

## Variantes del SARS-CoV-2: Informe del 12 de abril de 2021

La Ciudad de Nueva York ha secuenciado muestras y ha analizado los datos epidemiológicos para caracterizar la propagación del SARS-CoV-2, identificar las variantes emergentes y conocer cuáles pueden ser los efectos de estas variantes en la salud pública.

El Departamento de Salud ha identificado diferentes variantes de interés y variantes de preocupación, entre las que se destacan la **B.1.1.7** y la **B.1.526**:

- La B.1.1.7 (identificada por primera vez en el Reino Unido) está [clasificada por los CDC como una variante de preocupación](#), lo cual significa que existe evidencia de que aumenta la transmisibilidad y gravedad de la enfermedad.
  - En particular, se descubrió que la B.1.1.7 es un 50 % más transmisible y causa infecciones más graves.<sup>1,2,3</sup>
- La B.1.526 (identificada por primera vez en NYC) está [clasificada por los CDC como una variante de interés](#), puesto que hay indicios de que aumenta la transmisibilidad. Actualmente, se están realizando estudios para conocer el impacto de la B.1.526 en la gravedad de la enfermedad, la reinfección y la efectividad de las vacunas. Hasta la fecha, existe evidencia obtenida en los laboratorios de que los tratamientos con anticuerpos usados para combatir el virus que causa el COVID-19 podrían ser menos efectivos en la prevención de la infección con esta variante, pero todavía se desconocen los efectos de este descubrimiento en casos reales.

En las últimas semanas, en NYC también se detectó la variante **P.1** (identificada por primera vez en Brasil). Si bien actualmente su prevalencia es baja, la presencia de esta variante ha ido en aumento.

- La variante P.1 está [clasificada por los CDC como una variante de preocupación](#), dado que existe evidencia de que aumenta la transmisibilidad y de que los anticuerpos adquiridos con una infección anterior o con la vacunación pueden ser menos efectivos en la prevención de la infección con esta variante.

Para obtener más información sobre las variantes de preocupación y las variantes de interés, visite [cdc.gov/coronavirus/2019-ncov/cases-updates/variant-surveillance/variant-info.html](https://cdc.gov/coronavirus/2019-ncov/cases-updates/variant-surveillance/variant-info.html).

---

<sup>1</sup> [cdc.gov/coronavirus/2019-ncov/cases-updates/variant-surveillance/variant-info.html](https://cdc.gov/coronavirus/2019-ncov/cases-updates/variant-surveillance/variant-info.html).

<sup>2</sup> Davies NG, Abbott S, Barnard RC, et al. Estimated transmissibility and impact of SARS-CoV-2 lineage B.1.1.7 in England. MedRxiv 2021. doi: [doi.org/10.1101/2020.12.24.20248822](https://doi.org/10.1101/2020.12.24.20248822)[external icon](#).

<sup>3</sup> Horby P, Huntley C, Davies N et al. NERVTAG note on B.1.1.7 severity. New & Emerging Threats Advisory Group. 21 de enero de 2021. Extraído de [depts.washington.edu/pandemicalliance/2021/01/25/nervtag-note-on-b-1-1-7-severity](https://depts.washington.edu/pandemicalliance/2021/01/25/nervtag-note-on-b-1-1-7-severity).

### Todavía se desconocen los efectos de algunas variantes.

Hasta el momento, no hay suficientes datos para sacar demasiadas conclusiones confiables. Continuaremos recopilando y analizando datos para comprender el impacto de estas variantes en la salud pública e informaremos cuando haya actualizaciones importantes en la información que tenemos.

