

Informe Epidemiológico
Circulación de variantes SARS-CoV-2 en Chile
al 25 de junio de 2021

Departamento de Epidemiología



Resumen

En Chile, a través del programa de vigilancia genómica, se han secuenciado un total de 3.441 casos confirmados de SARS-CoV-2 entre el 22 de diciembre de 2020 y el 25 de junio de 2021, detectándose variantes de preocupación (VOC) en un 51,0% (n=1.756) y variantes de interés en Salud Pública (VOI) en un 26,5% (n=911) del total de muestras de casos. Otros linajes secuenciados corresponden al 22,5% (n=774).

En cuanto a las variantes de preocupación se mantiene predominio de variante GAMMA con el 43,0% (n=1.479) y un 7,9% la variante ALFA (n=273). El 24 de junio se informa la detección del primer caso de la variante DELTA en Chile.

Respecto a las variantes de interés, LAMBDA (C.37) es el más frecuente con un 24,3% (n=837), siendo la segunda variante más frecuente en el país durante el mes de junio. En cuanto a linajes en seguimiento por presentar mutaciones de interés se encuentra B.1.1.348 que corresponde al 7,0% (n=242).

En relación a la distribución regional de casos secuenciados en junio destaca la concentración de casos de la variante GAMMA en la región Metropolitana, O'Higgins y Arica.

Antecedentes generales

Desde la identificación inicial del SARS-CoV-2, hasta el 25 de junio de 2021, se han compartido, a nivel mundial, más de 2.000.000 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), las que se describen a continuación (Tabla N° 1). El 14 de junio de 2021, la variante asignada al linaje C.37, fue designada como VOI global y se le asignó la etiqueta de la OMS "LAMBDA". Esta variante se ha asociado con tasas sustanciales de transmisión comunitaria en varios países, con aumento de la prevalencia a lo largo del tiempo junto con una mayor incidencia de COVID-19.

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>

Tabla N° 1: Variantes de preocupación (VOC) y variantes de interés (VOI) del SARS-CoV-2, al 22 de junio de 2021.

Etiqueta OMS	Linaje Pango	Gisaid Clade	Nextstrain Clade	Muestras documentadas más antiguas	Fecha de designación
Variantes de preocupación (VOC)					
Alfa	B.1.1.7	GRY (anteriormente GR / 501Y.V1)	20I (V1)	Reino Unido, septiembre de 2020	18 de diciembre 2020
Beta	B.1.351	GH / 501Y.V2	20H (V2)	Sudáfrica, mayo de 2020	18 de diciembre 2020
Gama	P.1	GR / 501Y.V3	20J (V3)	Brasil, noviembre de 2020	11 de enero de 2021
Delta	B.1.617.2	G / 478K.V1	21A	India, octubre de 2020	VOI: 4 de abril de 2021 VOC: 11 de mayo de 2021
Variantes de interés (VOI)					
Épsilon	B.1.427 / B.1.429	GH / 452R.V1	21C	Estados Unidos, marzo de 2020	5 de marzo de 2021
Zeta	P.2	GR / 484K.V2	20B	Brasil, abril de 2020	17 de marzo de 2021
Eta	B.1.525	G / 484K.V3	21D	Varios países, diciembre de 2020	17 de marzo de 2021
Theta	P.3	GR / 1092K.V1	21E	Filipinas, enero de 2021	24 de marzo de 2021
Iota	B.1.526	GH / 253G.V1	21F	Estados Unidos, noviembre de 2020	24 de marzo de 2021
Kappa	B.1.617.1	G / 452R.V3	21B	India, octubre de 2020	4 de abril de 2021
	C.37	GR / 452Q.V1	20D	Perú, agosto de 2020	14 de junio de 2021

Fuente: OMS, Actualización epidemiológica semanal sobre COVID-19 - 22 de junio de 2021 (Edición 45).

La vigilancia de estas nuevas variantes es fundamental debido a que su continua circulación puede impactar a nivel de Salud Pública e individual respecto a los métodos diagnósticos y terapéuticos empleados, en la severidad clínica y la consecuente demanda asistencial, 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. La OMS ha actualizado la evidencia emergente sobre las características fenotípicas de las variantes VOC proporcionada al 22 de junio (Anexo 3 Tabla N°1).

