

**ANEXO COMPLEMENTARIO
INFORME EPIDEMIOLÓGICO
VARIANTES SARS-COV-2
(COVID-19)
CHILE 17 de julio de 2021**

Departamento de Epidemiología



Anexo 1:

Estrategia de Vigilancia epidemiológica de SARS-COV-2 y variantes

En Chile, se realiza vigilancia de virus respiratorios, integrando el SARS-CoV-2 desde el inicio de la pandemia a las estrategias de vigilancia, responsabilidad de Instituto de Salud Pública (ISP). Desde diciembre de 2020 se amplía el monitoreo a viajeros positivos a SARS-CoV-2 que provienen de la Búsqueda Activa de Casos (BAC) que se realiza en el aeropuerto Internacional Arturo Merino Benítez (AMB). En marzo de 2021, el ISP aumenta sus capacidades secuenciando una mayor cantidad de muestras provenientes de la vigilancia de laboratorio, además de muestras de pacientes o grupos con relevancia epidemiológica.

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

La fuente de información para el análisis de variantes de SARS-CoV-2 la constituye la red de hospitales centinela de la vigilancia de influenza y virus respiratorios del Instituto de Salud Pública. Esta estrategia de vigilancia consiste en el envío semanal al ISP de muestras aleatorias representativas a nivel regional de pacientes confirmados por SARS-CoV-2, de casos hospitalizados, ambulatorios y de relevancia epidemiológica que cumplen con criterios técnicos establecidos por el ISP para asegurar la calidad de la muestra enviada (ISP, octubre 2020). Además de muestras de casos SARS-CoV-2 enviadas por otros establecimientos o por las SEREMIS de Salud en el contexto de las medidas de refuerzo de la vigilancia genómica (MINSAL, ORD. 2255 del 12 de junio de 2021).

Anexo 2:

Metodología del Informe

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

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

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

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

determinación de su linaje. Los genomas finales junto con los metadatos epidemiológicos fueron subidos a la plataforma GISAID para la confirmación final de la calidad y linaje correspondiente.

El Laboratorio de Medicina Molecular de la Universidad de Magallanes, realiza la secuenciación completa mediante la tecnología Nanoporeseq. La extracción de RNA total se realiza a partir de hisopados nasofaríngeos, utilizando el sistema Bioneer Exiprep 96, utilizando kit de extracción ExiprepViralDNA/RNA. La transcripción reversa se realiza con la enzima SuperScript IV y hexámeros aleatorios. Posteriormente el producto cDNA se amplifica basado en la estrategia SARS-CoV2 de ARTIC Network utilizando su versión 3.0 (<https://artic.network/ncov-2019>). El ensamblaje de la librería se realiza utilizando el kit de Secuenciación por Ligación (SQK-LSK109) de Oxford Nanopore. La multiplexación de muestras se realiza por barcoding molecular utilizando el sistema Native Barcoding Expansion (EXP-NBD104/NBD114) de Oxford Nanopore. Las muestras se secuencian en celdas FLO-MIN106D durante 24hs. Los controles de calidad intermedios se realizan en TapeStation 4200 y Nanodrop. El análisis bioinformático se realiza en un pipeline construido en Nextflow disponible en el repositorio Git del centro (<https://github.com/catg-umag/ncov2019-ont-nf>). Los genomas finales junto con los metadatos epidemiológicos son subidos a la plataforma GISAID para la confirmación final de la calidad y linaje correspondiente.

El laboratorio de la Facultad de Ciencias de la Vida de la Universidad Andres Bello, para la secuenciación del genoma del caso reportado de variante Kappa, utiliza 8 uL de la suspensión de la muestra del kit de muestreo y extracción de RNA VTB-Q (Taag Genetics). A partir de los 8 uL se realiza el protocolo del kit Covid-Seq (illumina), sin ninguna variación. La muestra fue secuenciada en la plataforma NextSeq500 usando el kit de secuenciación NextSeq500 Mid Output (300 ciclos/2X150bp). El archivo fastq generado, fue analizado usando el pipeline Dragen Covid Lineage. El pipeline se configuró con los siguientes parámetros: *Aligner Min Score= 12, Coverage Threshold= 20, Virus detection Threshold= 5, Enable Duplicate Marking= yes*. Los resultados determinaron que la muestra era positiva para SARS-CoV-2 perteneciente al clado 20A y el linaje B.1.617.1 (kappa) con una cobertura de 477X y una completitud del genoma 90,36%.

