

Informe Epidemiológico
Circulación de variantes SARS-CoV-2 en Chile
al 11 de junio de 2021

Departamento de Epidemiología



Resumen

En Chile, a través del programa de vigilancia genómica, se han secuenciado un total de 2.811 casos confirmados de SARS-CoV-2 entre el 22 de diciembre de 2020 y el 11 de junio de 2021, detectándose variantes de preocupación (VOC) en un 46,7% (n=1.312) y variantes de interés en Salud Pública (VOI) en un 2,2% (n=61) del total de muestras de casos. Otros linajes secuenciados corresponden al 51,1% (n=1.438).

En cuanto a las variantes de preocupación se mantiene predominio de variante GAMMA con el 37,4% (n=1.051) y un 9,2% la variante ALFA (n=258). No se detecta la variante DELTA a la fecha de este informe (ver Anexos).

Respecto a los otros linajes, C.37 es el más frecuente con un 24,9% (n=700), seguido de B.1.348 con 8,5% (n=240), los cuales en coordinación con el Instituto de Salud Pública se mantienen en seguimiento por presentar mutaciones de interés (ver Anexos).

En relación a la distribución regional de casos secuenciados en mayo destaca la concentración de casos de la variante GAMMA en la región Metropolitana (RM) y Arica. Respecto al linaje C.37, los casos se concentran también en RM y se observa un aumento de este linaje en la región del Maule.

Antecedentes generales

Desde la identificación inicial del SARS-CoV-2, hasta el 11 de junio de 2021, se han compartido, a nivel mundial, más de 1.900.000 secuencias genómicas completas a través de bases de datos de acceso público (GISAID¹).

La Organización Mundial de la Salud (OMS) ha definido nuevas etiquetas para las "variantes de preocupación" (VOC, por sus siglas en inglés) y "variantes de interés" (VOI, por sus siglas en inglés).

	Etiqueta	Linaje
Variante de Preocupación (VOC)	ALFA	B.1.1.7
	BETA	B.1.351
	GAMMA	P.1
	DELTA	B.1.617.2
Variantes de Interés (VOI)	ETA	B.1.525
	EPSILON	B.1.427/B.1.49
	ZETA	P.2
	THETA	P.3
	IOTA	B.1.526
	KAPPA	B.1.617.1

Fuente: Organización Mundial de la Salud (2021)

¹ La Iniciativa GISAID promueve el intercambio rápido de datos de todos los virus de la influenza y el coronavirus que causa el COVID-19. Esto incluye la secuencia genética y datos clínicos y epidemiológicos relacionados asociados con virus humanos, y datos geográficos y específicos de especies asociados con virus aviarios y otros virus animales, para ayudar a los investigadores a comprender cómo evolucionan y se propagan los virus durante epidemias y pandemias. <https://www.gisaid.org>

La vigilancia de estas nuevas variantes es fundamental debido a que su continua circulación impacta a nivel de Salud Pública e individual respecto a los métodos diagnósticos y terapéuticos empleados, en la severidad clínica y la consecuente demanda asistencial, e incluso en el nivel de efectividad y duración de la inmunidad de las diferentes formulaciones de vacunas para SARS-CoV-2. La reducción de la capacidad de neutralización de alguna de estas nuevas variantes puede eventualmente desencadenar escape de inmunidad, eventos de reinfección y baja respuesta ante la vacunación (CDC, marzo 2021).

Mayores especificaciones sobre la metodología de confección del presente reporte y tablas de resultados en extenso están disponibles en el informe complemento del Reporte (Anexos).

Panorama de mayo de 2021

Durante el mes de mayo 2021 el Instituto de Salud Pública de Chile (ISP), secuenció 996 genomas completos de SARS-CoV2 y junto a la contribución de la Red UC CHRISTUS (resultados mediante RT-qPCR de variantes), se analizaron un total de 1.059 muestras, de las cuales se identificaron 599 muestras de variantes VOC (56,6%); la variante GAMMA fue identificada en 557 muestras distribuidas a nivel nacional, concentrándose mayormente en la región Metropolitana (n=204) y en la región de Arica y Parinacota (n=76); la variante ALFA fue identificada en 51 muestras, distribuidas a lo largo de todo el territorio nacional, a excepción de las regiones de Ñuble, Los Lagos y Magallanes, presentándose en mayor proporción en la región Metropolitana (n=13). La variante BETA, fue identificada en una muestra correspondiente a una persona de la región Metropolitana.

