VIGILANCIA Y PROTECCIÓN DE LA SALUD PÚBLICA
DIVISIÓN DE EPIDEMIOLOGÍA E INVESTIGACIÓN

E. Distribución de linajes de SARS-CoV-2 por grupo de edad

En la **Tabla 3** y la **Gráfica 7** se presenta la frecuencia y proporción de linajes de SARS-CoV-2 categorizados por grupo de edad reportados al Sistema de Vigilancia Genómica de COVID-19 desde el 2 de enero al 28 de diciembre de 2024. Entre los casos reportados a la Vigilancia Genómica, la mayor proporción correspondió a personas entre 18 y 49 años (44%), seguidas por adultos de 50 a 64 años (27%) y personas mayores de 65 años (22%). Los menores de 18 años representaron solo el 7% del total reportado. Algunas variantes presentaron distribuciones etarias particulares. Por ejemplo, EG.5 y KP.1 mostraron una mayor proporción de casos en personas mayores de 65 años (35%), mientras que KP.3.1.1 se distribuyó de forma más equitativa entre los grupos de 18 a 49 años (31%) y 65 años o más (33%). Por otro lado, linajes como JN.1.4 y KP.2.2 se identificaron en mayor proporción en el grupo de 18-49 años (52.0% y 52.5%, respectivamente). Estos resultados reflejan únicamente los casos secuenciados y reportados a la Vigilancia Genómica y no necesariamente representan la distribución de infecciones por grupo etario a nivel poblacional (véase Tabla 3).

Tabla 3. Frecuencia y proporción de linajes de Ómicron categorizados por grupo de edad que se han reportado al Sistema de Vigilancia Genómica COVID-19 en Puerto Rico, acumulados durante el periodo del 2 de enero al 28 de diciembre de 2024* (n=3,124)

Categorías	Grupo de edad				Total n (%)
	<18 n (%)	18-49 n (%)	50-64 n (%)	65+ n (%)	
EG.5	5 (12.5)	14 (35.0)	7 (17.5)	14 (35.0)	40 (100.0)
JN.1	55 (6.7)	384 (46.8)	242 (29.5)	140 (17.1)	821 (100.0)
JN.1.1	6 (8.8)	23 (33.8)	16 (23.5)	23 (33.8)	68 (100.0)
JN.1.4	16 (5.9)	140 (52.0)	69 (25.7)	44 (16.4)	269 (100.0)
JN.1.7	13 (9.8)	57 (43.2)	40 (30.3)	22 (16.7)	132 (100.0)
JN.1.8	9 (15.0)	25 (41.7)	12 (20.0)	14 (23.3)	60 (100.0)
LB.1	3 (5.5)	27 (49.1)	13 (23.6)	12 (21.8)	55 (100.0)
LB.1.3	9 (6.9)	56 (42.7)	29 (22.1)	37 (28.2)	131 (100.0)
LB.1.7	2 (3.9)	19 (37.3)	15 (29.4)	15 (29.4)	51 (100.0)
KP.1	2 (2.4)	38 (44.7)	15 (17.6)	30 (35.3)	85 (100.0)
KP.2	9 (4.8)	94 (49.7)	49 (25.9)	37 (19.6)	189 (100.0)
KP.2.2	6 (5.0)	63 (52.5)	34 (28.3)	17 (14.2)	120 (100.0)
KP.2.3	7 (6.9)	43 (42.2)	28 (27.5)	24 (23.5)	102 (100.0)
KP.3	16 (10.3)	63 (40.4)	40 (25.6)	37 (23.7)	156 (100.0)



