INFORME EPIDEMIOLÓGICO N°13
VIGILANCIA GENÓMICA DE SARS-CoV-2 (COVID-19)

Chile 05 de septiembre de 2021

Departamento de Epidemiología

Ministerio de Salud

Gobierno de Chile

1. RESUMEN 3
2. ANTECEDENTES 4
3. OBJETIVO DEL REPORTE 7
4. MÉTODOS 7
4.1 Fuentes de información 8
5. SITUACIÓN EPIDEMIOLÓGICA ACUMULADA 9
CARACTERISTICAS CLÍNICAS DE LOS CASOS 12
DISTRIBUCIÓN TEMPORAL 13
DISTRIBUCIÓN DE VARIANTES EN VIAJEROS 14
DISTRIBUCIÓN DE VARIANTES EN COMUNITARIOS 15
SITUACIÓIN EPIDEMIOLÓGICA DE LAS ÚLTIMAS 10 SEMANAS EPIDEMIOLÓGICAS (SE 26-35 2021) 16
VARIANTE DELTA 19
6. DESCRIPCIÓN EPIDEMIOLÓGICA SEGÚN MÉTODOS DE DETECCIÓN DE VARIANTES 20
CASOS DE SARS-COV-2 DE VARIANTE CONFIRMADA 20
CASOS DE SARS-COV-2 DE VARIANTE PROBABLE 23
7. CONCEPTOS CLAVES 26
8. REFERENCIAS 28
9. ANEXOS 30
9.1 Métodos de detección 30
9.2 Seguimiento de las variantes de SARS-CoV-2 33

1. RESUMEN

En Chile, a través del programa de Vigilancia Genómica, se han analizado 10.797 muestras de casos confirmados de SARS-COV-2, de los cuales 7.508 (69,5%) fueron secuenciadas y 3.289 (30,5%) genotipificadas mediante RT-PCR para detección de mutaciones asociadas a variantes (MAV) entre el 22 de diciembre de 2020 y el 05 de septiembre de 2021.

Del total de casos analizados se detectaron 6.803 (63,0%) variantes de preocupación (VOC); 2.379 (22,0%) variantes de interés (VOI); 37 (0,3%) linajes en alerta para mayor seguimiento; 903 (8,4%) otros linajes y 675 (6,3%) casos indeterminados para detección de mutaciones mediante RT-PCR.

En cuanto a las VOC, Gamma se detectó en 5.671 (52,5%) casos y Delta en 739 (6,8%), la VOI Lamda en 1.642 (15,2%) y Mu en 730 (6,8%).

Los principales hallazgos en las últimas 10 semanas epidemiológicas (SE 26 a la 35 de 2021), fueron:

- Se analizaron 6.490 muestras de casos de SARS-CoV-2, donde la más frecuentes correspondieron a Gamma, Delta, Mu y Lambda (n=3.555, n=735, n=681 y n=631, respectivamente). Del total, 3.527 (54,3%) fueron secuenciadas y 2.963 (45,7%) genotipificadas; de ellas, 610 (9,4%) muestras corresponden a viajeros y casos relacionados a viajeros y 5.880 (90,6%) a casos de origen comunitario.

- En la SE 35 (que corresponde desde el 29 de agosto al 4 de septiembre), se mantiene la variante Gamma (n=257, 32,6%) y Delta (n=227, 28,8%) como predominantes, seguido de la variante Mu (n=171, 21,7%), respecto a un total de 788 casos de SARS-CoV-2 analizados. En la SE previa (34) la variante Gamma correspondió a 315 (38,0%) casos, Delta a 155 (18,6%) y Mu 156 (18,7%) en un total de 835 casos analizados en esa semana.

2. ANTECEDENTES

Desde la identificación inicial del SARS-CoV-2, hasta el 05 de septiembre de 2021, se han compartido a nivel mundial alrededor de 3.300.000 secuencias genómicas completas a través de bases de datos de acceso público (GISAID[1]).

Con el fin de facilitar la identificación de las VOC y de VOI, la Organización Mundial de la Salud (OMS) estableció el 31 de mayo del 2021 una nueva nomenclatura para las variantes de SARS-CoV-2, denominándolas según las letras del alfabeto griego. Producto de la aparición de nuevas variantes, la dinámica de la enfermedad, la mayor comprensión de los impactos fenotípicos de las variantes y de la evidencia disponible es que la lista de VOC y VOI está continuamente siendo actualizada. El nombre asignado por la OMS a las VOC y VOI es independiente del sistema de nomenclatura para los linajes, pero se basa en las clasificaciones filogenéticas disponibles por lo que este nombre se enlaza a los sistemas de nomenclaturas utilizados para nombrar y rastrear los linajes de SARS-CoV-2 por ejemplo, la nomenclatura PANGO (Anexo, 9.2 Seguimiento de las variantes de SARS-CoV-2, Tabla 7).

El 06 de julio de 2021, la OMS incluyó algunos linajes en alerta para mayor seguimiento, los cuales se definen como una variante del SARS-CoV-2 con cambios genéticos que se sospecha pueden representar un riesgo futuro, pero la evidencia del impacto fenotípico o epidemiológico está menos claro en comparación con las VOC y VOI, por lo que requiere una mayor supervisión y evaluación repetida, en espera de nuevas evidencias científicas. La última actualización se realizó el 02 de septiembre, donde se reclasificó el linaje B.1.621 de un linaje en alerta a una VOI denominada “Mu”, e incluyeron al linaje C.1.2 en alerta para seguimiento adicional (OMS, agosto 2021).

La OMS vigila el comportamiento genético del virus con énfasis en la aparición de nuevas mutaciones que pueden evolucionar con el tiempo y aumentar la transmisión o severidad de la enfermedad por SARS-CoV-2. Si nuevas variantes no significan un cambio significativo en las características del virus, el nombre asignado se enlazará a los linajes parentales según nomenclatura PANGO[2].

La vigilancia de virus respiratorios realizada en Chile, integró el SARS-CoV-2 a las estrategias de vigilancia del Instituto de Salud Pública (ISP) desde el inicio de la pandemia. Desde diciembre de 2020 se amplió el monitoreo a viajeros positivos a SARS-CoV-2 que provienen de la Búsqueda Activa de Casos (BAC) que se realiza en el aeropuerto Internacional Arturo Merino Benítez (AMB). En marzo de 2021, el ISP aumentó sus capacidades

[1] La Iniciativa GISAID promueve el intercambio rápido de datos de todos los virus de la influenza y el coronavirus que causa el COVID-19

[2] Seguimiento de variantes del SARS-CoV-2, OMS.

secuenciando una mayor cantidad de muestras provenientes de la vigilancia de laboratorios, además de muestras de otros establecimientos de salud públicos y privados, y de pacientes o grupos con relevancia epidemiológica.

La vigilancia de viajeros comenzó desde la apertura de la frontera el 23 de noviembre de 2020, y consistió en un sistema de monitoreo y testeo con RT-PCR a viajeros, donde uno de los objetivos es aislar oportunamente a los casos confirmados de COVID-19 y minimizar el riesgo de propagación del virus. Posteriormente, se añadió la secuenciación genómica, por parte del ISP, en toda muestra positiva de PCR proveniente de viajeros.

La detección mundial y nacional de las VOC, VOI y linajes se presenta en la Tabla 1.

Tabla 1: Clasificaciones de las VOC, VOI, linajes en alerta para mayor seguimiento adicional y otros linajes a nivel mundial y en Chile al 05 de septiembre de 2021.

Etiqueta OMS	Linaje Pango*	Primera muestra documentada	Fecha de toma de muestra primer caso identificado en Chile	Fecha toma de muestra de última detección en Chile	Estado del Linaje en Chile°
Variantes de preocupación					
Alfa	B.1.1.7	Reino Unido, septiembre *2020*	15-12-2020	01-09-2021	Activo
Beta	B.1.351	Sudáfrica, mayo 2020	06-04-2021	23-06-2021	Activo
Gamma	P.1	Brasil, noviembre 2020	23-01-2021	05-09-2021	Activo
Delta	B.1.617.2	India, octubre 2020	13-06-2021	04-09-2021	Activo
Variantes de interés					
Eta	B.1.525	Varios países, diciembre 2020	02-03-2021	08-03-2021	No observado
Iota	B.1.526	Estados Unidos, noviembre 2020	16-05-2021	18-05-2021	No observado
Kappa	B.1.617.1	India, octubre 2020	04-06-2021	04-06-2021	No observado
Lambda	C.37	Perú, agosto 2020	20-01-2021	31-08-2021	Activo
Mu	B.1.621	Colombia, enero 2021	22-03-2021	05-09-2021	Activo
Linajes para mayor seguimiento					
	- B.1.427 / B.1.429	Estados Unidos, marzo 2020	26-01-2021	03-08-2021	Activo
	- B.1.1.519	Varios países, noviembre 2021	08-04-2021	08-04-2021	No observado
	- C.36.3	Varios países, enero 2021	04-06-2021	06-06-2021	No observado
Otros linajes					
	B.1.348	-	11-01-2021	09-06-2021	No observado
	Otros linajes		01-01-2021	28-08-2021	Activo

Datos provisorios al 05 de septiembre de 2021, en proceso de validación. Elaborado por: Departamento de Epidemiología, Ministerio de Salud.
(*) Incluye todos los linajes descendientes.
(°) Estado de linaje según fecha de última detección, clasificación PANGO señalados en Conceptos Claves, página 30.

3. OBJETIVO DEL REPORTE

Entregar información actualizada de las VOC y VOI, linajes en alerta de mayor seguimiento y otros linajes de SARS-CoV-2 detectados en Chile en base a datos disponibles hasta el 05 de septiembre de 2021, a partir de muestras de casos de SARS-CoV-2 analizadas por secuenciación genómica y detección de mutaciones asociadas a variantes mediante RT-PCR.

4. MÉTODOS

Este informe incluye un reporte de las variantes VOC y VOI, además de los linajes de alerta de mayor seguimiento y otros linajes de SARS-CoV-2 detectados en Chile desde el 22 de diciembre, fecha del primer caso asociado a variantes, considerando el monitoreo realizado en el aeropuerto AMB y en otros puntos de entrada terrestre y marítimo al país denominada "vigilancia de viajeros" y la vigilancia de la circulación nacional o poblacional a través de laboratorios, hospitales centinela y otros establecimientos públicos y privados, casos de relevancia epidemiológica y clínica denominada "vigilancia comunitaria".

La información corresponde a data provisoria en proceso de validación, sujeta a cambios en la medida que se realizan actualizaciones. Los datos se presentan según fecha de toma de muestra, por lo que esta información es preliminar y se actualizará retrospectivamente en informes sucesivos.

Los casos se presentan por tipo de método de detección y región de residencia, que corresponde a su domicilio o la región declarada al ingreso al país. El proceso de selección de estos casos responde a criterios epidemiológicos y el muestreo no es aleatorio. Se incluyen para el análisis los resultados de las muestras de casos de SARS-CoV-2 secuenciadas por sobre la determinación de mutaciones mediante RT-PCR en una misma persona. Los casos indeterminados a través de MAV se incluyen en el total de esta categoría y son enviados a secuenciar.

Para facilitar el análisis se agrupan los linajes en alerta para mayor seguimiento (B.1.427/429, B.1.1.519 y C.36.3/ C.36.3.1) y las otras VOI (Eta, Iota y Kappa).

El detalle de aspectos por variante y linaje se encuentra incluido en el Anexo, 9.2 página 33.

4.1 Fuentes de información

- Informes de secuenciación genómica para SARS-CoV-2, Instituto de Salud Pública, al 05 de septiembre de 2021.
- Informes de secuenciación genómica para SARS-CoV-2, Universidad de Magallanes, abril al 28 de agosto de 2021.
- Informes de secuenciación genómica para SARS-CoV-2, Universidad Andrés Bello, al 28 de agosto de 2021.
- Informes de secuenciación genómica para SARS-CoV-2 del, Universidad Austral de Chile, al 20 de agosto de 2021.
- Informes de secuenciación genómica para SARS-CoV-2, Universidad Católica de Chile, del 16 de agosto de 2021.
- Registro de detección de mutaciones asociadas a variantes a través de RT-PCR del Ministerio de Salud (MINSAL), implementada en laboratorios de hospitales públicos y la colaboración de centros privados de Chile, al 05 de septiembre 2021.
- Informes de la pesquisa de mutaciones asociados a variantes de SARS-CoV-2 mediante RT-qPCR, Red de Salud UC Christus, al 31 de julio de 2021. Posteriormente se incluyen, los resultados en el registro de detección de mutaciones asociadas a variantes.
- Sistema de vigilancia epidemiológica EPIVIGILA, Departamento de Epidemiología, MINSAL, al 05 de septiembre de 2021.
- Registro de defunciones del Departamento de Estadísticas e Información en Salud (DEIS), MINSAL, al 05 de septiembre de 2021.
- Base de datos de la unidad de gestión de camas críticas (UGCC), División de Gestión de Redes Asistenciales (DIGERA), MINSAL.
- Registro de Declaración Jurada para viajeros para prevenir enfermedades por coronavirus (COVID-19), MINSAL.

5. SITUACIÓN EPIDEMIOLÓGICA ACUMULADA

En Chile, entre el 22 de diciembre de 2020 y el 05 de septiembre de 2021, se han analizado 10.797 muestras de casos de SARS-CoV-2 confirmados, 7.508 fueron secuenciadas (69,5%) y 3.289 genotipificadas (30,5%) mediante RT-PCR para detección de MAV. Las VOC corresponden a 6.803 (63,0%), las VOI a 2.379 (22,0%) y los linajes en alerta para mayor seguimiento a 37 (0,3%) del total de muestras de casos analizados (Tabla 2).