Se identificaron tres muestras de variantes de interés de para la salud pública (VOI) (0,3%). Dos corresponden a variante IOTA en residentes de la región de Valparaíso y Metropolitana de Santiago. Se detecta la variante ZETA en un residente de la región de Valparaíso.

En cuanto a otros linajes, durante el mes de mayo se detectaron 290 muestras del linaje C.37 (27,4%), identificándose entre la región de Arica y Parinacota hasta la región de Aysén; la mayor concentración de muestras se identificó en las regiones Metropolitana de Santiago (n=51) y región del Maule (n=42). El linaje B.1.1.348 se identificó en 43 muestras (4,1%) correspondientes a habitantes de las regiones de Arica (n=33), Valparaíso, Maule, Biobío y Los Lagos. Cabe señalar que los 33 casos de Arica se relacionan con un brote institucional. Por último, el linaje B.1.621 del cual se identificaron 9 muestras (0,9%), se concentraron principalmente en la región Metropolitana (n=5).

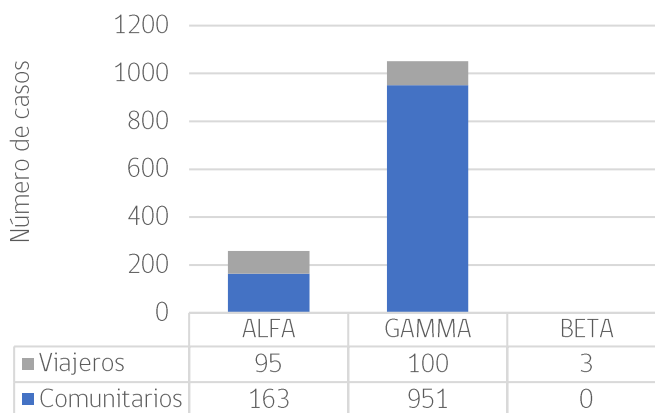
Situación nacional actual

Al 11 de junio de 2021 se han analizado a nivel nacional 2.811 muestras de casos confirmados de SARS-CoV-2 que han amplificado para realizar análisis genómico.

Las variantes de preocupación (VOC) se presentan en un 46,7% (n=1.312) y las de interés en Salud Pública (VOI) en un 2,2% (n=60) del total de muestras de casos secuenciados.

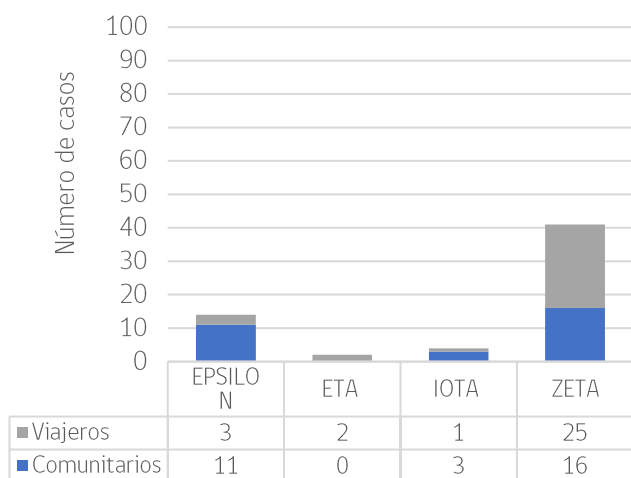
En cuanto a las VOC (Gráfico N°1) su principal variante es GAMMA, que representa un 80,1% del total de VOC y un 37,4% del total secuenciado. Respecto a las VOI (Gráfico N°2) su principal variante es ZETA, que representa un 67,2% del total de VOI, y un 1,5% del total de casos.

