

**INFORME EPIDEMIOLÓGICO
VARIANTES SARS-COV-2
(COVID-19)**

CHILE 17 de julio de 2021

Departamento de Epidemiología



Contenido

1. RESUMEN	3
2. ANTECEDENTES GENERALES.....	4
3. OBJETIVO DEL REPORTE.....	6
4. MÉTODO.....	6
5. SITUACIÓN EPIDEMIOLÓGICA	7
Descripción de variantes y linajes en el país del 22 de diciembre al 17 de julio.....	7
Evolución y Distribución espacial y temporal de variantes en Chile.....	11
Situación General.....	11
Vigilancia de viajeros.....	13
Vigilancia de casos comunitarios.....	14
Descripción de variantes en el país en julio de 2021.....	16
6. DISCUSIÓN	18
7. REFERENCIAS	20

1. RESUMEN

- En Chile, a través del programa de vigilancia genómica, se cuenta con un total de 4.544 casos confirmados de SARS-CoV-2 secuenciados y 313 casos genotipificados entre el 22 de diciembre de 2020 y el 17 de julio de 2021. Se han detectado variantes de preocupación (VOC) en un 58,3% (n=2.834), variantes de interés en salud pública (VOI) en un 22,9% (n=1.112), linajes en alerta para mayor seguimiento en un 3,3% (n=158) y otros linajes corresponden al 15,5% (n=753), respecto al total de casos analizados.
- El Instituto de Salud Pública (ISP) aporta con un total de 4.468 casos de SARS-CoV-2 secuenciados. El laboratorio de la Universidad de Magallanes se incorpora con un total de 75 casos de SARS-CoV-2 secuenciados provenientes de residentes de la región de Magallanes y la Antártica Chilena. La Red de Salud UC Christus informa la pesquisa de mutaciones asociados a variantes de SARS-CoV-2 mediante RT-qPCR en 313 de casos de SARS-CoV-2, principalmente asociadas a variantes Gamma y Alfa.
- En cuanto a las VOC se mantiene predominio de variante Gamma con el 51,7% (n=2.509) y un 6,0% la variante Alfa (n=290) respecto al total de casos analizados.
- El 24 de junio se informó la detección del primer caso de la variante Delta en Chile y a la fecha de este informe se cuenta con la secuenciación genómica de 31 casos de SARS-CoV-2, todos en viajeros, sin casos secundarios a la fecha de este informe.
- Por otra parte, el 3 de julio se informó la detección de un caso de variante Beta, con un total de cuatro casos de SARS-CoV-2 con esta variante en todo en periodo analizado.
- Respecto a las VOI, Lambda (C.37) es la variante más frecuente con un 22,8% (n=1.015) del total de los casos, manteniéndose como la segunda variante más frecuente en el país durante el mes de julio.
- En cuanto a linajes en alerta para mayor seguimiento, el B.1.621 es el más frecuente con un 1,8% (n=85) respecto al total de casos con un discreto aumento en el número de casos en julio.

2. ANTECEDENTES GENERALES

Desde la identificación inicial del SARS-CoV-2, hasta el 17 de julio de 2021, se han compartido, a nivel mundial, más de 2.400.000 secuencias genómicas completas a través de bases de datos de acceso público (GISAID¹).

Con el fin de facilitar la identificación de las VOC y de VOI, la Organización Mundial de la Salud (OMS) estableció el 31 de mayo del 2021 una nueva nomenclatura para las variantes de SARS-CoV-2, denominándolas según las letras del alfabeto griego. Producto de la aparición de nuevas variantes, la dinámica de la enfermedad, la mayor comprensión de los impactos fenotípicos de las variantes y de la evidencia disponible es que la lista de VOC y VOI está continuamente siendo actualizada. El nombre asignado por la OMS a las VOC y VOI es independiente del sistema de nomenclatura para los linajes, pero se basa en las clasificaciones filogenéticas disponibles por lo que este nombre se enlaza a los sistemas de nomenclaturas utilizados para nombrar y rastrear los linajes de SARS-CoV-2 por ejemplo, la nomenclatura PANGO (Tabla N° 1).

El 06 de julio de 2021, la OMS incluyó algunos linajes en alerta para mayor seguimiento, los cuales se definen como una variante del SARS-CoV-2 con cambios genéticos que se sospecha que afectan las características del virus con alguna indicación de que se puede representar un riesgo futuro, pero la evidencia del impacto fenotípico o epidemiológico está menos clara en comparación con las VOC y VOI, por lo que requiere una mayor supervisión y evaluación repetida en espera de nuevas evidencias científicas.

Además de las variantes en alertas, las VOC y VOI también están sometidas a un constante monitoreo por parte de la OMS, las cuales se esperan que adquieran nuevas mutaciones y continúen evolucionando con el tiempo, producto de las altas tasa de transmisión en todo el mundo, pero mientras las nuevas variantes no signifiquen cambios significativos en las características del virus, el nombre asignado se enlazara a los linajes parentales según nomenclatura PANGO².

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. <https://www.gisaid.org>

² Actualización epidemiológica semanal sobre COVID-19 - 06 de julio de 2021, OMS (Edición 47).

Tabla N°1: Clasificaciones de variantes de preocupación (VOC), variantes de interés (VOI) para la salud pública y linajes en alerta para mayor seguimiento adicional, OMS, 06 de julio 2021.

