INFORME EPIDEMIOLÓGICO
VIGILANCIA GENÓMICA DE SARS-COV-2
(COVID-19)

Chile 08 de agosto de 2021

Departamento de Epidemiología

Ministerio de Salud

Gobierno de Chile

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 08 de agosto 7

Evolución y Distribución espacial y temporal de variantes en Chile 12

Situación General 13

Vigilancia de viajeros 15

Vigilancia de casos comunitarios 16

Descripción de variantes en el país en julio de 2021 17

6. DISCUSIÓN **21**

7. REFERENCIAS **23**

1. RESUMEN

En Chile, a través del programa de Vigilancia Genómica, se dispone de un total de 5.779 casos confirmados de SARS-CoV-2 secuenciados y 869 casos genotipificados entre el 22 de diciembre de 2020 y el 08 de agosto de 2021. Se han detectado variantes de preocupación (VOC) en un 64,1% (n=4.260), variantes de interés en salud pública (VOI) en un 20,5% (n=1.364), linajes en alerta para mayor seguimiento en un 3,2% (n=215) y otros linajes corresponden al 12,2% (n=809), respecto al total de casos analizados.

En cuanto a las VOC, Gamma (n=3.814), de detecta en un 57,4% del total analizado (n=6.648) y la variante Delta es identificada en un 1,5% (n=101) de los casos analizados al 08 de agosto 2021, principalmente en la región Metropolitana *(*n=61*)*.

Los principales hallazgos del mes de julio son:

- Se analizaron 1.843 muestras de casos de SARS-CoV-2, 1.579 secuenciadas y 264 genotipificadas. De ellas 207 muestras corresponden a viajeros y casos relacionados a viajeros y 1.636 casos de origen comunitario.

- En los análisis realizados, se mantiene la circulación de 3 VOC: Gamma en un 68,8% (n=1.268), Delta en un 4,5% (n=83) y Alfa en un 2,7% (n=49). La VOI con mayor proporción fue Lambda, con un 16,8% (n=309) y además se mantienen dos linajes en alerta, B.1.621 en un 4,0% (n=74) con discreta tendencia al aumento y B.1.427/429 en un 0,2% como casos aislados (n=3).

- La variante Delta aumenta su detección rápidamente en Julio correspondiendo un 85,5% a viajeros (n=71), un 3,6% a relacionados con viajeros (n=3) y el resto a los primeros casos de circulación comunitaria de variante Delta (n=9).

2. ANTECEDENTES GENERALES

Desde la identificación inicial del SARS-CoV-2, hasta el 08 de agosto de 2021, se han compartido, a nivel mundial, más de 2.700.000 secuencias genómicas completas a través de bases de datos de acceso público (GISAID[1]).

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 (Anexo Complementario 4, 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 pueden representar un riesgo futuro, pero la evidencia del impacto fenotípico o epidemiológico está menos claro en comparación con las VOC y VOI, por lo que requiere una mayor supervisión y evaluación repetida en espera de nuevas evidencias científicas. La última actualización se realizó el de agosto, donde se incluyen 3 linajes (B.1.1.523, B.1.619 y B.1.620) en alertas designadas actualmente para seguimiento adicional (OMS, Agosto 2021)

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 PANGO[2].

La detección mundial y nacional de las VOC, VOI y linajes se presenta en la Tabla N° 1.

---

[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, a nivel mundial y en Chile.

Etiqueta OMS	Linaje Pango	Primera muestra documentada	Fecha de toma de muestra primer caso identificado en Chile	Fecha toma de muestra de última detección en Chile
Variantes de preocupación				
Alfa	B.1.1.7	Reino Unido, septiembre *2020*	15-12-2020	04-08-2021
Beta	B.1.351 B.1.351.2 B.1.351.3	Sudáfrica, mayo 2020	06-04-2021	23-06-2021
Gamma	P.1 P.1.1 P.1.2	Brasil, noviembre 2020	23-01-2021	08-08-2021
Delta	B.1.617.2 AY.1 AY.2	India, octubre 2020	13-06-2021	06-08-2021
Variantes de interés				
Eta	B.1.525	Varios países, diciembre 2020	02-03-2021	08-03-2021
Iota	B.1.526	Estados Unidos, noviembre 2020	16-05-2021	18-05-2021
Kappa	B.1.617.1	India, octubre 2020	04-06-2021	04-06-2021
Lambda	C.37	Perú, agosto 2020	20-01-2021	31-07-2021
Linajes para mayor seguimiento				
-	B.1.427 / B.1.429*	Estados Unidos, marzo 2020	26-01-2021	11-07-2021
-	P.2*	Brasil, abril de 2020	02-01-2021	01-05-2021
-	B.1.621	Colombia, enero 2021	22-03-2021	26-07-2021
-	B.1.1.519	Varios países, noviembre 2021	08-04-2021	08-04-2021
-	C.36.3 / C.36.3.1	Varios países, enero 2021	04-06-2021	06-06-2021
Otros linajes				
	B.1.348	-	11-01-2021	09-06-2021
	Otros linajes		01-01-2021	29-07-2021

** Ex VOIs Épsilon (B.1.427 / B.1.429) y Zeta (P.2).*
Fuente: OMS, Actualización epidemiológica semanal sobre COVID-19 - 06 de julio de 2021 (Edición 47).

Según la última evaluación realizada por la OMS, las variantes Épsilon, Zeta y Theta pasaron a clasificarse como linajes de Alerta 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

Entregar información actualizada de 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 08 de agosto de 2021, a partir de la recopilación de información de diversas fuentes.

4. MÉTODO

Los aspectos metodológicos sobre las estrategias de vigilancia epidemiológica de SARS-CoV-2 y sus variantes, definiciones operativas, las metodologías de detección (secuenciación genómica y PCR determinación de mutaciones) 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/.

Cuando existen dos muestras de una misma persona se considera la muestra analizada por secuenciación por sobre la de PCR determinación de mutaciones.

Fuentes de información

- Instituto de Salud Pública, informes de secuenciación recibidos al 08 de agosto de 2021.
- Universidad de Magallanes, informe de secuenciación (abril a junio de 2021)
- Universidad Andres Bello. Informe de secuenciación al 5 de agosto de 2021
- Ministerio de Salud (MINSAL), registro de detección de mutaciones asociadas a variantes de preocupación (Alfa, Gamma y Delta) a través de RT-PCR, implementada en laboratorios de hospitales públicos y otros centros privados de Chile, recibidos al 08 de agosto 2021.
- Red de Salud UC Christus, informes de la pesquisa de mutaciones asociados a variantes de SARS-CoV-2 mediante RT-qPCR, al 31 de julio de 2021.
- Sistema de vigilancia epidemiológica EPIVIGILA del Departamento de Epidemiología del Ministerio de Salud del MINSAL, al 08 de agosto de 2021.
- Registro de defunciones del Departamento de Estadísticas e Información en Salud (DEIS) del MINSAL hasta el 08 de agosto 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.

5. SITUACIÓN EPIDEMIOLÓGICA

Descripción de variantes y linajes en el país del 22 de diciembre al 08 de agosto.

En el periodo, se cuenta con 5.779 casos confirmados de SARS-CoV-2 secuenciados y 869 casos genotipificados (para variantes de preocupación) entre el 22 de diciembre de 2020 y el 08 de agosto de 2021. Las VOC corresponden a un 64,1% (n=4.260), las VOI un 20,5% (n=1.364) y los linajes en alerta para mayor seguimiento a un 3,2% (n=215) del total de muestras de casos analizados (Tabla N ° 2). Los análisis por Institución y metodología se presentan en el Anexo Complementario, Anexo 4, Tablas N° 7 y N° 8.

