



INFORME DE VARIANTES SARS-CoV-2

Instituto de Salud Pública de Chile

09 de julio de 2021

1 Antecedentes

El virus SARS-CoV-2 que causa la enfermedad COVID-19, ha tenido un fuerte impacto en la salud a nivel mundial. Este virus ha infectado a un gran número de personas causando enfermedad severa, secuelas a largo plazo, defunciones y exceso de mortalidad (1). Así también, esta pandemia ha alterado los servicios y atenciones regulares de salud, ha perturbado los viajes, el comercio, la enseñanza y otras muchas actividades sociales con repercusiones negativas en la salud física y mental de las poblaciones (1).

En el proceso de evolución de los virus, la aparición de mutaciones es un evento natural y esperado (2). El virus SARS-CoV-2 pertenece a la familia de los betacoronavirus los cuales, a diferencia de otros virus ARN, tienen la capacidad de corregir errores durante el proceso de replicación, generando una menor cantidad de mutaciones comparado con otros virus como Influenza o VIH (3).

A medida que el SARS-CoV-2 se ha extendido por el mundo, ha ido acumulando mutaciones en el genoma viral (3). La caracterización genómica del SARS-CoV-2 se divide en diferentes grupos genéticos o clados, donde algunas mutaciones específicas definen los grupos genéticos virales o linajes que circulan actualmente a nivel global (2). A causa de procesos de microevolución y presión de selección, pueden aparecer algunas mutaciones adicionales que generan diferencias al interior de cada grupo genético, las cuales se denominan variantes (2). Una nueva variante de SARS-CoV-2 puede tener una o más mutaciones que la diferencian de la variante predominante que se encuentra circulando en la población general.

La vigilancia genómica contribuye a investigar de qué forma las variantes impactan en la transmisión de COVID-19, la severidad del cuadro clínico, la efectividad de las vacunas o de los tratamientos médicos (4). Desde el comienzo de la pandemia de SARS-CoV-2, la Organización Mundial de la Salud (OMS), ha evaluado regularmente si estas variantes presentan diferente capacidad de transmisión, cuadro clínico, gravedad de los síntomas, o si afectan a las medidas empleadas para enfrentarlo,

como los exámenes de diagnóstico, tratamientos disponibles y las vacunas (1). La reducción de la capacidad de neutralización de alguna de estas nuevas variantes podría eventualmente desencadenar eventos de reinfección y baja respuesta vacunal (3).

Frente al incremento de variantes se debe tener en cuenta las limitaciones de los sistemas de vigilancia, la capacidad de los países y territorios para secuenciar las muestras y las diferencias en la selección de las muestras a secuenciar (3). En Chile, los criterios epidemiológicos para la selección de muestras a secuenciar, definidos por el Ministerio de Salud, son: vigilancia genómica en establecimientos de salud y laboratorios de la red de vigilancia de virus respiratorios ISP, Vigilancia genómica en viajeros, vigilancia genómica en brotes y vigilancia genómica en grupos especiales (5).

La OMS ha definido las “variantes de preocupación” (VOC, por sus siglas en inglés), aquellas que puedan presentar aumento de la transmisibilidad y virulencia, cambios en la presentación clínica de la enfermedad o la disminución de la efectividad de las medidas de distanciamiento físico y de salud pública (3,6) y “variantes de interés de SARS-CoV-2” (VOI, por sus siglas en inglés), las cuales se caracterizan por tener cambios fenotípicos en comparación con un aislado de referencia o tener un genoma con mutaciones que conducen a cambios de aminoácidos asociados con implicaciones fenotípicas establecidas o sospechadas y además causan transmisión comunitaria, epidemias, conglomerados de casos de COVID-19 o se expanden de un país a otro (6). Recientemente la OMS ha definido un grupo de variantes que se encuentran bajo monitoreo, que incluye a aquellas con cambios genéticos que podrían afectar las características del virus dado que podrían constituir un riesgo futuro, pero aún no se cuenta con evidencia del impacto fenotípico o epidemiológico, lo que se requiere seguimiento y evaluación, siendo esta una clasificación dinámica (7).

La clasificación actual de los linajes de SARS-CoV-2, según OMS es el siguiente: (7)

Variantes de preocupación (VOC)

WHO label	Pango lineages	GISAIID clade	Nextstrain clade	Additional amino acid changes monitored*	Earliest documented samples	Date of designation
Alpha	B.1.1.7	GRY	20I (V1)	+S.484K +S.452R	United Kingdom, Sep-2020	18-Dec-2020
Beta	B.1.351 B.1.351.2 B.1.351.3	GH/501Y.V2	20H (V2)	+S.L18F	South Africa, May-2020	18-Dec-2020
Gamma	P.1 P.1.1 P.1.2	GR/501Y.V3	20J (V3)	+S.681H	Brazil, Nov-2020	11-Jan-2021
Delta	B.1.617.2 AY.1 AY.2	G/478K.V1	21A	+S.417N	India, Oct-2020	VOI: 4-Apr-2021 VOC: 11-May-2021

Variantes de interés (VOI)

WHO label	Pango lineages	GISAIID clade	Nextstrain clade	Earliest documented samples	Date of designation
Eta	B.1.525	G/484K.V3	21D	Multiple countries, Dec-2020	17-Mar-2021
Iota	B.1.526	GH/253G.V1	21F	United States of America, Nov-2020	24-Mar-2021
Kappa	B.1.617.1	G/452R.V3	21B	India, Oct-2020	4-Apr-2021
Lambda	C.37	GR/452Q.V1	21G	Peru, Dec-2020	14-Jun-2021

Variantes bajo monitoreo

Pango lineages	GISAIID clade	Nextstrain clade	Earliest documented samples	Date of designation
B.1.427 B.1.429*	GH/452R.V1	21C	United States of America, Mar-2020	VOI: 5-Mar-2021 Alert: 6-Jul-2021
P.2*	GR/484K.V2	20B/S.484K	Brazil, Apr-2020	VOI: 17-Mar-2021 Alert: 6-Jul-2021
P.3*	GR/1092K.V1	21E	Philippines, Jan-2021	VOI: 24-Mar-2021 Alert: 6-Jul-2021
R.1 R.2	GR	-	Multiple countries, Jan-2021	07-Apr-2021
B.1.466.2	GH	-	Indonesia, Nov-2020	28-Apr-2021
B.1.621	GH	21H	Colombia, Jan-2021	26-May-2021
AV.1	GR	-	United Kingdom, Mar-2021	26-May-2021
B.1.1.318	GR	20B	Multiple countries, Jan-2021	02-Jun-2021
B.1.1.519	GR	20B	Multiple countries, Nov-2021	02-Jun-2021
AT.1	GR	-	Russian Federation, Jan-2021	09-Jun-2021
C.36.3 C.36.3.1	GR	20D	Multiple countries, Jan-2021	16-Jun-2021
B.1.214.2	G	-	Multiple countries, Nov- 2020	30-Jun-2021

*Former VOIs Epsilon (B.1.427/B.1.429), Zeta (P.2), Theta (P.3).

