

**INFORME EPIDEMIOLÓGICO N°31**  
**VIGILANCIA GENÓMICA DE SARS-CoV-2**  
**(COVID-19)**

Chile 17 de mayo de 2022

Departamento de Epidemiología



# Contenido

<b>1</b>	<b>Resumen</b>	<b>2</b>
<b>2</b>	<b>Antecedentes</b>	<b>3</b>
<b>3</b>	<b>Objetivo del Reporte</b>	<b>5</b>
<b>4</b>	<b>Métodos</b>	<b>5</b>
4.1	Fuentes de Información . . . . .	6
<b>5</b>	<b>Situación Epidemiológica Acumulada</b>	<b>7</b>
5.1	Características Clínicas de los Casos . . . . .	9
5.2	Distribución Temporal . . . . .	10
5.3	Distribución de Variantes en Viajeros . . . . .	12
5.4	Distribución de Variantes en Comunitarios . . . . .	13
5.5	Situación de las Últimas 10 semanas Epidemiológicas (SE 10 a la 19 de 2022) . . . . .	14
5.6	Variante Ómicron . . . . .	15
<b>6</b>	<b>Descripción Epidemiológica según Métodos de Detección de Variantes</b>	<b>18</b>
6.1	Casos de SARS-CoV-2 de Variante Confirmada . . . . .	18
6.2	Casos de SARS-CoV-2 de Variante Probable . . . . .	21
<b>7</b>	<b>Conceptos Claves</b>	<b>24</b>
<b>8</b>	<b>Referencias</b>	<b>27</b>
<b>9</b>	<b>Anexos</b>	<b>30</b>
9.1	Metodos de Detección . . . . .	30
9.2	Seguimiento de las variantes de SARS-CoV-2 . . . . .	36

# 1 Resumen

En Chile, a través de la vigilancia genómica desde el 22 de diciembre de 2020 al 17 de mayo de 2022 (12 hrs) se analizaron 23.914 (28,1%) casos a través de secuenciación genómica completa y 61.190 (71,9%) por Mutaciones Asociadas a Variantes (MAV) mediante RT-PCR.

En las últimas 10 semanas epidemiológicas (SE) correspondientes a las SE 10 a 19 de 2022, se analizaron 2.603 muestras de casos de SARS-CoV-2 mediante secuenciación genómica completa y 8.781 mediante PCR de MAV.

- La totalidad de las muestras analizadas mediante secuenciación genómica completa correspondieron a variante Ómicron y de estas, se identificaron dos casos de BA.4 y 52 casos de BA.2.12.1, recientemente identificadas como linajes de variantes de preocupación bajo seguimiento (VOC-LUM por sus siglas en inglés) por la OMS.
- De las muestras analizadas mediante PCR de MAV (en adelante, variante probable), Ómicron fue la variante probable más frecuente con 6.235 casos. Se reportaron además, las variantes probable Alfa (103 casos), Beta (125 casos), Gamma (7 casos), Delta (24 casos) y Mu (677 casos), en espera de confirmación mediante secuenciación genómica completa.
- A través de secuenciación genómica completa, en las últimas 10 SE, se detectaron veintisiete linajes, el más frecuente es BA.1.1 (n=1.167), seguido de BA.2 (n=772), BA.1 (n=198) y BA.2.3 (n=187).

## 2 Antecedentes

Desde la identificación inicial del SARS-CoV-2, hasta el 17 de mayo de 2022, se han compartido a nivel mundial alrededor de 10.900.000 secuencias genómicas completas a través de bases de datos de acceso público (GISAID<sup>1</sup>).

Con el fin de facilitar la identificación de las variantes de preocupación (VOC) y de las variantes de interés (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, 9.2 Seguimiento de las variantes de SARS-CoV-2, Tabla 6).

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 actualización del 22 de septiembre de 2021, renombró los linajes en "Alerta para mayor seguimiento" a "Variantes bajo monitoreo (VUM)". El 26 de noviembre de 2021, se clasifica la variante Ómicron como una VOC (inicialmente clasificada como una VUM). El 29 de marzo de 2022, la OMS agrupó su clasificación en aquellas variantes circulantes actualmente y aquellas circulantes anteriormente, dejando como VOC circulantes actualmente a Delta, Ómicron y como VUM a B.1.640, incorporando la variante XD. En la última actualización del 18 de mayo de 2022, y debido a la transmisión generalizada de la VOC Ómicron en el mundo, se agrega una nueva categoría a seguimiento de variantes, denominada "linajes de VOC bajo seguimiento" (VOC-LUM en su sigla en inglés).

La OMS vigila el comportamiento genético del virus con énfasis en la aparición de nuevas mutaciones que pueden evolucionar con el tiempo y aumentar la transmisión o severidad de la enfermedad por SARS-CoV-2. Si nuevas variantes no significan un cambio significativo en las características del virus, el nombre

---

<sup>1</sup>La Iniciativa GISAID promueve el intercambio rápido de datos de todos los virus de la influenza y el coronavirus que causa el COVID-19

asignado se enlazará a los linajes parentales según nomenclatura PANGO<sup>2</sup>.