Mayores especificaciones sobre la metodología de confección del presente informe y tablas de resultados en extenso están disponibles en el informe complementario a este informe en sus Anexos 1-4.

Panorama de junio de 2021

Durante el mes de junio de 2021 el Instituto de Salud Pública de Chile (ISP), ha secuenciado 336 genomas completos de casos de SARS-CoV-2 y junto a la contribución de 123 muestras de la Red UC CHRISTUS (resultados mediante RT-qPCR de mutaciones asociadas a variantes), se han analizado 459 muestras de casos SARS-CoV-2 hasta el 25 de junio, según fecha de procesamiento; de las cuales se identificaron 344 casos de variantes de preocupación (74,9%); la variante GAMMA fue identificada en 334 muestras distribuidas de Arica y Parinacota hasta Aysén, concentrándose mayormente en la región Metropolitana (n=176), en la región de Libertador Bernardo O'Higgins (n=44) y Arica (n=26); la variante ALFA fue identificada en 9 muestras, distribuidas en las regiones de Antofagasta, Atacama, Valparaíso, Metropolitana, del Libertador Bernardo O'Higgins y Biobío. La variante DELTA, fue identificada en una muestra correspondiente a una persona de la región del Maule el 24 de junio.

Se identificaron 85 muestras de variantes de interés de para la salud pública (18,5%). Se detecta la variante LAMBDA en 82 muestras en residentes de las regiones de Antofagasta, Atacama, Coquimbo, Valparaíso, Metropolitana de Santiago, Libertador Bernardo O'Higgins, Maule, Ñuble, Araucanía, Los Ríos y Los Lagos. concentrándose mayormente en la región de Libertador Bernardo O'Higgins (n=28) y en la región Metropolitana (n=18). El resto corresponden a la variante EPSILON en residentes de la región Metropolitana de Santiago y de la región de la Araucanía.

En cuanto a otros linajes en seguimiento, durante el mes de junio se ha detectado solo en una muestra el linaje B.1.1.348 en la región de Antofagasta, 8 muestras del linaje B.1.621 en residentes de las regiones de Arica y Parinacota, Antofagasta, Metropolitana de Santiago y Libertador Bernardo O'Higgins. Se informan 4 muestras del linaje C.36.3 identificado por primera vez en el país en la región de Valparaíso y Metropolitana de Santiago y que se encuentra en seguimiento por poseer mutaciones en la proteína Spike.

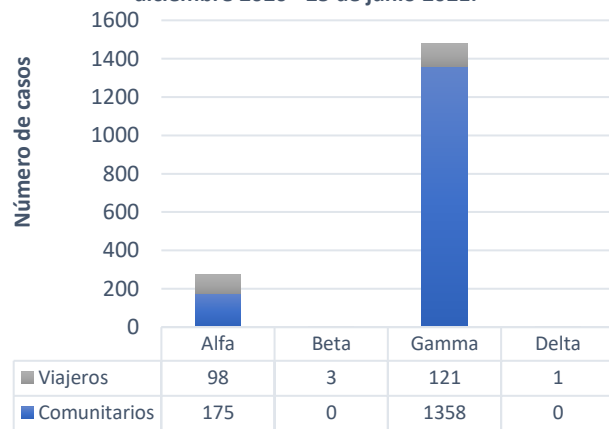
Situación nacional actual

Al 25 de junio de 2021 se han analizado a nivel nacional 3.441 muestras de casos confirmados de SARS-CoV-2 de los cuales se han obtenidos las secuencias que permiten realizar análisis genómico.

Las variantes de preocupación (VOC) se presentan en un 51,0% (n=1.756) y las de interés en Salud Pública (VOI) en un 26,5% (n=911) del total de muestras de casos secuenciados (Anexo 4, Tabla N° 2).

En cuanto a las VOC (Gráfico N°1) su principal variante es GAMMA (n=1.479), que representa un 84,2% del total de VOC (n=1.756) y un 43,0% del total secuenciado (n=3.441). Respecto a las VOI (Gráfico N°2) su principal variante es LAMBDA, que representa un 91,9% (n=837) del total de VOI (n=911), y un 24,3% del total de casos secuenciados (Anexo 4, Tabla N°2).