Gráfico n°1: Distribución de VOC según variante y condición de viajero/comunitario. Chile, 22 diciembre 2020-11 junio 2021*



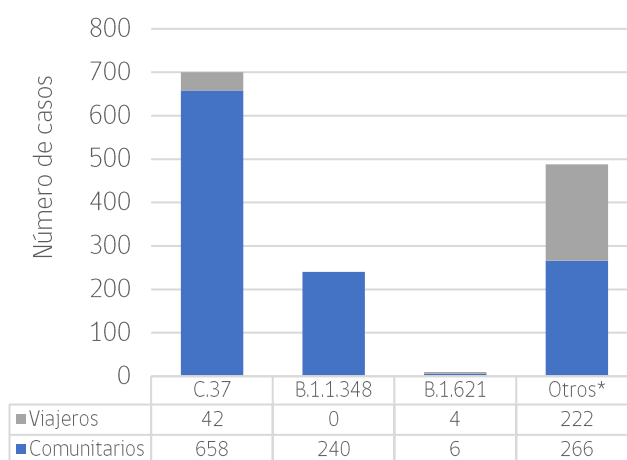
*Datos provisorios al 11 de junio de 2021
Fuente: Instituto de Salud Pública, Sistema de notificación obligatoria EPIVIGILA Ministerio de Salud. Declaración Jurada de viajeros C19.cl. Viajeros: incluye casos secundarios asociados a viajeros.

Gráfico n°2: Distribución de VOI según variante y condición de viajero/comunitario. Chile, 22 diciembre 2020-11 junio 2021*



*Datos provisorios al 11 de junio de 2021
Fuente: Instituto de Salud Pública, Sistema de notificación obligatoria EPIVIGILA Ministerio de Salud. Declaración Jurada de viajeros C19.cl. Viajeros: incluye casos secundarios asociados a viajeros.

Gráfico n°3: Distribución de Otros Linajes según variante y condición de viajero/comunitario. Chile, 22 diciembre 2020-11 junio 2021*



*Datos provisorios al 11 de junio de 2021
Fuente: Instituto de Salud Pública, Sistema de notificación obligatoria EPIVIGILA Ministerio de Salud. Declaración Jurada de viajeros C19.cl. Viajeros: incluye casos secundarios asociados a viajeros.

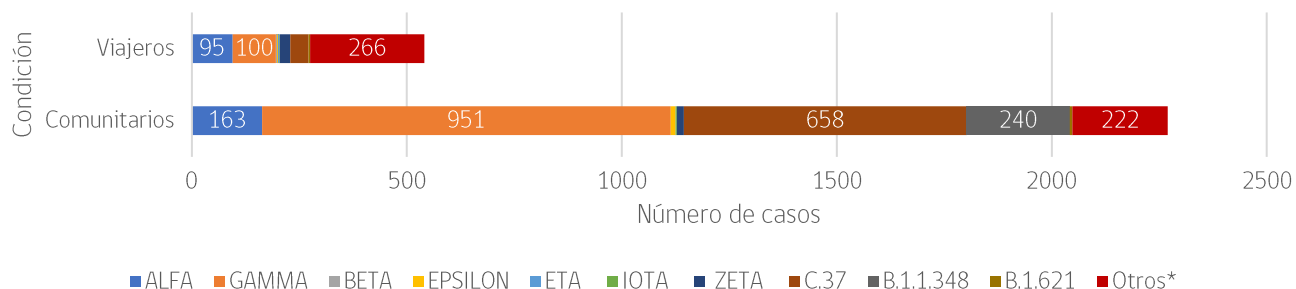
Y respecto a otros linajes (Gráfico N°3), predomina C.37 que representa un 48,7% del total de este grupo, y un 24,97% del total de casos.

En función de las cifras presentadas existe una alta proporción de muestras pesquisadas y secuenciadas por variantes del grupo VOC (ALFA y GAMMA), y especialmente a nivel comunitario, por cuanto la

evidencia ha descrito que presentan un gran impacto en la transmisibilidad, inmunidad y severidad de los casos (ECDC, junio 2021).

Al analizar la distribución de variantes, de acuerdo a subgrupos poblacionales de acuerdo a su condición de viajero o transmisión a continuación se observa la mayor proporción de variantes GAMMA y C.37 en casos comunitarios, y GAMMA y Otros en viajeros. (Gráfico N°4).

