



INFORME DE VARIANTES SARS-CoV-2

Instituto de Salud Pública de Chile

27 de agosto de 2021

1 Antecedentes

El virus SARS-CoV-2 que causa la enfermedad COVID-19, ha tenido un fuerte impacto en la salud a nivel mundial. Este virus ha infectado a un gran número de personas causando enfermedad severa, secuelas a largo plazo, defunciones y exceso de mortalidad (1). Así también, esta pandemia ha alterado los servicios y atenciones regulares de salud, ha perturbado los viajes, el comercio, la enseñanza y otras muchas actividades sociales con repercusiones negativas en la salud física y mental de las poblaciones (1).

En el proceso de evolución de los virus, la aparición de mutaciones es un evento natural y esperado (2). El virus SARS-CoV-2 pertenece a la familia de los betacoronavirus los cuales, a diferencia de otros virus ARN, tienen la capacidad de corregir errores durante el proceso de replicación, generando una menor cantidad de mutaciones comparado con otros virus como Influenza o VIH (3).

A medida que el SARS-CoV-2 se ha extendido por el mundo, ha ido acumulando mutaciones en el genoma viral (3). La caracterización genómica del SARS-CoV-2 se divide en diferentes grupos genéticos o clados, donde algunas mutaciones específicas definen los grupos genéticos virales o linajes que circulan actualmente a nivel global (2). A causa de procesos de microevolución y presión de selección, pueden aparecer algunas mutaciones adicionales que generan diferencias al interior de cada grupo genético, las cuales se denominan variantes (2). Una nueva variante de SARS-CoV-2 puede tener una o más mutaciones que la diferencian de la variante predominante que se encuentra circulando en la población general.

La vigilancia genómica contribuye a investigar de qué forma las variantes impactan en la transmisión de COVID-19, la severidad del cuadro clínico, la efectividad de las vacunas o de los tratamientos médicos (4). Desde el comienzo de la pandemia de SARS-CoV-2, la Organización Mundial de la Salud (OMS), ha evaluado regularmente si estas variantes presentan diferente capacidad de transmisión, cuadro clínico, gravedad de los síntomas, o si afectan a las medidas empleadas para enfrentarlo, como los exámenes de diagnóstico, tratamientos disponibles y las vacunas (1). La reducción de la

capacidad de neutralización de alguna de estas nuevas variantes podría eventualmente desencadenar eventos de reinfección y baja respuesta vacunal (3).

Frente al incremento de variantes se debe tener en cuenta las limitaciones de los sistemas de vigilancia, la capacidad de los países y territorios para secuenciar las muestras y las diferencias en la selección de las muestras a secuenciar (3). En Chile, los criterios epidemiológicos para la selección de muestras a secuenciar, definidos por el Ministerio de Salud, son: vigilancia genómica en establecimientos de salud y laboratorios de la red de vigilancia de virus respiratorios ISP, vigilancia genómica en fronteras, vigilancia genómica en brotes y vigilancia genómica en grupos especiales (5).

La OMS ha definido las “variantes de preocupación” (VOC, por sus siglas en inglés), aquellas que puedan presentar aumento de la transmisibilidad y virulencia, cambios en la presentación clínica de la enfermedad o la disminución de la efectividad de las medidas de distanciamiento físico y de salud pública (3,6) y “variantes de interés de SARS-CoV-2” (VOI, por sus siglas en inglés), las cuales se caracterizan por tener cambios fenotípicos en comparación con un aislado de referencia o tener un genoma con mutaciones que conducen a cambios de aminoácidos asociados con implicaciones fenotípicas establecidas o sospechadas y además causan transmisión comunitaria, epidemias, conglomerados de casos de COVID-19 o se expanden de un país a otro (6). Recientemente la OMS ha definido un grupo de variantes que se encuentran bajo monitoreo, que incluye a aquellas con cambios genéticos que podrían afectar las características del virus dado que podrían constituir un riesgo futuro, pero aún no se cuenta con evidencia del impacto fenotípico o epidemiológico, lo que se requiere seguimiento y evaluación, siendo esta una clasificación dinámica (6).

La clasificación actual de los linajes de SARS-CoV-2, según OMS es el siguiente: (7)

Variantes de preocupación (VOC)

WHO label	Pango lineage*	GISAID clade	Nextstrain clade	Additional amino acid changes monitored*	Earliest documented samples	Date of designation
Alpha	B.1.1.7 #	GRY	20I (V1)	+S:484K +S:452R	United Kingdom, Sep-2020	18-Dec-2020
Beta	B.1.351	GH/501Y.V2	20H (V2)	+S:L18F	South Africa, May-2020	18-Dec-2020
Gamma	P.1	GR/501Y.V3	20J (V3)	+S:681H	Brazil, Nov-2020	11-Jan-2021
Delta	B.1.617.2§	G/478K.V1	21A	+S:417N	India, Oct-2020	VOI: 4-Apr-2021 VOC: 11- May-2021

Incluye todos los linajes descendientes. La lista completa de linajes Pango se encuentra disponible en: https://cov-lineages.org/lineage_list.html; para otras consultas frecuentes visite: <https://www.pango.network/faqs/>; * solo se encuentra en un subgrupo de secuencias; # incluye todos los Q. *linajes (en sistema de nomenclatura Pango, Q es un alias para B.1.1.7); § incluye todos los AY. *linajes (en sistema de nomenclatura Pango, AY es un alias para B.1.617.2); para más información sobre AY. *linajes, por favor visite: <https://www.pango.network/new-ay-lineages/>.

Variantes de interés (VOI)

WHO label	Pango lineage*	GISAID clade	Nextstrain clade	Earliest documented samples	Date of designation
Eta	B.1.525	G/484K.V3	21D	Multiple countries, Dec-2020	17-Mar-2021
Iota	B.1.526	GH/253G.V1	21F	United States of America, Nov-2020	24-Mar-2021
Kappa	B.1.617.1	G/452R.V3	21B	India, Oct-2020	4-Apr-2021
Lambda	C.37	GR/452Q.V1	21G	Peru, Dec-2020	14-Jun-2021

*incluye todos los linajes descendientes. La lista completa de linajes Pango se encuentra disponible en: https://cov-lineages.org/lineage_list.html; para otras consultas frecuentes visite: <https://www.pango.network/faqs/>.