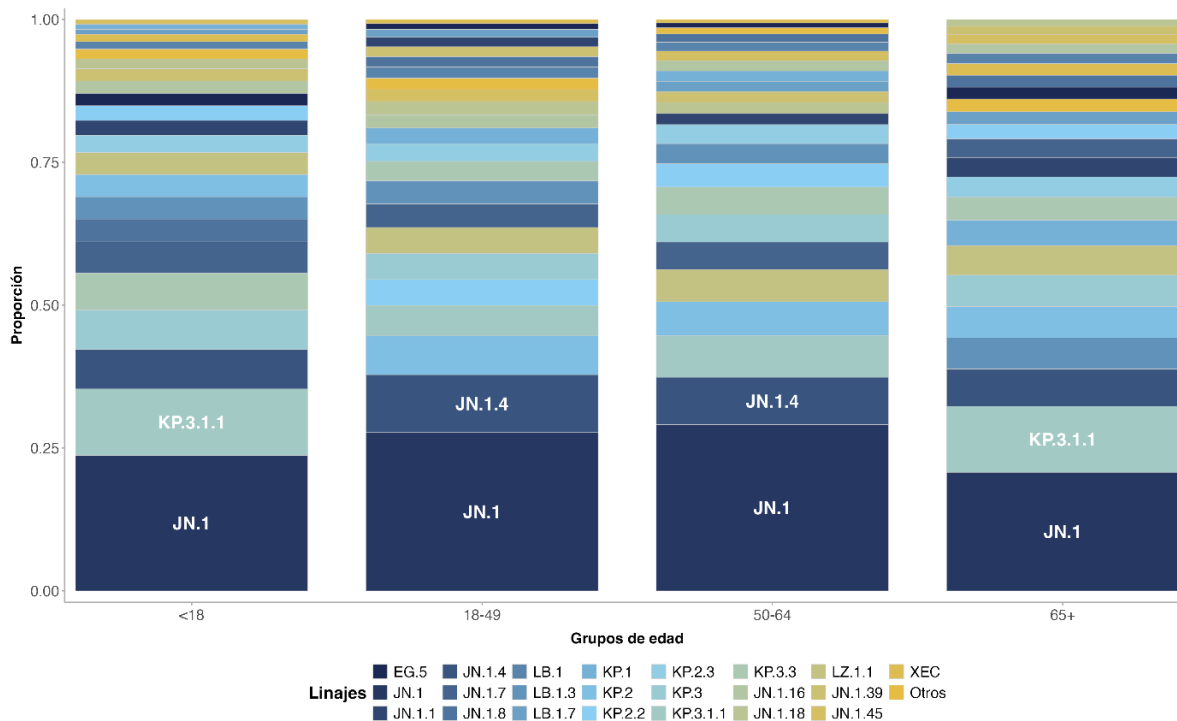
DEPARTAMENTO DE SALUD

SECRETARÍA AUXILIAR PARA LA VIGILANCIA Y PROTECCIÓN DE LA SALUD PÚBLICA
DIVISIÓN DE EPIDEMIOLOGÍA E INVESTIGACIÓN

Categorías	Grupo de edad				Total n (%)
	<18 n (%)	18-49 n (%)	50-64 n (%)	65+ n (%)	
KP.3.1.1	27 (11.2)	74 (30.8)	61 (25.4)	78 (32.5)	240 (100.0)
KP.3.3	15 (11.6)	47 (36.4)	40 (31.0)	27 (20.9)	129 (100.0)
JN.1.16	5 (7.9)	32 (50.8)	15 (23.8)	11 (17.5)	63 (100.0)
JN.1.18	4 (6.7)	32 (53.3)	16 (26.7)	8 (13.3)	60 (100.0)
LZ.1.1	9 (5.8)	63 (40.9)	47 (30.5)	35 (22.7)	154 (100.0)
JN.1.39	5 (9.1)	24 (43.6)	16 (29.1)	10 (18.2)	55 (100.0)
JN.1.45	2 (3.6)	29 (51.8)	14 (25.0)	11 (19.6)	56 (100.0)
XEC	3 (9.4)	10 (31.2)	5 (15.6)	14 (43.8)	32 (100.0)
Otros	4 (7.1)	28 (50.0)	9 (16.1)	15 (26.8)	56 (100.0)
Total	232 (7.4)	1,385 (44.3)	832 (26.6)	675 (21.6)	3,124 (100.0)

*Porcientos (%) por fila.

Gráfica 7. Proporción de variantes y linajes de SARS-CoV-2 por grupo de edad que se han reportado al Sistema de Vigilancia Genómica de COVID-19 en Puerto Rico durante el periodo del 2 de enero al 28 de diciembre de 2024 (n=3,124)





DEPARTAMENTO DE SALUD

SECRETARÍA AUXILIAR PARA LA VIGILANCIA Y PROTECCIÓN DE LA SALUD PÚBLICA
DIVISIÓN DE EPIDEMIOLOGÍA E INVESTIGACIÓN

F. Distribución de linajes de SARS-CoV-2 por región de salud

En la **Tabla 4** y la **Gráfica 8** se presentan la frecuencias y proporciones de linajes de Ómicron categorizados, por región del Departamento de Salud (véase Anejo II) detectados por el Sistema de Vigilancia Genómica COVID-19 en Puerto Rico durante el periodo del 2 de enero al 30 de diciembre de 2024. De los casos reportados a la Vigilancia Genómica durante el periodo evaluado, la mayor proporción provino de la región Metropolitana (43%), seguida por Bayamón (17%) y Arecibo (13%). Algunos linajes presentaron patrones de distribución regional distintivos: el 58% de los casos de JN.1.1 y el 54% de los de KP.1 se identificaron en la región Metropolitana. Por otra parte, el 38% de los casos de KP.2.2 correspondieron a residentes de Arecibo, mientras que JN.1.18 (45%) y JN.1.45 (41%) mostraron una alta concentración en la región de Ponce.



DEPARTAMENTO DE SALUD

SECRETARÍA AUXILIAR PARA LA VIGILANCIA Y PROTECCIÓN DE LA SALUD PÚBLICA
DIVISIÓN DE EPIDEMIOLOGÍA E INVESTIGACIÓN

Tabla 4. Frecuencia y porcentaje de linajes de SARS-CoV-2 categorizados por región del Departamento de Salud que se han reportado al Sistema de Vigilancia Genómica COVID-19 en Puerto Rico durante el periodo del 2 de enero al 28 de diciembre de 2024* (n=3,124)