Gráfico N°4: Distribución de variantes de acuerdo a condición de caso viajero/comunitario. Chile, diciembre 2020-junio de 2021*



*Datos provisorios al 11 de junio de 2021

Fuente: Instituto de Salud Pública, Sistema de notificación obligatoria EPIVIGILA Ministerio de Salud.

En términos de gravedad, en el caso de variantes VOC (n=1.312), un 73,7% (967) han evolucionado sintomáticamente, principalmente por variante GAMMA (n=816). Además un 16,4% ha requerido hospitalización (n=215), principalmente por variante GAMMA (n=194). Por último, se registran 44 fallecidos (3 por variantes ALFA y 41 por GAMMA).

Respecto a las variantes VOI (n=60), un 55% han evolucionado con síntomas, principalmente por variante ZETA (n=16). Además un 10% ha requerido hospitalización (n=6) por variante ZETA, y no se registran fallecidos en este subgrupo de variantes.

Finalmente, en cuanto a otras variantes y linajes de interés (n=1.438), un 65,3% ha evolucionado con síntomas (n=939), principalmente por variante C.37. Además se han registrado hospitalizaciones en un 13,4% de los casos (n=194) principalmente por la variante C.37. Por último hay que destacar la existencia de 29 casos fallecidos, siendo 14 por variante C.37 y 3 por variante B.1.1.348.

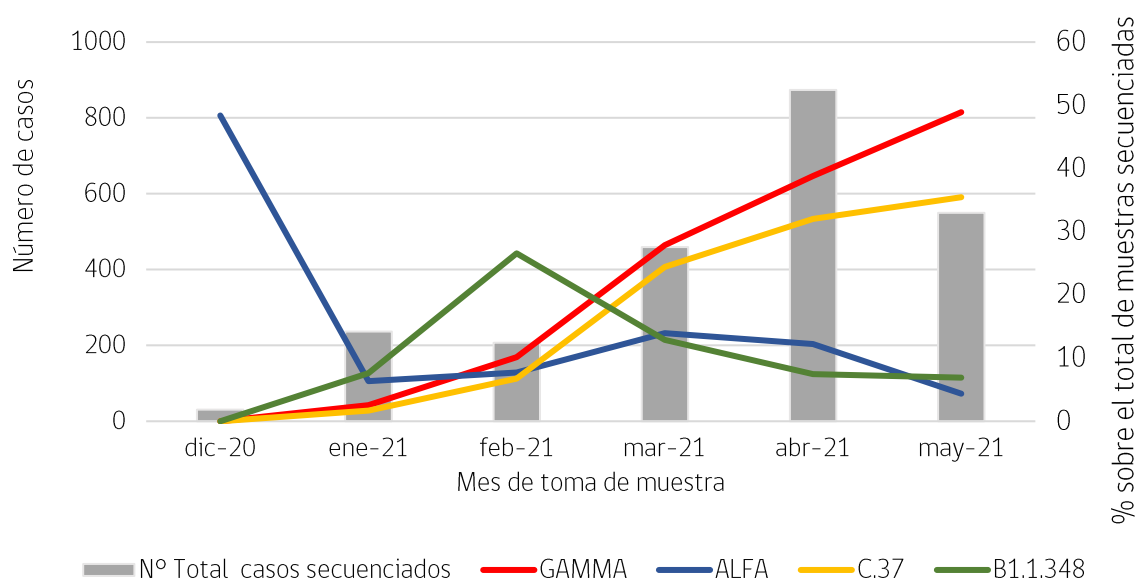
Cabe destacar que un 48,1% de los casos a nivel comunitarios son asociados a variantes VOC, las que de acuerdo a la evidencia disponible presentarían un mayor impacto en términos de transmisibilidad, posible aumento en el riesgo de hospitalización y potencial efectos en la neutralización por vacuna (ver Anexo 3). En relación con ello, las medidas de distanciamiento, uso de mascarillas, lavado de manos y ampliar la cobertura de la vacunación son las únicas estrategias válidas para controlar su mayor propagación (OMS,2021).

Evolución y Distribución espacial y temporal²

Situación General

En primer lugar, es destacable el aumento en el número de casos secuenciados desde diciembre a la fecha (Gráfico n°5).

