

Reporte
Circulación de variantes SARS-CoV-2 en Chile
Abril 2021

Departamento de Epidemiología



Resumen

- En Chile al 09 de abril se han identificado 124 casos de la variante B.1.1.7. De ellos 54 corresponden a viajeros, 65 a casos comunitarios y 5 a casos secundarios de viajeros.
- Los casos de variante B.1.1.7 se distribuyen entre las regiones de Arica y Parinacota, Tarapacá, Antofagasta, Atacama, Coquimbo, Valparaíso, Metropolitana de Santiago, O'Higgins, Maule, Ñuble, BíoBio, Araucanía, Los Ríos y Los Lagos.
- A la fecha se han reportado 156 casos de la variante P.1 de ellos, 64 corresponden a viajeros, 89 a casos comunitarios y 3 a casos secundarios de viajeros.
- Los casos de variante P.1 se distribuyen entre las regiones de Antofagasta, Coquimbo, Valparaíso, Metropolitana de Santiago, O'Higgins, Maule, Ñuble, BíoBio, Los Lagos y Magallanes.

Antecedentes

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 durante el proceso de replicación, y tienen menores tasas de mutaciones comparado con otros como Influenza o VIH. A medida que el SARS-CoV-2 se ha extendido por el mundo, ha acumulado mutaciones en el genoma viral. Los investigadores han examinado estas mutaciones para estudiar la caracterización de los virus y comprender la epidemiología y sus patrones de transmisión. Desde la identificación inicial del SARS-CoV-2, hasta el 22 de marzo de 2021, se han compartido, a nivel mundial, más de 845.000 secuencias genómicas completas a través de bases de datos de acceso público (GISAID). Según la última actualización epidemiológica de la OPS/OMS, existen tres que deben ser consideradas como “variantes de preocupación” (VOC, por sus siglas en inglés) desde el punto de vista de la salud pública: la variante VOC 202012/01 linaje B.1.1.7, la variante P.1 linaje B.1.1.28 y la variante 501.V2 linaje B.1.351 (OPS/OMS 24/03/21). Su importancia radica en el aumento en 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. Además, la OMS ha definido otras variantes como “variantes de interés” (VOI, por sus siglas en inglés), dentro de las cuales ha considerado hasta el 23 de marzo de 2021 a las siguientes: B.1.525, B.1.427/B.1.429 y B.1.1.28 (P.2).

La vigilancia de estas nuevas variantes es fundamental debido a que podrían impactar en los métodos de diagnóstico, en las terapias disponibles, en la carga y severidad o incluso en la respuesta con vacunas. La reducción de la capacidad de neutralización de alguna de estas nuevas variantes, podría eventualmente desencadenar escape de inmunidad, eventos de reinfección y baja respuesta ante la vacunación (CDC, marzo 2021).

El 14 de diciembre de 2020 el Reino Unido (UK) notificó la detección de una variante del virus SARS-CoV-2 denominada SARS-CoV-2 VOC 202012/01, cuyas características biológicas y epidemiológicas indicaban un nuevo linaje viral, llamado B.1.1.7. Esta variante tiene una mutación en la región de unión al receptor de la proteína Spike en la posición 501, reemplazando un aminoácido asparagina por una tirosina. Estudios preliminares indicaron que esta mutación y nueva variante del virus parece ser significativamente más transmisible que otras, con un potencial estimado de aumento del número reproductivo (R) de 0,4 o más, y con una transmisibilidad aumentada estimada de hasta el 70%. Estudios recientes han documentado que las personas infectadas con esta variante SARS-CoV-2 VOC 202012/01 (B.1.1.7) tienen un mayor riesgo de fallecer (letalidad) que las personas infectadas con otras variantes (OPS/OMS, 26/01/21). Hasta el 23 de marzo de 2021, 125 países/territorios a nivel global han reportado importación de la variante SARS-CoV-2 VOC 202012/01, y 28 países/territorios en las Américas han notificado casos, incluyendo a Chile.

