

RED UNIVERSITARIA DE SECUENCIACIÓN GENÓMICA

EXPERIENCIA Y APRENDIZAJES

MARZO 2022





Andrés Couve

Ministro de Ciencia, Tecnología, Conocimiento e Innovación.

Carolina Torrealba

Subsecretaria de Ciencia, Tecnología, Conocimiento e Innovación.

COORDINACIÓN GENERAL
Y EDITORIAL

Matías Caamaño Cifuentes

Oficina de Comunidad y Capacidades Científicas,
MinCiencia

Astrid Harsch Friederichs

Oficina de Comunidad y Capacidades Científicas

María José Caro Díaz

Oficina de Comunidad y Capacidades Científicas

DISEÑO

Pilar Grant Castro

Diseñadora, Equipo de Comunicaciones,
MinCiencia.

RED UNIVERSITARIA DE SECUENCIACIÓN GENÓMICA



EXPERIENCIA Y APRENDIZAJES

MARZO 2022

CONTENIDOS

1. INTRODUCCIÓN	6
2. LA COMISIÓN ASESORA MINISTERIAL CIENTÍFICA PARA EL ESTABLECIMIENTO DE UN SISTEMA DE VIGILANCIA GENÓMICA COVID-19	7
3. CATASTRO DE CAPACIDADES DE SECUENCIACIÓN GENÓMICA VIRAL	8
4. LA RED UNIVERSITARIA DE SECUENCIACIÓN GENÓMICA	9
5. DATOS DESCRIPTIVOS SOBRE LA RED UNIVERSITARIA DE VIGILANCIA GENÓMICA	11
6. FUENTES DE FINANCIAMIENTO DE LA RED	15
7. DATOS DE GENÓMICA VIRAL DEL SARS-COV-2 OBTENIDOS POR MIEMBROS DE LA RED	19
8. CONCLUSIONES Y APRENDIZAJES	23
ANEXOS	26

1. INTRODUCCIÓN

Luego de casi dos años desde que la Organización Mundial de la Salud (OMS) caracterizara al COVID-19 como una pandemia, la expansión de su virus de origen, el SARS-CoV-2, ha sufrido un importante número de mutaciones¹. Este proceso ha traído consigo cambios en la transmisibilidad del virus, en la severidad del cuadro clínico, en la efectividad de las vacunas o de los tratamientos médicos, entre otros efectos, lo que hace necesario que las medidas de salud pública y la forma de abordar la enfermedad y la infección causada tomen en consideración la genómica del virus. Por lo tanto, es fundamental disponer de más y mejor información relativa a la genómica del virus y con ello, poder catastrar la aparición de nuevas variantes mediante mecanismos de vigilancia.

Concordante a lo anterior, el Ministerio de Salud (Minsal) a través de la Resolución Exenta N°403 del 27 de abril de 2021, aprobó un proyecto de vigilancia genómica de SARS-CoV-2 cuyo propósito es fortalecer la vigilancia genómica e integrar a instituciones públicas y privadas del país al sistema de vigilancia en salud pública a través de alianzas estratégicas. Desde este mandato, el Ministerio de Ciencia, Tecnología, Conocimiento e Innovación (MinCien) ha promovido la conformación de una Comisión Asesora Científica Ministerial y una Red Universitaria de Secuenciación

Genómica, la cual tiene como objetivo complementar y apoyar las capacidades de secuenciación genómica que tiene la autoridad sanitaria y así disponer de una mayor cantidad de información respecto a los genomas virales de SARS-CoV-2 presentes en el país.

El siguiente documento tiene por objetivo describir la experiencia y el trabajo de ambas instancias, junto con poner en valor su aporte, desde su conformación, la instalación de capacidades de secuenciación en los laboratorios universitarios y sus resultados en términos de secuenciación genómica y desarrollo científico y tecnológico en el país.

El documento está estructurado de la siguiente forma. Primero, se describe el proceso de creación de la Comisión Asesora Ministerial Científica para el Establecimiento de un Sistema de Vigilancia Genómica COVID-19, el catastro de capacidades al que dio pie y la constitución de la Red Universitaria de Secuenciación Genómica. Posteriormente se realiza un análisis descriptivo de las instituciones pertenecientes a la Red y se ilustra el aporte de ésta tanto en la información genómica del SARS-CoV-2 producida para la autoridad sanitaria, como para la comunidad científica internacional a través de GISAID. Finalmente se plantean algunas conclusiones y aprendizajes sobre el proceso.

¹ Actualmente, la OMS ha establecido la existencia de más de 30 variaciones del virus SARS-CoV-2, no obstante, son tan solo cinco de estas aquellas calificadas como “de preocupación” para la salud pública, según transmisibilidad, virulencia y eficacia de las medidas de salud pública.

2. LA COMISIÓN ASESORA MINISTERIAL CIENTÍFICA PARA EL ESTABLECIMIENTO DE UN SISTEMA DE VIGILANCIA GENÓMICA COVID-19

Con el fin de acompañar el proceso de vigilancia genómica, desde el MinCiencia se creó la Comisión Asesora Ministerial Científica para el Establecimiento de un Sistema de Vigilancia Genómica COVID-19 (en adelante, la Comisión), la cual tiene por objetivo *“asesorar al Ministro de Ciencia, Tecnología, Conocimiento e Innovación en la coordinación y establecimiento de un programa para detectar variantes del SARS-CoV-2 y entregar información en forma estandarizada y centralizada que permita relacionarlas con el comportamiento del virus, con la sensibilidad de los test PCR frente a las variaciones genéticas, la eficacia de las vacunas y otros fines de utilidad para las políticas públicas vinculadas”*². Esta comisión está compuesta por representantes de MinCiencia, de Minsal mediante la Dirección de Planificación Sanitaria (DIPLAS), el Instituto de Salud Pública (ISP) y representantes de instituciones de educación superior. Además, la Comisión tiene la facultad de invitar a representantes de otras instituciones que cuenten o estén en proceso de instalación de capacidades de secuenciación.

Las universidades que inicialmente tuvieron representación en esta Comisión fueron las siguientes:

1. Pontificia Universidad Católica de Chile (PUC)
2. Universidad del Desarrollo (UDD)
3. Universidad Austral (UACH)
4. Universidad Andrés Bello (UNAB)
5. Universidad de Magallanes (UMAG)
6. Universidad de Antofagasta (UANTOF)
7. Universidad de Santiago (USACH)
8. Universidad de Chile (UCHILE)

La conformación de esta Comisión derivó en la elaboración de un catastro de capacidades de secuenciación y una validación, por parte de ISP, de estas capacidades, lo que a la postre daría pie a la conformación de la Red Universitaria de Secuenciación Genómica.

² <https://www.diariooficial.interior.gob.cl/publicaciones/2021/07/24/43010/01/1982047.pdf>

3.