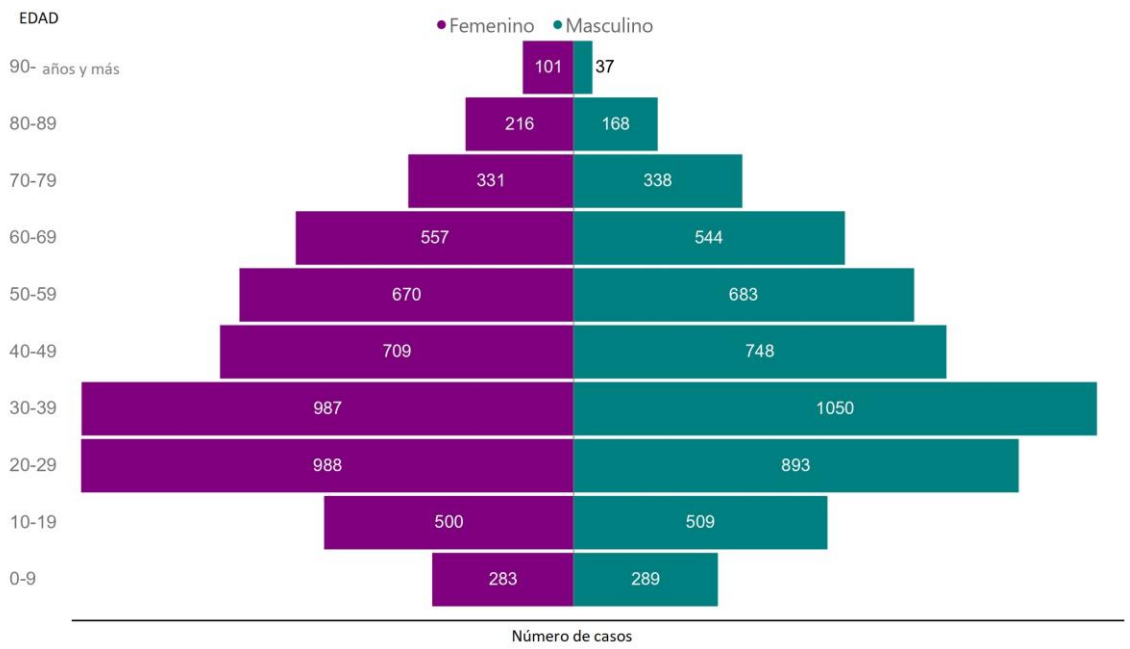
Tabla 2: Variantes y linajes principales de casos de SARS-CoV-2 según método de detección. Chile, 22 diciembre de 2020 – 05 de septiembre de 2021.

Categoría	Variantes (Linaje PANGO)	Secuenciación genómica completa	Genotipificación por RT-PCR	Total	(%)	Sub Total	(%)
Variantes de preocupación para la salud pública (VOC)	Alfa	288	101	389	3,6	6803	63,0
	Beta	4	0	4	0,0		
	Gamma	3923	1748	5671	52,5		
	Delta	376	363	739	6,8		
Variantes de interés para la salud pública (VOI)	Eta	2	0	2	0,0	2379	22,0
	Iota	4	0	4	0,0		
	Kappa	1	0	1	0,0		
	Lambda	1626	16	1642	15,2		
	Mu	352	378	730	6,8		
Alerta para mayor seguimiento	B.1.427/429	31	1	32	0,3	37	0,3
	B.1.1.519	1	0	1	0,0		
	C.36.3 /.36.3.1	4	0	4	0,0		
Linajes y otras variantes	B.1.1.348	243	0	243	2,3	903	8,4
	Otros*	653	7	660	6,1		
Indeterminados	Indeterminados	0	675	675	6,3	675	6,3
Total		**7508**	**3289**	**10797**	**100**	**10.797**	**100**

(*) Corresponde a otros linajes de baja frecuencia y otras variantes no especificadas.

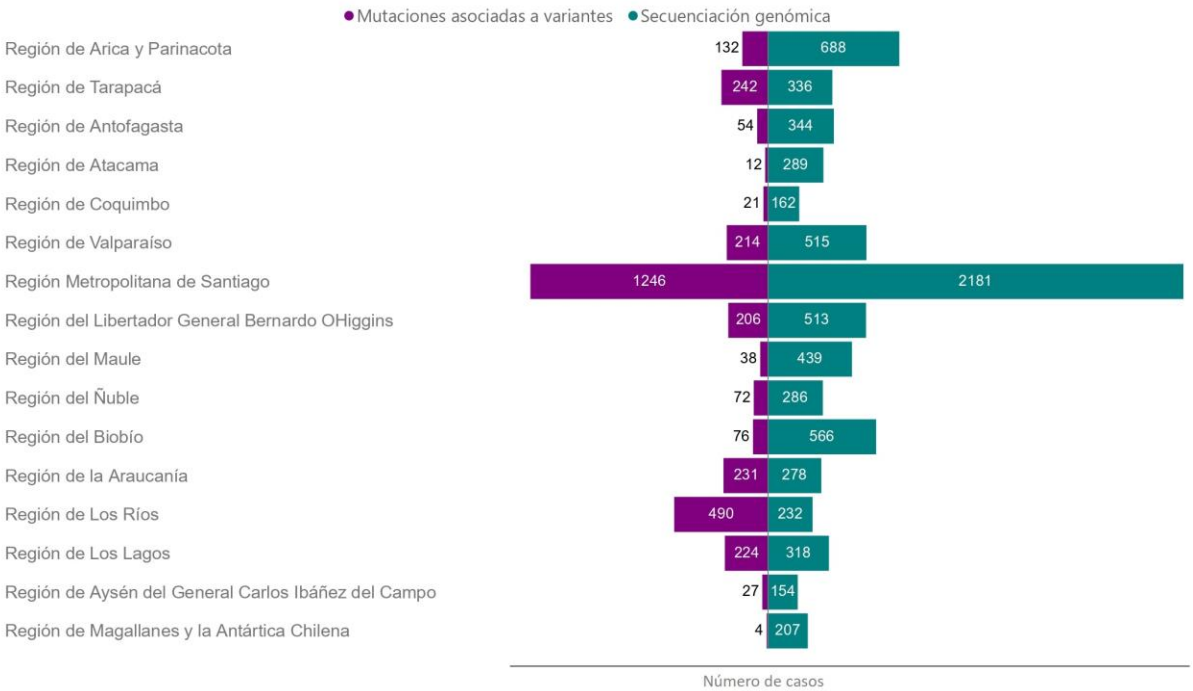
Datos provisorios al 05 de septiembre de 2021, en proceso de validación. Elaborado por: Departamento de Epidemiología, Ministerio de Salud.

Figura 1: Casos de SARS-CoV-2 secuenciados y genotipificados, según sexo y edad. Chile, 22 de diciembre 2020 – 05 de septiembre 2021.



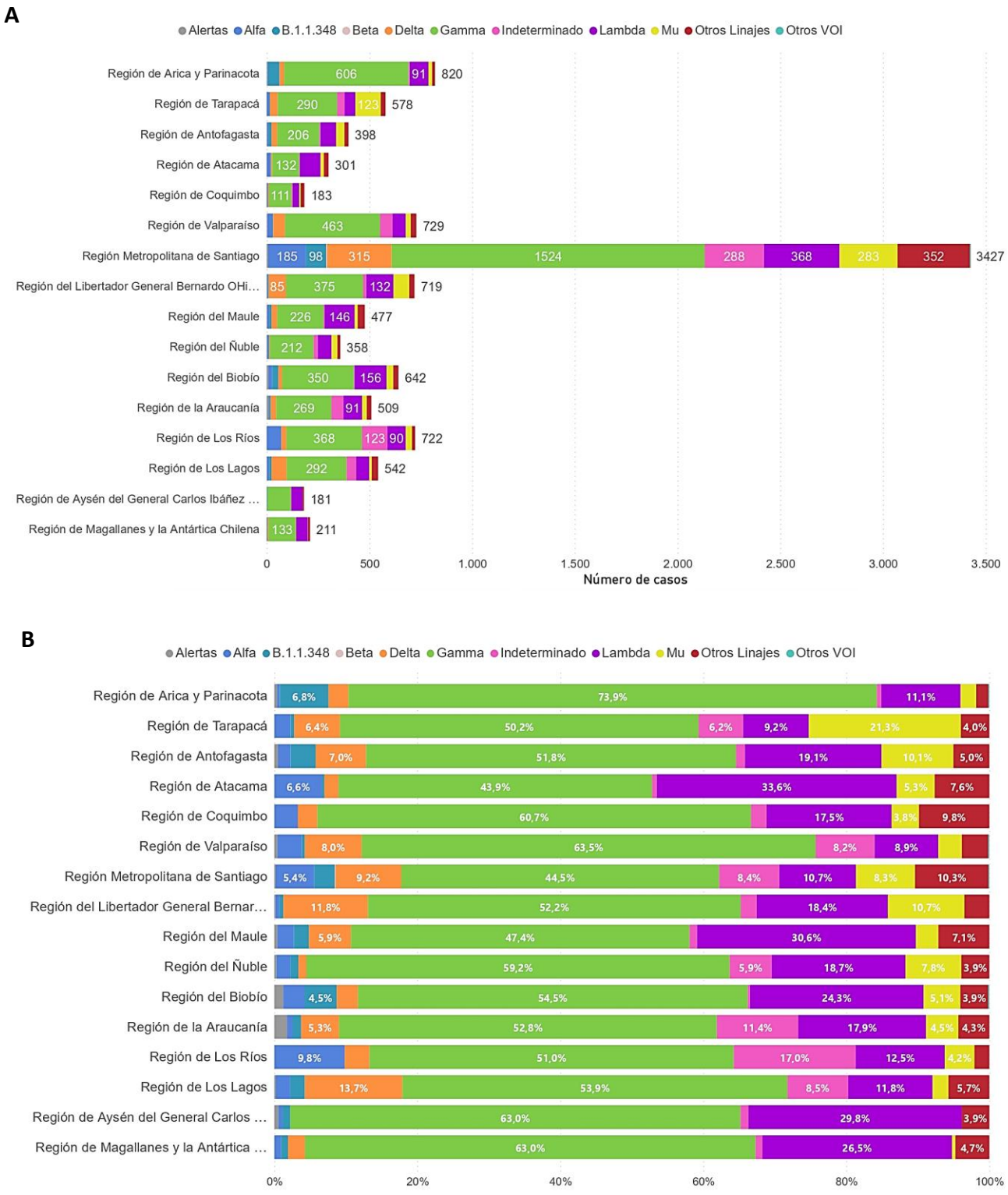
Datos provisorios al 05 de septiembre de 2021, en proceso de validación. Elaborado por: Departamento de Epidemiología, Ministerio de Salud.

Figura 2: Casos de SARS-CoV-2 según método de detección y región de residencia. Chile, 22 diciembre 2020 – 05 de septiembre 2021.



Datos provisorios al 05 de septiembre de 2021 en proceso de validación. Elaborado por: Departamento de Epidemiología, Ministerio de Salud.

Figura 3: Variantes y linajes de casos SARS-CoV-2 según región de residencia. Chile, 22 de diciembre 2020 – 05 de septiembre 2021. A: Distribución en números de casos, B: Distribución en porcentajes.



Datos provisorios al 05 de septiembre de 2021, en proceso de validación. Elaborado por: Departamento de Epidemiología, Ministerio de Salud.

CARACTERISTICAS CLÍNICAS DE LOS CASOS

Tabla 3: Casos de SARS-CoV-2 de variantes y linajes activos (*) secuenciados y genotipificados, según antecedentes clínicos. Chile, desde el 22 de diciembre 2020 al 05 de septiembre de 2021.

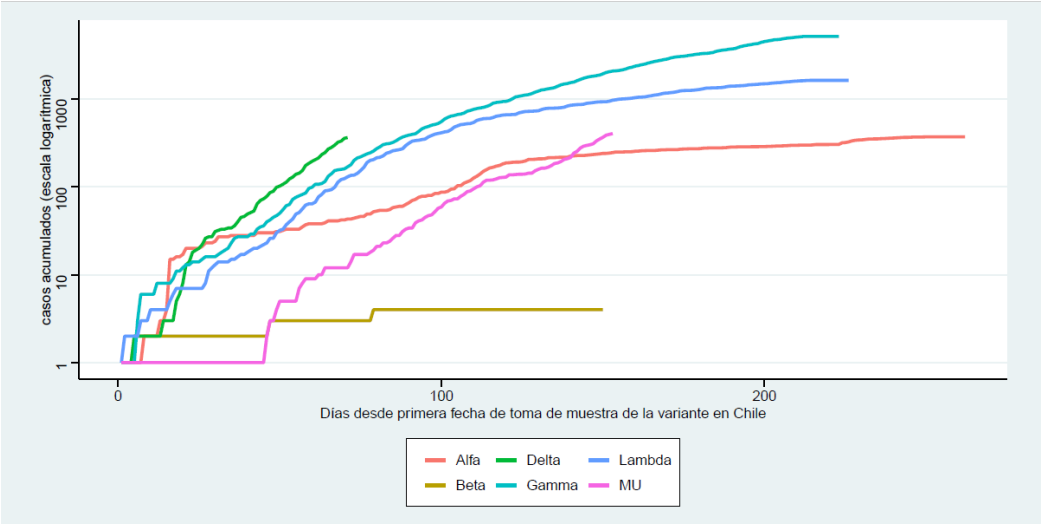
	Total	Sintomático		Hospitalización		Ingreso UCI/UTI		Fallecidos/letalidad		Embarazo		Comorbilidad	
		n	%	n	%	n	%	n	%	n	%	n	%
VOC													
Alfa	389	226	58,1	33	8,5	11	2,8	8	2,1	1	0,3	26	6,7
Beta	4	1	25,0	0	0,0	0	0,0	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Gamma	5671	3977	70,1	951	16,8	266	4,7	294	5,2	47	0,8	1410	24,9
Delta	739	382	51,7	51	6,9	21	2,8	6	0,8	4	0,5	120	16,2
VOI													
Lambda	1642	1241	75,6	254	15,5	91	5,5	71	4,3	10	0,6	284	17,3
Mu	730	455	62,3	78	10,7	23	3,2	14	1,9	5	0,7	193	26,4
Alerta													
B.1.427/429	32	28	87,5	2	6,3	0	0,0	0	0,0	3	9,4	2	6,3

(*) Estado de linaje según fecha de última detección, clasificación PANGO, señalados en Conceptos Claves, página 30.
UTI= Unidad de tratamientos intermedios. UCI= Unidad de cuidados intensivos, intermedios.
Datos provisorios al 05 de septiembre de 2021, en proceso de validación. Elaborado por: Departamento de Epidemiología, Ministerio de Salud.

DISTRIBUCIÓN TEMPORAL

La presentación de los casos acumulados de las variantes más frecuentes (Figura 4) muestra el avance y velocidad de propagación diaria desde la pesquisa del primer caso para cada una de ellas.

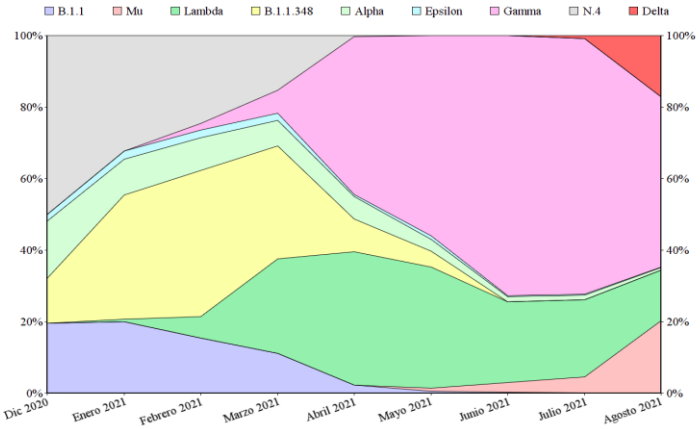
Figura 4: Casos acumulados de variantes de SARS-CoV-2 desde el primer día/mes de detección del caso indexadas por días. Chile, 22 de diciembre 2020 - 05 de septiembre 2021.



