



INFORME DEL ANUAL DEL SISTEMA DE VIGILANCIA GENÓMICA DE COVID-19 Año 2023

Periodo: Semana Epidemiológica 1 a la 52
(1 de enero de 2023 al 30 de diciembre de 2023)

Fecha: 24 de mayo de 2024



Tabla de Contenido

Sección 1. Introducción	3
Sección 2. Metodología	5
Sección 2.1. Criterios de aceptación de muestras positivas a SARS-CoV-2.....	5
Sección 2.2. Proceso de envío de muestras y recibo de resultados genómicos	5
Sección 2.3. Recopilación de datos de la Vigilancia Genómica de COVID-19.....	6
Sección 3. Resultados preliminares.....	7
Sección 3.1. Detección y designación del linaje HE.1 en Puerto Rico	7
Sección 3.2. Cobertura de Secuenciación.....	8
Sección 3.3. Prevalencia de linajes de SARS-CoV-2 desde el 2 de enero de 2022 al 30 de junio de 2023	10
Sección 3.4. Prevalencia de linajes de SARS-CoV-2 desde el 2 de enero de 2023 al 30 de diciembre de 2023 ...	11
Sección 3.5. Distribución linajes de SARS-CoV-2 por sexo	14
Sección 3.6. Distribución linajes de SARS-CoV-2 por grupo de edad.....	15
Sección 3.7. Distribución linajes de SARS-CoV-2 por región del Departamento de Salud	17
Sección 4: Otras iniciativas.....	20
Sección 4.1. Vigilancia Genómica de SARS-CoV-2 en el Aeropuerto Internacional Luis Muñoz Marín	20
Sección 4.2. EpiNet	21
Sección 5. Sistema de Vigilancia de Aguas Residuales	22
Sección 5.1. Trasfondo.....	22
Sección 5.2. Resultados	23
Sección 6. Limitaciones	26
Sección 7. Fuentes de datos	26
Sección 8. <i>Disclaimer</i>	26
Anejo I. Agrupación de linajes en categorías de interés para la Vigilancia Genómica.....	28



Sección 1. 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.² 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. 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.^{1,3} Por otra parte, los CDC crearon una clasificación de las variantes de SARS-CoV-2 con el propósito de evaluar el riesgo que representan las variantes del virus del COVID-19 que circulan en los Estados Unidos y elaborar recomendaciones. 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.²

Teniendo esto en consideración, el rol de un sistema de vigilancia genómica es rastrear la propagación de las variantes con el propósito de monitorear cómo el SARS-CoV-2 evoluciona a través del tiempo y describir los efectos de estas variantes 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 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 Sección 2). 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. Cabe mencionar que no todas las muestras positivas de COVID-19 son candidatas para secuenciar. El Departamento de Salud 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.

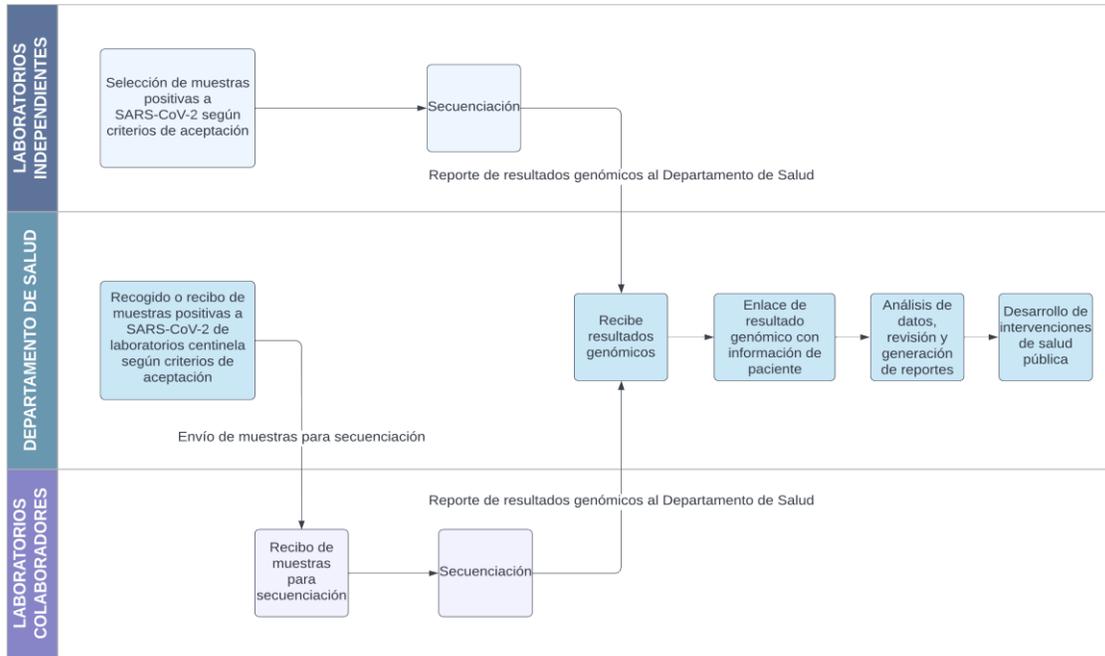
¹ World Health Organization (2024) Tracking SARS-CoV-2 variants. Recuperado el 15 de mayo de 2024, de <https://www.who.int/en/activities/tracking-SARS-CoV-2-variants/>

² National Center for Immunization and Respiratory Diseases (NCIRD), Division of Viral Diseases. (2024). SARS-CoV-2 Variant Classifications and Definitions. Recuperado el 15 de mayo de 2024, de <https://www.cdc.gov/coronavirus/2019-ncov/variants/variant-classifications.html>.

³ World Health Organization. (2023). Updated working definitions and primary actions for SARS-CoV-2 variants. Recuperado el 16 de mayo de 2024, de <https://www.who.int/publications/m/item/updated-working-definitions-and-primary-actions-for-sars-cov-2-variants>



Figura 1. Flujograma de procesos del Sistema de Vigilancia Genómica de COVID-19 del Departamento de Salud.





Sección 2. Metodología

Sección 2.1. 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 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 colectadas en medios que permitan el cultivo viral, 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 CT menor o igual a 30 (≤ 30).

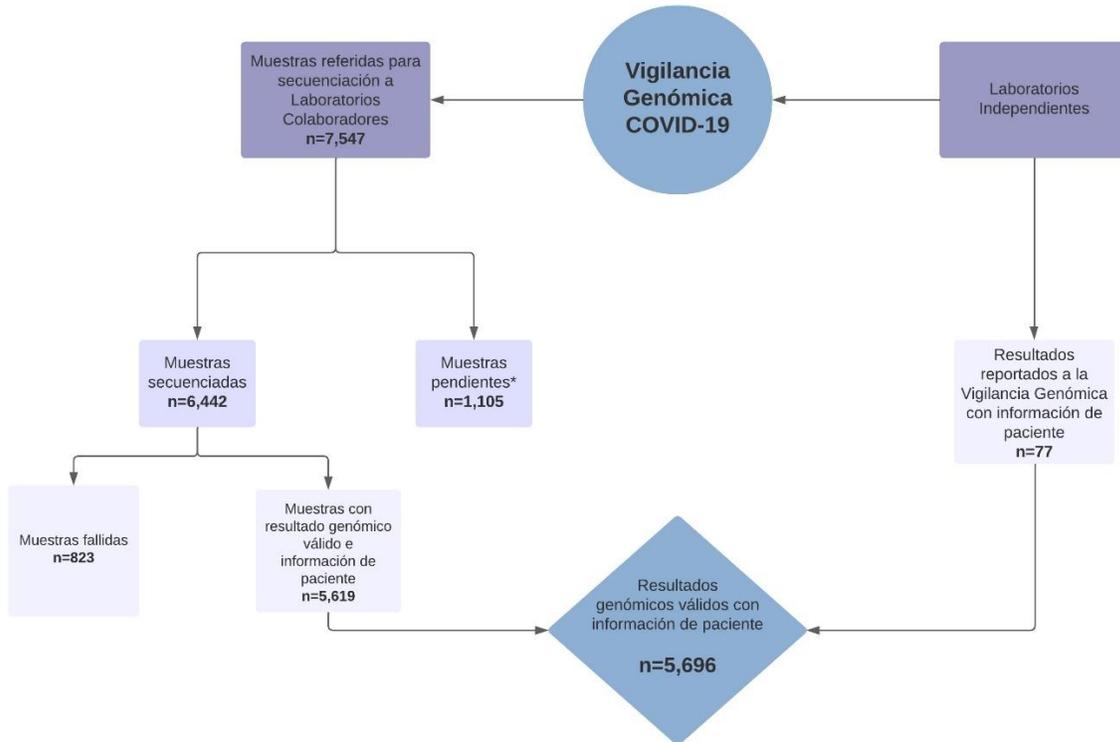
Sección 2.2. Proceso de envío de muestras y recibo de resultados genómicos

A grandes rasgos, el Sistema de Vigilancia Genómica realiza continuamente varias actividades. La primera es el recogido y envío de muestras para secuenciar a laboratorios que colaboran con el Departamento de Salud. Se envían muestras a laboratorios locales y de Estados Unidos (Atlanta, Georgia); este último como parte de la iniciativa de Vigilancia Genómica Nacional de los Centros para el Control y Prevención de Enfermedades (CDC, por sus siglas en inglés). Estas muestras provienen de laboratorios centinela alrededor de la Isla, y durante los primeros seis meses del 2023, muestras también provenían de un “*testing site*” en el Aeropuerto Internacional Luis Muñoz Marín. El propósito principal de esta iniciativa en el aeropuerto fue poder monitorear la entrada de nuevas variantes o linajes de SARS-CoV-2 desde la localidad principal de acceso al país.

La segunda actividad de la vigilancia es el recibo de resultados genómicos provenientes de laboratorios independientes. Estos laboratorios obtienen y procesan muestras cuyos resultados genómicos son reportados a la Vigilancia Genómica. Una vez recibidos los resultados válidos de la 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 *Dashboard* del Departamento de Salud. En la **Figura 2** se detallan los productos de las distintas actividades, así como el flujo de información.



Figura 2. Proceso de envío de muestras y recibo de resultados genómicos para las semanas epidemiológicas 1 a la 52 del año 2023.



