



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
- Blga. Wendy Lizárraga Olivares

- 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

IDENTIFICACIÓN DE LA VARIANTE DE SARS-CoV-2 B.1.617.2 EN AREQUIPA, PERÚ

INTRODUCCIÓN

El equipo de trabajo de Vigilancia Genómica del Centro Nacional de Salud Pública del Instituto Nacional de Salud ha informado el 07 de junio la identificación de la variante B.1.617.2 (Delta) en 01 muestra de hisopado nasal y faríngeo tomada el 15 de mayo del 2021 de una paciente procedente de la región Arequipa. Este es el primer hallazgo a nivel nacional de dicha variante.

METODOLOGÍA

Para realizar la secuenciación genómica masiva se usó la plataforma COVIDSeq de Illumina y el secuenciador NextSeq 550. El procesamiento de los archivos fastq generados por el secuenciador fue realizado en el entorno BaseSpace de Illumina utilizando el algoritmo DRAGEN v05.021, de acuerdo a protocolo.

CARACTERÍSTICAS DE LA PACIENTE

Se trata de una paciente mujer de 78 años procedente de Arequipa, con los antecedentes de asma controlada y litiasis renal. No se mencionan otras comorbilidades. Según la ficha epidemiológica, inició sintomatología caracterizada por tos, dolor de garganta, fiebre, escalofríos, malestar general y cefalea el 14 de mayo del 2021. La muestra fue tomada el 15 de mayo. No se menciona historia de viajes recientes. Se señala que tuvo contacto con familiar con sospecha de COVID-19, pero no se han proporcionado más datos acerca de ese caso.

VARIANTE DELTA

La variante B.1.617, surgió en la India a fines del 2020 y se diversificó en 3 sublinajes genéticamente diferentes (B.1.617.1, B.1.617.2 y B.1.617.3). Sin embargo es el sublinaje B.1.617.2 denominada "Delta" por la OMS, el asociado a un gran incremento de casos, por lo tanto, en la actualidad se le considera una variable de preocupación ⁽¹⁾.

Se caracteriza genéticamente por presentar 8 mutaciones en la proteína Espiga (S): T19R, T95I, E156G, L452R, T478K, D614G, P681R y D950N.

En un inicio fue identificada como una variante de interés (VOI) por la Organización Mundial de la Salud (OMS), sin embargo, en mayo del 2021 se reclasificó como una variante de preocupación (VOC) debido a la actualización de información concerniente a su transmisibilidad y potencial reducción en la neutralización por algunos anticuerpos monoclonales y sueros de post-vacunados ⁽²⁾.

La variante B.1.617.2 ha sido reportada en más de 51 países, incluyendo Brasil, donde se reportaron los primeros casos en mayo del 2021.





RECOMENDACIONES

- Coordinar con el CDC para el estudio del caso y los contactos, de manera que se pueda realizar el cerco epidemiológico.
- Realizar el muestreo y secuenciación genómica a casos relacionados en Arequipa. Para esto, se recomienda que personal del INS y CDC se trasladen inmediatamente a dicha región y coordinen el estudio de la paciente y sus contactos.
- Solicitar a las regiones vecinas muestras aleatorias para realizar secuenciación genómica (Puno, Moquegua, Ica), asimismo, evaluar muestras actuales de Lima.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

1. First reported cases of SARS-CoV-2 sub-lineage B.1.617.2 in Brazil: an outbreak in a ship and alert for spread - SARS-CoV-2 coronavirus [Internet]. Virological. 2021 [citado 7 de junio de 2021]. Disponible en: <https://virological.org/t/first-reported-cases-of-sars-cov-2-sub-lineage-b-1-617-2-in-brazil-an-outbreak-in-a-ship-and-alert-for-spread/706>
2. Genome Sequencing by INSACOG shows variants of concern and a Novel variant in India. Ministry of Health and Family Welfare, India. <https://pib.gov.in/PressReleaselframePage.aspx?PRID=1707177>

ait