Tabla N° 2 Resumen de variantes y linajes principales de casos confirmados de SARS-CoV-2 según metodología de detección. Chile, 22 diciembre de 2020 – 08 de agosto de 2021.

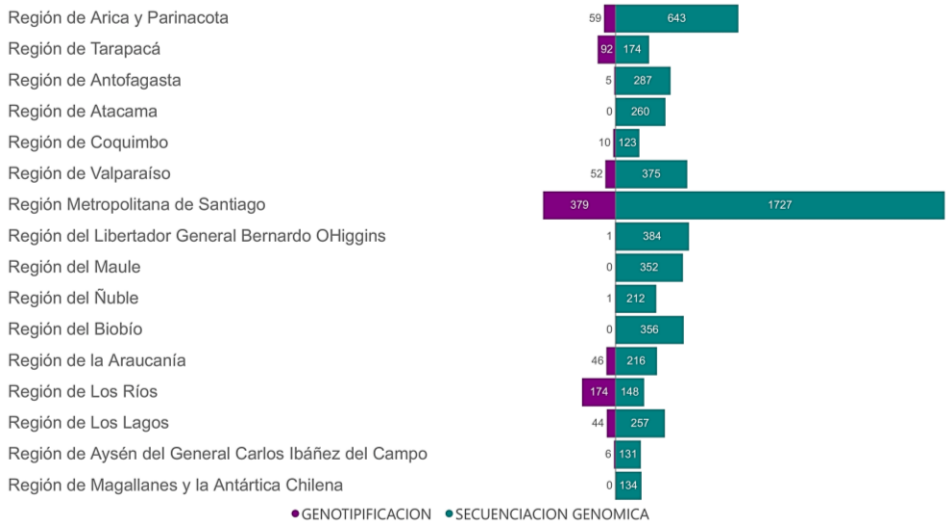
Categoría	*Variantes (Linaje PANGO)*	*Secuenciación genómica completa*	*Genotipificación*	*Total*	*(%)*	*Sub Total*	*(%)*
Variantes de preocupación para la salud pública (VOC)	Alfa (B.1.1.7)	269	72	341	5,1%	4.260	64,1%
	Beta (B.1.351 /B.1.351.2 /B.1.351.3)	4	0	4	0,1%		
	Gamma (P.1 / P.1.1 / P.1.2)	3039	775	3814	57,4%		
	Delta (B.1.617.2 / AY.1 / AY.2)	86	15	101	1,5%		
Variantes de interés para la salud pública (VOI)	Eta (B.1.525)	2	0	2	0,0%	1.364	20,5%
	Iota (B.1.526)	4	0	4	0,1%		
	Kappa (B.1.617.1)	1	0	1	0,0%		
	Lambda (C.37)	1357	0	1357	20,4%		
Alerta para mayor seguimiento	B.1.427/429	29	1	30	0,5%	215	3,2%
	P.2	35	6	41	0,6%		
	B.1.621	139	0	139	2,1%		
	B.1.1.519	1	0	1	0,0%		
	C.36.3 /.36.3.1	4	0	4	0,1%		
Linajes y otras variantes	B.1.1.348	243	0	243	3,7%	809	12,2%
	Otros*	566	0	566	8,5%		
Total		5779	869	6648	100%	6.648	100%

* Corresponde a otros linajes y otras variantes no especificadas.

Datos provisorios al 08 de agosto de 2021. Fuente: Instituto de Salud Pública. Universidad de Magallanes. Universidad Andrés Bello. Registro de detección de mutaciones asociadas a variantes de preocupación (Alfa, Gamma y Delta) laboratorios de 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.

En la región Metropolitana se presenta el mayor número de casos analizados a través de secuenciación genómica y por determinación de mutaciones asociadas a variantes de preocupación mediante RT-PCR (Figura N°1).

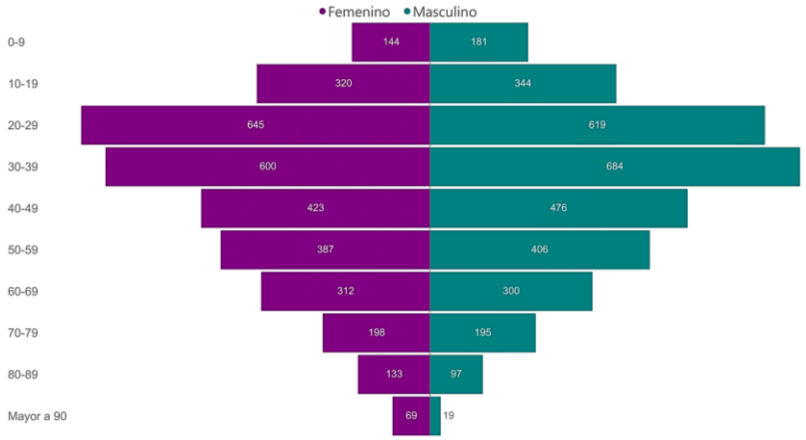
Figura N° 1 Distribución de casos confirmados de SARS-CoV-2 según metodología de detección de variantes y región de residencia. Chile, 22 diciembre 2020 – 08 de agosto 2021.



Datos provisorios al 08 de agosto de 2021. Fuente: Instituto de Salud Pública. Universidad de Magallanes. Universidad Andrés Bello. Registro de detección de mutaciones asociadas a variantes de preocupación (Alfa, Gamma y Delta), laboratorios de 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.

Los casos analizados al 08 de agosto de 2021, se distribuyen de manera similar en ambos sexos (49,2 % de mujeres). El 39% de los casos corresponden a adultos entre los 20 y 39 años (Figura N°2).