En el Anexo N°1, se muestra tabla resumen del impacto fenotípico de las variantes de preocupación (VOC) (6).

2 Material y Método

El Subdepartamento de Genética Molecular, Departamento Biomédico Nacional y de Referencia del ISP recibe muestras de casos comunitarios confirmados de SARS-CoV-2 por PCR positivo procedentes de todo el país y muestras de vigilancia de fronteras.

Las bases de datos se recibieron en formato Excel, la cual se depuró, eliminando registros repetidos correspondientes a un mismo RUT y linaje en un periodo de tiempo. Los casos se analizaron según semana epidemiológica correspondiente con la fecha de obtención de muestra.

Los datos se procesaron y analizaron utilizando el software Excel 2010 y el software estadístico R para la creación de figuras y tablas.

3 Limitaciones

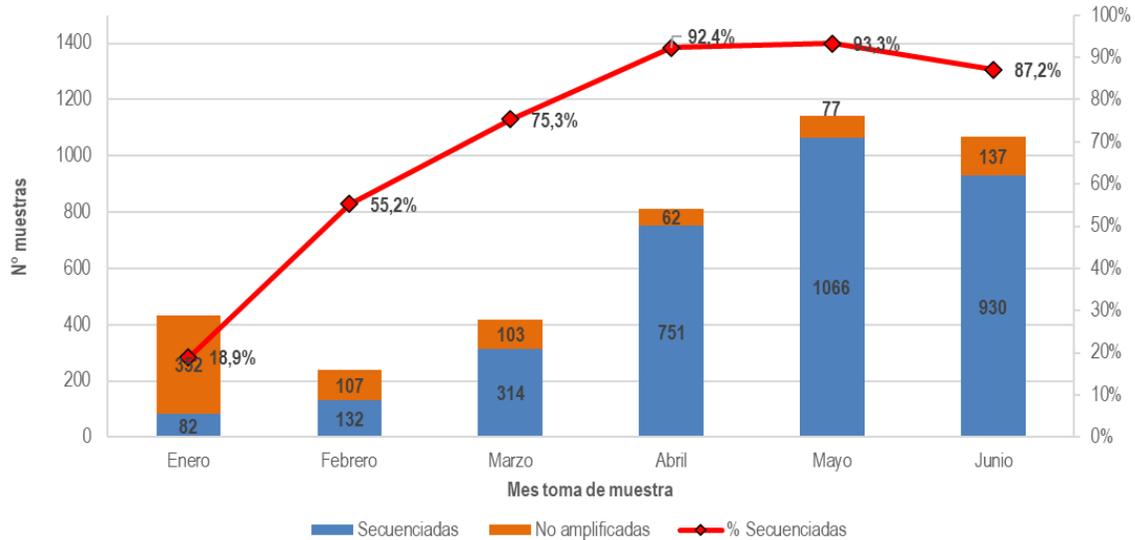
La información no forma parte de un plan de muestreo estadístico, cuyo fin es representar a la población bajo estudio, por tal motivo las herramientas estadísticas aplicables al conjunto de datos son limitadas, incluyendo las metodologías en el plano inferencial.

4 Resultados

4.1. Resultados vigilancia comunitaria

El Instituto de Salud Pública de Chile ha recibido un total de 4.113 muestras confirmadas de SARS-CoV-2 para análisis genético que, según fecha de obtención de muestra, corresponden al periodo del **01 de enero al 29 de junio de 2021**. De este total, **3.275** muestras fueron amplificadas para su secuenciación genética, lo que representa el 79,63% (3.275/4.113) (Figura 1).

Figura 1. Número total de muestras recibidas, según secuenciación y porcentaje de muestras secuenciadas en relación a las recibidas, por mes. Chile, enero – junio* 2021.



*Datos hasta el 29 de junio de 2021

Fuente: Departamento Laboratorio Nacional y de Referencia. Instituto de Salud Pública de Chile.

Del total de 944.927 casos de SARS-CoV-2 confirmados entre el 01 de enero y el 29 de junio del presente año, las muestras secuenciadas por el ISP corresponden al **0,35%** (3.275/944.927). Según región de procedencia de la muestra, las regiones de Arica y Parinacota, Aysén, Atacama y O'Higgins presentan los porcentajes más elevados con un 2,70%, 1,37%, 0,95% y 0,59%, respectivamente.

Se observa que la mayoría de las muestras procedentes de las distintas regiones del país, que pudieron ser secuenciadas, presentaron un porcentaje de secuenciación mayor o igual al 70%, excepto las regiones de Antofagasta (38,02%) y La Araucanía (49,82%) (Tabla 1).

Tabla 1. Número de casos, muestras recibidas y secuenciadas por el ISP, según región de procedencia. Chile, 2021*.

Región	Total Casos**	Recibidas	Secuenciadas	% Secuenciadas (Secuenciadas/Casos)	% Secuenciadas (Secuenciadas/Recibidas)
<i>Arica y Parinacota</i>	14.357	409	388	2,70%	94,87%
<i>Tarapacá</i>	23.514	160	118	0,50%	73,75%
<i>Antofagasta</i>	33.997	334	127	0,37%	38,02%
<i>Atacama</i>	16.260	187	155	0,95%	82,89%
<i>Coquimbo</i>	30.652	47	45	0,15%	95,74%
<i>Valparaíso</i>	78.336	182	140	0,18%	76,92%
<i>Metropolitana</i>	333.412	1.204	1.015	0,30%	84,30%
<i>O'Higgins</i>	44.018	283	260	0,59%	91,87%
<i>Maule</i>	70.019	249	226	0,32%	90,76%
<i>Ñuble</i>	23.311	124	103	0,44%	83,06%
<i>Biobío</i>	95.546	216	183	0,19%	84,72%
<i>La Araucanía</i>	68.522	273	136	0,20%	49,82%
<i>Los Ríos</i>	36.356	136	111	0,31%	81,62%
<i>Los Lagos</i>	58.778	184	170	0,29%	92,39%
<i>Aysén</i>	6.127	105	84	1,37%	80,00%
<i>Magallanes</i>	11.722	20	14	0,12%	70,00%
Total	944.927	4.113	3.275	0,35%	79,63%

*: Datos hasta el 29 de junio 2021.