Gráfico n°1: Distribución de VOC según variante y condición de viajero/comunitario. Chile, 22 diciembre 2020 - 25 de junio 2021.



*Datos provisorios al 25 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.

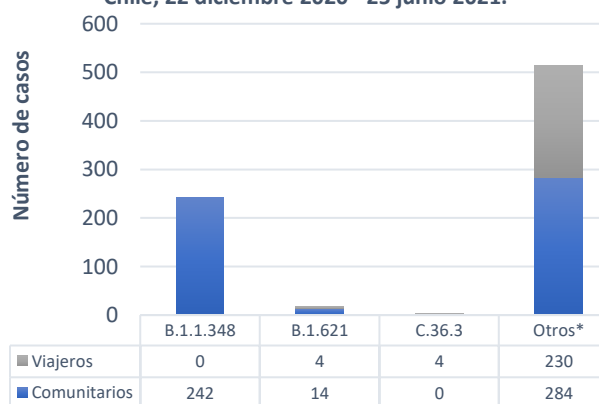
Gráfico n°2: Distribución de VOI según variante y condición de viajero/comunitario. Chile, 22 diciembre 2020 - 25 de junio 2021,



*Datos provisorios al 25 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 - 25 junio 2021.



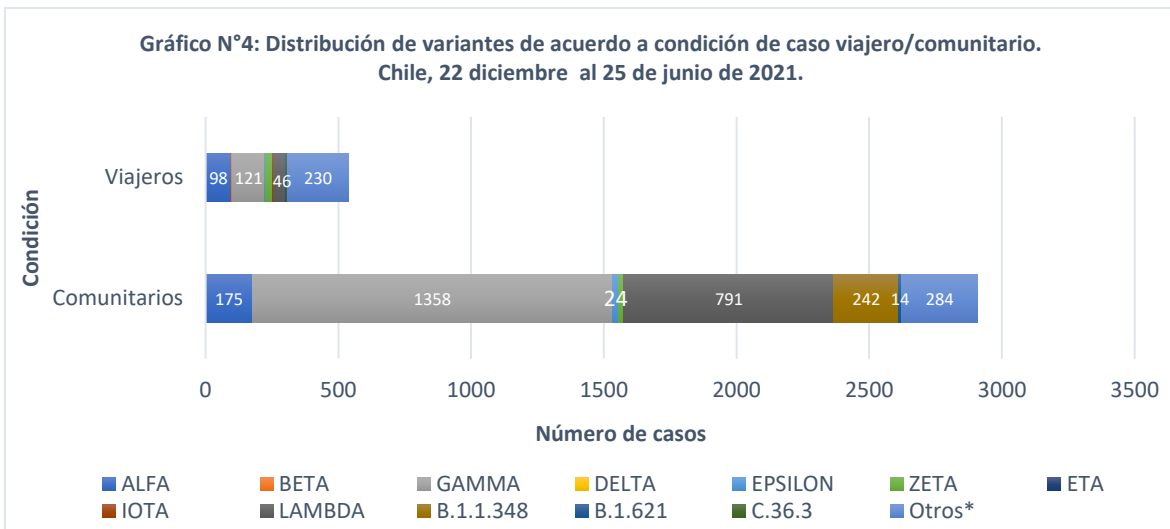
*Datos provisorios al 25 de junio de 2021

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.

Respecto a otros linajes (Gráfico N°3), el más frecuente es B.1.1.348 que representa un 31,3% (n=242) del total de este grupo (n=774), y un 7,0% del total de casos secuenciados (Anexo 4, Tabla N°2).

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 comunitario a continuación se observa la mayor proporción de variantes GAMMA y LAMBDA en casos comunitarios, que reflejan la circulación a nivel nacional, y GAMMA y otros en viajeros (Gráficos N°1 y N°4).



*Datos provisorios al 25 de junio de 2021

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

En términos de las características de los casos de SARS-CoV-2 de variantes VOC (n=1.756), un 73,9% (n=1.297) han evolucionado sintomáticamente y un 16,1% ha requerido hospitalización (n=283), ambas principalmente por variante GAMMA (n=283 y n=261, respectivamente). Por último, se registran 55 fallecidos (3 por variantes ALFA y 52 por GAMMA) (Anexo 4, Tabla N°3).