Otra variante de relevancia internacional es la llamada P.1 de linaje B.1.1.28.1. El 9 de enero de 2021, Japón notificó a la OMS sobre esta nueva variante de SARS-CoV-2, detectada en cuatro viajeros procedentes de Brasil. Fue identificada en Manaus, Estado de Amazonas, en diciembre de 2020. Esta variante, que difiere de la británica, tiene 17 mutaciones únicas, incluidas tres en el dominio de unión al receptor de la proteína Spike: K417T, E484K y N501Y. Una mutación específica de P.1 llamada D614G, la cual también se encuentra en la variante B.1.1.7 y B.1.351, da la capacidad de propagarse más rápidamente que los virus sin la mutación. Existe evidencia que sugiere que algunas de las mutaciones en la variante P.1 pueden afectar su transmisibilidad y perfil antigénico, lo que a su vez podría afectar la capacidad de respuesta de los anticuerpos generados a través de una infección natural previa o mediante vacunación para reconocer y neutralizar el virus, pero aún se necesitan estudios adicionales (CDC, 28/01/2021).

Durante los últimos meses, se registró un aumento de la variante P.1 en Manaus, Brasil, constituyendo el 52,2% (n = 35/67) de los casos tipificados de SARS-CoV-2 en diciembre de 2020 y en enero de 2021, esta proporción aumentó a 85% (n = 41/48). Hasta el 23 de marzo de 2021, 41 países/territorios han notificado casos de variante P.1 linaje B.1.1.28, incluyendo 15 en las Américas (OPS/OMS, 24/03/2021).

A medida que ha ido evolucionando la pandemia por la COVID-19, también se han ido descubriendo nuevas variantes, que están suscitando interés para la salud pública, en el contexto de la pandemia por la COVID-19. Estas variantes de interés (VOI) se caracterizan por tener cambios fenotípicos y causar transmisión comunitaria. En el 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.

En muchas de las VOI se desconoce su verdadero impacto en la transmisión viral, en la severidad de la enfermedad o en la inmunidad. Sin embargo, el motivo de preocupación de estas, radica en la presencia de mutaciones que son importantes en otras variantes. Entre ellas, la variante P.2, notificada el 12 de enero de 2021, contiene una de las mutaciones más relevantes en E484K, la cual es compatible con la reducción de la capacidad de neutralización¹. Esta variante ha presentado una dispersión geográfica en Río de Janeiro (Brasil) y casos aislados en otros países relacionados con incidencia en viajeros.

Dentro de otras variantes de interés reportadas se encuentra la B.1.525 (Nigeria), con mutaciones en E484K, F888L, Q677H, y la deleciónl 69-70 de la proteína Spike, compatibles con la reducción de la capacidad de neutralización, y con dispersión en Dinamarca, Reino Unido, Países Bajos, Noruega y Estados Unidos. Se ha reportado la variante B.1.429 (California) (CAL.20C), con mutaciones L425R, S13I, W152C compatibles con aumento de la transmisión viral. En relación a esta variante se describió un fuerte aumento de casos entre los meses de noviembre y diciembre 2020 en en el sur de California.

La variante B.1.526 (Nueva York) presenta mutaciones en E484K, A701V D253G compatibles con reducción de la capacidad de neutralización. Esta variante ha tenido una rápida expansión en el

¹ Evaluación rápida de riesgo. Circulación de variantes de SARS-Cov-2 de interés para la salud pública en España. Actualización al 4 de marzo de 2021.

área metropolitana de Nueva York, Estados Unidos. La variante C.16 tiene mutaciones relevantes en L425R asociada con una posible reducción de la capacidad de neutralización y con una expansión geográfica en Portugal desde noviembre 2020. La variante A.23.1, presenta mutaciones en F157L, V367F, Q613H, P681R compatibles con aumento de la transmisión, detectados principalmente en Reino Unido y con escasos casos notificados en otros países. En Finlandia, apareció la variante Fin-796H, la cual presenta mutaciones similares a las observadas en B.1.17 y B.1.351. En reportes iniciales sobre esta última variante se alertaba sobre una posible menor efectividad de la RT-PCR, pero ha sido descartado.

Métodos

En Chile, desde hace varios meses se realiza vigilancia de virus respiratorios, incluyendo el SARS-CoV-2. Desde diciembre de 2020 se amplía este monitoreo a las muestras positivas que provienen de la Búsqueda Activa de Casos que se realiza en el Aeropuerto Internacional Arturo Merino Benítez, y en marzo de 2021, el ISP aumenta sus capacidades secuenciando una mayor cantidad de muestras provenientes de la vigilancia de laboratorio, además de muestras de pacientes o grupos con pertinencia 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. Luego, se añadió la secuenciación genómica, por parte del ISP, en toda muestra positiva de viajeros.