La vigilancia de virus respiratorios realizada en Chile integró el SARS-CoV-2 a las estrategias de vigilancia del Instituto de Salud Pública (ISP) desde el inicio de la pandemia. Desde diciembre de 2020 se amplió 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 (AAMB). En marzo de 2021, el ISP aumentó sus capacidades secuenciando una mayor cantidad de muestras provenientes de la vigilancia de laboratorios, además de muestras de otros establecimientos de salud públicos y privados, y 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.

Desde la Semana Epidemiológica (SE) 47 de 2021 se implementó la aleatorización de muestras comunitarias a través de PCR de MAV. Esta estrategia considera un muestreo aleatorio, representativo, sin influencias de criterios clínicos y epidemiológicos, con el objetivo de estimar la prevalencia de las variantes y linajes en Chile. Se utiliza un n muestral semanal basado en el número de casos nuevos de la semana anterior (prevalencia de variante nueva de 1/250 y un nivel de confianza de 95%).

A partir de la SE 05 de 2022 se optimiza el número de casos confirmados provenientes del aeropuerto AMB enviados a secuenciar, a través de la determinación del tamaño muestral mínimo necesario para la detección temprana de variantes del virus SARS-CoV-2 y así contribuir a los objetivos de estimar de la incidencia de las variantes circulantes en viajeros e identificar nuevas variantes que ingresen al país. El laboratorio participante deberá enviar a secuenciar al ISP semanalmente el número de muestras de casos de SARS-CoV-2 entregado por la SEREMI de Salud Metropolitana durante la semana anterior, cumpliendo con el proceso de selección aleatoria y los requisitos de laboratorio.

---

<sup>2</sup>Nomenclatura dinámica que permiten clasificar y visualizar los linajes de SARS-CoV-2, la cual es implementada por el software PANGOLIN (de las siglas en inglés Phylogenetic Assignment of Named Global Outbreak Lineages).

### **3 Objetivo del Reporte**

Entregar información actualizada de las VOC, VOI, variantes y linajes bajo monitoreo y otros linajes de SARS-CoV-2 detectados en Chile en base a datos disponibles hasta el 17 de mayo de 2022, a partir de muestras de casos de SARS-CoV-2 analizadas por secuenciación genómica y detección de mutaciones asociadas a variantes mediante RT-PCR.

### **4 Métodos**

Este informe incluye un reporte de las variantes VOC, VOI, VOC-LUM, además de las variantes y linajes bajo monitoreo y otros linajes de SARS-CoV-2 detectados en Chile desde el 22 de diciembre de 2020, fecha del primer caso asociado a variantes, considerando el monitoreo realizado en el AAMB y en otros puntos de entrada terrestre y marítimo al país, denominada vigilancia de viajeros y la vigilancia de la circulación nacional a través de laboratorios, hospitales centinela, otros establecimientos públicos y privados, casos de relevancia epidemiológica y clínica, denominada vigilancia comunitaria.

Los datos se presentan según fecha de toma de muestra, y consideran información provisoria en proceso de validación, por lo cual está sujeta a cambios en la medida que se realizan actualizaciones.

Los casos se presentan por tipo de método de detección y región de residencia, que corresponde a su domicilio o la región declarada al ingreso al país. El proceso de selección de estos casos responde a criterios epidemiológicos. Se incluyen para el análisis los resultados de las muestras de casos de SARS-CoV-2 secuenciadas por sobre la determinación de mutaciones mediante RT-PCR en una misma persona. Los casos indeterminados a través de MAV se incluyen en el total de esta categoría y son enviados a secuenciar.

Se agrupan otros linajes de baja frecuencia y otras variantes no especificadas en otros linajes; se agrupan en Indeterminados los resultados obtenidos mediante PCR para la determinación de mutaciones correspondientes a Indeterminados y cuando no se detectan mutaciones asociadas a este kit.

El detalle de aspectos por variante y linaje se encuentra incluido en los Anexos.