CATASTRO DE CAPACIDADES DE SECUENCIACIÓN GENÓMICA VIRAL

Para complementar los esfuerzos de la autoridad sanitaria en el análisis genómico del virus SARS-CoV-2, la Comisión planteó la necesidad de conocer las capacidades con las que contaba el país a través de laboratorios ligados a universidades y centros de investigación nacionales. Para ello, en enero de 2021, en colaboración con la Sección Genómica y Bioinformática de la Sociedad de Genética de Chile (SOCHIGEN) y el Consorcio Genomas CoV2³, la Comisión acordó realizar un **Catastro de capacidades de secuenciación** con el fin de levantar información sobre laboratorios nacionales ligados a instituciones de educación superior, y sus distintos grados de preparación para realizar esta tarea.

Primero, se establecieron los requerimientos que debían cumplir los laboratorios para evaluar si poseían capacidades de secuenciación. Entre estos requisitos se encontraba la disponibilidad de equipamiento, la capacidad de personal técnico, la tecnología de secuenciación disponible, y la experiencia previa en secuenciación y en procesamiento de muestras humanas.

Así, se identificaron 32 laboratorios pertenecientes a instituciones a lo largo del país que contaban con las herramientas requeridas para contribuir al proceso de vigilancia genómica.

Macrozonalmente, estos laboratorios pertenecientes a universidades se encuentran distribuidos heterogéneamente: tres en la Macrozona Norte, una en la Centro, 18 en la Región Metropolitana, cuatro en la Macrozona Centro-Sur, cinco en la Sur y uno en la Austral. Para el análisis de las secuenciaciones, estos laboratorios utilizan tecnologías Illumina, IonTorrent u Oxford Nanopore Technology (ONT).

3 Coordinado bajo tutela del MinCiencia, el Consorcio reúne los esfuerzos de diversos equipos de investigación como Centros de Excelencia y universidades para generar una base de datos nacional de secuencias del virus. Más información en: <https://www.cov2.cl/>

4.

LA RED UNIVERSITARIA DE SECUENCIACIÓN GENÓMICA

Luego del levantamiento y construcción del catastro, el Instituto de Salud Pública (ISP) requirió que las instituciones que quisieran complementar los esfuerzos de la autoridad sanitaria en materia de secuenciación genómica, enviaran una secuenciación piloto o de prueba equivalente a diez secuencias de muestras virales que serían posteriormente validadas.

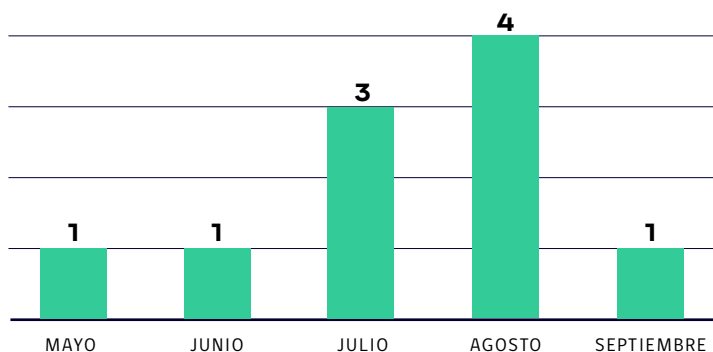
Así, el ISP certificaría la calidad de la técnica empleada, mediante un **Registro de capacidad técnica para la secuen-**

ciación genómica del virus⁴, hecho que permitiría a las instituciones comenzar a secuenciar de manera sostenida y sistemática muestras recibidas del SARS-CoV-2, disponiendo de esa información para la toma de decisiones por parte de la autoridad sanitaria.

La Figura 1 muestra el número de instituciones que recibieron el Registro de Capacidades por parte del ISP según el mes de recepción.

⁴ En el Anexo 2, se detallan los requerimientos exigidos para integrar la Red Universitaria de Secuenciación Genómica de SARS-CoV-2.

FIGURA 1. Número de instituciones pertenecientes a la Red que recibieron el Registro de Capacidades por parte de ISP, por mes del año 2021.



Fuente: Elaboración propia.

Estas instituciones, más otras dos cuyo registro de capacidades aún no ha sido entregado, conforman la Red Universitaria de Secuenciación Genómica, integrándose por las ocho universidades anteriormente mencionadas, junto con la Universidad de Concepción (UdeC), Universidad de la Frontera (UFRO), Universidad de Atacama (UA) y Universidad de Valparaíso (UV), alcanzando presencia en todas las macrozonas del país.

Para la utilización de estas capacidades, las respectivas Seremis de Salud deben derivar muestras hacia los laboratorios universitarios en función de la Estrategia de Vigilancia Genómica llevada a cabo por el Minsal. Luego, cada muestra secuenciada es enviada al Minsal en conjunto con su información epidemiológica para su análisis y registro.

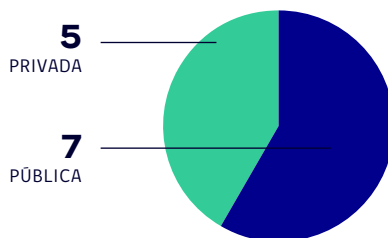
De esta forma la Red, en colaboración con Minsal, otros organismos públicos, instituciones privadas y organizaciones internacionales, ha apoyado y complementado con sus capacidades al programa de vigilancia genómica para la detección y análisis de variantes del SARS-CoV-2 del Minsal, instalando capacidades que permitirán generar conocimiento científico permanente y responder a futuras emergencias.

5. DATOS DESCRIPTIVOS SOBRE LA RED UNIVERSITARIA DE VIGILANCIA GENÓMICA

En esta sección se detallarán algunas características de las instituciones que son parte de la Red Universitaria de Secuenciación Genómica. Los datos expuestos a continuación provienen de una caracterización elaborada por MinCiencia⁵.

En primer lugar, la Figura 2 muestra, por un lado, la región a la cual pertenece cada universidad participante, y por otro, su dependencia. Se observa que, gracias a la Red, se cuenta con al menos un laboratorio universitario para la realización de vigilancia genómica en las regiones de Antofagasta, Atacama, Valparaíso, Biobío, Los Ríos, Araucanía, Magallanes y Metropolitana (en esta última, coexisten cinco laboratorios). Respecto a su dependencia, siete de ellas son consideradas instituciones públicas (UANTOF, UA, UV, UCH, USACH, UFRO, UMAG), y cinco privadas (UDD, UNAB, PUC, UdeC y UACH).

FIGURA 2. Ubicación regional y dependencia de las instituciones pertenecientes a la Red Universitaria de Secuenciación Genómica.



