

**MINISTERIO DE SALUD  
INSTITUTO NACIONAL DE SALUD**

*"Año del Bicentenario del Perú: 200 años de Independencia"  
"Decenio de la igualdad de oportunidades para mujeres y hombres"*

**NOTA INFORMATIVA N° 996-2021-LAB.VIRUS RESP. -DEET-CNSP/INS**

PARA : **Dr. Oscar Roberto Escalante Maldonado**  
Director Ejecutivo  
Dirección Ejecutiva de Enfermedades Transmisibles  
Centro Nacional de Salud Pública

ASUNTO : **INFORME TÉCNICO: ACTUALIZACIÓN DE LA IDENTIFICACIÓN DE VARIANTES CIRCULANTES DE SARS-CoV-2 EN EL PERÚ**

FECHA : Chorrillos, 10 de setiembre de 2021

Registro N° 23257-2021

Es grato dirigirme a usted para saludarlo cordialmente y a la vez remitirle adjunto el **INFORME TÉCNICO: ACTUALIZACIÓN DE LA IDENTIFICACIÓN DE VARIANTES CIRCULANTES DE SARS-CoV-2 EN EL PERÚ**; de muestras procesadas entre el 06 al 10 de setiembre, procedentes de las regiones: Lima (metropolitana y provincia), Amazonas, Apurímac, Arequipa, Ayacucho, Cajamarca, Callao, Cusco, Huánuco, Ica, Junín, La Libertad, Lambayeque, Moquegua, Pasco, Piura, San Martín, Tacna y Ucayali.

El Instituto Nacional de Salud, en coordinación con el MINSA y el CDC, continuará realizando la vigilancia genómica con el objetivo de identificar a tiempo posibles nuevos casos de infección por la variante Delta, así como de otras nuevas variantes, y tomar las medidas preventivas para impedir su diseminación en otras regiones.

Es cuanto informo para su conocimiento y trámite correspondiente.



.....  
**Blgo. Joseph Michael Huayra Niquén**  
Responsable  
Laboratorio de Referencia Nacional de Virus Respiratorio  
CNSP-INS

**93.7 FM.**



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 Bárcena Flores
- Blga. Wendy Lizárraga Olivares
- Blgo. Steve Acedo Lazo
- Blga. Princesa Alicia Medrano Alhuay
- Blga. Luren Nieves Sevilla Castañeda
- Blga. Sara Martha Gordillo Vílchez
- Blgo. Víctor Jiménez Vásquez
  
- Blgo. Nancy Rojas Serrano
- Blgo. Omar Alberto Cáceres Rey
- Blgo. Henri Bailón Calderón
- Blgo. Marco Galarza Pérez
- Dra. Natalia Vargas Herrera

93.7 F

**Centro Nacional de Salud Pública - INS**



**INFORME TÉCNICO N° 056-2021-ESG-LRNV-DEET-CNSP/INS****ACTUALIZACIÓN DE LA IDENTIFICACIÓN DE VARIANTES CIRCULANTES DE SARS-CoV-2  
EN EL PERÚ SEGÚN LA VIGILANCIA GENÓMICA REALIZADA DEL 6 AL 10 DE SETIEMBRE  
DEL 2021****10 de setiembre del 2021****INTRODUCCIÓN**

El Instituto Nacional de Salud a través de la plataforma de vigilancia genómica del Centro Nacional de Salud Pública, viene realizando la secuenciación genómica de pacientes con prueba molecular positiva para SARS-CoV-2. Los objetivos de esta vigilancia son identificar las variantes presentes en el país, registrar su comportamiento epidemiológico, detectar de manera oportuna las variantes de interés y preocupación para la salud pública que hayan ingresado a nuestro territorio y caracterizar su posible participación en casos especiales como reinfecciones, vacunados, entre otros.