El laboratorio de la Red de Salud UC CRISTUS, realiza búsqueda inicial de mutaciones asociadas a variantes para SARS-CoV-2 con el Kit Novaplex (SARS-CoV-2 Variants I Assay (RUO)).

Aquellas muestras que indicaron señal positiva para la detección de posibles variantes son sometidas a un segundo RT-PCR con el Kit de TibMolBiol (VirSNiP SARS-CoV-2 Spike), para detectar la mutación P681H. Además, se verificó con un set de muestras con mutaciones detectadas por PCR la confirmación por secuenciación en el ISP.

Se presenta el análisis de la información disponible al 17 de julio, para cada tipo de variante y linaje en vigilancia epidemiológica desde las fuentes descritas anteriormente. La información corresponde a data provisoria en proceso de validación, sujeta a cambios en la medida que se realizan ajustes y análisis retrospectivos. Los datos de julio incluyen información según fecha de toma de muestra, por lo que esta información es preliminar y se actualizará retrospectivamente en informes sucesivos.

Se utiliza la información proveniente de las bases de datos de los casos de SARS-CoV-2 secuenciados por el Departamento Biomédico Nacional del ISP y de los casos analizados por los laboratorios antes mencionados. Esta data se complementa con las fuentes de información disponibles en Ministerio de Salud sobre los casos de SARS-CoV-2 y vigilancia de viajeros.

Anexo 3.
**Resumen de los impactos fenotípicos de las variantes de
preocupación VOC**

Tabla N °1. Resumen de los impactos fenotípicos* de las variantes de preocupación VOC) (*)

Etiqueta de la OMS	Alfa	Beta	Gama	Delta
Transmisibilidad	Mayor transmisibilidad y tasa de ataque secundario ¹	Aumento de la transmisibilidad ²	Aumento de la transmisibilidad ³	Aumento de la transmisibilidad y tasa de ataque secundario ^{4 5 6}
Gravedad de la enfermedad	Aumento del riesgo de hospitalización ⁷ , posible aumento del riesgo de gravedad y mortalidad ⁸	No confirmado, posible aumento del riesgo de mortalidad intrahospitalaria ^{9 10}	No confirmado, posible aumento del riesgo de hospitalización ¹¹	No confirmado, posible aumento del riesgo de hospitalización ¹²
Riesgo de reinfección	Actividad neutralizadora retenida, ¹³ el riesgo de reinfección sigue siendo similar ^{14 15}	Reducción de la actividad neutralizadora notificada; la respuesta de las células T provocada por El virus D614G sigue siendo efectiva ^{16 17}	Reducción moderada de la actividad neutralizante reportada ^{18 19}	Reducción de la actividad neutralizante ²⁰
Impactos en el diagnóstico	Impacto limitado – fallo de la diana del gen S (SGTF); no hay impacto en el resultado global de la RT-PCR múltiples; no hay impacto en Ag RDT observado ²¹	No se observaron efectos en la RT-PCR o Ag RDTs ²²	No se ha informado hasta la fecha	No se ha informado hasta la fecha

*Hallazgos generalizados en comparación con variantes previamente / co-circulantes. Basado en evidencia emergente, incluidos artículos e informes preliminares no revisados por el comité, todos sujetos a investigación y revisión en curso.

¹ Buchan SA, Tibebu S, Daneman N, et al. Increased household secondary attacks rates with Variant of Concern SARS-CoV-2 index cases. *Clinical Infectious Diseases*. 2021;(ciab496). doi:10.1093/cid/ciab496

² Tegally H, Wilkinson E, Giovanetti M, et al. Emergence of a SARS-CoV-2 variant of concern with mutations in spike glycoprotein. *Nature*. Published online 2021. <https://doi.org/10.1038/s41586-021-03402-9>

³ Curran J, Dol J, Boulos L, et al. Transmission characteristics of SARS-CoV-2 variants of concern Rapid Scoping Review. *medRxiv*. Published online January 1, 2021:2021.04.23.21255515. doi:10.1101/2021.04.23.21255515