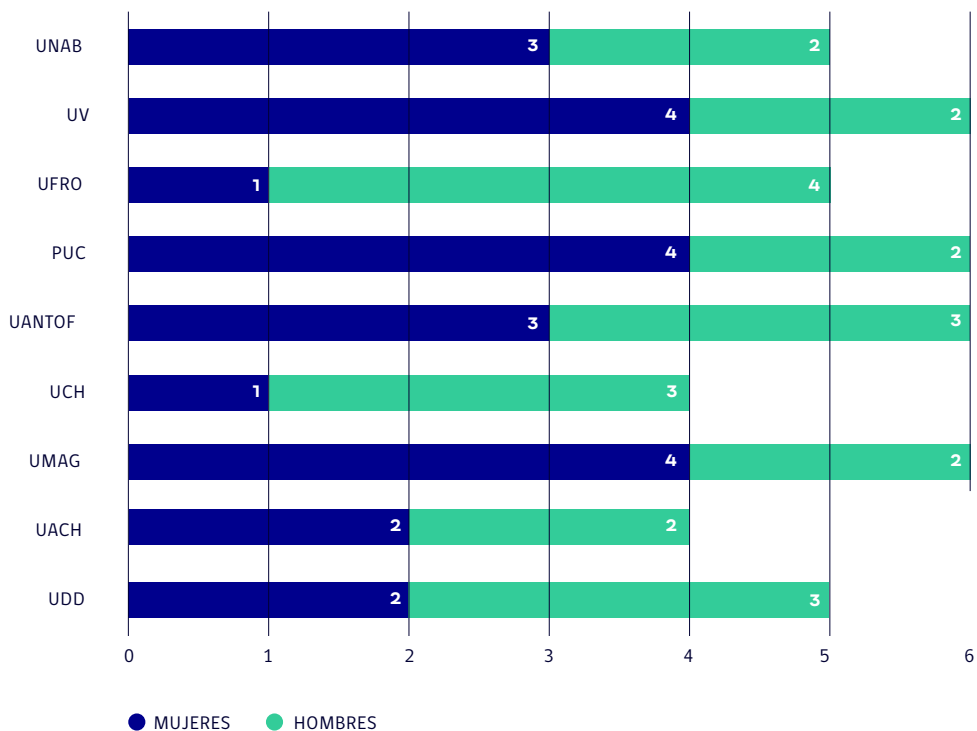
⁵ Desde el MinCiencia se diseñó un cuestionario dirigido a las universidades participantes de la Red, el cual está descrito en el Anexo 1. Al 2 de febrero del 2022, éste fue respondido por 11 de las 12 universidades participantes.

Fuente: Elaboración propia.

Segundo, respecto a la composición del equipo que permite la realización de vigilancia genómica en los distintos laboratorios universitarios, se analizó información relativa al número de integrantes, su género, capacitación y la existencia de trabajo multidisciplinario. En la Figura 3 se ilustra el número y la composición del equipo según género.

En total, son 47 personas que colaboran en actividades de secuenciación genómica en los laboratorios universitarios, 24 mujeres y 23 hombres, lo muestra que, en el agregado, la distribución tiende a ser paritaria. Además, del total de personas colaborando con estas actividades en los laboratorios universitarios, se ha capacitado en el proceso de secuenciación y vigilancia genómica a 26 personas, lo que corresponde al 55,3% del total.

FIGURA 3. Composición de los equipos de trabajo según género

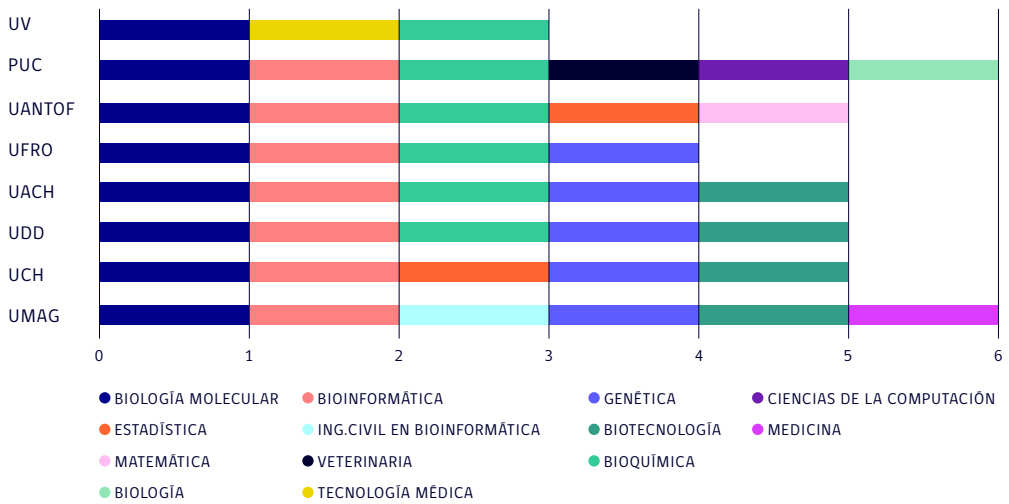


Fuente: Elaboración propia.

En la Figura 4, se observa el número de universidades que declararon contar con un equipo multidisciplinario (ocho). La biología molecular está presente en todos los equipos, siguiendo la bioinformática (siete), bioquímica (seis), genética (cinco) y ciencias de las computación (cuatro) como las profesiones más nombradas.

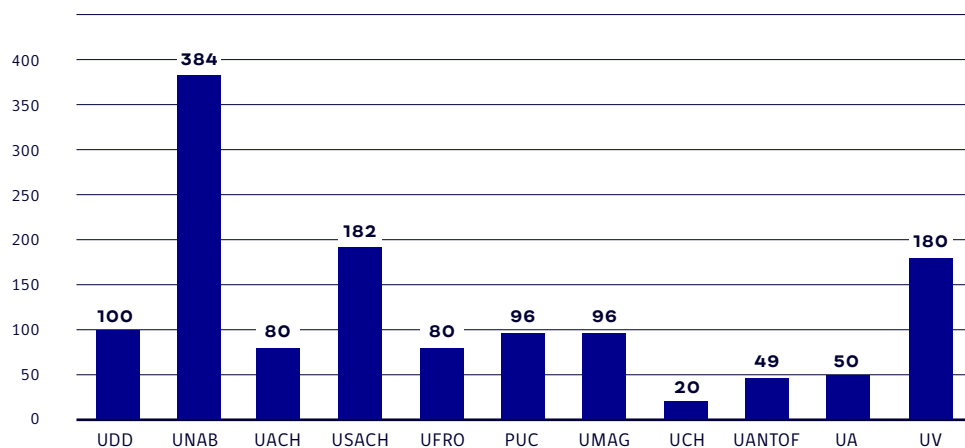
En la Figura 5, se muestra la capacidad máxima de secuenciación genómica por semana y por universidad. En su conjunto la Red con su composición y capacidades actuales podría secuenciar un máximo de 1.326 muestras a la semana.

FIGURA 4. Laboratorios universitarios que presentan equipo multidisciplinario, por disciplina.



Fuente: Elaboración propia.

FIGURA 5. Capacidad máxima de secuenciación genómica por semana, por universidad.

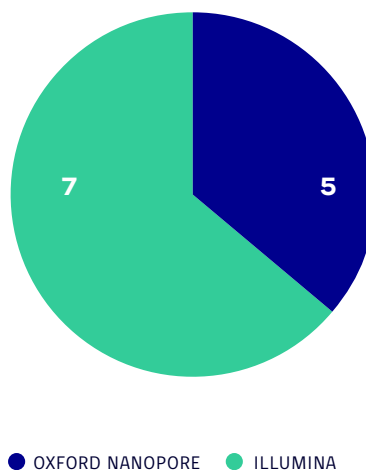


Fuente: Elaboración propia.

