



PERÚ

Ministerio
de Salud

Instituto Nacional
de Salud

"Decenio de la Igualdad de Oportunidades para Mujeres y
Hombres"
"Año de la unidad, la paz y el desarrollo"

14

Centro Nacional de Salud Pública – INS

INFORME TÉCNICO ELABORADO POR:

Responsable (e) del Laboratorio de Referencia Nacional de Virus Inmunoprevenibles (LRNVIN):

- TM. Maribel Carmen Huaranga Nuñez

Responsable del Equipo de Vigilancia Genómica del Área de Innovación y Desarrollo:

- Blgo. Carlos Patricio Padilla Rojas

Integrantes:

- Blga. Carmen Verónica Hurtado Vela
- Blga. Iris Silva Molina
- Blgo. Luis Bárcena Flores
- Blgo. Víctor Jiménez Vásquez
- Blga. Priscila Naya Lope Pari
- Blga. Alicia Elizabeth Núñez Llanos
- Blga. Kelly Vanessa Izarra Rojas
- Blga. Estela Alejandra Huamán Ángeles
- Blga. Princesa Alicia Medrano Alhuay
- Blgo. Steve Acedo Lazo
- Blga. Wendy Lizárraga Olivares



- Blgo. Omar Alberto Cáceres Rey

- Blgo. Henri Bailón Calderón

- Blgo. Marco Galarza Pérez

- Dra. Natalia Vargas Herrera

- Dra. Lely Solari Zerpa

- Dr. Luis Eduardo Pampa Espinoza

- Dr. Roger Araujo Castillo





PERÚ

Ministerio
de SaludInstituto Nacional
de Salud

"Decenio de la Igualdad de Oportunidades para Mujeres y
Hombres"
"Año de la unidad, la paz y el desarrollo"

13

INFORME TÉCNICO N°033-2023-ESG-LRNVIN-SUDET-CNSP/INS

ACTUALIZACION DE LA IDENTIFICACION DE VARIANTES CIRCULANTES DE SARS-CoV-2 EN EL PERÚ: Muestras secuenciadas del 14 de OCTUBRE al 10 de NOVIEMBRE del 2023

15 de noviembre del 2023

INTRODUCCIÓN

El Instituto Nacional de Salud a través de la plataforma de vigilancia genómica del Centro Nacional de Salud Pública, realiza la secuenciación genómica de muestras de pacientes con pruebas moleculares positivas para SARS-CoV-2. Los objetivos son identificar las variantes presentes en el país, registrar su comportamiento epidemiológico, detectar de manera oportuna el ingreso a nuestro territorio de las variantes de interés (VOI) y las variantes de preocupación (VOC), y caracterizar su posible participación en casos con presentación inusual. Se realizan dos tipos de Vigilancia: La Vigilancia Aleatoria que secuencia muestras escogidas al azar entre aquellas que hayan resultado positivas a alguna prueba molecular; y la Vigilancia Focalizada que secuencia muestras de contactos, estudios de brotes, casos clínicos inusuales, u otras muestras con antecedentes epidemiológicos relevantes.

Las muestras de SARS-CoV-2 son procesadas usando el kit Nextera y secuenciadas mediante los secuenciadores de última generación MiSeq de la plataforma Illumina. Los linajes del virus SARS-CoV-2 son reclasificados constantemente según la nomenclatura PANGO, por lo que se utiliza el programa Pangolin (última versión 4.3.1) con su actualización más reciente de datos (Pangolin-data, versión 1.23) para identificar el linaje de cada genoma secuenciado. Esta actividad se realiza quincenalmente para todas las muestras secuenciadas en las últimas 2 semanas, y retrospectivamente, en aquellas ya clasificadas previamente. Esta quincena se ejecutó el programa en todas las secuencias genómicas presentes en la base de datos el día 10 de noviembre del 2023 a las 13:00 horas.

ANÁLISIS

Se reporta el resultado de la secuenciación genómica para las muestras procesadas entre el 14 de octubre al 10 de noviembre del 2023.

- Esta quincena se procesó **276** muestras respiratorias; de las cuales **256** lograron ser secuenciadas, procedentes de pacientes ambulatorios y hospitalizados con infección por SARS-CoV-2 identificados mediante RT-PCR en tiempo real de muestras obtenidas entre el 11 de setiembre y el 26 de octubre del 2023. La mayoría de las muestras tenían un Ct<30, correspondiente a una presencia alta del virus.
- De las **256** muestras secuenciadas, todas **correspondieron a la Vigilancia Aleatoria y fueron procesadas en el Laboratorio Central del INS**. Esta quincena NO se procesaron muestras en el Laboratorio regional de Junín o Cusco, ni en el laboratorio Móvil de Piura.





PERÚ

Ministerio
de Salud

Instituto Nacional
de Salud

"Decenio de la Igualdad de Oportunidades para Mujeres y
Hombres"
"Año de la unidad, la paz y el desarrollo"

12

- Se encontró, además, que **TODOS fueron recombinantes de la VOC Ómicron**. Todas las muestras tuvieron un linaje asignado según el programa Pangolin. En la **Tabla 1** se resumen los resultados de las muestras secuenciadas esta semana según tipo de Vigilancia y Laboratorio.
- Las muestras de esta semana proceden de Lima Metropolitana, Ayacucho, Cajamarca, Callao, Cusco, Huancavelica, Huánuco, Ica, Junín, La Libertad, Loreto, Moquegua, Pasco, Piura, Puno, Tacna, Tumbes y Ucayali. No hubo muestras disponibles de Amazonas, Ancash, Apurímac, Arequipa, Lambayeque, Lima provincia, Madre de Dios ni San Martín.

Tabla 1. Resumen de variantes identificadas según Tipo de Vigilancia.