Etiqueta	Linaje Pango	Gisaid	Nextstrain	Muestras documentadas	Fecha de detección
OMS					
Variantes de preocupación (VOC)					
Alfa	B.1.1.7	GRY	20I (V1)	Reino Unido, septiembre 2020	18 de diciembre 2020
Beta	B.1.351	GH / 01Y.V2	20H (V2)	Sudáfrica, mayo 2020	18 de diciembre 2020
Gamma	P.1	GR / 01Y.V3	20J (V3)	Brasil, noviembre 2020	11 de enero de 2021
Delta	B.1.617.2	G / 478K.V1	21A	India, octubre 2020	VOI: 4 de abril de 2021
Variantes de interés (VOI)					
Eta	B.1.525	G / 484K.V3	21D	Varios países, diciembre 2020	17 de marzo de 2021
Iota	B.1.526	GH / 53G.V1	21F	Estados Unidos, noviembre 2020	24 de marzo de 2021
Kappa	B.1.617.1	G / 452R.V3	21B	India, octubre 2020	4 de abril de 2021
Lambda	C.37	GR / 52Q.V1	20D	Perú, agosto 2020	14 de junio de 2021
Alerta para mayor seguimiento					
	B.1.427 / B.1.429*	GH / 52R.V1	21C	Estados Unidos, marzo 2020	VOI:5 de marzo de 2021
	P.2*	GR / 84K.V2	20B / S.484K	Brasil, abril de 2020	VOI: 17 de marzo de 2021
	P.3*	GR / 092K.V1	21E	Filipinas, enero 2021	VOI: 24 de marzo de 2021
	R.1 / R.2	GRAMO	-	Varios países, enero 2021	07 de abril de 2021
	B.1.466.2	GH	-	Indonesia, noviembre 2020	28 de abril de 2021
	B.1.621	GH	21H	Colombia, enero 2021	26 de mayo de 2021
	AV.1	GRAMO	-	Reino Unido, marzo 2021	26 de mayo de 2021
	B.1.1.318	GRAMO	20B	Varios países, enero 2021	02 de junio de 2021
	B.1.1.519	GRAMO	20B	Varios países, noviembre 2021	02 de junio de 2021
	A LA 1	GRAMO	-	Fed. de Rusia, enero de 2021	09 de junio de 2021
	C.36.3 / C.36.3.1	GRAMO	20D	Varios países, enero 2021	16 de junio de 2021
	B.1.214.2	GRAMO	-	Varios países, noviembre 2020	30 de junio de 2021

* Ex VOIs Épsilon (B.1.427 / B.1.429), Zeta (P.2), Theta (P.3).

Fuente: OMS, Actualización epidemiológica semanal sobre COVID-19 - 06 de julio de 2021 (Edición 47).

Según la última evaluación realizada por la OMS a las variantes de SARS-CoV-2, las variantes Épsilon, Zeta y Theta pasaron a clasificarse como linajes de Alertas y, a nombrarse por su linaje PANGO (B.1.427/429, P.2 y P.3 respectivamente) ya que habría una disminución de los riesgos para la salud pública, en comparación a los VOC y

VOI, al tener una menor incidencia. Por lo tanto, la vigilancia de nuevas variantes, así como las variantes ya identificadas, son fundamentales por cambios en la transmisión del SARS-CoV-2 que pueden ocurrir, por el impacto a nivel de salud pública e individual sobre los métodos diagnósticos y terapéuticos, en la severidad clínica y la consecuente demanda asistencial, en el nivel de efectividad y duración de la inmunidad de las diferentes formulaciones de vacunas para SARS-CoV-2. Estas actualizaciones permiten establecer prioridades para la vigilancia e investigación y para guiar las estrategias de respuesta ante la pandemia por COVID-19.

3. OBJETIVO DEL REPORTE

Describir la situación epidemiológica con relación a las variantes VOC y VOI, linajes en alerta de mayor seguimiento y otros linajes de SARS-CoV-2 detectados en Chile en base a datos disponibles hasta el 17 de julio de 2021, a partir de la recopilación de información de diversas fuentes.

4. MÉTODO

Los aspectos metodológicos sobre la estrategia de vigilancia epidemiológica de SARS-CoV-2 y sus variantes, las técnicas de laboratorio y otros aspectos, además de las tablas de resultados con mayor detalle están disponibles en el informe complementario en sus Anexos 1-4 en <http://epi.minsal.cl/informes-de-situacion-covid-19/>.

Fuentes de información

- Instituto de Salud Pública, informes de secuenciación recibidos al 17 de julio de 2021.
- Universidad de Magallanes, informe de secuenciación (abril a junio de 2021)
- Red de Salud UC Christus, informes de la pesquisa de mutaciones asociados a variantes de SARS-CoV-2 mediante RT-qPCR, al 10 de julio de 2021.
- Sistema de vigilancia epidemiológica EPIVIGILA del Departamento de Epidemiología del Ministerio de Salud (MINSAL) al 17 de julio de 2021.
- Registro de defunciones del Departamento de Estadísticas e Información en Salud (DEIS) del MINSAL hasta el 17 de julio de 2021.
- Base de datos de la unidad de gestión de camas críticas (UGCC) de la División de Gestión de Redes Asistenciales (DIGERA) del MINSAL.
- Registro de Declaración Jurada de viajeros C19.cl.
- Universidad Andres Bello- Clinica Indisa. Reporte de caso de SARS-CoV-2 secuenciado.

5. SITUACIÓN EPIDEMIOLÓGICA

Descripción de variantes y linajes en el país del 22 de diciembre al 17 de julio.

En el contexto del Proyecto de Vigilancia Genómica, se dispone de un total de 4.544 casos confirmados de SARS-CoV-2 secuenciados y 313 casos genotipificados entre el 22 de diciembre de 2020 y el 17 de julio de 2021. Las VOC se presentaron en un 58,3% (n=2.834), las VOI en un 22,9% (n=1.022) y los linajes en alerta para mayor seguimiento corresponden a un 3,3% (n=158) del total de casos analizados (Tabla N° 2).

Tabla N° 2. Resumen de variantes y linajes principales de casos confirmados de SARS-CoV-2 según laboratorios de análisis. Chile, 22 diciembre de 2020 al 17 de julio de 2021.