Finalmente, la Figura 6 muestra la tecnología utilizada para realizar el análisis de la secuenciación en sus laboratorios universitarios. Se observa que siete de ellas (UDD, UNAB, UACH, USACH, UFRO, UA, UV) utilizan tecnología Illumina (63,6%), mientras que otras cuatro (PUC, UMAG, UCH, UANTOF) usan Oxford Nanopore (36,4%).

A futuro, las capacidades instaladas en los laboratorios universitarios pertenecientes a la Red permitirán la investigación y la generación de conocimiento sobre genómica viral y otros organismos a lo largo de todo Chile. Así, las nuevas herramientas y conocimiento no sólo fortalece el análisis de muestras de SARS-CoV-2, sino también posibilita el estudio de otras enfermedades emergentes como arbovirus, dengue, zika, fiebre amarilla, además del control de agua y otras acciones relacionadas⁶.

FIGURA 6. Tecnologías utilizadas para el análisis de genomas virales por parte de la Red Universitaria de Secuenciación Genómica.



Fuente: Elaboración propia.

⁶ Obtenido de: <https://vigilancia.ispch.gob.cl/app/varcovid>

6. FUENTES DE FINANCIAMIENTO DE LA RED

Para que los laboratorios universitarios pudiesen poner a disposición sus capacidades validadas por el ISP, se propusieron distintos mecanismos de financiamiento, recursos adicionales a aquellos que pudieran disponer las instituciones.

a. Ministerio de Salud.

Minsal realizó un llamado a universidades con capacidades de secuenciación validadas por el ISP para requerir servicios de secuenciación vía convenios entre instituciones. A la fecha, doce universidades han acudido al llamado para la modalidad “compra de servicios”, lo cual les proveerá recursos para realizar la secuenciación, complementando los esfuerzos de la autoridad sanitaria e ISP. Al 25 de enero de 2022, siete universidades han firmado un convenio con Minsal (UANTOF, UV, USACH, UNAB, UCH, UFRO, UMAG).

b. Plan de aceleración de MinCiencia

Con el fin de disponer con celeridad de recursos para la realización de secuenciación genómica por parte de laboratorios universitarios a la espera de la tramitación de los convenios con Minsal, MinCiencia gestionó recursos para estas tareas provenientes de aportes del sector privado. Se entregaron insumos y reactivos para iniciar la operación de secuenciación para procesar entre 3.000 y 4.000 muestras. Estos aportes totalizaron US\$500 mil

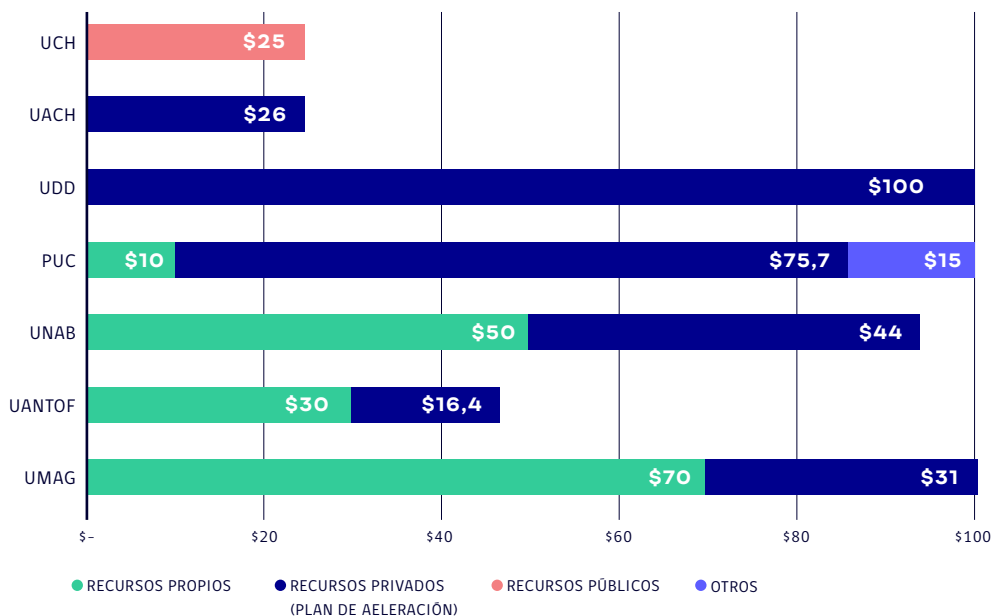
por parte de BHP Billiton (quienes financiaron a la PUC, UMAG y UANTOF) y Anglo American (quienes financiaron a la UDD, UACH y UNAB

En el caso de la UCH, el financiamiento utilizado provino en su totalidad de un proyecto FONDAPE, y en el caso de la PUC, adicional al financiamiento privado, también financió actividades gracias a recursos del National Institutes of Health, organización gubernamental estadounidense. Finalmente, la UNAB, UA y UMAG tuvieron financiamiento mayoritario a partir de recursos propios.

En la Figura 7 se exponen los recursos utilizados a la fecha para realizar secuenciación que fueron auto-reportados por las instituciones pertenecientes a la Red. Estos no consideran el financiamiento proveniente de los convenios con Minsal⁷. La USACH, UFRO y UV declaran no contar con otras fuentes de financiamiento distintas a este acuerdo.

⁷ Esto debido a que, al 31 de enero del 2022, fecha en que se levantó la información, no se habían dispuesto aún recursos provenientes de esta fuente.

FIGURA 7. Financiamiento universidades pertenecientes a la Red para la realización de secuenciación genómica, en millones de pesos.



Fuente: Elaboración propia.

c. Financiamiento de largo plazo - Acuerdos internacionales, MinCiencia y ANID

Para los meses venideros se requiere continuar con los esfuerzos de vigilancia genómica por parte de las universidades de la Red, tanto por motivos de salud pública, como para aprovechar las capacidades instaladas en estas instituciones para realizar investigación científica. En ese sentido, desde MinCiencia se han buscado alternativas para su continuidad.

Primero, en colaboración con ISP, se ha gestionado un acuerdo con el Centro para el Control y la Prevención de Enfermedades (CDC, por sus siglas en inglés), la Emba-

jada de Estados Unidos y la Organización Panamericana de la Salud (OPS), acuerdo que proporcionará equipamientos y capacidades para la secuenciación genómica en el norte del país. Así, durante los próximos meses, laboratorios pertenecientes a las Universidades de Antofagasta, Atacama y Tarapacá recibirán una donación por parte de CDC y OPS de reactivos y equipos de secuenciación equivalentes a US\$238.000⁸.

⁸ A la fecha, las compras de reactivos requeridos por las universidades ya fueron realizadas, y serán entregados próximamente a las instituciones. Luego, arribarán las donaciones de equipo de secuenciación básico. La adquisición de equipos de gran tamaño es más compleja ya que se requiere un proceso competitivo. La OPS está revisando todas las opciones para avanzar en este tipo de adquisición.

Se espera que luego de la entrega de esta donación, se construyan nuevas colaboraciones relacionadas con genómica (enfermedades emergentes, resistencia antimicrobiana, patógenos locales, plantas, entre otras) que permitan consolidar estas capacidades.