Datos provisorios al 05 de septiembre de 2021, en proceso de validación. Elaborado por: Departamento de Epidemiología, Ministerio de Salud.

Según la información publicada en GISAID, Chile dispone de 8.061 genomas completos al 08 de septiembre de 2021, siendo uno de los países de Latinoamérica que más genomas ha compartido (0,48 de los casos positivos de COVID-19), mostrando la evolución de los linajes disponibles en GISAID (Figura 5).

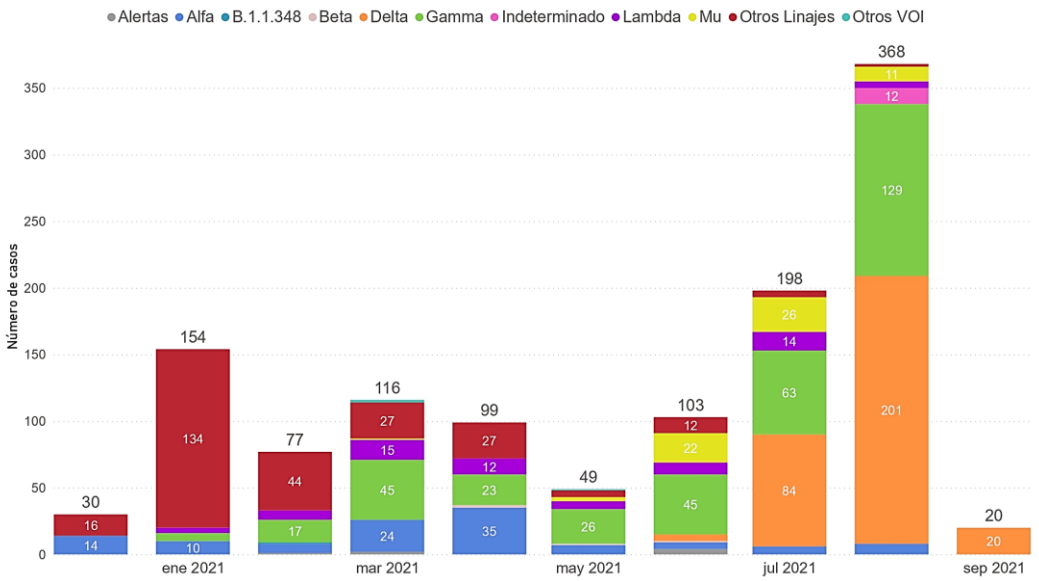
Figura 5: Evolución de los linajes predominantes de SARS-CoV-2 en Chile, diciembre 2020 – 8 septiembre 2021.



Fuente: Instituto de Salud Pública de Chile.

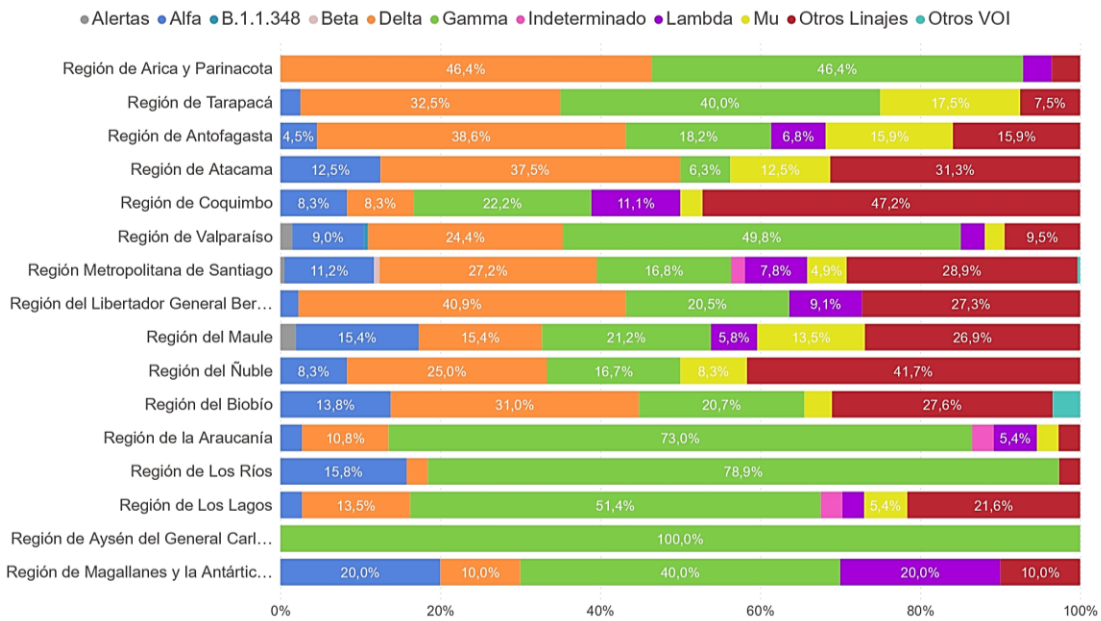
DISTRIBUCIÓN DE VARIANTES EN VIAJEROS

Figura 6: VOC, VOI y linajes principales de casos de SARS-CoV-2 en viajeros por mes de toma de muestras. Chile, 22 de diciembre 2020 – 05 de septiembre 2021.



Datos provisorios al 05 de septiembre de 2021 en proceso de validación. Elaborado por: Departamento de Epidemiología, Ministerio de Salud.

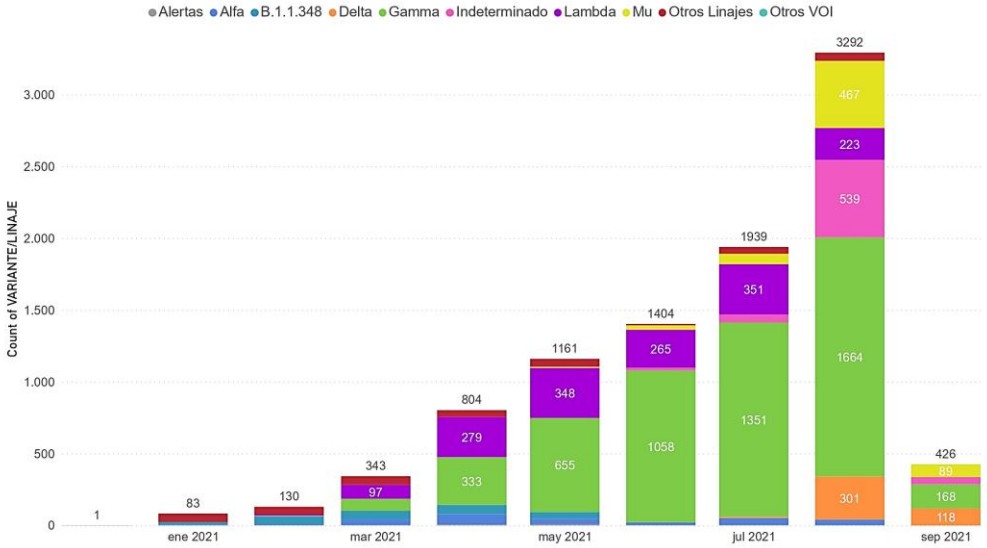
Figura 7: Variantes y linajes de casos de SARS-CoV-2 en viajeros secuenciados y genotipificados. Chile 22 de diciembre 2020 – 05 de septiembre 2021.



Datos provisorios al 05 de septiembre de 2021, en proceso de validación. Elaborado por: Departamento de Epidemiología, Ministerio de Salud.

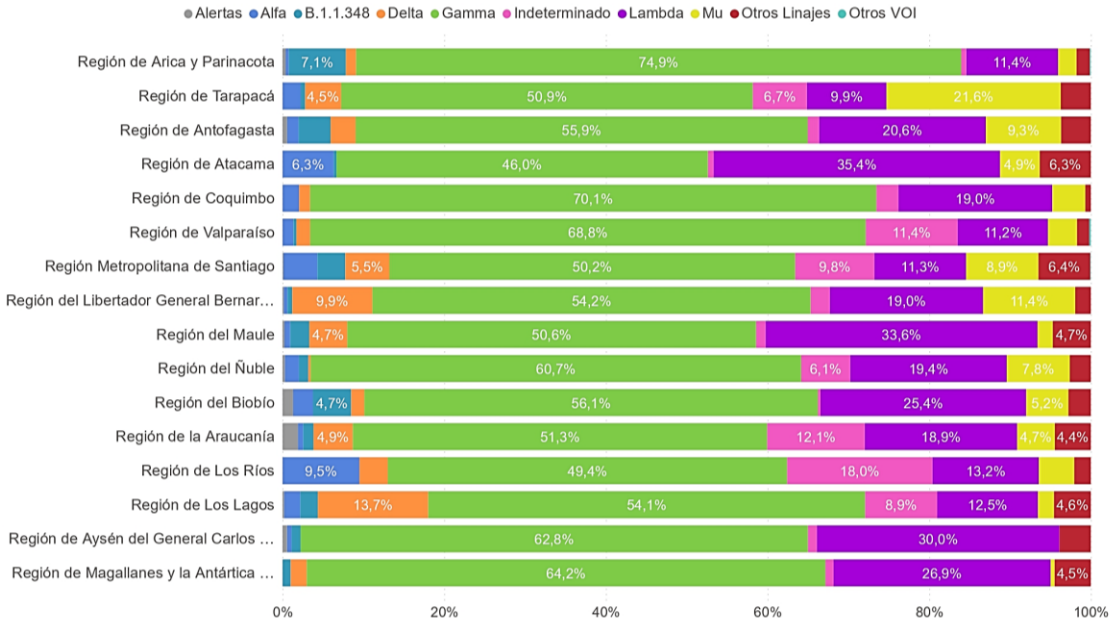
DISTRIBUCIÓN DE VARIANTES EN COMUNITARIOS

Figura 8: VOC, VOI y linajes principales de casos de SARS-CoV-2 comunitarios por mes de toma de muestras. Chile, 22 diciembre 2020 – 05 de septiembre 2021.



Datos provisorios al 05 de septiembre de 2021 en proceso de validación. Elaborado por: Departamento de Epidemiología, Ministerio de Salud.

Figura 9: Variantes y linajes en los casos de SARS-CoV-2 comunitarios secuenciados y genotipificados. Chile 22 de diciembre 2020 – 05 de septiembre 2021.



Datos provisorios al 05 de septiembre de 2021, en proceso de validación. Elaborado por: Departamento de Epidemiología, Ministerio de Salud.

SITUACIÓN EPIDEMIOLÓGICA DE LAS ÚLTIMAS 10 SEMANAS EPIDEMIOLÓGICAS (SE 26-35 2021)

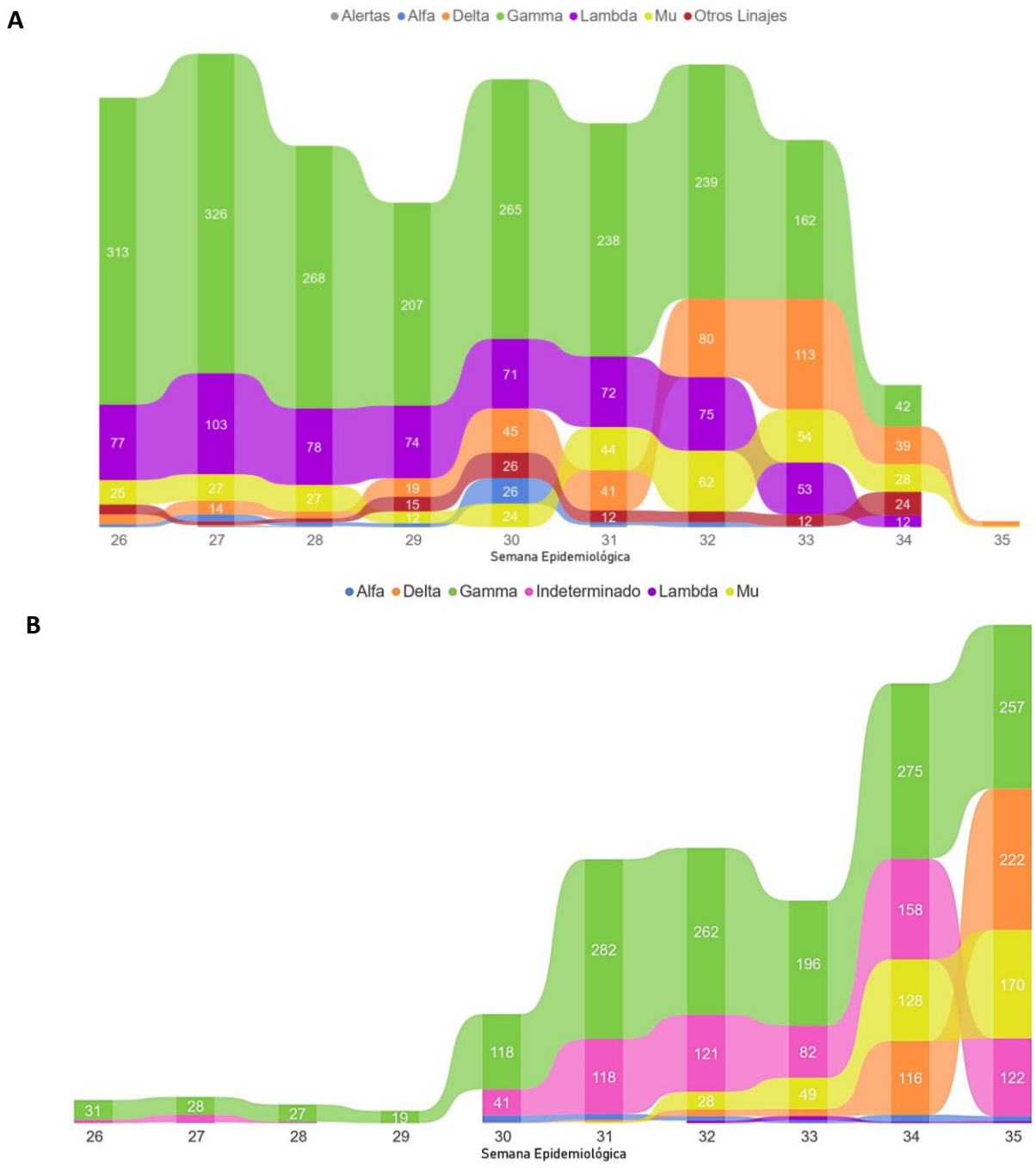
En las últimas 10 SE (26 a la SE 35 de 2021) se han analizado 6.490 muestras de casos confirmados de SARS-CoV-2, de los cuales 3.527 fueron secuenciadas y 2.963 genotipificadas mediante RT-PCR. Las VOC corresponden a 4.394 casos (67,7%), principalmente Gamma (n=3.555); las VOI a 1.312 (20,2%) casos y 5 casos a linajes en Alerta (0,1%). En cuanto a la procedencia del tipo de caso, 5.880 corresponden a casos comunitarios y 610 a viajeros o casos relacionado con viajeros. La Tabla 4 presenta la distribución de las variantes por SE.