La otra vía para el monitoreo de variantes de SARS-CoV-2 la constituye la red de hospitales centinela de la vigilancia de influenza y virus respiratorios del ISP. Esta estrategia consiste en el envío semanal al ISP de muestras aleatorias representativas a nivel regional de pacientes confirmados por SARS-CoV-2, principalmente hospitalizados y casos de relevancia epidemiológica.

Este informe incluye un reporte de las variantes de SARS-CoV-2 detectadas en Chile desde el inicio de la vigilancia, considerando el monitoreo realizado en el aeropuerto “vigilancia de viajeros”, vigilancia centinela de laboratorios y hospitales (públicos y privados), casos de relevancia epidemiológica y clínica “vigilancia comunitaria” y posibles casos secundarios de ambos grupos (vigilancia de viajeros y comunitaria).

Circulación variantes SARS-CoV-2 de importancia en salud pública en Chile

1. Vigilancia de viajeros

Variante B.1.1.7

El 22 de diciembre de 2020 se detectó el primer caso sospechoso de la variante de SARS-CoV-2 VOC 202012/01 (B.1.1.7) en Chile, en base a una muestra tomada en aeropuerto dirigida a viajeros procedentes de países de riesgo; el 28 de diciembre de 2020 fue confirmado mediante el estudio de secuenciación realizado por el ISP. Al 09 de abril de 2021, se reportaron 54 casos de la variante B.1.1.7 en viajeros y 5 casos secundarios a estos. Del total de casos importados, 53 de ellos fueron viajeros ingresados a través del Aeropuerto AMB, provenientes de México, España, Reino Unido, Estados Unidos, Brasil, Panamá, Perú, Colombia, Italia, Alemania, Jordania, Cabo Verde, Emiratos Árabes Unidos y Francia. Y un viajero ingresó por paso fronterizo no habilitado del norte del país proveniente de Venezuela.

El 78% de los casos correspondieron a personas de nacionalidad chilena. El 51% son hombres y el 68% de los casos fueron adultos, entre 20 y 39 años. El 73% de los casos fueron asintomáticos; el 5% requirió hospitalización, todos internados en unidades básicas para tratamiento y aislamiento, sin registrarse fallecidos a la fecha. En cuanto al lugar de residencia, estos casos se distribuyeron entre las regiones de Tarapacá, Antofagasta, Atacama, Coquimbo, Valparaíso, Metropolitana de Santiago, Lib. Gral. Bernardo O'Higgins, Maule, Ñuble, BíoBío, Araucanía, Los Ríos y Los Lagos (Figura 1).

Figura 1. Distribución de casos confirmados de COVID-19 de viajeros con variante B.1.1.7 por región. Chile al 9/04/21



Fuente: Sistema de notificación obligatoria EPIVIGILA Ministerio de Salud. Declaración Jurada de viajeros C19.cl.

Variante P.1

El Instituto de Salud Pública informó por primera vez la secuenciación de la variante P.1 en Chile el 30 de enero de 2021, en base a una muestra tomada en aeropuerto dirigida a viajeros procedentes de países de riesgo; el arribo al país de esta variante se generó el 23 de enero proveniente de Brasil. A la fecha, se han reportado 64 casos de la variante P.1 en viajeros y 3 casos secundarios a estos. Todos los casos importados ingresaron al país a través del Aeropuerto AMB, en vuelos provenientes de Brasil, México, Perú, Panamá y Paraguay.

El 82% de los casos corresponden personas de nacionalidad chilena. El 51% son mujeres y el 82% de los casos corresponden a adultos entre 20 y 39 años. El 52% de los casos son asintomáticos; el 4% requirió hospitalización y sólo uno de ellos fue internado en unidad de paciente crítico. Se notifica un adulto mayor de 76 años fallecido el día 03 de abril de 2021, residente de la región del Maule. En cuanto al lugar de residencia, estos casos se distribuyen entre las regiones de Antofagasta, Coquimbo, Valparaíso, Metropolitana, Lib. Gral. Bernardo O'Higgins, Maule, Ñuble, Biobío, Los Lagos y región de Magallanes y Antártica chilena. (Figura 2).

Figura 2. Distribución de casos confirmados de COVID-19 de viajeros con variante P.1 por región. Chile al 9/04/21



Fuente: Sistema de notificación obligatoria EPIVIGILA Ministerio de Salud. Declaración Jurada de viajeros C19.cl.

Tabla 1: Número de muestras secuenciadas de casos COVID-19 en viajeros confirmados y casos secundarios con variantes B.1.1.7 y P.1, y porcentajes de sintomatología y hospitalización según región.