<i>Categoría</i>	<i>Variantes (Linaje PANGO)</i>	<i>Instituto Salud Pública (SG)</i>	<i>Red UC Christus (RT-qPCR)</i>	<i>Universidad Magallanes (SG)</i>	<i>UNAB Clínica INDISA (SG)</i>	<i>Total</i>	<i>(%)</i>	<i>Sub Total</i>	<i>(%)</i>
<i>Variantes de preocupación para la salud pública (VOC)</i>	Alfa (B.1.1.7)	241	49	-	-	290	6,0%	2.834	58,3%
	Beta (B.1.351 /B.1.351.2 /B.1.351.3)	4	-	-	-	4	0,1%		
	Gamma (P.1 / P.1.1 / P.1.2)	2207	257	45	-	2509	51,7%		
	Delta (B.1.617.2 / AY.1 / AY.2)	31	-	-	-	31	0,6%		
<i>Variantes de interés para la salud pública (VOI)</i>	Eta (B.1.525)	2	-	-	-	2	0,0%	1.112	22,9%
	Iota (B.1.526)	4	-	-	-	4	0,1%		
	Kappa (B.1.617.1)	-	-	-	1	1	0,0%		
	Lambda (C.37)	1.082	-	23	-	1105	22,8%		
<i>Alerta para mayor seguimiento</i>	B.1.427/429	26	1	-	-	27	0,6%	158	3,3%
	P.2	35	6	-	-	41	0,8%		
	B.1.621	85	-	-	-	85	1,8%		
	B.1.1.519	1	-	-	-	1	0,0%		
	C.36.3 / .36.3.1	4	-	-	-	4	0,1%		
<i>Linajes y otras variantes</i>	B.1.1.348	242	-	-	-	242	5,0%	753	15,5%
	Otros*	504	-	7	-	511	10,5%		
<i>Total</i>		4.468	313	75	1	4.857	100%		100%

SG= Secuenciación genómica, RT-qPCR para detección de mutaciones. * Corresponde a otros linajes y otras variantes no especificadas. 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.

La distribución de las variantes y linajes más frecuentes por región de residencia se presentan en la Tabla N° 3. Las variantes Gamma, Alfa y Lambda se ha detectado en todas las regiones del país.

Tabla N° 3. Distribución de las variantes y linajes de casos confirmados de SARS-CoV-2, según técnica de procesamiento y región de residencia. Chile, desde el 22 de diciembre 2020 al 17 de julio de 2021.

Regiones	VOC						VOI				Linajes de Alerta						Otros linajes		
	Gamma		Alfa		Beta	Delta	Lambda	Iota	Eta	Kappa	B.1.427/429		P.2		B.1.621	B.1.1.519	C.36.3	B.1.1.348	Otros Linajes
	SG	RT PCR	SG	RT PCR	SG	SG	SG	SG	SG	SG	SG	RT PCR	SG	RT PCR	SG	SG	SG	SG	SG
Arica y Parinacota	342	-	3	-	-	-	78	1	-	-	3	-	-	-	5	-	-	56	9
Tarapacá	85	-	8	-	-	-	31	-	-	-	-	-	-	2	-	-	3	13	
Antofagasta	94	1	5	2	-	2	39	-	-	-	2	-	2	1	15	-	-	14	8
Atacama	69	-	14	-	-	-	77	-	-	-	-	-	1	-	5	-	-	1	22
Coquimbo	30	7	5	1	-	1	23	-	-	-	-	-	2	-	2	-	-		15
Valparaíso	196	7	18	-	-	3	24	1	-	-	1	-	5	-	6	-	2	3	20
Metropolitana de Santiago	649	237	126	42	4	21	301	2	1	1	3	1	18	5	29	-	2	98	274
Lib. Bdo. O'Higgins	188	-	4	-	-	-	91	-	-	-	1	-	1	-	9	-	-	4	12
Maule	103	-	11	-	-	3	125	-	-	-	2	-	1	-	6	-	-	10	32
Ñuble	76	-	4	1	-	-	31	-	-	-	1	-	2	-	1	-	-	4	11
Biobío	93	-	9	-	-	-	70	-	1	-	7	-	1	-	2	1	-	29	21
Araucanía	71	1	2	2	-	-	61	-	-	-	4	-	-	-	1	-	-	6	18
Los Ríos	37	-	23	-	-	-	51	-	-	-	-	-	2	-	-	-	-		9
Los Lagos	112	4	6	1	-	1	29	-	-	-	1	-	-	-	2	-	-	11	30
Aysén del Gral. Carlos Ibáñez del Campo	50	-	1	-	-	-	45	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	2	7
Magallanes	57	-	2	-	-	-	29	-	-	-	-	-	-	-	-	-		1	10
Total	2252	257	241	49	4	31	1105	4	2	1	26	1	35	6	85	1	4	242	511

SG = Secuenciación genómica. RT PCR= RT-qPCR para detección de mutaciones.

Datos provisionales al 17-07-2021.

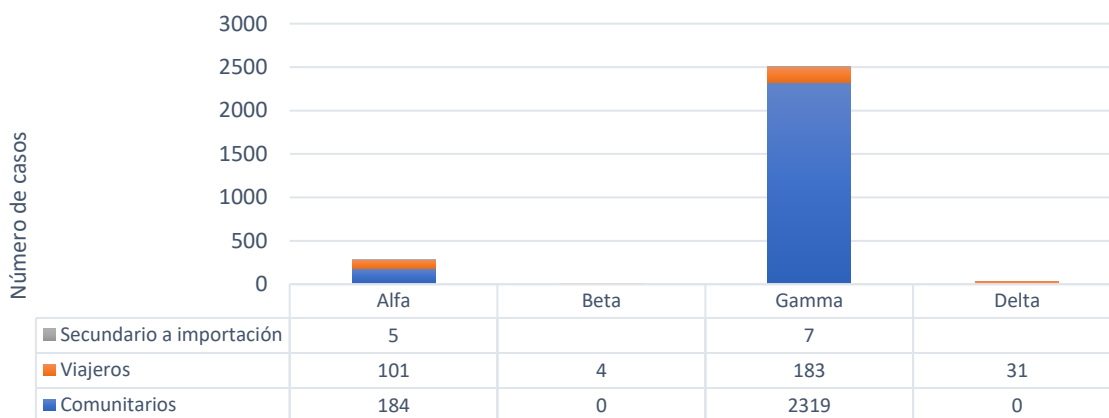
Fuente: Instituto de Salud Pública. Sistema de notificación obligatoria EPIVIGILA Ministerio de Salud. Red de Salud UC Christus. Universidad de Magallanes. Universidad Andrés Bello-Clinica INDISA.

En cuanto a las VOC su principal variante es Gamma (n=2.509), que representó un 88,5% del total de VOC (n=2.834) y un 51,7% del total analizado (n=4.857). Se presentaron 290 casos asociados a variante Alfa y 31 a variante Delta (Figura N° 1).