Segundo, en función de la Ley de Presupuesto 2022, se propuso generar un mecanismo de financiamiento a estas actividades de investigación mediante el instrumento de la Agencia Nacional de Investigación y Desarrollo (ANID) **“Anillos de Investigación en Ciencia y/o Tecnología: Áreas Temáticas”**⁹. De esta forma, para la próxima convocatoria 2022 se incorporará al área temática de **“Crisis Biológica y Salud Pública”**, el subtema **“Secuenciación genómica viral y de otros microorganismos”**.

Así, proyectos de investigación de frontera que utilicen las capacidades instaladas de los laboratorios universitarios en torno a esta temática, abordados de manera multidisciplinaria, podrán agregar un valor importante al estudio de virus como el SARS-CoV-2 y de otros microorganismos. En ese marco, entre las líneas de investigación que podrían ser abordadas en esta temática se encuentran las siguientes:

⁹ Este instrumento busca fomentar el desarrollo científico y/o tecnológico del país, mediante el financiamiento de proyectos de investigación y desarrollo sustentados en un trabajo colaborativo, amplio y multidisciplinario. Para ello, conforma grupos de investigación científica y/o tecnológica bajo el alero de instituciones nacionales de investigación para responder a aquellos desafíos nacionales que precisen aproximaciones inter-multidisciplinarias. Las instituciones pueden postular en forma individual o asociada y cada proyecto tiene un financiamiento máximo por 3 años por \$450 millones.

- Desarrollo de investigación científica y epidemiológica de manera multidisciplinaria a través del análisis de genomas y secuenciación de muestras de material biológico del virus SARS-CoV-2 que permitan avanzar en el conocimiento sobre las variantes del mismo y los efectos de la pandemia COVID-19.
- Desarrollo de investigación científica y/o tecnológica de manera multidisciplinaria que permita determinar variantes genéticas del virus SARS-CoV-2 mediante mecanismos no convencionales.
- Desarrollo de investigación científica y/o tecnológica de manera multidisciplinaria que permita realizar secuenciación de muestras de material biológico de virus y otros microorganismos de forma masiva mediante mecanismos no convencionales.
- Desarrollo de investigación científica de manera multidisciplinaria a través del análisis de genomas y secuenciación de muestras de material biológico de virus y microorganismos de interés (por ejemplo, virus respiratorios, de transmisión sexual, Hanta, bacterias de relevancia, etc.).
- Desarrollo de investigación científica y/o tecnológica de manera multidisciplinaria referente al análisis de genomas y secuenciación de muestras de material biológico de virus y microorganismos de interés que impactan en los contextos sociales y empresariales regionales.

- Desarrollo de investigación científica y epidemiológica de manera multidisciplinaria a través del análisis de genomas virales y de otros microorganismos mediante mecanismos novedosos de inteligencia artificial.

Además, se buscará establecer algunos de los requerimientos o condiciones especiales exigibles para el mejor aprovechamiento de capacidades de secuenciación nacionales, como que los procesos de secuenciación genómica se hagan en cada una de las instituciones y no tercerizando ese tipo de insumos; que los laboratorios universitarios en los cuales los/as investigadores/as ejercen sus funciones cuenten con el Registro de Capacidades Genómicas entregado por el ISP; que exista integración territorial de la capacidad de secuenciación genómica instalada a nivel regional, con el fin de conformar polos de investigación referentes e incentivos especiales para investigadores/as adscritos a universidades de regiones más extremas; y disposición de datos de secuenciación de datos en forma abierta.

7. DATOS DE GENÓMICA VIRAL DEL SARS-COV-2 OBTENIDOS POR MIEMBROS DE LA RED

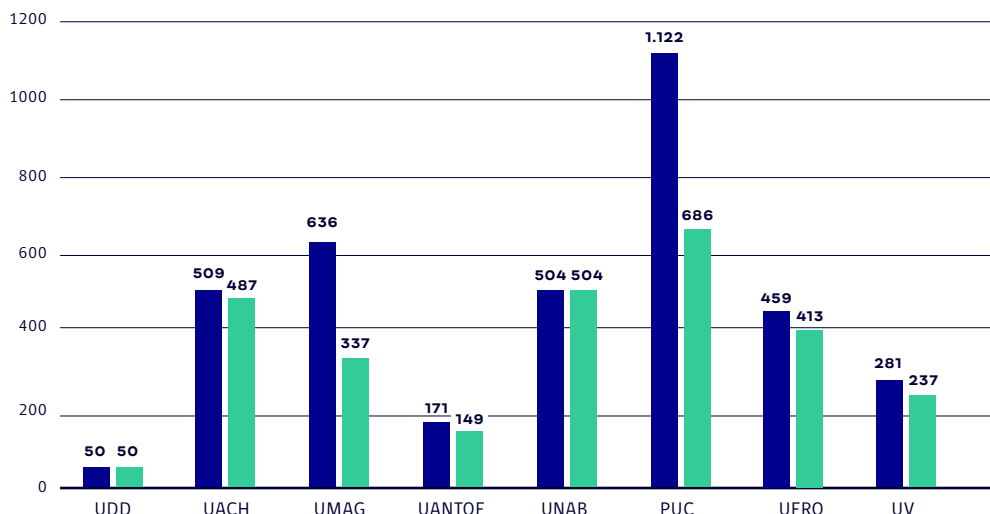
El siguiente apartado describe, desde distintas fuentes de información, el aporte de la Red al proceso de vigilancia genómica del virus SARS-CoV-2.

a. Formulario MinCiencia

La Figura 8 muestra información desde el formulario auto-reportado anteriormente descrito¹⁰. En síntesis la Red ha realizado 3.732 secuenciaciones, siendo 2.843 de ellas enviadas al Minsal para su reportería (un 76,2%).

¹⁰ Del total de instituciones pertenecientes a la Red, 10 de ellas participaron entregando información mediante esta vía.

FIGURA 8. Secuenciaciones realizadas y enviadas al Minsal, entre abril del 2021 y enero del 2022.



Fuente: Elaboración propia.

b. Ministerio de Salud (Minsal)

La información relativa a secuenciación genómica provista por Minsal se encuentra plasmada en el Informe Epidemiológico de Vigilancia Genómica del SARS-CoV-2 que se publica de manera periódica. Este se realiza con el objetivo de entregar información actualizada de las variantes de preocupación (VOC) y las variantes de interés (VOI)¹¹ presentes en el país.

Desde el 22 de diciembre de 2020, fecha del primer caso registrado asociado a variantes, la estrategia ha sido realizar vigilancia y monitoreo principalmente a viajeros que arriban al país, y a una porción del contagio comunitario. La primera, se realiza a la totalidad de los viajeros

en los puntos de entradas aéreas, terrestres y marinos al país. La segunda, es un muestreo aleatorio, representativo¹², implementada en grupos *especiales* (con influencia de criterios clínicos y epidemiológicos) y, adicionalmente, fortaleciendo el análisis de circulación nacional en laboratorios, hospitales centinelas y otros establecimientos públicos y privados, como los laboratorios universitarios.