Región	B.1.1.7			P.1.		
	N	Sintomáticos %	Hospitalización %	N	Sintomáticos %	Hospitalización %
Arica y P.	0	-	-	0	-	-
Taparacá	1	-	-	0	-	-
Antofagasta	1	100	-	1	-	-
Atacama	1	-	-	0	-	-
Coquimbo	3	33	-	2	100	-
Valparaíso	4	-	-	6	67	-
Metropolitana	36	28	-	44	41	7
O'Higgins	1	-	-	3	-	-
Maule	7	43	29	5	80	-
Ñuble	1	-	-	1	100	-
Biobio	1	-	-	2	50	-
Araucanía	1	100	-	0	-	-
Los Ríos	1	-	100	0	-	-
Los Lagos	1	-	-	2	100	-
Aysen	0	-	-	1	-	-
Magallanes	0	-	-	0	-	-
Total	59	27	5	67	48	4

La región Metropolitana concentró la mayor cantidad de viajeros con variantes tanto B.1.1.7 y P.1, con un porcentaje de casos sintomáticos de un 28% y 41% y de hospitalizados de 0% y 7% respectivamente.

2. Vigilancia comunitaria

Del total de muestras que se han secuenciado para esta vigilancia nacional mediante la red de hospitales centinela y el envío semanal al ISP de muestras aleatorias además de las muestras secuenciadas del laboratorio UC-Christus, el porcentaje de variantes de importancia para la salud pública para cada mes es de un 0% para el mes de enero, 10% en febrero, 35% en marzo y 49% en abril.

Durante el mes de enero, de las 87 muestras secuenciadas de casos COVID-19 confirmados se detectaron 6 casos confirmados correspondientes a variante B.1.1.7 y ninguno para la variante P.1 (Tabla 2). En el mes de febrero se secuenciaron 133 muestras de casos COVID-19 de las cuales se detectaron 10 casos (8%) de variante B.1.1.7 y 3 casos (2%) de variante P.1 (Tabla 2). Los casos de variante B.1.1.7 se distribuyeron entre las regiones de Coquimbo, Metropolitana y Ñuble, con un promedio de edad de 40,3 años y el 50% de los casos correspondieron a mujeres. En el mismo periodo en cuanto a la variante P.1, los tres casos se distribuyeron en las regiones de Valparaíso y Maule, con un promedio de edad de 50,6 años.

En el mes de marzo, se aumentó la secuenciación en un 129% respecto al mes anterior de la vigilancia comunitaria en Chile. De las 304 muestras secuenciadas, 36 (12%) fueron casos con variante B.1.1.7 y 70 (23%) correspondían a casos con variante P.1 (Tabla 2). El 92% de los casos con variante B.1.1.7 pertenecía a la región Metropolitana. El promedio de edad de estos casos fue de 40,8 años y el 50% fueron mujeres. Respecto a la variante P.1, un 66% de los casos se identificaron en la región Metropolitana, mientras que el resto de los casos se distribuyeron en las regiones de Tarapacá, Valparaíso, Maule, Ñuble, Araucanía y Los Lagos. El promedio de edad de estos casos fue de 41,2 años y el 56% eran mujeres.

Desde el 1 al 8 de abril, se han secuenciado 60 muestras de casos COVID-19 confirmados, de las cuales 13 (22%) correspondieron a casos con variante B.1.1.7 y 16 (27%) a casos con variante P.1 (Tabla 2). Los casos de variante B.1.1.7 se localizaron en las regiones de Antofagasta, Metropolitana, Ñuble, Biobío y Los Lagos. Para la variante P.1, los casos se distribuyeron entre las regiones de Arica y Parinacota, Metropolitana, Maule, y Los Lagos. El promedio de edad de estos casos fue de 47,8 años y el 56% correspondieron a mujeres.