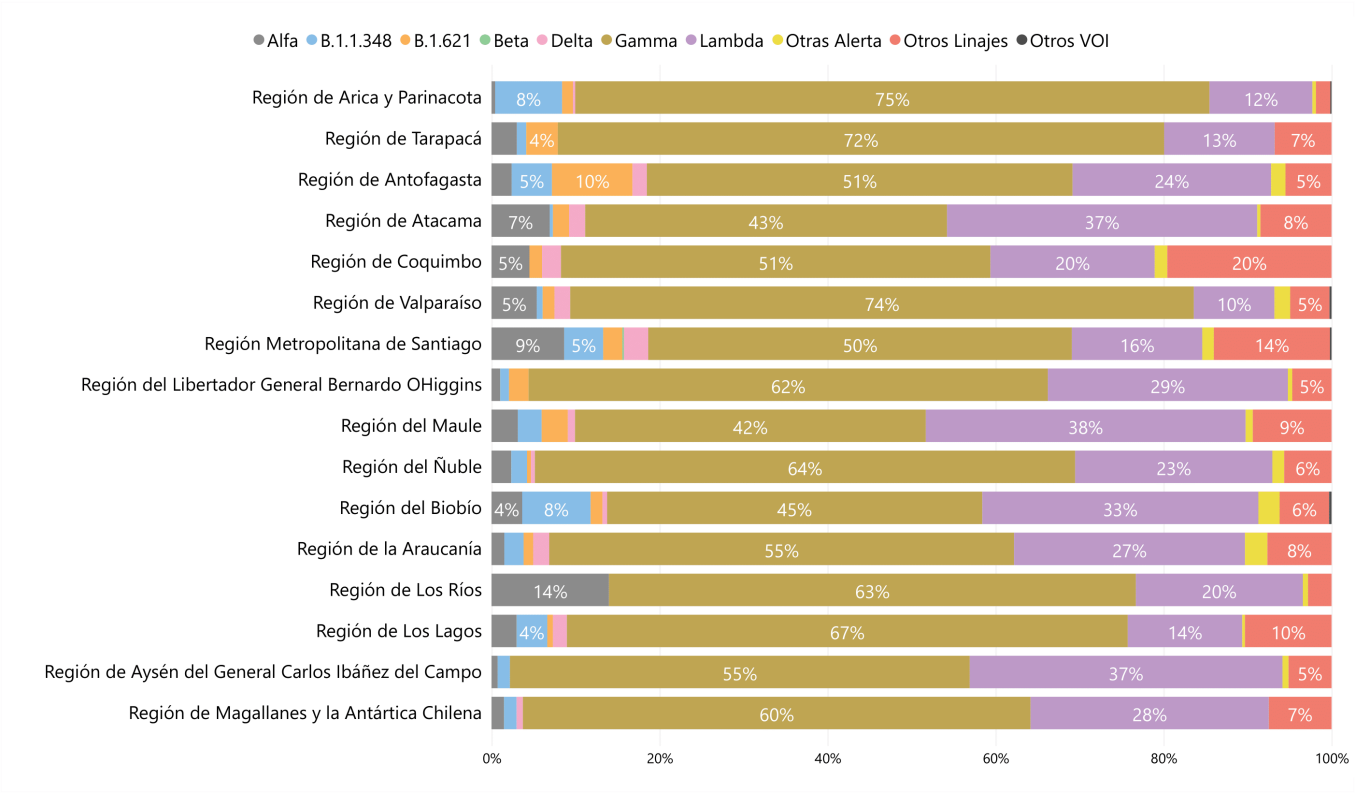
Figura N° 2 Distribución según sexo y edad de casos confirmados de SARS-CoV-2 secuenciados y genotipificados. Chile, 22 de diciembre 2020 – 08 de agosto 2021.



Datos provisorios al 08 de agosto de 2021. Fuente: Instituto de Salud Pública. Universidad de Magallanes. Universidad Andrés Bello. Registro de detección de mutaciones asociadas a variantes de preocupación (Alfa, Gamma y Delta), laboratorios de 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.

En cuanto a las VOC, Gamma (n=3.814), de detecta en un 57,4% del total analizado (n=6.648). A nivel nacional Gamma es identificada en un 75% de los casos residentes analizados de la región de Arica, un 74% en la región del Valparaíso y un 72% en la región de Tarapacá. Se acumulan 341 (5,1%) casos asociados a variante Alfa en todo el país, siendo detectada en un 14% de los casos provenientes de la región de Los Ríos y un 9% en la región Metropolitana. La variante Delta es identificada en un 1,5% (n=101) de los casos analizados al 08 de agosto 2021, principalmente en la región Metropolitana (n=61) (Tabla N°2, N°3 y Figura N°3).

Figura N° 3 Distribución porcentual de las variantes y linajes de casos SARS-CoV-2 según región de residencia. Chile, 22 de diciembre 2020 – 08 de agosto 2021.



Datos provisorios al 08 de agosto de 2021. Fuente: Instituto de Salud Pública. Universidad de Magallanes. Universidad Andrés Bello. Registro de detección de mutaciones asociadas a variantes de preocupación (Alfa, Gamma y Delta), laboratorios de 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° 3 Distribución de las variantes y linajes de casos confirmados de SARS-CoV-2, según metodología de detección y región de residencia. Chile, desde el 22 de diciembre 2020 – 08 de agosto de 2021.

Regiones	VOC								VOI				Linajes de Alerta				Otros linajes	
	Alfa		Beta		Gamma		Delta		Lambda		Otras VOI		B.1.621		Otros linajes en alerta		B.1.1.348	Otros Linajes
	SG	RT PCR	SG	RT PCR	SG	RT PCR	SG	RT PCR	SG	SG	SG	RT PCR	SG	RT PCR	SG	RT PCR	SG	SG
Arica y Parinacota	3	0	0	0	471	59	2	0	86	0	1	0	9	0	3	0	56	12
Tarapacá	8	0	0	0	100	92	0	0	35	0	0	0	10	0	0	0	3	18
Antofagasta	5	2	0	0	146	2	5	0	69	0	0	0	28	0	4	1	14	16
Atacama	18	0	0	0	112	0	5	0	96	0	0	0	5	0	1	0	1	22
Coquimbo	5	1	0	0	59	9	3	0	26	0	0	0	2	0	2	0	0	26
Valparaíso	22	1	0	0	266	51	8	0	41	0	1	0	6	0	8	0	3	20
Metropolitana de Santiago	140	42	4	0	740	322	52	9	327	0	4	0	48	0	23	6	98	291
Lib. Bdo. O'Higgins	4	0	0	0	237	1	0	0	110	0	0	0	9	0	2	0	4	18
Maule	11	0	0	0	147	0	3	0	134	0	0	0	11	0	3	0	10	33
Ñuble	4	1	0	0	137	0	1	0	50	0	0	0	1	0	3	0	4	12
Biobío	13	0	0	0	159	0	2	0	117	0	1	0	5	0	9	0	29	21
Araucanía	2	2	0	0	104	41	2	3	72	0	0	0	3	0	7	0	6	20
Los Ríos	23	22	0	0	50	152	0	0	64	0	0	0	0	0	2	0	0	9
Los Lagos	8	1	0	0	161	40	2	3	41	0	0	0	2	0	1	0	11	31
Aysén del Gral. Carlos Ibáñez del Campo	1	0	0	0	69	6	0	0	51	0	0	0	0	0	1	0	2	7
Magallanes	2	0	0	0	81	0	1	0	38	0	0	0	0	0	0	0	2	10
Total	**269**	**72**	**4**	**0**	**3039**	**775**	**86**	**15**	**1357**	**0**	**7**	**0**	**139**	**0**	**69**	**7**	**243**	**566**

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

Datos provisorios al 08 de agosto de 2021. Fuente: Instituto de Salud Pública. Universidad de Magallanes. Universidad Andrés Bello. Registro de detección de mutaciones asociadas a variantes de preocupación (Alfa, Gamma y Delta), laboratorios de 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.

Respecto a las VOI, Lambda (n=1.357) es la más detectada, con un 20,4% de los casos analizados (n=6.648). Esta se presenta en mayor proporción en la región del Maule con un 38%, y en las regiones de Atacama y Aysén, con un 37% de los casos en ambas (Tabla N°2, N°3 y Figura N°3).

Respecto a los linajes en Alerta para mayor seguimiento, el más frecuente es B.1.621 con un 2,1% (n=139) del total de casos analizados (n=6.648). Este linaje en Antofagasta alcanza el 10% de los casos y no se ha detectado en la región de Los Ríos, Aysén ni Magallanes (Tabla N°2, N°3 y Figura N°3).

El linaje en seguimiento B.1.1.348, presenta un 3,7% (n=243) de los casos analizados y alcanza el mayor porcentaje en las regiones de Arica y Biobío con un 8% de sus casos. Este linaje no ha sido identificado en las regiones de Coquimbo y Los Ríos (Tabla N°2, N°3 y Figura N°3).