Categorías	Región de salud							Total n (%)
	Arecibo n (%)	Bayamón n (%)	Caguas n (%)	Fajardo n (%)	Mayagüez n (%)	Metropolitana n (%)	Ponce n (%)	
EG.5	7 (17.5)	6 (15.0)	4 (10.0)	0 (0.0)	0 (0.0)	20 (50.0)	3 (7.5)	40 (100.0)
JN.1	95 (11.6)	174 (21.2)	82 (10.0)	14 (1.7)	19 (2.3)	372 (45.4)	64 (7.8)	820 (100.0)
JN.1.1	9 (13.2)	6 (8.8)	6 (8.8)	1 (1.5)	4 (5.9)	40 (58.8)	2 (2.9)	68 (100.0)
JN.1.4	48 (17.8)	29 (10.8)	29 (10.8)	6 (2.2)	4 (1.5)	99 (36.8)	54 (20.1)	269 (100.0)
JN.1.7	9 (6.8)	17 (12.9)	24 (18.2)	3 (2.3)	3 (2.3)	65 (49.2)	11 (8.3)	132 (100.0)
JN.1.8	13 (21.7)	9 (15.0)	8 (13.3)	2 (3.3)	1 (1.7)	26 (43.3)	1 (1.7)	60 (100.0)
LB.1	3 (5.5)	8 (14.5)	12 (21.8)	0 (0.0)	1 (1.8)	21 (38.2)	10 (18.2)	55 (100.0)
LB.1.3	14 (10.7)	17 (13.0)	17 (13.0)	1 (0.8)	2 (1.5)	49 (37.4)	31 (23.7)	131 (100.0)
LB.1.7	9 (17.6)	3 (5.9)	7 (13.7)	0 (0.0)	2 (3.9)	26 (51.0)	4 (7.8)	51 (100.0)
KP.1	9 (10.6)	13 (15.3)	13 (15.3)	0 (0.0)	1 (1.2)	46 (54.1)	3 (3.5)	85 (100.0)
KP.2	21 (11.1)	24 (12.7)	26 (13.8)	0 (0.0)	31 (16.4)	77 (40.7)	10 (5.3)	189 (100.0)
KP.2.2	45 (37.5)	15 (12.5)	9 (7.5)	2 (1.7)	1 (0.8)	34 (28.3)	14 (11.7)	120 (100.0)
KP.2.3	7 (6.9)	24 (23.5)	11 (10.8)	1 (1.0)	6 (5.9)	39 (38.2)	14 (13.7)	102 (100.0)
KP.3	16 (10.3)	26 (16.8)	23 (14.8)	2 (1.3)	2 (1.3)	79 (51.0)	7 (4.5)	155 (100.0)
KP.3.1.1	29 (12.1)	49 (20.4)	49 (20.4)	3 (1.2)	6 (2.5)	95 (39.6)	9 (3.8)	240 (100.0)
KP.3.3	30 (23.4)	28 (21.9)	16 (12.5)	2 (1.6)	3 (2.3)	43 (33.6)	6 (4.7)	128 (100.0)
JN.1.16	7 (11.1)	11 (17.5)	10 (15.9)	1 (1.6)	2 (3.2)	25 (39.7)	7 (11.1)	63 (100.0)



DEPARTAMENTO DE SALUD

SECRETARÍA AUXILIAR PARA LA VIGILANCIA Y PROTECCIÓN DE LA SALUD PÚBLICA
DIVISIÓN DE EPIDEMIOLOGÍA E INVESTIGACIÓN

Categorías	Región de salud							Total n (%)
	Arecibo n (%)	Bayamón n (%)	Caguas n (%)	Fajardo n (%)	Mayagüez n (%)	Metropolitana n (%)	Ponce n (%)	
JN.1.18	2 (3.3)	4 (6.7)	5 (8.3)	0 (0.0)	0 (0.0)	22 (36.7)	27 (45.0)	60 (100.0)
LZ.1.1	12 (7.8)	21 (13.6)	20 (13.0)	3 (1.9)	3 (1.9)	90 (58.4)	5 (3.2)	154 (100.0)
JN.1.39	6 (10.9)	12 (21.8)	2 (3.6)	0 (0.0)	2 (3.6)	17 (30.9)	16 (29.1)	55 (100.0)
JN.1.45	2 (3.6)	9 (16.1)	1 (1.8)	2 (3.6)	1 (1.8)	18 (32.1)	23 (41.1)	56 (100.0)
XEC	4 (12.5)	6 (18.8)	9 (28.1)	0 (0.0)	0 (0.0)	13 (40.6)	0 (0.0)	32 (100.0)
Otros	4 (7.1)	12 (21.4)	3 (5.4)	2 (3.6)	1 (1.8)	32 (57.1)	2 (3.6)	56 (100.0)
Total	401 (12.8)	523 (16.8)	386 (12.4)	45 (1.4)	95 (3.0)	1,348 (43.2)	323 (10.3)	3,121 (100.0)

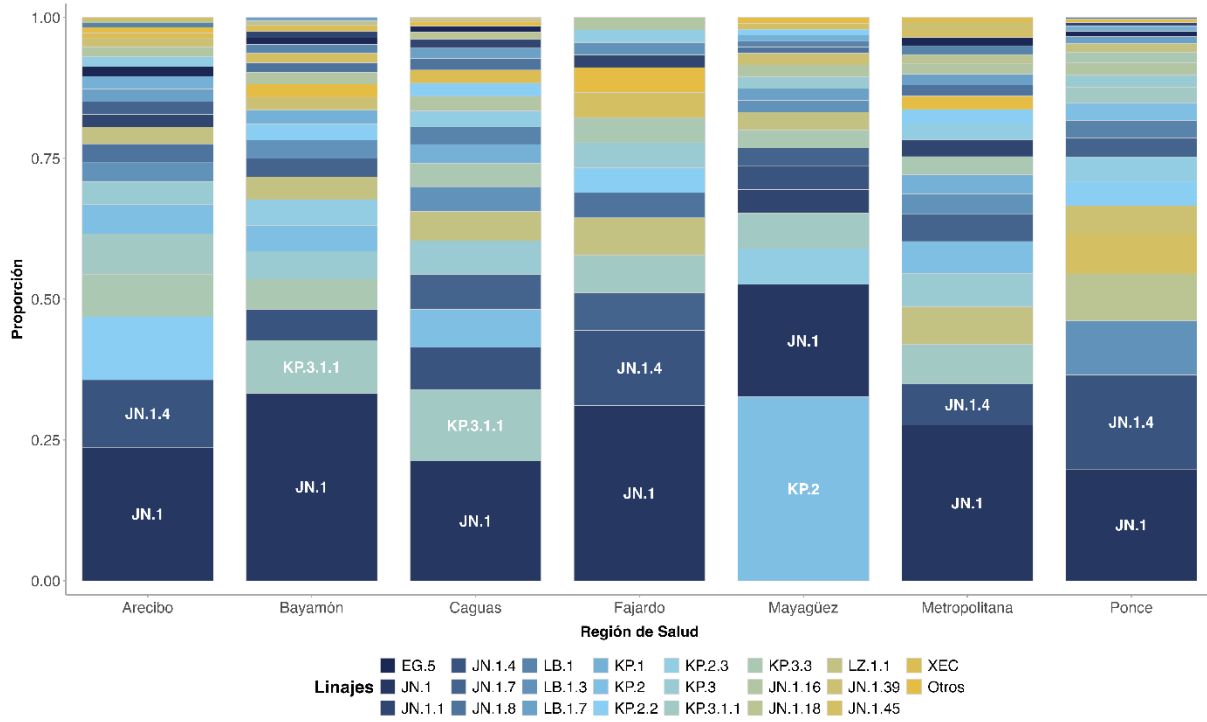
Se identificaron 3 muestras de pacientes no residentes de Puerto Rico. *Porcientos (%) por fila.