Tipo de Vigilancia	Sublinajes de Ómicron	Recombinantes de Ómicron*	VOI Lambda	* No asignado	Total
Vigilancia Especial (Next-Seq Central y MiSeq Central)	---	---	---	---	---
Vigilancia Aleatoria (Next-Seq y MiSeq Central)	---	256 (100%)			256 (100%)
Vigilancia Aleatoria (MiSeq Piura)	---	---			---
Vigilancia Aleatoria (MiSeq Junín)	---	---			---
Vigilancia Aleatoria (MiSeq Cusco)	---	---			---
TOTAL	---	256 (100%)	0	0	256 (100%)

* Incluye muestras sin linaje asignado que han sido identificadas como "probable" Ómicron, aunque sin confirmar. Porcentajes fueron obtenidos por filas

RESULTADOS

(i) Vigilancia Aleatoria:

De las secuencias realizadas, todas corresponden a la vigilancia aleatoria, obtenidas en diversas regiones. Cabe mencionar que todas las muestras fueron procesadas mediante la plataforma MiSeq en la sede Central del INS y se encontró que el 100% corresponden a recombinantes de Ómicron. Asimismo, a todas las muestras secuenciadas se les pudo asignar un linaje basado en el software Pangolin.





PERÚ
Ministerio
de Salud

Instituto Nacional
de Salud

"Decenio de la Igualdad de Oportunidades para Mujeres y Hombres"
"Año de la unidad, la paz y el desarrollo"

Tabla 2. Resultados de RECOMBINANTES Ómicron identificados por Región mediante VIGILANCIA ALEATORIA y ESPECIAL

REGIONES	Ómicron BA.4	Ómicron BA.4.6	Ómicron BA.2.86	Recomb FL.1.5.1	Recomb HV.1	Recomb XBB.1.5	Recomb XBB.1.16	Recomb XBB.1.9.1	Recomb XBB.1.9.2	Recomb XBB.2.3	Recomb EG.5	TOTAL
AMAZONAS												
ANCASH												
APURIMAC												
AREQUIPA												
AYACUCHO						1						1
CAJAMARCA						1						1
CALLAO						14	1		1			16
CUSCO*						12						12
HUANCAYELICA						3						3
HUANUCO						7						7
ICA						9	1		1		2	16
JUNIN*						2						2
LA LIBERTAD						1			2			10
LAMBAYEQUE												
LIMA			1	4	10	132		2	2	1	4	156
METROPOLITANA**												
LIMA PROVINCIA												
LORETO						2						2
MADRE DE DIOS												
MOQUEGUA						2						2
PASCO						2						2
PIURA*				1		13						14
PUNO						3						3
SAN MARTÍN												
TACNA						4						4
TUMBES						4						4
UCAYALI						1						1
TOTAL	0	0	1 (0.4%)	1 (0.4%)	12 (4.7%)	218 (85.2%)	2 (0.8%)	2 (0.8%)	6 (2.4%)	1 (0.4%)	6 (0.4%)	256 (100%)

* Procesados en el Laboratorio Móvil o en los Laboratorios Regionales de Secuenciación genómica.

** Lima Norte, Lima Centro, Lima Este, Lima Sur.

*** XBB incluye los linajes recombinantes XBB, XBB.1, XBB.1.1, XBB.2, XBB.3, XBB.3.2, XBB.4

Recomb: Linaje recombinante. NOTA: Cuando no se procesó muestras de una región durante esta semana se coloca ---

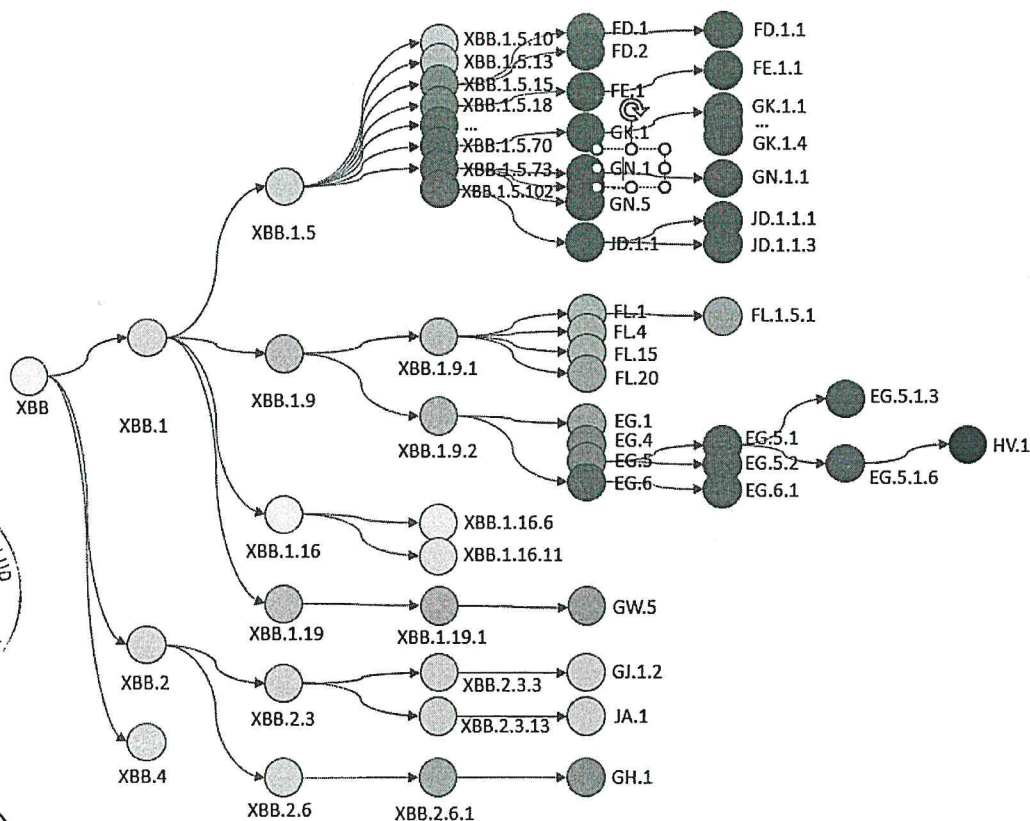


(ii) **Variante Ómicron**

Durante quincena **NO se identificaron casos adicionales de VOC Ómicron**, con lo que se suman 24,656 personas confirmadas con VOC Ómicron, la mayoría procedentes de Lima Metropolitana.

