

**ANEXO COMPLEMENTARIO
INFORME EPIDEMIOLÓGICO
VARIANTES SARS-COV-2
(COVID-19)
CHILE 08 de agosto de 2021**

Departamento de Epidemiología



Anexo 1.

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

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

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

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

Anexo 2:

Metodología del Informe

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

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

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

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

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

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

El laboratorio de la Facultad de Ciencias de la Vida de la Universidad Andres Bello, para la secuenciación genómica, utiliza 8 uL de RNA total. A partir de los 8 uL se realiza el protocolo del kit Covid-Seq (illumina), sin ninguna variación. La muestra es secuenciada en la plataforma NextSeq500 usando el kit de secuenciación NextSeq500 Mid Output (300 ciclos/2X150bp). El archivo fastq generado, fue analizado usando el pipeline Dragen Covid Lineage. El pipeline se configuró con los siguientes parámetros: Aligner Min Score= 12, Coverage Threshold= 20, Virus detection Threshold= 5, Enable Duplicate Marking= yes.

Los Laboratorios priorizados en la implementación de la detección de mutaciones asociadas a variantes de preocupación para SARS-CoV-2 mediante RT-PCR (Ordinario B51 N°2637 del 27/06/2021), realizan búsqueda de las mutaciones K417T, L452R, K417N y W152C con el kit ALLPLEX SARS-CoV2 VARIANTS II (Alathea) y de las mutaciones Del69-70 Del242-244, K417T, L452R, P681H y P681R con el kit TaqMan SARS-CoV-2 (Thermofisher). Aquellas muestras positivas para la

detección de variantes al igual que las indeterminadas se derivan al ISP para confirmación y secuenciación del genoma completo de SARS-CoV-2.

El laboratorio de la Red de Salud UC CRISTUS, realiza búsqueda inicial de mutaciones asociadas a variantes para SARS-CoV-2 con el Kit Novaplex (SARS-CoV-2 Variants I Assay (RUO)). Aquellas muestras que indicaron señal positiva para la detección de posibles variantes son sometidas a un segundo RT-PCR con el Kit de TibMolBiol (VirSNIp SARS-CoV-2 Spike), para detectar la mutación P681H. Además, se verificó con un set de muestras con mutaciones detectadas por PCR la confirmación por secuenciación en el ISP.

Se presenta el análisis de la información disponible al 08 de agosto de 2021, para cada tipo de variante y linaje en vigilancia epidemiológica desde las fuentes descritas anteriormente y cuando existen dos muestras de una misma persona se considera la muestra analizada por secuenciación por sobre la de PCR determinación de mutaciones. La información corresponde a data provisoria en proceso de validación, sujeta a cambios en la medida que se realizan ajustes y análisis retrospectivos. Los datos de julio incluyen información según fecha de toma de muestra, por lo que esta información es preliminar y se actualizará retrospectivamente en informes sucesivos.

Se utiliza la información proveniente de las bases de datos de los casos de SARS-CoV-2 secuenciados por el Subdepartamento de Genética Molecular del Departamento Biomédico Nacional del ISP, la Universidad de Magallanes y Andrés Bello y de los casos analizados por RT-PCR para determinación de mutaciones asociadas a variantes de los laboratorios antes mencionados y de la red de hospitales públicos. Esta data se complementa con las fuentes de información disponibles en Ministerio de Salud sobre los casos de SARS-CoV-2 y vigilancia de viajeros.

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

Anexo 4.
Tablas resumen

Tabla N°1 Clasificación de variantes, según actualización de OMS al 4 de agosto de 2021