**ANÁLISIS**

Para las muestras procesadas desde el 6 al 10 de setiembre, se reporta el resultado de la secuenciación genómica. De las 382 muestras procesadas, 367 fueron secuenciadas, todas procedentes de pacientes ambulatorios y hospitalizados con infección por SARS-CoV-2 identificados mediante RT-PCR durante el mes de agosto del 2021. De las muestras secuenciadas, 359 correspondieron a la vigilancia genómica aleatoria, y 8 a la vigilancia focalizada ("casos especiales"). Las muestras de esta semana proceden de las siguientes regiones: Lima (metropolitana y provincia), Amazonas, Apurímac, Arequipa, Ayacucho, Cajamarca, Callao, Cusco, Huánuco, Ica, Junín, La Libertad, Lambayeque, Moquegua, Pasco, Piura, San Martín, Tacna y Ucayali.

Todas estas muestras tenían un Ct <30 (correspondiente a una presencia alta del virus) y se usó la plataforma COVIDSeq de Illumina para la secuenciación correspondiente.

**RESULTADOS**

(i) Vigilancia Aleatoria:

De todas las muestras, 359 correspondieron a la vigilancia genómica aleatoria del mes de agosto de diversas regiones, siendo las siguientes:

**Tabla 1. Resultados de variantes identificadas por región:**

Región	Delta	Gamma	Lambda	Mu	Total
Amazonas		6	16	1	23
Apurímac		1	2		3
Arequipa	1	1	3		5





Ayacucho	5	1	4	5	15
Cajamarca	6	4	15		25
Callao		1			1
Cusco		1	1		2
Huánuco		7	8		15
Ica	3	2	3		8
Junín	20	4	6	4	34
La Libertad	10	6	20	3	39
Lambayeque	8	5	5	1	19
Lima metropolitana	36	30	6	10	82
Lima Provincias	7	1	1		9
Moquegua		7	14	5	26
Pasco	2	1	2		5
Piura	10	1	2		13
San Martín		3			3
Tacna	8	4	14	3	29
Ucayali	1	1	1		3
<b>TOTAL</b>	<b>117 (33%)</b>	<b>87 (24%)</b>	<b>123 (34%)</b>	<b>32 (9%)</b>	<b>359</b>

## (ii) Vigilancia focalizada

Para el estudio de casos especiales (brotes, reinfecciones y vacunados), fueron secuenciados 9 genomas que correspondieron al estudio de brotes de COVID-19 en el Ministerio de Educación (MINEDU), pacientes vacunados procedentes del Hospital Nacional Cayetano Heredia (HNCH), pacientes con evolución tórpida del Hospital de emergencias de VES (HEVES), así como 1 paciente re infectado por COVID-19, según el detalle en la tabla 2:

**Tabla 2. Resultados de variantes identificadas en los casos especiales descritos:**

Origen de la muestra	Delta	Gamma	Lambda	Mu	Total
Pacientes vacunados del HNCH		1	1		2
Pacientes Clínica San Pablo	1				1
Brote de COVID-19 en MINEDU	1				1
Pacientes de UCI del HEVES	1	1			2
Paciente vacunado (Lima)	1				1
Reinfectado de Cusco			1		1
<b>TOTAL</b>	<b>4 (50%)</b>	<b>2 (25%)</b>	<b>2 (25%)</b>	<b>0</b>	<b>8</b>



## (iii) Variante Delta

La variante de preocupación (VOC) Delta fue identificada por primera vez en el Perú el 7 de junio del 2021. En la presente semana se ha identificado 121 nuevos casos, con lo que se suman 365 casos en total de esta VOC en nuestro país, lo cual demuestra un incremento de la misma, incluso mayor en relación a la semana pasada. En esta oportunidad, se ha sumado 1 región más en las que anteriormente no se había identificado esta VOC (Tacna); por otro lado, no se detectó en esta oportunidad esta VOC en Amazonas, Apurímac, Callao, Cusco, Huánuco y Moquegua. Las regiones en las que aún no se ha reportado esta VOC son: Amazonas, Ancash, Huánuco, Loreto, Moquegua y Tumbes. En el Anexo 1 se adjunta el mapa del Perú con las regiones en las que se ha identificado esta VOC.