Respecto a las variantes VOI (n=911), un 78,3% (n=713) han evolucionado con síntomas, principalmente por variante (n=668). Además, un 14,9% (n=136) ha requerido hospitalización principalmente por variante (n=128), y se registran 17 fallecidos en este subgrupo de variantes (Anexo 4, Tabla N°4).

Finalmente, en cuanto a otros linajes y variantes (n=774), un 51,3% (n=397) ha evolucionado con síntomas, principalmente por el linaje B.1.1.348 (n=177). Además, se han registrado hospitalizaciones en un 12,0% de los casos (n=93) principalmente por B.1.1.348. Por último, hay que destacar la existencia de 16 casos fallecidos, siendo 6 por linaje B.1.1.348 y 10 por otros linajes (Anexo 4, Tabla N°5).

Cabe destacar que un 52,7% (n=1.533) del total de casos detectados a nivel comunitarios (n=2.907) y un 41,8% (n=223) del total de los casos en viajeros (n=530) 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 e impacto en el diagnóstico y en la eficacia de las vacunas (Anexo 3, Tabla N°1). 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).

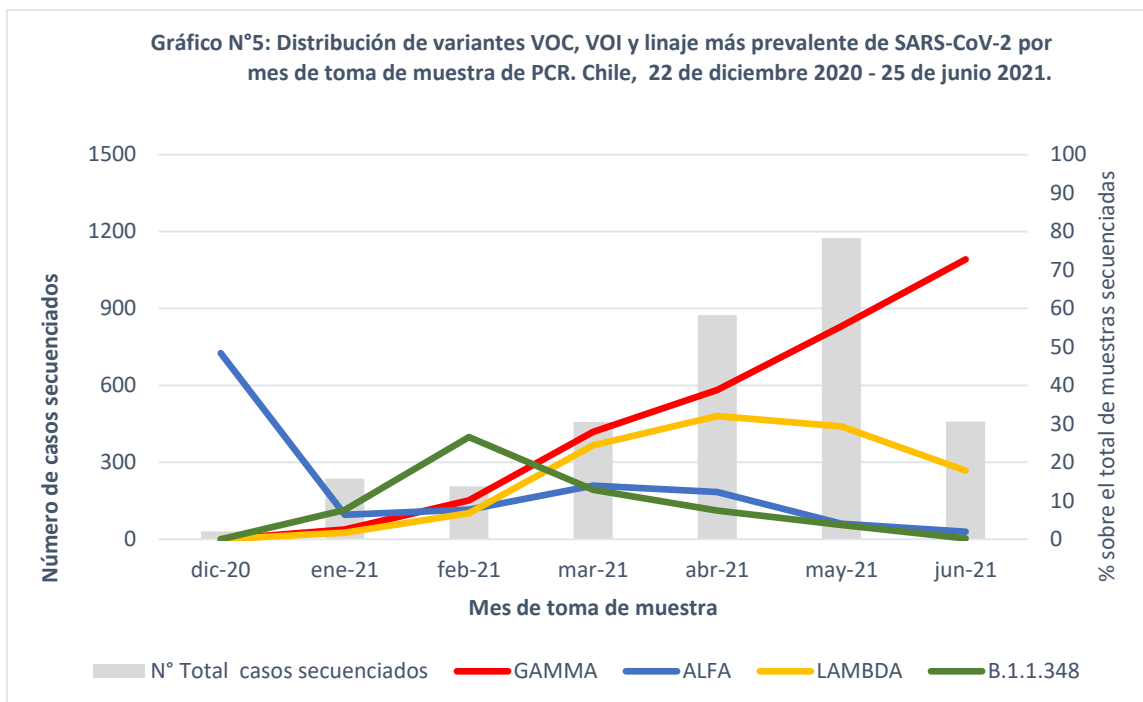
Evolución y Distribución espacial y temporal²

Situación General

La evolución de las variantes VOC a nivel nacional muestra una tendencia al alza desde marzo para la variante GAMMA, donde alcanza al 27,9% (n=128) del total de muestras secuenciadas (n=458), en abril alcanza un 38,8% (n=339) del total de muestras secuenciadas (n=874) y un 55,4% (n=651) en mayo (n=1.175). Según información preliminar la variante GAMMA corresponde al 72,8% (n=334) de los casos secuenciados a la fecha de este informe en junio (n=459), mientras la variante ALFA representa en este mes un 2,0% (n=9) a nivel nacional (Gráfico N°5).