<i>Etiqueta OMS</i>	<i>Linaje Pango</i>	<i>Gisaid Clade</i>	<i>Nextstrain Clade</i>	<i>Muestras documentadas más antiguas</i>	<i>Fecha de designación</i>
Variantes de preocupación (VOC)					
Alfa	B.1.1.7	GRY	20I (V1)	Reino Unido, septiembre de 2020	18/12/20
Beta	B.1.351 B.1.351.2 B.1.351.3	GH / 501Y.V2	20H (V2)	Sudáfrica, mayo de 2020	18/12/20
Gama	P.1 P.1.1 P.1.2	GR / 501Y.V3	20J (V3)	Brasil, noviembre de 2020	11 de enero de 2021
Delta	B.1.617.2 AY.1 AY.2	G / 478K.V1	21A	India, octubre de 2020	VOI: 04/04/21 VOC: 11/05/21
Variantes de interés (VOI)					
Eta	B.1.525	G / 484K.V3	21D	Varios países, diciembre de 2020	17 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
Lambda	C.37	GR / 452Q.V1	20D	Perú, agosto de 2020	14 de junio de 2021
Alerta para mayor seguimiento					
	B.1.427 / B.1.429	GH / 452R.V1	21C	Estados Unidos, marzo de 2020	VOI:5/03/21 Alerta: 06/07/21
	P.2	GR / 484K.V2	20B / S.484K	Brasil, abril de 2020	VOI: 17/03/21 Alerta: 06/07/21
	P.3	GR / 1092K.V1	21E	Filipinas, enero de 2021	VOI:24/03/21 Alerta: 06/07/21
	R.1 R.2	GRAMO	-	Varios países, Enero-2021	07-abr-2021
	B.1.466.2	GH	-	Indonesia, noviembre de 2020	28-abr-2021
	B.1.621	GH	21H	Colombia, enero 2021	26-mayo-2021
	B.1.1.318	GRAMO	20B	Varios países, enero de 2021	02-junio-2021
	B.1.1.519	GRAMO	20B	Varios países, noviembre de 2021	02-junio-2021
	C.36.3 C.36.3.1	GRAMO	20D	Varios países, enero de 2021	16 de junio de 2021
	B.1.214.2	GRAMO	-	Varios países, noviembre de 2020	30 de junio
	B.1.1.523	GRAMO	-	Varios países, mayo de 2020	14 julio 2021
	B.1.619	GRAMO	-	Varios países, mayo de 2020	14 julio 2021
	B.1.620	GRAMO	-	Varios países, noviembre de 2020	14 julio 2021

Fuente: <https://www.who.int/es/activities/tracking-SARS-CoV-2-variants>

Tabla N° 2. Resumen de características de casos confirmados de SARS-CoV-2 variantes de preocupación (VOC). Chile, diciembre de 2021 al 08 de agosto 2021.

Variante	Total casos	Viajero (n)	Comunitario (n)	Sintomáticos n	Sintomáticos %	Hospitalizados n	Ingreso a UCI n	Fallecidos (n)	Región de residencia de los casos
Alfa	341	117	224	194	56,9%	27	11	6	Distribución a nivel nacional.
Beta	4	4	0	1	25,0%	0	0	0	Región Metropolitana de Santiago.
Gamma	3.814	384	3.430	2.733	71,7%	655	194	208	Distribución a nivel nacional.
Delta	101	81	20	44	43,6%	5	2	0	Región de Arica y Parinacota, Antofagasta, Atacama, Coquimbo, Valparaíso, Metropolitana, Maule, Ñuble, Biobío, Araucanía, Los Lagos y Magallanes.

Datos provisorios al 08 de agosto de 2021. Fuente: Instituto de Salud Pública. Universidad de Magallanes. Universidad Andrés Bello. Registro de detección de mutaciones asociados a variantes (Alfa, Gamma, Delta), hospitales públicos de Chile y Clínica Alemana de Santiago. Red de Salud UC Christus. Sistema de notificación obligatoria EPIVIGILA, Ministerio de Salud. Declaración Jurada de viajeros C19.cl. Base de Datos Unidad de Gestión de Camas Críticas, Ministerio de Salud. Elaborado por: Departamento de Epidemiología, Ministerio de Salud.

Tabla N° 3. Resumen de características de los casos confirmados de SARS-CoV-2 variantes de interés para la salud pública (VOI). Chile, diciembre 2021 al 08 de agosto 2021.

Variante	Total casos	Viajero (n)	Comunitario (n)	Sintomáticos n	Sintomáticos %	Hospitalizados n	Ingreso a UCI n	Fallecidos (n)	Región de residencia de los casos
Eta	2	2	0	0	0,0%	0	0	0	Metropolitana de Santiago y Biobío.
Iota	4	1	3	3	75,0%	0	0	0	Arica y Parinacota, Valparaíso y Metropolitana de Santiago.
Kappa	1	0	1	1	100,0%	0	0	0	Región Metropolitana de Santiago
Lambda	1.357	66	1291	1039	76,6%	227	82	58	Distribución a nivel nacional.

Datos provisorios al 08 de agosto de 2021. Fuente: Instituto de Salud Pública. Universidad de Magallanes. Universidad Andrés Bello. Registro de detección de mutaciones asociados a variantes (Alfa, Gamma, Delta) hospitales públicos de Chile y Clínica Alemana de Santiago. Red de Salud UC Christus. Sistema de notificación obligatoria EPIVIGILA, Ministerio de Salud. Declaración Jurada de viajeros C19.cl. Base de Datos Unidad de Gestión de Camas Críticas, Ministerio de Salud. Elaborado por: Departamento de Epidemiología, Ministerio de Salud.

Tabla N° 4. Resumen de características de los casos confirmados de SARS-CoV-2 linajes en alerta para seguimiento. Chile, diciembre 2021 al 08 de agosto 2021.