Gráfico N°5: Distribución de variantes VOC y linaje más prevalente de SARS-CoV-2 por mes de toma de muestra de PCR. Chile, 22 de diciembre 2020 - 26 de mayo de 2021*



Datos Provisorios al 26 de mayo de 2021. * Resultados al 17 de mayo 2021

Fuente: Instituto de Salud Pública, Sistema de notificación obligatoria EPIVIGILA, Ministerio de Salud. Declaración Jurada de viajeros C19.cl. Red de Salud UC CHRISTUS.

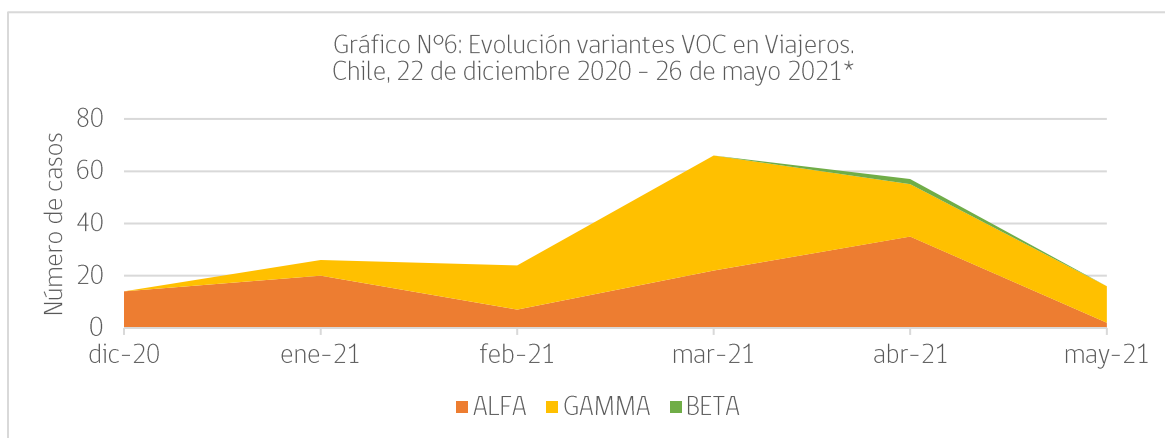
Asimismo, la evolución de las variantes VOC a nivel nacional muestra una tendencia al alza desde febrero para la variante GAMMA, llegando en abril a un 38,8% (339) y al 17 de mayo a un 48,9% (269) de los casos secuenciados respectivamente (874 y 550), mientras la variante ALFA disminuye en mayo a un 4,4% (24) a nivel nacional (Gráfico n°5).

En relación al linaje C.37, linaje reasignado desde los casos identificados previamente como B.1.1.1, se identifican los primeros 4 casos en enero (1,7%), respecto a 237 casos secuenciados, manteniendo una tendencia al alza en abril y mayo con un 32,0% (280) y 35,5 % (195) en un total de 874 y 550 casos secuenciados respectivamente (Gráfico n°5).

² Datos respecto a evolución temporal y espacial disponibles al 26 de mayo de 2021

Vigilancia específica de viajeros

Al 26 de mayo de 2021 el ISP ha secuenciado un total de 488 muestras de casos confirmados de SARS-CoV-2, de las cuales un 39,5% (193) han sido variantes de preocupación (VOC), 6,3% (31) variantes de interés (VOI) y un 54,1% (264) otros linajes.



Datos provisorios al 26 de mayo de 2021

Fuente: Instituto de Salud Pública, Sistema de notificación obligatoria EPIVIGILA Ministerio de Salud.

Observando la evolución de las variantes VOC, se demuestra una mayor proporción de variante GAMMA en marzo de 2021, que en abril es superada por la variante ALFA. Cabe destacar que los datos del último mes son provisorios al 26 de mayo de 2021 (Gráfico N°6). El descenso en el número de muestras en viajeros se asocia con las medidas de restricción y cierre de fronteras a partir de abril.

