



Carta al Editor

Reinfecciones por SARS-CoV-2 durante la segunda ola pandémica en Iquitos, Perú

SARS-CoV-2 reinfections during the second pandemic wave in Iquitos, Peru

Luis Eduardo Pampa-Espinoza^{1,a}, Carlos Padilla-Rojas^{1,b}, Víctor Jiménez-Vásquez^{1,b}, Iris Silva^{1,b}, Fabiola Díaz-Soria^{2,b}, Zaira Hellen Villa-Galarce^{2,b}

DOI

<https://doi.org/10.35434/rcmhnaaa.2022.152.1421>

Señor editor:

La infección por SARS-CoV-2 ha ocasionado gran impacto en todo el mundo estimándose en más de 439 millones de casos y más de 5,9 millones de muertes. El Perú ha sido uno de los países en donde la mortalidad de su población ha descrito cifras muy elevadas llegando hasta una tasa de letalidad de 9.14%^[1]. Iquitos ha sido una de las ciudades más afectadas desde el inicio de la pandemia en el Perú, en donde se describió una seroprevalencia COVID-19 de 70% una de las más altas reportadas después de la primera ola pandémica de COVID-19^[2]. Es de esperar que esta seroprevalencia haya aumentado luego de la segunda ola. La duración de la inmunidad frente al SARS-CoV-2 ya sea por infección previa o por vacunación efectiva continúa siendo una de las interrogantes más importantes, en ese contexto, reportamos 4 casos de reinfecciones confirmadas en Iquitos Perú.

Después de la primera ola pandémica fueron reportados pocos casos de reinfecciones confirmadas por SARS-CoV-2, por ello éstas fueron consideradas como eventos poco frecuentes, pero ello se aleja de la realidad debido a la dificultad de criterios utilizados al inicio para su confirmación a través de secuenciación genómico. Los criterios de reinfecciones por SARS-CoV-2 han ido cambiando en el transcurso de la pandemia y aunque actualmente para los Centros para el Control y Prevención de enfermedades (CDC) de USA se consideran a una reinfección como un nuevo caso mayor de 90 días detectado por amplificación de prueba molecular después de la primera infección^[3], en la práctica la identificación y caracterización por secuenciación genómica de las segundas infecciones podría dar información importante de variantes que tengan escape inmunológico. Esto se refleja en los 4 casos de este reporte con reinfección confirmada por SARS-CoV-2, con segunda infección por la variante Gamma (P.1). Gamma ha sido considerada variante de preocupación por su mayor impacto epidemiológico y capacidad infecciosa descrita en Brasil durante su segunda ola pandémica desde noviembre del 2020^[4]. Gamma ha predominado en regiones como Manaus^[5], que también presentaron alta seroprevalencia al final de la primera ola pandémica lo que refleja el alto grado de transmisibilidad calculado como 1,7 a 2,4 veces más transmisible que linajes primigenios. Moschetta et al han reportado también dos casos de reinfección por SARS-CoV-2 con la variante Gamma en las segundas infecciones en Brasil^[6], y aunque existen más sospechas de reportes de probables reinfecciones SARS-CoV-2^[7]. Todo esto refleja aún más la mayor transmisión de Gamma y la posibilidad de que las reinfecciones también son un criterio que selecciona a variantes con mayor capacidad de trasmisión y evasión inmune.

La mayor capacidad de transmisión desencadenó en un claro predominio en la circulación de dos variantes durante la segunda ola pandémica en algunas regiones del Perú (Lambda y Gamma). En zona selva de Loreto predominó la variante Gamma que se explica por ser una región cercana a la frontera con Brasil y que tiene un comercio fluvial activo con dicha región^[8]. Abu Raddad et al describieron que las reinfecciones tenían un 90% menor probabilidad de gravedad en hospitalización o muerte que las infecciones primarias también reflejado en nuestros casos que presentaron un cuadro leve o asintomático^[9]. La variante ómicron gráfico muy bien el alto riesgo de

FILIACIÓN

1. Instituto Nacional de Salud- INS, Lima, Perú.
2. Instituto Nacional de Salud- INS, CIETROP, Iquitos, Perú.
 - a. Médico Infectólogo.
 - b. Biólogo

ORCID

1. Luis Eduardo Pampa Espinoza
[0000-0002-2392-587X](https://orcid.org/0000-0002-2392-587X)
2. Carlos Padilla Rojas
[0000-0002-0562-0431](https://orcid.org/0000-0002-0562-0431)
3. Víctor Jiménez Vásquez
[0000-0001-6547-6999](https://orcid.org/0000-0001-6547-6999)
4. Iris Silva
[0000-0001-7290-9254](https://orcid.org/0000-0001-7290-9254)
5. Fabiola Díaz Soria
[0000-0001-8084-2723](https://orcid.org/0000-0001-8084-2723)
6. Zaira Hellen Villa Galarce
[0000-0002-6609-4957](https://orcid.org/0000-0002-6609-4957)

CORRESPONDENCIA

Pampa Espinoza Luis Eduardo
Instituto Nacional de Salud - INS
Cápac Yupanqui 1400 - Jesús María, Lima 11,
Perú. Tel. (511) 748 1111

EMAIL

lpampa@ins.gob.pe

CONFLICTOS DE INTERÉS

Los autores niegan conflictos de interés.