**Tabla 3. Regiones en las que se han identificado casos de Variante Delta**

Región	N° de casos en esta semana	N° total de casos identificados
Apurímac	-	1
Arequipa	1	16
Ayacucho	5	14
Cajamarca	6	13
Callao	-	32
Cusco	-	3
Huancavelica	-	1
Ica	3	23
Junín	20	47
La Libertad	10	12
Lambayeque	8	16
Lima metropolitana	40	124
Lima provincia	7	18
Madre de Dios	-	1
Pasco	2	17
Piura	10	13
Puno	-	2
Tacna	8	8
Ucayali	1	2
San Martín		2
<b>TOTAL</b>	<b>121</b>	<b>365</b>



## (iv) Variante Mu

La variante Mu ha sido catalogada por la OMS como variante de interés (VOI) el 30 de Agosto. El primer caso reportado en el Perú corresponde a un paciente identificado en Moquegua el 12 de Mayo.

En la presente semana se ha identificado 32 nuevos casos, con lo que se suman 131 casos en total de esta VOI en nuestro país, lo cual demuestra un incremento de la misma, incluso mayor en relación a la semana pasada (ver Anexo 2). En esta oportunidad, se han sumado 3 regiones más en las que anteriormente no se había identificado esta VOI (Amazonas, Lambayeque y Junín). Las regiones en las que aún no se ha reportado esta VOI son: Apurímac, Huánuco, Loreto, Pasco, Puno y Ucayali.

**Tabla 4. Regiones en las que se han identificado casos de Variante Mu**

Región	N° de casos en esta semana	N° de total de casos identificados
Amazonas*	1	1
Ancash		2
Arequipa		3
Ayacucho	5	10
Callao		7
Cajamarca		1
Cusco		1
Huancavelica		1
La Libertad	3	7
Lambayeque*	1	1
Ica		4
Junín*	4	4
Lima	10	61
Madre de Dios		10
Moquegua	5	8
Piura		1
San Martín		1
Tacna	3	4
Tumbes		4
<b>TOTAL</b>	<b>32</b>	<b>131</b>

\*Nuevas regiones en las que se ha identificado la VOI Mu en esta semana





## (v) Información de tendencias

A continuación, se brinda un reporte consolidado de las variantes circulantes de SARS-CoV-2 identificadas desde enero hasta agosto del 2021 en nuestro país y sus tendencias a lo largo de las semanas, tanto para el INS como para los otros laboratorios que realizan vigilancia genómica en el país y vienen reportando sus resultados al INS:

Variante	Probable origen	Linaje	Hasta el 10 de setiembre	ÚLTIMA SEMANA		
				Muestras	Porcentaje	Tendencia
<b>Alfa</b>	Reino Unido	B.1.1.7	22	-	0%	=
<b>Beta*</b>	Sudáfrica	B.1.351	0	-	0%	=
<b>Gamma</b>	Brasil	P.1	1351	90	24.5%	↓
<b>Delta</b>	India	B.1.617.2	365	121	32.9%	↑
<b>Lambda</b>	Perú	C.37	3416	125	34.0%	↑
<b>Mu</b>	Colombia	B.1.621	131	32	8.7%	↑