En relación a la variante LAMBDA, se identifican los primeros 4 casos en enero (1,7%), respecto a 237 casos secuenciados, manteniendo una tendencia al alza hasta abril con un 32,0% (n=345) y según información preliminar a junio disminuye a un 17,9% (n=82) (Gráfico N°5).

² Datos respecto a evolución temporal y espacial disponibles al 25 de junio de 2021

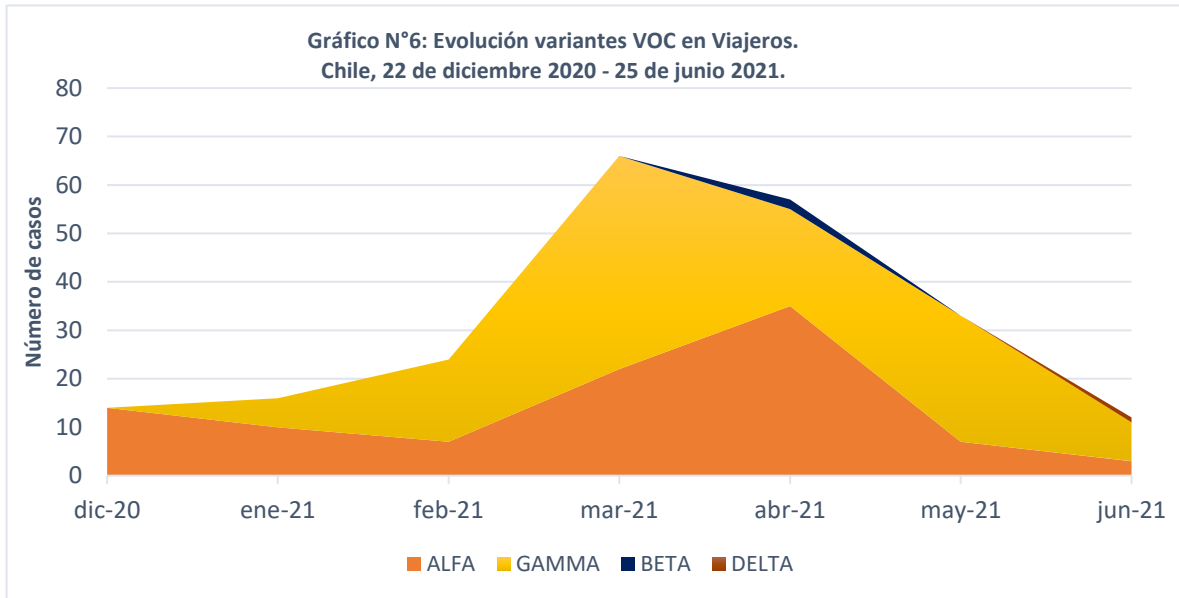


Datos provisorios al 25 de junio de 2021.

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

Vigilancia específica de viajeros

Al 25 de junio de 2021 el ISP ha secuenciado un total de 530 muestras de casos confirmados de SARS-CoV-2. Observando la evolución de las variantes VOC, se demuestra una mayor proporción de variante GAMMA en marzo de 2021, mayo y junio, siendo solo superada en abril por la variante ALFA. Cabe destacar que los datos del último mes son provisorios al 25 de junio 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.



Datos provisorios al 25 de junio de 2021

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

Respecto a la distribución geográfica histórica de las variantes VOC en viajeros, en relación con la región de residencia, hasta el 25 de junio de 2021 se observa lo siguiente:

- ALFA (n=98) se ha detectado en todo el territorio, a excepción de Arica y Parinacota y Aysén
- GAMMA (n=121) se ha detectado en todo el territorio, a excepción de Arica y Parinacota, Atacama, Los Ríos y Aysén
- BETA (n=2) se ha detectado solo en la región Metropolitana
- DELTA (n=1) se ha detectado en la región del Maule

Vigilancia específica de casos comunitarios

Del total de muestras de casos de SARS-CoV-2, procesadas entre enero y a la fecha de este informe, en la vigilancia comunitaria que se han secuenciado 2.907 a nivel nacional.