## 4.1 Fuentes de Información

- Informes de secuenciación genómica para SARS-CoV-2, Instituto de Salud Pública, al 17 de mayo de 2022 .
- Informes de secuenciación genómica para SARS-CoV-2, Universidad de Magallanes, al 14 de marzo de 2022 .
- Informes de secuenciación genómica para SARS-CoV-2, Universidad Andrés Bello, al 15 de noviembre de 2021 .
- Informes de secuenciación genómica para SARS-CoV-2, Universidad de Antofagasta, al 16 de febrero de 2022 .
- Informes de secuenciación genómica para SARS-CoV-2, Universidad de Santiago, al 23 de marzo de 2022 .
- Informes de secuenciación genómica para SARS-CoV-2, Universidad Austral de Chile, al 27 de diciembre de 2021 .
- Informes de secuenciación genómica para SARS-CoV-2, Universidad de la Frontera, al 22 de diciembre de 2021 .
- Informes de secuenciación genómica para SARS-CoV-2, Universidad Católica de Chile, del 4 de enero de 2022 .
- Informes de secuenciación genómica para SARS-CoV-2, Universidad de Valparaíso, del 01 de abril de 2022 .
- Registro de detección de mutaciones asociadas a variantes a través de RT-PCR del Ministerio de Salud (MINSAL), implementada en laboratorios de hospitales públicos y otros centros privados de Chile, al 17 de mayo de 2022 .
- Informes de la pesquisa de mutaciones asociados a variantes de SARS-CoV-2 mediante RT-qPCR, Red de Salud UC Christus, al 31 de julio de 2021 . Posteriormente se incluyen, los resultados en el registro de detección de mutaciones asociadas a variantes.
- Sistema de vigilancia epidemiológica EPIVIGILA, Departamento de Epidemiología, MINSAL, al 17 de mayo de 2022 .
- Registro de defunciones del Departamento de Estadísticas e Información en Salud (DEIS), MINSAL, al 17 de mayo de 2022 .
- Base de datos de la unidad de gestión de camas críticas (UGCC), División de Gestión de Redes Asistenciales (DIGERA), MINSAL.
- Registro de Declaración Jurada para viajeros para prevenir enfermedades por coronavirus (COVID-19), MINSAL.

## 5 Situación Epidemiológica Acumulada

En Chile, entre el 22 de diciembre de 2020 y el 17 de mayo de 2022, se han analizados 85.104 muestras de casos de SARS-CoV-2 confirmados, 23.914 fueron secuenciados (28,1%) y 61.190 (71,9%) genotipificadas mediante RT-PCR para detección de MAV. (Tabla 1).

Tabla 1: Variantes y linajes principales de casos de SARS-CoV-2 según método de detección. Chile, 22 diciembre de 2020 - 17 de mayo de 2022.

Categoría	Variantes	SG	MAV	Total	(%)	Sub Total	(%)
Variantes de preocupación para la salud pública (VOC)	Alfa <sup>o</sup>	293	321	614	0,7	72.250	84,9
	Beta <sup>o</sup>	4	126	130	0,2		
	Gamma <sup>o</sup>	4.408	2.620	7.028	8,3		
	Delta	7.851	32.783	40.634	47,7		
	Ómicron	7.736	16.108	23.844	28,0		
Linajes VOC bajo monitoreo (VOC-LUM)	BA.4	2	-	2	0,0	54	0,1
	BA.2.12.1	52	-	52	0,1		
Variantes de interés para la salud pública (VOI)	Lambda <sup>o</sup>	1.717	25	1.742	2,0	4.322	5,1
	Mu <sup>o</sup>	849	1.731	2.580	3,0		
Linajes y otras variantes	Otros linajes*	1.002	34	1.036	1,2	1.036	1,2
	Indeterminados	-	7.442	7.442	8,7	7.442	8,7
<b>Total</b>		<b>23.914</b>	<b>61.190</b>	<b>85.104</b>	<b>100</b>	<b>85.104</b>	<b>100</b>

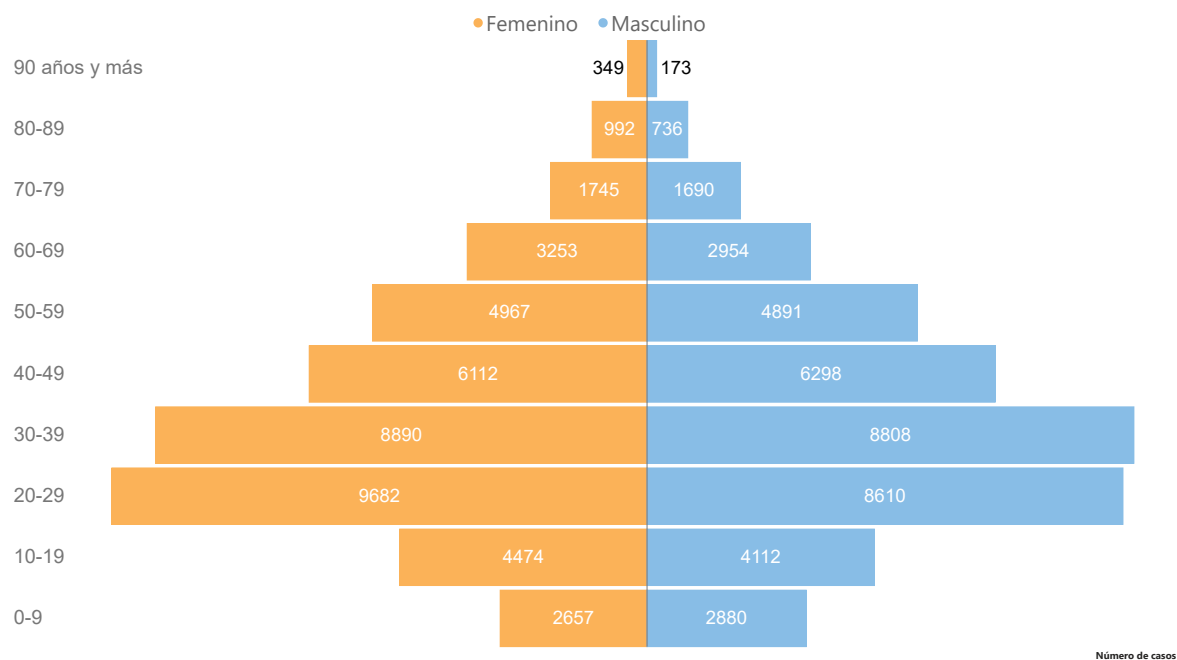
(<sup>o</sup>) Clasificadas como variantes circulantes anteriormente, según la OMS.