Tabla 4: Variantes y linajes de casos de SARS-CoV-2 secuenciados y genotipificados. Chile, por SE de toma de muestras, SE 26 a 36 de 2021.

SE	VOC						VOI				Linajes de Alerta		Otros linajes		Indeterminado		Total
	Alfa		Gamma		Delta		Mu		Lambda		B.1.427/429						
26	3	0,6	344	72,6	10	2,1	25	5,3	77	16,2	0	0,0	10	2,1	5	1,1	**474**
27	8	1,5	354	67,6	14	2,7	27	5,2	103	19,7	2	0,4	4	0,8	12	2,3	**524**
28	4	1,0	295	70,6	7	1,7	27	6,5	78	18,7	1	0,2	4	1,0	2	0,5	**418**
29	4	1,1	226	64,6	19	5,4	12	3,4	74	21,1	0	0,0	15	4,3	0	0,0	**350**
30	37	5,9	383	61,0	46	7,3	24	3,8	71	11,3	0	0,0	26	4,1	41	6,5	**628**
31	12	1,5	520	63,0	44	5,3	46	5,6	72	8,7	2	0,2	12	1,5	118	14,3	**826**
32	12	1,3	501	55,4	90	10,0	90	10,0	79	8,7	0	0,0	11	1,2	121	13,4	**904**
33	5	0,7	358	48,2	123	16,6	103	13,9	60	8,1	0	0,0	12	1,6	82	11,0	**743**
34	11	1,3	317	38,0	155	18,6	156	18,7	14	1,7	0	0,0	24	2,9	158	18,9	**835**
35	8	1,0	257	32,6	227	28,8	171	21,7	3	0,4	0	0,0	0	0,0	122	15,5	**788**
Total	**104**	**1,6**	**3555**	**54,8**	**735**	**11,3**	**681**	**10,5**	**631**	**9,7**	**5**	**0,1**	**118**	**1,8**	**661**	**10,2**	**6490**

Datos provisorios al 05 de septiembre de 2021, en proceso de validación. Elaborado por: Departamento de Epidemiología, Ministerio de Salud.

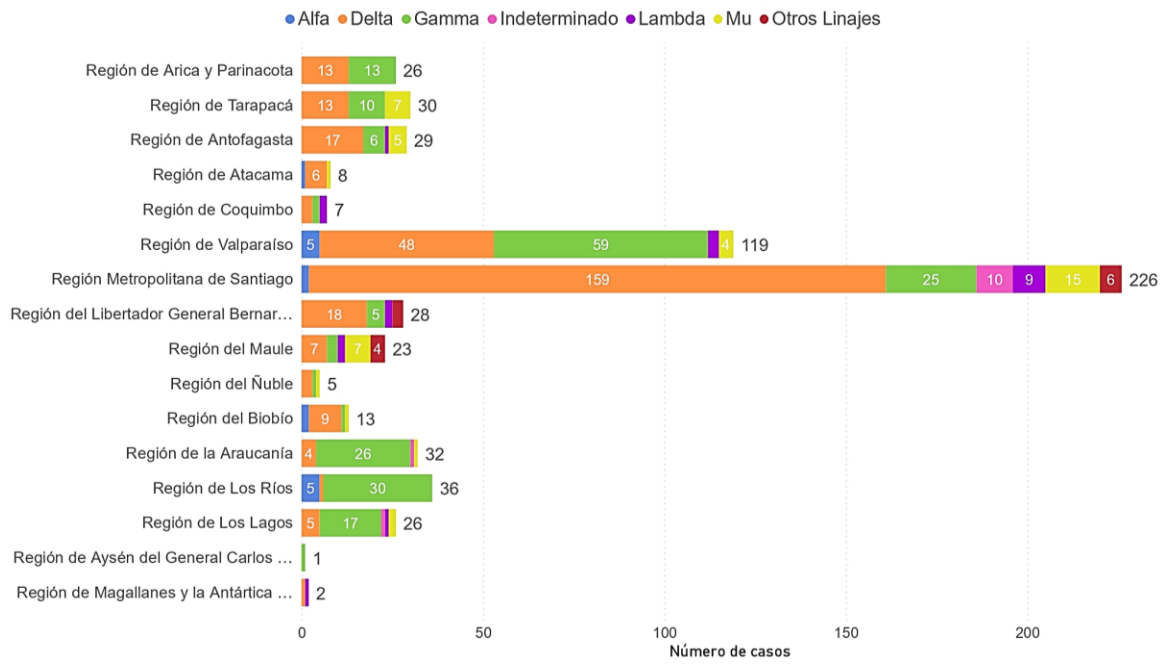
Figura 10: Variantes principales de casos de SARS-CoV-2 según semana epidemiológica de toma de muestras. Chile, desde SE 26 – 35* 2021. A: Secuenciados B. Genotipificados.



*Datos provisorios al 05 de septiembre de 2021, en proceso de validación. Elaborado por: Departamento de Epidemiología, Ministerio de Salud.

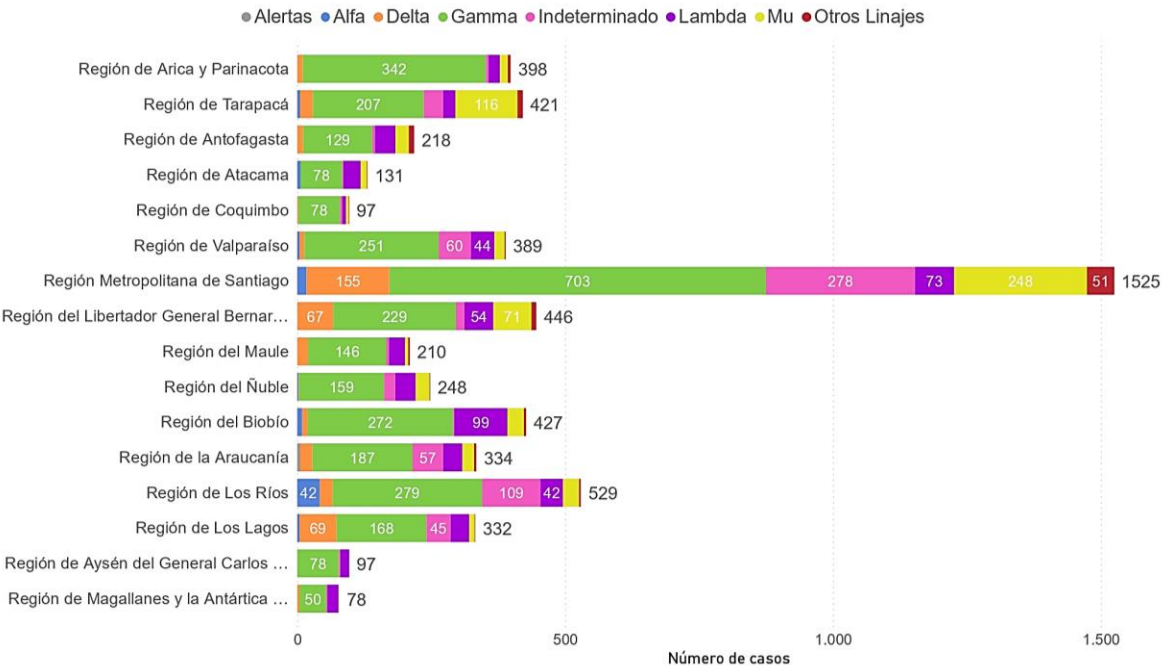
La distribución regional entre la SE 26 y la SE 35 del 2021 se encuentra en Anexo. Figura 20.

Figura 11: Casos de SARS-CoV-2 en viajeros secuenciados y genotipificados de variantes y linajes en seguimiento de SARS-CoV-2 según región de residencia. Chile, SE 26 - 35 2021.



Datos provisorios al 05 de septiembre de 2021, en proceso de validación. Elaborado por: Departamento de Epidemiología, Ministerio de Salud.

Figura 12: Casos de SARS-CoV-2 comunitarios secuenciados y genotipificados de variantes y linajes en seguimiento de según región de residencia. Chile, SE 26 – 35 2021.



Datos provisorios al 05 de septiembre de 2021, en proceso de validación. Elaborado por: Departamento de Epidemiología, Ministerio de Salud

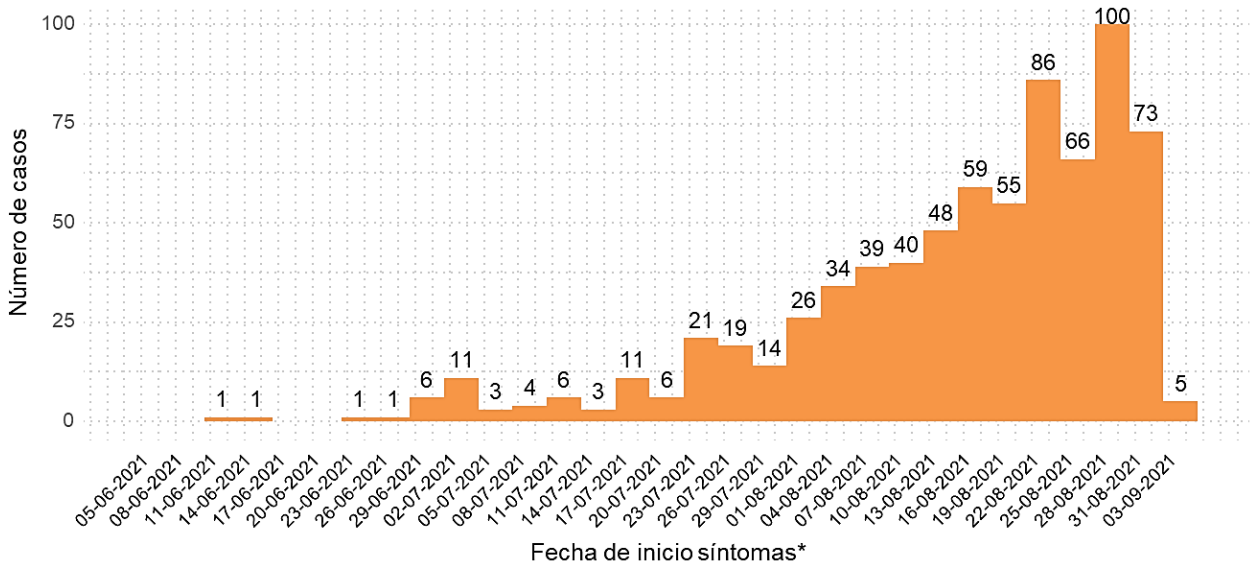
VARIANTE DELTA

Al 05 de septiembre se acumulan un total de 739 casos Delta (Figura 13), de ellos, 376 se confirman por secuenciación genómica y 363 son casos probables mediante detección de mutaciones por RT- PCR.

A la fecha del informe, 81 de los casos confirmados a través de secuenciación fueron catalogados previamente como probables mediante detección de mutaciones asociadas a variantes.

Según información preliminar, 310 son viajeros o relacionados con ellos y 429 casos comunitarios, los últimos con residencia en todo el país exceptuando la región de Atacama y la región de Aysén (Figuras 7 y9 6).

Figura 13: Casos de SARS-COV-2 de variante Delta, según fecha de inicio de síntomas. Chile, junio al 05 de septiembre de 2021.



(*) Se utiliza la fecha de inicio de síntomas de los casos, en su defecto la fecha de toma de muestra.
Datos provisorios al 05 de septiembre de 2021, en proceso de validación. Elaborado por: Departamento de Epidemiología, Ministerio de Salud.

6. DESCRIPCIÓN EPIDEMIOLÓGICA SEGÚN MÉTODOS DE DETECCIÓN DE VARIANTES

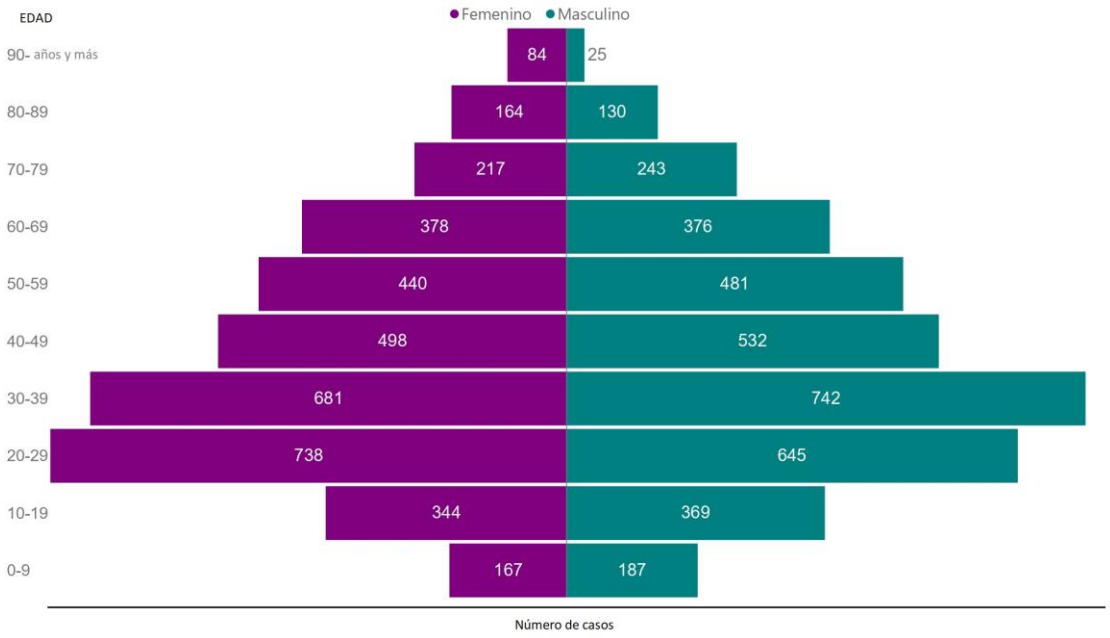
CASOS DE SARS-COV-2 DE VARIANTE CONFIRMADA

Tabla 5: Resumen de variantes y linajes principales obtenidos mediante secuenciación genómica de casos de SARS-CoV-2, según laboratorios de análisis de muestras. Chile, 22 diciembre de 2021 - 05 de septiembre de 2021.