Variantes bajo monitoreo

Pango lineages	GISAID clade	Nextstrain clade	Earliest documented samples	Date of designation
B.1.427 B.1.429*	GH/452R.V1	21C	United States of America, Mar-2020	VOI: 5-Mar-2021 Alert: 6-Jul-2021
R.1	GR	-	Multiple countries, Jan-2021	07-Apr-2021
B.1.466.2	GH	-	Indonesia, Nov-2020	28-Apr-2021
B.1.621 B.1.621.1	GH	21H	Colombia, Jan-2021	26-May-2021
B.1.1.318	GR	-	Multiple countries, Jan-2021	02-Jun-2021
B.1.1.519	GR	20B/S.732A	Multiple countries, Nov-2020	02-Jun-2021
C.36.3 C.36.3.1	GR	-	Multiple countries, Jan-2021	16-Jun-2021
B.1.214.2	G	-	Multiple countries, Nov-2020	30-Jun-2021
B.1.1.523	GR	-	Multiple countries, May-2020	14-July-2021
B.1.619 B.1.619.1	G	20A/S.126A	Multiple countries, May-2020	14-July-2021
B.1.620	G	-	Multiple countries, November 2020	14-July-2021

*incluye todos los linajes descendientes. La lista completa de linajes Pango se encuentra disponible en: https://cov-lineages.org/lineage_list.html; para otras consultas frecuentes visite: <https://www.pango.network/faqs/>.

En el Anexo N°1, se muestra tabla resumen del impacto fenotípico de las variantes de preocupación (VOC) (6).

2 Material y Método

El Subdepartamento de Genética Molecular, Departamento Biomédico Nacional y de Referencia del ISP recibe muestras de casos comunitarios confirmados de SARS-CoV-2 por PCR positivo procedentes de todo el país y muestras de vigilancia de fronteras, para secuenciación del genoma completo.

Por otra parte, en este informe se incluyen los resultados de los estudios de secuenciación de genoma completo realizados por la Universidad Andrés Bello.

El informe considera las bases de datos recibidas por la Agencia Nacional de Dispositivos Médicos, Innovación y Desarrollo hasta el 26 de agosto de 2021, las cuales se depuraron, eliminando registros repetidos correspondientes a un mismo RUT y linaje en un periodo de tiempo menor o igual a 90 días. Los casos se analizaron según semana epidemiológica correspondiente con la fecha de obtención de muestra.

Los datos se procesaron y analizaron utilizando el software Excel 2010 y el software estadístico R para la creación de figuras y tablas.

La información presentada es dinámica, por lo que podría ser modificada de acuerdo a la investigación epidemiológica que realiza el Ministerio de Salud.

3 Limitaciones

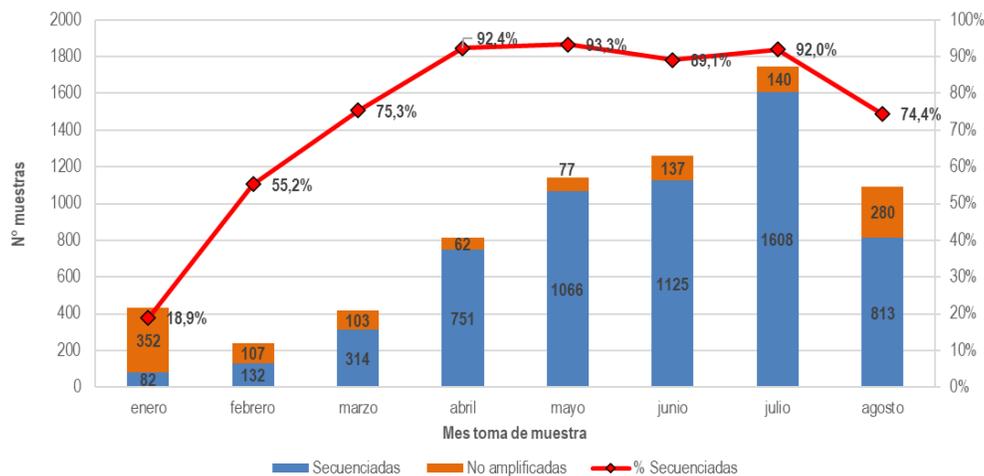
La información no forma parte de un plan de muestreo estadístico, cuyo fin es representar a la población bajo estudio, por tal motivo las herramientas estadísticas aplicables al conjunto de datos son limitadas, incluyendo las metodologías en el plano inferencial.

4 Resultados de la vigilancia genómica realizada por el ISP

4.1 Resultados vigilancia comunitaria

El Instituto de Salud Pública de Chile ha recibido un total de 7.149 muestras confirmadas de SARS-CoV-2 para análisis genético que, según fecha de obtención de muestra, corresponden al periodo del **1 de enero al 18 de agosto de 2021**. De este total, **5.891** muestras fueron amplificadas para su secuenciación genética, lo que representa el 82,40% (5.891/7.149) (Figura 1).

Figura 1. Número total de muestras recibidas, según secuenciación y porcentaje de muestras secuenciadas en relación a las recibidas, por mes. Chile, enero – agosto* 2021.



*Datos hasta el 18 de agosto de 2021

Fuente: Departamento Laboratorio Nacional y de Referencia. Instituto de Salud Pública de Chile.

Del total de 1.022.092 casos de SARS-CoV-2 confirmados entre el 1 de enero y el 18 de agosto del presente año, las muestras secuenciadas por el ISP corresponden al **0,58%** (5.891/1.022.092). Según región de procedencia de la muestra, las regiones de Arica y Parinacota, Tarapacá, Atacama y Aysén presentan los porcentajes más elevados con un 4,26%, 1,17%, 1,49% y 2,26%, respectivamente.

Se observa que la mayoría de las muestras procedentes de las distintas regiones del país, que pudieron ser secuenciadas, presentaron un porcentaje de secuenciación mayor o igual al 70%, excepto las regiones de Antofagasta (57,69%), La Araucanía (57,40%) y Magallanes (61,36%) (Tabla 1).

Tabla 1. Número de casos, muestras recibidas y secuenciadas por el ISP, según región de procedencia. Chile, 2021*.

Región	Total Casos**	Recibidas	Secuenciadas	% Secuenciadas (Secuenciadas/Casos)	% Secuenciadas (Secuenciadas/Recibidas)
Arica y Parinacota	15.850	709	676	4,26%	95,35%
Tarapacá	25.056	394	294	1,17%	74,62%
Antofagasta	36.223	520	300	0,83%	57,69%
Atacama	18.585	315	277	1,49%	87,94%
Coquimbo	33.689	127	124	0,37%	97,64%
Valparaíso	85.931	410	324	0,38%	79,02%
Metropolitana	362.955	1.656	1.409	0,39%	85,08%
O'Higgins	46.607	484	448	0,96%	92,56%
Maule	75.039	415	371	0,49%	89,40%
Ñuble	25.015	302	266	1,06%	88,08%
Biobío	102.220	567	490	0,48%	86,42%
La Araucanía	73.478	446	256	0,35%	57,40%
Los Ríos	40.261	252	192	0,48%	76,19%
Los Lagos	62.486	312	288	0,46%	92,31%
Aysén	6.601	196	149	2,26%	76,02%
Magallanes	12.096	44	27	0,22%	61,36%
Total	1.022.092	7.149	5.891	0,58%	82,40%

*: Datos hasta el 18 de agosto 2021.