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

Sección 2.3. Recopilación de datos de la Vigilancia Genómica de COVID-19

El banco de datos de la Vigilancia Genómica (alojado en REDCap^{4,5,6}) enlaza los resultados genómicos con la información epidemiológica contenida en el formulario de 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 muestran los resultados de los análisis realizados por la Vigilancia Genómica para el año 2023, semanas epidemiológicas 1 a la 52.

⁴ Research Electronic Data Capture (REDCap): plataforma segura diseñada para el almacenamiento y manejo de datos.

⁵ 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>

⁶ 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>



Sección 3. Resultados preliminares

La tendencia durante todo el período de estudio refleja un panorama donde Ómicron es la variante predominante en el país. En Puerto Rico, Ómicron representa el 100% de las secuencias reportadas a la Vigilancia Genómica COVID-19 durante el periodo de reporte. 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 Ómicron. En el Anejo I, se describen estas categorías:

- | | |
|---------------|------------------------------|
| 1) CH.1.1 | 10) FL.1.5.1 |
| 2) BA.2.86 | 11) XBB.1.9.2 |
| 3) JN.1 | 12) EG.5 |
| 4) BQ.1 | 13) HV.1 |
| 5) BQ.1.1 | 14) XBB.1.16 |
| 6) XBB.1 | 15) XBB.1.16.6 |
| 7) XBB.1.5 | 16) HE.1 |
| 8) XBB.1.5.10 | 17) XBB.2.3 |
| 9) XBB.1.9.1 | 18) Otros linajes de Ómicron |

Sección 3.1. Detección y designación del linaje HE.1 en Puerto Rico⁷

Utilizando la plataforma Nextstrain⁸ para monitorear en tiempo real la evolución del SARS-CoV-2 en Puerto Rico, el Instituto de Laboratorios de Salud Pública (ILSP) identificó una agrupación o clúster de secuencias genómicas que presentaban un perfil genético distinto al linaje FE.1.1.1 durante los meses de mayo y junio 2023. Adicional a las mutaciones presentes en el linaje FE.1.1.1, este grupo de secuencias genómicas presentaban una sustitución no-sinónima de un aminoácido en la posición V622I (nucleótido: G23426A) en el gen de la proteína *Spike* y la sustitución A55V (nucleótido: C28057T) en el marco de lectura abierta 8 (ORF8) que codifica para proteínas no estructurales. Esta última mutación en el gen que codifica para ORF8, es paradójica ya que todos los linajes descendientes de XBB contienen un codón de terminación temprano que no permite la síntesis de proteínas accesorias de este gen.

Al igual que otros linajes descendientes de XBB, el sublinaje detectado en Puerto Rico presentó múltiples mutaciones en los genes ORF1a y ORF1b que codifican para proteínas estructurales. Entre ellas ORF1A:V710I (70% de las secuencias genómicas contenían esta mutación), ORF1a:L802F (30%), ORF1a:D2026G (10%), ORF1a:S2900L (10%), ORF1a:T4302I (10%), ORF1b:N219K (<1%). Utilizando estimaciones de efecto de mutaciones (herramienta de exploración mutacional profunda), se evaluaron los efectos de S:V622I y ORF8:A55V en FE.1 y se encontró que ambas mutaciones confieren una mayor aptitud viral (mayor transmisibilidad) y escape de anticuerpos. Esto podría explicar la detección de más de 15 grupos (o clústeres) de secuencias genómicas que abarcan desde mayo hasta junio de 2023, lo que sugiere un fuerte vínculo epidemiológico en la transmisión local. Además, se halló una mutación adicional (S:V227L) que surgió de forma independiente en dos eventos distintos que similarmente sugieren un fuerte vínculo epidemiológico, no obstante estimaciones del efecto de esta mutación no sugieren un aumento en aptitud viral.

El 24 de junio de 2023, se presentó una solicitud de consideración al Comité de Designación de Linajes (LDC, por sus siglas en inglés) del grupo Pango, para la evaluación de este posible nuevo sublinaje⁹. Las estimaciones realizadas en la plataforma cov-SPECTRUM sugerían que esta combinación de mutaciones confería una ventaja de

⁷ Sección generada por personal del Instituto de Laboratorios de Salud Pública del Departamento de Salud de Puerto Rico.

⁸ James Hadfield et al. Nextstrain: real-time tracking of pathogen evolution, *Bioinformatics*, Volume 34, Issue 23, December 2018, Pages 4121–4123, <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bty407>

⁹ <https://github.com/cov-lineages/pango-designation/issues/2067>



crecimiento relativo de ~31% sobre el linaje FE.1.1.1¹⁰. El 11 de julio de 2023, el ILSP colaboró con el comité para identificar secuencias genómicas que presentaban un perfil genómico similar. Se lograron identificar cerca de 200 secuencias genómicas que cumplieron con el perfil y se añadieron a la solicitud al Comité. El 13 de julio de 2023 el LDC aceptó la solicitud y designaron el nuevo sublinaje como HE.1, identificado como un sublinaje de la variante Ómicron FE.1.1.1 en Puerto Rico y USA¹¹. Posteriormente, se presentó una solicitud adicional para designar un sublinaje de HE.1 para distinguir aquellas secuencias genómicas que presentaban la mutación ORF1:V7101¹², no obstante, la solicitud fue rechazada debido a que el linaje no pudo competir luego de la introducción de los linajes XBB.1.5.10, XBB.1.16.6, EG.5 y FL.1.5.1 a la isla¹³.

Sección 3.2. 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 de 2023 al 30 de diciembre de 2023 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.

Se han establecido las siguientes categorías como indicadores de secuenciación: un porcentaje mayor al 5.00% sugiere una cobertura de secuenciación excelente.^{14,15} Un porcentaje entre 4.99% a 2.50% representa una cobertura buena y que puede ser representativa de las variantes circulando en el periodo.^{16,17} 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 11.79%, lo cual se categoriza como excelente. Por otro lado, de las 52 semanas del año 2023, 50 (96%) 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 el periodo de la semana epidemiológica 1 a la 52 del año 2023. La cobertura de secuenciación fue buena durante la semana epidemiológica 1. De la semana epidemiológica 2 a la semana epidemiológica 52, la cobertura de secuenciación fue excelente, con

¹⁰ https://cov-spectrum.org/explore/World/AllSamples/from%3D2023-01-06%26to%3D2023-03-11/variants?nextcladePangoLineage=HE.1*&

¹¹ <https://github.com/cov-lineages/pango-designation/commit/80108f5f6d66c21202dd3a6cdad2d08f572978e2>

¹² <https://github.com/sars-cov-2-variants/lineage-proposals/issues/436>

¹³ <https://nextstrain.org/community/arodzh-sudo/ncov-puertorico/Puerto-Rico/all-time>

¹⁴ 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>

¹⁵ 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>

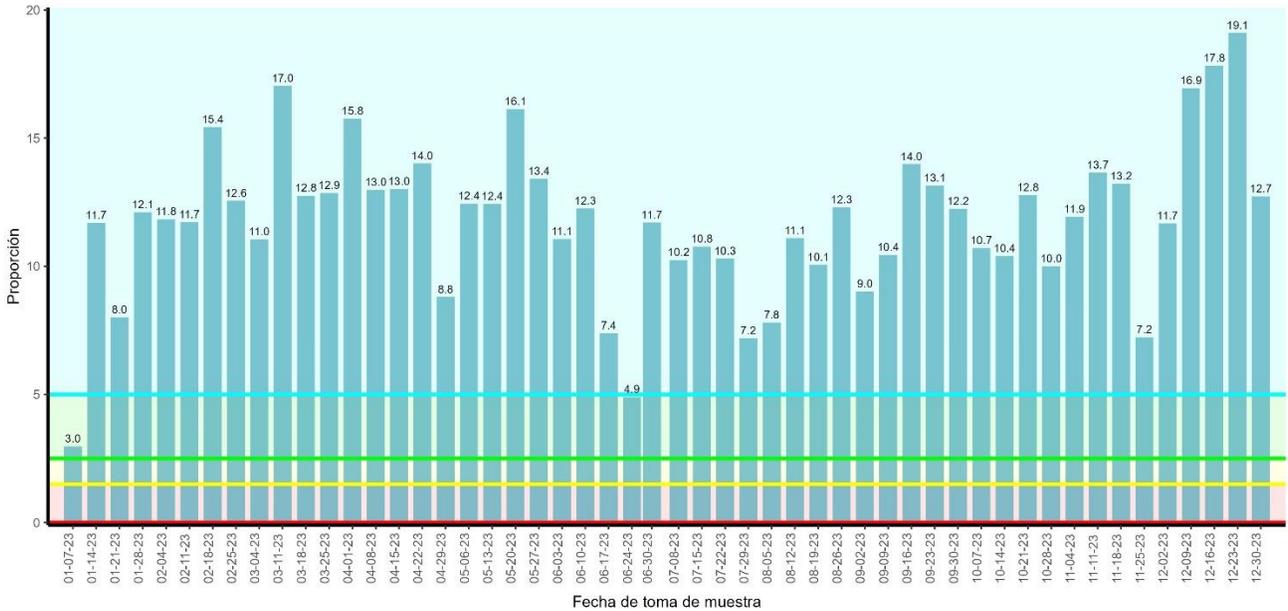
¹⁶ European Centre for Disease Prevention and Control. (2021). Guidance for representative and targeted genomic SARS-CoV-2 monitoring. <https://www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/guidance-representative-and-targeted-genomic-sars-cov-2-monitoring>

¹⁷ 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>



excepción de la semana epidemiológica 25 donde la cobertura de secuenciación disminuyó a un nivel bueno. Cabe destacar que el nivel de cobertura más alto se alcanzó finalizando el año, durante la semana epidemiológica 51 (del 17 de diciembre al 23 de diciembre de 2023).