Dada la estrategia de Vigilancia Genómica, la Tabla 1 ilustra el número total de secuencias realizadas entre el 22 de diciembre de 2021 y el 7 de febrero de 2022. Con un total de 23.711 muestras secuenciadas, la Red Universitaria contribuyó con 2.519 de ellas, aportando con un 10,6% del total de las secuenciaciones¹³.

11 Esta nomenclatura es establecida por la Organización Mundial de la Salud (OMS). <https://www.who.int/es/activities/tracking-SARS-CoV-2-variants>

12 Esta selección debe tener en cuenta que no todas las muestras proceden del mismo origen. Por ejemplo, al formar parte de un mismo brote. Obtenido de: https://www.minciencia.gob.cl/uploads/filer_public/d5/59/d559bc9f-b6d8-4cdc-9762-69b2b59d1509/res_exenta_n_403_proyecto_vigilancia_econ_sars.pdf

13 Entre el 22 de diciembre de 2020 y el 7 de febrero de 2022, se han analizado 67.880 muestras de casos confirmados de SARS-CoV-2.

TABLA 1. Resumen de variantes y linajes obtenidos del análisis de secuenciación genómica entre el 22 de diciembre de 2021 - 7 de febrero de 2022.

CATEGORÍA	ISP	UNAB	UACH	UFRO	UMAG	UV	UANTOF	USACH	PUC	TOTAL
VOC	13.612	407	447	413	252	177	134	183	0	15.625
VOI	2.408	23	40	11	48	0	6	9	23	2.568
LINAJE Y OTRAS VARIANTES	5.172	78	24	76	8	40	72	42	6	5.518
TOTAL	21.192	508	511	500	308	217	212	234	29	23.711

Fuente: Elaboración propia en base a Informe Epidemiológico N°24 de Minsal, obtenido de https://www.minsal.cl/wp-content/uploads/2022/02/Informe_Variantes-N%C2%B024.pdf

c. Instituto de Salud Pública (ISP)

El ISP es el principal laboratorio de secuenciación genómica viral del país. Para el virus SARS-CoV-2, el ISP ha recibido muestras de casos positivos tanto de la vigilancia comunitaria como de aquella realizada en la frontera. Además, otros laboratorios que complementan este trabajo, como aquellos ligados a las universidades de la Red, deben reportar esta información tanto a Minsal como al Instituto. Este último, mediante un informe de variantes publicado periódicamente reporta esta información a la comunidad.

En esa línea, ISP ha reportado que, entre enero 2021 y enero de 2022, la Red Universitaria ha enviado a ISP un total de 1.896¹⁴ secuenciaciones obtenidas desde diferentes regiones del país, tal como se muestra en la Tabla 2. Lo anterior equivale al 10,6% del total secuenciado y reportado por ISP.

14 Minsal e ISP muestran diferencias en el total de secuenciaciones realizadas por la Red debido al rango de fechas en que éstas están registradas por cada autoridad. El Minsal ha registrado las secuenciaciones de la Red entre 22 de diciembre del 2021 y el 7 de febrero de 2022, mientras que el ISP entre enero del 2021 y enero del 2022.

TABLA 2. Número de muestras secuenciadas por laboratorios universitarios informadas al ISP al 8 de enero de 2022.

REGIÓN	UNAB	UACH	UFRO	USACH	UV	UMAG	UANTOF	TOTAL
ANTOFAGASTA							104	104
COQUIMBO				165				165
VALPARAÍSO	1				177			178
METROPOLITANA	497							497
O'HIGGINS				25				25
LA ARAUCANÍA			415					415
LOS RÍOS		153						153
LOS LAGOS		278						278
MAGALLANES						81		81
TOTAL	498	431	415	190	177	81	104	1.896

Fuente: Elaboración propia en base a Informe de variantes SARS-CoV-2 del ISP, obtenido de: <https://vigilancia.ispch.gob.cl/app/varcovid>

d. GISAIID

GISAIID es una plataforma científica online que proporciona acceso abierto a datos genómicos de virus como el de la influenza y SARS-CoV-2 a nivel mundial para la comunidad académica y público general. Además, emplea herramientas para asignar clados y linajes filogenéticos a las secuencias genéticas (ADN), es decir, identifica las variantes de los virus lo cual, en relación a la rapidez de mutación del virus SARS-CoV-2, ha sido esencial para captar a tiempo nuevas variaciones.

Entre el 1 de enero del 2020 al 22 de enero del 2022, Chile ha contribuido a la red global de vigilancia genómica del virus SARS-CoV-2 un total de 18.325 secuencias. En la Tabla 3 se expone la cantidad de secuencias incorporadas por institución, según el laboratorio que realiza la secuenciación y su posterior análisis, y el mes de la muestra obtenida. Se observa que la Red Universitaria proporciona un porcentaje importante de secuenciaciones, con 4.612 secuenciaciones enviadas, que equivalen a un 25% del total. De este porcentaje, la PUC y la UNAB han aportado 33% y 24%, respectivamente.

TABLA 3. Número de secuenciaciones subidas a la plataforma GISAIID desde el 1 enero de 2020 al 22 de enero de 2022.

LAB	2020	2021												2022	TOTAL	
		ENE	FEB	MAR	ABR	MAY	JUN	JUL	AGO	SEP	OCT	NOV	DIC			
INNOVOLAB				3	3											4
UCH	79															79
UANTOF			2	2	1				9	10	1	37	72			134
UV		1										31	142	62		236
USACH					6	8	6	4	28	39	55	79	29			254
UMAG	39				29	29	58	41	50	1	10	55	59	1		372
UFRO									19	63	215	103	15			415
UACH								36	53	100	219	79				487
UNAB	43	1	1	2	162	156	199	69	133	98	236	1				1.101
PUC	325	29	54	35	62	76	81	86	122	215	192	173	84			1.534
ISP	762	121	122	319	673	919	1.169	1.309	1.759	2.684	2.016	1.009	847			13.709
TOTAL	1.248	152	179	361	934	1.188	1.513	1.545	2.173	3.210	2.975	1.678	1.168	1		18.325

Fuente: Elaboración propia en base a información extraída desde GISAIID, obtenido de: <https://www.gisaid.org/>