DEPARTAMENTO DE SALUD

SECRETARÍA AUXILIAR PARA LA VIGILANCIA Y PROTECCIÓN DE LA SALUD PÚBLICA
DIVISIÓN DE EPIDEMIOLOGÍA E INVESTIGACIÓN

Gráfica 8. Proporción de variantes y linajes de SARS-CoV-2 por región de salud que se han reportado al Sistema de Vigilancia Genómica de COVID-19 en Puerto Rico durante el periodo del 2 de enero al 28 de diciembre de 2024 (n=3,124)





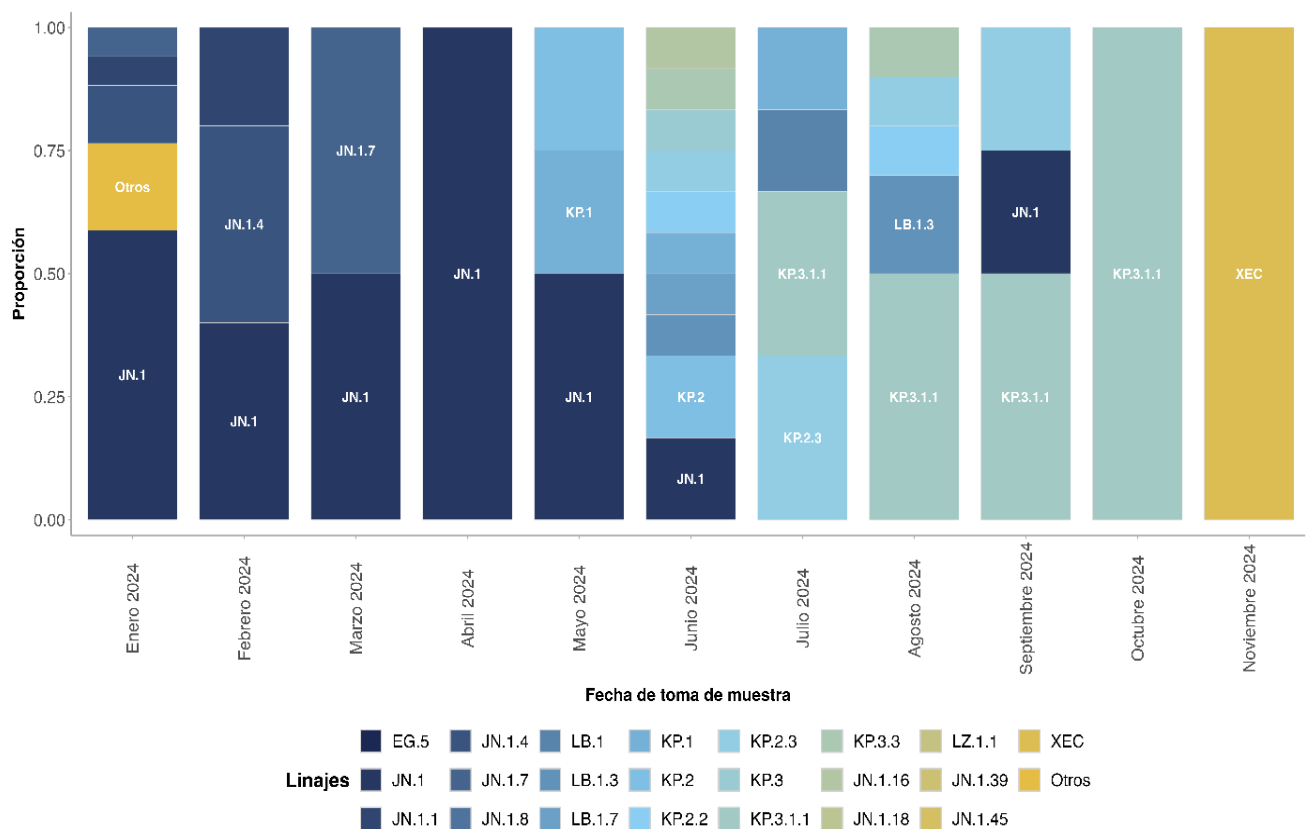
DEPARTAMENTO DE SALUD

SECRETARÍA AUXILIAR PARA LA VIGILANCIA Y PROTECCIÓN DE LA SALUD PÚBLICA
DIVISIÓN DE EPIDEMIOLOGÍA E INVESTIGACIÓN

G. Distribución de linajes de SARS-CoV-2 identificados en viajeros

En la **Gráfica 9** se presenta la proporción de variantes y linajes de SARS-CoV-2 identificados en personas clasificadas como viajeros, según los datos de la Vigilancia Genómica de COVID-19 correspondientes al periodo del 2 de enero al 28 de diciembre de 2024. De los 3,124 casos reportados a la Vigilancia Genómica durante el 2024, se identificaron 70 casos confirmados como viajeros. Esta clasificación, establecida por el Sistema de Vigilancia de COVID-19 en Puertos de Entrada, incluía a personas que viajaron enfermas o durante su período infeccioso: hasta 48 horas antes del inicio de síntomas o, en el caso de personas asintomáticas, según la fecha de toma de muestra. En esta población, la variante prevalente desde enero hasta mayo fue JN.1. A partir de julio, la variante KP.3.1.1 se convirtió en la más frecuente entre los viajeros, manteniéndose así hasta noviembre, cuando fue desplazada por la variante recombinante XEC, que pasó a ser la predominante en este grupo. En diciembre no se identificaron casos clasificados como viajeros dentro de la Vigilancia Genómica.