**Subproducto N°3: Ministerio de Ciencias, Chile <https://github.com/MinCiencia/Datos-COVID19/tree/master/output/producto3>

Fuente: Departamento Laboratorio Biomédico Nacional y de Referencia. Instituto de Salud Pública de Chile.

En relación con el número total de muestras secuenciadas de SARS-CoV-2 correspondientes al periodo analizado, no se observan diferencias según sexo, 50,38% (1.650/3.275) en hombres y 49,62% (1.625/3.275) en mujeres. Las muestras correspondientes al grupo etario de 25 a 29 años representan el mayor porcentaje de secuenciación (10,23%; 335/3.275), seguido del grupo de 30 a 34 años con 10,11% (331/3.275) (Tabla 2).

Tabla 2: Número de muestras secuenciadas por el ISP según sexo y grupo etario. Chile, 2021*.

<i>Grupo etario</i>	<i>Hombre</i>	<i>Mujer</i>	<i>Total</i>	<i>%</i>
< 1	19	13	32	0,98%
1-4	41	31	72	2,20%
5-9	38	34	72	2,20%
10-14	68	79	147	4,49%
15-19	130	112	242	7,39%
20-24	125	139	264	8,06%
25-29	161	174	335	10,23%
30-34	174	157	331	10,11%
35-39	129	136	265	8,09%
40-44	116	125	241	7,36%
45-49	110	97	207	6,32%
50-54	113	105	218	6,66%
55-59	100	90	190	5,80%
60-64	77	89	166	5,07%
65-69	84	61	145	4,43%
70-74	49	55	104	3,18%
75-79	55	45	100	3,05%
≥ 80	61	83	144	4,40%
Total	1.650	1.625	3.275	100,00%

*: Datos hasta el 29 de junio 2021.

Fuente: Departamento Laboratorio Biomédico Nacional y de Referencia. Instituto de Salud Pública de Chile.

De acuerdo a la fecha de obtención de muestra, al 29 de junio el ISP ha identificado 72 linajes diferentes, **no agregándose linajes nuevos en relación al informe anterior.**

Del total de muestras de la vigilancia comunitaria secuenciadas, las VOC: *Gamma*, *Alpha* y *Delta* identificadas por el ISP representan el 54,05% (1.770/3.275), mientras que las VOI: *Iota* y *Lambda*, corresponden al 28,73% (941/3.275). El 17,22% (564/3.275) restante corresponde a otros linajes (n=67) no incorporados en las clasificaciones previamente descritas. De acuerdo a la investigación epidemiológica, la muestra en la que se identificó la variante Delta corresponde a un caso de viajero, procedente de EE.UU.

La Tabla 3 muestra los 10 linajes más frecuentes, los cuales acumulan el 95,48% (3.127/3.275) del total de muestras secuenciadas durante el período analizado. El linaje que presenta la mayor frecuencia es *Gamma* con un 50,08% (1.640/3.275), seguido por el linaje *Lambda* con un 28,58% (936/3.275) y el linaje B.1.1.348 que corresponde a un 7,45% (244/3.275).

Tabla 3. Número de muestras SARS-CoV-2 comunitarias secuenciadas por el ISP correspondientes a los 10 linajes más frecuentes y tipo de clasificación OMS (VOC y VOI). Chile 2021*.

Variante/Linaje	Total	% secuenciados	Tipo
<i>Gamma</i>	1640	50,08%	VOC
<i>Lambda</i>	936	28,58%	VOI
B.1.1.348	244	7,45%	
<i>Alpha</i>	129	3,94%	VOC
B.1.1	55	1,68%	
N.4	31	0,95%	
B.1.621	30	0,92%	
B.1.1.1	23	0,70%	
<i>Epsilon (B.1.429)</i>	23	0,70%	***
C.11	16	0,49%	
Otras**	148	4,52%	
Total	3.275	100%	

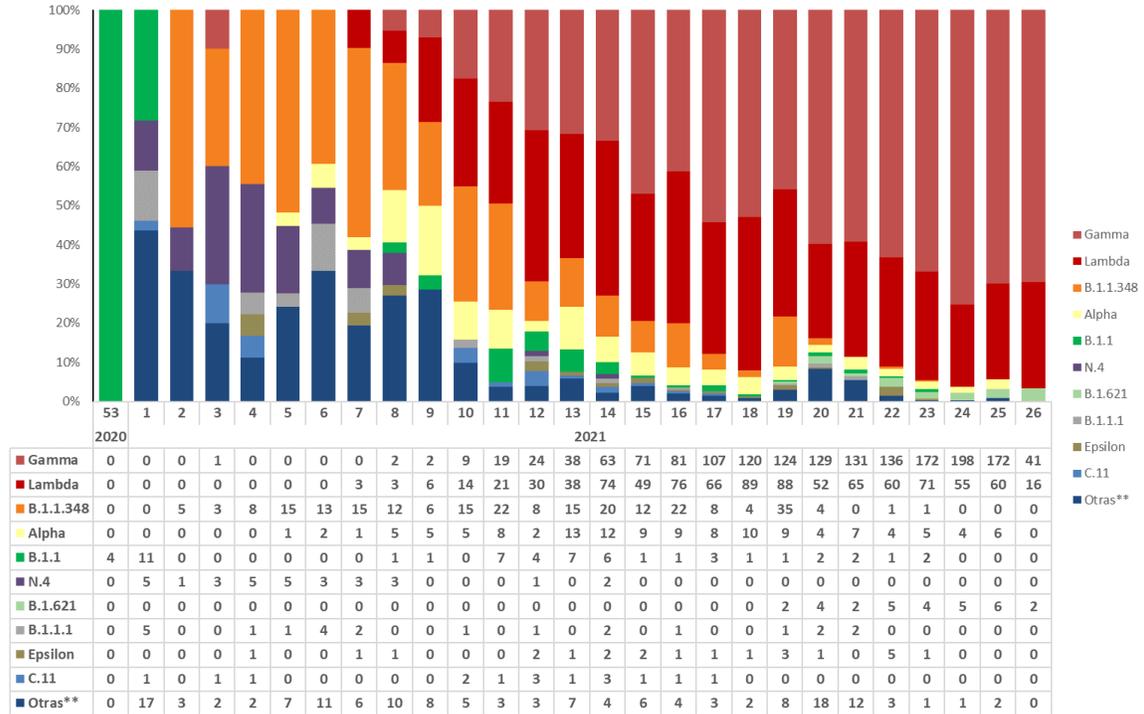
*: Datos hasta el 29 de junio de 2021; **: Agrupa un total de 62 linajes distintos (incluye el linaje *Delta* n=1)

*** *Epsilon (B.1.429)* conforme la última actualización OMS deja de ser considerada VOI (7)

Fuente: Departamento Laboratorio Biomédico Nacional y de Referencia. Instituto de Salud Pública de Chile.