8. CONCLUSIONES Y APRENDIZAJES

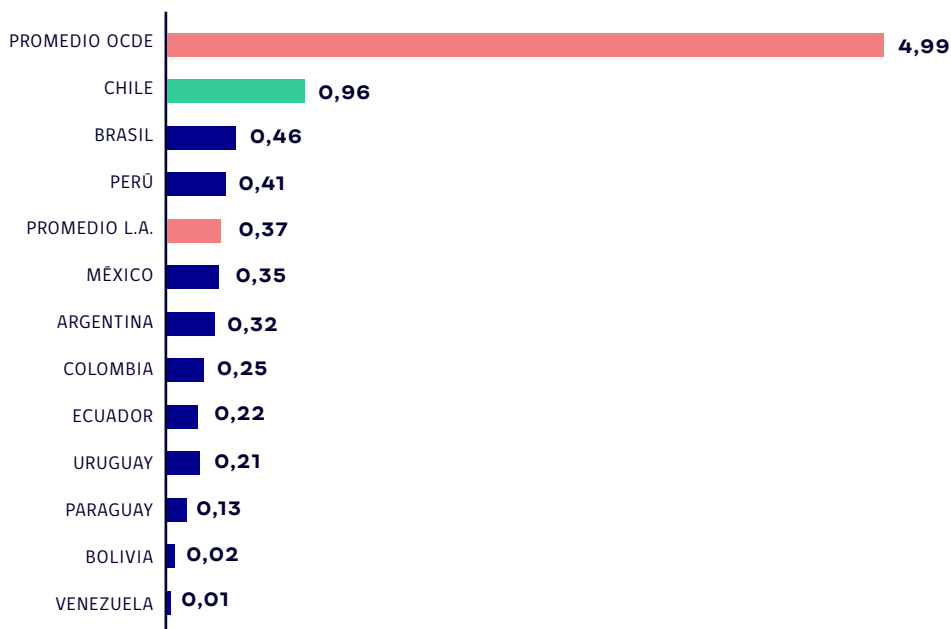
La vigilancia genómica ha cobrado especial relevancia global con la aparición de nuevas variantes que se deben identificar y estudiar para la toma de decisiones en salud pública, debido a que éstas pueden tener incidencia en el comportamiento del virus. En ese sentido, es de suma importancia contribuir como país a la tarea de detectar tempranamente nuevas e incipientes variantes. En ese contexto, MinCiencia crea la Comisión Asesora Ministerial Científica para el Establecimiento de un Sistema de Vigilancia Genómica COVID-19.

Esta Comisión Asesora estuvo a cargo de coordinar y articular a la comunidad científica nacional, a través de los laboratorios universitarios para establecer un sistema de vigilancia descentralizado en la figura de la **Red Universitaria de Secuenciación Genómica**. La Red ha permitido acelerar y complementar el trabajo del ISP, potenciando el seguimiento de variantes y desconcentrando el análisis en distintas regiones del país. Esta colaboración academia-Estado ha posibilitado un mayor entendimiento del comportamiento del virus y sus variantes, generando información para una preparación y respuesta adecuada ante la emergencia por parte de la autoridad sanitaria.

Por otro lado, tanto la Red como el ISP han disponibilizado datos de secuenciación genómica del virus SARS-CoV-2 de forma centralizada, estandarizada y abierta para su aprovechamiento científico, colaborando a nivel global mediante la plataforma GISAID. Así, a través de este esfuerzo, el país ha potenciado su reputación científica internacional debido a la importancia de atenerse a estrictas y rigurosas estructuras de registro de datos abiertos.

Para cuantificar ese aporte, en la Figura 9 se muestra el número de secuenciaciiones virales por cada 1.000 habitantes que han subido a dicha plataforma los países de latinoamérica, y el promedio de los países pertenecientes a la OCDE. Se observa que Chile lidera esta estadística a enero 2022 con 0,96 secuencias por cada 1.000 habitantes, siendo el promedio de latinoamérica de 0,37. Asimismo, el promedio de la OCDE es de 4,99. Lo anterior muestra que los esfuerzos realizados a nivel local por la autoridad sanitaria y los laboratorios pertenecientes a la Red están por sobre el resto de los países de latinoamérica, pero a distancia del mundo desarrollado.

FIGURA 9. Secuenciaciones genómicas del virus SARS-CoV-2 subidas a la plataforma GISAID por cada 1.000 habitantes, países de latinoamérica y promedio OCDE, desde enero 2020 a enero 2022



Fuente: Elaboración propia en base a información extraída desde GISAID y Data World Bank (para población).

Esto da cuenta de la importancia de seguir potenciando este tipo de actividades tanto a nivel de lo que pueda hacer el ISP, como otros laboratorios independientes, incluyendo aquellos pertenecientes a universidades. Es por ello que ANID buscará, a lo largo de 2022, entregar financiamiento de mediano plazo mediante el instrumento Anillos de Ciencia y Tecnología para la conformación de grupos de investigación multidisciplinarios asociados a genómica viral. Estos recursos darán pie a la realización de investigación de vanguardia relacionada con otras enfermedades emergentes como arbovirus, fiebre amarilla o control de agua y otras.

Ligado a lo anterior, la Comisión a través de la Red logró instalar capacidades de capital humano e infraestructura en los laboratorios universitarios, incentivando el desarrollo científico y tecnológico del país.

Entre las oportunidades de mejora asociados a este proceso, se da cuenta de la importancia de la disposición de datos genómicos vinculados a información epidemiológica, lo que permitiría realizar un análisis más profundo del estado de la pandemia y la propagación del virus.

Además, existen posibilidades de perfeccionar los procesos de entrega de muestras desde Minsal, representado por las distintas Seremis de Salud a lo largo de todo Chile, hacia los laboratorios que complementan estos esfuerzos. Una mejor coordinación para la derivación de muestras permitirá un uso más eficiente de la capacidad instalada a lo largo de todo el país. Finalmente, mantener un proceso activo de vigilancia genómica permitirá detectar y actuar oportunamente frente a mutaciones o variantes novedosas que puedan surgir primeramente en el país o la región, contribuyendo así al trabajo de vigilancia que se realiza a nivel mundial con capacidades autónomas.

La pandemia sigue en curso y la evolución y mutaciones del virus SARS-CoV-2 no cesan. Por lo mismo, la vigilancia genómica que se realice tanto desde ISP, laboratorios independientes y aquellos vinculados a universidades debe ser ampliada y potenciada. Su continuidad es vital para seguir aportando en generar más y mejor información para la toma de decisiones de salud pública y con ello, cuidar a la población con mayor efectividad.

ANEXOS



ANEXO 1.

FORMULARIO REALIZADO POR MINCIENCIA

TABLA 4. Descripción de indicadores requeridos por MinCiencia.

Nº	INDICADOR	MEDICIÓN
0	¿A qué universidad pertenece?	Pontificia Universidad Católica de Chile (PUC) Universidad del Desarrollo (UDD) Universidad Austral (UACH) Universidad Andrés Bello (UNAB) Universidad de Magallanes (UMAG) Universidad de Antofagasta (UANTOF) Universidad de Concepción (UdeC) Universidad de Santiago (USACH) Universidad de Chile (UCHILE) Universidad de la Frontera (UFRO) Universidad de Atacama (UA) Universidad de Valparaíso (UV)
1	Región donde se ubica la Universidad	Nº
2	Dependencia de la Universidad	Pública Privada
3	¿Comenzó el proceso de secuenciación genómica piloto para validación del Instituto de Salud Pública (ISP)?	Sí No
4	Indique la fecha de inicio de proceso de secuenciación genómica piloto del ISP	MM/DD/AAAA
5	¿Recibió el registro de capacidades técnicas por parte de ISP?	Sí No
6	Indique la fecha de recepción de registro de capacidad técnica por parte de ISP	MM/DD/AAAA
7	¿Participó en el llamado para firma de convenio con Minsal?	Sí No
8	¿Firmó el convenio con Minsal?	Sí No
9	Indique la fecha de firma convenio con Minsal.	MM/DD/AAAA
10	Montos totales transferidos, a la fecha, por parte de Minsal en el marco del convenio firmado. (De no haber transferido indicar con un 0).	Nº
11	¿Recibe o utiliza otro tipo de financiamiento (distinto al proveniente del convenio con Minsal) para realizar la secuenciación?	Sí No
12	¿La fuente de este otro financiamiento es recursos propios ?	Sí No
12.1	Indique monto de financiamiento proveniente desde recursos propios.	Nº
13	¿La fuente de este otro financiamiento es recursos del sector privado ?	Sí No
13.1	Si su respuesta es sí, indique la/s instituciones que le brindó/brindaron estos recursos.	\$