Gráfica 9. Proporción de variantes y linajes de SARS-CoV-2 identificados en viajeros que se han reportado al Sistema de Vigilancia Genómica de COVID-19 en Puerto Rico durante el periodo del 2 de enero al 28 de diciembre de 2024 (n=70)





DEPARTAMENTO DE SALUD

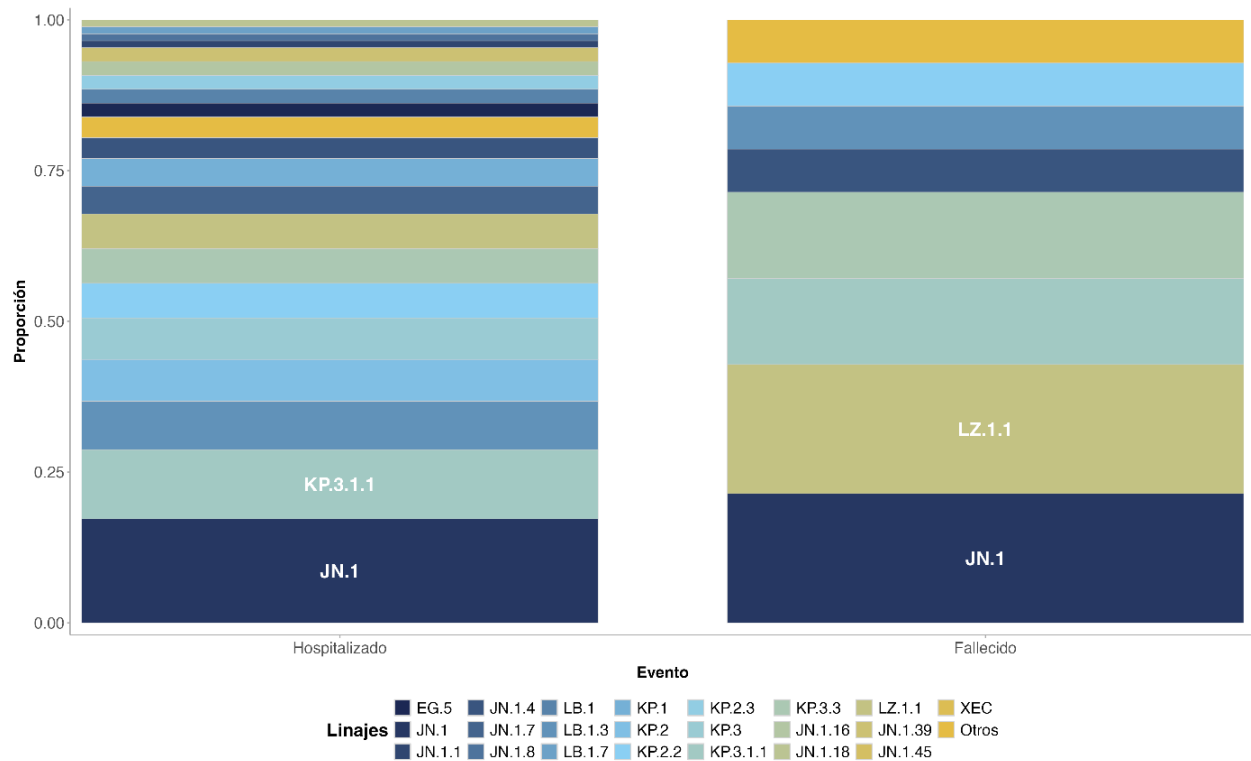
SECRETARÍA AUXILIAR PARA LA VIGILANCIA Y PROTECCIÓN DE LA SALUD PÚBLICA
DIVISIÓN DE EPIDEMIOLOGÍA E INVESTIGACIÓN

H. Distribución de variantes y linajes de SARS-CoV-2 identificados en hospitalizados y fallecidos

En la **Gráfica 10** se presenta la proporción de variantes y linajes de SARS-CoV-2 identificados entre los casos con muestra secuenciada que fueron clasificados como hospitalizados o fallecidos en la base de datos de la Vigilancia Genómica durante el año 2024. En total, se identificaron 87 hospitalizaciones y 14 fallecimientos entre los casos secuenciados. La distribución de linajes entre estos casos sugiere la presencia de múltiples linajes, sin que ello implique necesariamente una relación causal con la severidad del cuadro clínico. Los linajes JN.1 y LZ.1.1 representaron cada uno el 21% de los fallecimientos, mientras que KP.3.1.1 y KP.3.3 contribuyeron con un 14% cada uno. En cuanto a hospitalizaciones, la variante JN.1 fue identificada en el 17% de los casos, seguida por KP.3.1.1 (12%) y LB.1.3 (8%).