**Subproducto N°3: Ministerio de Ciencias, Chile <https://github.com/MinCiencia/Datos-COVID19/tree/master/output/producto3>

Fuente: Departamento Laboratorio Biomédico Nacional y de Referencia. Instituto de Salud Pública de Chile.

En relación con el número total de muestras secuenciadas por el ISP de SARS-CoV-2 correspondientes al periodo analizado, no se observan diferencias según sexo, 48,70% (2.869/5.891) en hombres y 51,30% (3.022/5.891) en mujeres. Las muestras correspondientes al grupo etario de 30 a 34 años (9,61%; 566/5.891) representan el mayor porcentaje de secuenciación, seguido del grupo de 25 a 29 años (9,49%; 559/5.891) (Tabla 2).

Tabla 2: Número de muestras secuenciadas por el ISP según sexo y grupo etario. Chile, 2021*.

<i>Grupo etario</i>	<i>Hombre</i>	<i>Mujer</i>	<i>Total</i>	<i>%</i>
< 1	26	21	47	0,80%
1-4	61	54	115	1,95%
5-9	75	67	142	2,41%
10-14	123	134	257	4,36%
15-19	185	162	347	5,89%
20-24	214	247	461	7,83%
25-29	259	300	559	9,49%
30-34	277	289	566	9,61%
35-39	228	248	476	8,08%
40-44	206	222	428	7,27%
45-49	187	188	375	6,37%
50-54	188	191	379	6,43%
55-59	205	169	374	6,35%
60-64	148	173	321	5,45%
65-69	151	140	291	4,94%
70-74	106	112	218	3,70%
75-79	99	88	187	3,17%
≥ 80	131	217	348	5,91%
Total	2.869	3.022	5.891	100,00%

*: Datos hasta el 18 de agosto 2021.

Fuente: Departamento Laboratorio Biomédico Nacional y de Referencia. Instituto de Salud Pública de Chile.

De acuerdo a la fecha de obtención de muestra, al 18 de agosto el ISP ha identificado 83 linajes diferentes.

Del total de muestras de la vigilancia comunitaria secuenciadas, las VOC: *Gamma*, *Alpha* y *Delta* identificadas por el ISP representan el 61,40% (3.617/5.891).

Las variantes clasificadas como VOI: *Iota* y *Lambda*, corresponden al 24,73% (1.457/5.891) de las muestras de vigilancia comunitaria y el 13,87% (817/5.891) restante corresponde a otros linajes (n=70) no incorporados en las clasificaciones previamente descritas.

La Tabla 3 muestra las 10 variantes/linajes más frecuentes, los cuales acumulan el 96,42% (5.680/5.891) del total de muestras secuenciadas durante el período analizado. La variante que presenta la mayor frecuencia es *Gamma* con un 57,27% (3.374/5.891), seguido por la variante *Lambda* con un 24,65% (1.452/5.891) y el linaje B.1.1.348 que corresponde a un 4,14% (244/5.891).

Tabla 3. Número de muestras SARS-CoV-2 comunitarias secuenciadas por el ISP correspondientes a las 10 variantes/linajes más frecuentes y tipo de clasificación OMS (VOC y VOI). Chile 2021*.

<i>Variante/Linaje</i>	<i>Total</i>	<i>%</i>	<i>tipo</i>
<i>Gamma</i>	3.374	57,27%	VOC
<i>Lambda</i>	1.452	24,65%	VOI
<i>B.1.1.348</i>	244	4,14%	
<i>B.1.621</i>	220	3,73%	
<i>Alpha</i>	156	2,65%	VOC
<i>Delta</i>	87	1,48%	VOC
<i>B.1.1</i>	57	0,97%	
<i>N.4</i>	31	0,53%	
<i>B.1.1.1</i>	30	0,51%	
<i>B.1.623</i>	29	0,49%	
<i>Otras**</i>	211	3,58%	
Total	5.891	100,00%	

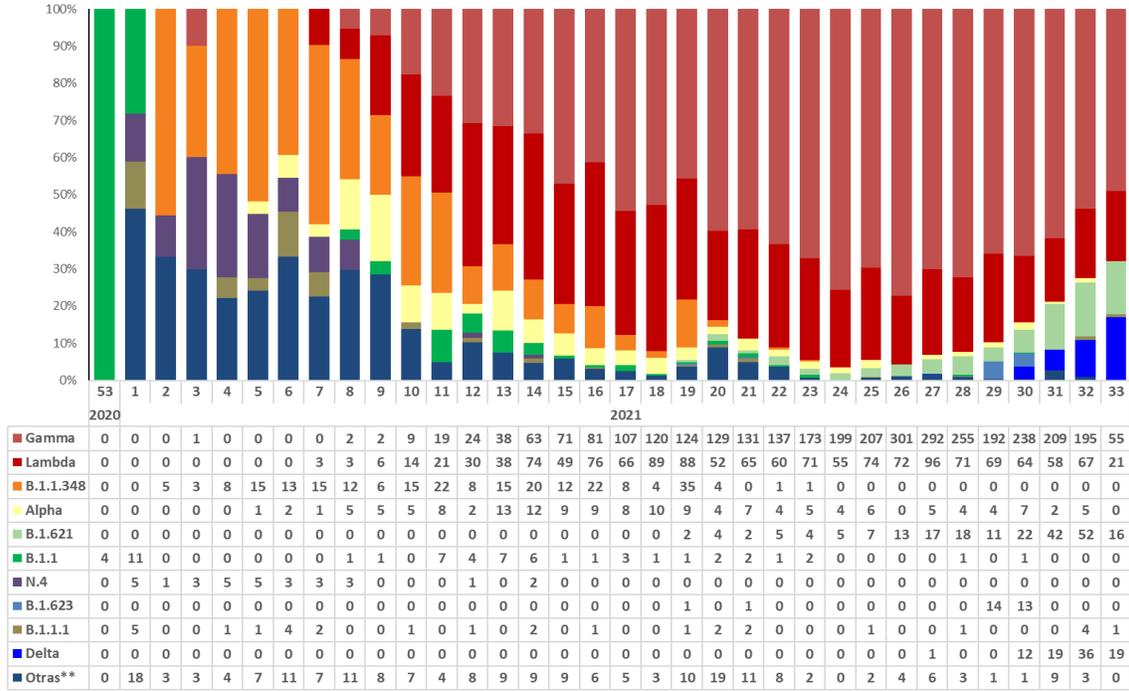
*: Datos hasta el 18 de agosto de 2021; **: Agrupa al resto de los linajes/variantes no incorporados en la tabla.
Fuente: Departamento Laboratorio Biomédico Nacional y de Referencia. Instituto de Salud Pública de Chile.