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 de 2023 al 30 de diciembre de 2023. (n=5,696)

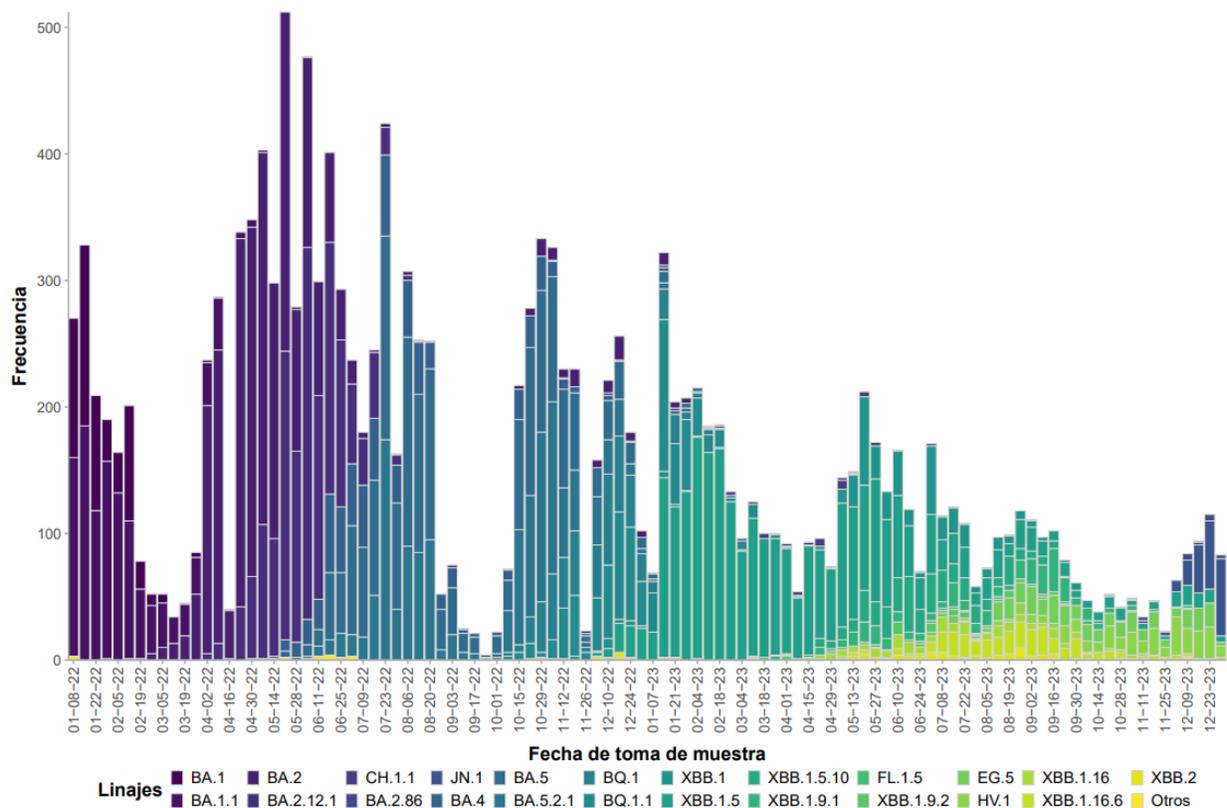




Sección 3.3. Prevalencia de linajes de SARS-CoV-2 desde el 2 de enero de 2022 al 30 de junio de 2023

Desde el 2 de enero de 2022 hasta el 30 de diciembre de 2023, se han reportado a la Vigilancia Genómica 16,502 resultados válidos. En la **Gráfica 2** se presenta la frecuencia de linajes de SARS-CoV-2 más prevalentes o de interés reportados a la Vigilancia Genómica COVID-19 de manera acumulada desde el 2 de enero de 2022 al 30 de diciembre de 2023, basado en la fecha de toma de muestra. De las muestras secuenciadas durante este periodo, se identificaron los siguientes linajes: **BA.1** (n=547, 3.3%), **BA.1.1** (n=1,151, 7.0%), **BA.2** (n=2,589, 15.7%), **BA.2.12.1** (n=1,679, 10.2%), **BA.2.86** (n=21, 0.1%), **JN.1** (n=190, 1.2%), **BA.4** (n=685, 4.2%), **BA.5** (n=1,879, 11.4%), **BA.5.2.1** (n=1,370, 8.3%), **BQ.1** (n=529, 3.2%), **BQ.1.1** (n=769, 4.7%), **XBB.1** (n=410, 2.5%), **XBB.1.5** (n=2,784, 16.9%), **XBB.1.5.10** (n=367, 2.2%), **XBB.1.9.1** (n=327, 2.0%), **XBB.1.9.2** (n=70, 0.4%), **EG.5** (n=573, 3.5%), **XBB.2** (n=89, 0.5%) y otros sublinajes de SARS-CoV-2 (n=39, 0.2%).

Gráfica 2. Frecuencia de linajes de SARS-CoV-2 categorizados que se han reportado al Sistema de Vigilancia Genómica COVID-19 en Puerto Rico durante el periodo del 2 de enero de 2022 al 30 de diciembre de 2023. (n=16,502)



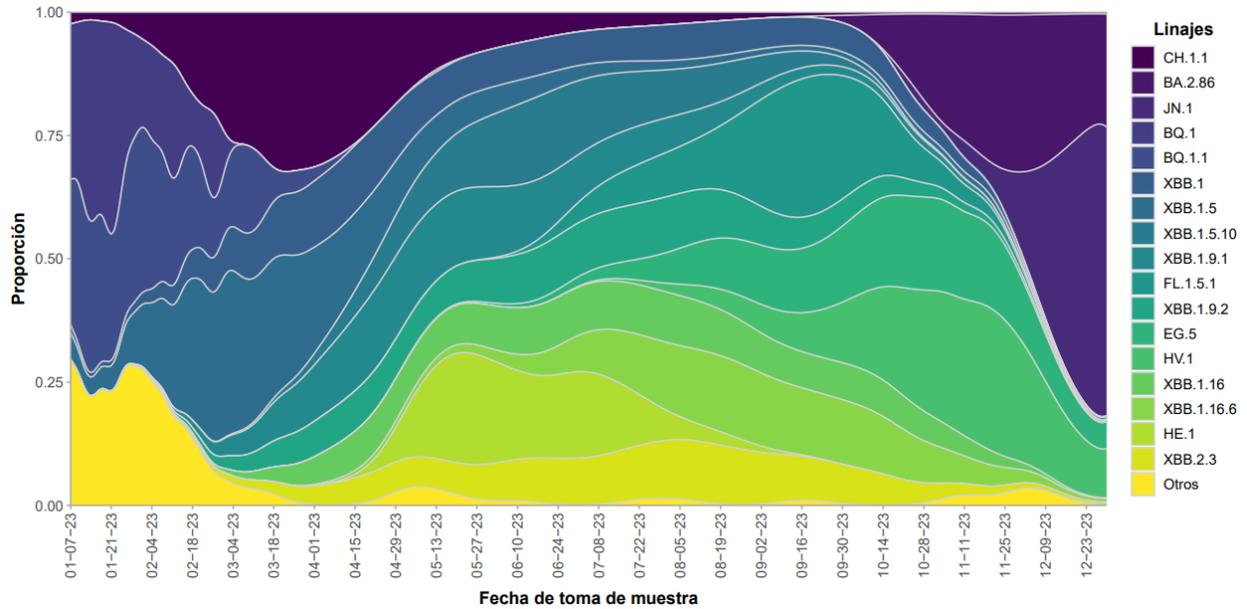


Sección 3.4. Prevalencia de linajes de SARS-CoV-2 desde el 2 de enero de 2023 al 30 de diciembre de 2023

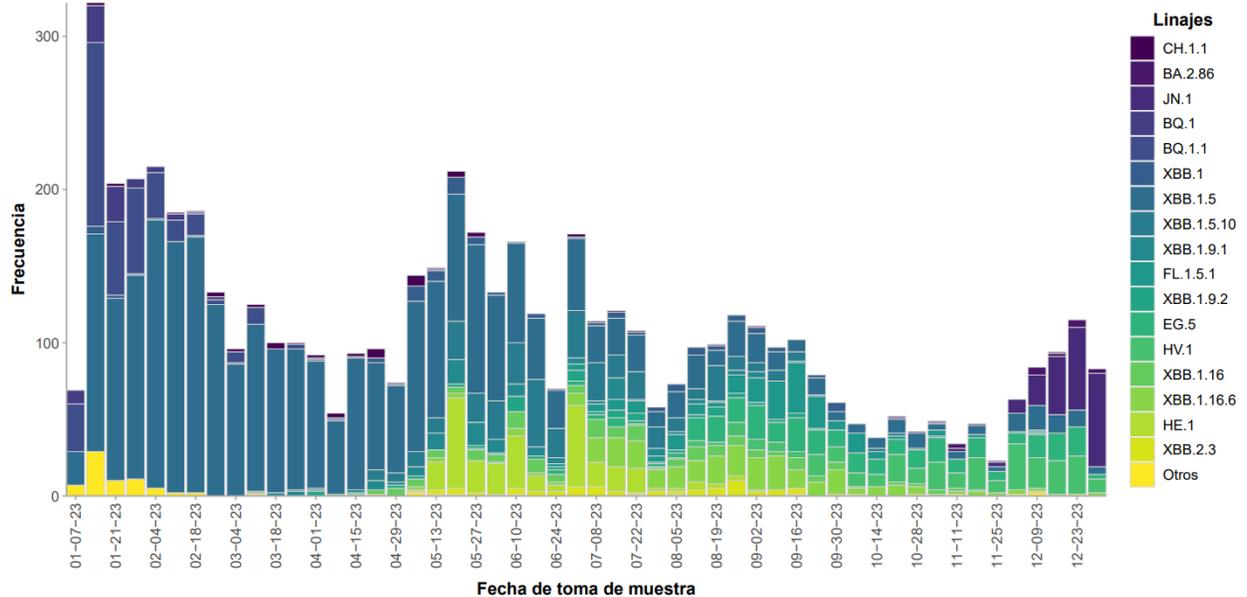
En la **Gráfica 3** se presenta la proporción de linajes de Ómicron categorizados que han sido reportados a la Vigilancia Genómica COVID-19 desde el 2 de enero de 2023 al 30 de diciembre de 2023, basado en la fecha de toma de muestra. En la **Gráfica 4** se presenta la frecuencia de linajes de Ómicron categorizados que han sido reportados a la Vigilancia Genómica COVID-19 desde el 2 de enero de 2023 al 30 de diciembre de 2023, basado en la fecha de toma de muestra. En la **Gráfica 5** se presenta la proporción linajes de Ómicron reportados a la Vigilancia Genómica COVID-19 desde el 2 de enero de 2023 hasta el 30 de diciembre de 2023, basado en la fecha de toma de muestra. De las muestras secuenciadas durante la semana epidemiológica 1 a la 52, se identificaron los siguientes linajes de Ómicron: **CH.1.1** (n=56, 1.0%), **BA.2.86** (n=21, 0.4%), **JN.1** (n=190, 3.3%), **BQ.1** (n=73, 1.3%), **BQ.1.1** (n=340, 6.0%), **XBB.1** (n=102, 1.8%), **XBB.1.5** (n=2,701, 47.4%), **XBB.1.5.10** (n=367, 6.4%), **XBB.1.9.1** (n=136, 2.4%), **FL.1.5.1** (n=191, 3.4%), **XBB.1.9.2** (n=70, 1.2%), **EG.5** (n=306, 5.4%), **HV.1** (n=267, 4.7%), **XBB.1.16** (n=159, 2.8%), **XBB.1.16.6** (n=275, 4.8%), **HE.1** (n=284, 5.0%), **XBB.2.3** (n=79, 1.4%) y otros sublinajes de SARS-CoV-2 (n=79, 1.4%). Durante la primera semana epidemiológica del año 2023 (2 de enero al 7 de enero de 2023), se continuó observando el mismo patrón de dominancia del fin del año 2022, donde la variante BQ.1.1 fue la más dominante, representando el 45% de todas las muestras secuenciadas durante ese periodo. Comenzando el 8 de enero de 2023 (segunda semana epidemiológica del año 2023), XBB.1.5 comenzó su dominancia, que sostuvo hasta la semana epidemiológica 34 (que culminó el 26 de agosto de 2023). Durante este periodo, el 57% de las muestras secuenciadas correspondían a este linaje. Durante las semanas epidemiológicas 35 a la 41 (27 de agosto al 14 de octubre de 2023), los linajes FL.1.5.1, EG.5 y XBB.1.16.6 fueron los más prevalentes, representando el 90% de las muestras secuenciadas. Desde el 15 de octubre del 2023 hasta el 9 de diciembre de 2023 (semana epidemiológica 42 a la semana epidemiológica 49), el linaje HV.1 fue el más prevalente, representando el 34% de las muestras secuenciadas. Desde el 10 de diciembre de 2023 (semana epidemiológica 50) hasta el final periodo de análisis (30 de diciembre de 2023; semana epidemiológica 52), la variante de interés JN.1 dominó, representando el 52% de las muestras secuenciadas durante ese periodo.