Al analizar por semana epidemiológica (SE), se observa que el número de muestras secuenciadas alcanzó el valor más elevado en la SE N° 19 con 271 muestras. Las Figuras 2 y 3 señalan que el linaje B.1.1.348 se detecta desde la SE N°2 a la fecha, con una disminución en su contribución porcentual, mientras que los linajes *Gamma* y *Lambda* han aumentado desde la SE N° 3 y 7, respectivamente. Respecto al informe anterior, se observa que los linajes *Gamma* y *Lambda* continúan siendo los más frecuentes acumulando el 78,66% (2.586/3.275) de las muestras analizadas a la fecha, desplazando a los linajes B.1.1.348 y *Alpha*.

Figura 2. Distribución porcentual de muestras SARS-CoV-2 comunitarias secuenciadas, según linajes por semana epidemiológica. Chile, 2021*.

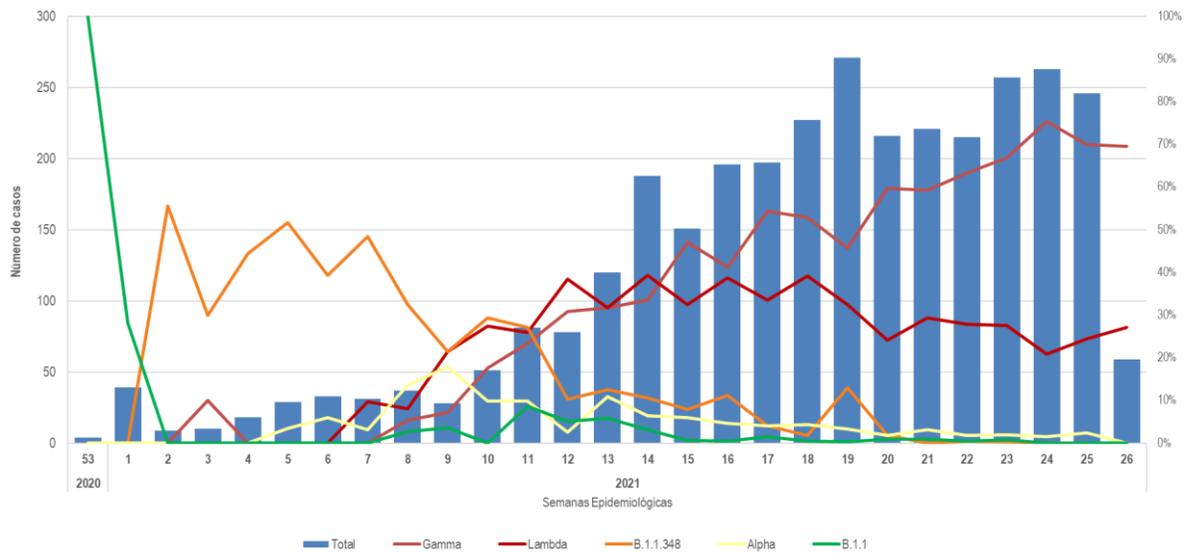


*: Datos hasta el 29 de junio de 2021; **: Agrupa un total de 62 linajes distintos (incluye el linaje *Delta* n=1).

*** Epsilon (B.1.429) conforme actualización OMS deja de ser considerada VOI (7).

Fuente: Departamento Laboratorio Biomédico Nacional y de Referencia. Instituto de Salud Pública de Chile.

Figura 3. Número de muestras SARS-CoV-2 comunitarias secuenciadas y representación porcentual de los linajes más frecuentes, por semana epidemiológica. Chile, 2021*.

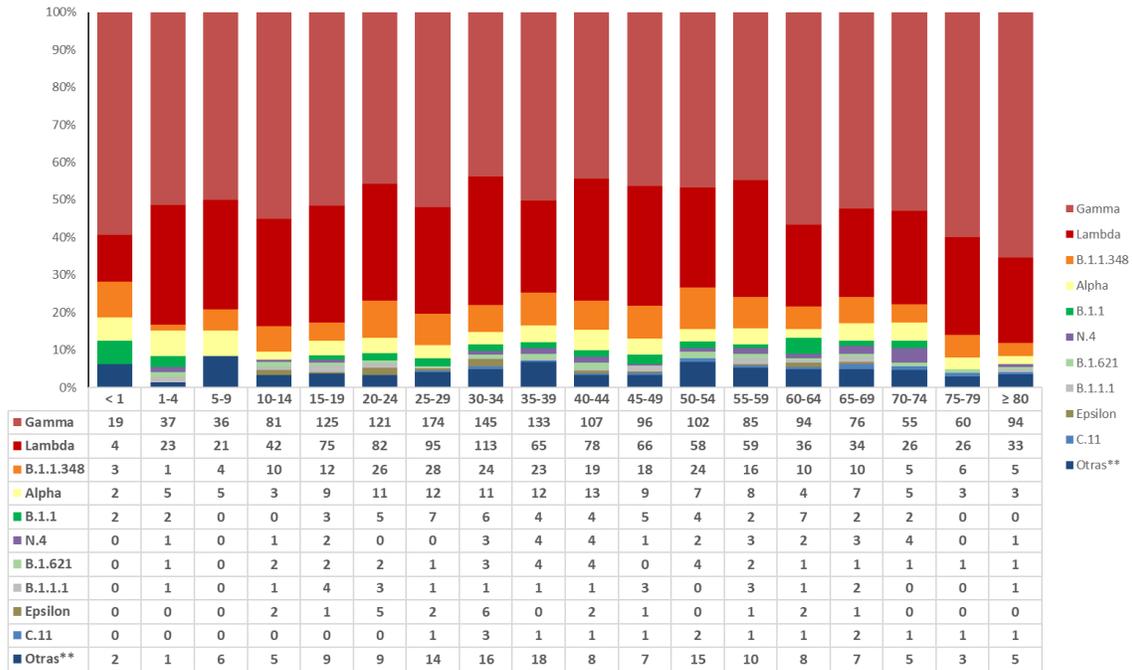


*: Datos hasta el 29 de junio de 2021;

Fuente: Departamento Laboratorio Biomédico Nacional y de Referencia. Instituto de Salud Pública de Chile.