(\*) Corresponde a otros linajes de baja frecuencia y otras variantes no especificadas.

Datos provisorios al 17 de mayo de 2022, en proceso de validación. Elaborado por: Departamento de Epidemiología, Ministerio de Salud.

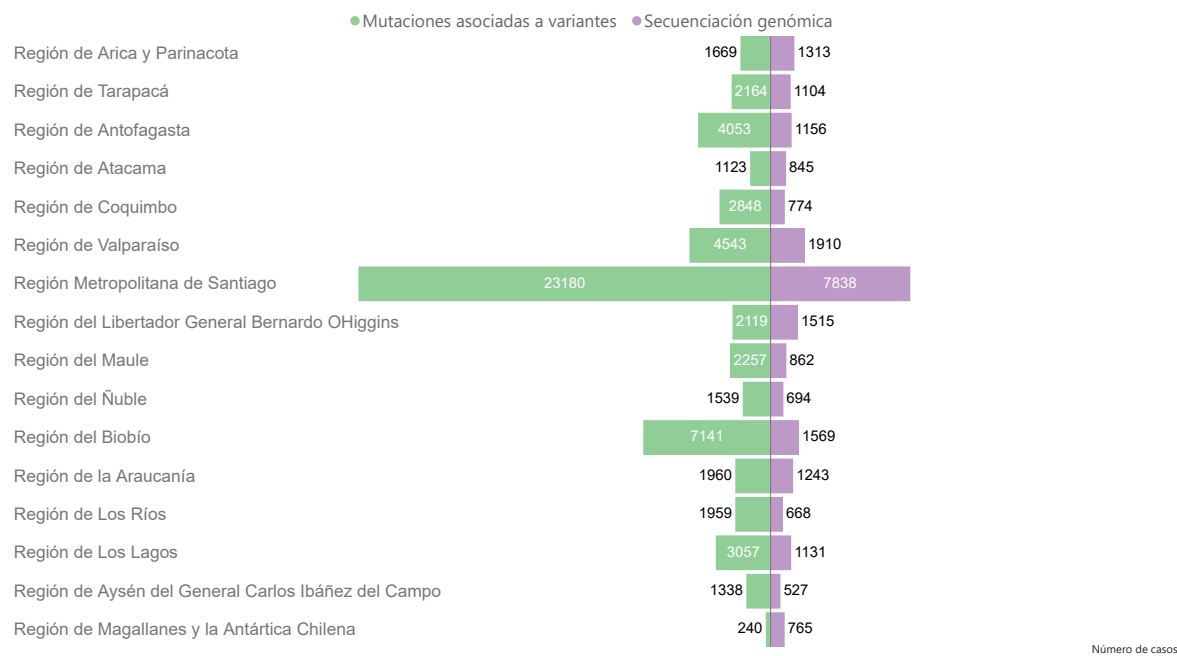


Figura 1: Casos de SARS-CoV-2 secuenciados y genotipificados, según sexo y edad. Chile, 22 de diciembre 2020 - 17 de mayo de 2022 .



Datos provisorios al 17 de mayo de 2022 , en proceso de validación. Elaborado por: Departamento de Epidemiología, Ministerio de Salud.

Figura 2: Casos de SARS-CoV-2 según método de detección y región de residencia. Chile, 22 diciembre 2020 - 17 de mayo de 2022 .



Datos provisorios al 17 de mayo de 2022 , en proceso de validación. Elaborado por: Departamento de Epidemiología, Ministerio de Salud.

## 5.1 Características Clínicas de los Casos

Tabla 2: Casos de SARS-CoV-2 de variantes y linajes secuenciados y genotipificados, según antecedentes clínicos. Chile, desde el 22 de diciembre 2020 al 17 de mayo de 2022 .

	Total	Sintomático		Hospitalización		Ingreso UCI/UTI		Fallecidos/letalidad		Embarazo		Comorbilidad*	
		n	%	n	%	n	%	n	%	n	%	n	%
<b>VOC</b>													
Alfa°	614	333	54,2	47	7,7	13	2,1	9	1,5	6	1,0	60	9,8
Beta°	130	86	66,2	0	0,0	0	0,0	0	0,0	2	1,5	21	16,2
Gamma°	7.028	4.862	69,2	930	13,2	306	4,4	355	5,1	64	0,9	1.733	24,7
Delta	40.634	28.775	70,8	2.379	5,9	883	2,2	674	1,7	413	1,0	7.227	17,8
Ómicron	23.844	13.011	54,6	505	2,1	71	0,3	135	0,6	311	1,3	2.961	12,4
<b>VOC-LUM</b>													
BA.4	2	2	100,0	0	0,0	0	0,0	0	0,0	0	0,0	0	0,0
BA.2.12.1	52	25	48,1	0	0,0	0	0,0	0	0,0	0	0,0	3	5,8
<b>VOI</b>													
Lambda°	1.742	1.305	74,9	232	13,3	92	5,3	79	4,5	11	0,6	312	17,9
Mu°	2.580	1.578	61,2	188	7,3	62	2,4	52	2,0	27	1,0	549	21,3
<b>Otros linajes</b>													
Otros linajes	1.036	520	50,2	128	12,4	62	6,0	33	3,2	4	0,4	62	6,0