A la fecha ha fallecido 1 caso comunitario con variante B.1.1.7 y 2 casos comunitarios con variante P.1. En total, sumado a los casos fallecidos de viajeros con estas variantes, a la fecha han fallecido 1 caso con variante B.1.1.7 y 3 casos con la variante P.1

Tabla 2: Número de muestras secuenciadas de casos COVID-19 confirmados por región, mes y variantes, procedente de vigilancia comunitaria. Chile al 9 de abril de 2021

Región	Enero			Febrero			Marzo			Abril			Total n
	B.1.1.7 n (%)	P.1 n (%)	Muestras secuenciadas*	B.1.1.7 n (%)	P.1 n (%)	Muestras secuenciadas*	B.1.1.7 n (%)	P.1 n (%)	Muestras secuenciadas*	B.1.1.7 n (%)	P.1 n (%)	Muestras secuenciadas*	
Arica y P.	-	-	-	0 (0)	0 (0)	3	1 (25)	0 (0)	4	0 (0)	7 (58)	12	19
Tarapacá	0 (0)	0 (0)	6	0 (0)	0 (0)	3	0 (0)	11 (79)	14	-	-	-	23
Antofagasta	-	-	-	0 (0)	0 (0)	7	-	-	-	1 (100)	0 (0)	1	8
Atacama	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Coquimbo	-	-	-	1 (50)	0 (0)	2	-	-	-	-	-	-	2
Valparaíso	0 (0)	0 (0)	1	0 (0)	1 (25)	4	0 (0)	3 (75)	4	-	-	-	9
Metropolitana	6 (11)	0 (0)	57	8 (9)	0 (0)	89	33 (16)	46 (23)	204	6 (40)	3 (20)	15	365
O'Higgins	0 (0)	0 (0)	5	-	-	-	-	-	-	-	-	-	5
Maule	0 (0)	0 (0)	5	0 (0)	2 (29)	7	0 (0)	4 (17)	23	0 (0)	3	10	45
Ñuble	-	-	-	1 (20)	0 (0)	5	1 (11)	1 (11)	9	2 (50)	0 (0)	4	18
Biobío	0 (0)	0 (0)	1	0 (0)	0 (0)	9	0 (0)	0 (0)	8	2 (17)	0 (0)	12	30
Araucanía	0 (0)	0 (0)	5	0 (0)	0 (0)	2	0 (0)	2 (17)	12	-	-	-	19
Los Ríos	-	-	-	-	-	-	1 (20)	0 (0)	5	-	-	-	5
Los Lagos	0 (0)	0 (0)	7	-	-	-	0 (0)	3 (18)	17	2 (33)	3 (50)	6	30
Aysén	-	-	-	0 (0)	0 (0)	2	0 (0)	0 (0)	3	-	-	-	5
Magallanes	-	-	-	-	-	-	0 (0)	0 (0)	1	-	-	-	1
Total general	6 (7)	0 (0)	87	10 (8)	3 (2)	133	36 (12)	70 (23)	304	13 (22)	16 (27)	60	584

Fuente: Ministerio de Salud de Chile, Instituto de Salud Pública y Red de Univesidad Católica de Chile. No se dispuso de muestras de todas las regiones en todos los meses. * Número total de muestras secuenciadas.

Fe de erratas: Se agregaron 6 casos confirmados de variante B.1.1.7 correspondientes al mes de enero en la tabla 2.

Otras variantes de interés (VOI)

- Desde el 18 de enero de 2021 se han informado 32 casos con la variante P.2 (Rio de Janeiro, Brasil). 26 de ellos son viajeros provenientes de Brasil, Estados Unidos, Colombia, Brasil y México; y 6 casos comunitarios identificados a través de la vigilancia regional. Los casos se distribuyen entre las regiones de Antofagasta, Atacama, Coquimbo, Valparaíso, Metropolitana, O'Higgins, Maule, Ñuble y Biobío. El 75% de los casos corresponden a Chilenos, el 66% son hombres y el 50% corresponden a adultos entre 20 y 39 años; 53% asintomáticos, el 19% fueron hospitalizados y no se registran fallecidos.
- El 03 de marzo de 2021 se informa por primera vez la secuenciación de la variante B.1.427/429 (California, Estados Unidos). A la fecha se han reportado 9 casos, 3 de ellos viajeros ingresados a través del aeropuerto AMB proveniente de Estados Unidos y 6 casos comunitarios identificados por vigilancia regional. Los casos se distribuyen entre las regiones de Valparaíso, Metropolitana, O'Higgins, Maule, Biobío, Los Lagos y Aysén. Todos de nacionalidad chilena; seis corresponden a mujeres y el rango de edad se encuentra entre los 21 y 60 años; ocho casos sintomáticos, sin hospitalizados ni fallecidos.
- El 09 de marzo de 2021 se informa la variante B.1.525 (Nigeria) desde ISP. A la fecha se han reportado 2 casos, ingresados por el aeropuerto AMB proveniente de Brasil y Colombia, con residencia en la región Metropolitana y la región del Bío-bío. Corresponden a dos viajeros de nacionalidad chilena y colombiana, de 23 y 26 años, ambos sintomáticos, sin hospitalización y ninguno de ellos fallecidos.
- El 22 de marzo de 2021, se informa desde ISP la secuenciación de la variante B.1.526 (Nueva York), detectado a través de la vigilancia regional. Corresponde a chilena de 28 años de la región de Antofagasta, asintomática sin requerimientos de hospitalización.