Al analizar por grupo etario, se observa que el linaje *Gamma* alcanza la mayor contribución porcentual en los grupos de 80 y más años (65,3%; 94/144), 75 a 79 años (60,0%; 60/100) y el de menores a 1 año (59,4%; 19/32), mientras que el linaje *Lambda*, alcanza las mayores contribuciones porcentuales en el grupo de 30 a 34 años (34,1%; 145/331), 40 a 44 años (32,4%; 107/241) y 1 a 4 años (31,9%; 37/72) (Figura 4).

Figura 4. Distribución porcentual y número de muestras SARS-CoV-2 comunitarias secuenciadas, según linaje y grupo etario. Chile, 2021*.



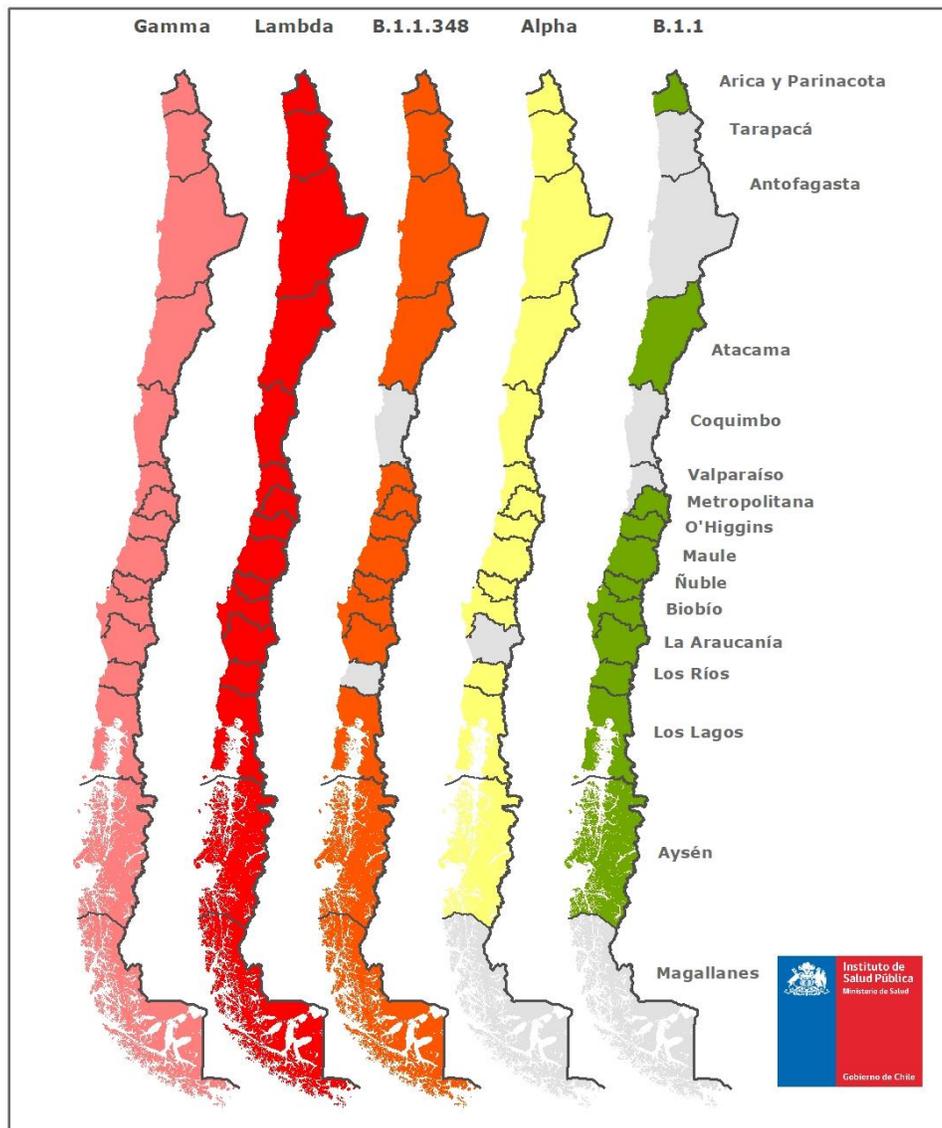
*: Datos hasta el 29 de junio de 2021; **: Agrupa un total de 62 linajes distintos (incluye el linaje *Delta* n=1).

*** Epsilon (B.1.429) conforme la última actualización OMS deja de ser considerada VOI (7).

Fuente: Departamento Laboratorio Biomédico Nacional y de Referencia. Instituto de Salud Pública de Chile.

La Figura 5 indica la presencia de los cinco linajes más frecuentes en Chile, se observa que los linajes *Gamma* y *Lambda* se han identificado en muestras procedentes de todas las regiones.

Figura 5. Presencia de linajes de SARS-CoV-2 más frecuentes en muestras comunitarias, según región. Chile, enero - junio* 2021



*: Datos hasta el 29 de junio de 2021

Fuente: Departamento Laboratorio Biomédico Nacional y de Referencia. Instituto de Salud Pública de Chile.

Al analizar los linajes más frecuentes y su distribución por región, el linaje *Gamma* se registra con porcentajes superiores al 50% en las regiones de Arica y Parinacota (63,4%; 246/388), Tarapacá (57,6%; 68/118), Antofagasta (53,5%; 68/127), Valparaíso (78,6%; 110/140), O'Higgins (59,6%; 155/260) y Los Lagos (60,6%; 103/170); mientras que el linaje *Lambda*, se registra en porcentajes superiores al 50% en la Región del Maule (51,8%; 117/226) (Tabla 4).

Tabla 4. Porcentaje de linajes más frecuentes respecto al número total de muestras secuenciadas por región. Chile, enero – junio* 2021.