Lo que sí sabemos	Lo que todavía no sabemos
<ul style="list-style-type: none"><li>• La cantidad de diferentes variantes de interés y de preocupación está aumentando.</li><li>• La B.1.526, la B.1.1.7, la P.1 y otras variantes de preocupación y de interés están presentes en NYC y la proporción de casos que corresponden a estas variantes está aumentando.</li><li>• La B.1.1.7 es más transmisible que otras variantes del SARS-CoV-2 y puede causar una enfermedad más grave.</li><li>• La P.1 es más transmisible y existe evidencia de su evasión de la respuesta inmunitaria para las personas que ya han tenido COVID-19 o están completamente vacunadas.</li><li>• Hasta la fecha, no hay evidencia de que la B.1.1.7. o la B.1.526 reduzcan la efectividad de las vacunas. <i>Se espera que ocurran infecciones posvacunación (es decir, infecciones en las personas completamente vacunadas) en una pequeña proporción de las personas vacunadas, independientemente de la propagación de las variantes.</i></li></ul>	<ul style="list-style-type: none"><li>• Si la B.1.526 causa reinfección en las personas que ya han tenido COVID-19 con mayor frecuencia que otros tipos de variantes.</li><li>• Si la B.1.526 ocasiona una enfermedad más grave y aumenta la probabilidad de necesitar hospitalización o morir.</li><li>• Si la B.1.526 supone una mayor probabilidad de infectar a las personas que están completamente vacunadas (en comparación con las demás variantes del virus).</li></ul>

El presente informe contiene una descripción general de los principales hallazgos sobre la B.1.526 y la B.1.1.7 desde el 1 de enero de 2021 hasta el 27 de marzo de 2021. El Departamento de Salud continúa investigando la prevalencia de las variantes de preocupación y las variantes de interés que están presentes en NYC. Nuestras investigaciones combinan las observaciones epidemiológicas y en el laboratorio para caracterizar a cada variante. Desde octubre de 2020, esto ha incluido la secuenciación de todas las muestras que el Laboratorio de Salud Pública de NYC recibe y que cumplen con determinados criterios técnicos (por ejemplo, niveles suficientes del virus). Desde febrero de 2021, el Laboratorio de Respuesta a la Pandemia ha secuenciado muestras seleccionadas aleatoriamente que cumplen determinados criterios técnicos.

Actualmente, se está secuenciando una proporción pequeña, pero en aumento, de todos los casos confirmados. En las últimas semanas, el Laboratorio de Respuesta a la Pandemia y el Laboratorio de Salud Pública de NYC han secuenciado más del 5 % de las muestras de casos confirmados. El Laboratorio Wadsworth del Estado de Nueva York y laboratorios privados y de universidades también están secuenciando otras muestras.

Estamos monitoreando nuestros sistemas de vigilancia epidemiológica para evaluar las diferencias en la gravedad, el riesgo de reinfección o el riesgo de impacto en la efectividad de la vacuna que puedan estar asociadas con estas variantes. Algunas de las tareas que llevamos a cabo actualmente son las siguientes:

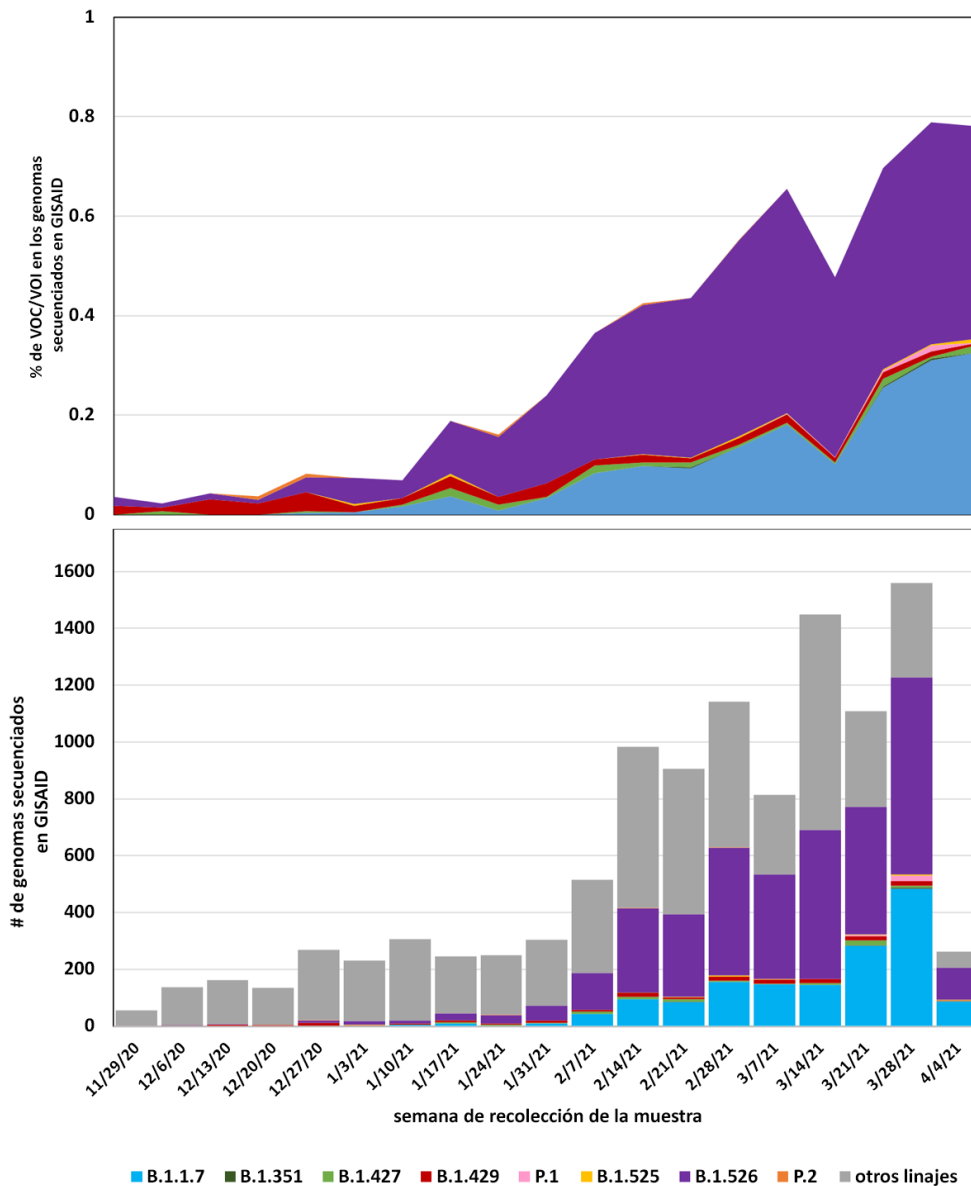
- Monitorear la cantidad de hospitalizaciones y muertes que ocurren en los pacientes con las muestras secuenciadas causadas por las variantes.
- Identificar los casos causados por las variantes en los que el paciente había obtenido un resultado positivo en la prueba de detección de COVID-19 más de 90 días antes. Investigamos estos casos para determinar si es probable que representen una reinfección y así saber si los casos de reinfección son más comunes en las personas que se han infectado con una de las variantes.
- Emparejar los datos sobre los casos causados por variantes con los datos del Registro de Vacunación de la Ciudad para identificar si la persona estaba completamente inmunizada antes de obtener el resultado positivo en la prueba de detección del COVID-19.

Hasta la fecha, los casos de reinfección y los casos en las personas que estaban completamente vacunadas son escasos. Es muy pronto para saber si alguna de estas variantes tiene mayores probabilidades de generar una reinfección o una infección posvacunación, en comparación con las demás variantes que circulan desde antes.

# Principales hallazgos en los casos de variantes en la Ciudad de Nueva York

## #1 - La proporción de variantes de preocupación y variantes de interés está aumentando.

En enero, las variantes de preocupación y las variantes de interés representaban el 10 % de los casos informados a GISAID. Para mediados de marzo, las variantes de preocupación y las variantes de interés representaban más del 70% de los casos secuenciados en GISAID. Esto sugiere la propagación de determinadas variantes, posiblemente debido a su mayor infecciosidad, que es un motivo por el cual los casos de COVID-19 en NYC siguen en una alta meseta de entre 3000 y 4000 casos nuevos por día.