(°) Clasificadas como variantes circulantes anteriormente, según la OMS.

(\*) Considera al menos la presencia de alguna enfermedad o condición preexistente según registro Epivigila.

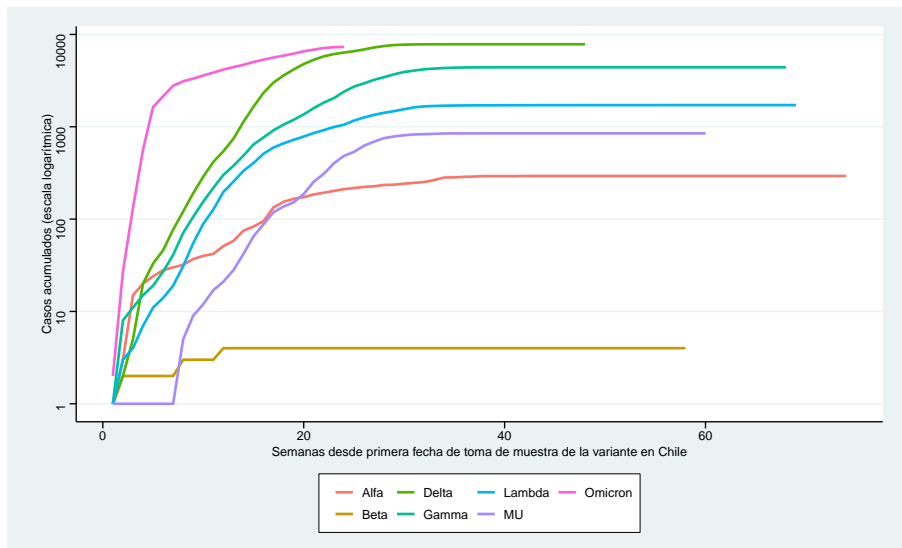
UTI= Unidad de tratamientos intermedios. UCI= Unidad de cuidados intensivos, intermedios.

Datos provisorios al 17 de mayo de 2022 , en proceso de validación. Elaborado por: Departamento de Epidemiología, Ministerio de Salud.

## 5.2 Distribución Temporal

La presentación de los casos acumulados secuenciados de las principales VOC y VOI que circularon o circulan en el país (Figura 3) muestra el avance y velocidad de propagación diaria desde la pesquisa del primer caso para cada una de ellas.

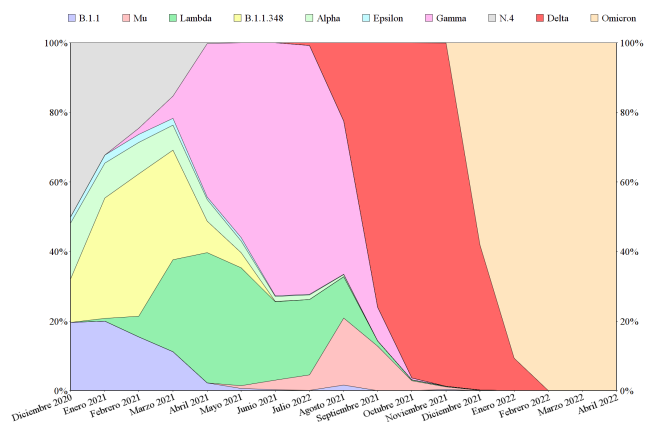
Figura 3: Casos acumulados de variantes de SARS-CoV-2 secuenciados desde la primera semana de detección del caso. Chile, 22 de diciembre 2020 - 17 de mayo de 2022 .



Datos provisionarios al 17 de mayo de 2022 , en proceso de validación. Elaborado por: Departamento de Epidemiología, Ministerio de Salud.