Respecto a las VOI (Figura N° 2) su principal variante es Lambda (n=1.105), que representó un 99,4% (n=1.112) del total de VOI.

Respecto a los linajes en Alerta para mayor seguimiento (Figura 3), el más frecuente fue B.1.621 que con un 53,7% (n=85) del total de este grupo (n=158), y un 1,8% del total de casos analizados (Tabla N° 2).

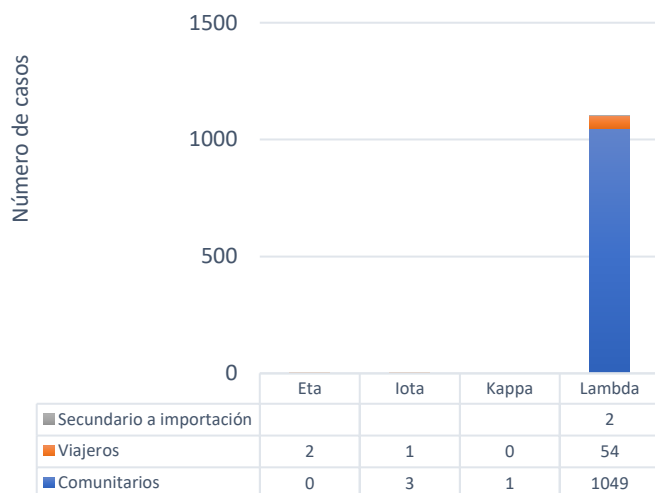
Figura N° 1: Distribución de VOC según variante y condición de viajero/comunitario. Chile, 22 diciembre 2020 - 17 de julio 2021.



Datos provisorios al 17-07-2021.

Fuente: Instituto de Salud Pública. Sistema de notificación obligatoria EPIVIGILA Ministerio de Salud. Red de Salud UC Christus. Universidad de Magallanes.

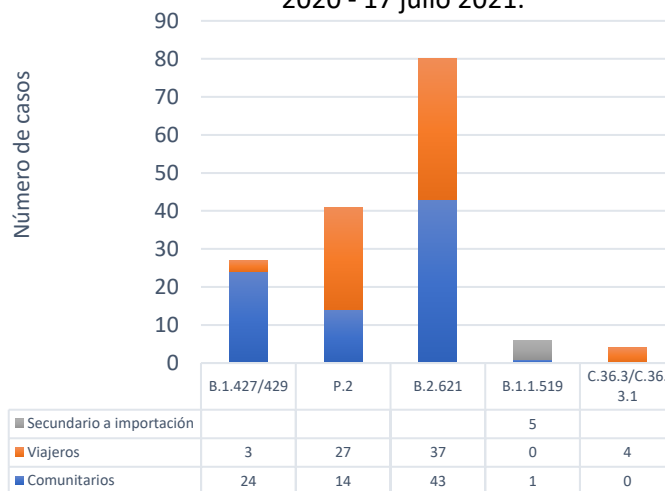
Figura N°2: Distribución de VOI según variante y condición de viajero/comunitario. Chile, 22 diciembre 2020 - 17 de julio 2021



Datos provisorios al 17-07-2021.

Fuente: Instituto de Salud Pública. Sistema de notificación obligatoria EPIVIGILA Ministerio de Salud. Red de Salud UC Christus. Universidad de Magallanes. Universidad Andrés Bello-Clinica INDISA.

Figura N°3: Distribución de Linajes en Alerta de seguimiento según variante y condición de viajero/comunitario. Chile, 22 diciembre 2020 - 17 julio 2021.

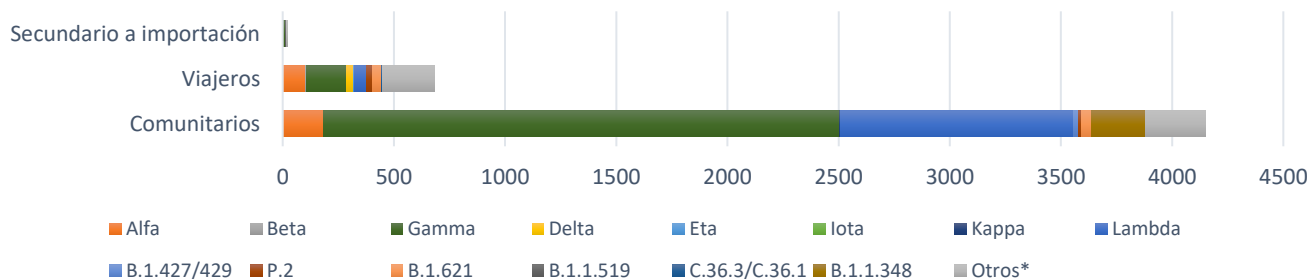


Datos provisorios al 17-07-2021.

Fuente: Instituto de Salud Pública. Sistema de notificación obligatoria EPIVIGILA Ministerio de Salud. Red de Salud UC Christus. Universidad de Magallanes.

Al analizar la distribución de variantes, de acuerdo a su condición de viajero o comunitario, se observó la mayor proporción de variantes Gamma y Lambda en los casos comunitarios reflejando su circulación a nivel nacional, y una mayor proporción de las variantes Gamma y Alfa en viajeros. (Figura 4).

Figura 4: Distribución de variantes de acuerdo a condición de caso viajero/comunitario. Chile, 22 de diciembre 2020 al 17 de julio de 2021



Datos provisorios al 17-07-2021.

Fuente: Instituto de Salud Pública. Sistema de notificación obligatoria EPIVIGILA Ministerio de Salud. Red de Salud UC Christus. Universidad de Magallanes. Universidad Andrés Bello-Clinica INDISA.

Respecto a los casos de SARS-CoV-2 de la vigilancia comunitaria (n=4.152), un 60,3% (n= 2.503) corresponden a variante VOC. Para los casos provenientes de viajeros y relacionados con viajeros (n=705), un 47,0% (n=331) correspondían variantes VOC (Anexo 4, Tabla N°1).