N°	INDICADOR	MEDICIÓN
13.2	Indique monto proveniente desde recursos del sector privado	Nº
14	¿La fuente de este otro financiamiento es otros recursos del sector público ?	Nº
14.1	Si su respuesta es sí, indique la/s institución/es que le brindó/brindaron estos recursos.	\$
14.2	Indique monto de financiamiento proveniente desde otros recursos del sector público.	Nº
15	¿La fuente de este otro financiamiento es otra distinta a las anteriores ?	Sí No
15.1	Si su respuesta es sí, indique la/s institución/es que le brindó/brindaron estos recursos.	\$
15.2	Indique monto de financiamiento proveniente desde otras fuentes distintas a las anteriores.	Nº
16	¿Cuántas secuenciaciones fueron realizadas en el mes de abril 2021 ?	Nº
17	¿Cuántas secuenciaciones fueron realizadas en el mes de mayo 2021 ?	Nº
18	¿Cuántas secuenciaciones fueron realizadas en el mes de junio 2021 ?	Nº
19	¿Cuántas secuenciaciones fueron realizadas en el mes de julio 2021 ?	Nº
20	¿Cuántas secuenciaciones fueron realizadas en el mes de agosto 2021 ?	Nº
21	¿Cuántas secuenciaciones fueron realizadas en el mes de septiembre 2021 ?	Nº
22	¿Cuántas secuenciaciones fueron realizadas en el mes de octubre 2021 ?	Nº
23	¿Cuántas secuenciaciones fueron realizadas en el mes de noviembre 2021 ?	Nº
24	¿Cuántas secuenciaciones fueron realizadas en el mes de diciembre 2021 ?	Nº
25	¿Cuántas secuenciaciones fueron realizadas en el mes de enero 2022 ?	Nº
26	¿Cuántas secuenciaciones fueron enviadas al Minsal en el mes de abril 2021 ?	Nº
27	¿Cuántas secuenciaciones fueron enviadas al Minsal en el mes de mayo 2021 ?	Nº
28	¿Cuántas secuenciaciones fueron enviadas al Minsal en el mes de junio 2021 ?	Nº
29	¿Cuántas secuenciaciones fueron enviadas al Minsal en el mes de julio 2021 ?	Nº
30	¿Cuántas secuenciaciones fueron enviadas al Minsal en el mes de agosto 2021 ?	Nº
31	¿Cuántas secuenciaciones fueron enviadas al Minsal en el mes de septiembre 2021 ?	Nº
32	¿Cuántas secuenciaciones fueron enviadas al Minsal en el mes de octubre 2021 ?	Nº

N°	INDICADOR	MEDICIÓN
33	¿Cuántas secuenciaciones fueron enviadas al Minsal en el mes de noviembre 2021 ?	Nº
34	¿Cuántas secuenciaciones fueron enviadas al Minsal en el mes de diciembre 2021 ?	Nº
35	¿Cuántas secuenciaciones fueron enviadas al Minsal en el mes de enero 2022 ?	Nº
36	¿Cuál es el número de secuenciaciones totales realizadas a la fecha?	Nº
37	¿Cuál es el número de secuenciaciones totales enviadas al Minsal a la fecha?	Nº
38	¿Cuál es el número de secuenciaciones totales subidas a la plataforma GISAIID?	Nº
39	En su institución, ¿Cuántas personas integran el equipo trabajando en secuenciación, a la fecha?	Nº
39.1	¿Cuántas mujeres trabajan en el equipo de secuenciación mencionado?	Nº
40	¿Ha capacitado a parte de su equipo para poder ejecutar las acciones de secuenciación genómica? (ej. Biología Molecular, Bioinformática y otros)?	Sí No
40.1	¿Cuál es el número de personas capacitadas?	Nº
41	Del equipo de trabajo indicado, ¿Es un equipo multidisciplinario	Sí No
42	¿Qué disciplinas se encuentran en su equipo?	Biología Molecular Genética Ciencia de la computación Matemática Estadística Bioquímica Química Ingeniería Civil en Bioinformática Previsionista de riesgo Abogado/a Bioinformática Otra
43	¿Cuál es la capacidad máxima de secuenciación por semana?	Nº
44	¿Qué tecnología utilizan para analizar la secuenciación?	Ilumina Oxford Nanopore

ANEXO 2.

PROTOCOLO PARA INTEGRAR LA RED UNIVERSITARIA DE SECUENCIACIÓN GENÓMICA DE SARS-COV-2¹⁵.

Los laboratorios universitarios que se integrarán al proceso de vigilancia genómica liderado por el ISP debían considerar los siguientes aspectos:

- Exigencia de requerimientos de infraestructura acorde al nivel de bioseguridad requerido, junto con personal auxiliar, técnico y profesional debidamente capacitado para realizar las labores con el máximo estándar de calidad y seguridad.
- Cada laboratorio deberá realizar el análisis bioinformático del producto de la secuenciación, junto con identificar los parámetros de calidad de cada corrida, generar el correcto ensamblaje del genoma y determinación de los clados/linajes de cada una de las muestras, de acuerdo con las nomenclaturas adoptadas por la plataforma GISAID.
- Una vez obtenido el genoma completo de SARS-CoV-2 de las muestras enviadas a cada laboratorio de genómica, se deberá enviar a Minsal e ISP un reporte que incluya una tabla con nombre de paciente, fecha de toma de muestra, clados y linajes obtenidos. Para ello, se deben utilizar mecanismos que aseguren la confidencialidad, integridad, resiliencia, seguridad en el acceso y transmisión de la información.
- Cada laboratorio deberá incorporar las secuencias obtenidas a la plataforma GISAID con la metadata comprometida. Cualquier resultado obtenido del análisis de mutaciones en las secuencias que indique alguna sospecha de una nueva variante chilena, deberá ser comunicada a Minsal e ISP, de forma inmediata.

¹⁵ Obtenido de: https://www.minciencia.gob.cl/uploads/filer_public/d5/59/d559bc9f-b6d8-4cdc-9762-69b2b59d1509/res_exenta_n_403_proyecto_vigilancia_econ_sars.pdf



**MINISTERIO DE CIENCIA,
TECNOLOGÍA, CONOCIMIENTO
E INNOVACIÓN**

www.minciencia.gob.cl