Linaje	Total casos	Viajero (n)	Comunitario (n)	Sintomáticos n	Sintomáticos %	Hospitalizados n	Ingreso a UCI n	Fallecidos (n)	Región de residencia de los casos
B.1.427 / B.1.429	30	3	27	26	86,7%	2	0	0	Arica y Parinacota, Antofagasta, Valparaíso, Metropolitana de Santiago, Libertador Bernardo O'Higgins, Maule, Ñuble, Biobío, Araucanía, Los Lagos y Aysén.
P.2	41	27	14	19	46,3%	7	7	1	Antofagasta, Atacama, Coquimbo, Valparaíso, Metropolitana de Santiago, Libertador Bernardo O'Higgins, Maule, Ñuble, Biobío y Los Ríos.
B.1.621	139	51	88	79	56,8%	14	4	2	Distribución a nivel nacional (Excepción Los Ríos, Aysén y Magallanes)
B.1.1.519	1	0	1	1	100,0%	0	0	0	Región del Biobío.
C.36.3 / C.36.3.1	4	4	0	0	0,0%	0	0	0	Región de Valparaíso y Metropolitana de Santiago.

Datos provisorios al 08 de agosto de 2021. Fuente: Instituto de Salud Pública. Universidad de Magallanes. Universidad Andrés Bello. Registro de detección de mutaciones asociados a variantes (Alfa, Gamma, Delta) hospitales públicos de Chile y Clínica Alemana de Santiago. Red de Salud UC Christus. Sistema de notificación obligatoria EPIVIGILA, Ministerio de Salud. Declaración Jurada de viajeros C19.cl. Unidad de Gestión de Camas Críticas, Ministerio de Salud. Elaborado por: Departamento de Epidemiología, Ministerio de Salud.

Tabla N° 5. Resumen de características de los casos confirmados de SARS-CoV-2 secuenciados por linajes principales. Chile, diciembre 2021 al 08 de agosto 2021.

Linaje	Total casos	Viajero (n)	Comunitario (n)	Sintomáticos n	Sintomáticos %	Hospitalizados n	Ingreso a UCI n	Fallecidos (n)	Región de residencia de los casos
B.1.1.348	243	1	242	177	72,8%	34	15	8	Distribución a nivel nacional (Excepción Coquimbo y Los Ríos)
Otros linajes*	566	243	323	237	41,9%	67	30	15	Distribución a nivel nacional.

Datos provisorios al 08 de agosto de 2021. Fuente: Instituto de Salud Pública. Universidad de Magallanes. Universidad Andrés Bello. Registro de detección de mutaciones asociados a variantes (Alfa, Gamma, Delta), hospitales públicos de Chile y Clínica Alemana de Santiago. Red de Salud UC Christus. Sistema de notificación obligatoria EPIVIGILA, Ministerio de Salud. Declaración Jurada de viajeros C19.cl. Base de Unidad de Gestión de Camas Críticas, Ministerio de Salud. Elaborado por: Departamento de Epidemiología, Ministerio de Salud.

Tabla N°6. Número de casos SARS-CoV-2 confirmados secuenciados y genotipificados por región y mes de toma de muestra de PCR. Chile, 22 de diciembre 2020 al 08 de agosto de 2021.

Región de Residencia	Fecha de toma de muestra									Total muestras regionales
	2020	2021								
	dic	ene	feb	mar	abr	may	jun	jul	ago	
Región de Arica y Parinacota	-	1	3	4	100	147	186	225	36	702
Región de Tarapacá	-	6	3	17	60	37	19	70	54	266
Región de Antofagasta	-	1	10	6	34	40	77	123	1	292
Región de Atacama	-	2	-	-	19	82	59	98	-	260
Región de Coquimbo	-	8	10	7	4	24	28	52	-	133
Región de Valparaíso	-	12	14	11	32	69	102	149	38	427
Región Metropolitana de Santiago	26	165	128	300	336	338	425	346	42	2106
Región del Lib. Bdo. O'Higgins	-	8	2	8	7	78	172	110	-	385
Región del Maule	4	11	9	36	60	73	76	83	-	352
Región de Ñuble	-	4	6	10	20	23	52	98	-	213
Región del Biobío	-	3	11	12	51	78	43	158	-	356
Región de la Araucanía	-	5	3	13	31	50	50	73	37	262
Región de Los Ríos	1	1	-	9	34	44	59	128	46	322
Región de Los Lagos	-	10	6	18	57	57	45	84	24	301
Región de Aysén	-	-	2	3	20	38	31	38	5	137
Región de Magallanes	-	-	-	7	39	27	53	8	-	134
Total	31	237	207	461	904	1205	1477	1843	283	6648

Datos provisorios al 08 de agosto de 2021. Fuente: Instituto de Salud Pública. Universidad de Magallanes. Universidad Andrés Bello. Registro de detección de mutaciones asociados a variantes (Alfa, Gamma, Delta), hospitales públicos de Chile y Clínica Alemana de Santiago. Red de Salud UC Christus. Sistema de notificación obligatoria EPIVIGILA, Ministerio de Salud. Declaración Jurada de viajeros C19.cl. Elaborado por: Departamento de Epidemiología, Ministerio de Salud.