En términos de las características de los casos de SARS-CoV-2 de las VOC (n=2.834), un 71,2% (n=2.018) era sintomático al momento de la notificación, principalmente por variante Gamma (n=1.838). Además, un 16,4% requirió hospitalización (n=466), principalmente por variante Gamma (n=442). Por último, se registraron 92 fallecidos (3 por variantes Alfa y 89 por Gamma) (Anexo 4, Tabla N° 1).

Respecto a las VOI (n=1.112), un 77,3% (n=860) presentaron signos y síntomas al momento de la notificación, principalmente por variante Lambda (n=856). Además, un 16,6% (n=185) requirió hospitalización, todos por variante Lambda (n=185), y se registraron 29 fallecidos en este subgrupo de variantes (todos por variante Lambda) (Anexo 4, Tabla N° 2).

En cuanto a casos de SARS-CoV-2 asociados a los linajes en Alerta para mayor seguimiento (n=158), un 53,8% (n=85) presentó signos y síntomas al momento de la notificación, principalmente del linaje B.1.621 (n=42). Un 11,4% (n=18) requirió hospitalización, principalmente el linaje B.1.621 (n=9), y no se registraron fallecidos para ningún caso con estos linajes (Anexo 4, Tabla N° 3). Finalmente, en cuanto a otros linajes y variantes (n=753), un 50,2% (n=378) presentaba síntomas al momento de la notificación, correspondiendo el linaje B.1.1.348 a 177 casos. Además, se han registrado hospitalizaciones en un 12,7% de los casos (n=96), de los cuales el linaje B.1.1.348 corresponde a 34 casos. Por último, se registraron 15 fallecidos, siendo 6 por linaje B.1.1.348 y 9 por otros linajes (Anexo 4, Tabla N° 4).

Evolución y Distribución espacial y temporal de variantes en Chile

Situación General

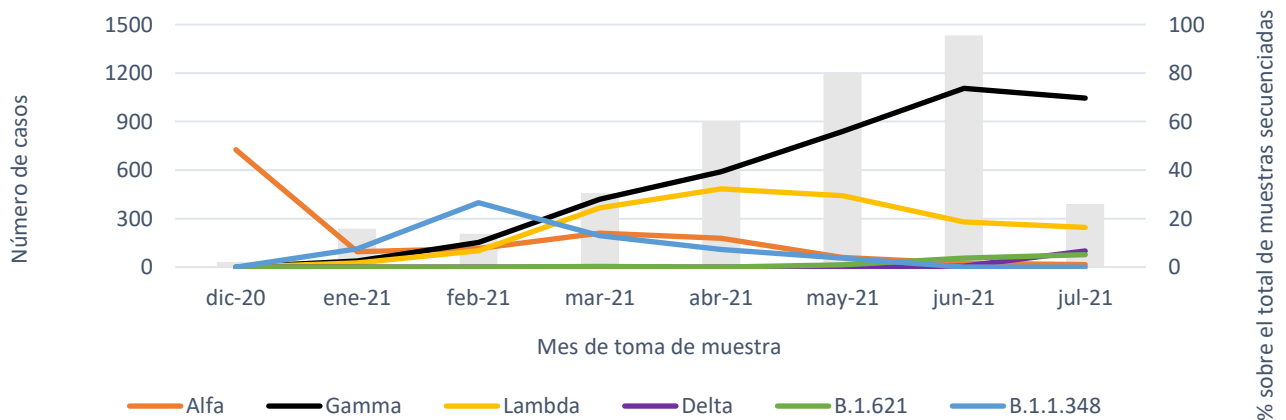
La evolución de las VOC a nivel nacional muestra una tendencia al alza desde marzo a junio para la variante Gamma, donde alcanzó su máximo en junio con un 73,7% (n=1.057) del total de los casos de SARS-CoV-2 analizadas ese mes (n=1.434). Según información preliminar para julio, esta variante corresponde al 69,7% (n=272) de los casos a la fecha de este informe (n=390).

La variante Alfa presentó una disminución a partir del mes de abril llegando en junio a estar en el 1,5% (n=22) de los casos analizados (n= 902) y en el transcurso del mes de julio correspondió al 1,0% (n= 4) de los casos (n=390) a la fecha de este informe (Figura N° 5).

Según fecha de toma de muestra, en el mes de junio se identificaron los primeros casos de la variante Delta y alcanzó el 0,4% (n=5) del total de los casos analizados ese mes (n=1.434). Hasta el 17 de julio se identificó en el 6,7% (n=26) de los 390 casos (Figura N° 5).

En relación con la variante Lambda, mantuvo una tendencia al alza hasta abril con un 32,2% (n=291), siendo la segunda variante más frecuente con el 16,4% (n=64) de las 390 muestras de casos analizados en julio (Figura N° 5). Se observa un discreto aumento del linaje de alerta para seguimiento B.1.621 desde junio, con un 5,5% (n=20) de las muestras de casos analizados en julio.

Figura N°5: Distribución de variantes VOC , VOI y linaje más prevalente de casos de SARS-CoV-2 por mes de toma de muestra de PCR. Chile, 22 de diciembre 2020 - 17 de julio 2021