Gráfica 3. Proporción de linajes de Ómicron categorizados que se han reportado al Sistema de Vigilancia Genómica COVID-19 en Puerto Rico durante el periodo del 2 de enero de 2023 al 30 de diciembre de 2023. (n=5,696)

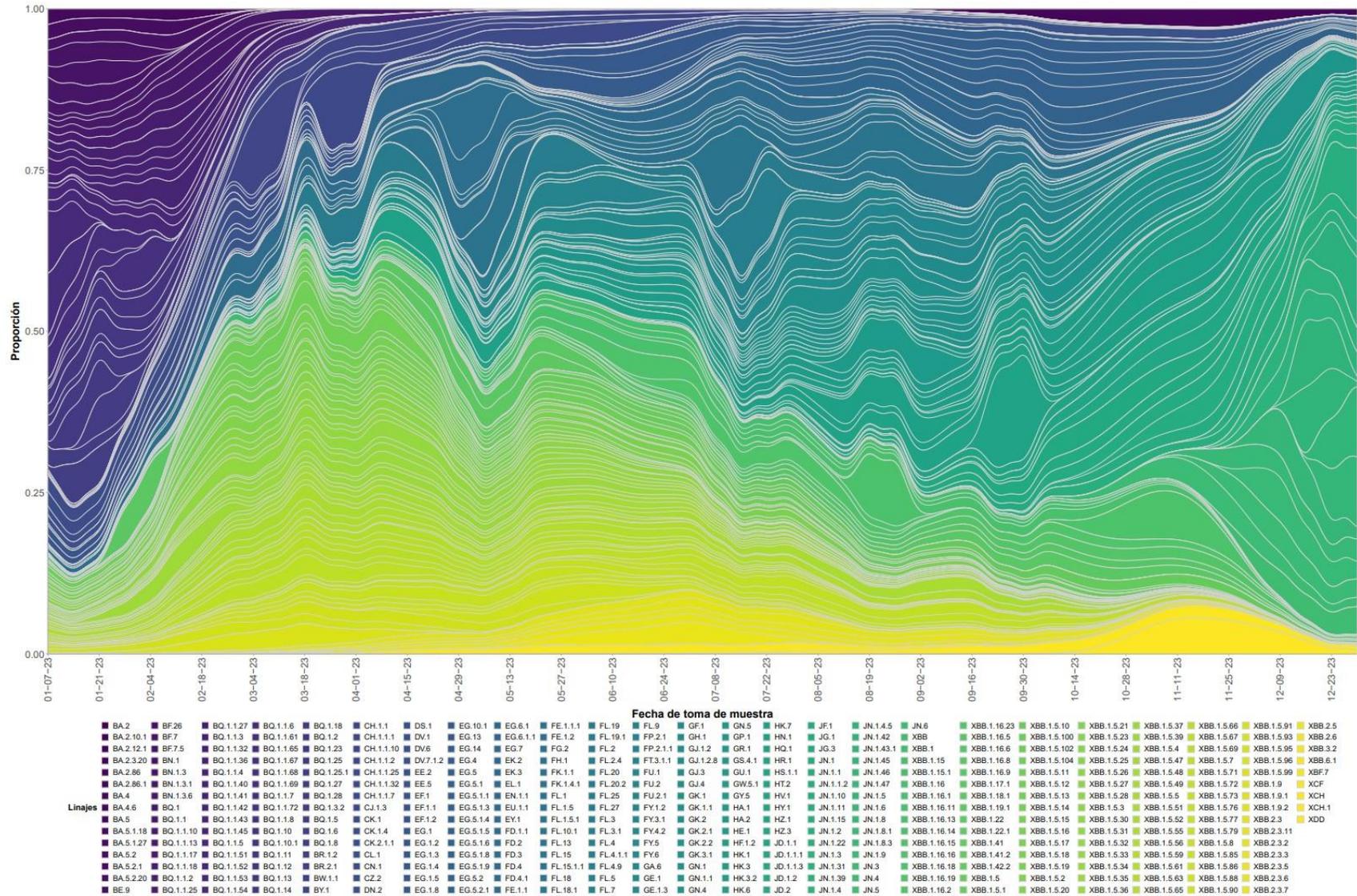


Gráfica 4. Frecuencia de linajes de Ómicron categorizados que se han reportado al Sistema de Vigilancia Genómica COVID-19 en Puerto Rico durante el periodo del 2 de enero de 2023 al 30 de diciembre de 2023. (n=5,696)





Gráfica 5. Proporción de linajes de Ómicron reportados al Sistema de Vigilancia Genómica COVID-19 en Puerto Rico durante el periodo del 2 de enero de 2023 al 30 de diciembre de 2023. (n=5,696)





Sección 3.5. Distribución 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 Ómicron categorizados que han sido reportados al Departamento de Salud por sexo biológico al nacer desde el 2 de enero de 2023 al 30 de diciembre de 2023. El 81% y 66% de los casos identificados con BA.2.86 y XBB.1.9.1, respectivamente, corresponden al sexo femenino. Además, el 82% de los casos identificados con el linaje HE.1 corresponden al sexo masculino (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 de 2023 al 30 de diciembre de 2023.* (n=5,696)

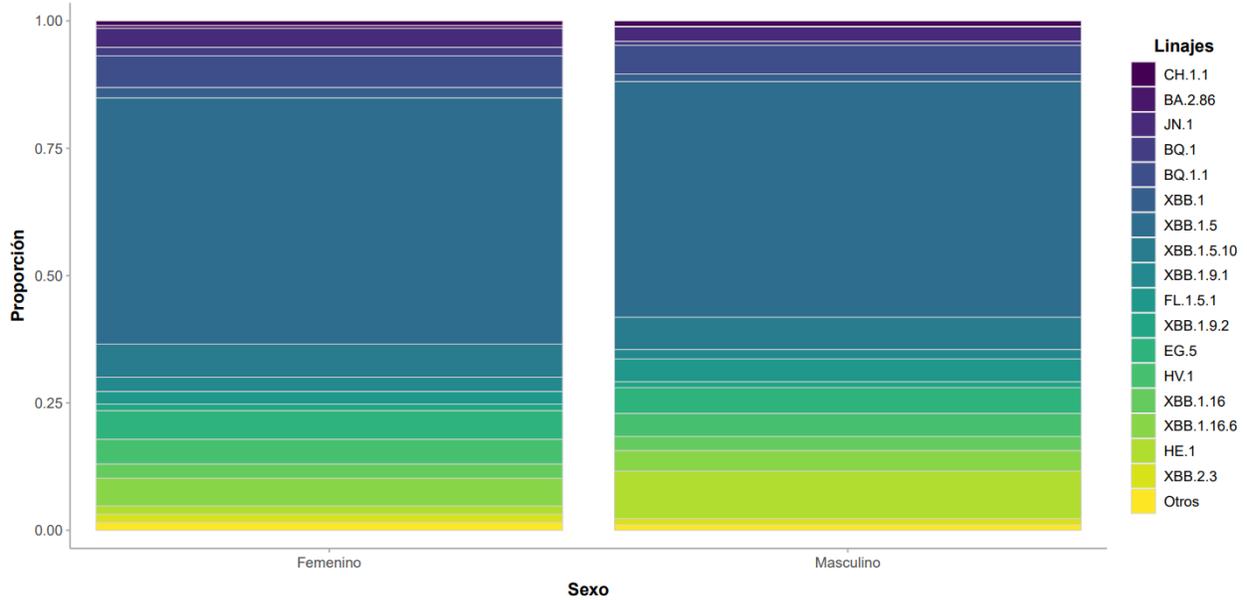
Categorías	Sexo		Total n (%)
	Femenino n (%)	Masculino n (%)	
CH.1.1	30 (53.6)	26 (46.4)	56 (100.0)
BA.2.86	17 (81.0)	4 (19.0)	21 (100.0)
JN.1	119 (62.6)	71 (37.4)	190 (100.0)
BQ.1	53 (72.6)	20 (27.4)	73 (100.0)
BQ.1.1	200 (58.8)	140 (41.2)	340 (100.0)
XBB.1	65 (63.7)	37 (36.3)	102 (100.0)
XBB.1.5	1,549 (57.4)	1,151 (42.6)	2,700 (100.0)
XBB.1.5.10	209 (56.9)	158 (43.1)	367 (100.0)
XBB.1.9.1	90 (66.2)	46 (33.8)	136 (100.0)
FL.1.5.1	80 (41.9)	111 (58.1)	191 (100.0)
XBB.1.9.2	42 (60.0)	28 (40.0)	70 (100.0)
EG.5	180 (58.8)	126 (41.2)	306 (100.0)
HV.1	155 (58.1)	112 (41.9)	267 (100.0)
XBB.1.16	90 (56.6)	69 (43.4)	159 (100.0)
XBB.1.16.6	175 (63.6)	100 (36.4)	275 (100.0)
HE.1	52 (18.3)	232 (81.7)	284 (100.0)
XBB.2.3	51 (64.6)	28 (35.4)	79 (100.0)
Otros	50 (63.3)	29 (36.7)	79 (100.0)
Total	3,207 (56.3)	2,488 (43.7)	5,695 (100.0)

Se identificó 1 caso con sexo desconocido.

