



PERÚ

Ministerio  
de Salud

Instituto Nacional  
de Salud

"Año del Bicentenario del Perú: 200 años de Independencia"

## INFORME TÉCNICO ELABORADO POR:

### Presidenta del Plan de Vigilancia Genómica del Virus SARS-CoV-2:

- Dra. Lely Solari Zerpa

### Responsable del Laboratorio de Referencia Nacional de Virus Respiratorio (LRNVR):

- Blgo. Joseph Huayra Niquén

### Responsable del Equipo de Secuencia Genómica del LRNVR:

- Blgo. Carlos Patricio Padilla Rojas

### Integrantes:

- Blga. Carmen Verónica Hurtado Vela
- Blgo. Orson Mestanza Millones
- Blga. Sandra Morales Ruiz
- Blgo. Iris Silva Molina
- Blgo. Luis Barcena Flores
  
- Blgo. Nancy Rojas Serrano
- Blgo. Omar Alberto Cáceres Rey
- Blgo. Henri Bailón Calderón
- Blgo. Marco Galarza Pérez
- Blgo. Steve Acedo Lazo

## Centro Nacional de Salud Pública - INS





## INFORME TÉCNICO

### ACTUALIZACIÓN DE LA IDENTIFICACIÓN DE VARIANTES CIRCULANTES DE SARS-CoV-2 EN EL PERÚ

24 de mayo del 2021

#### INTRODUCCIÓN

La nueva plataforma de vigilancia genómica instalada en el Laboratorio de Biomedicina del Instituto Nacional de Salud ha identificado, mediante un muestreo de 623 muestras procedentes de 19 regiones del país, que la variante que tiene circulación predominante en nuestro territorio es la variante C.37 (1). Asimismo, se ha evidenciado que continúa la circulación de la variante P.1 y la B.1.1.7, variantes de preocupación a nivel internacional.

Con esta nueva plataforma se busca optimizar la vigilancia genómica a nivel país, para poder secuenciar 1200 muestras al mes como mínimo y llevar un mejor registro de las variantes circulantes en el territorio nacional, así como identificar tempranamente variantes que podrían introducirse desde el extranjero. A continuación se muestra una actualización del estudio de las variantes circulantes en las distintas regiones del país, analizadas mediante esta plataforma.

#### METODOLOGÍA

Se han procesado 623 muestras en total (incluyendo las muestras previamente informadas), procedentes de pacientes diagnosticados mediante RT-PCR durante el mes de abril del 2021 en 19 regiones del Perú (Ancash, Arequipa, Amazonas, Ayacucho, Apurímac, Huánuco, Junín, Ica, Lambayeque, La Libertad, Lima, Cajamarca, Cusco, Moquegua, Pasco, Piura, San Martín, Tacna y Tumbes). Estas muestras procedieron tanto de pacientes ambulatorios como hospitalizados diagnosticados desde el primero de abril, que tenían un Ct <30 (correspondiente a una presencia alta del virus en las muestras), y se procesaron utilizando la plataforma COVIDSeq de Illumina y con el protocolo previamente descrito (1).

#### RESULTADOS

En las 623 muestras analizadas, la variante predominante es la C.37 en 80.7%, seguido por la P.1 en 11.7%, y la B.1.1.7 en 1.9%. Asimismo, hubo 2.1% de muestras correspondientes a la variante B.1.1.348, 1.3% a la B.1.1.1, 1.1% a la B.1 y otras en 1.1% (Figura 1).

La distribución de las distintas variantes no fue constante en todas las regiones, evidenciándose que había varias regiones en las que la variante P.1 estuvo presente en un alto porcentaje de las muestras procesadas, sobre todo en las regiones amazónicas como San Martín, Amazonas, Huánuco y también en Junín, Apurímac y Tacna (Tabla 1).