A nivel global, el sistema PANGO ha definido más de 600 linajes descendientes de Ómicron, agrupados en los linajes BA.1, BA.2, BA.3, BA.4 y BA.5 con sus descendientes; y aquellos con los prefijos: BC y BD (descienden de BA.1); BH, BJ, BP, BS, CM (descienden de BA.2); BG (corresponde a BA.2.12.1); BL, BM, BN, BR, BY, CA, CH, CV (correspondientes a BA.2.75); BE, BK, BQ, BV, BW, CL, CP, CW, DE, DL, DJ, DM (descienden de BA.5) y BF, BU, BZ, CK y DG (descienden de BA.5.2). Asimismo, XBB ha generado varios prefijos descendientes tales como EG, EL, EU, FD, y FH. En la **Figura 1** se muestra un esquema de la relación entre los diferentes linajes descendientes de Ómicron. De ellos, más de 280 linajes han sido detectados en el Perú, incluyendo varios linajes propuestos por el INS y aceptados por el sistema PANGO, como son BA.1.22, BC.2, BA.1.15.3, BA.2.53, BG.1, BA.2.60, BG.3, XAM, BG.6, BG.7, DJ.1.2, DJ.1.3, BQ.1.11.1, y BQ.1.1.50.

Figura 1. Esquema mostrando la relación entre los Linajes descendientes de la VOC Ómicron XBB presentes en el Perú





PERÚ

Ministerio
de SaludInstituto Nacional
de Salud

"Decenio de la Igualdad de Oportunidades para Mujeres y
Hombres"
"Año de la unidad, la paz y el desarrollo"

9

Es importante mencionar que los linajes descendientes de Ómicron y en general, todos los linajes SARS-CoV-2 son reclasificados constantemente según la nomenclatura PANGO utilizando el programa Pangolin (última versión 4.3.1). Dicho programa se ejecuta semanalmente para clasificar los genomas obtenidos durante la semana, y reclasificar retrospectivamente todas las secuencias genómicas de la VOC Ómicron y de recombinantes presentes en la base de datos de SARS-CoV-2. La última reclasificación global con la versión más actualizada del software, se ejecutó con fecha 10/11/2023 a las 13:00 horas, que puede aún no contener los linajes designados más recientemente.

A partir del 15 de marzo del 2023, la Organización Mundial de la Salud (OMS), a través de su Grupo asesor Técnico sobre evolución del virus SARS-CoV-2 (TAG-VE), con el objetivo de comparar los linajes descendientes de Ómicron que tengan comportamientos (fenotipos) diferentes, ha decidido considerar a los linajes de importancia epidemiológica como "variantes" independientemente de su linaje parental Ómicron. Según el último reporte de OMS del 04/10/23, se han actualizado las definiciones de variantes del SARS-CoV-2, siendo:

- **Variantes bajo monitoreo (VUM)** la que poseen cambios genéticos que se sospechan afectan las características del virus y que se asocian a una ventaja de crecimiento en relación con las otras variantes, pero que sin embargo la evidencia de impacto fenotípico o epidemiológico se mantiene poco claro, requiriendo mayor monitoreo. Asimismo, las VUM tienen una gran cantidad de mutaciones, pero pocas secuencias que no hacen posible estimar su ventaja de crecimiento, y que además hay evidencia de transmisión comunitaria en 2 o más países dentro de un periodo de 2 – 4 semanas.
- **Las Variantes de interés (VOI)** son las que tienen cambios genéticos que se saben o espera que afecten las características del virus como transmisibilidad, virulencia, evasión de anticuerpos y que tienen una ventaja de crecimiento frente a otras variantes en más de una región que suponen un riesgo para la salud pública global.

Actualmente, las únicas tres variantes de interés (VOI) según la OMS son los linajes recombinantes XBB.1.5, XBB.1.16 y EG.5; mientras que habría seis variantes bajo monitorización (VUM): DV7, XBB, XBB.1.9.1, XBB.1.9.2, XBB.2.3 y BA.2.86.

Asimismo, la CDC menciona a la variante FL.1.5.1 (llamada coloquialmente "Fornax"), como un descendiente de XBB a la que se le atribuiría el incremento de casos y hospitalizaciones en los Estados Unidos, que además duplicó sus secuencias en 2 semanas. Sin embargo, según el último reporte de la OMS, esta variante aún no está considerada como VOI o VUM. Brevemente, estos linajes de importancia epidemiológica son:

- a) **El linaje EG.5** es un descendiente del recombinante XBB.1.9.2 con una mutación adicional en spike (F456L) la cual le confiere escape inmune. Esta VOI fue identificada en Indonesia en febrero del 2023 y en Estados Unidos en marzo de ese mismo año, asimismo, ha mostrado un incremento en su prevalencia global desde la SE21-2023 según la OMS. Sin embargo, no existe evidencia de una asociación con incremento de muertes o mayor severidad de enfermedad. Actualmente representa el 35% de casos secuenciados en China (notándose un





descenso progresivo) y 21.7% en los Estados Unidos. En nuestro país se han identificado hasta la fecha 41 casos de esta VOI.