Región	Secuenciadas	Variantes									
		Gamma (P.1)		Lambda (C.37)		B.1.1.348		Alpha (B.1.1.7)		B.1.1	
		N	%	N	%	N	%	N	%	N	%
Arica y Parinacota	388	246	63,4%	68	17,5%	56	14,4%	3	0,8%	4	1,0%
Tarapacá	118	68	57,6%	30	25,4%	3	2,5%	7	5,9%	0	0,0%
Antofagasta	127	68	53,5%	30	23,6%	14	11,0%	3	2,4%	0	0,0%
Atacama	155	54	34,8%	69	44,5%	1	0,6%	12	7,7%	2	1,3%
Coquimbo	45	20	44,4%	22	48,9%	0	0,0%	2	4,4%	0	0,0%
Valparaíso	140	110	78,6%	15	10,7%	3	2,1%	3	2,1%	0	0,0%
Metropolitana	1015	486	47,9%	241	23,7%	98	9,7%	55	5,4%	29	2,9%
O'Higgins	260	155	59,6%	85	32,7%	4	1,5%	3	1,2%	1	0,4%
Maule	226	80	35,4%	117	51,8%	10	4,4%	3	1,3%	3	1,3%
Ñuble	103	56	54,4%	30	29,1%	4	3,9%	3	2,9%	1	1,0%
Biobío	183	67	36,6%	58	31,7%	30	16,4%	6	3,3%	2	1,1%
La Araucanía	136	55	40,4%	54	39,7%	6	4,4%	0	0,0%	2	1,5%
Los Ríos	111	30	27,0%	48	43,2%	0	0,0%	23	20,7%	4	3,6%
Los Lagos	170	103	60,6%	27	15,9%	12	7,1%	5	2,9%	2	1,2%
Aysén	84	35	41,7%	38	45,2%	2	2,4%	1	1,2%	5	6,0%
Magallanes	14	7	50,0%	4	28,6%	1	7,1%	0	0,0%	0	0,0%
Total	3.275	1.640	50,1%	936	28,6%	244	7,5%	129	3,9%	55	1,7%

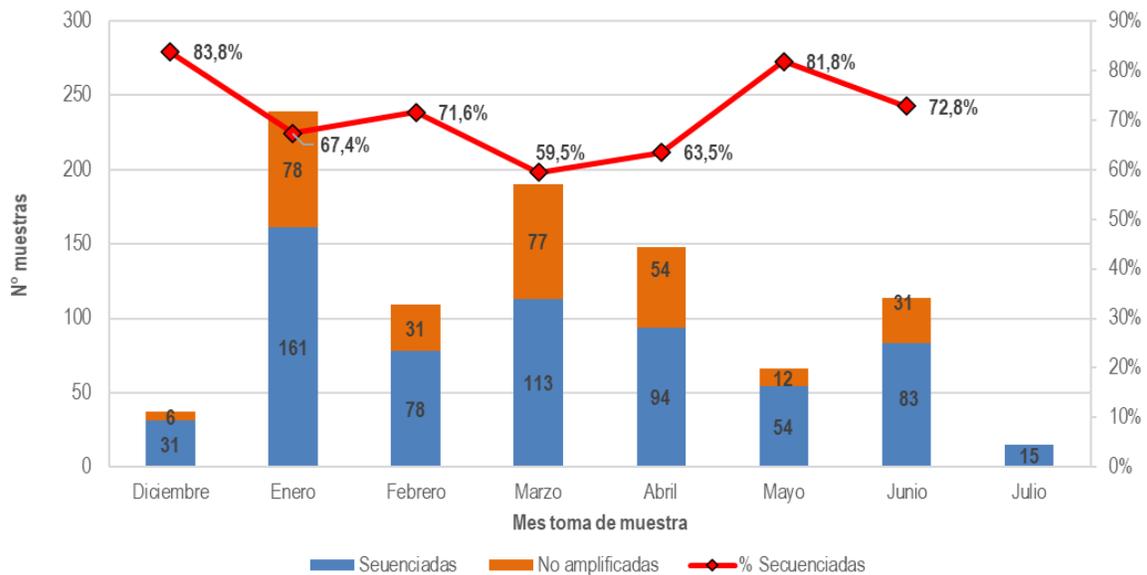
*: Datos hasta el 29 de junio del año 2021.

Fuente: Departamento Laboratorio Biomédico Nacional y de Referencia. Instituto de Salud Pública de Chile.

4.2. Resultados vigilancia de fronteras

Respecto a la vigilancia de fronteras, el Instituto de Salud Pública de Chile ha recibido un total de 918 muestras confirmadas de SARS-CoV-2 para análisis genético, correspondientes según fecha de obtención de muestra entre el **13 de diciembre de 2020 y el 3 de julio de 2021**. De este total, 629 (68,52%) fueron amplificadas para su secuenciación genética (Figura 6).

Figura 6. Número total de muestras recibidas correspondientes a la vigilancia de aeropuerto, según secuenciación y porcentaje de muestras secuenciadas en relación a las recibidas, por mes. Chile, enero – julio* 2021.



*: Datos hasta el 3 de julio del año 2021.

Fuente: Departamento Laboratorio Biomédico Nacional y de Referencia. Instituto de Salud Pública de Chile.

Del total de muestras secuenciadas de la vigilancia de aeropuerto, el 44,83% (282/629) corresponden a VOC: *Gamma*, *Alpha*, *Beta* y *Delta*, mientras que las VOI: *Lambda*, *Eta* (B.1.525) y *Iota* (B.1.526) corresponden al 8,74% (55/629). El 11,13% (70/629) restante corresponde a otros linajes (n= 10) no incorporados en las clasificaciones previamente descritas y el 35,29% (222/629) a otras variantes no especificadas. **Respecto al informe anterior, no se detectaron nuevos linajes en esta vigilancia.**

Los linajes más frecuentes identificados en la vigilancia de fronteras son el linaje *Gamma* con el 24,96% (157/629) de las muestras secuenciadas, *Alpha* con el 17,33% (109/629) y *Lambda* con el 8,27% (52/629) (Tabla 5).

Tabla 5: Número de muestras correspondientes vigilancia de fronteras secuenciadas por el ISP y tipo de clasificación OMS (VOC y VOI). Chile 2021*.