Categoría	Variantes (Linaje PANGO)	ISP	UNAB	UACH	UC	UMAG	Total	(%)	Sub Total	(%)
Variantes de preocupación para la salud pública (VOC)	Alfa	271	15	2	0	0	288	3,8	4591	61,1
	Beta	4	0	0	0	0	4	0,1		
	Gamma	3711	84	16	0	112	3923	52,3		
	Delta	371	1	0	0	4	376	5,0		
Variantes de interés para la salud pública (VOI)	Eta	2	0	0	0	0	2	0,0	1985	26,4
	Iota	4	0	0	0	0	4	0,1		
	Kappa	0	1	0	0	0	1	0,0		
	Lambda	1560	5	14	0	47	1626	21,7		
	Mu	340	2	1	8	1	352	4,7		
Alerta para mayor seguimiento	B.1.427/429	31	0	0	0	0	31	0,4	36	0,5
	B.1.1.519	1	0	0	0	0	1	0,0		
	C.36.3	4	0	0	0	0	4	0,1		
Linajes y otras variantes	B.1.1.348	242	0	0	0	1	243	3,2	896	11,9
	Otros*	610	34	1	1	7	653	8,7		
Total		**7151**	**142**	**34**	**9**	**172**	**7508**	**100,0**	**7508**	**100**

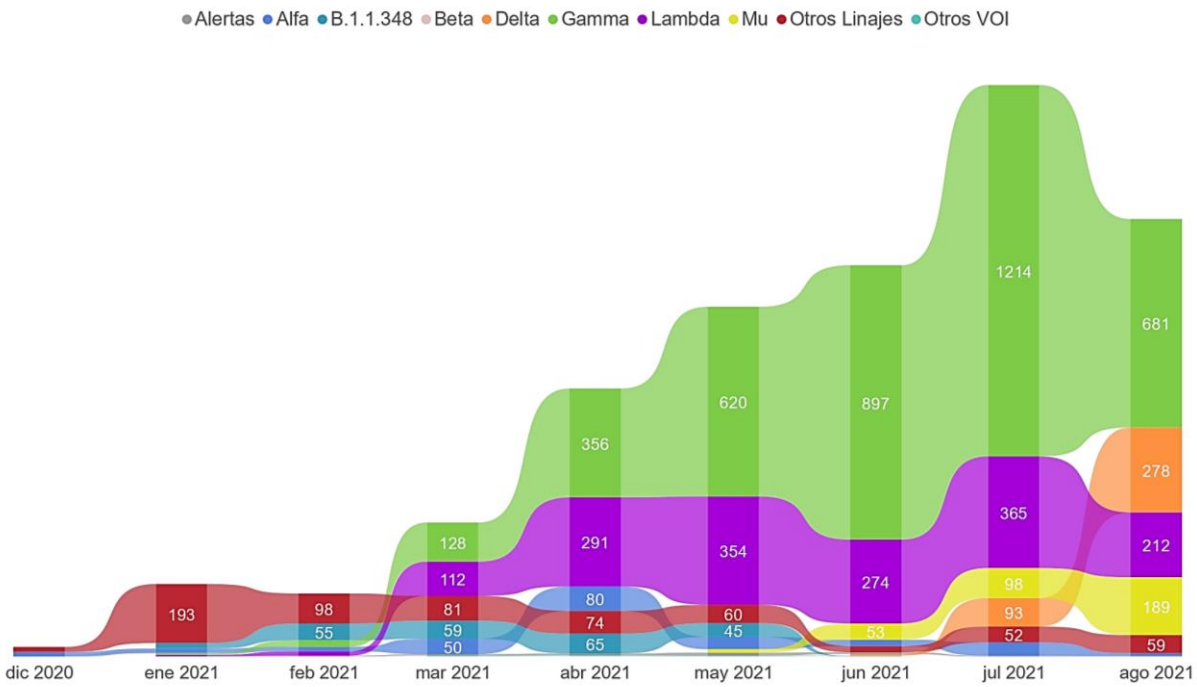
ISP= Instituto de Salud Pública. UNAB= Universidad Andrés Bello. UACH= Universidad Austral de Chile. UC= Universidad Católica. UMAG=Universidad de Magallanes. Datos provisorios al 05 de septiembre de 2021, en proceso de validación. Elaborado por: Departamento de Epidemiología, Ministerio de Salud.

Figura 14: Casos de SARS-CoV-2 secuenciados según sexo y edad. Chile, 22 de diciembre 2020 – 05 de septiembre 2021.



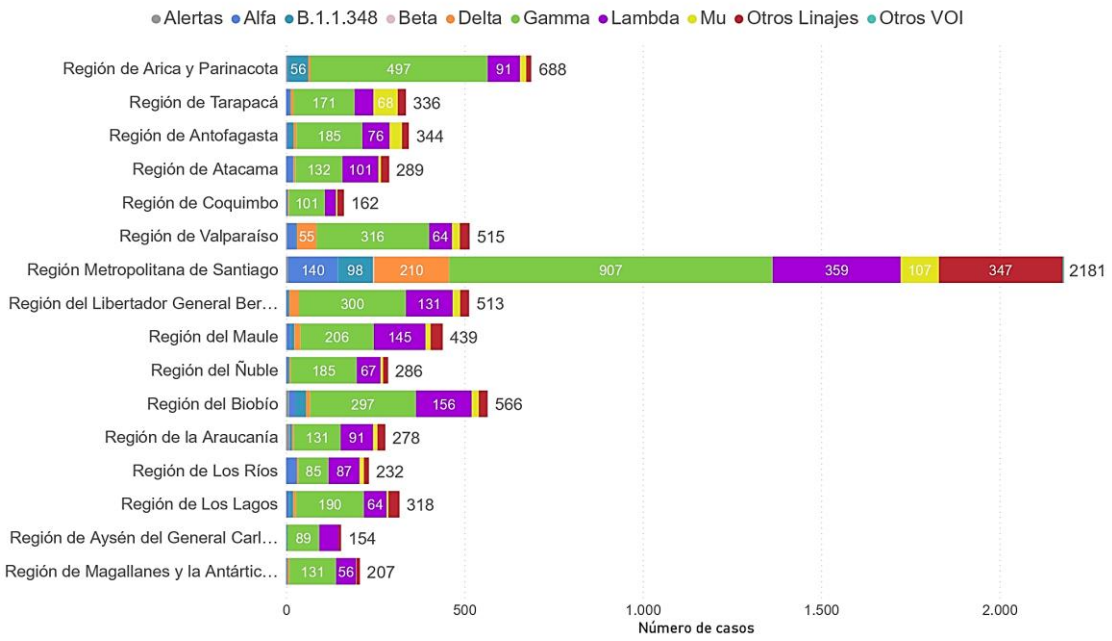
Datos provisorios al 05 de septiembre de 2021, en proceso de validación. Elaborado por: Departamento de Epidemiología, Ministerio de Salud.

Figura 15: VOC, VOI y linajes principales de casos de SARS-CoV-2 secuenciados según mes de toma de muestras. Chile, 22 diciembre -05 de septiembre 2021.



Datos provisorios al 05 de septiembre de 2021, en proceso de validación. Elaborado por: Departamento de Epidemiología, Ministerio de Salud.

Figura 16: Casos de SARS-CoV-2 secuenciados según región de residencia. Chile, 22 diciembre - 05 de septiembre 2021.



Datos provisorios al 05 de septiembre de 2021, en proceso de validación. Elaborado por: Departamento de Epidemiología, Ministerio de Salud.

CASOS DE SARS-COV-2 DE VARIANTE PROBABLE

Tabla 6: Resumen de variantes y linajes principales obtenidos mediante MAV casos de SARS-CoV-2 según laboratorios de análisis de muestras*, Chile, 22 de diciembre de 2020 - 05 de septiembre de 2021.

Categoría	Variantes (Linaje PANGO)	Red de laboratorios*	Otros centros de salud privados**	Total	(%)	Sub Total	(%)
Variantes de preocupación para la salud pública (VOC)	Alfa	52	49	101	3,1	2212	67,3
	Beta	0	0	0	0,0		
	Gamma	1434	314	1748	53,1		
	Delta	362	1	363	11,0		
Variantes de interés para la salud pública (VOI)	Eta	0	0	0	0,0	394	12,0
	Lambda	16	0	16	0,5		
	Mu	378	0	378	11,5		
Alerta para mayor seguimiento	B.1.427/429	0	1	1	0,0	1	0,0
Otros linajes	P.2	1	6	7	0,2	7	0,2
Indeterminado		675	0	675	20,5	675	20,5
Total		**2918**	**371**	**3289**	**100**	**3289**	**100**

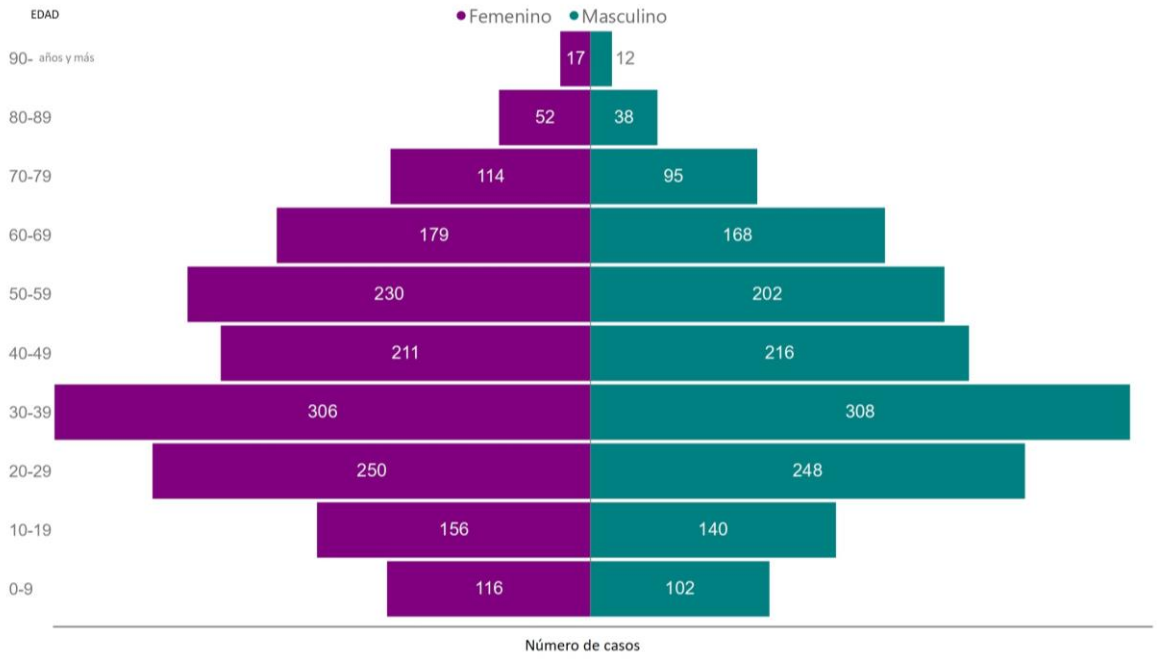
MAV: Mutaciones asociadas a variantes mediante RT-PCR

*Hospital Dr. Juan Noé Crevani. Hospital Dr. Ernesto Torres Galdames. Hospital San Camilo. Hospital Asistencia Pública. Hospital Dr. Hernán Henríquez Aravena. Biología Molecular Hospital Valdivia. Biología Molecular Hospital Base San José de Osorno. Hospital de Coyhaique. Hospital Clínico de Magallanes. Hospital Dr. Luis Calvo Mackenna. Hospital Roberto del Rio. Hospital Metropolitano. Hospital Gustavo Fricke. Hospital de Puerto Montt. Hospital Regional Antofagasta. Hospital Regional de Rancagua. Hospital Regional de Talca. Hospital Clínico Herminda Martin de Chillán. Complejo Asistencial Dr. Víctor Ríos Ruíz. Hospital Guillermo Grant Benavente.

**Laboratorio Bioclinic Iquique. CIBA Puerto Montt. Prevegen. Tag genetics. Tested SPA. Laboratorio Gamma de la región Metropolitana, Clínica Alemana y Universidad Católica.

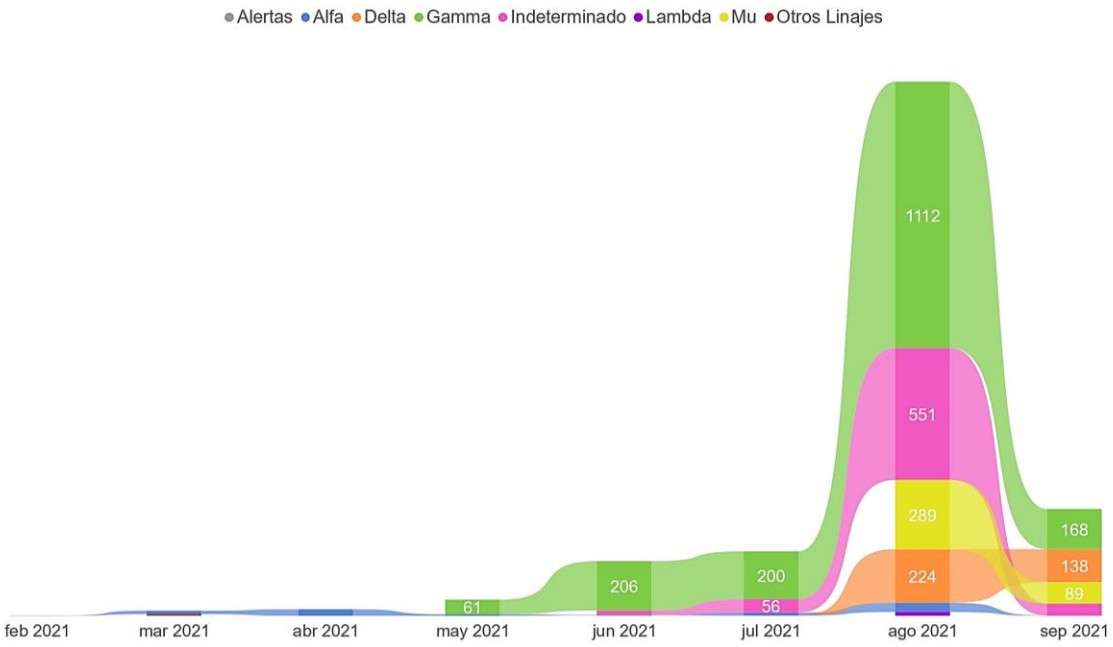
Datos provisorios al 05 de septiembre de 2021, en proceso de validación. Elaborado por: Departamento de Epidemiología, Ministerio de Salud.