Tabla N° 7. Resumen de variantes y linajes principales obtenidos mediante secuenciación genómica de casos confirmados de SARS-CoV-2 según laboratorios de análisis de muestras, Chile, diciembre de 2021 al 8 de agosto de 2021.

Categoría	Variantes (Linaje PANGO)	Secuenciación genómica					Sub Total	(%)
		ISP	UNAB	UMAG	Total	(%)		
Variantes de preocupación para la salud pública (VOC)	Alfa (B.1.1.7)	254	15	0	269	4,7%	3.398	58,8%
	Beta (B.1.351 /B.1.351.2 /B.1.351.3)	4	0	0	4	0,1%		
	Gamma (P.1 / P.1.1 / P.1.2)	2966	8	65	3039	52,6%		
	Delta (B.1.617.2 / AY.1 / AY.2)	85	1	0	86	1,5%		
Variantes de interés para la salud pública (VOI)	Eta (B.1.525)	2	0	0	2	0,0%	1.364	23,6%
	Iota (B.1.526)	4	0	0	4	0,1%		
	Kappa (B.1.617.1)	0	1	0	1	0,0%		
	Lambda (C.37)	1325	1	31	1357	23,5%		
Alerta para mayor seguimiento	B.1.427/429	29	0	0	29	0,5%	208	3,6%
	P.2	35	0	0	35	0,6%		
	B.1.621	139	0	0	139	2,4%		
	B.1.1.519	1	0	0	1	0,0%		
	C.36.3 /.36.3.1	4	0	0	4	0,1%		
Linajes y otras variantes	B.1.1.348	242	0	1	243	4,2%	809	14,0%
	Otros*	549	10	7	566	9,8%		
Total		5639	36	104	5779	100%	5.779	100%

Datos provisorios al 08 de agosto de 2021.

(*) Corresponde a otros linajes y otras variantes no especificadas

Fuente: Instituto de Salud Pública (ISP), Universidad de Magallanes (UMAG) y Universidad Andrés Bello (UNAB).

Tabla N° 8. Resumen de variantes y linajes principales obtenidos mediante genotipificación de casos confirmados de SARS-CoV-2 según laboratorios de análisis de muestras, Chile, diciembre de 2021 - 8 de Agosto de 2021.

Categoría	Variantes (Linaje PANGO)	Genotipificación *				Sub Total	(%)
		RED UC CHRISTUS	Red De Hospitales	Total	(%)		
Variantes de preocupación para la salud pública (VOC)	Alfa (B.1.1.7)	49	23	72	8,3%	862	99,2%
	Beta (B.1.351 /B.1.351.2 /B.1.351.3)	0	0	0	0,0%		
	Gamma (P.1 / P.1.1 / P.1.2)	314	461	775	89,2%		
	Delta (B.1.617.2 / AY.1 / AY.2)	3	12	15	1,7%		
Variantes de interés para la salud pública (VOI)	Eta (B.1.525)	0	0	0	0,0%	0	0,0%
Alerta para mayor seguimiento	B.1.427/429	1	0	1	0,1%	7	0,8%
	P.2	6	0	6	0,7%		
Total		373	496	869	100%	869	100%

Datos provisorios al 08 de agosto de 2021.

(*) No incluye casos con resultado indeterminados

Fuente: Red de Salud UC Christus y Laboratorios (Red de Hospitales) priorizados en la implementación de la detección de mutaciones asociadas a variantes de preocupación de SARS-CoV-2 (Alfa, Gamma y Delta) mediante RT-PCR.

Anexo 5.

Definiciones operativas

Caso de Covid-19 en viajero: caso confirmado con antecedente de viaje internacional en los 14 días previos al inicio de síntomas o toma de muestra.

Caso Covid-19 comunitario: caso confirmado, en que la investigación epidemiológica indica que se adquirió la enfermedad en territorio nacional, al no tener: antecedentes de viaje durante 14 días previos al inicio de los síntomas o toma de muestra.

Caso Covid-19 relacionado con viajero: caso confirmado que es contacto estrecho de un viajero que es un caso COVID-19 con variante o linaje.

Caso COVID-19 de variante Delta (B.1.617.2) confirmado: persona que cumple con la definición de caso confirmado de COVID-19 vigente y que tiene una muestra secuenciada por el Instituto de Salud Pública (ISP) o un laboratorio verificado por el ISP, en que se identificó la variante Delta (B.1.617.2).

Caso COVID-19 de variante probable: persona que cumple con la definición de caso confirmado COVID-19 vigente y se realiza análisis de determinación de mutaciones puntuales asociadas a variantes a través de PCR, donde se identifican mutaciones asociadas a esta variante.