*Porcientos (%) por fila.



Gráfica 6. Proporción de linajes de Ómicron categorizados por sexo que se han reportado al Sistema de Vigilancia Genómica COVID-19 en Puerto Rico acumulados durante el periodo del 2 de enero de 2023 al 30 de diciembre de 2023. (n=5,696)



Sección 3.6. Distribución 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 Ómicron categorizados por grupo de edad detectados por el Sistema de Vigilancia Genómica de manera acumulada durante el periodo del 2 de enero de 2023 al 30 de diciembre de 2023. El 62% de los casos identificados con el linaje HE.1 corresponden al grupo de 18 a 49 años (véase **Tabla 3**).



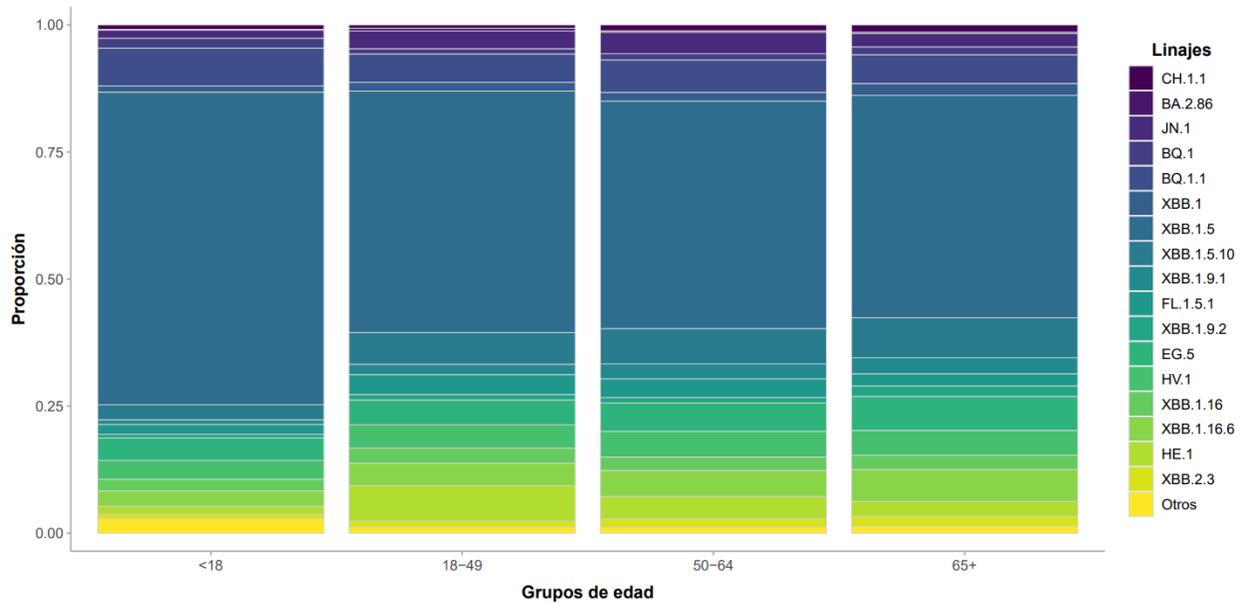
Tabla 3. Frecuencia y proporción de linajes de Ómicron categorizados por grupo de edad que se han reportado al Sistema de Vigilancia Genómica COVID-19 en Puerto Rico, acumulados durante el periodo del 2 de enero de 2023 al 30 de diciembre de 2023*. (**n=5,696**)

Categorías	Grupo de edad				Total n (%)
	<18 n (%)	18-49 n (%)	50-64 n (%)	65+ n (%)	
CH.1.1	5 (8.9)	17 (30.4)	17 (30.4)	17 (30.4)	56 (100.0)
BA.2.86	1 (4.8)	13 (61.9)	4 (19.0)	3 (14.3)	21 (100.0)
JN.1	9 (4.7)	89 (46.8)	61 (32.1)	31 (16.3)	190 (100.0)
BQ.1	11 (15.1)	26 (35.6)	18 (24.7)	18 (24.7)	73 (100.0)
BQ.1.1	42 (12.4)	140 (41.2)	92 (27.1)	66 (19.4)	340 (100.0)
XBB.1	7 (6.9)	43 (42.2)	25 (24.5)	27 (26.5)	102 (100.0)
XBB.1.5	348 (12.9)	1,196 (44.3)	646 (23.9)	511 (18.9)	2,701 (100.0)
XBB.1.5.10	17 (4.6)	158 (43.1)	100 (27.2)	92 (25.1)	367 (100.0)
XBB.1.9.1	5 (3.7)	51 (37.5)	43 (31.6)	37 (27.2)	136 (100.0)
FL.1.5.1	11 (5.8)	99 (51.8)	53 (27.7)	28 (14.7)	191 (100.0)
XBB.1.9.2	4 (5.7)	27 (38.6)	15 (21.4)	24 (34.3)	70 (100.0)
EG.5	25 (8.2)	122 (39.9)	81 (26.5)	78 (25.5)	306 (100.0)
HV.1	21 (7.9)	116 (43.4)	73 (27.3)	57 (21.3)	267 (100.0)
XBB.1.16	13 (8.2)	75 (47.2)	38 (23.9)	33 (20.8)	159 (100.0)
XBB.1.16.6	17 (6.2)	111 (40.4)	74 (26.9)	73 (26.5)	275 (100.0)
HE.1	9 (3.2)	176 (62.0)	64 (22.5)	35 (12.3)	284 (100.0)
XBB.2.3	5 (6.3)	29 (36.7)	23 (29.1)	22 (27.8)	79 (100.0)
Otros	16 (20.3)	30 (38.0)	17 (21.5)	16 (20.3)	79 (100.0)
Total	566 (9.9)	2,518 (44.2)	1,444 (25.4)	1,168 (20.5)	5,696 (100.0)

*Porcientos (%) por fila.



Gráfica 7. Proporción de linajes de Ómicron categorizados por grupo de edad que se han reportado al Sistema de Vigilancia Genómica COVID-19 en Puerto Rico durante el periodo del 2 de enero de 2023 al 30 de diciembre de 2023. (n=5,696)



Sección 3.7. Distribución linajes de SARS-CoV-2 por región del Departamento 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 detectados por el Sistema de Vigilancia Genómica COVID-19 en Puerto Rico durante el periodo del 2 de enero de 2023 al 30 de diciembre de 2023. El 56% y 55% de los casos identificados con los linajes XBB.1.9.2 y JN.1, respectivamente, son residentes de la región Metropolitana. Por otra parte, el 30% de los casos del linaje HE.1 residen en la región de Ponce y 29% residen en la región de Bayamón (véase **Tabla 4**).



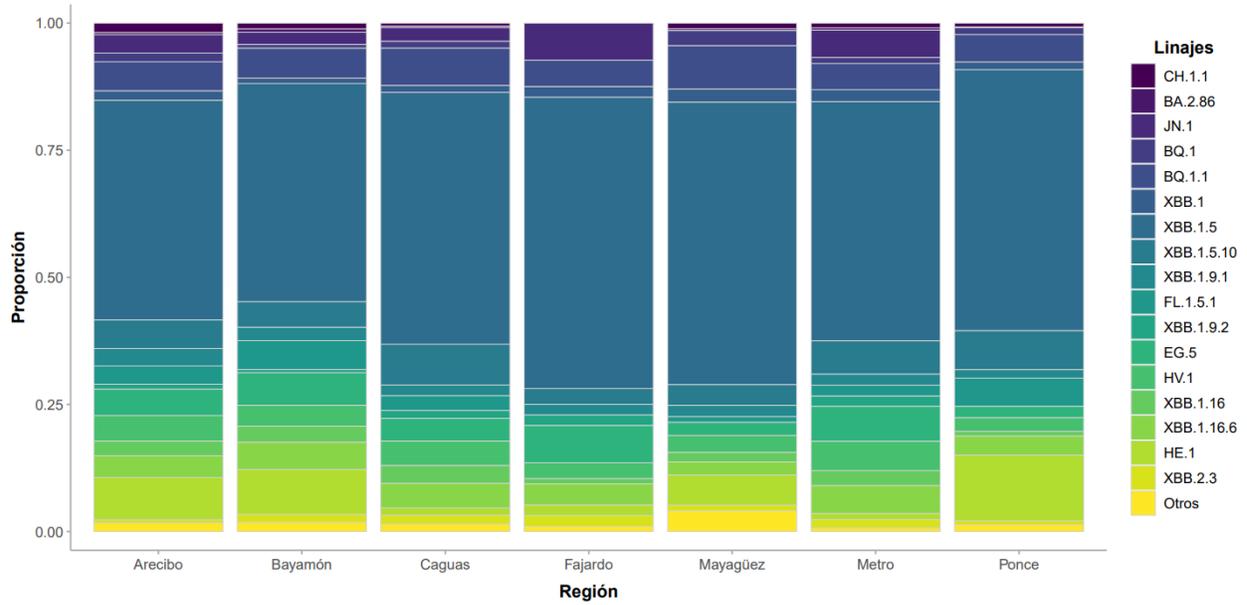
Tabla 4. Frecuencia y porcentaje de linajes de Ómicron categorizados por región del Departamento de Salud que se han reportado al Sistema de Vigilancia Genómica COVID-19 en Puerto Rico durante el periodo del 2 de enero de 2023 al 30 de diciembre de 2023.* (n=5,696)