Figura 17: Casos de SARS-CoV-2 genotipificados según sexo y edad. Chile, 22 de diciembre 2020 – 05 de septiembre 2021.



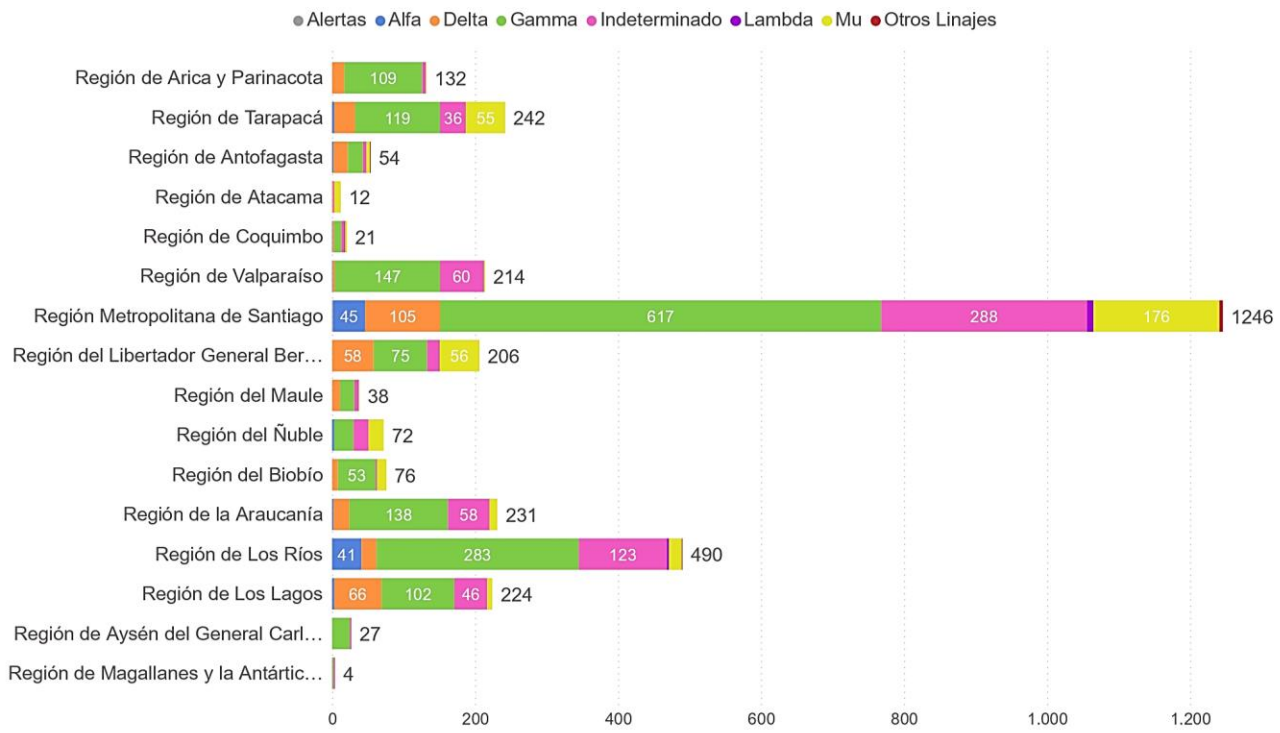
Datos provisorios al 05 de septiembre de 2021, en proceso de validación. Elaborado por: Departamento de Epidemiología, Ministerio de Salud.

Figura 18: VOC, VOI y linajes principales de casos de SARS-CoV-2 genotipificados según fecha de toma de muestra de test diagnóstico. Chile, 22 diciembre -05 de septiembre 2021.



Datos provisorios al 05 de septiembre de 2021, en proceso de validación. Elaborado por: Departamento de Epidemiología, Ministerio de Salud.

Figura 19: Casos de SARS-CoV-2 genotipificados según región de residencia. Chile, 22 diciembre - 05 de septiembre 2021.



Datos provisorios al 05 de septiembre de 2021, en proceso de validación. Elaborado por: Departamento de Epidemiología, Ministerio de Salud.

7. CONCEPTOS CLAVES

- **Variante de SARS-CoV-2**: es una versión del virus que contiene mutaciones que lo hace genéticamente distinto a los otros virus. También puede referirse a aquellos virus resultantes que forman un linaje.[3]

- **Secuenciamiento genómico**: es un proceso que determina la composición genética completa o parcial de un organismo o tipo celular específico.[4]

- **RT-PCR para detección de mutaciones**: es una técnica de PCR específica que es utilizada para detectar variaciones en secuencias de ADN o ARN en un alelo específico.

- **Genotipificación:** es un proceso que se utiliza para determinar diferencias en el complemento genético comparado con una secuencia de ADN de referencia o de otra muestra permitiendo caracterizar o identificar pequeñas variaciones en una secuencia genética como por ejemplo la ausencia o presencia de un gen.[5]

- **Caso de SARS-CoV-2 de variante confirmado:** persona que cumple con la definición de caso confirmado para SARS-CoV-2 vigente, en el cual se obtiene linaje de la muestra a través de secuenciación genómica por el Instituto de Salud Pública o un laboratorio verificado por el ISP donde se identifica una variante especifica. (Ordinario 2936 del 10 de agosto 2021)

- **Caso de SARS-CoV-2 de variante probable:** persona que cumple con la definición de caso confirmado para SARS-CoV-2 vigente y se determinan mutaciones asociadas a una variante mediante RT-PCR. (Ordinario 2936 del 10 de agosto 2021)

- **Caso de variante de SARS-CoV-2 indeterminado:** persona que cumple con la definición de caso confirmado para SARS-CoV-2 vigente y no se logra determinar mutaciones asociadas variantes de acuerdo a las mutaciones que permite detectar el kit que posee el laboratorio, mediante RT-PCR.

- **Caso de Covid-19 viajero:** caso SARS-CoV-2 de variante confirmado o probable con una declaración jurada para viajeros para prevenir enfermedades por coronavirus (covid-19) de viaje internacional en los 14 días previos al inicio de síntomas o la fecha de toma de muestra, o que a través de la investigación epidemiológica se determine antecedente de viaje internacional.

[3] Harvey, W.T., Carabelli, A.M., Jackson, B. et al. SARS-CoV-2 variants, spike mutations and immune escape. Nat Rev Microbiol 19, 409–424 (2021). https://doi.org/10.1038/s41579-021-00573-0

[4] Behjati, Sam, and Patrick S Tarpey. "What is next generation sequencing?" Archives of disease in childhood. Education and practice edition vol. 98,6 (2013): 236-8. doi:10.1136/archdischild-2013-304340

[5] Genomic sequencing of SARS-CoV-2: a guide to implementation for maximum impact on public health 8 January 2021| COVID-19: Laboratory and diagnosis. URL: https://www.who.int/publications/i/item/9789240018440

- **Caso Covid-19 relacionado con viajero:** caso SARS-CoV-2 de variante confirmado o probable, contacto estrecho de un caso de COVID-19 viajero.

- **Caso Covid-19 comunitario:** caso SARS-CoV-2 de variante confirmado o probable, en que la investigación epidemiológica indica que se adquirió la enfermedad en territorio nacional, al no tener: antecedentes de viaje durante 14 días previos al inicio de los síntomas o toma de muestra.

- **Estados de linaje:**[6] clasificación de Pango que define cuándo se identificó por última vez el linaje.

    - **Activo:** muestreado o identificado en los últimos 3 meses.
    - **No observado:** muestreado por última vez hace 3 a 9 meses, por lo que no se ha visto en los últimos 3 meses.
    - **Inactivo: n**o muestreada en los últimos 9 meses.
    - **Retirada:** El nombre ya no está en uso.

Agradecimientos

A los establecimientos de la red laboratorios de la vigilancia de Virus Respiratorios del ISP, a los establecimientos que envían muestras de casos de SARS-CoV-2 a secuenciar cumpliendo los criterios de laboratorio para el éxito de este análisis, a los equipos de la red de vigilancia epidemiológica nacional, a la red de laboratorios de hospitales públicos y centros privados, por la contribución de información de la pesquisa de MAT mediante RT-PCR, a las Universidades de Magallanes, Andrés Bello, Austral y Universidad Católica, por el envío de reportes de vigilancia genómica y al Instituto de Salud Pública.

[6] Pango.network

8. REFERENCIAS

1. Instituto de Salud Pública de Chile. ORD C/Nº 02011 23 de octubre de 2020: Recomendaciones recolección y envió muestras estudio genético SARS-CoV-2. Disponible en línea https://www.ispch.cl/sites/default/files/2011-052020SEGUN20DISTRIBUCION20RECOMENDACIONES20RECOLECCION20Y20ENVIO20MUESTRAS20ESTUDIO20GENETICO20SARS-COV-2.pdf

2. Organización Panamericana de la Salud / Organización Mundial de la Salud. Ocurrencia de variantes SARS-CoV-2 en las Américas. 20 de enero de 2021, Washington, D.C. OPS/OMS. 2021. Disponible en línea https://www.paho.org/es/documentos/actualizacion-epidemiologica-ocurrencia-variantes-sars-cov-2-americas-20-enero-2021

3. Organización Panamericana de la Salud / Organización Mundial de la Salud. Ocurrencia de variantes SARS-CoV-2 en las Américas. 26 de enero de 2021, Washington, D.C. OPS/OMS. 2021. Disponible en línea https://www.paho.org/es/documentos/actualizacion-epidemiologica-ocurrencia-variantes-sars-cov-2-americas-26-enero-2021

4. Centers for Disease Control and Prevention. Emerging SARS-CoV-2 Variants. CDC, 28 de enero de 2021. Disponible en línea https://www.cdc.gov/coronavirus/2019-ncov/more/science-and-research/scientific-brief-emerging-variants.html

5. Centers for Disease Control and Prevention. SARS-CoV-2 Variant Classifications and Definitions. Última actualización: 24 de marzo de 2021. Disponible en línea https://www.cdc.gov/coronavirus/2019-ncov/cases-updates/variant-surveillance/variant-info.html.

6. Centers for Disease Control and Prevention. About Variants of the Virus that Causes COVID-19. Última actualización: 2 de abril de 2021. Disponible en línea https://www.cdc.gov/coronavirus/2019-ncov/transmission/variant.html.

7. Organización Mundial de la Salud. Actualización epidemiológica semanal sobre COVID-19-4 de mayo de 2021. Disponible en línea https://www.who.int/publications/m/item/weekly-epidemiological-update-on-covid-19---4-may-2021

8. Nuevo linaje en expansión en Perú y Chile, con una deleción convergente en el gen ORF1a (△3675-3677) y una nueva deleción en el gen Spike (△246-252, G75V, T76I, L452Q, F490S, T859N). Pedro E. Romero, Alejandra Dávila-Barclay, Luis Gonzáles, Guillermo Salvatierra, et all. Disponible en https://virological.org/t/novel-sublineage-within-b-1-1-1-currently-expanding-in-peru-and-chile-with-a-convergent-deletion-in-the-orf1a-gene-3675-3677-and-a-novel-deletion-in-the-spike-gene-246-252-g75v-t76i-l452q-f490s-t859n/685.

9. Instituto de Salud Pública: Formulario de registro para envío de muestras para secuenciamiento. Disponible en línea http://formularios.ispch.cl/Generales/Ingresar.aspx?

10. Instituto de Salud Pública de Chile. Resumen Ejecutivo de Variantes. Informes de abril-septiembre de 2021.

11. Ministerio de Salud de Chile Proyecto de Vigilancia genómica de SARS-CoV-2. Res. Exenta N°403 del 27 de abril 2021.

12. Instituto de Salud Pública de Chile. Caracterización genética y fenotípica de SARS-CoV-2 aislados en pacientes infectados. Subdpto. de Enf. Virales y Genética Molecular, 10 de mayo 2021.

13. Organización Mundial de la Salud. Seguimiento de variantes del SARS-CoV-2. Variantes de interés y variantes del SARS-CoV-2, actualizado al 31 de mayo de 2021. Disponible en línea https://www.who.int/en/activities/tracking-SARS-CoV-2-variants/

14. Organización Mundial de la Salud. Actualización epidemiológica semanal sobre COVID-19-1 de junio de 2021. Disponible en línea https://www.who.int/publications/m/item/weekly-epidemiological-update-on-covid-19---1-june-2021.

15. Ministerio de Salud de Chile. Testeo en todos los viajeros que ingresen al país. Ord. B51 N°/2254 del 25 de junio 2021. Disponible en línea http://epi.minsal.cl/wp-content/uploads/2021/07/ORD_2254_TESTEO_EN_TODOS_LOS_VIAJEROS.pdf

16. European Center for Disease Prevention and Control. SARS-CoV-2 variants of concern as of 3 June 2021. 12 de julio de 2021. Disponible en línea https://www.ecdc.europa.eu/en/covid-19/variants-concern.

17. Ministerio de Salud de Chile. Medidas para el refuerzo de la de Vigilancia genómica de SARS-CoV-2.ORD 2255 12 de julio 2021. Disponible en línea http://epi.minsal.cl/wp-content/uploads/2021/06/ORD_2255_25_06_2021_MEDIDAS_DE_REFUERZO_PARA_ENVIO_DE_MUESTRAS_DE_CASOS_SARS_COV2_A_SECUENCIAMIENTO.pdf.z

18. Ministerio de Salud de Chile. Actualización de la definición de caso sospechoso, probable y confirmado para la vigilancia epidemiológica ante pandemia de COVID-19 en Chile. ORD 2936 10 de agosto 2021. https://www.minsal.cl/wp-content/uploads/2021/08/ORD-2936-10-08-2021.pdf

9. ANEXOS

9.1 Métodos de detección.

El ISP, realiza la secuenciación completa mediante la extracción de ARN total a partir de hisopados nasofaríngeos, utilizando el sistema automatizado Zybio EXM 6000 (Chongqing, China). La transcripción reversa del RNA eluído se realizó con la enzima SuperScript III One-step RT-PCR System with Platinum Taq Kit y RNase OUT (Invitrogen) con 2uM de random primers y 4.5uM de DTT a 45°C por 60 min. Posteriormente el producto cDNA fue amplificado basado en la estrategia de COVID-19 ARTIC Illumina library construction and sequencing protocol V.3, produciendo productos de 400 pares de bases en dos pools de fragmentos, que cubren por completo el genoma viral.