⁴ Campbell F, Archer B, Laurenson-Schafer H, et al. Increased transmissibility and global spread of SARS-CoV-2 variants of concern as at June 2021. *Eurosurveillance*. 2021;26(24):2100509. <https://www.eurosurveillance.org/content/10.2807/1560-7917.ES.2021.26.24.2100509>

⁵ Cherian S, Potdar V, Jadhav S, et al. Convergent evolution of SARS-CoV-2 spike mutations, L452R, E484Q and P681R, in the second wave of COVID-19 in Maharashtra, India. *bioRxiv*. Published online January 1, 2021:2021.04.22.440932. doi:10.1101/2021.04.22.440932

⁶ Public Health England. *SARS-CoV-2 Variants of Concern and Variants under Investigation in England Technical Briefing 16*; 2021. https://assets.publishing.service.gov.uk/government/uploads/system/uploads/attachment_data/file/994839/Variants_of_Concern_VOC_Technical_Briefing_16.pdf

⁷ Bager P, Wohlfahrt J, Fonager J, Albertsen. Increased Risk of Hospitalisation Associated with Infection with SARS-CoV-2 Lineage B.1.1.7 in Denmark. doi:Bager, Peter and Wohlfahrt, Jan and Fonager, Jannik and Albertsen, Mads and Yssing Michaelsen, Thomas and Holten Møller, Camilla and Ethelberg, Steen and Legarth, Rebecca and Fischer Button, Mia Sara and Gubbels, Sophie Madeleine and Voldstedlund, Marianne and Mølbak, Kåre and Skov, Robert Leo and Fomsgaard, Anders and Grove Krause, Tyra, Increased Risk of Hospitalisation Associated with Infection with SARS-CoV-2 Lineage B.1.1.7 in Denmark. Available at SSRN: <https://ssrn.com/abstract=3792894> or <http://dx.doi.org/10.2139/ssrn.3792894>

⁸ NERVTAG paper on COVID-19 variant of concern B.1.1.7. *GOV.UK*. Published online 2021. <https://www.gov.uk/government/publications/nervtag-paper-on-covid-19-variant-of-concern-b117>, <http://files/64/nervtag-paper-on-covid-19-variant-of-concern-b117.html> [%2021/02/08/18:37:19]

⁹ Pearson CA, Eggo. Estimates of severity and transmissibility of novel South Africa SARS-CoV-2 variant 501Y.V2. https://cmmid.github.io/topics/covid19/reports/sa-novel-variant/2021_01_11_Transmissibility_and_severity_of_501Y_V2_in_SA.pdf

¹⁰ Jassat W MC. *Increased Mortality among Individuals Hospitalised with COVID-19 during the Second Wave in South Africa*; 2021. <https://www.medrxiv.org/content/10.1101/2021.03.09.21253184v1>

¹¹ Funk T, Pharris A, Spiteri G, et al. Characteristics of SARS-CoV-2 variants of concern B.1.1.7, B.1.351 or P.1: data from seven EU/EEA countries, weeks 38/2020 to 10/2021. *Eurosurveillance*. 2021;26(16). doi:<https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2021.26.16.2100348>

¹² Public Health England. *SARS-CoV-2 Variants of Concern and Variants under Investigation in England Technical Briefing 14*; 2021. https://assets.publishing.service.gov.uk/government/uploads/system/uploads/attachment_data/file/991343/Variants_of_Concern_VOC_Technical_Briefing_14.pdf

¹³ Muik A, Wallisch A-K, Sanger B, et al. Neutralization of SARS-CoV-2 lineage B.1.1.7 pseudovirus by BNT162b2 vaccine-elicited human sera. *Science*. Published online 2021:eabg6105. <https://science.sciencemag.org/content/sci/early/2021/01/28/science.abg6105.full.pdf>

¹⁴ Gallais F, Gantner P, Bruel T, et al. Anti-SARS-CoV-2 Antibodies Persist for up to 13 Months and Reduce Risk of Reinfection. *medRxiv*. Published online January 1, 2021:2021.05.07.21256823. doi:10.1101/2021.05.07.21256823

¹⁵ Graham MS, Sudre CH, May A, et al. Changes in symptomatology, reinfection, and transmissibility associated with the SARS-CoV-2 variant B.1.1.7: an ecological study. *Lancet Public Health*. 2021;6(5):e335-e345. doi:10.1016/S2468-2667(21)00055-4