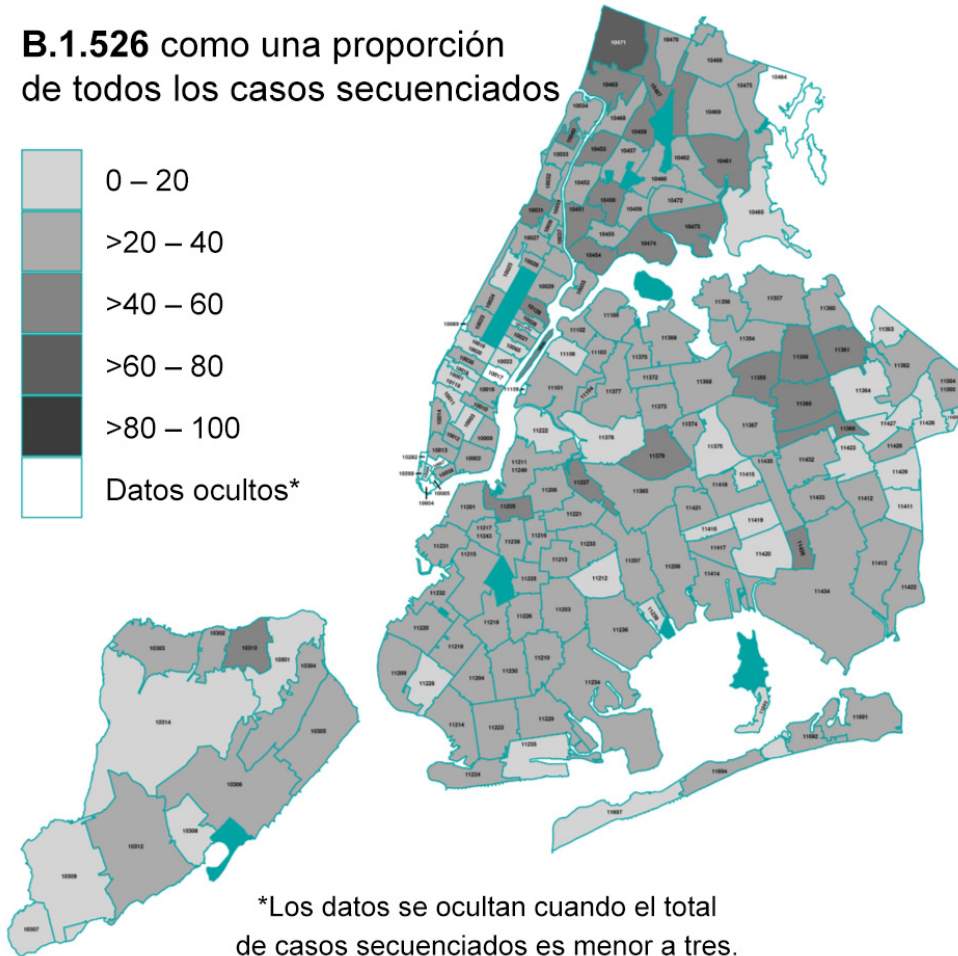
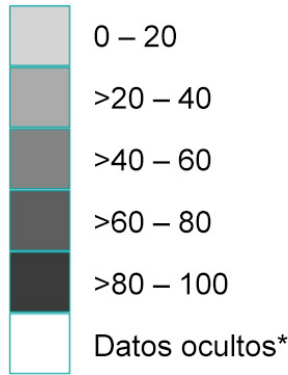


**#2 - Las variantes B.1.526 y B.1.1.7 están presentes en los cinco distritos.**

Estos mapas muestran la proporción de todos los casos secuenciados que fueron identificados por PHL y PRL como B.1.526 o B.1.1.7 por cada código postal.