Categorías	Región							Total n (%)
	Arecibo n (%)	Bayamón n (%)	Caguas n (%)	Fajardo n (%)	Mayagüez n (%)	Metro n (%)	Ponce n (%)	
CH.1.1	13 (23.2)	11 (19.6)	6 (10.7)	0 (0.0)	3 (5.4)	18 (32.1)	5 (8.9)	56 (100.0)
BA.2.86	3 (14.3)	6 (28.6)	3 (14.3)	0 (0.0)	0 (0.0)	9 (42.9)	0 (0.0)	21 (100.0)
JN.1	25 (13.2)	23 (12.1)	28 (14.7)	7 (3.7)	1 (0.5)	105 (55.3)	1 (0.5)	190 (100.0)
BQ.1	12 (16.4)	7 (9.6)	14 (19.2)	0 (0.0)	8 (11.0)	23 (31.5)	9 (12.3)	73 (100.0)
BQ.1.1	40 (11.9)	56 (16.7)	76 (22.6)	5 (1.5)	23 (6.8)	100 (29.8)	36 (10.7)	336 (100.0)
XBB.1	13 (12.7)	10 (9.8)	14 (13.7)	2 (2.0)	7 (6.9)	46 (45.1)	10 (9.8)	102 (100.0)
XBB.1.5	301 (11.2)	408 (15.2)	512 (19.1)	55 (2.0)	150 (5.6)	917 (34.2)	342 (12.7)	2,685 (100.0)
XBB.1.5.10	39 (10.7)	48 (13.2)	83 (22.9)	3 (0.8)	11 (3.0)	128 (35.3)	51 (14.0)	363 (100.0)
XBB.1.9.1	24 (18.2)	25 (18.9)	22 (16.7)	2 (1.5)	6 (4.5)	42 (31.8)	11 (8.3)	132 (100.0)
FL.1.5.1	25 (13.1)	54 (28.3)	30 (15.7)	0 (0.0)	3 (1.6)	42 (22.0)	37 (19.4)	191 (100.0)
XBB.1.9.2	7 (10.0)	6 (8.6)	16 (22.9)	2 (2.9)	0 (0.0)	39 (55.7)	0 (0.0)	70 (100.0)
EG.5	36 (11.8)	61 (19.9)	46 (15.0)	7 (2.3)	7 (2.3)	134 (43.8)	15 (4.9)	306 (100.0)
HV.1	35 (13.2)	39 (14.7)	50 (18.8)	3 (1.1)	9 (3.4)	112 (42.1)	18 (6.8)	266 (100.0)
XBB.1.16	20 (12.8)	30 (19.2)	36 (23.1)	1 (0.6)	5 (3.2)	58 (37.2)	6 (3.8)	156 (100.0)
XBB.1.16.6	30 (10.9)	51 (18.6)	50 (18.2)	4 (1.5)	7 (2.6)	107 (39.1)	25 (9.1)	274 (100.0)
HE.1	58 (20.4)	84 (29.6)	15 (5.3)	2 (0.7)	16 (5.6)	23 (8.1)	86 (30.3)	284 (100.0)
XBB.2.3	4 (5.1)	15 (19.0)	18 (22.8)	2 (2.5)	3 (3.8)	32 (40.5)	5 (6.3)	79 (100.0)
Otros	12 (15.2)	17 (21.5)	15 (19.0)	1 (1.3)	11 (13.9)	14 (17.7)	9 (11.4)	79 (100.0)
Total	697 (12.3)	951 (16.8)	1,034 (18.3)	96 (1.7)	270 (4.8)	1,949 (34.4)	666 (11.8)	5,663 (100.0)

Se identificaron 22 muestras con región de salud desconocida y 11 de pacientes no residentes de Puerto Rico. *Porcientos (%) por fila.



Gráfica 8. Proporción de linajes de Ómicron 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 de 2023 al 30 de diciembre de 2023. (n=5,696)



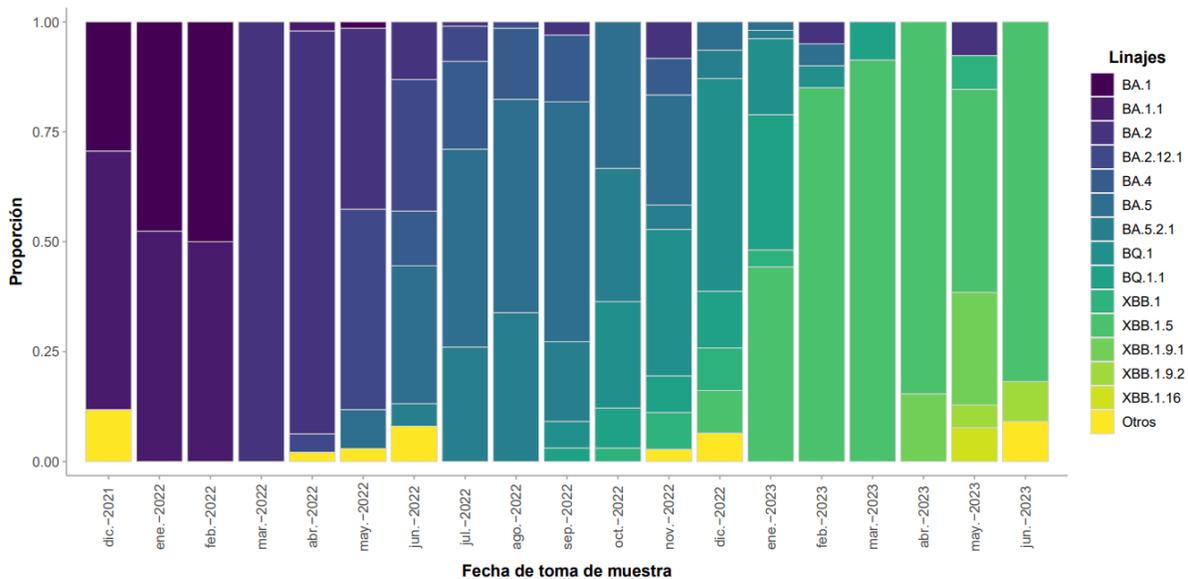


Sección 4: Otras iniciativas

Sección 4.1. Vigilancia Genómica de SARS-CoV-2 en el Aeropuerto Internacional Luis Muñoz Marín

Entre las estrategias de la Vigilancia Genómica COVID-19 se encontraba el establecimiento de un “testing site” dentro del Aeropuerto Internacional Luis Muñoz Marín con el fin de monitorear y detectar la entrada de nuevas variantes del virus del SARS-CoV-2 en Puerto Rico. Esta iniciativa comenzó en diciembre del 2021 y culminó en junio 2023. El establecimiento de este centro de pruebas en el aeropuerto Luis Muñoz Marín cumplió su propósito principal: la identificación temprana de nuevos linajes de gran interés para la salud pública. A través de esta iniciativa se secuenciaron 843 muestras que permitieron la identificación de variantes de interés como BQ.1, XBB.1.5, XBB.1.9.2 y EG.5.1. En la **Gráfica 10** se presenta la proporción de linajes categorizados en viajeros que se reportaron a la Vigilancia Genómica de manera acumulada entre el 7 de diciembre de 2021 al 11 de junio de 2023. Desde el comienzo de la iniciativa hasta febrero del 2022, BA.1 y su sublinaje, BA.1.1, fueron los más prevalentes, representando el 94% de las muestras. Eventualmente, BA.1 y sus sublinajes fueron desplazados, y durante el periodo de marzo del 2022 hasta el mes de mayo del 2022, BA.2 fue el linaje más prevalente (64%). Entre el mes de junio del 2022 hasta el mes de octubre de este mismo año, se observó un aumento sustancial en los siguientes linajes: 41% de BA.5, 18% de BA.5.2.1 y 16% de BA.4 (porcentajes de prevalencia). Durante las últimas doce (12) semanas epidemiológicas del año 2022 (octubre a diciembre del 2022), el 45% de las muestras de viajeros correspondían a BQ.1 y su sublinaje, BQ.1.1. En las muestras secuenciadas desde el mes de enero del 2023 hasta el fin de la iniciativa en junio del 2023, el linaje más prevalente fue XBB.1.5 (67%). Cabe destacar que la primera muestra donde se identificó la variante de interés¹⁸ EG.5.1, fue colectada a través de esta iniciativa durante el mes de mayo del 2023.

Gráfica 10. Proporción de linajes de SARS-CoV-2 categorizados en viajeros que se han reportado al Sistema de Vigilancia Genómica COVID-19 en Puerto Rico de manera acumulada entre el 7 de diciembre de 2021 al 11 de junio de 2023. (n=843)



¹⁸ World Health Organization. (2023). EG.5 Initial Risk Evaluation, 9 August 2023. Recuperado el 7 de septiembre de 2023 de https://www.who.int/docs/default-source/coronavirus/09082023eg_5_ire_final.pdf?sfvrsn=2aa2daee_3



Sección 4.2. EpiNet

Epi-Net (Epidemiological Intelligence Community Network) fue un proyecto de investigación liderado por la Universidad de Ciencias de la Salud de Ponce que se enfocó en la vigilancia epidemiológica a nivel comunitario, particularmente, en entender la transmisión de SARS-CoV-2 en las comunidades socialmente vulnerables. En colaboración con el Departamento de Salud de Puerto Rico (DSPR), este proyecto se centró en la evolución e importancia de la vigilancia genómica durante una respuesta de salud pública en comunidades socialmente vulnerables. Durante este periodo se realizó secuenciación genómica en las muestras positivas colectadas en las comunidades, y estos datos alimentaron la Vigilancia Genómica de COVID-19 de la División de Epidemiología e Investigación del DSPR. Desde el inicio del proyecto en octubre del 2022 hasta el 29 de abril de 2023 se secuenciaron 45 muestras. Para el periodo de octubre a diciembre de 2022, el linaje de mayor prevalencia fue BA.5 (81%). Sin embargo, para el periodo de enero a junio del año 2023, el linaje de mayor prevalencia fue XBB.1.5 (59%). El 59% de los casos del año 2023 correspondían a pacientes del sexo femenino. Además, el 59% de los pacientes eran mayores de 65 años.