¹⁶ Wibmer CK, Ayres F, Hermanus T, et al. SARS-CoV-2 501Y.V2 escapes neutralization by South African COVID-19 donor plasma. *Nat Med*. Published online March 2021. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/33654292>

¹⁷ Li R, Ma X, Deng J, et al. Differential efficiencies to neutralize the novel mutants B.1.1.7 and 501Y.V2 by collected sera from convalescent COVID-19 patients and RBD nanoparticle-vaccinated rhesus macaques. *Cell Mol Immunol*. Published online February 2021. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/33580167>

¹⁸ Sabino EC, Buss LF, Carvalho MPS, et al. Resurgence of COVID-19 in Manaus, Brazil, despite high seroprevalence. *The Lancet*. 2021;397(10273):452-455. <https://linkinghub.elsevier.com/retrieve/pii/S0140673621001835>

¹⁹ Naveca F, Nascimento V, Souza V, et al. Phylogenetic relationship of SARS-CoV-2 sequences from Amazonas with emerging Brazilian variants harboring mutations E484K and N501Y in the Spike protein. *Virological*. Published online 2021. <https://virological.org/t/phylogenetic-relationship-of-sars-cov-2-sequences-from-amazonas-with-emerging-brazilian-variants-harboring-mutations-e484k-and-n501y-in-the-spike-protein/585>

²⁰ Planas D, Veyer D, Baidaliuk A, et al. *Reduced Sensitivity of Infectious SARS-CoV-2 Variant B.1.617.2 to Monoclonal Antibodies and Sera from Convalescent and Vaccinated Individuals*. *Microbiology*; 2021. doi:10.1101/2021.05.26.445838

²¹ SARS-CoV-2 lateral flow antigen tests: evaluation of VUI-202012/01. *GOV.UK*. <https://www.gov.uk/government/publications/sars-cov-2-lateral-flow-antigen-tests-evaluation-of-vui-20201201/sars-cov-2-lateral-flow-antigen-tests-evaluation-of-vui-20201201>, <http://files/62/sars-cov-2-lateral-flow-antigen-tests-evaluation-of-vui-20201201.html> [%2021/02/08/16:54:26]

²² Public Health England. *SARS-CoV-2 Variants of Concern and Variants under Investigation in England Technical Briefing 16*; 2021. https://assets.publishing.service.gov.uk/government/uploads/system/uploads/attachment_data/file/994839/Variants_of_Concern_VOC_Technical_Briefing_16.pdf

Anexo 4:
Tablas resumen

Tabla N° 1. Resumen de características de casos confirmados de SARS-CoV-2 variantes de preocupación (VOC). Chile, diciembre de 2021 al 17 de julio 2021.

Variante VOC	Casos secuenciados (n)	Viajero (n)	Secundario a importación	Comunitario (n)	Sintomáticos n (%)	Hospitalizados n (%)	Fallecidos (n)	Fecha primera secuenciación	Distribución por región de residencia
Alfa B.1.1.7	290	101	5	184	168 (58)	24 (8)	3	28 de diciembre de 2020	Distribución a nivel nacional.
Beta B.1.351	4	4	0	0	1 (25)	0 (0)	-	14 de abril de 2021	Región Metropolitana de Santiago.
Gamma P.1	2.509	183	7	2.319	1838 (73)	442 (17)	89	30 de enero de 2021	Distribución a nivel nacional.
Delta B.1.617.2	31	31	0	0	11 (35)	0 (0)	-	24 de junio de 2021	Región Antofagasta, Coquimbo, Valparaíso, Metropolitana, Maule y Los Lagos.

Datos provisorios al 17 de julio de 2021.

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

Tabla N° 2. Resumen de características de los casos confirmados de SARS-CoV-2 variantes de interés para la salud pública (VOI). Chile, diciembre 2021 al 17 de julio 2021.

Variante VOI	Casos secuenciados (n)	Viajero (n)	Secundario a importación	Comunitario (n)	Sintomáticos n (%)	Hospitalizados n (%)	Fallecidos (n)	Fecha primera secuenciación	Distribución por región de residencia
Eta B.1.525	2	2	-	-	0 (0)	0 (0)	-	9 de marzo de 2021	Metropolitana de Santiago y Biobío.
Iota B.1.526	4	1	-	3	3 (75)	0 (0)	-	22 de marzo de 2021	Arica y Parinacota, Valparaíso y Metropolitana de Santiago.
Kappa B.1.617.1	1	-	-	1	1 (100)	0 (0)	-	-	Región Metropolitana de Santiago
Lambda C.37	1.105	54	2	1049	856 (77)	185 (17)	29	25 de enero de 2021	Distribución a nivel nacional.