Variante/Linaje	Total	Porcentaje	Tipo
<i>Gamma</i>	157	24,96%	VOC
<i>Alpha</i>	109	17,33%	VOC
<i>Lambda</i>	52	8,27%	VOI
<i>Zeta</i>	29	4,61%	**
<i>B.1.621</i>	23	3,66%	
<i>Delta</i>	12	1,91%	VOC
<i>Beta</i>	4	0,64%	VOC
<i>C.36.3</i>	4	0,64%	
<i>B.1</i>	3	0,48%	
<i>Epsilon</i>	3	0,48%	**
<i>B.1.623</i>	3	0,48%	
<i>B.1.1</i>	2	0,32%	
<i>Eta</i>	2	0,32%	VOI
<i>Iota</i>	1	0,16%	VOI
<i>A.2.5</i>	1	0,16%	
<i>A.21</i>	1	0,16%	
<i>B.1.356</i>	1	0,16%	
<i>Otra variante</i>	222	35,29%	
Total	629	100%	

*: Datos hasta el 3 de julio del año 2021

** Zeta y Epsilon: conforme actualización OMS dejan de ser consideradas VOI

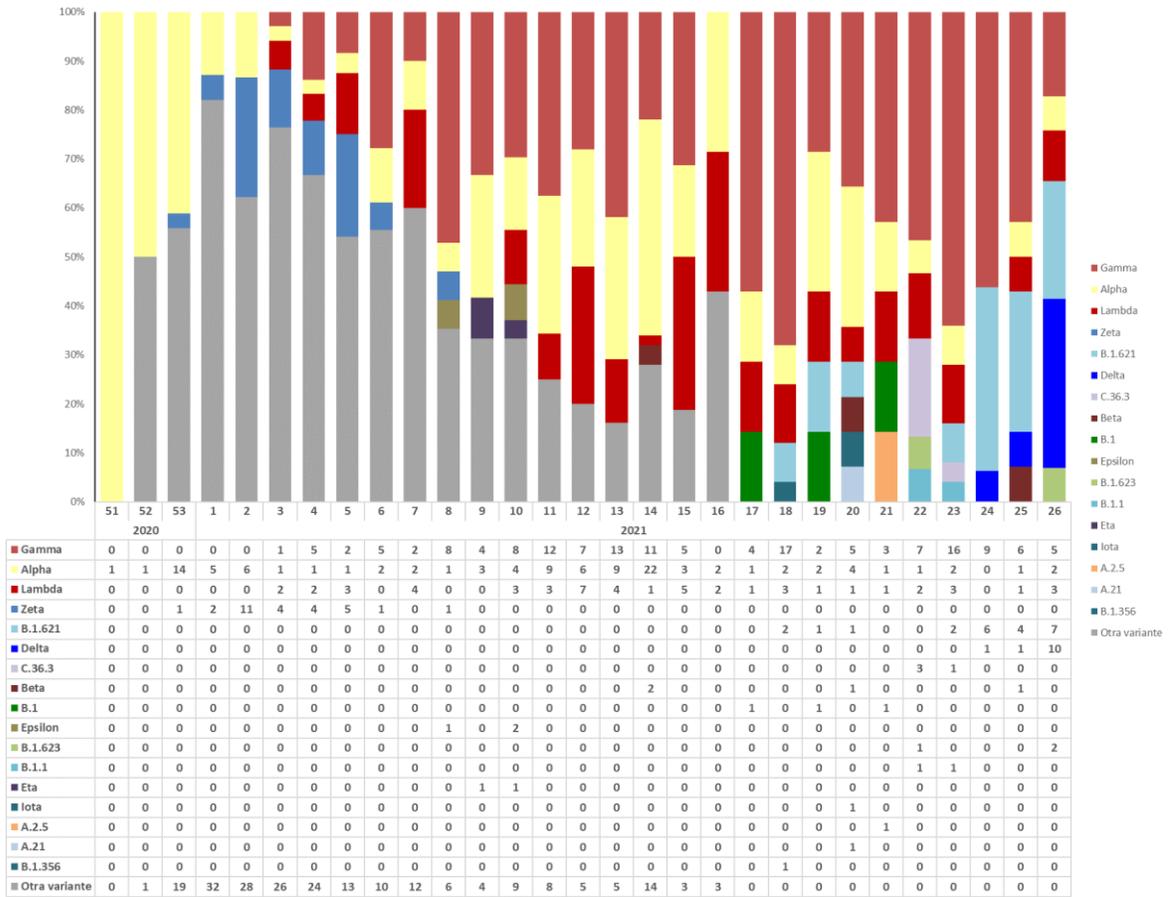
Fuente: Departamento Laboratorio Biomédico Nacional y de Referencia. Instituto de Salud Pública de Chile

Los linajes *Gamma* y *Lambda*, que corresponden a los predominantes en la vigilancia comunitaria, fueron identificados en la vigilancia de fronteras desde la SE N°3 a la fecha. **El linaje *Delta* fue detectado en muestras correspondientes a las SE N° 24, 25 y 26 (n=12),**

Por otra parte, los linajes que solo se han identificado en vigilancia de fronteras son: *Beta*, detectado en las SE N°14 y 20, el linaje *Eta*, detectado en las SE N° 9 y 10, el linaje B.1.356 detectado solo en la SE N°18, el linaje A.21 detectado en la SE N°20 y el linaje C.36.3 en las SE N°22 y 23. A los cuales se agrega la muestra de variante Delta de la SE N°24, informada en vigilancia comunitaria, cuya

investigación epidemiológica indicó que corresponde a un caso de viajero, procedente de EE.UU. (Figura 7).

Figura 7. Distribución porcentual de muestras SARS-CoV-2 correspondientes a vigilancia de aeropuerto, según linajes por semana epidemiológica. Chile, 2021*.



*: Datos hasta el 3 de julio del año 2021.