\*Hasta la fecha no identificada en el Perú



93.7 FM.



GRÁFICO 1: TENDENCIA DE VARIANTES A NIVEL NACIONAL ENERO A AGOSTO 2021

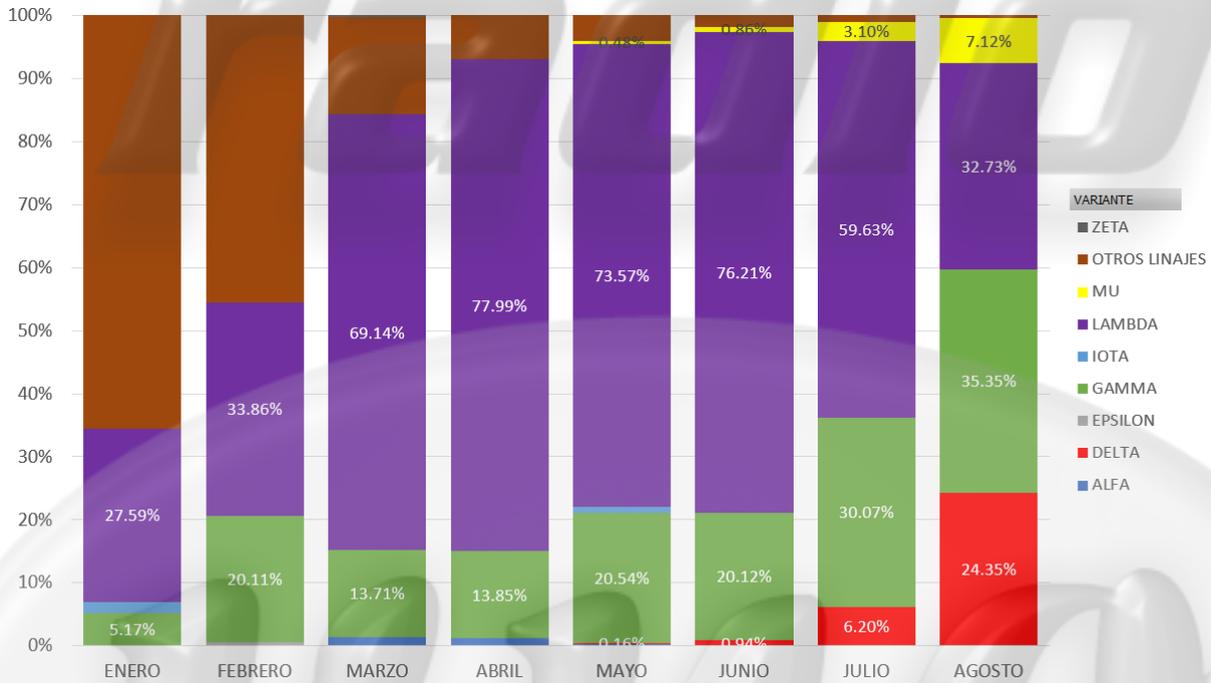
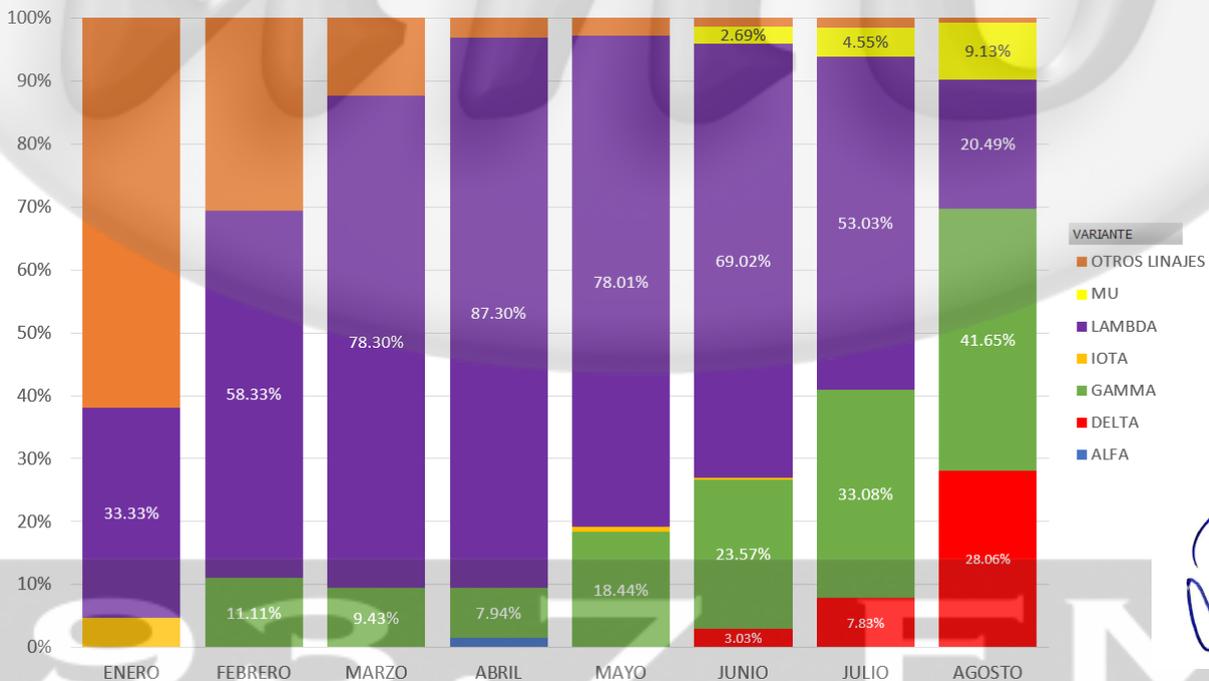