Datos provisorios al 17 de julio de 2021.

Fuente: Instituto de Salud Pública, Red de Salud UC Christus, Universidad de Magallanes, Universidad Andrés Bello-Clinica Indisa. Sistema de notificación obligatoria EPIVIGILA, Ministerio de Salud. Declaración Jurada de viajeros C19.cl.

Tabla N° 3. Resumen de características de los casos confirmados de SARS-CoV-2 linajes en alerta para seguimiento. Chile, diciembre 2021 al 17 de julio 2021.

Linaje Pango	Casos secuenciados (n)	Viajero (n)	Secundario a importación	Comunitario (n)	Sintomáticos n (%)	Hospitalizados n (%)	Fallecidos (n)	Fecha primera secuenciación	Distribución por región de residencia
B.1.427/									Arica y Parinacota, Antofagasta, Valparaíso, Metropolitana de Santiago, Libertador Bernardo O'Higgins, Maule, Ñuble, Biobío, Araucanía, Los Lagos y Aysén.
B.1.429	27	3		24	23 (85)	2 (7)	-	3 de marzo de 2021	Antofagasta, Atacama, Coquimbo, Valparaíso, Metropolitana de Santiago, Libertador Bernardo O'Higgins, Maule, Ñuble, Biobío y Los Ríos.
P.2	41	27		14	19 (46)	7 (17)	-	18 de enero de 2021	Distribución a nivel nacional (Excepción Los Ríos, Aysén y Magallanes)
B.1.621	85	37	5	43	42 (50)	9 (11)	-	25 de mayo de 2021	Región del Biobío.
B.1.1.519	1	-		1	1 (100)	0 (0)	-	27 de abril de 2021	Región de Valparaíso y Metropolitana de Santiago.
C.36.3 / C.36.3.1	4	4		-	0 (0)	0 (0)	-	22 de junio de 2021	

Datos provisorios al 17 de julio de 2021

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

Tabla N° 4. Resumen de características de los casos confirmados de SARS-CoV-2 secuenciados por linajes principales. Chile, diciembre 2021 al 17 de julio 2021.

Linaje	Casos secuenciados (n)	Viajero (n)	Secundario a importación	Comunitario (n)	Sintomáticos n (%)	Hospitalizados n (%)	Fallecidos (n)	Fecha primera secuenciación	Distribución por región de residencia
B.1.1.348	242	1	0	241	177 (73)	34 (14)	6	01 de marzo de 2021	Distribución a nivel nacional (Excepción Coquimbo y Los Ríos)
Otros linajes*	511	234	4	273	201 (39)	68 (29)	10	08 de enero de 2021	Distribución a nivel nacional.

Datos provisorios al 17 de julio de 2021.

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

(*) Incluye otras variantes no especificadas

Tabla N°5: Número de casos SARS-CoV-2 confirmados por región, mes de toma de muestra de PCR y variantes de preocupación, procedente de vigilancia comunitaria. Chile al 17 de julio de 2021.