Es importante destacar que esta distribución corresponde únicamente a los casos con muestra secuenciada que fueron identificados en la base de datos de la Vigilancia Genómica como hospitalizados o fallecidos. Por lo tanto, no debe interpretarse una representación de la totalidad de hospitalizaciones o fallecimientos por COVID-19, ni como una asociación directa entre un linaje específico y la severidad clínica del caso.

Gráfica 10. Proporción de variantes y linajes de SARS-CoV-2 entre casos secuenciados identificados como hospitalizados o fallecidos en la base de datos de la Vigilancia Genómica de COVID-19 en Puerto Rico, del 2 de enero al 28 de diciembre de 2024 (n=87 hospitalizados; n=14 fallecidos)





IV. Sistema de Vigilancia de Aguas Residuales

A. Trasfondo

El Sistema de Vigilancia de Aguas Residuales comenzó como un proyecto piloto en el Departamento de Salud en noviembre del año 2022, en colaboración con los CDC y la Autoridad de Acueductos y Alcantarillados (AAA). Durante esta fase piloto se colectaron muestras de aguas residuales en los puntos de entrada de ocho (8) plantas de aguas sanitarias de la AAA. Los análisis moleculares durante esta fase se basaron en detectar y cuantificar el virus SARS-CoV-2 y realizar secuenciación genómica para determinar la abundancia de variantes del virus. Esta fase piloto culminó el 31 de agosto de 2023.¹⁴

En noviembre de 2024 se reiniciaron las actividades de la Vigilancia de Aguas Residuales y se expandió el monitoreo a otros patógenos como influenza (A, A H1, A H3, A H5, B), virus respiratorio sincitial, viruela símica, dengue y oropouche. En este reinicio se comenzó el muestreo en cuatro plantas de aguas sanitarias, ubicadas en las regiones de salud de Bayamón, Caguas y la región Metropolitana.¹⁵ En la sección a continuación se describen únicamente los resultados de secuenciación genómica¹⁶ de SARS-CoV-2 en aguas residuales durante los primeros dos meses de muestreo, noviembre y diciembre de 2024.

¹⁴ Los hallazgos del Sistema de Vigilancia de Aguas Residuales en su fase piloto, que comenzó el 8 de noviembre de 2022 y culminó el 31 de agosto de 2023, fueron presentados previamente en el Resumen Ejecutivo sobre la Situación del COVID-19 en Puerto Rico (semana epidemiológica 26 a semana epidemiológica 47) y en el Informe Especial publicado el 13 de diciembre de 2024. Para más información, visite el portal de datos oficial del DSPR: [BioData - Aguas Residuales | Informes](#)

¹⁵ La Vigilancia de Aguas Residuales continúa en una fase de implementación. Por esta razón, en enero 2025, se expandió el monitoreo a ocho (9) plantas de aguas sanitarias adicionales. Los resultados de las trece (13) PAS que actualmente se visitan como parte de la Vigilancia, se encuentran detallados en el portal oficial de datos del DSPR.

¹⁶ Los análisis fueron realizados utilizando datos del umbral de control de calidad bajo (>1X amplitud de cobertura en todo el genoma). La amplitud de cobertura indica la uniformidad en todo el genoma. A pesar de que el nivel de certeza es bajo debido a problemas de control de calidad en el proceso de secuenciación genómica, se recupera suficiente información para determinar la abundancia relativa de las variantes detectadas.