Al analizar por semana epidemiológica (SE) de la fecha de obtención de muestra, se observa que el número de muestras secuenciadas alcanzó el valor más elevado en la SE N° 27 con 417 muestras. Las Figuras 2 y 3 señalan que el linaje B.1.1.348 se detecta desde la SE N°2, con una disminución en su contribución porcentual, mientras que las variantes *Gamma* y *Lambda* aumentaron en las primeras SE, no obstante, se observa disminución de su contribución porcentual a partir de las SE N°26 y N°18, respectivamente. El linaje B.1.621 se detectó en la SE N° 19 y se observa un aumento, representando a la fecha el 3,73% del total de muestras secuenciadas. **La variante Delta (n=87) se ha detectado desde la SE N°27, alcanzando el 16,96% (19/112) de las muestras correspondientes a la SE N° 33¹.**

Las variantes *Gamma* y *Lambda* continúan siendo las más frecuentes acumulando el 81,92% (4.826/5.891) de las muestras analizadas.

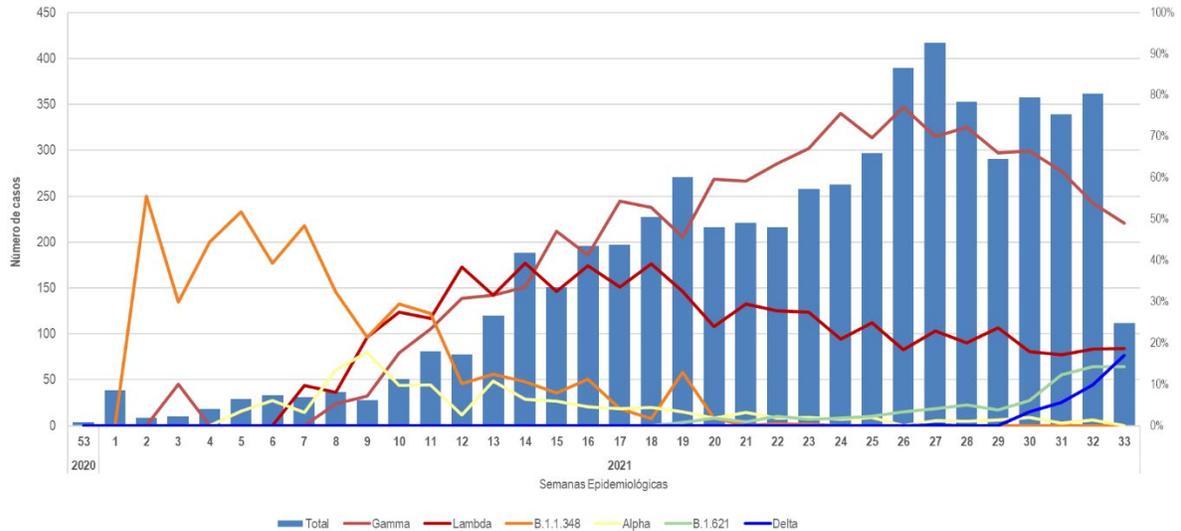
¹ Datos hasta el 18-08-2021.

Figura 2. Distribución porcentual de muestras SARS-CoV-2 comunitarias secuenciadas, según linajes/variantes por semana epidemiológica. Chile, 2021*.



*: Datos hasta el 18 de agosto de 2021; **: Agrupa al resto de los linajes/variantes no incorporados en la figura.
Fuente: Departamento Laboratorio Biomédico Nacional y de Referencia. Instituto de Salud Pública de Chile.

Figura 3. Número de muestras SARS-CoV-2 comunitarias secuenciadas y representación porcentual de las variantes/linajes más frecuentes, por semana epidemiológica. Chile, 2021*.

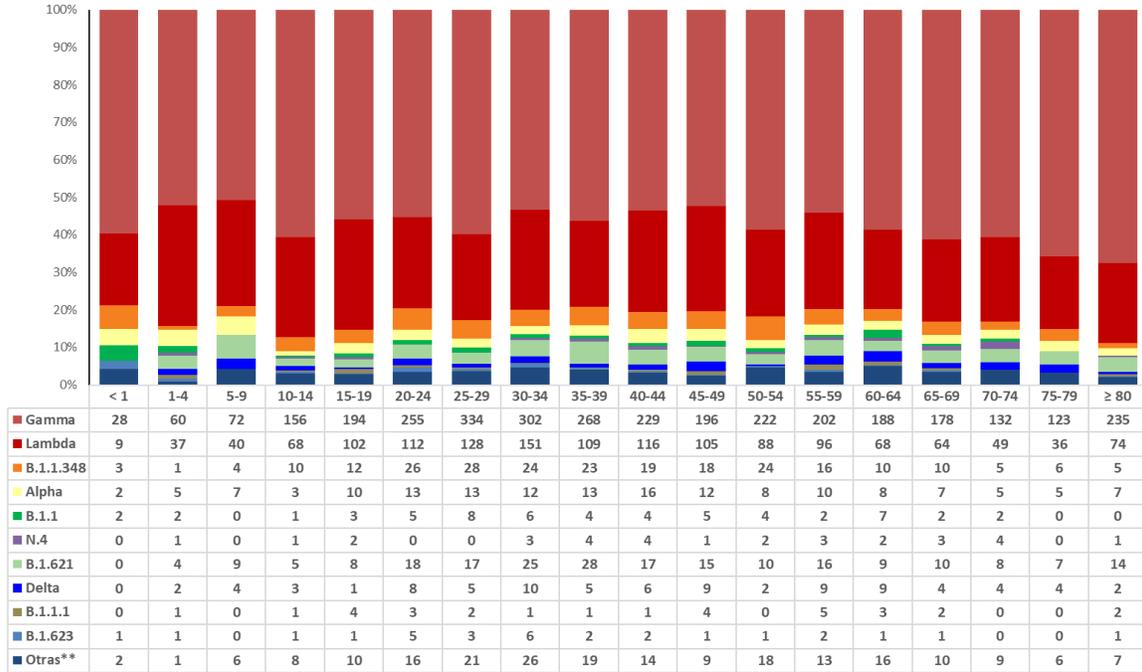


*: Datos hasta el 18 de agosto de 2021;

Fuente: Departamento Laboratorio Biomédico Nacional y de Referencia. Instituto de Salud Pública de Chile.