En el análisis de la distribución de VOC de acuerdo a su condición de viajero o comunitario se observa la variante Gama (n=375), Alfa (n=112) y Delta (n=81) en mayor proporción en viajeros y en la vigilancia comunitaria la mayor cantidad de casos corresponden a variante Gamma (n=3.430)(Figura N°4 y N°5).

Figura N° 4 Distribución de los casos en viajeros* de SARS-CoV-2 secuenciados y genotipificados, según clasificación OMS. Chile 22 de diciembre 2020 – 08 de agosto 2021.

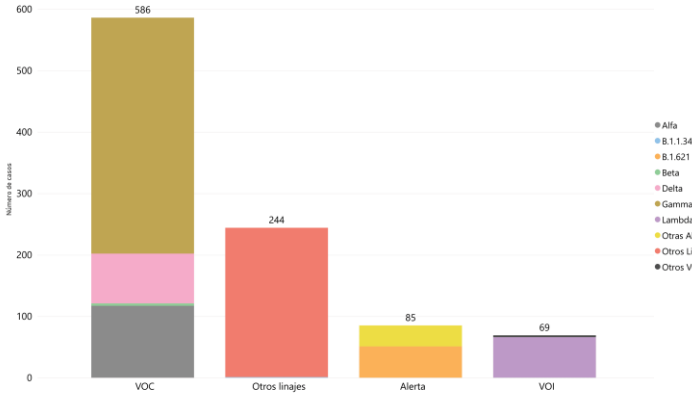
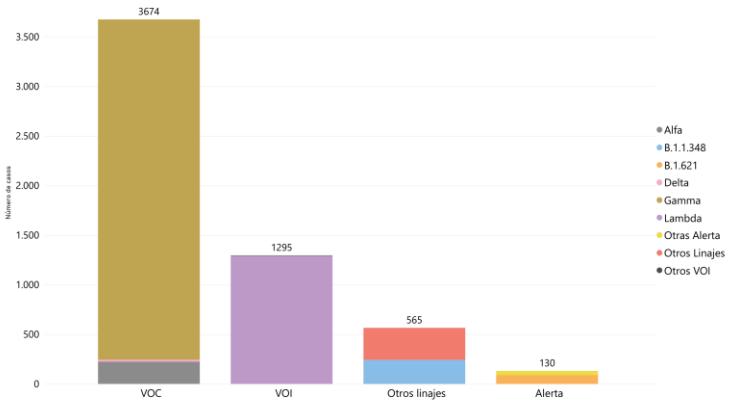


Figura N° 5 Distribución de los casos comunitarios de SARS-CoV-2 secuenciados y genotipificados según, clasificación OMS. Chile 22 de diciembre 2020 – 08 de agosto 2021.



Datos provisorios al 08 de agosto de 2021. * Incluye relacionados con viajeros. Fuente: Instituto de Salud Pública. Universidad de Magallanes. Universidad Andrés Bello. Registro de detección de mutaciones asociadas a variantes de preocupación (Alfa, Gamma y Delta), laboratorios de 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.

Respecto a las VOI, han sido mayormente detectadas a nivel comunitario con predominio de variante Lambda. En relación a linajes en Alerta, la mayor proporción corresponde al linaje B.1.621 proveniente principalmente de la vigilancia de viajeros. En otros linajes, el B.1.1.348 ha sido detectado en mayor proporción en la vigilancia comunitaria (Figura N°4 y N°5).

En términos de las características clínicas y de gravedad de las variantes, del total de casos Gamma (n= 3.814) un 71,8% de casos está sintomático al momento de la notificación (n=2.737), se registran 655 ingresos a hospitalización (17,2%), 194 corresponden a ingresos a servicios de mayor complejidad (5,1%) y un 5,5% (n=208) fallecen (Tabla N°4). Respecto a los casos de variante Alfa (n=341), un 56,9% de los casos está sintomático al momento de la notificación (n=194), el 7,9% (n=655) se hospitaliza y el 3,2% (n=11) ingresa a UCI/UTI y un 1,8% (n=6) fallecen. Por otra parte, respecto al total de casos de variante Delta (n=101), un 43,6% de casos está sintomáticos (n=44), un 5% (n=5) se hospitaliza y no se registran fallecidos (Tabla N°4). La VOI Lambda, presenta un 76,6% de sintomáticos, 16,7% de hospitalización y un 6,0% de ingreso a UCI con relación a los 1.357 casos detectados (Tabla N°4).

Tabla Nº 4 Características y factores de riesgo de las variantes de preocupación y variante Lambda de SARS-CoV-2 secuenciados y genotipificados. Chile, desde el 22 de diciembre 2020 al 08 de agosto de 2021.

		Sintomático		Hospitalización		Ingreso UCI/UTI		Fallecidos/letalidad		Embarazo	Comorbilidad
	n	n	%	n	%	n	%	n	%	n	n
VOC											
Alfa	341	194	56,9%	27	7,9%	11	3,2%	6	1,76%	1	17
Beta	4	1	25,0%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,00%	0	0
Gamma	3814	2737	71,8%	655	17,2%	194	5,1%	208	5,45%	40	852
Delta	101	44	43,6%	5	5,0%	2	2,0%	0	0,00%	0	11
VOI											
Lambda	1357	1.039	76,6%	687	16,7%	82	6,0%	58	4,27%	8	189

Datos provisorios al 08 de agosto de 2021. Fuente: Instituto de Salud Pública. Universidad de Magallanes. Universidad Andrés Bello. Registro de detección de mutaciones asociadas a variantes de preocupación (Alfa, Gamma y Delta), laboratorios de 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. Ministerio de Salud. Elaborado por: Departamento de Epidemiología, Ministerio de Salud.

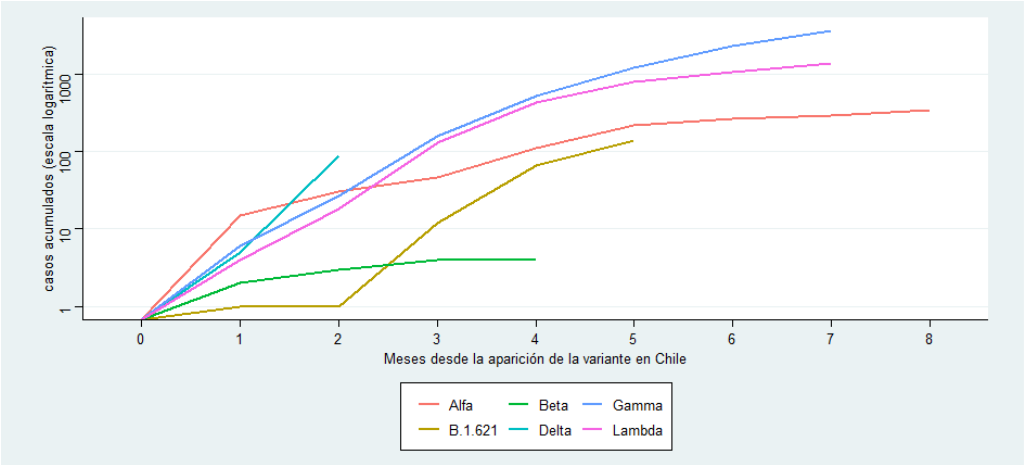
Las características en detalle de los casos de SARS-CoV-2 secuenciados y genotipificados por variantes y linajes se encuentran en Anexo Complementario, Anexo 4, desde la Tabla N°2 hasta la Tabla N°5.