Comentarios finales

Es importante para nuestro país, América y el mundo, mantener una vigilancia genómica de SARS-CoV-2 que contribuya a la generación de datos e información actualizada sobre las nuevas variantes del virus SARS-CoV-2. Chile es uno de los países que colabora en la recolección de datos y estudios genómicos de COVID-19 para la OMS en Latinoamérica y cuenta además con un protocolo para viajeros que implica tener un registro y seguimiento de los casos positivos de COVID-19 con nuevas variantes que ingresan al país. Las medidas adoptadas para el seguimiento de viajeros, como el testeo con resultado examen PCR negativo de máximo 72 horas antes de ingresar a Chile, cuarentena obligatoria para viajeros de cualquier país de procedencia, la estrategia BAC en el aeropuerto, el aislamiento de casos y la vigilancia genómica son fundamentales para prevenir y evitar la propagación de variantes de SARS-CoV-2 en el país.

La emergencia de nuevas variantes que pueden influir en los métodos de diagnóstico, en la capacidad de respuesta terapéutica, en la tasa de infectividad y carga de enfermedad, en la severidad reflejada en hospitalizaciones o muerte, hace que sea fundamental la vigilancia genómica.

En Chile, existen medidas relacionadas con el fortalecimiento de la vigilancia de variantes genómicas de relevancia en Salud Pública, en un trabajo conjunto de varias entidades, incluyendo el Ministerio de Salud, el Ministerio de Ciencias, el Instituto de Salud Pública y un grupo de universidades con la que se espera ampliar las capacidades actuales a través de este trabajo colaborativo. Todos estos mecanismos, en conjunto con las medidas no farmacológicas que se implementan, son fundamentales para el control de la pandemia por COVID-19. Actualmente, se está trabajando en el desarrollo de un programa vigilancia genómica, liderado por el Ministerio de Salud, en conjunto con ISP y Ministerio de Ciencias para fortalecer las capacidades de secuenciamiento a nivel nacional.

Se agradece la colaboración del laboratorio de la RED UC CHRISTUS por el envío permanente de reportes de vigilancia genómica.

Bibliografía

1. Centers for Disease Control and Prevention. Emerging SARS-CoV-2 Variants. CDC, 28 de enero de 2021. Disponible en: <https://www.cdc.gov/coronavirus/2019-ncov/more/science-and-research/scientific-brief-emerging-variants.html>
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: <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: <https://www.paho.org/es/documentos/actualizacion-epidemiologica-ocurrencia-variantes-sars-cov-2-americas-26-enero-2021>
4. Organización Panamericana de la Salud / Organización Mundial de la Salud. Actualización epidemiológica: Enfermedad por Coronavirus (COVID-19). 9 de febrero de 2021, Washington, D.C.: OPS/OMS; 2021. Disponible en: <https://www.paho.org/es/documentos/actualizacion-epidemiologica-enfermedad-por-coronavirus-covid-19-9-febrero-2021>
5. Organización Panamericana de la Salud/Organización Mundial de la Salud. Actualización epidemiológica: enfermedad por coronavirus (COVID-19). 11 de marzo de 2021, Washington, D.C.:OPS/OMS;2021.
6. Organización Panamericana de la Salud / Organización Mundial de la Salud. Variantes de SARS-CoV-2 en las Américas. 24 de marzo de 2021, Washington, D.C. OPS/OMS. 2021.
7. Centers for Disease Control and Prevention. SARS-CoV-2 Variant Classifications and Definitions. Última actualización: 24 de marzo de 2021. Disponible en: <https://www.cdc.gov/coronavirus/2019-ncov/cases-updates/variant-surveillance/variant-info.html>.
8. Centers for Disease Control and Prevention. About Variants of the Virus that Causes COVID-19. Última actualización: 2 de abril de 2021. Disponible en: <https://www.cdc.gov/coronavirus/2019-ncov/transmission/variant.html>.