Al analizar por grupo etario, se observa que la variante *Gamma* alcanza la mayor contribución porcentual en los grupos de 80 y más años (67,5%; 235/348), 75 a 79 años (65,8%; 123/187) y el de 65 a 69 años (61,2%; 178/291), mientras que *Lambda*, alcanza las mayores contribuciones porcentuales en el grupo de 1 a 4 años (32,2%; 60/115), 15 a 19 años (29,4%; 194/347) y 5 a 9 años (28,2%; 72/142). La variante *Delta* ha sido detectada prácticamente en todos los grupos etarios (Figura 4).

Figura 4. Distribución porcentual y número de muestras SARS-CoV-2 comunitarias secuenciadas, según variante/linaje y grupo etario. Chile, 2021*.

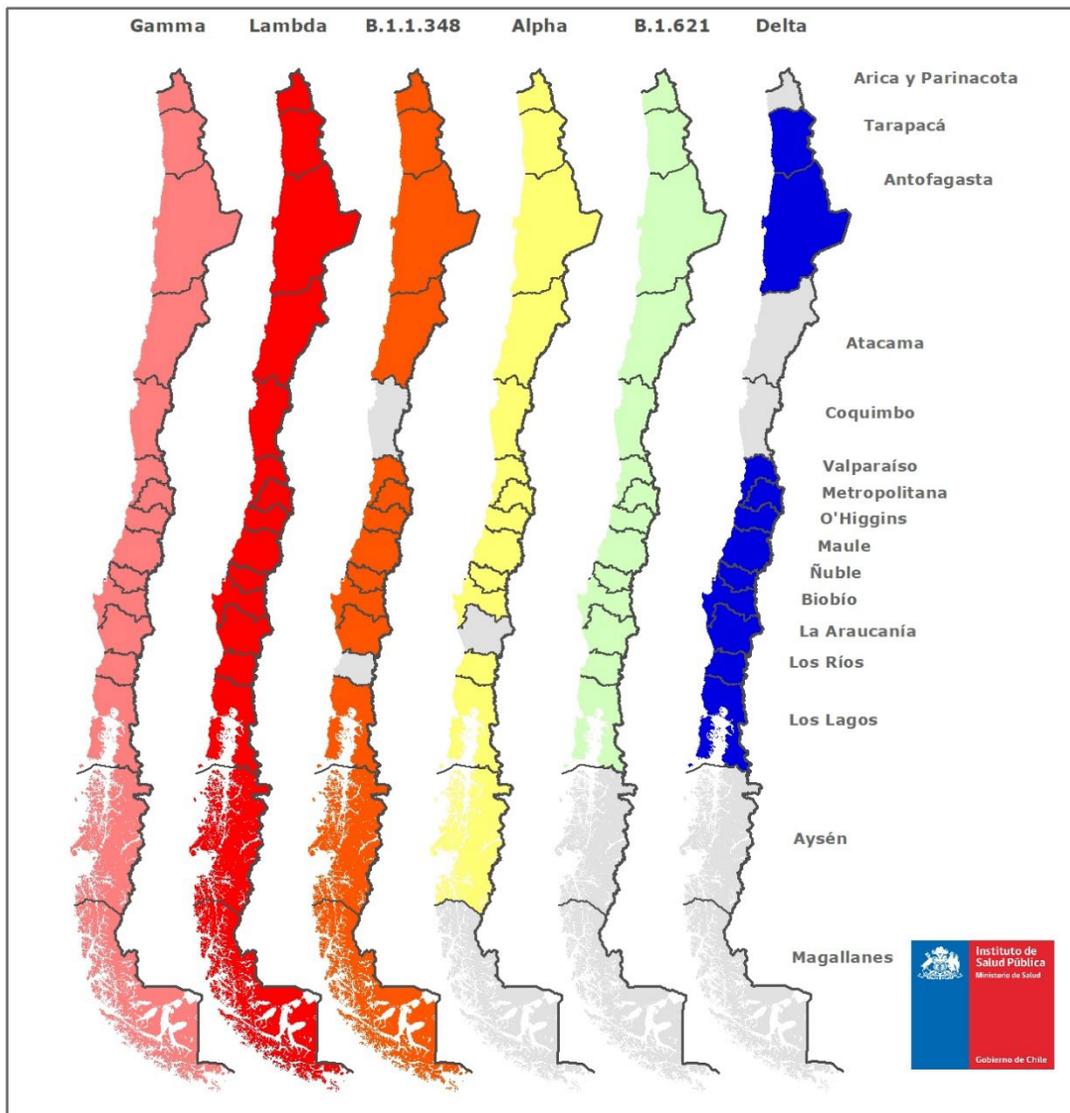


*: Datos hasta el 18 de agosto de 2021; **: Agrupa al resto de los linajes/variantes no incorporados en la figura.

Fuente: Departamento Laboratorio Biomédico Nacional y de Referencia. Instituto de Salud Pública de Chile.

La Figura 5 indica la presencia de las seis variantes/linajes más frecuentes en Chile, se observa que *Gamma* y *Lambda* se han identificado en muestras procedentes de todas las regiones.

Figura 5. Presencia de linajes/variantes de SARS-CoV-2 más frecuentes en muestras comunitarias, según región. Chile, enero - agosto* 2021.



*: Datos hasta el 18 de agosto de 2021

Fuente: Departamento Laboratorio Biomédico Nacional y de Referencia. Instituto de Salud Pública de Chile.

Al analizar las variantes/linajes más frecuentes y su distribución por región, *Gamma* se registra con porcentajes superiores al 70% en las regiones de Arica y Parinacota (73,2%; 495/676), Coquimbo (75,0%; 93/124) y Valparaíso (71,0%; 230/324) (Tabla 4).

Tabla 4. Porcentaje de variantes/linajes más frecuentes respecto al número total de muestras secuenciadas por región. Chile, enero – agosto* 2021.