FINANCIAMIENTO

Instituto Nacional de Salud.

DECLARACIÓN DE AUTORÍA

Todos los autores participaron en la redacción final del artículo.

REVISIÓN DE PARES

Recibido: 28/03/2022

Aceptado: 30/06/2022

COMO CITAR

Pampa-Espinoza LF, Padilla-Rojas C, Jiménez-Vásquez V, Silva I, Díaz-Soria F, Villa-Galarce ZH. Reinfecciones por SARS-CoV-2 durante la segunda ola pandémica en Iquitos, Perú. Rev. Cuerpo Med. HNAAA [Internet]. 30 de junio de 2022 [citado 2 de octubre de 2022];15(2):308-9. DOI: [10.35434/rcmhnaaa.2022.152.1421](https://doi.org/10.35434/rcmhnaaa.2022.152.1421)



Esta obra está bajo una Licencia Creative Commons Atribución 4.0 Internacional.

Versión Impresa: ISSN: 2225-5109

Versión Electrónica: ISSN: 2227-4731

Cross Ref. DOI: 10.35434/rcmhnaaa

OJS: <https://cmhnaaa.org.pe/ojs>

reinfecciones en Sudáfrica durante la tercera ola, pero deja aún la interrogante de futuras olas con nuevas variantes de la SARS-CoV-2 en vista de la disminución de la inmunidad.

El equipo de vigilancia genómica del Instituto Nacional de Salud ha venido realizado el secuenciamiento genómico en el Perú, con más de 15 mil muestras secuenciadas hasta febrero del 2022^[10]; nos ha servido para realizar una vigilancia epidemiológica genómica en las regiones del país con identificación de variantes con mayor capacidad de transmisión de la SARS-CoV-2 y su alerta a las regiones en diversos momentos de la pandemia pero debido a la incertidumbre de futuras variantes de la SARS-CoV-2 con mayor capacidad de transmisión es importante continuar con la vigilancia a futuro no solo por la pandemia COVID-19 sino por las otras enfermedades infecciosas que continúan siendo un problema de salud pública en el Perú.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

1. Mortality Analyses. Available at: <https://coronavirus.jhu.edu/data/mortality>. Accessed 9 October 2021.
2. Álvarez-Antonio C, Meza-Sánchez G, Calampa C, et al. Seroprevalence of anti-SARS-CoV-2 antibodies in Iquitos, Peru in July and August, 2020: a population-based study. *The Lancet Global*

- Health 2021; 9:e925-e931. doi: 10.1016/S2214-109X(21)00173-X.
3. Enfermedad por coronavirus 2019 (COVID-19) 2021 Definición de caso | Centros para el Control y la Prevención de Enfermedades. 2021; Available at: <https://ndc.services.cdc.gov/case-definitions/coronavirus-disease-2019-2021/>. Accessed 2 March 2022.
4. Seguimiento de las variantes del SARS-CoV-2. Available at: <https://www.who.int/es/health-topics/health-promotion/tracking-SARS-CoV-2-variants>. Accessed 2 March 2022.
5. Sabino EC, Buss LF, Carvalho MPS, et al. Resurgence of COVID-19 in Manaus, Brazil, despite high seroprevalence. *Lancet* 2021; 397:452-455. doi: 10.1016/S0140-6736(21)00183-5.
6. Moschetta MO, Hadi RA, Franco RF, et al. COVID-19 Reinfection by the Gamma Variant in Kidney Transplant Recipients. *Transplantation* 2021; 105:e276. doi: 10.1097/TP.0000000000003924.
7. Prete CA, Buss LF, Buccheri R, et al. Reinfection by the SARS-CoV-2. Gamma variant in blood donors in Manaus, Brazil. *BMC Infectious Diseases* 2022; 22:127. doi: 10.1186/s12879-022-07094-y.
8. Vargas-Herrera N, Araujo-Castillo RV, Mestanza O, Galarza M, Rojas-Serrano N, Solari-Zerpa L. SARS-CoV-2 Lambda and Gamma variants competition in Peru, a country with high seroprevalence. *The Lancet Regional Health - Americas* 2022; 6. doi: <https://doi.org/10.1016/j.lana.2021.100112>.
9. Abu-Raddad LJ, Chemaitelly H, Bertollini R. Severity of SARS-CoV-2. Reinfections as Compared with Primary Infections. *New England Journal of Medicine* 2021; 385:2487-2489. DOI: 10.1056/NEJMc2108120
10. Secuenciación Genómica del virus SARS-CoV-2 en el Perú. Available at: <https://web.ins.gob.pe/es/covid19/secuenciamiento-sars-cov2>. Accessed 3 March 2022.