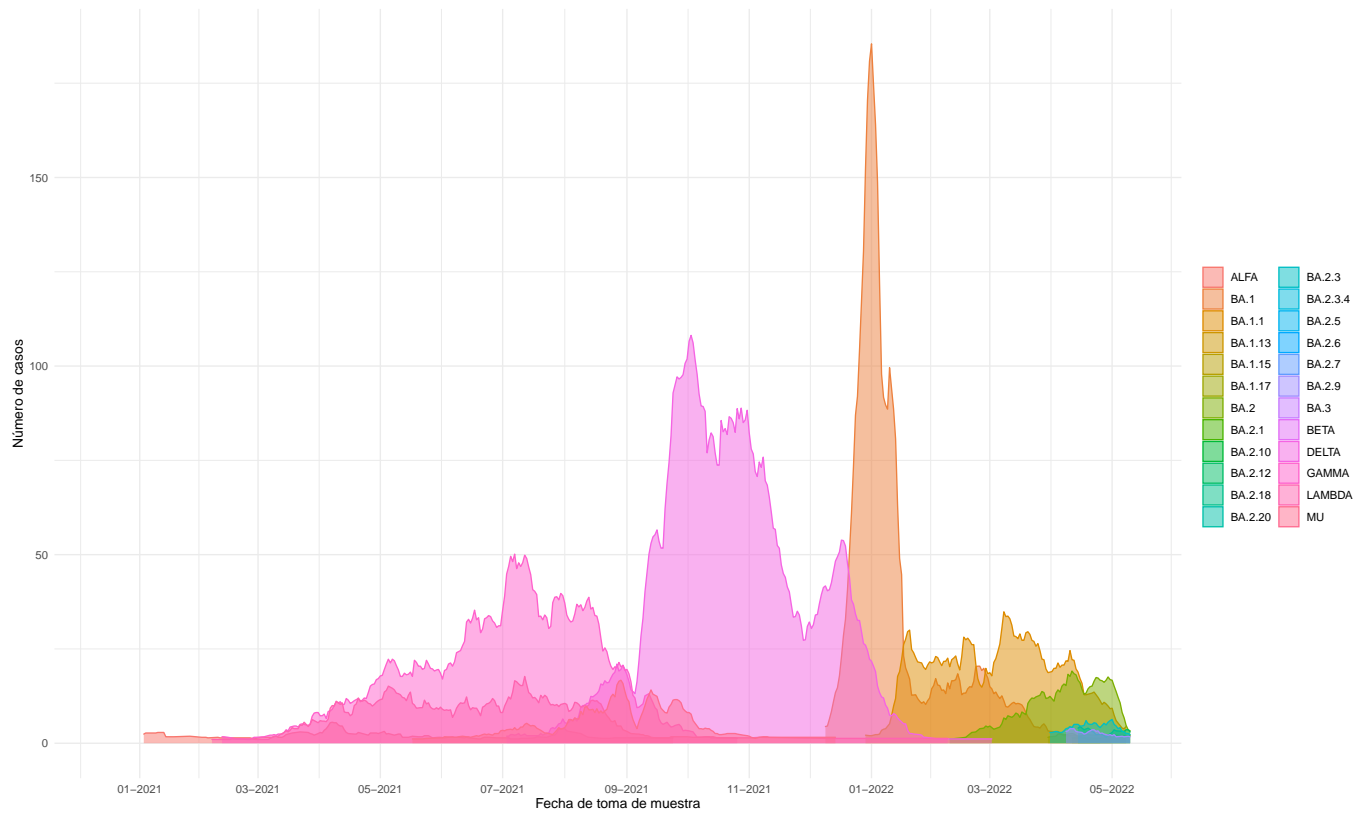
Según la información publicada en GISAID y de ISP, Chile dispone de 26.161 genomas completos al 19 de mayo 2022. Esta figura en el mes de mayo contempla genomas completos depositados en GISAID y genomas completos enviados a la plataforma. En Latinoamérica, Chile es uno de los países que más genomas completos ha compartido (0,79% de los casos positivos de COVID-19), mostrando la evolución de los linajes disponibles en GISAID.

Figura 4: Evolución de los linajes predominantes de SARS-CoV-2 en Chile, diciembre 2020 - 19 de mayo 2022



Fuente: Instituto de Salud Pública de Chile.

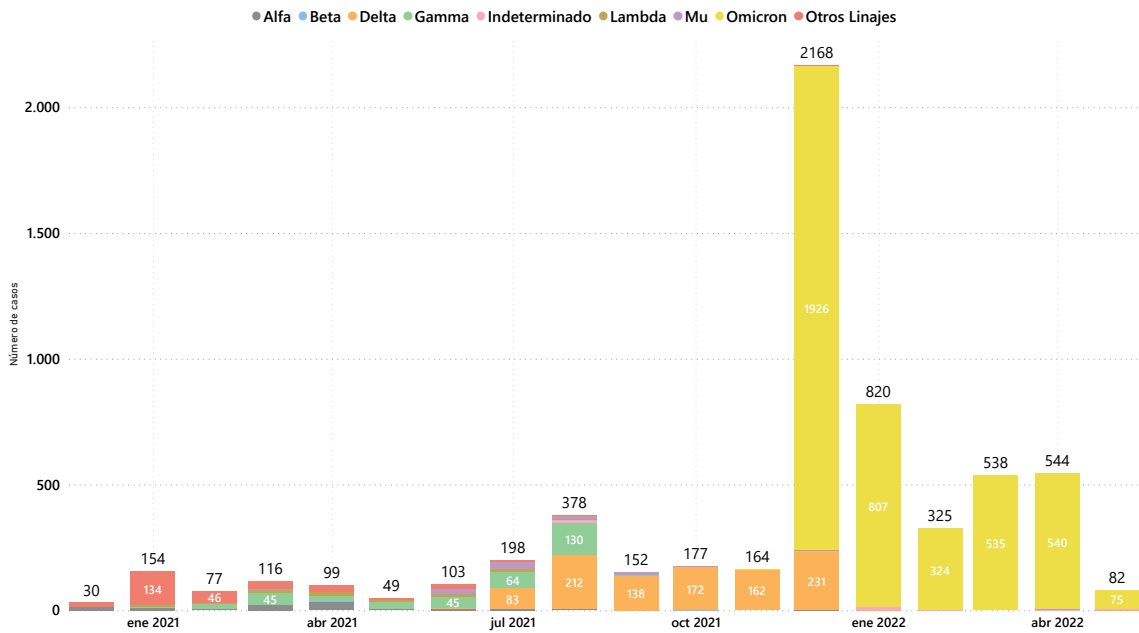
Figura 5: Distribución de VOC, VOI y linajes de Ómicron de SARS-CoV-2 secuenciados. Chile, 22 de diciembre 2020 - 17 de mayo de 2022