- b) **El linaje recombinante XBB** (coloquialmente llamado "Gryphon"), es una combinación de los linajes BA.2.10.1 y BA.2.75. Estuvo ligado a una ola de casos en el sudeste asiático (principalmente Singapur, Bangladesh, India), donde su ventaja de crecimiento sobre BA.5 fue sustancial. No hay datos que indiquen una enfermedad más grave por este linaje; sin embargo, existe evidencia de mayor riesgo de reinfección. Ha generado varios descendientes que han sido clasificados como VOI y VUM.
- c) **El descendiente del recombinante XBB: XBB.1.5** (coloquialmente llamado "Kraken") fue detectado por primera vez en Nueva York a fines de octubre del 2022, habiendo generado un incremento de casos y hospitalizaciones en Nueva York. Considerado como la variante COVID-19 más transmisible hasta el momento. Se sabe además que es altamente evasora del sistema inmune gracias a la mutación F486P que además le permite ingresar con mayor facilidad a las células humanas. Al momento, los expertos no consideran que XBB.1.5 cause infecciones más severas por COVID-19. Es considerado por la OMS como VOI.
- d) **Los descendientes del recombinante XBB: XBB.1.9.1** (coloquialmente llamado "Hyperion") y **XBB.1.9.2** fueron los primeros linajes que aparentemente tendría una mayor ventaja de crecimiento que XBB.1.5. Fue detectado por primera vez en el sudeste asiático en enero 2023. Ha presentado un incremento en su circulación del 1% en enero a un 4% en febrero a nivel mundial. Ambos son considerados como VUM.
- e) **El descendiente del recombinante XBB: XBB.1.16** (coloquialmente llamado "Arcturus") fue identificado por primera vez en la India y se encuentra actualmente bajo monitorización. Al menos 25 países lo han detectado, y parece que una mutación adicional en la proteína espiga lo haría más infeccioso, pero con un perfil muy similar a XBB.1.5. Es considerado por la OMS como VOI.
- f) **El descendiente del recombinante XBB: XBB.2.3** (coloquialmente llamado "Acrux") apareció por primera vez en diciembre del 2022 en la India, no presentando ninguna ventaja de crecimiento hasta marzo del 2023. Al igual que la desaparecida variante Delta, posee la mutación S: T478K que evade el sistema inmune. Es considerado por la OMS como VUM.
- g) **El linaje BA.2.86** (coloquialmente llamado "Pirola") fue identificada por primera vez el 24 de julio del 2023 en Dinamarca, posteriormente en Israel, Reino Unido y los Estados Unidos. Se sabe que tiene 34 mutaciones más que BA.2 y 36 más que XBB.1.5, asimismo, se sabe sería tan evasora del sistema inmune como XBB.1.5. Sin embargo, no se tienen datos suficientes sobre su transmisibilidad. Es considerada por la OMS como VUM.
- h) **El linaje FL.1.5.1** (coloquialmente llamado "Fornax"), si bien no se encuentra en la lista de VOIs o VUMs de la OMS (según su última actualización del 23/10/23), presentó un incremento en los casos secuenciados de los Estados Unidos aunque se encuentra actualmente en leve descenso, posicionándose como el tercer linaje más prevalente en ese país (después de EG.5 y HV.1), por lo que los CDC lo consideraron como una variante de interés. Al igual que EG.5





posee la mutación F456L, aunque no se tienen datos de que pueda ser más letal y causar enfermedad más severa.

- i) **El linaje HV.1 (descendiente directo de EG.5)**, no es considerada como VOI o VUM por la OMS, sin embargo, actualmente es la variante dominante en los Estados Unidos según los CDC, siendo responsable de casi un tercio de los casos COVID-19 en ese país. Se piensa que HV.1 sería más transmisible y evasora del sistema inmune pero que no debería causar alarma ya que no parece causar enfermedad más severa u hospitalizaciones.

iii.1. Linajes recombinantes de Ómicron XBB, XBB.1.5, XBB.1.9.1, XBB.1.9.2, XBB.1.16, XBB.2.3 y FL.1.5.1

Se identificó por primera vez el recombinante Ómicron XBB.2 (linaje descendiente de XBB) en nuestro país en muestras tomadas en la SE43-2022 (23-29 octubre). Inicialmente aparecieron en Lima, y se expandieron gradualmente a otras regiones. Los linajes XBB subieron muy rápidamente de 3.0% en la SE43-2022 a 79.6% (309/388) en la SE01-2023, manteniéndose en ese rango de valores hasta la SE05-2023 que empezó a descender lentamente. Luego de la aparición del descendiente XBB.1.5, todos los otros linajes XBB comenzaron a disminuir y, en esta última semana (SE43-2023) no se han encontrado casos de XBB.

En contraste, **XBB.1.5** (incluyendo sus descendientes) apareció en la última semana del 2022 con el 0.5% (3/660) de los casos, y comenzó a subir rápidamente con el 13.6% (6/44) en la SE06-2023, 26.4% (14/53) en la SE08 y 55.8% (72/129) en la SE12. **Actualmente son el 80% (36/45) de los casos en la SE43-2023, con lo que se aprecia un descenso en desmedro del ascenso de EG.5 y HV.1, aunque continúa siendo el más prevalente desde la SE12-2023.**

Por otro lado, los linajes **XBB.1.9.1 y XBB.1.9.2** representan juntos el 4.4% durante la SE43-2023, FL.1.5.1 ("Fornax") representa el 2.2% en esa SE. Mientras que no hay más casos de **XBB.1.16, y XBB.2.3** en la SE43-2023.

Asimismo, **esta quincena se identificó el primer caso de la VOI BA.2.86 "Pirola" en nuestro país**, correspondiente a la SE40-2023 y procedente de Lima metropolitana Sur, distrito de Chorrillos. El caso corresponde a una odontóloga que regresó de Europa por lo que se piensa que es un caso importado.