Evolución y Distribución espacial y temporal de variantes en Chile

Situación General

La presentación de los casos acumulados de las variantes y linajes más prevalentes muestra la importancia del avance y velocidad en su propagación mensual desde la aparición del primer caso en las variantes Gamma, Lamba y recientemente Delta, con un rápido incremento en comparación a otras variantes. Respecto al linaje B.1.621, se observa un aumento en su distribución acercándose a las variantes de preocupación (Figura N° 6).

Figura N° 6 Casos acumulados de variantes de SARS-CoV-2 desde el primer día/mes de detección del caso indexadas por meses. Chile, 22 de diciembre - 08 de agosto 2021.



Datos provisorios al 08 de agosto de 2021. Fuente: Instituto de Salud Pública. Universidad de Magallanes. Universidad Andrés Bello. Registro de detección de mutaciones asociadas a variantes de preocupación (Alfa, Gamma y Delta), laboratorios de 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.

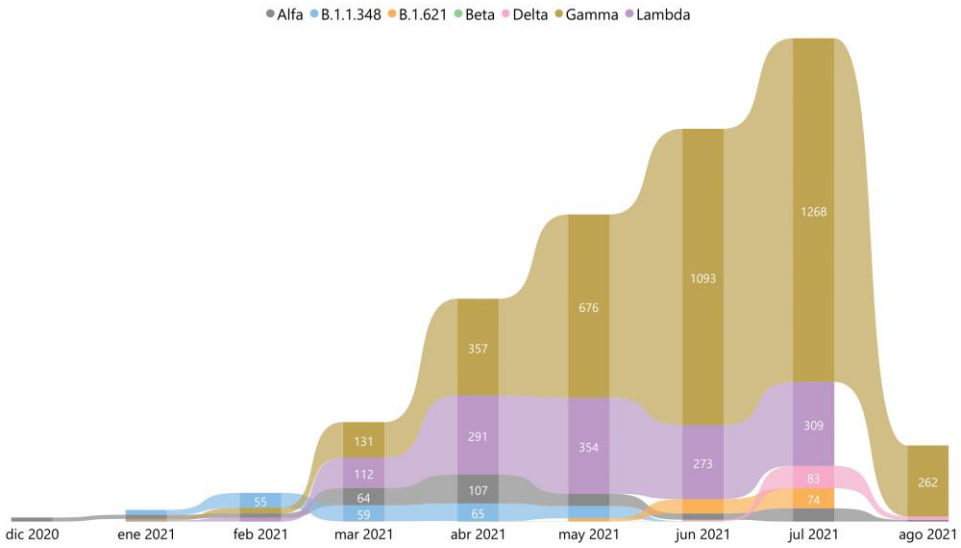
La evolución de las VOC a nivel nacional muestra una tendencia al alza desde marzo a julio para la variante Gamma, donde alcanzó su máximo en junio con un 74,0% (n=1.093) del total de los casos de SARS-CoV-2 analizadas ese mes (n=1.477). En el mes de julio, esta variante corresponde al 68,8% (n=1.268) de los casos analizados (n=1.843).

La variante Alfa presentó una disminución a partir del mes de abril llegando en junio a estar en el 1,6% (n=23) de los casos analizados (n= 902) y en el mes de julio correspondió al 2,7% (n=49) de los casos (n=1.843) analizados a la fecha este informe (Figura N° 7).

En el mes de junio se identificaron los primeros casos de la variante Delta con un 0,3% (n=5) del total de los casos analizados ese mes (n=1.477). En julio, se detectaron 83 casos, correspondiendo al 4,5% de los casos de este mes (Figura N° 7). Se acumulan a la fecha un total de 101 casos, de ellos 86 se confirman por secuenciación genómica y 15 casos probables mediante PCR mutaciones. Según información preliminar 81 son viajeros o relacionados con ellos y 20 casos comunitarios, con residencia en las regiones de Antofagasta, Metropolitana, Araucanía y Los Lagos. En relación con la variante Lambda, mantuvo una tendencia al alza hasta el mes de mayo con un 29,4% (n=354), siendo la segunda variante más frecuente entre los 1.205 casos ese mes; durante el mes de julio, los casos alcanzaron el 16,8% (n=309), respecto del total de casos (n=1.843). Se observa un discreto aumento del linaje de alerta para seguimiento B.1.621 desde junio, con un 4,0% (n=74) de las muestras de casos analizados en julio (Figura N° 7).

Desde fines de julio se incrementó el número de casos analizados a través de la implementación de determinaciones de mutaciones asociadas a variantes de preocupación (Alfa, Gamma y Delta) mediante RT-PCR en hospitales de la red púbica, las cuales solo detectan mutaciones asociadas a variantes Gamma, Delta y Alfa (Figura N° 7).

Figura N° 7 Distribución de VOC, VOI y linaje más prevalente de casos de SARS-CoV-2 secuenciados y genotipificados, según fecha de toma de muestra de test diagnóstico. Chile, 22 diciembre -08 de agosto 2021.



Datos provisorios al 08 de agosto de 2021. Fuente: Instituto de Salud Pública. Universidad de Magallanes. Universidad Andrés Bello. Registro de detección de mutaciones asociadas a variantes de preocupación (Alfa, Gamma y Delta), laboratorios de 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.

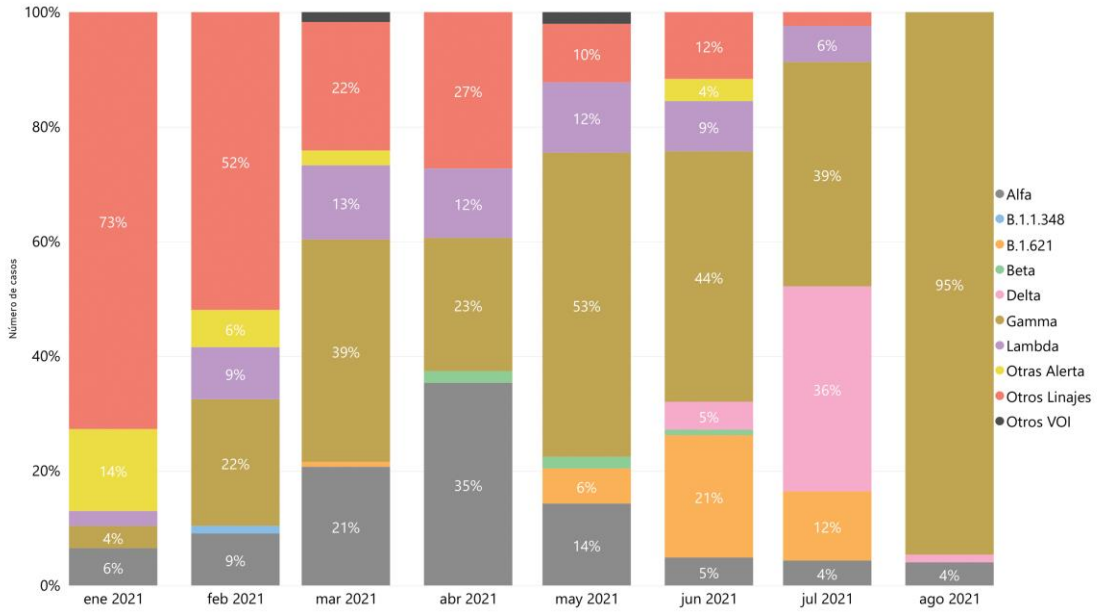
La distribución regional de los casos de SARS-CoV-2 secuenciados y genotipificados desde el 22 de diciembre de 2020 al 08 de agosto 2020 se encuentra en la Tabla N°6 del Anexo 4, Anexo Complementario.