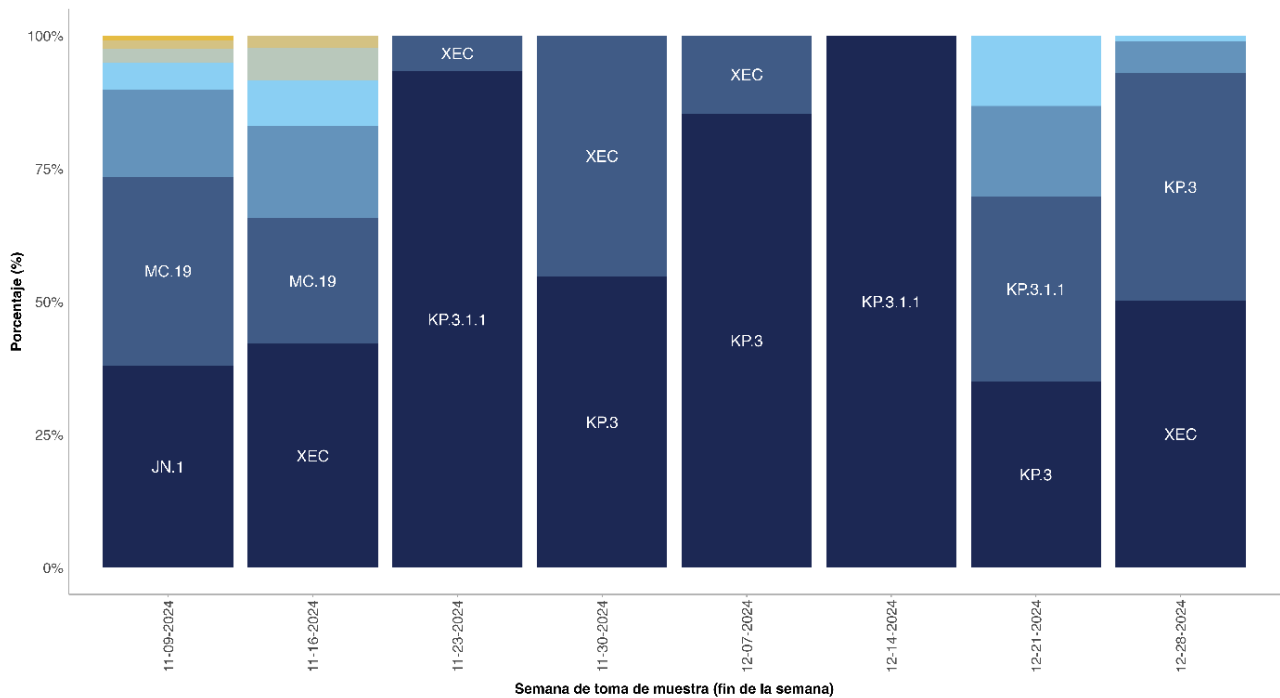
DEPARTAMENTO DE SALUD

SECRETARÍA AUXILIAR PARA LA VIGILANCIA Y PROTECCIÓN DE LA SALUD PÚBLICA
DIVISIÓN DE EPIDEMIOLOGÍA E INVESTIGACIÓN

B. Resultados

En la **Gráfica 11** se presenta la abundancia relativa de variantes y linajes de SARS-CoV-2 identificados en las plantas de aguas sanitarias ubicadas en las regiones de salud de Bayamón, Caguas y Metropolitana durante noviembre y diciembre de 2024. Al igual que en la Vigilancia Genómica, en aguas residuales se destacan los linajes KP.3.1.1 y XEC, los cuales predominaron durante los últimos dos meses del año 2024.

Gráfica 11. Abundancia relativa de variantes y linajes de SARS-CoV-2 identificados en las plantas de aguas sanitarias ubicadas en las regiones de salud de Bayamón, Caguas y Metropolitana del 6 de noviembre de 2024 al 28 de diciembre 2024





DEPARTAMENTO DE SALUD

SECRETARÍA AUXILIAR PARA LA VIGILANCIA Y PROTECCIÓN DE LA SALUD PÚBLICA
DIVISIÓN DE EPIDEMIOLOGÍA E INVESTIGACIÓN

V. Limitaciones

Este informe presenta los resultados de secuenciación de todas las muestras colectadas durante el año 2024 a través de los laboratorios centinela que colaboran con la Vigilancia Genómica del DSPR, así como de los laboratorios independientes que reportaron sus resultados genómicos. Sin embargo, aún podrían recibirse resultados adicionales de laboratorios independientes. Es importante señalar que los datos de la Vigilancia Genómica de COVID-19 no se encuentran en una base de datos activa, por lo que los linajes y sublinajes no se actualizan de forma automática ante cambios en la clasificación de Pangolin. La información demográfica y clínica de los pacientes proviene de entrevistas telefónicas, lo que puede implicar sesgo del entrevistador y una baja tasa de respuesta. Sin embargo, el equipo de investigadores de caso del Departamento de Salud implementa estrategias para minimizar estos sesgos, como el uso de un cuestionario estandarizado y la realización de capacitaciones periódicas sobre el proceso de administración del instrumento.

VI. Fuentes de datos

La información clínica y epidemiológica presentada en este documento proviene del formulario de Investigación de Caso COVID-19, integrado en la plataforma BioPortal del Departamento de Salud de Puerto Rico y de los reportes de resultados de laboratorios que realizan secuenciación genómica en Puerto Rico. Todos los datos presentados son preliminares e incluyen secuencias que se han reportado en la base de datos pública “Global Initiative on Sharing All Influenza Data” (GISAID, por sus siglas en inglés) y secuencias pendientes por reportar a la plataforma.

VII. *Disclaimer*

Los datos contenidos en este informe no se deben utilizar para fines de diagnóstico y/o tratamiento. Los datos están sujetos a la actualización de los sistemas de información. La Vigilancia de Aguas Residuales es un proyecto novel en el DSPR por lo que aún se encuentra en etapas tempranas de implementación. Los datos obtenidos a través de esta vigilancia complementan los datos clínicos obtenidos mediante las investigaciones de caso.

Preparado por: Sistema de Vigilancia Genómica de COVID-19. División de Epidemiología e Investigación

Revisado por: Equipo de Principal Oficial de Epidemiología



DEPARTAMENTO DE SALUD

SECRETARÍA AUXILIAR PARA LA VIGILANCIA Y PROTECCIÓN DE LA SALUD PÚBLICA
DIVISIÓN DE EPIDEMIOLOGÍA E INVESTIGACIÓN

Anejo I. Agrupación de variantes y linajes de SARS-CoV-2 en categorías de interés para la Vigilancia Genómica de COVID-19