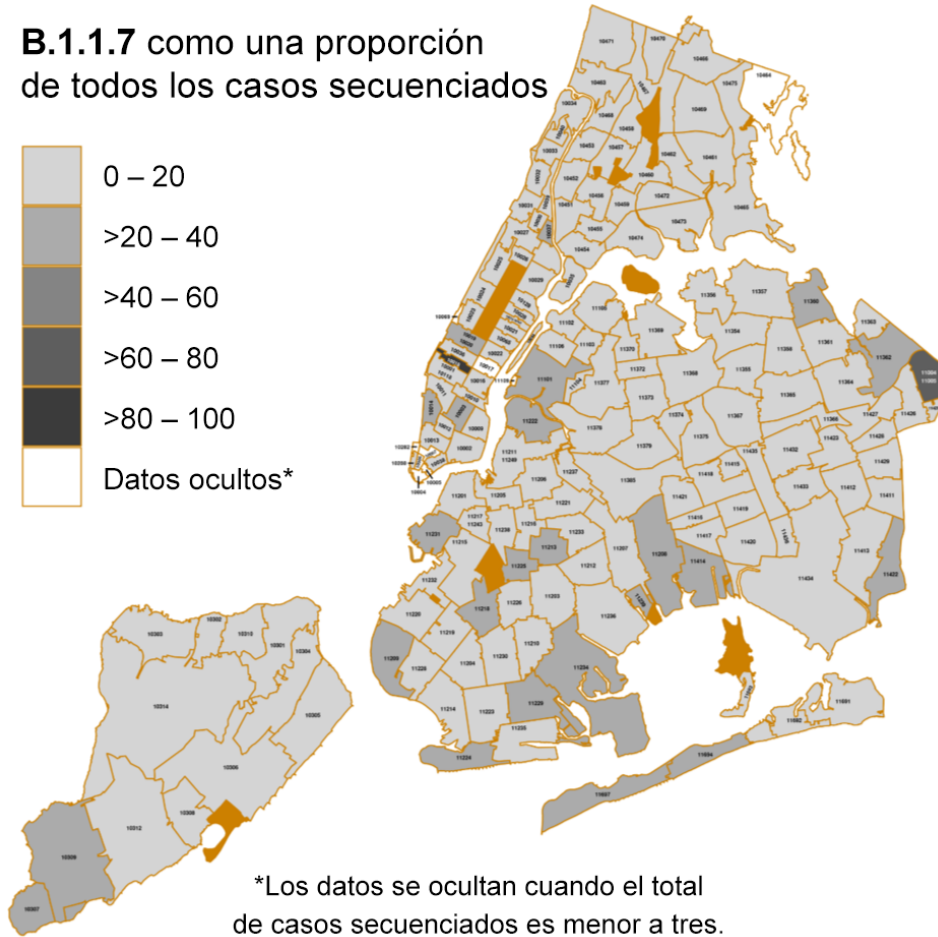
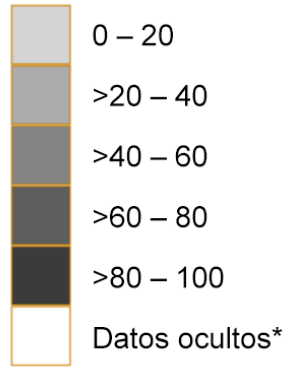
Los casos de B.1.526 se encuentran en los cinco distritos, pero son un poco más comunes en el Bronx y en parte de Queens.

**B.1.526** como una proporción de todos los casos secuenciados



Los casos de B.1.1.7 se encuentran en los cinco distritos, pero son un poco más comunes en el sur de Brooklyn, el este de Queens y Staten Island.

### B.1.1.7 como una proporción de todos los casos secuenciados



\*Los datos se ocultan cuando el total de casos secuenciados es menor a tres.