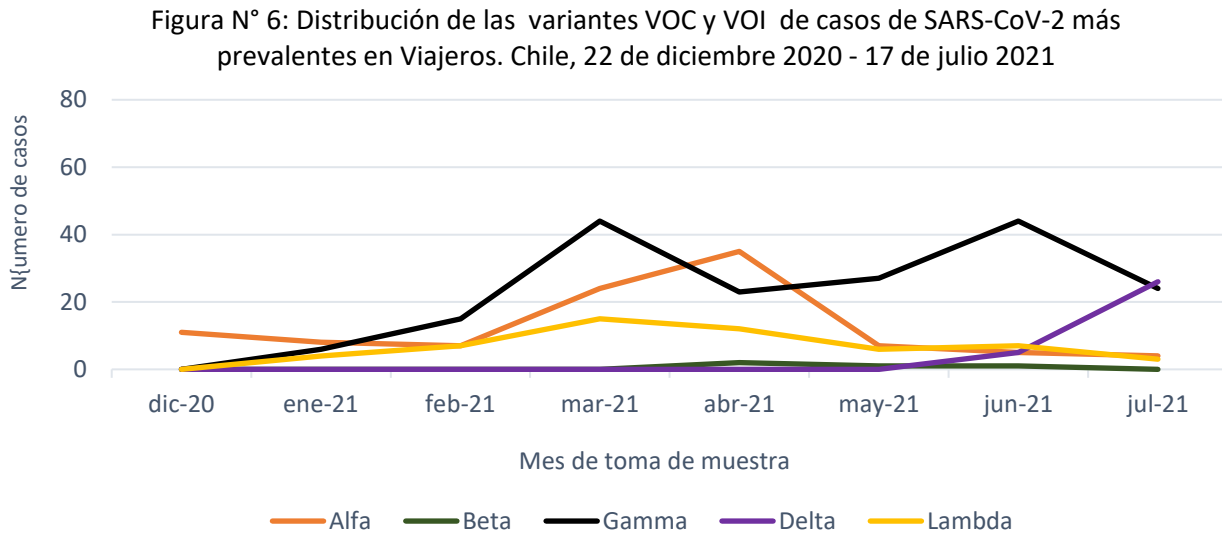


Datos provisorios al 17-07-2021.

Fuente: Instituto de Salud Pública. Sistema de notificación obligatoria EPIVIGILA Ministerio de Salud. Red de Salud UC Christus. Universidad de Magallanes. Universidad Andrés Bello-Clinica INDISA.

Vigilancia de viajeros

La evolución de las VOC en viajeros, muestra un mayor número de variante Gamma en marzo y junio de 2021, siendo superada en abril por la variante Alfa y en julio es similar a la variante Delta (Figura 6).



Datos provisorios al 17-07-2021.

Fuente: Instituto de Salud Pública. Sistema de notificación obligatoria EPIVIGILA Ministerio de Salud. Red de Salud UC Christus. Universidad de Magallanes. Universidad Andrés Bello-Clinica INDISA.

La distribución espacial histórica de las variantes VOC en viajeros, en relación con la región de residencia, hasta el 17 de julio de 2021 se presenta en la Tabla N° 4 y se puede observar que:

- La variante Alfa se ha presentado en todo el territorio, a excepción de Arica y Parinacota y Aysén.
- La variante Gamma se ha presentado en todo el territorio, a excepción de Arica y Parinacota y Los Ríos.
- La variante Beta se ha presentado solo en la región Metropolitana.
- La variante Delta se ha detectado en viajeros residentes de la región de Antofagasta, Coquimbo, Valparaíso, Metropolitana, Maule y Los Lagos.

Tabla 4: Distribución espacial histórica de las VOC en casos de SARS-CoV-2 en viajeros, en relación con la región de residencia. Chile, hasta el 17 de julio de 2021

Regiones	Alfa	Beta	Gamma	Delta
Arica y Parinacota	-	-	-	-
Tarapacá	1	-	8	-
Antofagasta	2	-	4	2
Atacama	2	-	1	-
Coquimbo	3	-	7	1
Valparaíso	15	-	56	3
Metropolitana de Santiago	65	4	81	21
Libertador General Bernardo O'Higgins	1	-	9	-
Maule	8	-	9	3
Ñuble	1	-	1	-
Biobío	3	-	5	-
Araucanía	1	-	2	-
Los Ríos	1	-	-	-
Los Lagos	1	-	2	1
Aysén del General Carlos Ibáñez del Campo	-	-	1	-
Magallanes y la Antártica Chilena	2	-	4	-
Total	106	4	190	31

Datos provisorios al 17-07-2021.

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

Vigilancia de casos comunitarios

De las 4.857 muestras de casos de SARS-CoV-2, analizados entre enero y el 17 de julio de 2021, 4.152 correspondieron a casos de SARS-COV-2 muestreados provenientes de la vigilancia comunitaria. De estos, el 60,3% (n=2.503) correspondieron a variantes VOC, un 25,4% (n=1.053) a variantes VOI, un 12,4% (n=514) a otros linajes y un 2,0% a alertas de seguimiento (n=82). No se detectan casos de variante Beta y Delta a nivel comunitario.

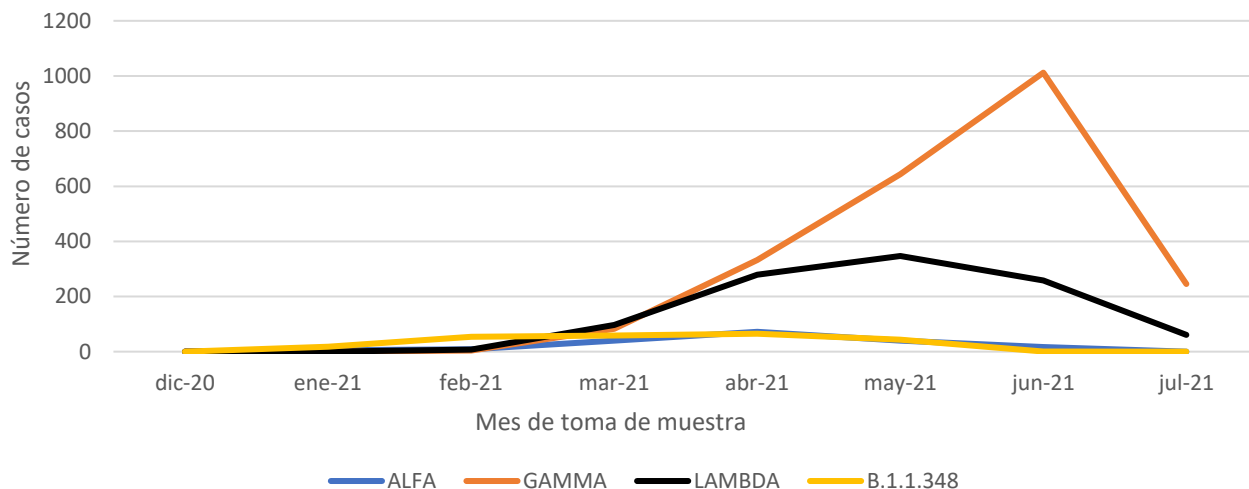
Desde enero al 31 de abril, se analizaron 1.359 casos SARS-CoV-2 de la cuales 127 fueron variante Alfa (9,3%) y 419 a la variante Gamma (30,8%) (Anexo 4, Tabla N° 5). En relación con las VOI, 383 correspondieron a variante Lambda (28,2%) y 2 de variante Iota (0,18%). En relación con otros linajes de interés, B.1.1.348 resultó en 196 casos con un 14,4%.