GRÁFICO 2: TENDENCIA DE VARIANTES EN LIMA Y CALLAO ENERO A AGOSTO 2021



(vi) Información sobre pacientes fallecidos

Según los datos de defunción obtenidos de SINADEF, de los 367 pacientes a los que se le realizó la secuenciación genómica en la última semana, 2 fallecieron a causa de infección por COVID-19. De los cuáles se identificó las siguientes variantes: Delta y Lambda

## CONCLUSIONES

- i. Con respecto a los casos de esta semana provenientes de la vigilancia aleatoria (n=359) en las regiones Lima (metropolitana y provincia), Amazonas, Apurímac, Arequipa, Ayacucho, Cajamarca, Callao, Cusco, Huánuco, Ica, Junín, La Libertad, Lambayeque, Moquegua, Pasco, Piura, San Martín, Tacna y Ucayali, actualmente las variantes Lambda (C.37) y Delta son las variantes predominantes con una positividad del 34% y 33% respectivamente. La variante Gamma viene disminuyendo con 24% y Mu (B.1.621) incrementándose con 9%.
- ii. En el estudio de vigilancia focalizada ("casos especiales") (brotes, pacientes vacunados, en UCI y re infectados) en las regiones de Lima y Cusco, Delta fue identificada en 4 de 8 casos secuenciados (50%), Gamma en 2 (25%) y Lambda en 2 casos (25%). En esta oportunidad no se identificó la VOI Mu en este grupo de muestras. También en el contexto de brotes y personas vacunadas, se aprecia un descenso de Lambda, variante de interés que predominó en casi toda la primera mitad del presente año, y actualmente se ve reemplazada por 2 variantes de preocupación: Delta y Gamma.
- iii. Se han detectado 121 nuevos casos de la VOC Delta (117 casos correspondientes a la vigilancia aleatoria y 4 a la vigilancia de casos especiales). Esta variante actualmente incluye distintos linajes según la OMS (B.617.2, AY.1, AY.3, AY.3.1, AY.4, AY.9, AY.11 y AY.12, AY.20 y AY.25, lo cual denota la gran diversidad genética. A continuación, se detallan los sublinajes identificados según su ubicación:

Lima Metropolitana (n=40): linaje B.1.617.2 y sublinajes AY.3, AY.4 y AY.12

Lima Provincia (n=7): linaje B.1.617.2 y sublinaje AY.12

Arequipa (n=1): linaje B.1.617.2

Ayacucho (n=5): linaje B.1.617.2

Cajamarca (n=6): linaje B.1.617.2 y sublinaje AY.3 y AY.25

Ica (n=3): linaje B.1.617.2

Junín (n=20): linaje B.1.617.2

La Libertad (n=10): linaje B.1.617.2 y sublinaje AY.12 y AY.25

Lambayeque (n=8): linaje B.1.617.2 y sublinaje AY.12 y AY.20

Pasco (n=2): linaje B.1.617.2 y sublinaje AY.12

Piura (n=5): linaje B.1.617.2 y sublinaje AY.12 y AY.25

Tacna (n=8): sublinaje AY.12

Ucayali (n=1): linaje B.1.617.2



Con los 121 casos adicionales de Delta, se suman 365 casos en total de esta variante de preocupación a nivel nacional en lo que va del año, ubicándose ya en 20 regiones, incluyendo a la provincia constitucional del Callao. Se considera que lo más probable es que el número de casos de SARS-CoV-2 por la VOC Delta continúe con un ascenso sostenido en las siguientes semanas desplazando a las otras variantes circulantes.