** Zeta y Epsilon: conforme actualización OMS dejan de ser consideradas VOI

Fuente: Departamento Laboratorio Biomédico Nacional y de Referencia. Instituto de Salud Pública de Chile

5 Síntesis de resultados

- En el periodo comprendido entre el **1 enero hasta 29 de junio**, el Instituto de Salud Pública de Chile ha recibido 4.113 muestras correspondientes a vigilancia comunitaria, de las cuales se secuenciaron **3.275**, lo que equivale al 79,63%. Respecto a la vigilancia de fronteras desde el **13 de diciembre al 3 de julio**, se han recibido 918 muestras de las cuales **629** fueron secuenciadas, lo que equivale al 68,52%.
- Se observa un aumento del número de muestras de la vigilancia comunitaria recibidas, así como el porcentaje de análisis genómico de las mismas, alcanzando un porcentaje nacional de secuenciamiento de **0,35%** del total de casos de SARS-CoV-2 confirmados en el periodo analizado.
- Los resultados de la vigilancia comunitaria según la clasificación OMS, indican que el 54,05% de las muestras secuenciadas por el ISP corresponden a VOC, el 28,73% a VOI y el 17,22% restante corresponde a otros linajes no incorporados en las clasificaciones previamente descritas.
- Mientras que en la vigilancia de fronteras el 44,83% corresponden a VOC y el 8,74% pertenecen a las VOI. El 11,13% restante corresponde a otros linajes (n=10) no incorporados en las clasificaciones previamente descritas y el 35,29% a otras variantes no especificadas.
- En la vigilancia comunitaria, el Departamento Laboratorio Biomédico Nacional y de Referencia ha identificado 72 linajes de SARS-CoV-2 diferentes. **Respecto al informe anterior, no se agregan linajes nuevos.**
- Los linajes más frecuentes de la vigilancia comunitaria fueron: *Gamma* con el 50,08% de las muestras secuenciadas, seguido por *Lambda* con el 28,58% y el linaje B.1.1.348 con el 7,45%. Respecto a la vigilancia de fronteras, los linajes más frecuentes identificados fueron:

Gamma con el 24,96% de las muestras secuenciadas, seguida de *Alpha* con el 17,33% y *Lambda* con el 8,27%.

- En la vigilancia comunitaria, el linaje *Gamma* se registra desde la SE N°3, en esta misma semana fue identificado en la vigilancia de fronteras. Mientras que el linaje *Lambda* fue detectado en vigilancia de fronteras en la SE N° 3 y a partir de la SE N°7 en vigilancia comunitaria. A la fecha, estos dos linajes se identifican en muestras de vigilancia comunitaria procedentes de todas las regiones del país y continúan siendo detectados en muestras de vigilancia de fronteras.
- El linaje B.1.1.348 se detecta en vigilancia comunitaria desde la SE N°2 a la fecha, con disminución de su contribución porcentual respecto al total de muestras secuenciadas desde la SE N°12. Este linaje no ha sido detectado en la vigilancia de fronteras.
- El linaje *Alpha* fue detectado en la vigilancia de fronteras desde la SE N° 51 del año 2020, representando actualmente el 17,33% de esta vigilancia, mientras que en la vigilancia comunitaria se identificó desde la SE N° 5 con disminución de su contribución porcentual desde la SE N° 14.
- Los linajes que solo se han identificado en vigilancia de fronteras son: B.1.351 (detectado en las SE N°14 y 20), linaje B.1.525 (detectado en las SE N° 9 y 10), el linaje B.356 (detectado en la SE N°18), el linaje A.21 (detectado en la SE N°20) y el linaje C.36.3 (detectado en las SE N°22 y 23). **El linaje VOC *Delta* ha sido detectado en las SE N° 24, 25 y 26 (n=13), en muestras correspondientes a viajeros.**
- A nivel comunitario, la vigilancia ha evidenciado el cambio temporal en el tipo de variantes que circulan en Chile. A la fecha los linajes *Gamma* (P.1) y *Lambda* (C.37), son los predominantes.

Anexo N°1: Resumen del impacto fenotípico de las variantes de preocupación (VOC) (5).

Clasificación OMS	Alpha	Beta	Gamma	Delta
Transmisibilidad	Aumento de transmisibilidad y tasa de ataque secundaria.	Aumento de transmisibilidad.	Aumento de transmisibilidad.	Aumento de transmisibilidad y tasa de ataque secundaria.
Severidad de la enfermedad	Aumento del riesgo de hospitalización, posible aumento en riesgo de severidad y mortalidad.	No confirmado, posible aumento del riesgo de mortalidad intrahospitalaria.	No confirmado, posible aumento del riesgo de hospitalización.	No confirmado, posible aumento del riesgo de hospitalización.
Riesgo de reinfección	Se mantiene actividad neutralizante, riesgo similar de reinfección.	Reporte de reducción de la actividad neutralizante, persiste efectividad de la respuesta de células T generada por D614G viral.	Reducción moderada de la actividad neutralizante.	Reducción de la actividad neutralizante.
Impacto en el diagnóstico	Impacto limitado - S gene target failure (SGTF), sin impacto en resultado general en multi target RT-PCR, sin impacto observado en Ag RDTs.	Sin impacto observado en RT-PCR o Ag RDTs.	No reportado a la fecha.	No reportado a la fecha.

Fuente: Elaboración en base a actualización epidemiológica semanal de la OMS N°45. Se presentan resultados comparados con variantes circulando previamente. Se basa en evidencia emergente, incluyendo artículos y reportes no publicados, sin revisión de pares pertenecientes a investigaciones en curso y revisión.

6 Referencias

1. Organización Mundial de la Salud. OMS | Variantes del SARS-CoV-2 [Internet]. WHO. World Health Organization; 2021 [citado 8 de abril de 2021]. Disponible en: <http://www.who.int/csr/don/31-december-2020-sars-cov2-variants/es/>
2. Organización Panamericana de la Salud. Epidemiological Update: Occurrence of variants of SARS-CoV-2 in the Americas (26 January 2021). 2021 [citado 8 de abril de 2021]; Disponible en: <https://iris.paho.org/handle/10665.2/53239>
3. Ministerio de Salud de Chile. Reporte circulación de variantes SARS-CoV-2 en Chile [Internet]. Ministerio de Salud – Gobierno de Chile. 2021 [citado 8 de abril de 2021]. Disponible en: <https://www.minsal.cl/nuevo-coronavirus-2019-ncov/informe-epidemiologico-covid-19/>
4. CDC. COVID Data Tracker [Internet]. Centers for Disease Control and Prevention. 2020 [citado 8 de abril de 2021]. Disponible en: <https://covid.cdc.gov/covid-data-tracker>
5. Ministerio de Salud de Chile. Ord. B51 N2255 del 25 de junio de 2021. Medidas de refuerzo para envío de muestras de casos de SARS-CoV-2 a secuenciamiento.
6. Organización Mundial de la Salud. Coronavirus disease (COVID-19) Weekly Epidemiological Update and Weekly Operational Update [Internet]. 2021. Disponible en: <https://www.who.int/emergencies/diseases/novel-coronavirus-2019/situation-reports>
7. Organización Mundial de la Salud. Tracking SARS-CoV-2 variants [Internet]. 2021. Disponible en: <https://www.who.int/en/activities/tracking-SARS-CoV-2-variants/>