Región	Secuenciadas	Variantes/linajes									
		Gamma		Lambda		B.1.1.348		Alpha		B.1.621	
		N	%	N	%	N	%	N	%	N	%
Arica y Parinacota	676	495	73,2%	91	13,5%	56	8,3%	3	0,4%	14	2,1%
Tarapacá	294	161	54,8%	52	17,7%	3	1,0%	9	3,1%	48	16,3%
Antofagasta	300	165	55,0%	74	24,7%	14	4,7%	3	1,0%	27	9,0%
Atacama	277	132	47,7%	103	37,2%	1	0,4%	18	6,5%	5	1,8%
Coquimbo	124	93	75,0%	25	20,2%	0	0,0%	2	1,6%	3	2,4%
Valparaíso	324	230	71,0%	52	16,0%	3	0,9%	7	2,2%	12	3,7%
Metropolitana	1.409	723	51,3%	301	21,4%	98	7,0%	55	3,9%	45	3,2%
O'Higgins	448	274	61,2%	122	27,2%	4	0,9%	3	0,7%	20	4,5%
Maule	371	190	51,2%	141	38,0%	10	2,7%	3	0,8%	6	1,6%
Ñuble	266	180	67,7%	60	22,6%	4	1,5%	3	1,1%	6	2,3%
Biobío	490	261	53,3%	150	30,6%	30	6,1%	14	2,9%	10	2,0%
La Araucanía	256	123	48,0%	87	34,0%	6	2,3%	0	0,0%	11	4,3%
Los Ríos	192	68	35,4%	71	37,0%	0	0,0%	28	14,6%	11	5,7%
Los Lagos	288	180	62,5%	60	20,8%	12	4,2%	7	2,4%	2	0,7%
Aysén	149	84	56,4%	54	36,2%	2	1,3%	1	0,7%	0	0,0%
Magallanes	27	15	55,6%	9	33,3%	1	3,7%	0	0,0%	0	0,0%
Total	5.891	3.374	57,3%	1.452	24,6%	244	4,1%	156	2,6%	220	3,7%

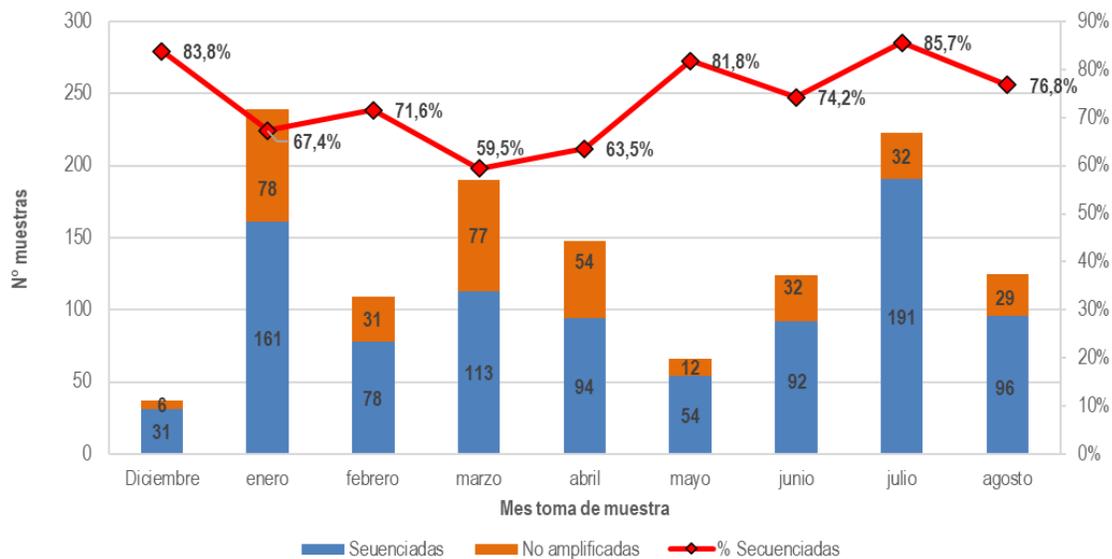
*: Datos hasta el 18 de agosto del año 2021.

Fuente: Departamento Laboratorio Biomédico Nacional y de Referencia. Instituto de Salud Pública de Chile.

4.2 Resultados vigilancia de fronteras

Respecto a la vigilancia de fronteras, el Instituto de Salud Pública de Chile ha recibido un total de 1.261 muestras confirmadas de SARS-CoV-2 para análisis genético, correspondientes según fecha de obtención de muestra entre el **13 de diciembre de 2020 y el 17 de agosto de 2021**. De este total, 910 (72,16%) fueron amplificadas para su secuenciación genética (Figura 6).

Figura 6. Número total de muestras recibidas, secuenciadas y no amplificadas correspondientes a la vigilancia de fronteras y porcentaje de muestras secuenciadas en relación a las recibidas, por mes. Chile, enero – agosto* 2021.



*: Datos hasta el 17 de agosto del año 2021.

Fuente: Departamento Laboratorio Biomédico Nacional y de Referencia. Instituto de Salud Pública de Chile.

Del total de muestras secuenciadas de la vigilancia de fronteras, el 56,37% (513/910) corresponden a VOC: *Gamma*, *Alpha*, *Delta* y *Beta*, mientras que las VOI: *Lambda*, *Eta* y *Iota* corresponden al 7,58% (69/910). El 11,65% (106/910) restante corresponde a otros linajes (n= 10) no incorporados en las clasificaciones previamente descritas y el 24,40% (222/910) a otras variantes no especificadas.

Los linajes más frecuentes identificados en la vigilancia de fronteras son: *Gamma* con el 24,84% (226/910) de las muestras secuenciadas, *Delta* con el 18,46% (168/910) y *Alpha* con el 12,64% (115/910) (Tabla 5).

Tabla 5: Número de muestras correspondientes a vigilancia de fronteras secuenciadas por el ISP y tipo de clasificación OMS (VOC y VOI). Chile 2021*.

Variante/Linaje	Total	Porcentaje	Tipo
<i>Gamma</i>	226	24,84%	VOC
<i>Delta</i>	168	18,46%	VOC
<i>Alpha</i>	115	12,64%	VOC
<i>Lambda</i>	66	7,25%	VOI
B.1.621	54	5,93%	
<i>Zeta</i>	29	3,19%	
B.1.623	8	0,88%	
<i>Beta</i>	4	0,44%	VOC
C.36.3	4	0,44%	
B.1	3	0,33%	
<i>Epsilon</i>	3	0,33%	
B.1.1	2	0,22%	
<i>Eta</i>	2	0,22%	VOI
A.2.5	1	0,11%	
A.21	1	0,11%	
B.1.356	1	0,11%	
<i>Iota</i>	1	0,11%	VOI
Otra variante	222	24,40%	
Total	910	100,00%	-