Sección 5. Sistema de Vigilancia de Aguas Residuales

El propósito de esta vigilancia nacional es detectar la presencia del virus SARS-CoV-2 en muestras de aguas residuales como indicadores tempranos de la presencia de transmisión del virus en comunidades. Personas infectadas, presintomáticas, sintomáticas y asintomáticas, excretan el virus SARS-CoV-2 (virus que causa COVID-19) en sus heces fecales, lo que permite la detección del material genético del virus en las aguas residuales. Además, a través de esta vigilancia se pueden identificar nuevas variantes del virus que se encuentran circulando en la población. Aunque las personas con COVID-19 pueden excretar el SARS-CoV-2 en las heces, hasta este momento no hay información que evidencie la posibilidad de desarrollar COVID-19 debido a la exposición directa a aguas residuales o sin tratar.¹⁹

Sección 5.1. Trasfondo

A inicios de noviembre 2022, el Instituto de Laboratorios de Salud Pública del Departamento de Salud en colaboración con los Centros para el Control y la Prevención de Enfermedades (CDC, por sus siglas en inglés) y la Autoridad de Acueductos y Alcantarillados (AAA) comenzó un monitoreo de aguas residuales para la detección de SARS-CoV-2 en comunidades de Puerto Rico. A través de esta fase piloto, que culminó el 31 de agosto de 2023, se monitorearon aguas residuales colectadas en ocho (8) plantas de tratamiento de la Autoridad de Acueductos y Alcantarillados (AAA) que sirven a distintas comunidades en Puerto Rico, ubicadas en las regiones de Arecibo, Bayamón, Caguas, Fajardo y Metropolitana (véase **Tabla 6**). A la fecha de este informe, nos encontramos en proceso de implementación de la nueva etapa del Sistema de Vigilancia.

Tabla 6. Plantas de Aguas Sanitarias (PAS) de la Autoridad de Acueductos y Alcantarillados (AAA) y los Municipios Servidos*.

Región de Salud	Municipios Servidos por PAS
Arecibo 1	Barceloneta
	Florida
	Manatí
	Vega Baja
Bayamón	Bayamón
	Cataño
	Guaynabo
	San Juan
	Toa Alta
Caguas 1	Aguas Buenas
	Caguas
	Gurabo
	Juncos
Metropolitana 1	San Lorenzo
	Canóvanas
	Carolina
	Loíza

¹⁹ Centers for Disease Control and Prevention. (2024). National Wastewater Surveillance System. Recuperado el 15 de mayo de 2024 de <https://www.cdc.gov/nwss/wastewater-surveillance/index.html>



Región de Salud	Municipios Servidos por PAS
Fajardo	Rio Grande
	Trujillo Alto
	San Juan
	Ceiba
	Fajardo
Caguas 2	Luquillo
	Rio Grande
	Humacao
	Juncos
Metropolitana 2	Las Piedras
	Naguabo
	Carolina
	Guaynabo
	Trujillo Alto
Arecibo 2	San Juan
	Vega Baja

*Plantas pueden servir a más de un municipio.

Sección 5.2. Resultados

Durante el periodo del 8 de noviembre de 2022 al 31 de agosto de 2023, se colectaron 579 muestras de las diferentes PAS seleccionadas para detectar la presencia de SARS-CoV-2 y la concentración efectiva de virus^{20,21} en cada muestra. En este período todas las muestras detectaron la presencia de SARS-CoV-2 en las diferentes PAS. Además, se determinaron las tendencias de las concentraciones de SARS-CoV-2 en cada PAS²². **La Gráfica 11** presenta las tendencias de las concentraciones de SARS-CoV-2 en cada PAS. Durante el periodo de análisis se observó una reducción constante en las concentraciones del virus en la mayoría de las regiones desde el mes de enero hasta el mes de abril, con excepción de la región de Fajardo donde la disminución se prolongó hasta el mes de mayo. Durante los meses de mayo y junio se apreció un aumento en las concentraciones del virus en todas las regiones de salud, excepto en Arecibo 2 y Fajardo, donde las concentraciones comienzan a aumentar en abril y junio, respectivamente (véase **Gráfica 11**).

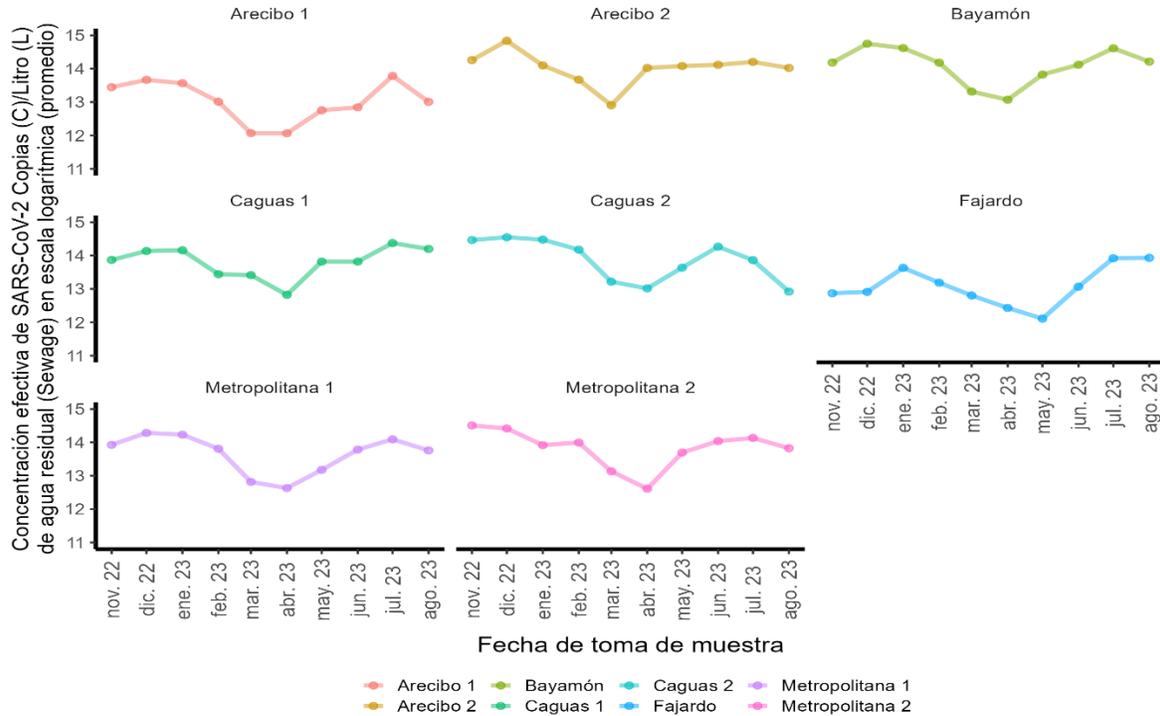
²⁰ Concentración efectiva: Medida generada por Biobot Analytics donde se normalizaba la concentración cruda utilizando un marcador fecal, *Pepper Mild Mottle Virus (PMMoV)*, para tomar en cuenta factores como la dilución, variaciones en el flujo de agua y variaciones en el tamaño de la población.

²¹ Biobot Analytics. (2022). Effective concentration: a future-proof approach to characterizing pathogen concentrations in wastewater. <https://biobot.io/wpcontent/uploads/2022/02/2022-01-White-paper-Effective-concentration.pdf>

²² Las tendencias fueron calculadas promediando las concentraciones por mes (promedios fueron transformados a la escala logarítmica).



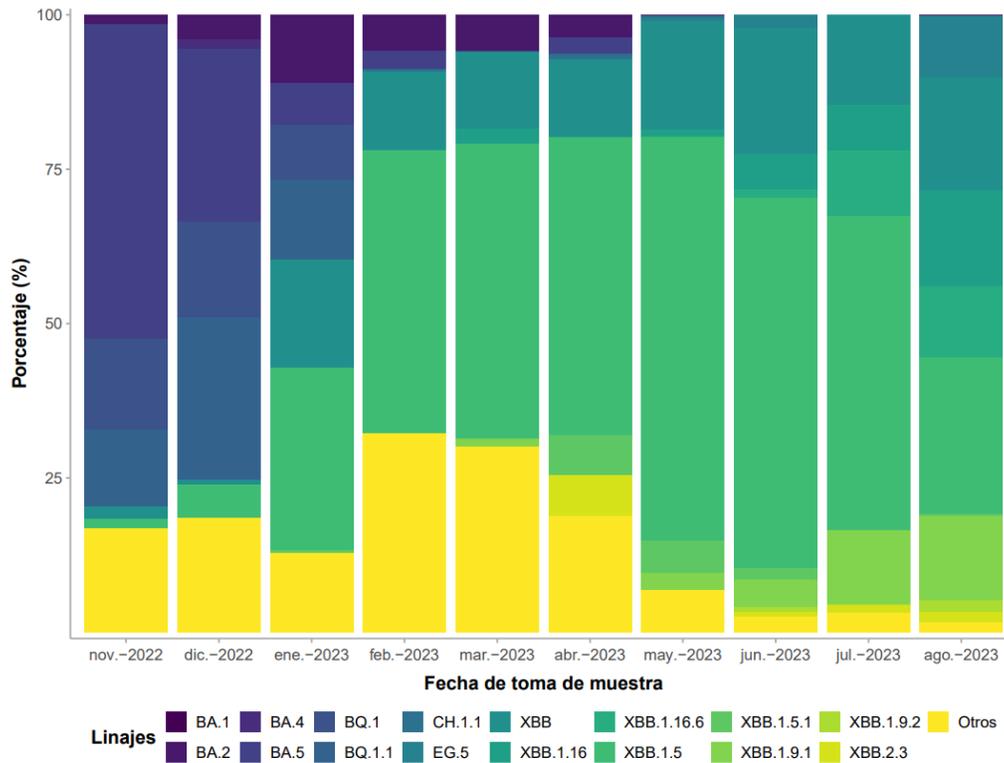
Gráfica 11. Promedio mensual de la concentración efectiva de SAR-CoV-2 (escala logarítmica) para las plantas de tratamiento de aguas sanitarias de la Autoridad de Acueductos y Alcantarillados para el periodo del 8 de noviembre de 2022 al 31 de agosto de 2023.