Datos provisorios al 17 de mayo de 2022 en proceso de validación. Elaborado por: Departamento de Epidemiología, Ministerio de Salud.

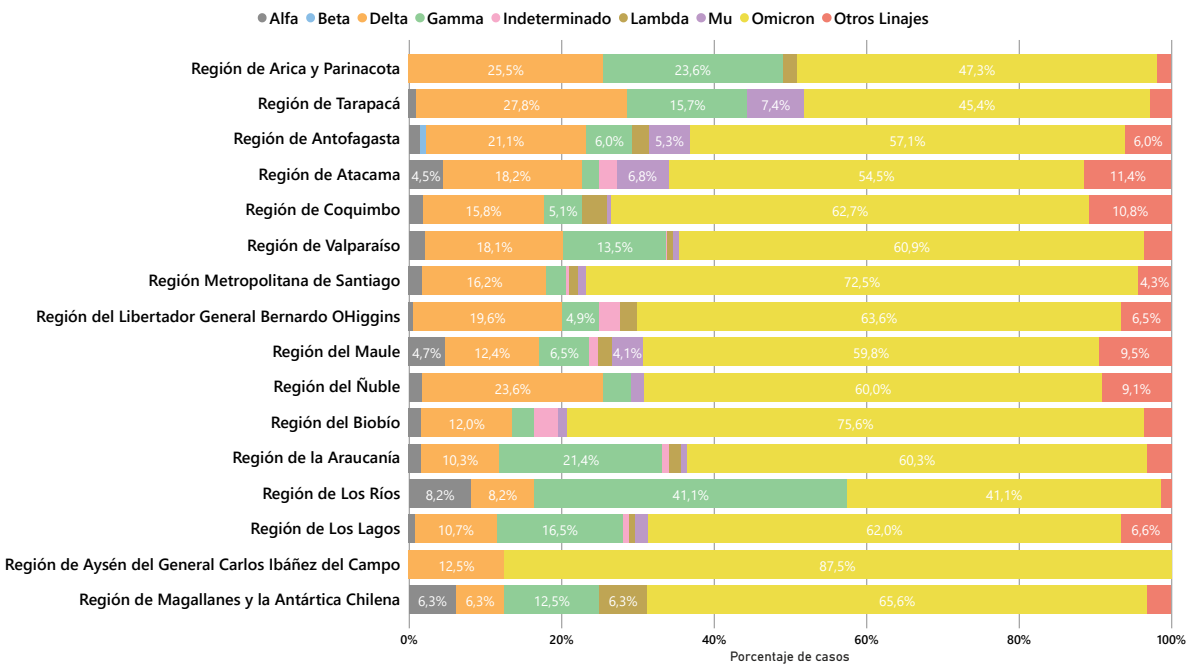
### 5.3 Distribución de Variantes en Viajeros

Figura 6: Variantes y linajes de casos de SARS-CoV-2 en viajeros secuenciados y genotipificados por mes de toma de muestra. Chile, 22 de diciembre 2020 - 17 de mayo de 2022



Datos provisorios al 17 de mayo de 2022 en proceso de validación. Elaborado por: Departamento de Epidemiología, Ministerio de Salud. Nota: viajeros, incluye relacionados a viajeros.