*: Datos hasta el 17 de agosto del año 2021

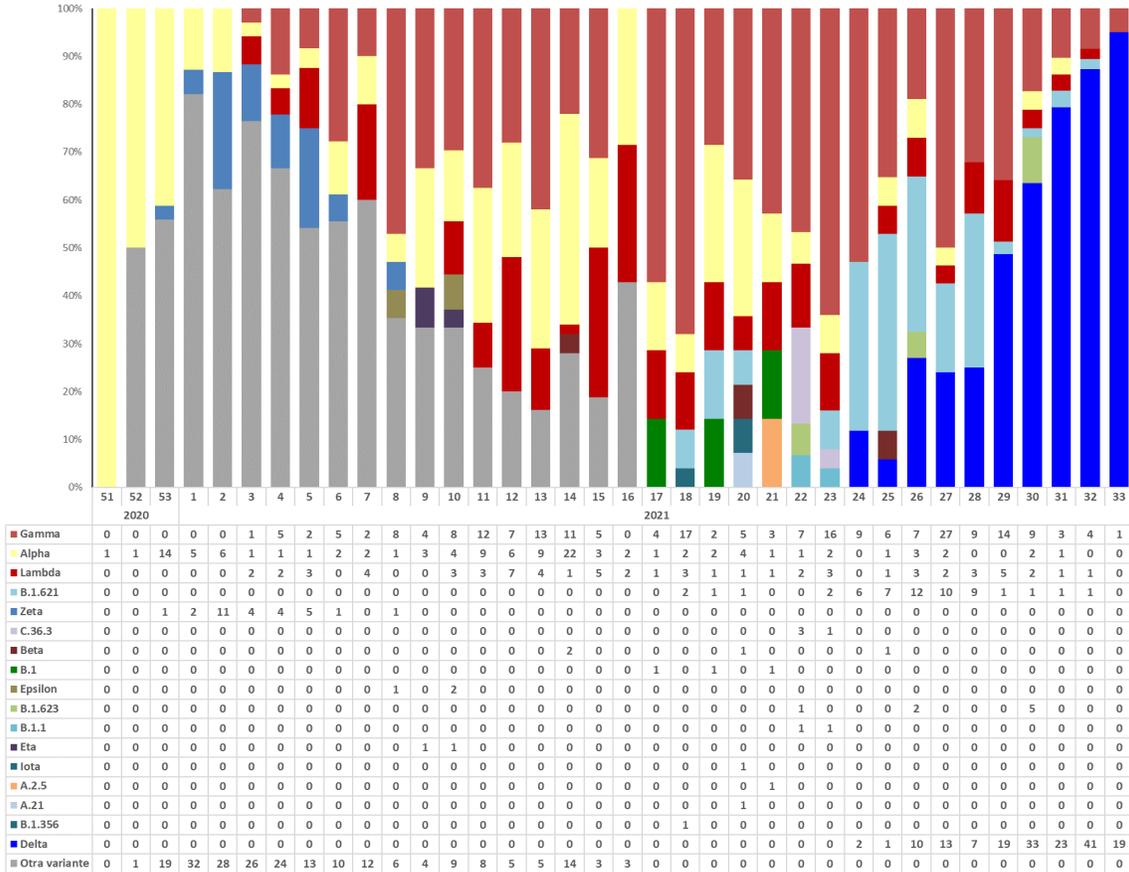
Fuente: Departamento Laboratorio Biomédico Nacional y de Referencia. Instituto de Salud Pública de Chile

Las variantes *Gamma* y *Lambda*, que predominan en la vigilancia comunitaria, fueron identificados en la vigilancia de fronteras desde la SE N°3 a la fecha. Según fecha de obtención de la muestra, la variante ***Delta* (n=168)** ha sido detectada desde la SE N° 24, aumentando su contribución porcentual, hasta alcanzar el **95,0%** (19/20) de las muestras correspondientes a la SE N° 33².

Por otra parte, las variantes/linajes que solo se han identificado en vigilancia de fronteras son: *Beta*, *Eta*, B.1.356, A.21 y C.36.3. (Figura 7).

² Datos hasta el 17-08-2021.

Figura 7. Distribución porcentual de muestras SARS-CoV-2 correspondientes a vigilancia de fronteras, según variantes/linajes por semana epidemiológica. Chile, 2021*.



*: Datos hasta el 17 de agosto del año 2021.

Fuente: Departamento Laboratorio Biomédico Nacional y de Referencia. Instituto de Salud Pública de Chile

5 Resultados de secuenciamiento realizado por la Red de Laboratorios Universitarios

El Instituto de Salud Pública de Chile ha recibido un total de 38 resultados de análisis genético de SARS-CoV-2, todas ellas de la Región Metropolitana, correspondientes según fecha de obtención de muestra entre el 26 de julio de 2021 y el 1 de agosto de 2021. De este total, 35 (92,10%) fueron amplificadas para su secuenciación genética.

Tabla 6: Número de muestras secuenciadas por la Red de Laboratorios Universitarios, según tipo de vigilancia y clasificación OMS (VOC y VOI). Chile 2021*.

Variante/Linaje	Tipo vigilancia						Tipo
	Comunitaria		Frontera		Total		
	N	%	N	%	N	%	
Alpha	15	44,12%	0	0,00%	15	42,86%	VOC
Gamma	10	29,41%	0	0,00%	10	28,57%	VOC
B.1.1	4	11,76%	0	0,00%	4	11,43%	
B.1	2	5,88%	0	0,00%	2	5,71%	
B.1.1.372	1	2,94%	0	0,00%	1	2,86%	
B.1.575	1	2,94%	0	0,00%	1	2,86%	
Lambda	1	2,94%	0	0,00%	1	2,86%	VOI
Delta	0	0,00%	1	100,00%	1	2,86%	VOC
Total	34	100,00%	1	100,00%	35	100,00%	

*: Datos hasta el 1 de agosto del año 2021

Fuente: Universidad Andrés Bello.

6 Síntesis de resultados

- A la fecha, el Instituto de Salud Pública de Chile ha recibido 7.149 muestras de vigilancia comunitaria las cuales, de acuerdo a la fecha de obtención de muestra, corresponden al periodo entre el **1 enero hasta 18 de agosto del 2021**, de las que se secuenciaron **5.891**, lo que equivale al 82,40%. Respecto a la vigilancia de fronteras, se han recibido 1.261 muestras, las que, según fecha de obtención, corresponden al periodo del **13 de diciembre al 17 de agosto**, secuenciando **910** (72,16%) de este total.
- Se observa un aumento del número de muestras de la vigilancia comunitaria recibidas, así como el porcentaje de análisis genómico de las mismas, alcanzando un porcentaje nacional

de secuenciación de **0,58%** del total de casos de SARS-CoV-2 confirmados en el periodo analizado.