Vigilancia de viajeros

A la fecha se cuenta con la identificación de variantes en 984 viajeros y casos relacionados con viajeros, correspondiendo en julio a 207 casos.

La evolución de las VOC en viajeros, muestra un descenso en el ingreso de la variante Alfa de mayo en adelante. Se observa una alta prevalencia de la variante Gamma desde marzo en adelante, alcanzando el mayor porcentaje en mayo, mismo periodo en que el linaje B.1.621 que comienza a ser más frecuente en viajeros, alcanzando un 21% en el mes de junio 2021. La variante Delta ingresa en junio y durante el mes de julio alcanza el 36% de las variantes detectadas, con un porcentaje similar (39%) a Gamma (Figura N°8). La variante Lamba, disminuye a partir de junio, correspondiendo en julio al 6% en el mes de julio (n=207). Por otro lado, no se observa mayor diversidad de linajes en viajeros en julio limitándose a los linajes clasificados por la Organización Mundial de la Salud para seguimiento (Figura N° 8).

Figura N° 8 Distribución de las VOC, VOI y linajes más prevalentes de casos de SARS-CoV-2 en viajeros. Chile, enero – 08 de agosto 2021.



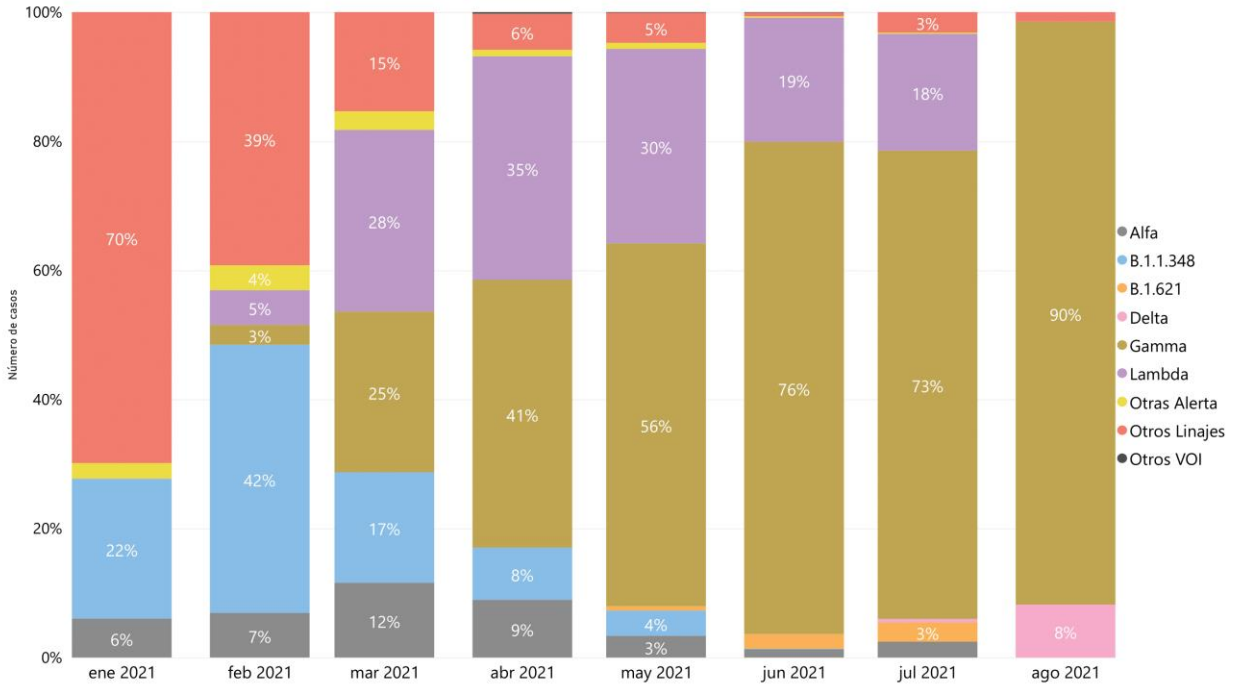
Datos provisorios al 08 de agosto de 2021. Fuente: Instituto de Salud Pública. Universidad de Magallanes. Universidad Andrés Bello. Registro de detección de mutaciones asociadas a variantes de preocupación (Alfa, Gamma y Delta), laboratorios de hospitales públicos de Chile y Clínica Alemana de Santiago. 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.

Vigilancia de casos comunitarios

De las 6.648 muestras de casos de SARS-CoV-2, analizados entre enero y el 08 de agosto de 2021, 5.664 correspondieron a casos de SARS-CoV-2 provenientes de la vigilancia comunitaria. De estos, el 64,9% (n=3.674) correspondieron a VOC, un 22,9% (n=1.295) a VOI, un 10,0% (n=565) a otros linajes y un 2,3% a alertas de seguimiento (n=130). Desde su detección comunitaria en febrero 2021, la variante Gamma, ha evidenciado un aumento de casos, llegando a más del 70% de los casos en junio y julio. La variante Lambda, por su lado, presenta una disminución en los meses que Gamma muestra el mayor porcentaje de casos. La variante Alfa, presenta una disminución desde el mes de marzo a la fecha de este informe. El linaje B.1.621 presenta un leve aumento desde junio (Figura N°9).

En el mes de julio se detectan los primeros 9 casos comunitarios de la variante Delta, identificándose a la fecha 20 casos a través de secuenciación genómica y genotipificación. No se detectan casos de variante Beta a nivel comunitario (Figura N°9).

Figura N° 9 Distribución de las VOC, VOI y linajes más prevalentes de casos de SARS-CoV-2 comunitarios. Chile, enero – 08 de agosto 2021.



Datos provisorios al 08 de agosto de 2021. Fuente: Instituto de Salud Pública. Universidad de Magallanes. Universidad Andrés Bello. Registro de detección de mutaciones asociadas a variantes de preocupación (Alfa, Gamma y Delta), laboratorios de 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.

Descripción de variantes en el país en julio de 2021

Desde el 1 al 31 de julio de 2021 se cuenta con el resultado de un total 1.843 casos confirmados de SARS-CoV-2 analizados, de los cuales se secuenciaron 1.579 y mediante RT-PCR de mutaciones asociadas a variantes de preocupación (Alfa, Gamma y Delta) se identificaron 264. El 76% de los casos corresponden a VOC (n=1.400), principalmente Gamma (n=1.268); el 16,8% de los casos a VOI (n=309) y el 4,2% de los casos a linajes en Alerta. (Tabla N° 5). Del total de casos analizados durante el mes de julio 2021, el 51% corresponde a mujeres y el 90% de los casos son de nacionalidad chilena. El 89% son casos comunitarios y un 11% son viajeros o relacionado con viajeros. Respecto a la región de residencia la mayor proporción de casos analizados provienen desde la región Metropolitana (19%) y de la región de Arica y Parinacota (12%) (Tabla N° 5 y Anexo Complementario, Anexo 4, Tabla N° 6).