	enero – 30 abril 2021			Últimos 3 meses									enero-julio 2021**		
	ALFA (B.1.1.7) n (%)	GAMMA (P.1) n (%)	Muestras analizadas*	mayo			junio			julio**			total		
				ALFA (B.1.1.7) n (%)	GAMMA (P.1) n (%)	Muestras analizadas*	ALFA (B.1.1.7) n (%)	GAMMA (P.1) n (%)	Muestras analizadas*	ALFA (B.1.1.7) n (%)	GAMMA (P.1) n (%)	Muestras analizadas*	ALFA (B.1.1.7) n (%)	GAMMA (P.1) n (%)	Muestras analizadas*
Arica y P.	2 (1,9)	41 (38,7)	106	1 (0,7)	89 (60,1)	148	0 (0)	161 (87)	185	0 (0)	51 (91,1)	56	3 (0,6)	342 (69,1)	495
Tarapacá	5 (6,4)	39 (50)	78	2 (5,9)	23 (67,6)	34	0 (0)	15 (88,2)	17	0 (0)	0 (0)	0	7 (5,4)	77 (59,7)	129
Antofagasta	4 (10)	14 (35)	40	1 (2,5)	25 (62,5)	40	0 (0)	42 (58,3)	72	0 (0)	10 (76,9)	13	5 (3)	91 (55,2)	165
Atacama	1 (5,9)	5 (29,4)	17	3 (3,7)	29 (35,4)	82	8 (14,5)	19 (34,5)	55	0 (0)	15 (60)	25	12 (6,7)	68 (38)	179
Coquimbo	1 (25)	1 (25)	4	1 (5,3)	9 (47,4)	19	1 (3,6)	16 (57,1)	28	0 (0)	4 (100)	4	3 (5,5)	30 (54,5)	55
Valparaíso	0 (0)	18 (62,1)	29	0 (0)	48 (85,7)	56	3 (4,3)	60 (85,7)	70	0 (0)	21 (84)	25	3 (1,7)	147 (81,7)	180
Metropolitana	86 (13,3)	186 (28,7)	647	14 (4,4)	232 (73,4)	316	3 (0,8)	334 (86,8)	385	0 (0)	53 (85,5)	62	103 (7,3)	805 (57,1)	1410
O'Higgins	0 (0)	3 (30)	10	2 (2,6)	35 (44,9)	78	1 (0,6)	118 (69)	171	0 (0)	23 (76,7)	30	3 (1)	179 (61,9)	289
Maule	1 (1)	20 (20,6)	97	2 (2,8)	16 (22,5)	71	0 (0)	46 (69,7)	66	0 (0)	12 (66,7)	18	3 (1,2)	94 (37,3)	252
Ñuble	4 (12,1)	3 (9,1)	33	0 (0)	14 (60,9)	23	0 (0)	43 (82,7)	52	0 (0)	15 (93,8)	16	4 (3,2)	75 (60,5)	124
Biobío	2 (3,1)	13 (20)	65	4 (5,3)	24 (31,6)	76	0 (0)	30 (75)	40	0 (0)	21 (60)	35	6 (2,8)	88 (40,7)	216
Araucanía	0 (0)	17 (35,4)	48	3 (6,1)	19 (38,8)	49	0 (0)	24 (49)	49	0 (0)	10 (76,9)	13	3 (1,9)	70 (44)	159
Los Ríos	17 (40,5)	4 (9,5)	42	5 (11,4)	10 (22,7)	44	0 (0)	23 (67,6)	34	0 (0)	0 (0)	0	22 (18,3)	37 (30,8)	120
Los Lagos	4 (5)	34 (42,5)	80	1 (1,8)	42 (73,7)	57	1 (2,3)	36 (83,7)	43	0 (0)	2 (66,7)	3	6 (3,3)	114 (62,3)	183
Aysén	0 (0)	6 (24)	25	1 (2,6)	17 (44,7)	38	0 (0)	18 (60)	30	0 (0)	8 (66,7)	12	1 (1)	49 (46,7)	105
Magallanes	0 (0)	15 (39,5)	38	0 (0)	11 (64,7)	17	0 (0)	27 (79,4)	34	0 (0)	0 (0)	2	0 (0)	53 (58,2)	91
Desconocido	0 (0)	0 (0)	0	0 (0)	0 (0)	0	0 (0)	0 (0)	0	0 (0)	0 (0)	0	0 (0)	0 (0)	0
Total	127 (9,3)	419 (30,8)	1359	40 (3,5)	643 (56)	1148	17 (1,3)	1012 (76)	1331	0 (0)	245 (78)	314	184 (4,4)	2319 (55,9)	4152

Datos provisorios al 17 de julio de 2021. Fuente: Instituto de Salud Pública, Sistema de notificación obligatoria EPIVIGILA Ministerio de Salud de Chile, Red de Salud UC CHRISTUS aporta 305 casos en que se detectaron por RT-qPCR detección de mutaciones que se asocian a la variante ALFA (B.1.1.7) y GAMMA (P.1). Enero incluye muestra de primer caso confirmado en diciembre de 2020 * Número total de muestras secuenciadas. ** Información según fecha de informe de resultados.