Respecto a la distribución espacial histórica de las variantes VOC, en relación con la región de residencia, hasta el 26 de mayo de 2021 se observa lo siguiente:

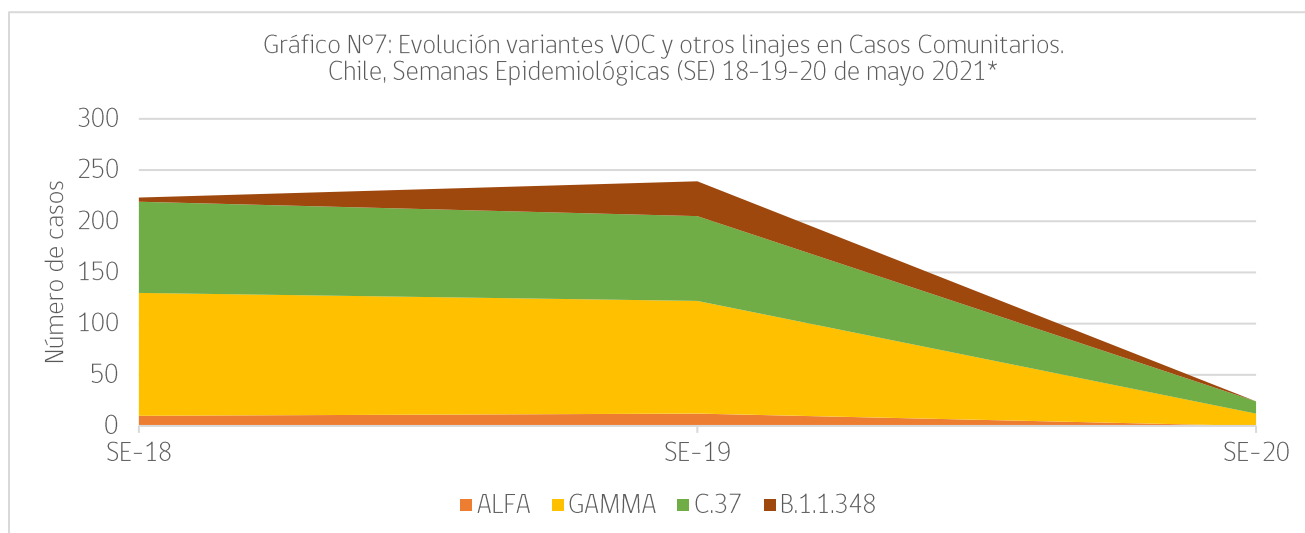
- ALFA (n=90) se ha presentado en todo el territorio, a excepción de Arica y Parinacota; y Aysén
- GAMMA (n=101) se ha presentado en todo el territorio, a excepción de Arica y Parinacota; Atacama, Los Ríos y Aysén
- BETA (n=2) se ha presentado solo en la región Metropolitana

Vigilancia específica de casos comunitarios

Del total de muestras de casos de SARS-CoV-2, procesadas entre enero y mayo de 2021 (Semana epidemiológica (SE) 1-20), que se han secuenciado en la vigilancia comunitaria (n= 1.870) a nivel nacional, el 43,5% (n=813) corresponden a variantes VOC, un 1,5% (n=29) son variantes VOI, y un 55% (n=1.028) corresponden a otros linajes

Desde enero al primer día de mayo (SE1-SE17), de las 1.367 muestras secuenciadas se han detectado, dentro de las variantes VOC: ALFA = 129 casos (9,4%), GAMMA = 420 casos (30,7%); y en otros linajes de interés, C.37 = 380 casos (27,8%) y B.1.1.348 = 197 casos (14,4%).

En las últimas semanas epidemiológicas de mayo estudiadas (SE 18-19-20), se han secuenciado 503 muestras, observando una mayor proporción de variantes GAMMA, con un descenso de 120 a 12 casos; seguido por variante C.37 que desciende de 89 casos a 12 en la última semana de seguimiento. Sin embargo, considerando el desfase en los resultados de la secuenciación, las cifras de la SE-20 pueden ser aún incompletas.



Datos provisionales al 26 de mayo de 2021

Fuente: Instituto de Salud Pública, Sistema de notificación obligatoria EPIVIGILA Ministerio de Salud.

Respecto a la distribución espacial histórica de las variantes VOC, en relación con la región de residencia, se observa que tanto para las variantes ALFA y GAMMA se han presentado en todo el territorio, excepto para la región de Valparaíso donde no se ha observado presencia de variante ALFA.