Durante la semana epidemiológica (SE) 18, se secuenciaron 223 muestras, observando una mayor detección de variante GAMMA con 53,8% (n=120), un 39,9% por variante (n=89), mientras que 10 muestras corresponden a la variante ALFA (4,5%) y 4 (1,8%) muestras para el linaje B.1.1.348 (Gráfico N° 7).

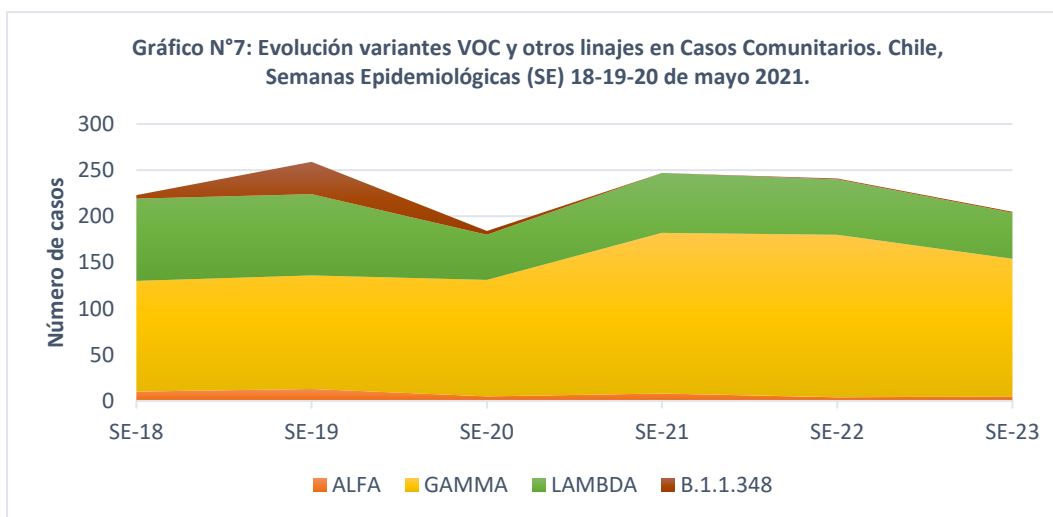
Durante la SE 19, se secuenciaron 259 muestras, con predominio de la variante GAMMA con un 47,5% (n=123), un 34,0% (n=88) para la variante LAMBDA y un 5,0% (n=13) de la variante ALFA. El linaje B.1.1.348 fue detectado en un 13,58% (n=35), en mayor proporción en relación con la semana epidemiológica anterior (Gráfico N° 7).

En la SE 20, se secuenciaron 184 muestras. De estas, el 67,4% (n=126) corresponden a la variante GAMMA, que aumentó en número y proporción en relación con la SE anterior. Para la variante LAMBDA hubo 49 (26,6%) muestras y la variante ALFA se registran 5 casos (2,7%). El linaje B.1.1.348 se detectó en 4 muestras (2,2%), disminuyendo en proporción en relación con la SE anterior (Gráfico N° 7).

Durante la SE 21, se secuenciaron 247 muestras. De estas se observó un aumento en el número de muestras con variante GAMMA con un 70,4% (n=174). Para la variante LAMBDA se detecta en un 26,3% (n=65) y para la variante ALFA solo un 3,2% (n=8). Durante esta SE no hubo resultados de secuenciación con linaje B.1.1.348 (Gráfico N° 7).

En la SE 22, de un total 241 muestras secuenciadas, la variante GAMMA se presentó en un 73,0% (n=176), manteniéndose como la variante con mayor prevalencia. Luego sigue la variante LAMBDA con 24,9% (n=60) y la variante ALFA con 1,7% (n=4). El linaje B.1.1.348 solo se detecta en una muestra (Gráfico N° 7).

Durante la SE 23, se secuenciaron 205 muestras y la variante GAMMA se presenta con 72,7% (n=149), la variante LAMBDA un 24,4% (n=50) y 5 muestras la variante ALFA con un 2,4%. (Gráfico N° 7).



Datos provisorios al 25 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 a nivel comunitario, 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.