Finalmente, la VOI más prevalente a nivel mundial, **EG.5 "Eris"** representa el 4.4% de las muestras secuenciadas en la SE43-2023 con 41 casos acumulados correspondientes al rango de SE34 y SE43-2023, apreciándose un ascenso en comparación con la SE anterior.

iii.2. Proporción de linajes descendientes y recombinantes de Ómicron por Semana Epidemiológica

En las **Figura 3 y 4**, y en la **Tabla 4**, se observan los porcentajes del total de muestras secuenciadas de cada linaje descendiente de Ómicron por semana epidemiológica de toma de muestra en Perú hasta la SE39 (24 al 30 de setiembre del 2023) con 93 muestras. Hubo un nadir de pruebas moleculares





PERÚ

Ministerio
de SaludInstituto Nacional
de Salud*"Decenio de la Igualdad de Oportunidades para Mujeres y
Hombres"**"Año de la unidad, la paz y el desarrollo"*

6

positivas en las semanas 05 y 06 del 2023, en las que se tuvo menos de 50 muestras por unidad de tiempo que es la recomendación de la OPS/OMS para tener estimados confiables. A partir de la SE07-2023 se tuvo de nuevo más de 50 muestras semanales hasta un nuevo nadir entre las semanas 27 y 32 del 2021.

Se observa que al inicio de la ola Ómicron, los linajes preponderantes eran los BA.1, y luego fueron desplazados por BA.1.1. Posteriormente BA.2 y sus descendientes como BA.2.12.1 y BA.2.75 cobraron importancia. Los linajes BA.2 (aparte de BA.2.12.1 y BA.2.75) alcanzaron un pico de 69.6% en la SE18-2022 (1-7 mayo), y el linaje BA.2.12.1 alcanzó un pico de 46.0% en la SE23-2022 (5-11 junio). **BA.2.75 se detectó en la SE26-2022 y se mantuvo en porcentajes por debajo del 2% hasta la SE11-2023 que fue detecto por última vez.** Mientras que el sublinaje CH.1.1 (anteriormente perteneciente a BA.2.75) fue reclasificado y contabilizado de manera independiente a VUM, detectado desde la SE46-2022, alcanzando un pico de 18.2% en la SE06-2023 y luego decaendo no habiendo casos en la **SE37-2023**. Por otro lado, los linajes BA.4 aparecieron en la SE20-2022 (15-21 mayo). BA.4 (sin incluir BA.4.6) alcanzó un pico de 24.7% en la SE27 (3-9 julio) y BA.4.6 alcanzó un pico de 26.9% en la SE40 (2-8 octubre); luego ambos linajes comenzaron a decaer, y no presentan casos desde la SE02 del 2023, a excepción de 1 caso aislando de BA.4 identificado en la SE25.

Los linajes BA.5 aparecieron en la SE19-2022 (8-14 mayo) y, sin incluir BQ.1, BQ.1.1, BA.5.1.25, ni DJ.1, alcanzaron un pico de 81.8% en la SE31-2022 (1-6 agosto) manteniendo niveles similares durante las siguientes 6 semanas, para comenzar a decaer por la subida de sus propios descendientes; no habiendo casos desde la SE02 del 2023, excepto por un caso aislado en la SE10-2023. **DJ.1** fue importante en los meses previos, llegando a ser el 45.3% en la SE43-2022 (23-29 octubre), para disminuir hasta ser 1.8% en la SE02-2023, **no habiendo casos desde la SE07**. Los linajes **BQ.1 y BQ.1.1** aparecieron en la SE41 (9-15 octubre), y tuvieron un pico en la SE46 (13-19 noviembre) de 14.8% y 15.1% respectivamente. Ambos linajes han ido disminuyendo muy lentamente, y **para la SE43-2023, BQ.1 y BQ.1.1 no presentan casos.**

Respecto a otros recombinantes, hasta el momento ha habido un caso de XE (que combina BA.1 y BA.2), un caso de XAC (recombinante de BA.1 y BA.2), tres casos de XAD (combina BA.1 y BA.2), dos casos de XAE (recombinante de BA.1 y BA.2), cinco casos de XAG (recombinante de BA.1 y BA.2), dos casos de XAH (recombinante de BA.1 y BA.2), veinte casos de XAM (recombinante de BA.1.1 y BA.2.9), y 3 casos de XAS (combinación de BA.5 y BA.2). No hay evidencia que los asocie con mayor severidad u hospitalizaciones.