- iv. Se han identificado 32 casos adicionales de la variante Mu (B.1.621), recientemente clasificada como Variante de Interés por la OMS, la cual también incluye el linaje descendiente B.1.621.1. Con estos, actualmente suman 131 casos identificados de esta variante en lo que va de presente año en nuestro país. En este grupo de muestras secuenciadas, los 32 casos de Mu corresponden a muestras de Lima metropolitana (n=10), Amazonas (n=1), Ayacucho (n=5), La Libertad (n=3), Lambayeque (n=1), Junín (n=4), Moquegua (n=5) y Tacna (n=3), con lo cual son 19 regiones en las que se ha identificado esta variante. Queda pendiente revisar el antecedente de vacunación en estos casos al igual que los correspondientes a las otras variantes circulantes en el Perú.
- v. Con respecto a otras consideraciones, hasta la fecha no se han identificado casos de la VOC Beta (B.1.351). Asimismo, se adjunta un mapa por regiones en donde a la fecha se ha identificado la VOC Delta y otro para la VOI Mu. El Instituto Nacional de Salud, en coordinación con MINSAL y CDC continuará realizando la vigilancia genómica a nivel nacional, tanto en lo referente a la vigilancia genómica aleatoria, como a la vigilancia focalizada, incluyendo el estudio de contactos, conglomerados y brotes ampliados para caracterizar la dispersión las variantes de circulación nacional. De manera adicional, NAMRU-6, UNMSM y el Laboratorio Referencial de Puno continuarán reportando al INS los resultados de la vigilancia genómica que realizan.
- vi. La información de los casos incluyendo fichas epidemiológicas se encuentra en el sistema netlab2 y está disponible para los usuarios del mismo.