En cuando a variantes de interés, LAMBDA se ha presentado en todo el país y el linaje B.1.1.348 que no se ha observado presencia en las regiones de Coquimbo y Los Ríos.

La distribución mensual de las variantes por región se presente en el Anexo 4 (Tabla N° 6), mostrando en lo que va de junio un bajo número de muestras en las regiones de Tarapacá, Coquimbo, Biobío, Ñuble, Los Ríos, Aysén y Magallanes.

Discusión

Actualmente la variante GAMMA es la VOC predominante a nivel nacional desde marzo a la fecha con más de dos tercios del total de los casos secuenciados en junio, 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. 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.

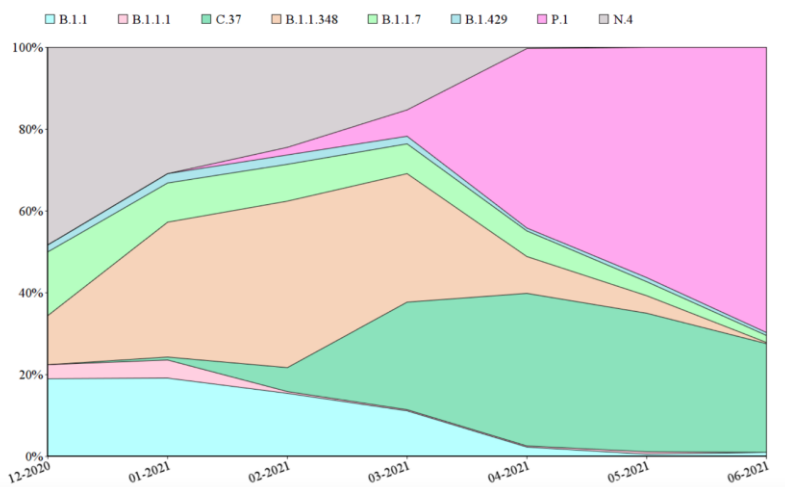
Por otra parte, la variante LAMBDA aumentó su circulación desde marzo a la fecha siendo la segunda variante más prevalente en mayo en Chile, después de la variante GAMMA a nivel nacional.

La detección de la variante DELTA presenta el desafío de su identificación temprana para la implementación de las medidas de prevención y mitigación. Para ello el Ministerio de Salud ha emitido las recomendaciones para el manejo de los casos de SARS-CoV-2 asociados a variante Delta, el refuerzo de la vigilancia de viajeros y las recomendaciones y criterios para la selección de las muestras para aumentar el secuenciamiento genómico de los casos de SARS-CoV-2.

A nivel nacional, se observa un aumento de muestras de SARS-CoV-2 secuenciadas en la vigilancia de circulación nacional (comunitaria) desde marzo hasta mayo, sin embargo, durante lo que va de junio se presenta un leve descenso, en el promedio semanal planificado asociado al bajo número de muestras enviadas por algunas regiones del país.

En términos operativos, mediante a aprobación mediante Resolución Ministerial (N°403. 27 de abril 2021) del Proyecto de Vigilancia Genómica, liderado por el Ministerio de Salud, 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 a través de convenios de colaboración con instituciones académicas que realizan secuenciamiento genómico.

Gráfico n°8: Evolución de los linajes predominantes de SARS-CoV-2 en Chile, diciembre 2020-junio 2021.



Fuente: Instituto de Salud Pública de Chile

Según información de datos internacionales disponibles en GISAID (www.gisaid.org), Chile dispone 3.695 genomas completos al 24 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 (0,24 % 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 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 cuenta con un protocolo para viajeros para la detección que implica tener un registro y seguimiento de los casos positivos a nuevas variantes que ingresan al país. Las medidas adoptadas en viajeros, la cuarentena obligatoria para viajeros de cualquier país de procedencia, la estrategia de búsqueda activa 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.

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, 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 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 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 <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. 25 de junio de 2021. Disponible en: <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, 25 de junio 2021. Disponible en 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.
17. Ministerio de Salud de Chile. Manejo caso confirmado con variante Delta y sus contactos estrechos. ORD 2236 de 25 de junio 2021. Manejo caso confirmado con variante Delta y sus contactos estrechos. Disponible en <https://www.minsal.cl/nuevo-coronavirus-2019-ncov/informe-tecnico/>.