Los fragmentos obtenidos de cada pool se juntaron y las librerías fueron preparadas con Nextera Flex Library Prep Kit (Illumina, San Diego, CA, USA), purificadas con perlas Agencourt AMPure XP (Beckman Coulter, Brea, CA, USA) y cuantificadas por fluorímetro Victor Nivo (PerkinElmer) utilizando Quant-it dsDNA HS Assay Kit (Invitrogen). Las librerías de DNA resultantes fueron secuenciadas en el equipo MiSeq (Illumina) utilizando un kit de 300 ciclos. Alrededor de 0.3 GB de datos fueron obtenidos por cada muestra.

La calidad de las secuencias fue analizada con FastQC software v0.11.8. Las lecturas fueron filtradas y recortadas usando el software BBDuk, considerando un mínimo de largo de lecturas de 36 bases y una calidad ≥ 20. El ensamble del genoma se realizó con IRMA software v0.9.3 utilizando como referencia la secuencia NCBI NC_045512.2. Los alineamientos fueron realizados usando MAFFT v7.458 y los genomas ensamblados fueron ingresados a Pangolin v.2.3.8 para la determinación de su linaje. Los genomas finales junto con los metadatos epidemiológicos fueron subidos a la plataforma GISAID para la confirmación final de la calidad y linaje correspondiente.

El Laboratorio de Medicina Molecular de la Universidad de Magallanes, realiza la secuenciación completa mediante la tecnología Nanoporeseq. La extracción de RNA total se realiza a partir de hisopados nasofaríngeos, utilizando el sistema Bioneer Exiprep 96, utilizando kit de extracción ExiprepViralDNA/RNA. La transcripción reversa se realiza con la enzima SuperScript IV y hexámeros aleatorios. Posteriormente el producto cDNA se amplifica basado en la estrategia SARS-CoV2 de ARTIC Netowrk utilizando su verisón 3.0. El ensamblaje de la librería se realiza utilizando el kit de Secuenciación por Ligación (SQK-LSK109) de Oxford Nanopore. La

multiplexación de muestras se realiza por barcoding molecular utilizando el sistema Native Barcoding Expansion (EXP-NBD104/NBD114) de Oxford Nanopore. Las muestras se secuencian en celdas FLO-MIN106D durante 24hs. Los controles de calidad intermedios se realizan en TapeStation 4200 y Nanodrop. El análisis bioinformático se realiza en un pipeline construido en Nextflow disponible en el repositorio Git del centro. Los genomas finales junto con los metadatos epidemiológicos son subidos a la plataforma GISAID para la confirmación final de la calidad y linaje correspondiente.

El laboratorio de la Facultad de Ciencias de la Vida de la Universidad Andres Bello, para la secuenciación genómica, utiliza 8 uL de RNA total. A partir de los 8 uL se realiza el protocolo del kit Covid-Seq (illumina), sin ninguna variación. La muestra es secuenciada en la plataforma NextSeq500 usando el kit de secuenciación NextSeq500 Mid Output (300 ciclos/2X150bp). El archivo fastq generado, fue analizado usando el pipeline Dragen Covid Lineage. El pipeline se configuró con los siguientes parámetros: Aligner Min Score= 12, Coverage Threhold= 20, Virus detection Threshold= 5, Enable Duplicate Marking= yes.

El Laboratorio AUSTRAL-omics de la Universidad de Austral de Chile, realiza la secuenciación de SARS-CoV-2 mediante la tecnología Illumina. La extracción de RNA total se realiza a partir de hisopados nasofaríngeos, utilizando el sistema automatizado ZYBIO NUCLEIC ACID ISOLATION SYSTEM y el kit de Extracción de RNA viral ZYB.B-200 Zybio. La elaboración de las bibliotecas de secuenciación se realiza utilizando el kit Illumina COVIDSeq siguiendo las recomendaciones del fabricante. La secuenciación de las bibliotecas se realiza usando un kit Illumina 600 ciclos, configuración 2X150 en un equipo Miseq Illumina. El análisis bioinformático de las lecturas se realiza a partir de los archivos fastq entregados, se realiza un proceso de limpieza de lecturas de calidades menores a Q30 usando los programas Trimmomatic y PRINSEQ-lite. Las lecturas de alta calidad son ensambladas con el programa IRMA, estos genomas ensamblados y sus respectivos metadatos son subidos al repositorio de GISAID. Finalmente, estos genomas son evaluados mediante el programa PANGOLIN para la asignación de linaje.

El Laboratorio de Virología Molecular de la Pontificia Universidad Católica de Chile, realiza la secuenciación de genomas virales empleando la tecnología de Oxford Nanopore Technologies. Para esto se utilizan muestras biológicas (hisopado nasofaríngeo, saliva, esputo, entre otras) de individuos con diagnóstico positivo a SARS-CoV-2 mediante un ensayo de RT-qPCR y que tenga un valor de CT inferior a 35. El RNA total es extraído desde las muestras empleando TRIZOL LS, seguido de la extracción del RNA Viral mediante el Kit E.Z.N.A Viral RNA Kit (Omega Bio-tek). La síntesis de cDNA, amplificación del genoma viral y generación de librerías para secuenciación

es realizado siguiendo el protocolo ARTIC "nCoV-2019 sequencing protocol V3" (https://www.protocols.io/view/ncov-2019-sequencing-protocol-v3-locost-bh42j8ye). Una vez obtenidos los archivos FAST5, se realiza el basecalling, demultiplexing y posterior ensamble de los genomas SARS-CoV-2, empleando el pipeline bioinformático de ARTIC network (v1.2.1; https://github.com/artic-network/fieldbioinformatics/releases), incluyendo modificaciones sugeridas en: https://github.com/artic-network/fieldbioinformatics/issues/59. Después del ensamblaje, se evalúa el largo de la secuencia consenso obtenida y el porcentaje de nucleótidos resueltos, seleccionándose sólo aquellas secuencias de un tamaño de al menos 29.000 nucleótidos y con al menos un 95% del genoma resuelto. Finalmente, para cada secuencia, se identifica el clado y linaje al que pertenecen según la nomenclatura de Nextstrain y Pangonlin respectivamente y se genera el archivo con los metadatos epidemiológicos los cuales son subidos a la plataforma GISAID.

Los laboratorios de establecimientos públicos priorizados por el MINSAL en la implementación de la detección de mutaciones asociadas a variantes de preocupación para SARS-CoV-2 mediante RT-PCR (Ordinario B51 N°2637 del 27/06/2021), realizan búsqueda de las mutaciones asociadas a variantes con los siguientes kits: AccuPower® SARS-CoV-2 Variant ID Real-Time RT-PCR Kit, Allplex™ SARS-CoV-2 Variants I Assay, Allplex™ SARS-CoV-2 Variants II Assay, GSD NovaType III SARS-CoV-2 RT-PCR, Molaccu SARS-CoV-2 Multiplex Variants PCR Kit, Molaccu DEK Multiplex Variants PCR kit, SARS-COV-2 VARIANTS REALTIME PCR (Vircell S,L), COVID-19 Multiplex PCR Variant Full, (GeneSGKit), TaqMan™ SARS-CoV-2 Mutation Panel (Thermofisher) y VirSNiP SARS-CoV-2 (TIB Molbiol). Aquellas muestras positivas para la detección de variantes al igual que las indeterminadas se derivan al ISP para confirmación y secuenciación del genoma completo de SARS-CoV-2. Posteriormente se incorporan otros establecimientos de salud públicos y privados.

El laboratorio de la Red de Salud UC CRISTUS, realiza búsqueda inicial de mutaciones asociadas a variantes para SARS-CoV-2 con el Kit Novaplex (SARS-CoV-2 Variants I Assay (RUO). Aquellas muestras que indicaron señal positiva para la detección de posibles variantes son sometidas a un segundo RT-PCR con el Kit de TibMolBiol (VirSNiP SARS-CoV-2 Spike), para detectar la mutación P681H. Además, se verificó con un set de muestras con mutaciones detectadas por PCR la confirmación por secuenciación en el ISP.

9.2 Seguimiento de las variantes de SARS-CoV-2

Tabla 7: Clasificación de variantes, según actualización de la OMS al 02 de septiembre de 2021.

Etiqueta OMS	Linaje Pango*	Gisaid Clade	Nextstrain Clade	Muestras documentadas más antiguas	Fecha de designación
Variantes de preocupación (VOC)					
Alfa	B.1.1.7[#]	GRY	20I (V1)	Reino Unido, septiembre de 2020	18-12-2020
Beta	B.1.351	GH / 501Y.V2	20H (V2)	Sudáfrica, mayo de 2020	18-12-2020
Gama	P.1	GR / 501Y.V3	20J (V3)	Brasil, noviembre de 2020	11-01-2021
Delta	B.1.617.2 [§]	G / 478K.V1	21A	India, octubre de 2020	VOC: 11-05-21

Etiqueta OMS	Linaje Pango*	Gisaid Clade	Nextstrain Clade	Muestras documentadas más antiguas	Fecha de designación
Variantes de interés (VOI)					
Eta	B.1.525	G / 484K.V3	21D	Varios países, diciembre de 2020	17 -03-2021
Iota	B.1.526	GH / 253G.V1	21F	Estados Unidos, noviembre de 2020	24-03-2021
Kappa	B.1.617.1	G / 452R.V3	21B	India, octubre de 2020	04-04-2021
Lambda	C.37	GR / 452Q.V1	20D	Perú, agosto de 2020	14-06-2021
Mu	B.1.621	GH	21H	Colombia, enero 2021	VOI: 30-08-2021

Linaje Pango*	Gisaid Clade	Nextstrain Clade	Muestras documentadas más antiguas	Fecha de designación
Alerta para mayor seguimiento				
B.1.427 / B.1.429	GH / 452R.V1	21C	Estados Unidos, marzo de 2020	VOI:05-03-2021
R.1	GRAMO	-	Varios países, enero-2021	07-04-2021
B.1.466.2	GH	-	Indonesia, noviembre de 2020	28-04-2021
B.1.1.318	GRAMO	-	Varios países, enero de 2021	02-06-2021
B.1.1.519	GRAMO	20B / S.732A	Varios países, noviembre de 2021	02-06-2021
C.36.3	GRAMO	-	Varios países, enero de 2021	16-06-2021
B.1.214.2	GRAMO	-	Varios países, noviembre de 2020	30-06-2021
B.1.1.523	GRAMO	-	Varios países, mayo de 2020	14-07-2021
B.1.619	GRAMO	20A / S.126A	Varios países, mayo de 2020	14-07-2021
B.1.620	GRAMO	-	Varios países, noviembre de 2020	14-07-2021
C.1.2	GRAMO	-	Sudáfrica, mayo de 2021	01-09-2021

(*) Incluye todos los linajes descendientes.
(#) Incluye todos los linajes Q. * (en el sistema de nomenclatura Pango, Q es un alias de B.1.1.7)
(§) Incluye todos los linajes AY. * (En el sistema de nomenclatura Pango, AY es un alias de B.1.617.2);
Fuente: Seguimiento de variantes de SARS-CoV-2, Organización Mundial de la Salud, actualización 02 de septiembre 2021.

Tabla 8: Número de casos SARS-CoV-2 secuenciados y genotipificados por región y mes de toma de muestra de PCR. Chile, 22 de diciembre 2020 al 05 de septiembre de 2021.

Región de Residencia	Fecha de toma de muestra										Total muestras regionales
	2020	2021									
	dic	ene	feb	mar	abr	may	jun	jul	ago	sept	
Región de Arica y Parinacota	0	1	3	4	99	147	186	238	131	11	820
Región de Tarapacá	0	6	3	16	60	36	18	114	297	28	578
Región de Antofagasta	0	1	10	6	34	40	77	141	49	40	398
Región de Atacama	0	2	0	0	19	82	59	101	38	0	301
Región de Coquimbo	0	8	10	6	4	24	28	56	47	0	183
Región de Valparaíso	0	12	14	11	32	68	102	167	315	8	729
Región Metropolitana de Santiago	26	165	128	300	336	339	425	388	1183	138	3427
Región del Lib. Bdo. O'Higgins	0	8	2	8	7	78	171	110	291	44	719
Región del Maule	4	11	9	36	60	73	76	91	97	20	477
Región de Ñuble	0	4	6	10	20	23	52	109	107	27	358
Región del Biobío	0	3	11	12	51	78	43	185	185	74	642
Región de la Araucanía	0	5	3	13	31	50	50	86	265	6	509
Región de Los Ríos	1	1	0	9	34	44	85	182	354	12	722
Región de Los Lagos	0	10	6	18	57	57	45	95	215	38	542
Región de Aysén	0	0	2	3	20	38	31	42	45	0	181
Región de Magallanes	0	0	0	7	39	33	59	32	41	0	211
Total	**31**	**237**	**207**	**459**	**903**	**1210**	**1507**	**2137**	**3660**	**446**	**10797**

Datos provisorios al 05 de septiembre de 2021 en proceso de validación. Elaborado por: Departamento de Epidemiología, Ministerio de Salud.

Tabla 9: Datos asociados a Figura 3A y 3B

Distribución de variantes y linajes de casos SARS-CoV-2, según método de detección y región de residencia. Chile, desde el 22 de diciembre 2020 – 05 de septiembre de 2021.