- Los resultados de la vigilancia comunitaria según la clasificación OMS, indican que el 61,40% de las muestras secuenciadas por el ISP corresponden a VOC, el 24,73% a VOI y el 13,87% restante corresponde a otros linajes no incorporados en las clasificaciones previamente descritas.
- Mientras que en la vigilancia de fronteras el 56,37% corresponden a VOC y el 7,58% pertenecen a VOI. El 11,65% restante corresponde a otros linajes (n=10) no incorporados en las clasificaciones descritas anteriormente y el 24,40% a otras variantes no especificadas.
- Las variantes/linajes más frecuentes de la vigilancia comunitaria fueron: *Gamma* con el 57,27% de las muestras secuenciadas, seguido por *Lambda* con el 24,65% y el linaje B.1.1.348 con el 4,14%. Respecto a la vigilancia de fronteras, las variantes/linajes más frecuentes identificados fueron: *Gamma* con el 24,84% de las muestras secuenciadas, seguida de *Delta* con el 18,46% y *Alpha* con el 12,64%.
- En la vigilancia comunitaria, la variante *Gamma* se registra desde la SE N°3, en esta misma semana fue identificada en la vigilancia de fronteras. Mientras que *Lambda* fue detectada en vigilancia de fronteras en la SE N° 3 y a partir de la SE N°7 en vigilancia comunitaria. A la fecha, estas dos variantes se identifican en muestras de vigilancia comunitaria procedentes de todas las regiones del país, sin embargo, ambas variantes registran una disminución de su contribución porcentual desde las SE N°26 en el caso de *Gamma* y SE N° 18 para *Lambda*. Además, ambas continúan siendo detectadas en muestras de vigilancia de fronteras.
- El **linaje B.1.621** fue detectado en la vigilancia de fronteras desde la SE N° 18 del año 2021, representando actualmente el 5,93% de esta vigilancia, mientras que en la vigilancia comunitaria se identificó desde la SE N° 19 con aumento de su contribución porcentual,

alcanzando el 3,73% de esta vigilancia a la fecha. El linaje B.1.621 se ha expandido en la zona norte y centro sur del país.

- La **variante *Delta*** ha sido detectada en vigilancia de fronteras desde la SE N°24, representando el 18,46% (n=168) de esta vigilancia, con aumento de su contribución porcentual hasta alcanzar el **95,0%** (19/20) de las muestras correspondientes a la SE N° 33³. Según fecha de obtención de muestra, esta variante fue identificada en la vigilancia comunitaria desde la SE N°27, aumentando hasta representar el **16,96%** de las muestras de la SE N°33⁴.
- Las variantes/linajes que solo se han identificado en vigilancia de fronteras son: *Beta* (detectada en las SE N°14, 20 y 25), *Eta* (detectado en las SE N° 9 y 10), el linaje B.1.356 (detectado en la SE N°18), el linaje A.21 (detectado en la SE N°20) y el linaje C.36.3 (detectado en las SE N°22 y 23).
- A la fecha, la Red de Laboratorios Universitarios ha reportado 35 muestras secuenciadas, de las cuales una corresponde a vigilancia de fronteras (*Delta*) y las 34 muestras restantes a vigilancia comunitaria. De estas últimas, el 44,12% corresponden a *Alpha* y el 29,41% a *Gamma*.
- A nivel comunitario, la vigilancia ha evidenciado el cambio temporal en el tipo de variantes que circulan en Chile. A la fecha predominan las variantes *Gamma* y *Lambda*, sin embargo, se observa disminución de su contribución porcentual debido al aumento de otras variantes, como **B.1.621** y ***Delta***.
- La información presentada en este informe es dinámica, por lo que podría ser modificada de acuerdo a la investigación epidemiológica que realiza el Ministerio de Salud.

³ Datos hasta el 17-08-2021.

⁴ Datos hasta el 18-08-2021.

Anexo N°1: Resumen del impacto fenotípico de las variantes de preocupación (VOC) (6).

Clasificación OMS	<i>Alpha</i>	<i>Beta</i>	<i>Gamma</i>	<i>Delta</i>
Transmisibilidad	Aumento de transmisibilidad y tasa de ataque secundaria.	Aumento de transmisibilidad.	Aumento de transmisibilidad.	Aumento de transmisibilidad y tasa de ataque secundaria. Transmisibilidad similar entre individuos vacunados y no vacunados.
Severidad de la enfermedad	Aumento del riesgo de hospitalización, posible aumento en riesgo de severidad y mortalidad.	No confirmado, posible aumento del riesgo de mortalidad intrahospitalaria.	No confirmado, posible aumento del riesgo de hospitalización.	Aumento del riesgo de hospitalización.
Riesgo de reinfección	Se mantiene actividad neutralizante, riesgo similar de reinfección.	Reducción de actividad neutralizante, persiste efectividad de la respuesta de células T provocada por sustitución D614G.	Reducción moderada de la actividad neutralizante.	Reducción de la actividad neutralizante.
Impacto en el diagnóstico	Impacto limitado - S gene target failure (SGTF), sin impacto en resultado general de multi target RT-PCR, sin impacto observado en Ag RDTs.	Sin impacto observado en RT-PCR o Ag RDTs.	No reportado a la fecha.	No reportado a la fecha.

RT-PCR: Reacción en cadena de la polimerasa en tiempo real. Ag RDT: Tests de antígenos de diagnóstico rápido

Fuente: Elaboración en base a actualización epidemiológica semanal de COVID-19 de la OMS N°54 del 24 de agosto 2021. Se presentan resultados comparados con variantes circulando previamente. Se basa en evidencia emergente, incluyendo artículos y reportes no publicados, sin revisión de pares pertenecientes a investigaciones en curso y revisión.

7 Referencias

1. Organización Mundial de la Salud. OMS | Variantes del SARS-CoV-2 [Internet]. WHO. World Health Organization; 2021 [citado 8 de abril de 2021]. Disponible en: <http://www.who.int/csr/don/31-december-2020-sars-cov2-variants/es/>
2. Organización Panamericana de la Salud. Epidemiological Update: Occurrence of variants of SARS-CoV-2 in the Americas (26 January 2021). 2021 [citado 8 de abril de 2021]; Disponible en: <https://iris.paho.org/handle/10665.2/53239>
3. Ministerio de Salud de Chile. Reporte circulación de variantes SARS-CoV-2 en Chile [Internet]. Ministerio de Salud – Gobierno de Chile. 2021 [citado 8 de abril de 2021]. Disponible en: <https://www.minsal.cl/nuevo-coronavirus-2019-ncov/informe-epidemiologico-covid-19/>
4. CDC. COVID Data Tracker [Internet]. Centers for Disease Control and Prevention. 2020 [citado 8 de abril de 2021]. Disponible en: <https://covid.cdc.gov/covid-data-tracker>
5. Ministerio de Salud de Chile. Ord. B51 N2255 del 25 de junio de 2021. Medidas de refuerzo para envío de muestras de casos de SARS-CoV-2 a secuenciamiento.
6. Organización Mundial de la Salud. Tracking SARS-CoV-2 variants [Internet]. 2021. Disponible en: <https://www.who.int/en/activities/tracking-SARS-CoV-2-variants/>