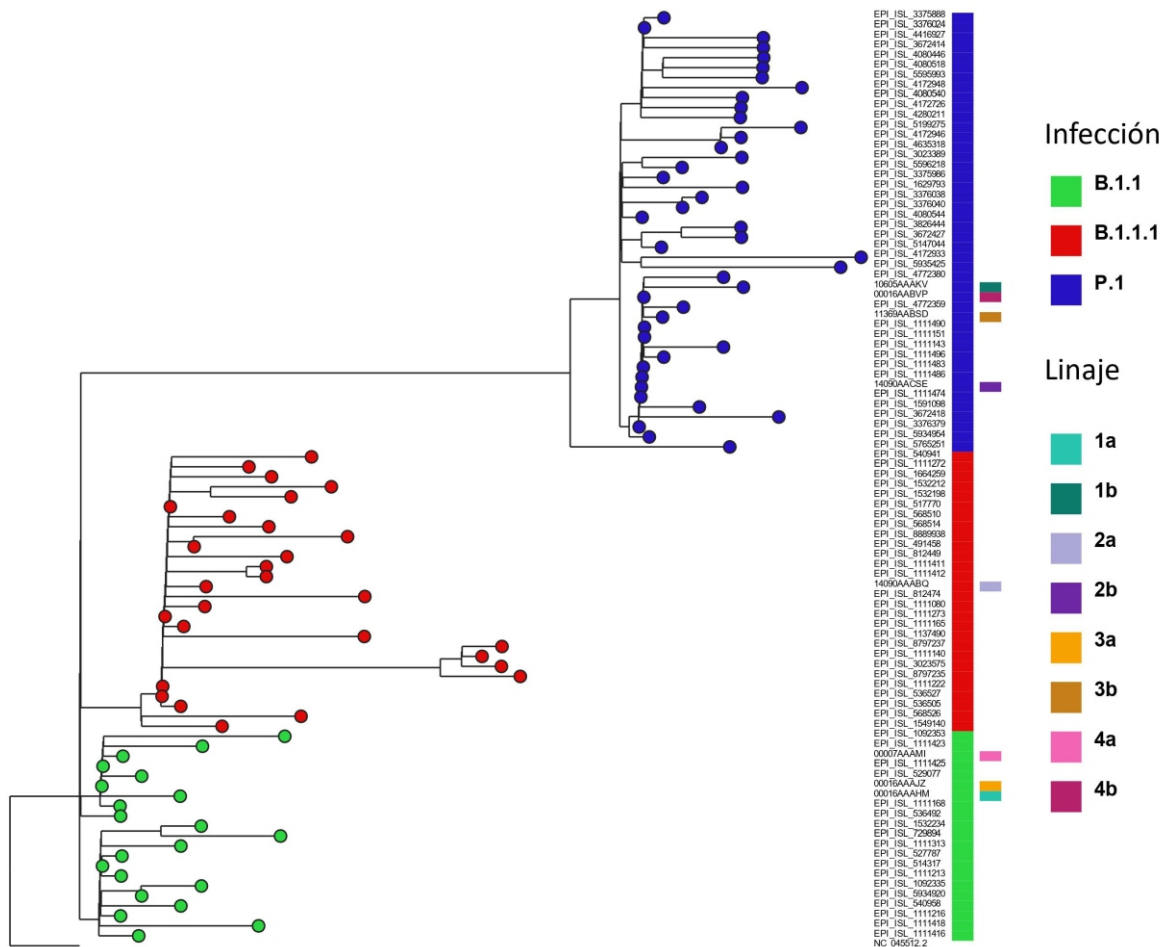


Figura 1.

Árbol filogenético de Máxima Verosimilitud obtenido con RaXML con 10 búsquedas independientes. La comparación de los genomas en estudio se realizó con 40 genomas del linaje P.1, 27 del linaje B.1.1.1, 18 genomas del linaje B.1.1. El árbol fue enraizado con el genoma de referencia Wuhan-1 (NC_045512.2).