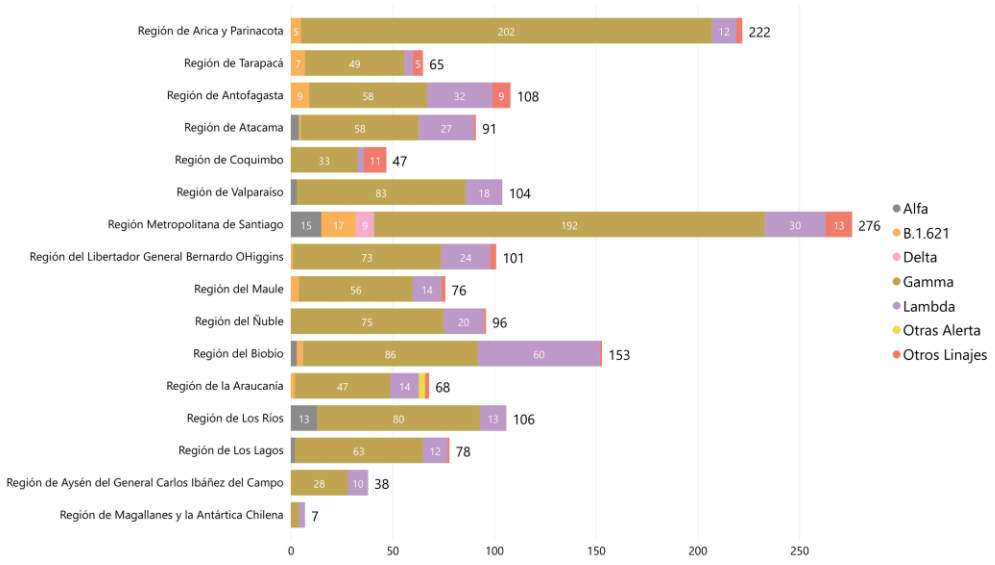
Tabla N° 5 Distribución de las variantes y linajes según metodología de análisis de casos de SARS-CoV-2, según región. Chile, desde el 01 al 31 de julio 2021.

Regiones	VOC						VOI		Linajes de Alerta	Otros linajes
	Alfa		Gamma		Delta		Lambda	B/147 /149	B.1.621	
	SG	RT PCR	SG	RT PCR	SG	RT PCR	SG	SG	SG	SG
Arica y Parinacota	0	0	181	22	2	0	12	0	5	3
Tarapacá	0	0	17	35	0	0	4	0	9	5
Antofagasta	0	0	64	0	4	0	32	0	14	9
Atacama	5	0	58	0	5	0	27	0	2	1
Coquimbo	0	0	33	2	3	0	3	0	0	11
Valparaíso	6	0	102	8	7	0	22	0	4	0
Metropolitana de Santiago	16	0	131	70	50	2	36	0	26	15
Lib. Bdo. O'Higgins	0	0	78	0	0	0	25	0	1	6
Maule	0	0	58	0	2	0	15	0	6	2
Ñuble	0	0	76	0	1	0	20	0	0	1
Biobío	4	0	87	0	2	0	60	0	4	1
Araucanía	0	0	42	7	2	0	14	3	3	2
Los Ríos	0	16	13	86	0	0	13	0	0	0
Los Lagos	2	0	51	15	2	0	13	0	0	1
Aysén del Gral. Carlos Ibáñez del Campo	0	0	27	1	0	0	10	0	0	0
Magallanes	0	0	4	0	1	0	3	0	0	0
Total	**33**	**16**	**1022**	**246**	**81**	**2**	**309**	**3**	**74**	**57**

SG= Secuenciación genómica, RT-PCR= RT-PCR para detección de mutaciones. Datos provisorios al 08 de agosto de 2021. Fuente: Instituto de Salud Pública. Universidad de Magallanes. Universidad Andrés Bello. Registro de detección de mutaciones asociadas a variantes de preocupación (Alfa, Gamma y Delta), laboratorios de 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.

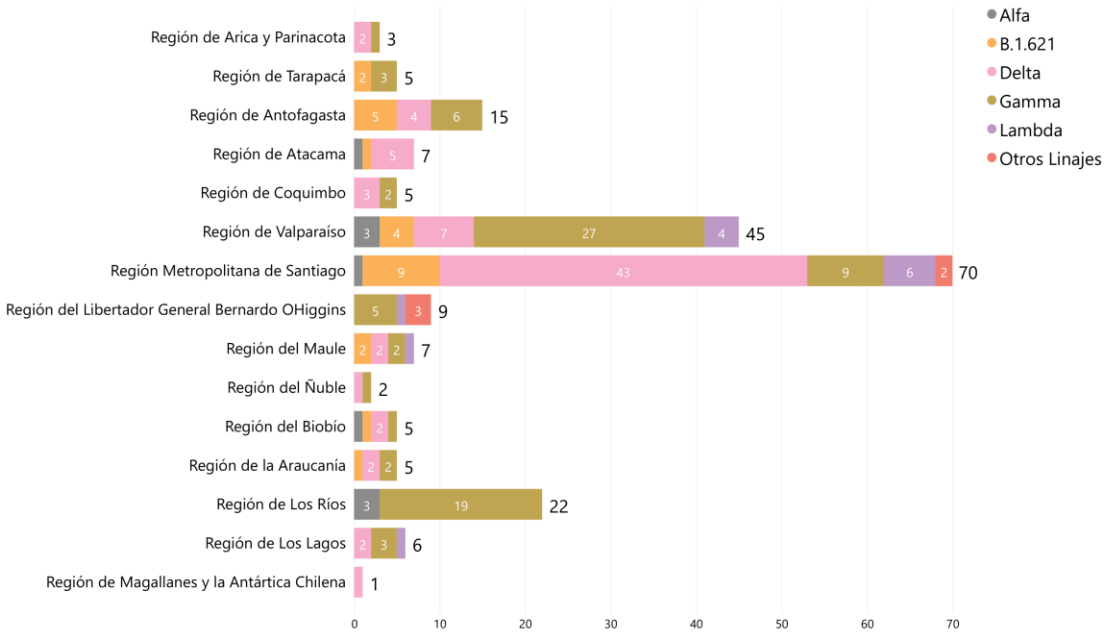
En la vigilancia comunitaria, se analizaron un total de 1.636 en el mes de julio, todas tomadas el mismo mes, la variante Gamma fue identificada a nivel nacional, en mayor porcentaje de las muestras en la región de Arica y Parinacota. En la vigilancia de viajeros, se contó con el resultado del análisis de 207 casos, en esta vigilancia la variante Delta irrumpe en el mes de julio con un total de 74 casos (Tabla N° 5, Figura N°10, Figura N° 11).

Figura N° 10 Distribución de los casos comunitarios secuenciados y genotipificados de variantes y linajes en seguimiento de SARS-CoV-2 según región de residencia. Chile, julio 2021.



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

Figura N° 11 Distribución de casos de SARS-CoV-2 en viajeros secuenciados y genotipificados de variantes y linajes en seguimiento de SARS-CoV-2 según región de residencia. Chile, julio 2021.