PERÚ

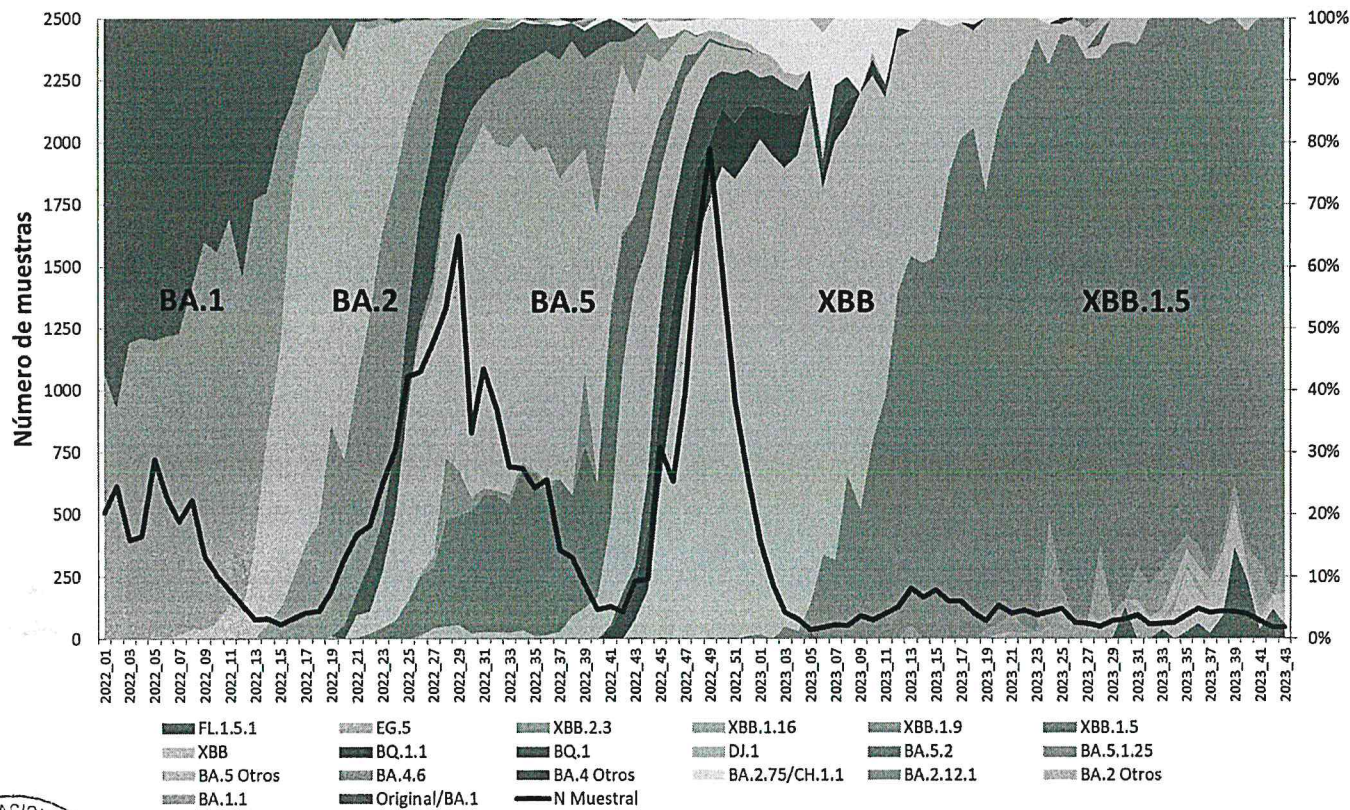
Ministerio
de Salud

Instituto Nacional
de Salud

"Decenio de la Igualdad de Oportunidades para Mujeres y
Hombres"
"Año de la unidad, la paz y el desarrollo"

5

Figura 3. Proporción de los linajes descendientes de importancia epidemiológica de la VOC Ómicron sobre el total de muestras secuenciadas.





PERÚ

Ministerio
de SaludInstituto Nacional
de Salud"Decenio de la Igualdad de Oportunidades para Mujeres y
Hombres"

"Año de la unidad, la paz y el desarrollo"

4

Figura 4. Porcentaje de los linajes descendientes de importancia epidemiológica de la VOC Ómicron sobre el total de muestras secuenciadas por semana epidemiológica (SE).

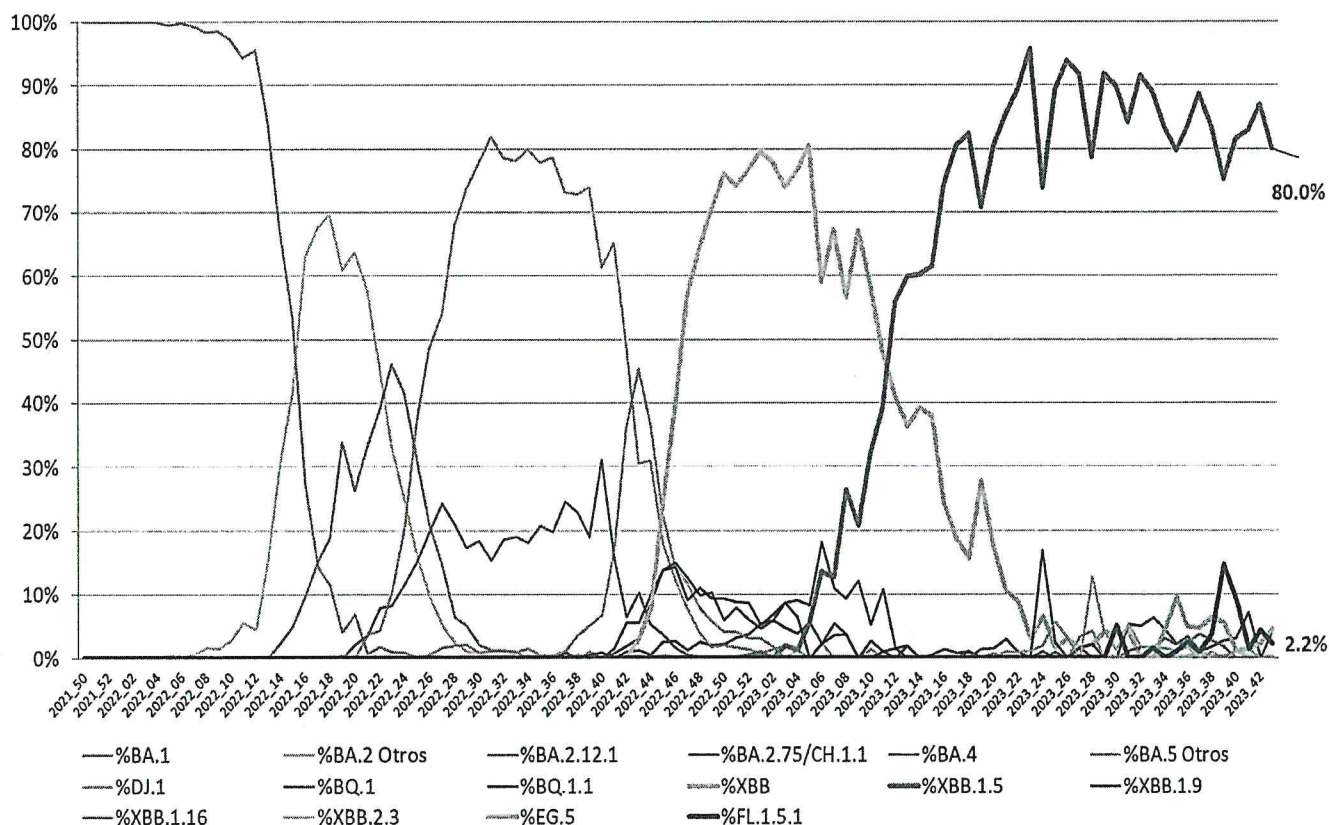


Tabla 4. Porcentaje sobre el total de muestras secuenciadas de los linajes descendientes de la VOC Ómicron en las últimas seis semanas epidemiológicas (SE).