Durante el mes de mayo, se analizaron 1.148 casos SARS-CoV-2, de las cuales 40 corresponden a variante Alfa (3,5%) y 643 a variante Gamma con 56,0% (Anexo 4, Tabla N° 5). La variante Lambda, se presentó en 347 casos (30,2%) y la variante Iota en un caso (0,1%). El linaje B.1.1.348 se detecta en 3,8% (n=44).

Durante el mes de junio, de 331 casos analizados 17 corresponden a variante Alfa (1,3%) y 1.012 a variante Gamma (76,0%), se observa disminución para la variante alfa y un aumento para la variante Gamma en relación con el mes anterior (Anexo 4, Tabla N° 5).

La variante Lambda muestra disminución en el número de casos (n=258) y su proporción (19,4%) en relación al mes de mayo (Figura N° 7). Hubo solo un caso del linaje B.1.1.348 (0,1%), en disminución en comparación con el mes anterior. En el mes de julio hasta el día 17, se han analizado 314 casos, 245 con variante Gamma (Figura N°7).

Figura N° 7: Distribución variantes VOC, VOI y linaje prevalente en casos SARS-CoV-2 comunitarios. Chile, 22 diciembre 2020 a 17 de julio 2021



Datos Provisorios al 17 de Julio. Fuente: Instituto de Salud Pública, Sistema de notificación obligatoria EPIVIGILA, Ministerio de Salud. Declaración Jurada de viajeros C19.cl. Red de Salud UC Christus. Universidad de Magallanes.

Respecto a la distribución espacial histórica de las variantes VOC a nivel comunitario, en relación con la región de residencia, se observó que las variantes Gamma y Lambda se han presentado en todas las regiones del país y en relación a variante Alfa a nivel nacional con excepción de Magallanes.

Descripción de variantes en el país en julio de 2021

Desde el 1 al 17 de julio de 2021 se cuenta con el resultado de un total 390 casos confirmados de SARS-CoV-2 según fecha de toma de muestra. El ISP ha secuenciado 369 genomas completos y la Red UC CHRISTUS ha contribuido con 21 casos obtenidos mediante RT-qPCR de mutaciones asociadas a variantes.

Los casos analizados durante el mes de julio 2021, se distribuyen de manera equitativa en cuanto al sexo, el 63% de los casos corresponden a adultos entre los 20 y 59 años, y el 84,6% de los casos son de nacionalidad chilena. El 81% corresponde a casos comunitarios y un 19% a viajeros o secundarios a una importación. Respecto a la región de residencia de estos casos se distribuyen desde Arica y Parinacota hasta la región de Magallanes, exceptuando a la región de los Ríos. La mayor proporción de casos analizados en este periodo provienen desde la región Metropolitana (24%), desde la región de Arica y Parinacota (14%) y la región de Valparaíso (12%).

Dentro del periodo mencionado, se identificaron 302 VOC (77,4%) identificados por secuenciación del genoma completo (n=281) y por RT-qPCR de mutaciones que se asocian a variantes (n=21). La variante Gamma está presente en el 69,7% de los casos, distribuidas desde Arica y Parinacota a Los Lagos (exceptuando Los Ríos), con mayor frecuencia en la región Metropolitana (n=57) y la región de Arica y Parinacota (n=51). La variante Alfa está presente en el 1,0% de los casos en residentes de las regiones de Atacama, Valparaíso y Metropolitana. La variante Delta se identificó en 26 (6,7%) casos en residentes de la región de Antofagasta, Coquimbo, Valparaíso, Metropolitana y Maule. En cuanto a la variante Beta no se identifican casos durante este periodo (Tabla N° 5).

Se identificaron 64 casos de VOI (16,4%) las cuales correspondieron solo a la variante Lambda. Estas se detectaron en residentes de la región del Biobío (n=13), Metropolitana (n=10) y Atacama (n=8) entre las más frecuentes (Tabla N° 5).

En cuanto a linajes de Alerta, se han identificado 20 casos asociados a estos linajes durante el mes de julio, correspondiendo al 5,1% de los casos, todas de linaje B.1.621 principalmente en la región Metropolitana (n=7), (Tabla N° 5).

En relación con otros linajes se identificó C.16 (n=2) en Antofagasta y Atacama; B.1. en la región del Maule; y B.1.625 (n=1) en la región del Biobío (Tabla N° 5).

Tabla 5: Distribución de las variantes y linajes según técnica de procesamiento de casos de SARS-CoV-2, según región. Chile, desde el 01 al 17 de julio de 2021.

Regiones	VOC				VOI	Linajes de Alerta	Otros linajes
	Gamma		Alfa	Delta	Lambda	B.1.621	SG
	SG	RT PCR	SG	SG	SG	SG	
Arica y Parinacota	51	-	-	-	4	1	-
Tarapacá	2	-	-	-	-	1	-
Antofagasta	12	-	-	1	2	1	1
Atacama	15	-	1	-	8	2	1
Coquimbo	4	1	-	1	-	-	-
Valparaíso	32	1	2	2	5	4	-
Metropolitana de Santiago	39	18	1	19	10	7	-
Lib. Bdo. O'Higgins	28	-	-	-	6	1	-
Maule	13	-	-	2	5	1	1
Ñuble	15	-	-	-	1	-	-
Biobío	21	-	-	-	13	1	1
Araucanía	9	1	-	-	3	1	-
Los Ríos	2	-	-	1	1	-	-
Los Lagos	8	-	-	-	4	-	-
Aysén del Gral. Carlos Ibáñez del Campo	-	-	-	-	2	-	-
Magallanes	-	-	-	-	4	-	-
Total	251	21	4	26	64	20	4

SG= Secuenciación genómica, RT-PCR= RT-qPCR para detección de mutaciones

Datos provisorios al 17-07-2021

Fuente: Instituto de Salud Pública. Sistema de notificación obligatoria EPIVIGILA Ministerio de Salud. Red de Salud UC Christus.