Regiones	VOC							VOI					Linajes de Alerta para seguimiento		Otros linajes					
	Alfa		Beta	Gamma		Delta		Mu		Lambda		Otras VOI			B.1.1.348	Otros Linajes		Indeterminado	Total SG	Total RT-PCR
	SG	RT PCR	SG	SG	RT PCR	SG	RT PCR	SG	RT PCR	SG	RT-PCR	SG	SG	RT PCR	SG	SG	RT PCR	RT-PCR		
Arica y Parinacota	3	0	0	497	109	6	17	17	1	91	0	1	3	0	56	14	0	5	**688**	**132**
Tarapacá	10	3	0	171	119	8	29	68	55	53	0	0	0	0	3	23	0	36	**336**	**242**
Antofagasta	5	2	0	185	21	8	20	35	5	76	0	0	2	0	14	19	1	5	**344**	**54**
Atacama	20	0	0	132	0	5	1	7	9	101	0	0	0	0	1	23	0	2	**289**	**12**
Coquimbo	5	1	0	101	10	3	2	4	3	31	1	0	0	0	0	18	0	4	**162**	**21**
Valparaíso	24	1	0	316	147	55	3	22	2	64	1	1	3	0	3	27	0	60	**515**	**214**
Metropolitana de Santiago	140	45	4	907	617	210	105	107	176	359	9	4	5	1	98	347	5	288	**2181**	**1246**
Lib. Bdo. O'Higgins	4	0	0	300	75	27	58	21	56	131	1	0	1	0	4	25	0	16	**513**	**206**
Maule	11	0	0	206	20	17	11	14	1	145	1	0	2	0	10	34	0	5	**439**	**38**
Ñuble	4	3	0	185	27	4	0	7	21	67	0	0	1	0	4	14	0	21	**286**	**72**
Biobío	19	0	0	297	53	11	8	20	13	156	0	1	8	0	29	25	0	2	**566**	**76**
Araucanía	2	2	0	131	138	5	22	12	11	91	0	0	9	0	6	22	0	58	**278**	**231**
Los Ríos	30	41	0	85	283	4	21	12	18	87	3	0	0	0	0	14	1	123	**232**	**490**
Los Lagos	8	3	0	190	102	8	66	5	7	64	0	0	1	0	11	31	0	46	**318**	**224**
Aysén del Gral. Carlos Ibáñez del Campo	1	0	0	89	25	0	0	0	0	54	0	0	1	0	2	7	0	2	**154**	**27**
Magallanes	2	0	0	131	2	5	0	1	0	56	0	0	0	0	2	10	0	2	**207**	**4**
Total	288	101	4	3923	1748	376	363	352	378	1626	16	7	36	1	243	653	7	675	**7508**	**3289**

SG = Secuenciación genómica. RT PCR= RT-PCR para detección de mutaciones asociadas a variantes.

Sólo se considera la columna de RT-PCR para aquellas variantes que se cuenta con la detección a través de RT-PCR para análisis de mutaciones asociadas a variantes.

Datos provisorios al 05 de septiembre de 2021, en proceso de validación. Elaborado por: Departamento de Epidemiología, Ministerio de Salud.

Tabla 10: Datos asociados a la Figura 6, 7, 8 y 9.

Resumen de variantes y linajes principales de casos confirmados de SARS-CoV-2 según tipo de caso, a partir de su secuenciación. Chile, 22 diciembre de 2020 – 05 de septiembre de 2021.

Categoría	Variantes (Linaje PANGO)	Comunitario	Secundario a importación	Viajeros	Total
Variantes de preocupación para la salud pública (VOC)	Alfa	179	5	104	288
	Beta	0	0	4	4
	Gamma	3688	9	226	3923
	Delta	117	20	239	376
Variantes de interés para la salud pública (VOI)	Eta	0	0	2	2
	Iota	3	0	1	4
	Kappa	1	0	0	1
	Lambda	1554	5	67	1626
	Mu	291	5	56	352
Alerta para mayor seguimiento	B.1.427/429	28	0	3	31
	B.1.1.519	1	0	0	1
	C.36.3 / C.36.3.1	0	0	4	4
Linajes y otras variantes	Otros linajes*	624	4	268	896
Total		**6486**	**48**	**974**	**7508**

(*) Corresponde a otros linajes y otras variantes no especificadas.

Datos provisorios al 05 de septiembre de 2021 en proceso de validación. Elaborado por: Departamento de Epidemiología, Ministerio de Salud.

Tabla 11: Datos asociados a la Figura 6, 7, 8 y 9.

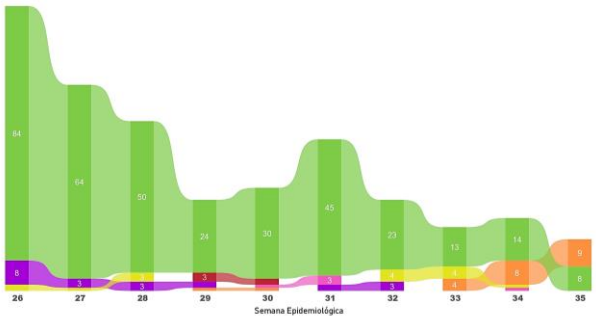
Resumen de variantes y linajes principales de casos confirmados de SARS-CoV-2 según tipo de caso, a partir de la detección de mutaciones asociadas a variantes. Chile, 22 diciembre de 2020 – 05 de septiembre de 2021.

Categoría	Variantes (Linaje PANGO)	Comunitario	Secundario a importación	Viajeros	Total
Variantes de preocupación para la salud pública (VOC)	Alfa	94	0	7	101
	Gamma	1629	0	119	1748
	Delta	312	2	49	363
Variantes de interés para la salud pública (VOI)	Lambda	16	0	0	16
	Mu	376	0	2	378
Alerta para mayor seguimiento	B.1.427/429	1	0	0	1
Linajes y otras variantes	Otros*	6	0	12	7
Indeterminado		663	0	12	675
Total		**3097**	**2**	**201**	**3289**

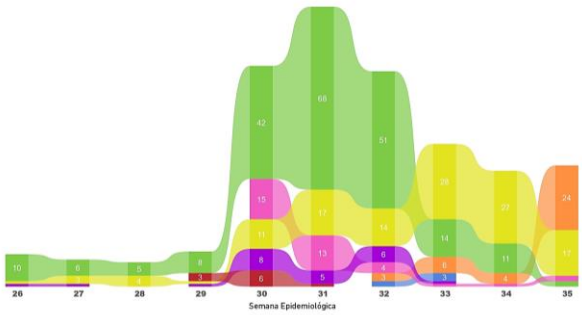
(*) Corresponde a otros linajes no especificados.
Datos provisorios al 05 de septiembre de 2021 en proceso de validación. Elaborado por: Departamento de Epidemiología, Ministerio de Salud.

Figura 20: Variantes y linajes de casos de SARS-CoV-2 según semana epidemiológica y región de residencia. Chile, desde SE 26 - 35 2021.

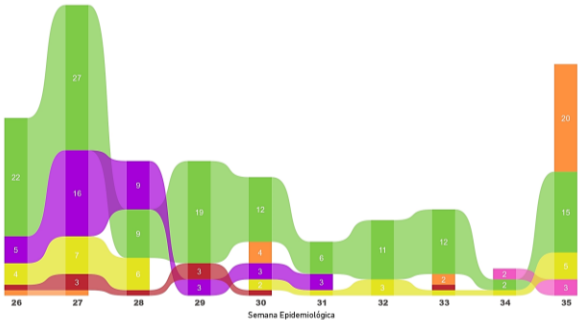
Arica y Parinacota



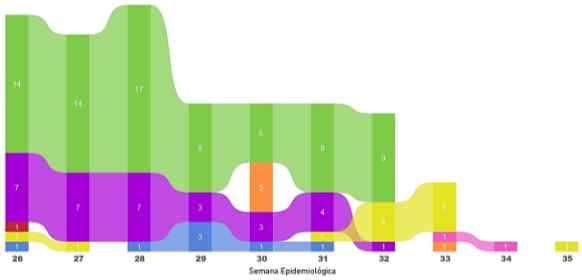
Tarapacá



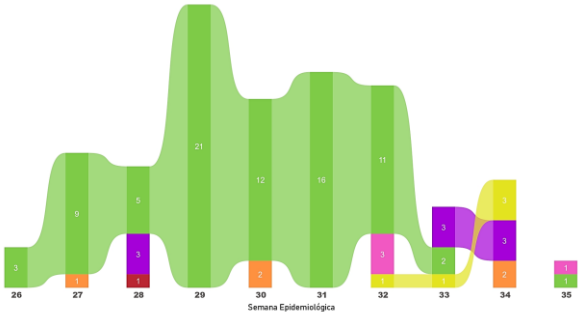
Antofagasta



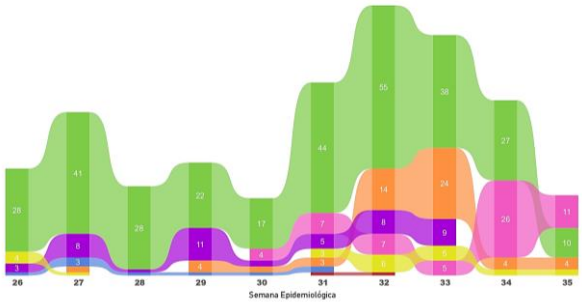
Atacama



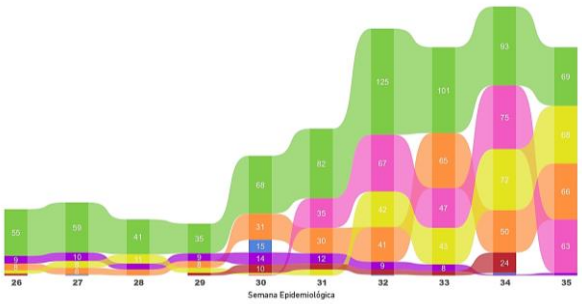
Coquimbo



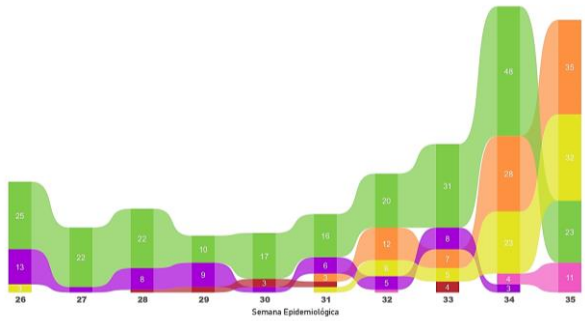
Valparaíso



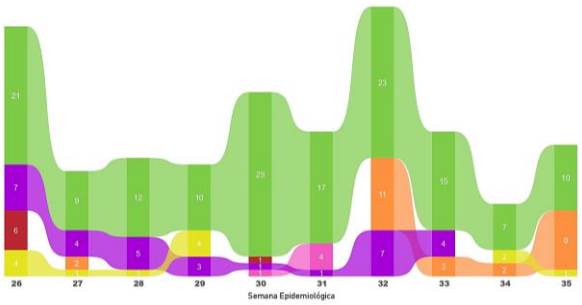
Metropolitana



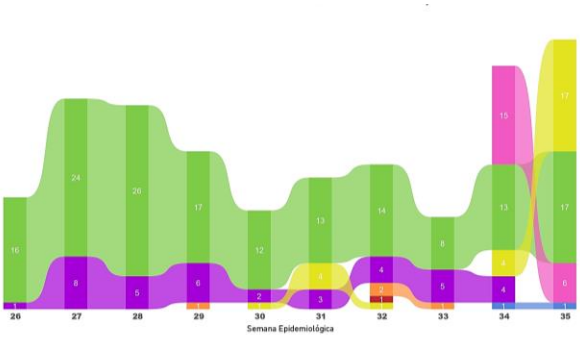
Libertador Bernardo O'Higgins



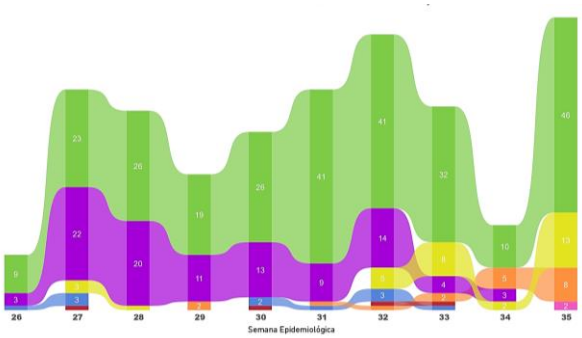
Maule



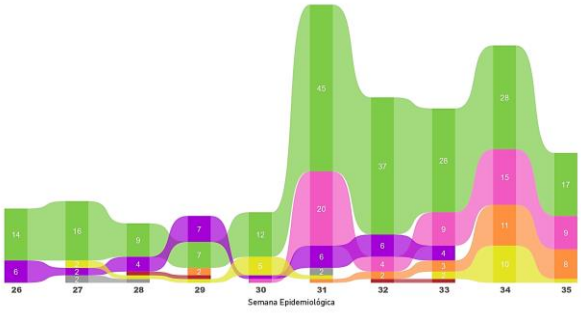
Ñuble



Biobío

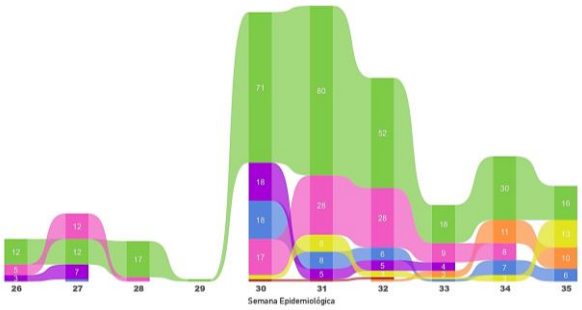


Araucanía

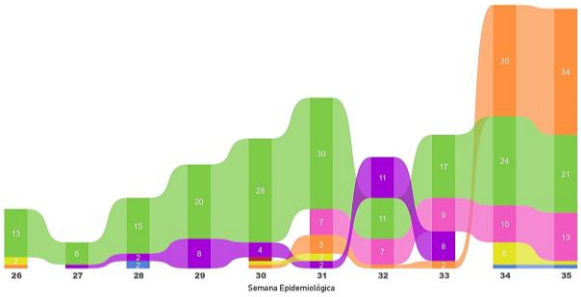


Delta Gamma Indeterminado Lambda Mu Otros Linajes

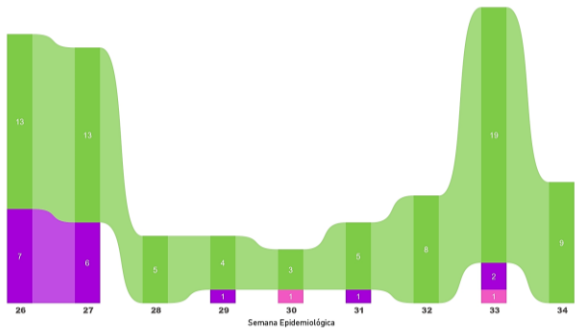
Los Ríos



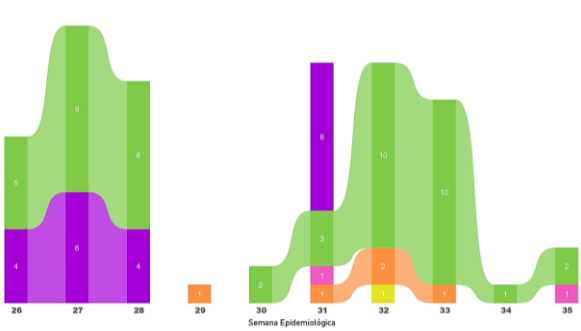
Los Lagos



Aysén



Magallanes y la Antártica Chilena



Delta Gamma Indeterminado Lambda Mu Otros Linajes