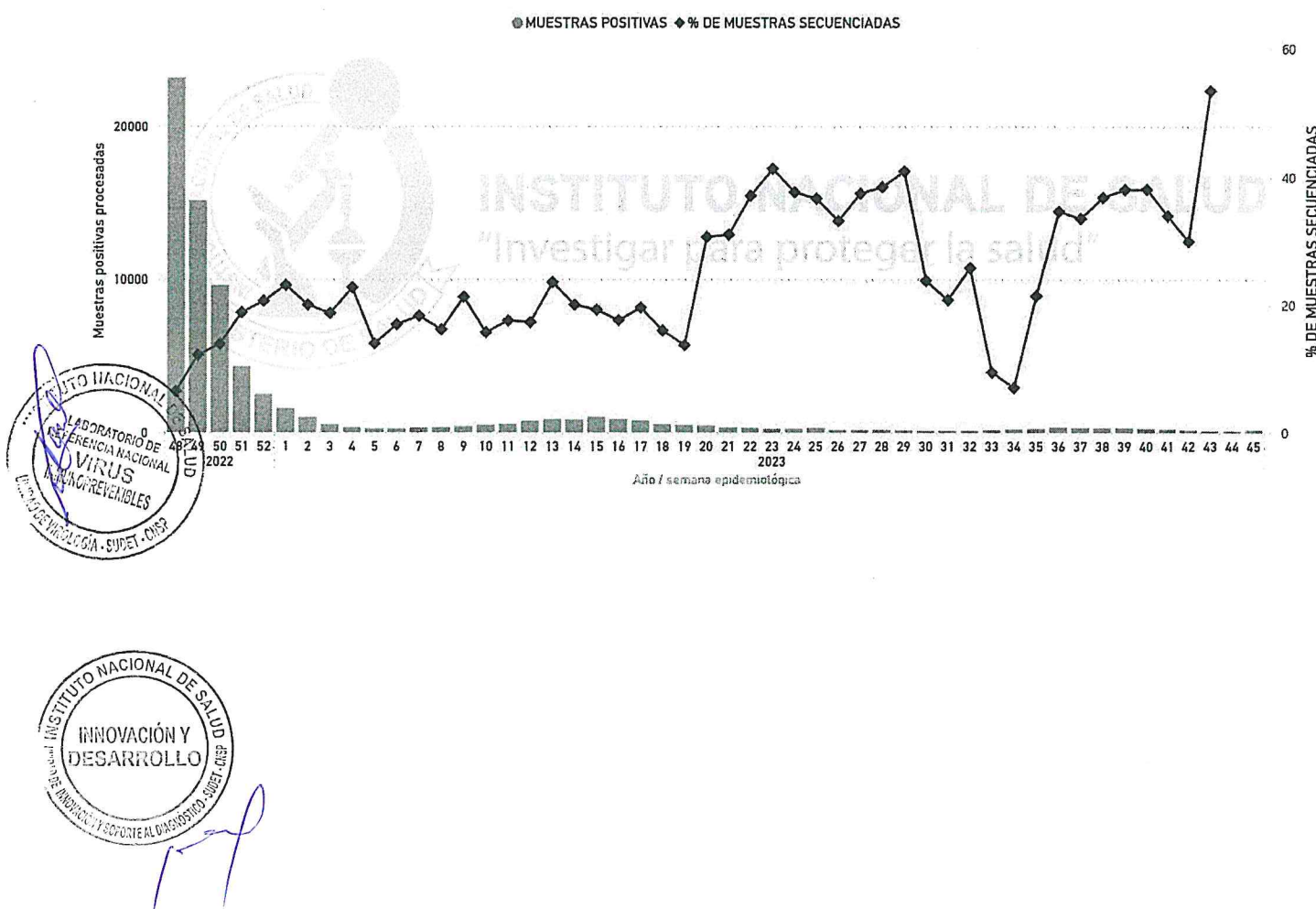
SE	XBB	XBB.1.5	XBB.1.9	XBB.1.16	XBB.2.3	EG.5	FL.1.5.1	HV.1	Total
SE38	0	92	2	3	1	7	4	1	110
SE39	0	82	3	2	0	6	16	0	109
SE40	1	80	3	0	1	1	9	2	98
SE41	0	58	5	0	1	1	1	4	70
SE42	0	40	0	0	0	1	2	3	46
SE43	0	36	2	0	0	2	1	3	45
SE	%XBB	%XBB.1.5	%XBB.1.9.1	%XBB.1.16	%XBB.2.3	%EG.5	%FL.1.5.1	%HV.1	
SE38	0.0%	83.6%	1.8%	2.7%	0.9%	6.4%	3.6%	0.9%	
SE39	0.0%	75.2%	2.8%	1.8%	0.0%	5.5%	14.7%	0.0%	
SE40	1.0%	81.6%	3.1%	0.0%	1.0%	1.0%	9.2%	2.0%	
SE41	0.0%	82.9%	7.1%	0.0%	1.4%	1.4%	1.4%	5.7%	
SE42	0.0%	87.0%	0.0%	0.0%	0.0%	2.2%	4.3%	6.5%	
SE43	0.0%	80.0%	4.4%	0.0%	0.0%	4.4%	2.2%	6.7%	

Incluye XBB original, y los descendientes XBB diferentes a XBB.1.5, XBB.1.16, XBB.1.9.1, XBB.1.9.2, XBB.1.16, XBB.2.3, FL.1.5.1, EG.5 y HV.1

(iii) **Tendencias de muestras secuenciadas por Semana Epidemiológica y Región de procedencia**

En la **Figura 5** se observa la proporción de muestras secuenciadas respecto al total de muestras con pruebas moleculares positivas según semana de obtención de muestra. A medida que el número de casos, y por tanto de pruebas moleculares disminuye, el porcentaje de secuenciación aumenta, y viceversa. Entre las SE 49 y 52 se secuenció alrededor del 15% de las muestras, que es la proporción recomendada por la OPS. A medida que están disminuyendo el número de casos por COVID-19, también el número de pruebas moleculares, por lo cual el porcentaje de secuenciación ha aumentado, teniéndose valores entre el 10% y 35% en las últimas cinco semanas. Cabe precisar que a medida que se reciben muestras de las regiones tomadas en las semanas previas, el porcentaje de muestras secuenciadas suele aumentar.