Categorías	Variantes y/o linajes
EG.5	EG.5.1, HK.3, HK.3.4, HK.3.10, HK.26, EG.5.1.3, JG.3, JG.3.2, EG.5.1.4, EG.5.1.6, HV.1, HV.1.1, HV.1.2
JN.1	JN.1, JN.1.2, JN.1.3, JN.1.5, JN.1.6, JN.1.9, JN.1.10, JN.11, JN.1.11, JN.1.11.1, KP.4, KP.4.1, KP.4.2, KP.5, JN.1.13, JN.1.13.1, KS.1, KS.1.1.2, KS.1.3, JN.1.14, JN.1.15, LU.2, LU.2.2, JN.1.17, JN.1.19, JN.1.21, JN.1.22, JN.1.23, JN.1.23.1, JN.1.27, JN.1.28, KW.1.1, JN.1.29, MJ.2.1.1, JN.1.30, JN.1.31, JN.1.32, JN.1.34, JN.1.35, JN.1.38, JN.1.41, JN.1.42, JN.1.42.2, MS.1, JN.1.43, JN.1.43.1, JN.1.46, JN.1.47, JN.1.47.1, JN.1.47.2, LD.1, LD.2, MB.1.1.1, JN.1.50, JN.1.52, JN.1.53, JN.1.55, JN.1.56, JN.1.57, JN.1.58, JN.1.58.2, LR.3, JN.1.59, JN.1.59.1, JN.1.60, JN.1.63, MD.1, JN.1.65, MF.1, JN.1.67, JN.1.67.1
JN.1.1	JN.1, JN.1.2, JN.1.3, JN.1.5, JN.1.6, JN.1.9, JN.1.10, JN.11, JN.1.11, JN.1.11.1, KP.4, KP.4.1, KP.4.2, KP.5, JN.1.13, JN.1.13.1, KS.1, KS.1.1.2, KS.1.3, JN.1.14
JN.1.4	JN.1.4, JN.1.4.1, JN.1.4.2, JN.1.4.3, KQ.1, JN.1.4.5, KV.2, JN.1.4.6, JN.1.4.7, LE.1.1, JN.1.4.8, JN.1.4.
JN.1.7	JN.1.7, JN.1.7.2, JN.1.7.3, JN.1.7.4, LK.1, LK.2, LK.2.1, JN.1.7.5, JN.1.7.7, JN.1.7.8
JN.1.8	JN.1.8, JN.1.8.1, JN.1.8.2
LB.1	LB.1, LB.1.2, LB.1.2.1, LB.1.2.2, LB.1.4, LB.1.8
LB.1.3	LB.1.3, LB.1.3.2, LB.1.3.3
LB.1.7	LB.1.7, LB.1.7.2
KP.1	KP.1, KP.1.1, KP.1.1.1, KP.1.1.3, LP.1, LP.1.1, LP.1.2, LP.1.2.1, LP.6, LP.8.1, KP.1.1.5, MU.1, MU.2, MU.2.1, KP.1.2
KP.2	KP.2, KP.2.1, KP.2.4, KP.2.5, KP.2.6.1, KP.2.14, KP.2.15, KP.2.15.1, KP.2.16, KP.2.19, KP.2.24, KP.2.27
KP.2.2	KP.2.2, KP.2.2.1
KP.2.3	KP.2.3, KP.2.3.12, KP.2.3.3, NM.1, KP.2.3.6, KP.2.3.7, KP.2.3.8
KP.3	KP.3, KP.3.1, KP.3.1.3, KP.3.1.4, KP.3.1.6, MK.2, KP.3.1.9, KP.3.2, KP.3.2.1, KP.3.2.3, KP.3.2.5, KP.3.5



DEPARTAMENTO DE SALUD

SECRETARÍA AUXILIAR PARA LA VIGILANCIA Y PROTECCIÓN DE LA SALUD PÚBLICA
DIVISIÓN DE EPIDEMIOLOGÍA E INVESTIGACIÓN

KP.3.1.1	KP.3.1.1, MC.1, MC.2, MC.3, MC.4, MC.6, MC.8, MC.9, MC.10.1, MC.11, MC.13, MC.13.1, MC.16, MC.17, MC.19, MC.21
KP.3.3	KP.3.1.1, MC.1, MC.2, MC.3, MC.4, MC.6, MC.8, MC.9, MC.10.1, MC.11, MC.13, MC.13.1, MC.16, MC.17, MC.19, MC.21
JN.1.16	KP.3.3, KP.3.3.1, KP.3.3.2, KP.3.3.3, ML.2, KP.3.3.4
JN.1.18	JN.1.16, JN.1.16.1, LF.1.1.1, LF.3, LF.3.1.1, LF.3.1.2, LF.4, LF.4.1, LF.7.1, LF.7.2, LF.7.2.1, LF.9.1, JN.1.16.2, LA.1, LA.2, JN.1.16.3
LZ.1.1	LZ.1.1
JN.1.39	JN.1.39, JN.1.39.1, JN.1.39.2
JN.1.45	JN.1.45
XEC	XEC, XEC.2
Otros	BA.2, BA.2.86.1, GS.4.1, GW.5.1.1, FL.1.5.1, JD.1.1, JD.1.1.1, JD.1.1.3, JD.1.1.8, KK.1, JF.4, JN.3, XDD, XDK.1.2, XDP, XDP.1, XDR, XDR.1.2, XDV.1, XDY



DEPARTAMENTO DE SALUD

SECRETARÍA AUXILIAR PARA LA VIGILANCIA Y PROTECCIÓN DE LA SALUD PÚBLICA
DIVISIÓN DE EPIDEMIOLOGÍA E INVESTIGACIÓN

Anejo II. Regiones de Salud del Departamento de Salud de Puerto Rico