Además, 314 de las muestras colectadas en las diferentes PAS fueron analizadas para identificar las variantes del virus en circulación. En la **Gráfica 12** se presentan los linajes predominantes detectados en Puerto Rico durante el 8 de noviembre de 2022 al 31 de agosto de 2023. Durante este periodo se destaca la dominancia de los linajes BA.5 (entre noviembre y diciembre del 2022) y XBB.1.5, desde enero hasta agosto 2023, con excepción de la semana epidemiológica 7, donde el linaje el XBB.1.5.1 fue el dominante (véase **Gráfica 12**).



Gráfica 12. Proporción de linajes de Ómicron categorizados²³ que se han identificado en aguas residuales por semana epidemiológica durante el periodo del 8 de noviembre de 2022 al 30 de diciembre de 2023.²⁴



²³ Agrupaciones de linajes extraídas de *DCIPHER*, que reflejan las categorías presentadas en el *COVID Data Tracker* de los CDC.

²⁴ 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.



Sección 6. Limitaciones

Los datos presentados en este informe son preliminares. Debido al tiempo que conlleva realizar el proceso de secuenciación se genera un atraso en la notificación de los datos de secuenciación. Por lo tanto, en el período más reciente de estudio puede estar generando una subestimación. Es importante reconocer que los datos de la Vigilancia Genómica COVID-19 no se encuentran en una base de datos activa, por lo que los linajes y sublinajes no se actualizan automáticamente cuando hay una actualización de Pangolin. Finalmente, la información demográfica y clínica del paciente proviene de una entrevista telefónica. Por esta razón, existe la posibilidad de sesgo del entrevistador y una tasa de respuesta baja. Sin embargo, los investigadores del Departamento de Salud minimizan estos sesgos, mediante el uso de un cuestionario estandarizado y capacitaciones periódicas sobre el proceso de administración de dicho instrumento.

Sección 7. 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.

Sección 8. *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: Equipo Vigilancia Genómica SARS-CoV-2
Revisado por: Equipo Principal Oficial de Epidemiología
Oficina de Epidemiología e Investigación



Anejos



Anejo I. Agrupación de linajes en categorías de interés para la Vigilancia Genómica

Categorías	Linajes
CH.1.1	CH.1.1, CH.1.1.1, DV.1, DV.6, DV.7.1.2, CH.1.1.2, CH.1.1.7, CH.1.1.10, GP.1, FK.1.1, FK.1.4.1, CH.1.1.25, CH.1.1.32
BA.5	BA.2.86, BA.2.86.1, JN.3, JN.4, JN.5, JN.6
JN.1	JN.1, JN.1.1, JN.1.1.2, JN.1.2, JN.1.3, JN.1.4, JN.1.4.5, JN.1.5, JN.1.6, JN.1.8, JN.1.8.1, JN.1.8.3, JN.1.9, JN.1.10, JN.1.11, JN.1.15, JN.1.22, JN.1.31, JN.1.39, JN.1.42, JN.1.43.1, JN.1.45, JN.1.46, JN.1.47
BQ.1	BQ.1, BQ.1.2, BQ.1.3.2, BQ.1.5, BQ.1.6, BQ.1.8, BQ.1.10, BQ.1.10.1, BQ.1.11, BQ.1.12, BQ.1.13, BQ.1.14, BQ.1.18, BQ.1.23, BQ.1.25, BQ.1.25.1, BQ.1.27, BQ.1.28
BQ.1.1	BQ.1.1, CZ.2, BQ.1.1.2, BQ.1.1.3, BQ.1.1.4, EE.2, EE.5, BQ.1.1.5, DN.2, BQ.1.1.6, BQ.1.1.7, BQ.1.1.8, BQ.1.1.10, BQ.1.1.13, EF.1, EF.1.1, EY.1, EF.1.2, BQ.1.1.17, BQ.1.1.18, BQ.1.1.25, BQ.1.1.27, BQ.1.1.32, BQ.1.1.36, BQ.1.1.40, BQ.1.1.41, BQ.1.1.42, BQ.1.1.43, BQ.1.1.45, EN.1.1, BQ.1.1.51, BQ.1.1.52, BQ.1.1.53, BQ.1.1.54, BQ.1.1.61, BQ.1.1.65, BQ.1.1.67, BQ.1.1.68, BQ.1.1.69, BQ.1.1.72
XBB.1	XBB.1, XBB.1.9, FP.2.1, FP.2.1.1, XBB.1.15, XBB.1.15.1, XBB.1.17.1, XBB.1.18.1, FE.1, FE.1.1, FE.1.2, FE.1.1.1, XBB.1.19.1, GW.5.1, XBB.1.22, XBB.1.22.1, FY.1.2, FY.3.1, FY.4.2, FY.5, FY.6, XBB.1.41, XBB.1.41.2, XBB.1.42.2
XBB.1.5	XBB.1.5, XBB.1.5.1, XBB.1.5.2, XBB.1.5.3, XBB.1.5.4, XBB.1.5.5, XBB.1.5.7, XBB.1.5.8, XBB.1.5.11, XBB.1.5.12, XBB.1.5.13, EK.2, EK.3, XBB.1.5.14, EL.1, XBB.1.5.15, FD.1.1, FD.2, FD.3, FD.4, FD.4.1, XBB.1.5.16, FG.2, XBB.1.5.17, FH.1, XBB.1.5.18, XBB.1.5.19, XBB.1.5.20, XBB.1.5.21, XBB.1.5.23, XBB.1.5.24, GF.1, XBB.1.5.25, XBB.1.5.26, EU.1.1, XBB.1.5.27, XBB.1.5.28, XBB.1.5.30, XBB.1.5.31, XBB.1.5.32, XBB.1.5.33, XBB.1.5.34, XBB.1.5.35, XBB.1.5.36, XBB.1.5.37, XBB.1.5.39, FT.3.1.1, GU.1, GR.1, XBB.1.5.47, XBB.1.5.48, XBB.1.5.49, HT.2, XBB.1.5.51, XBB.1.5.52, XBB.1.5.55, XBB.1.5.56, XBB.1.5.59, XBB.1.5.61, XBB.1.5.63, XBB.1.5.65, XBB.1.5.66, XBB.1.5.67, HZ.1, HZ.3, XBB.1.5.69, GK.1, GK.1.1, GK.2, GK.2.1, GK.2.2, GK.3.1, XBB.1.5.71, XBB.1.5.72, XBB.1.5.73, GN.1, GN.1.1, GN.4, GN.5, XBB.1.5.76, XBB.1.5.77, HR.1, XBB.1.5.79, XBB.1.5.85, XBB.1.5.86, HA.1, HA.2, XBB.1.5.88, XBB.1.5.90, XBB.1.5.91, HQ.1, XBB.1.5.93, XBB.1.5.95, HS.1.1, XBB.1.5.96, XBB.1.5.99, XBB.1.5.100, HY.1, XBB.1.5.102, JD.1.1, JD.1.1.1, JD.1.1.3, JD.1.2, JD.2, XBB.1.5.104
XBB.1.5.10	XBB.1.5.10
XBB.1.9.1	XBB.1.9.1, FL.1, FL.1.5, FL.2, FL.2.4, FL.3, FL.3.1, FL.4, FL.4.1.1, FL.4.9, FL.5, FL.7, FL.9, FL.10.1, FL.13, FL.15, FL.15.1.1, FL.18, FL.18.1, FL.19, FL.19.1, FL.20, FL.20.2, FL.25, FL.27
FL.1.5.1	FL.1.5.1, HN.1
XBB.1.9.2	XBB.1.9.2, EG.1, EG.1.2, EG.1.3, EG.1.4, EG.1.5, EG.1.8, EG.4, EG.6.1, EG.6.1.1, EG.7, EG.10.1, EG.13, EG.14
XBB.1.16	XBB.1.16, XBB.1.16.1, FU.1, FU.3, XBB.1.16.2, XBB.1.16.3, XBB.1.16.4, XBB.1.16.5, XBB.1.16.6, XBB.1.16.7, XBB.1.16.8, XBB.1.16.9, XBB.1.16.11, XBB.1.16.12, XBB.1.16.13
EG.5	EG.5, EG.5.1, EG.5.1.1, HK.1, HK.3, HK.3.2, HK.6, HK.7, EG.5.1.3, JG.1, JG.3, EG.5.1.4, EG.5.1.5, EG.5.1.6, EG.5.1.8, EG.5.1.9, EG.5.2, EG.5.2.1
HV.1	HV.1
XBB.1.16	XBB.1.16, XBB.1.16.1, FU.1, FU.2, FU.2.1, XBB.1.16.2, GY.5, XBB.1.16.5, XBB.1.16.8, XBB.1.16.9, XBB.1.16.11, XBB.1.16.13, HF.1.2, XBB.1.16.14, XBB.1.16.15, XBB.1.16.16, GA.6, XBB.1.16.18, XBB.1.16.19, XBB.1.16.23
XBB.1.16.6	XBB.1.16.6, JF.1
HE.1	HE.1



XBB.2.3	XBB.2.3, XBB.2.3.2, XBB.2.3.3, GJ.1.2, GJ.1.2.8, GJ.3, GJ.4, XBB.2.3.5, XBB.2.3.6, GH.1, GE.1, GE.1.3, XBB.2.3.11, GS.4.1, XBB.2.3.7
Otros	BA.2, BA.2.3.20, BA.2.10.1, BA.2.12.1, CJ.1.3, BR.1.2, BR.2.1, BN.1, BN.1.3, BN.1.3.1, DS.1, BN.1.3.6, BY.1, BA.4, BA.4.6, BA.5, BA.5.1.18, BA.5.1.27, CL.1, BA.5.2, BA.5.2.1, BF.7, BF.7.5, BF.26, BA.5.2.20, CN.1, CK.1, CK.1.4, CK.2.1.1, BE.9, BW.1.1, XBB, XBB.2, XBB.2.5, XBB.2.6, XBB.3.2, XBB.6.1, XBF.7, XCF, XCH, XCH.1, XDD