Y en cuanto a otros linajes o variantes de interés, C.37 se ha presentado en todo el país, a diferencia de B.1.1.348 que no se ha observado presencia en las regiones de Coquimbo y Los Ríos.

Discusión

A nivel nacional, se observa un aumento de muestras de SARS-CoV-2 secuenciadas en la vigilancia de circulación nacional (comunitaria) desde marzo a la fecha, llegando a un promedio de 238 en las dos primeras semanas de mayo.

Actualmente la variante GAMMA es la VOC predominante a nivel nacional desde marzo a la fecha con más de un tercio del total de los casos secuenciados, desplazando a la variante ALFA. La información preliminar a la fecha muestra un mayor número de hospitalizados y fallecidos en los casos asociados a la variante GAMMA, respecto a la ALFA. Al respecto es necesario reiterar la importancia del aumento en la proporción de variantes VOC a nivel comunitario, dado que las consecuencias en términos de gravedad (hospitalización y fallecidos) sumado a su mayor potencial de transmisibilidad, mayor escape inmune y menor respuesta a la vacunación, son impactos en términos de Salud Pública descritos en la literatura internacional.

Por otra parte, el linaje C.37 aumentó su circulación desde marzo a la fecha siendo el linaje más prevalente en mayo en Chile, después de la variante GAMMA a nivel nacional.

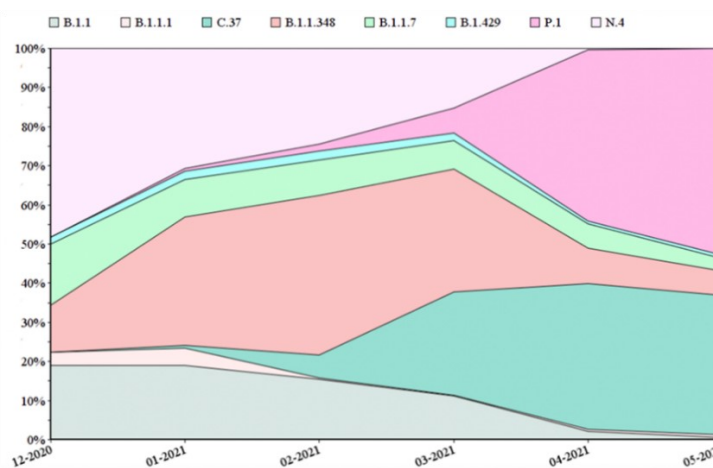
En términos operativos, la aprobación mediante Resolución Ministerial (Nº403. 27 de abril 2021) del Proyecto de Vigilancia Genómica, liderado por el Ministerio de Salud, en conjunto con ISP y Ministerio de Ciencias permitirá fortalecer la secuenciación genómica aumentando las capacidades de la red de vigilancia genómica a nivel regional y nacional.

Asimismo, se ha aumentado la capacidad semanal de análisis de genomas completos a nivel nacional con la coordinación de la red nacional de Vigilancia Epidemiológica, Instituto de Salud Pública, los laboratorios de la red de Vigilancia nacional de virus respiratorios, los Servicios de Salud, las SEREMI de Salud y el MINSAL, planificándose alcanzar a los 280 genomas completos semanales en el contexto del Proyecto de Vigilancia Genómica.

Según información de datos internacionales disponibles en GISAID (www.gisaid.org), Chile dispone 2.948 genomas completos al 12 junio de 2021, de los cuales el ISP ha depositado 2.196 (83%) siendo uno de los países de Latinoamérica que más genomas ha compartido (0,20 % de los casos positivos de COVID-19), lo que permite mostrar la evolución de los linajes disponibles en GISAID (Gráfico n°8).

Es por tanto necesario continuar el reforzamiento de la vigilancia genómica de SARS-CoV-2 para generar datos e información actualizada sobre las nuevas variantes del

Gráfico n°8: Evolución de los linajes predominantes en Chile, diciembre 2020-mayo 2021



Fuente: Instituto de Salud Pública de Chile

virus SARS-CoV-2 y el seguimiento de aquellas que pueden ser de interés para la salud pública, para el apoyo en la toma de decisiones en Salud Pública. Chile es uno de los países en Latinoamérica que colabora en la recolección de datos y estudios genómicos de SARS-CoV-2 para la OMS y cuenta además con un protocolo para viajeros que implica tener un registro y seguimiento de los casos positivos para el virus 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.