Figura 5. Porcentaje de Muestras Secuenciadas sobre el Total de muestras Positivas para Pruebas Moleculares según Semana Epidemiológica.





CONCLUSIONES

- i. Como parte de la Vigilancia Genómica, **se secuenciaron 256 muestras respiratorias en la quincena del 14 de octubre al 10 de noviembre, en muestras obtenidas entre el 11 de setiembre y el 26 de octubre del 2023.** Todas correspondientes a la **Vigilancia Aleatoria**; y fueron tomadas en Lima Metropolitana, Ayacucho, Cajamarca, Callao, Cusco, Huancavelica, Huánuco, Ica, Junín, La Libertad, Loreto, Moquegua, Pasco, Piura, Puno, Tacna, Tumbes y Ucayali. No hubo muestras disponibles de Amazonas, Ancash, Apurímac, Arequipa, Lambayeque, Lima provincia, Madre de Dios ni San Martín.
- ii. De las muestras secuenciadas, todas fueron identificadas como **recombinantes de Ómicron**. A todas las muestras secuenciadas se les pudo asignar un linaje basado en el software Pangolin.
- iii. En el marco de la descentralización de la Vigilancia genómica del SARS-CoV-2, esta quincena, NO se secuenciaron muestras en los Laboratorios Regionales de Junín y Cusco ni tampoco en el laboratorio Móvil de Piura al no haber muestras disponibles.
- iv. Con respecto a la Red de Vigilancia genómica Nacional, esta semana NO se informó al INS de nuevas secuencias subidas a la base internacional GISAID por parte de otros laboratorios referenciales.
- v. Estas dos últimas semanas NO se identificaron **casos adicionales de las VOC Ómicron (sin contar recombinantes)**, dando un total de **24,656 casos detectados hasta la fecha**. La mayoría de los casos proceden de Lima-Metropolitana; sin embargo, la VOC Ómicron está en todas las regiones del Perú. Sin embargo, estos casos corresponden a muestras tomadas en el año 2022.
- vi. El sistema PANGO está en permanente reclasificación, por lo que el programa Pangolin (última versión 4.3.1) con la actualización de datos más reciente, Pangolin-data versión 1.23, se ejecuta todas las semanas para clasificar las muestras secuenciadas durante la quincena, y reclasificar, en forma retrospectiva, a todos los linajes descendientes y recombinantes de la VOC Ómicron que figuren en la base de datos del INS.
- vii. La VOC Ómicron actualmente presenta más de 600 linajes descendientes de Ómicron. De ellos, más de 280 linajes han sido detectados en el Perú, incluyendo varios linajes propuestos por el INS y aceptados por el sistema PANGO, como son los sublinajes BA.1.22, BC.2, BA.1.15.3, BA.2.53, BG.1, BA.2.60, BG.3, XAM, BG.6, BG.7, DJ.1.2, DJ.1.3, BQ.1.11.1, y BQ.1.1.50.
- viii. Se han calculado proporciones de los linajes circulantes hasta la semana epidemiológica **(SE) 43 del 2023**. En las 45 muestras obtenidas en esa semana, se encontró que el 80%





PERÚ

Ministerio
de Salud

Instituto Nacional
de Salud

"Decenio de la Igualdad de Oportunidades para Mujeres y
Hombres"
"Año de la unidad, la paz y el desarrollo"

correspondían al **recombinante XBB.1.5**, **6.7% a HV.1**, **4.4% a EG.5**, **4.4% a XBB.1.9** y **2.2% a FL.1.5.1**

- ix. **La variante HV.1** (descendiente directo de EG.5) lidera los casos en los Estados Unidos con una tendencia al ascenso en ese país en las últimas semanas por lo que se está contabilizando de manera independiente.
- x. Hasta la fecha se han identificado 41 casos de la VOI **EG.5** en nuestro país, la cual se encuentra liderando los casos secuenciados en China y a nivel mundial según la OMS, pero con tendencia al descenso.
- xi. Se ha identificado 43 casos del linaje **FL.1.5.1 "Fornax"** en nuestro país, el cual, si bien no ha sido reconocido hasta la fecha por la OMS como una VOI o VUM, la CDC la asocia a incremento de casos en los Estados Unidos. Este linaje se encuentra actualmente en descenso en nuestro país.
- xii. Se ha identificado hasta la fecha 01 caso de la VOI BA.2.86, correspondiente a la SE40-2023 y procedente de Lima metropolitana sur.
- xiii. El Instituto Nacional de Salud, en coordinación con MINSA y CDC continuará realizando la vigilancia genómica a nivel nacional, tanto en lo referente a la vigilancia aleatoria, como a la vigilancia focalizada, incluyendo estudio de contactos, conglomerados y brotes ampliados para caracterizar la dispersión las variantes de circulación nacional, así como resultados procedentes de la Red de Vigilancia Genómica Nacional.
- xiv. La información de los casos, incluyendo fichas epidemiológicas, se encuentra en el sistema netlab2 y está disponible para los usuarios de dicho sistema.