6. DISCUSIÓN

Desde marzo al 17 de julio, la variante Gamma es la VOC predominante a nivel nacional con casi el 70% del total de los casos analizados en lo que va de julio.

Se observa un mayor número de hospitalizados y fallecidos en los casos asociados a la variante Gamma, 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). Por otra parte, la variante Lambda que aumentó su circulación desde marzo, ha presentado una disminución en el tiempo, siendo la segunda variante en el mes de julio.

El alto porcentaje de variantes VOC a nivel comunitario, indicaría de acuerdo con la evidencia disponible presentaría además un potencial efectos en la neutralización por vacuna e impacto en el diagnóstico y en la eficacia de las vacunas. 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)

La variante Delta, descrita en abril a nivel internacional, comparte con las variantes Beta y Gamma la presencia de las mutaciones N510Y y E484K, lo que hace posible que ocurra un aumento de transmisibilidad y una disminución en la capacidad de neutralización de anticuerpos (OMS 2021). Todos los casos asociados a la variante Delta corresponden a viajeros sin un vínculo aun con casos comunitarios, demostrando que la vigilancia genómica desempeña un papel fundamental en la identificación y seguimiento de variantes que tienen un impacto directo en el control y propagación del virus permitiendo implementar medidas de salud pública, como el refuerzo de la vigilancia de viajeros y la emisión de las recomendaciones y criterios para la selección de las muestras de casos confirmados de SARS-CoV-2 para aumentar la secuenciación genómica de los casos de SARS-CoV-2.

Desde marzo hasta junio, a nivel nacional, se observó un aumento de casos de SARS-CoV-2 analizadas en la vigilancia comunitaria y se presentó un aumento, en el promedio semanal planificado asociado a la incorporación en la secuenciación de grupos especiales y brotes activos.

En términos operativos, mediante la aprobación mediante Resolución Ministerial (N°403 del 27 de abril 2021) del Proyecto de Vigilancia Genómica, liderado por el MINSAL, en conjunto con ISP y Ministerio de Ciencias se están acelerando los procesos para aumentar las capacidades de secuenciación genómica a nivel regional y nacional contando ya con el convenio de colaboración con la Universidad de Magallanes y en proceso con otras

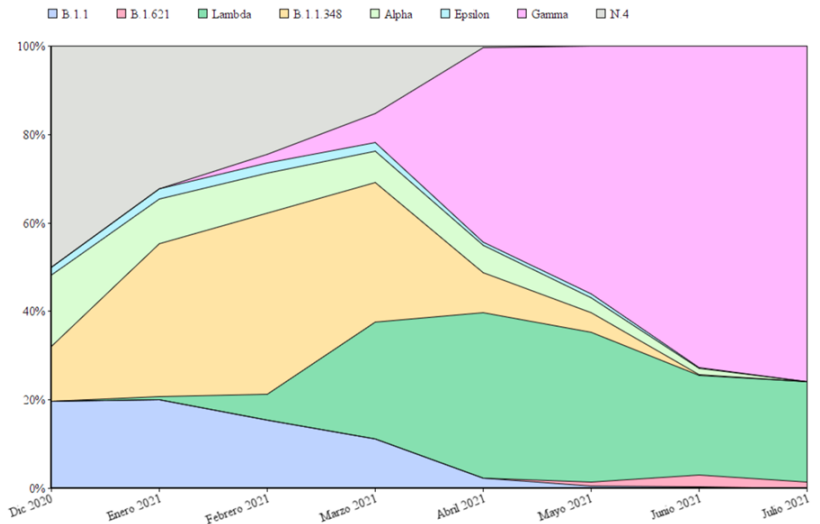
instituciones con la que se espera ampliar las capacidades actuales a través de un trabajo colaborativo. Todos estos mecanismos, en conjunto con las medidas preventivas no farmacológicas, son fundamentales para el control de la pandemia por COVID-19.

Según información de datos internacionales disponibles en GISAID (www.gisaid.org), Chile dispone de 4.731 genomas completos al 12 julio de 2021, siendo uno de los países de Latinoamérica que más genomas ha compartido (0,29 % de los casos positivos de COVID-19), lo que permite mostrar la evolución de los linajes disponibles en GISAID (Figura 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 virus SARS-CoV-2 y el seguimiento de aquellas que pueden ser relevantes para la toma de decisiones en Salud Pública. Chile cuenta con un protocolo para viajeros que implica tener un registro y seguimiento de los casos positivos a nuevas variantes que ingresan al país. Las medidas adoptadas en viajeros, como: la cuarentena obligatoria para viajeros de cualquier país de procedencia, la estrategia BAC en el aeropuerto y otros puntos de entrada, 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.

Finalmente, se agradece a los establecimientos de la red laboratorios de la vigilancia de Virus Respiratorios del ISP y establecimientos que envían muestras de casos de SARS-CoV-2 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, al laboratorio de la Red de Salud UC CHRISTUS por la colaboración en el envío permanente de reportes de vigilancia genómica, a la Universidad de Magallanes y a la UNAB junto a la Clínica INDISA por el reporte de un caso de VOI.

Figura N° 8: Evolución de los linajes predominantes de SARS-CoV-2 en Chile, diciembre 2020-julio 2021.



Fuente: Instituto de Salud Pública de Chile

7. REFERENCIAS

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 línea <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 línea <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 línea <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 línea <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 línea <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 línea <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 línea <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 all. 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 línea <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 línea <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 línea <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. 12 de julio de 2021. Disponible en línea <https://www.ecdc.europa.eu/en/covid-19/variants-concern>.
16. Ministerio de Salud de Chile. Medidas para el refuerzo de la de Vigilancia genómica de SARS-CoV-2. ORD 2255 12 de julio 2021. Disponible en línea http://epi.minsal.cl/wp-content/uploads/2021/06/ORD_2255_25_06_2021_MEDIDAS_DE_REFUERZO_PARA_ENVIO_DE_MUESTRAS_DE_CASOS_SARS_COV2_A_SECUENCIAMIENTO.pdf.