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, entre el Ministerio de Salud, el Ministerio de Ciencias, el Instituto de Salud Pública y 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.

Se agradece a los establecimientos de la red laboratorios de la vigilancia de Virus Respiratorios del ISP y aquellos establecimientos que envían muestras a secuenciar cumpliendo los criterios de laboratorio para el éxito del análisis de secuenciamiento (ISP, octubre 2020), a los equipos de la red de vigilancia epidemiológica nacional y por la colaboración al laboratorio de la Red de Salud UC CHRISTUS por el envío permanente de reportes de vigilancia genómica.

Bibliografía

1. Instituto de Salud Pública de Chile. ORD C/Nº 02011 23 de octubre de 2020: Recomendaciones recolección y envío muestras estudio genético SARS-CoV-2. Disponible en <https://www.ispch.cl/sites/default/files/2011-05%20%20SEGUN%20DISTRIBUCION%20RECOMENDACIONES%20RECOLECCION%20Y%20ENVIO%20MUESTRAS%20ESTUDIO%20GENETICO%20SARS-COV-2.pdf>
2. Organización Panamericana de la Salud / Organización Mundial de la Salud. Ocurrencia de variantes SARS-CoV-2 en las Américas. 20 de enero de 2021, Washington, D.C. OPS/OMS. 2021. Disponible en: <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. 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>
5. 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>.
6. Centers for Disease Control and Prevention. About Variants of the Virus that Causes COVID-19. Última actualización: 2 de abril de 2021. Disponible en: <https://www.cdc.gov/coronavirus/2019-ncov/transmission/variant.html>.
7. Organización Mundial de la Salud. Actualización epidemiológica semanal sobre COVID-19-4 de mayo de 2021. Disponible en <https://www.who.int/publications/m/item/weekly-epidemiological-update-on-covid-19---4-may-2021>
8. Nuevo linaje en expansión en Perú y Chile, con una delección convergente en el gen ORF1a (Δ 3675-3677) y una nueva delección en el gen Spike (Δ 246-252, G75V, T76I, L452Q, F490S, T859N). Pedro E. Romero, Alejandra Dávila-Barclay, Luis Gonzáles, Guillermo Salvatierra, et al. Disponible en <https://virological.org/t/novel-sublineage-within-b-1-1-1-currently-expanding-in-peru-and-chile-with-a-convergent-deletion-in-the-orf1a-gene-3675-3677-and-a-novel-deletion-in-the-spike-gene-246-252-g75v-t76i-l452q-f490s-t859n/685>.
9. Instituto de Salud Pública: Formulario de registro para envío de muestras para secuenciamiento. Disponible en <http://formularios.ispch.cl/Generales/Ingresar.aspx?>
10. Instituto de Salud Pública de Chile. Informes Ejecutivo de Variantes. Informes de abril, mayo y junio de 2021.
11. Ministerio de Salud de Chile Proyecto de Vigilancia genómica de SARS-CoV-2. Res. Exenta N°403 del 27 de abril 2021.
12. Instituto de Salud Pública de Chile. Caracterización genética y fenotípica de SARS-CoV-2 aislados en pacientes infectados. Subdpto. de Enf. Virales y Genética Molecular, 10 de mayo 2021.
13. Organización Mundial de la Salud. Seguimiento de variantes del SARS-CoV-2. Variantes de interés y variantes del SARS-CoV-2, actualizado al 31 de mayo de 2021. Disponible en <https://www.who.int/en/activities/tracking-SARS-CoV-2-variants/>
14. Organización Mundial de la Salud. Actualización epidemiológica semanal sobre COVID-19-1 de junio de 2021. Disponible en <https://www.who.int/publications/m/item/weekly-epidemiological-update-on-covid-19---1-june-2021>.
15. European Center for Disease Prevention and Control. SARS-CoV-2 variants of concern as of 3 June 2021. 11 de junio de 2021. Disponible en: <https://www.ecdc.europa.eu/en/covid-19/variants-concern>