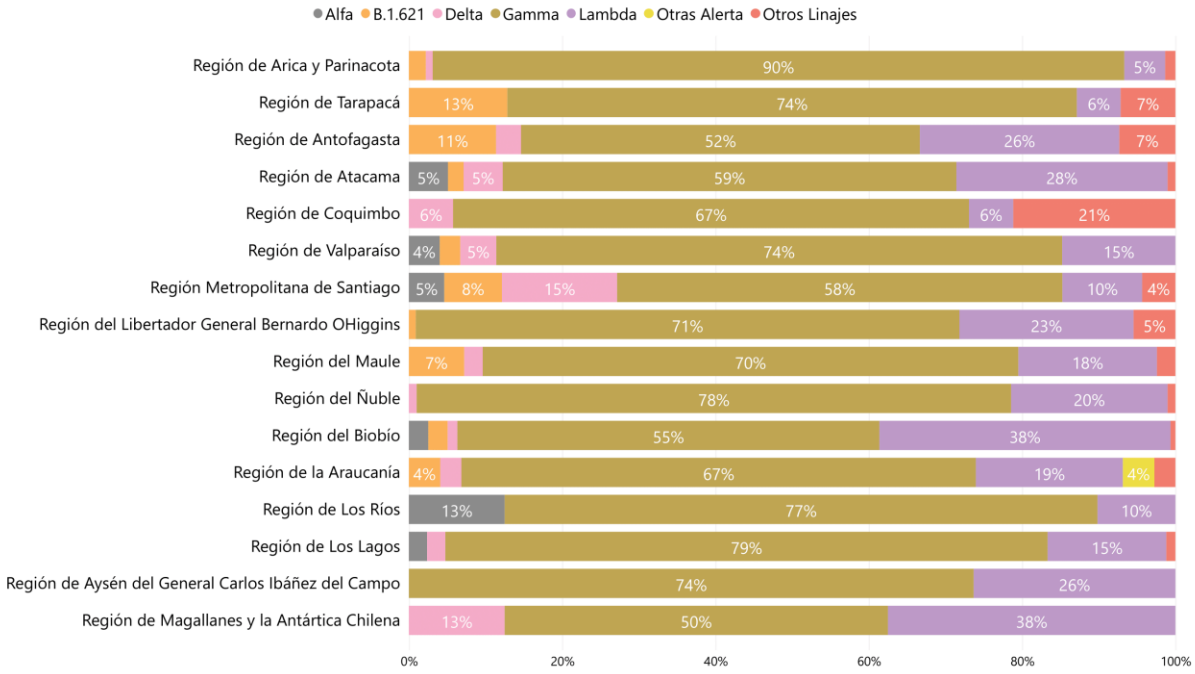


Datos provisorios al 08 de agosto de 2021. Fuente: Instituto de Salud Pública. Universidad de Magallanes. Universidad Andrés Bello. Registro de detección de mutaciones asociadas a variantes de preocupación (Alfa, Gamma y Delta), laboratorios de hospitales públicos de Chile, Red de Salud UC Christus y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

Dentro del periodo mencionado, la variante Gamma está presente en el 68,8% (n=1.268) de los casos, distribuida en todo el país, con mayor frecuencia en la región de Arica y Parinacota (n=203) y Metropolitana (n=201). La variante Alfa está presente en el 2,7% (n=49) de los casos en residentes de Atacama, Valparaíso, Metropolitana, Biobío, Los Ríos y Los Lagos. La variante Delta se identificó en 83 (4,5%) casos con residencia en la mayoría de las regiones de país, exceptuando Tarapacá, Libertador Bernardo O'Higgins y Los Ríos. En cuanto a la variante Beta no se identifican casos durante este periodo (Tabla N° 5 y Figura N°12).

Se identificaron 309 casos de VOI (17,2%) las cuales correspondieron solo a la variante Lambda. Estos se detectaron todo el territorio nacional, siendo más frecuentes en la región del Biobío (n=60). En cuanto a linajes de Alerta, se han identificado 74 casos del linaje B.1.621 y 3 casos de linaje B.1.42/429 durante el mes de julio, correspondiendo al 4,0% Y 0,2% de los casos respectivamente, identificándose desde la región de Arica y Parinacota hasta la región de la Araucanía. En relación con otros linajes se identificó B.1. (n=2), B.1.1 (n=1), B.1.111 (n=1), B.1.625 (n=1), B.1.84 (n=1) y C.16 (n=5), (Tabla N° 5 y Figura N° 12).

Figura N° 12 Distribución porcentual de las variantes y linajes de SARS-CoV-2 según región de residencia de los casos. Chile, julio 2021.



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

6. DISCUSIÓN

Desde marzo al 08 de agosto, la variante Gamma es la VOC predominante a nivel nacional con casi el 70% del total de los casos analizados en el mes julio 2021. Se observa un mayor número de hospitalizados y fallecidos en los casos asociados a esta variante, 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 con el 17,2% del total casos.

A nivel nacional se observan casos asociados a la variante Delta de tipo 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.

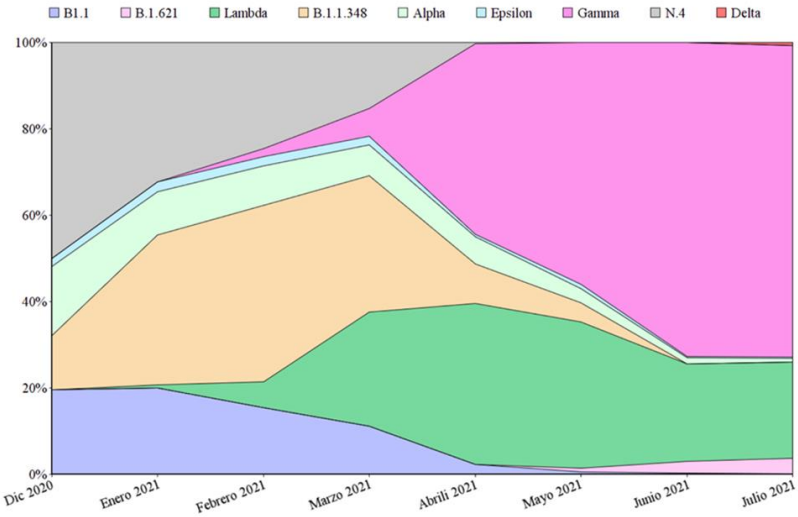
Desde marzo hasta julio, a nivel nacional, se observó un aumento de casos de SARS-CoV-2 analizados en la vigilancia comunitaria y un aumento, número de casos mensuales asociado a la incorporación en la secuenciación de grupos especiales y brotes activos y a la ampliación de laboratorios que realizan determinación de mutaciones asociados variantes de preocupación.

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 con el apoyo del Ministerio de Ciencias se está aumentando las capacidades de secuenciación genómica a nivel regional y nacional contando con la Universidad de Magallanes y Andrés Bello 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 6.712 genomas completos al 13 de agosto de 2021, siendo uno de los países de Latinoamérica que más genomas

ha compartido (0,41 % de los casos positivos de COVID-19), lo que permite mostrar la evolución de los linajes disponibles en GISAID (Figura N° 13).

Figura N° 13 Evolución de los linajes predominantes de SARS-CoV-2 en Chile, diciembre 2020-julio 2021.



Fuente: Instituto de Salud Pública

Se requiere mantener 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 la vigilancia de viajeros 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 a los 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, a la red de laboratorios de hospitales públicos y otros centros como la Red de Salud UC CHRISTUS y Clínica Alemana de Santiago por la contribución de información de determinación de mutaciones mediante RT-PCR y a la Universidad de Magallanes y a la Universidad Andrés Bello por el envío de reportes de vigilancia genómica.

7. REFERENCIAS

1. Instituto de Salud Pública de Chile. ORD C/Nº 02011 23 de octubre de 2020: Recomendaciones recolección y envió 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 deleción convergente en el gen ORF1a (Δ3675-3677) y una nueva deleción en el gen Spike (Δ246-252, 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.z