93.7 F





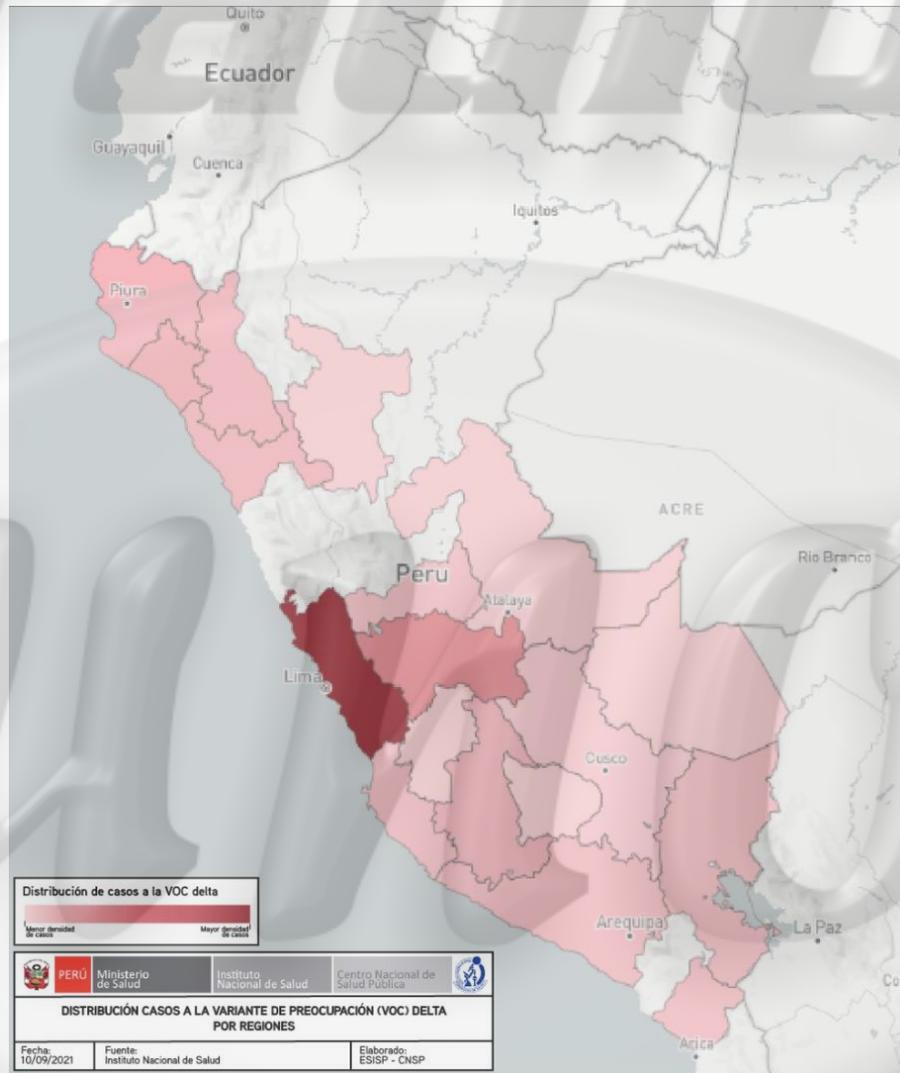
PERÚ

Ministerio de Salud

Instituto Nacional de Salud

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

# ANEXO 1: REGIONES DEL PERÚ EN LAS QUE SE HA IDENTIFICADO LA VOC DELTA



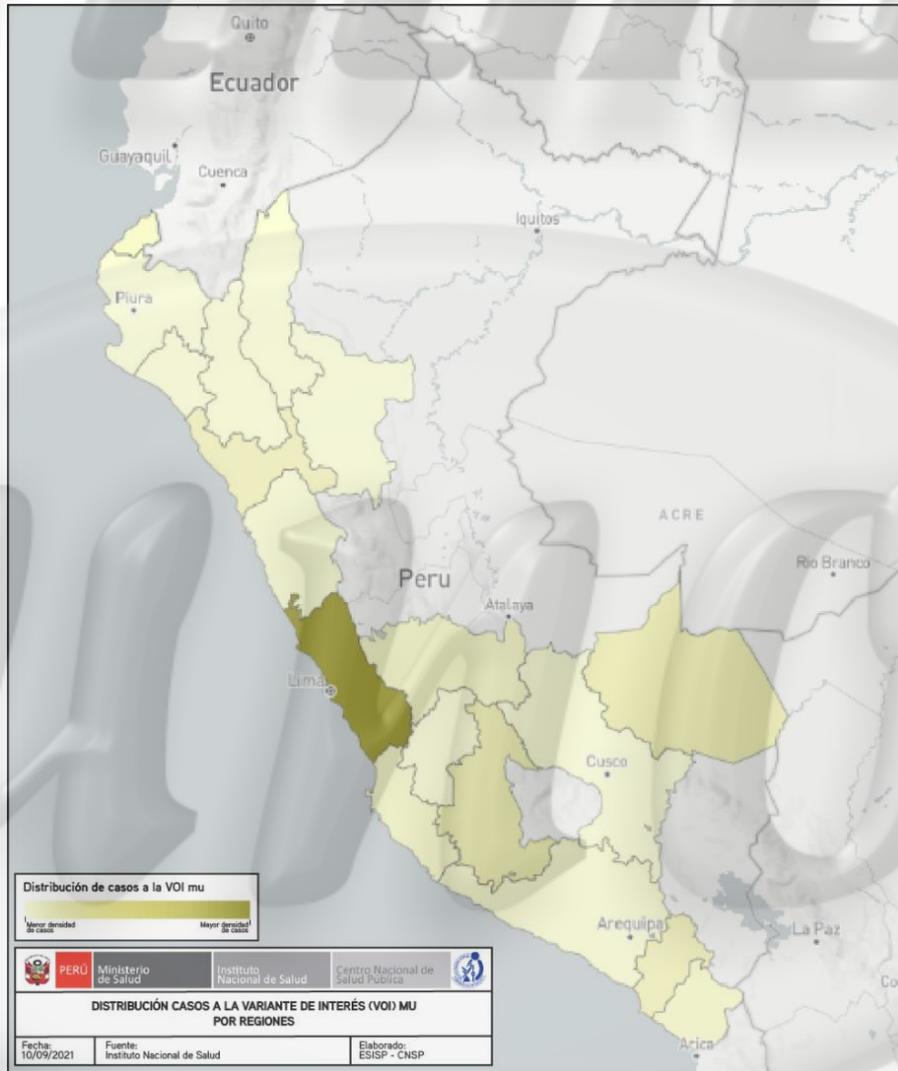
# 93.7 F





### ANEXO 2: REGIONES DEL PERÚ EN LAS QUE SE HA IDENTIFICADO LA VOI

Mu



# 93.7 F