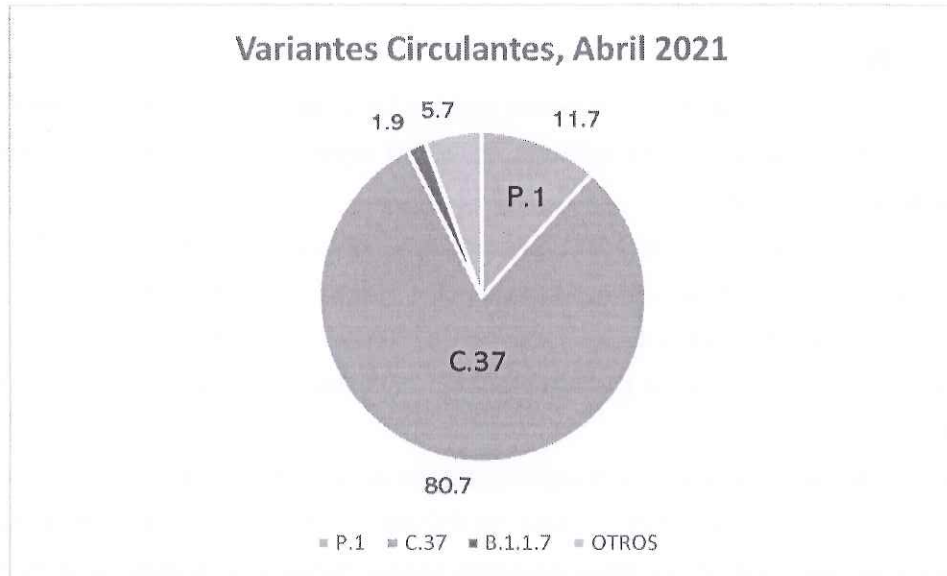


Figura 1. Frecuencia relativa de las principales variantes detectadas en Perú en el mes de abril del 2021, en base a 623 muestras.

REGIÓN	VARIANTES				TOTAL
	C.37	P.1	B.1.1.7	OTROS	
Ancash	29			1	30
Arequipa	24	1		5	30
Amazonas	26	5		1	32
Ayacucho	28		1	1	30
Apurímac	21	9			30
Cajamarca	25	4		1	30
Cusco	27	2		1	30
Huánuco	21	5		4	30
Junín	21	5	1	3	30
Ica	23	5		2	30
Lambayeque	26	3		1	30
La Libertad	23	6		1	30
Lima	82	2	1	2	87
Moquegua	19	2		3	24
Pasco	27	1		2	30
Piura	29			1	30
San Martín	16	14			30
Tacna	18	7		5	30
Tumbes	18	2	9	1	30
<b>TOTAL</b>	<b>503 (80.7%)</b>	<b>73 (11.7%)</b>	<b>12 (1.9%)</b>	<b>35 (5.7%)</b>	<b>623</b>

Tabla 1. Muestras correspondientes a las distintas variantes circulantes en las regiones del Perú en el mes de abril del 2021.







## CONCLUSIONES

- La variante predominante en las muestras procesadas desde el punto de vista global en base a 623 muestras es la C.37. Está presente en las 19 regiones estudiadas y es la variante más frecuente en todas ellas.
- En algunas regiones la variante P.1 muestra alta prevalencia como en San Martín (46.7%), Apurímac (30%), La Libertad (20%), Tacna (23.3%), Huánuco (16.7%), Junín (16.7%) y Amazonas (15.6%). Mientras que la variante B.1.1.7 circula en Tumbes (30%), Ayacucho (3.3%), Junín (3.3%) y Lima (1.4%). La variante de preocupación P.1 continúa circulando en 16 de las 19 regiones estudiadas y la B.1.1.7 en 3.
- El Instituto Nacional de Salud continuará realizando la vigilancia genómica, con énfasis en casos particulares como reinfecciones y casos de COVID-19 en personas vacunadas, así como en viajeros y en casos con comportamiento clínico atípico. Hasta la actualidad, no se ha evidenciado la presencia de las variantes B.1351 ("Sudáfrica") ni la B.1617 ("India").
- Asimismo, se impulsará la Red Nacional de Vigilancia Genómica y las alianzas con organismos nacionales e internacionales trabajando en el tema de secuenciación genómica.