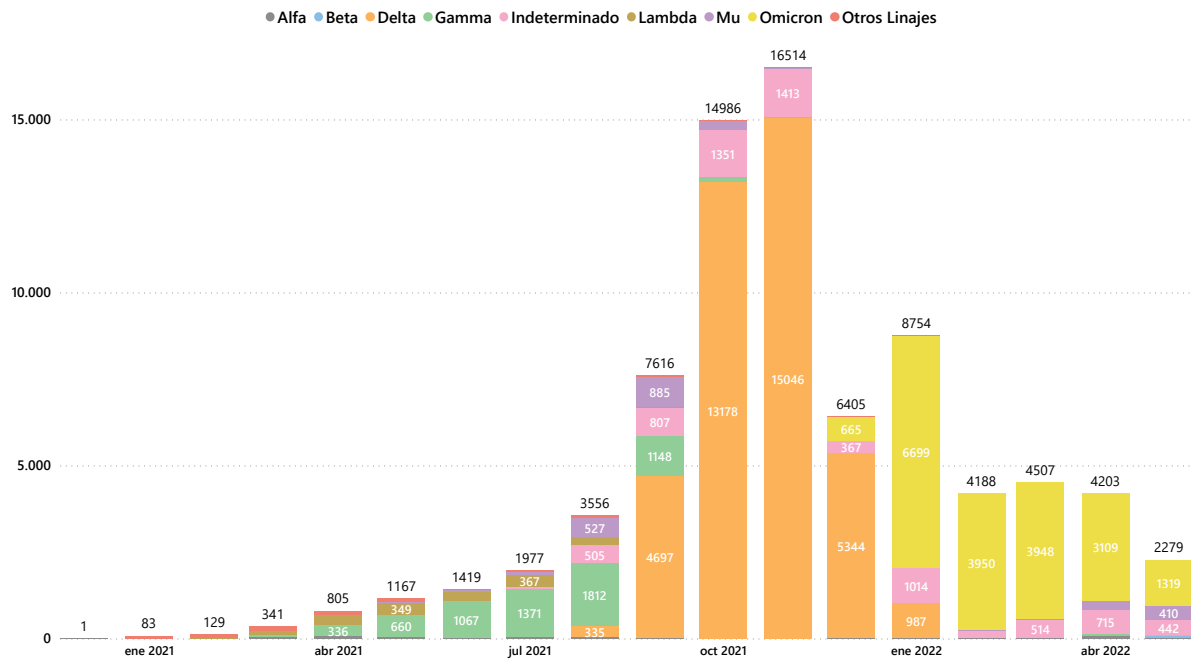
Figura 7: Variantes y linajes de casos de SARS-CoV-2 en viajeros secuenciados y genotipificados, según región de residencia. Chile 22 de diciembre 2020 - 17 de mayo de 2022.



Datos provisorios al 17 de mayo de 2022 en proceso de validación. Elaborado por: Departamento de Epidemiología, Ministerio de Salud. Nota: viajeros, incluye relacionados a viajeros.

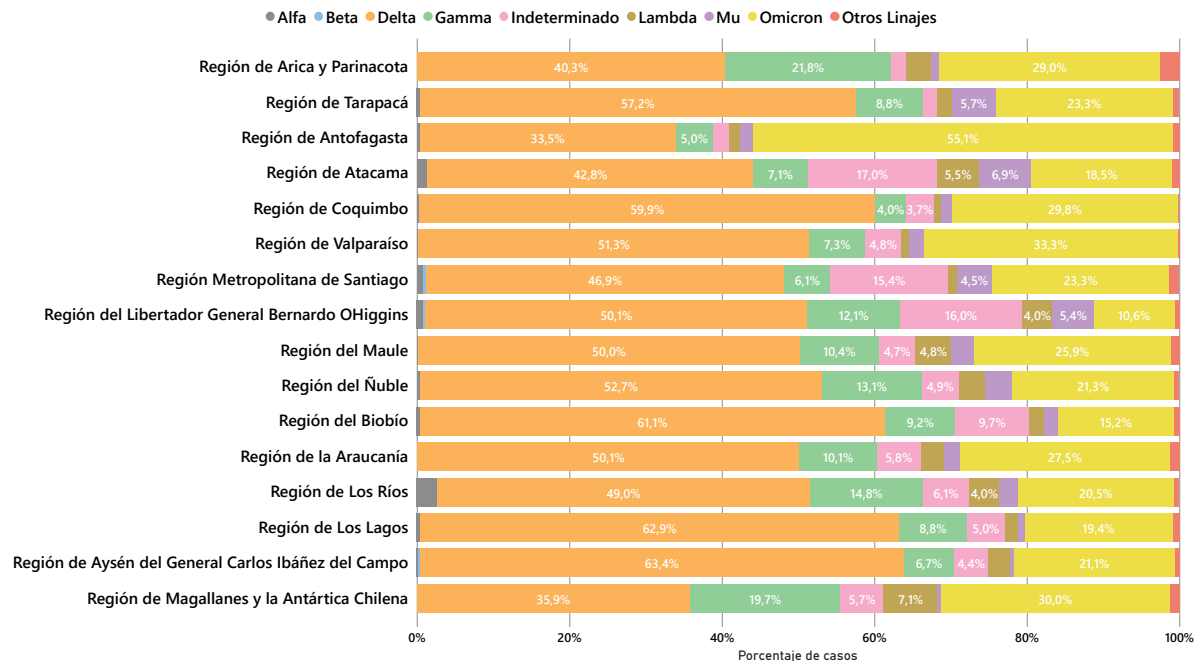
## 5.4 Distribución de Variantes en Comunitarios

Figura 8: Variantes y linajes de casos de SARS-CoV-2 comunitarios secuenciados y genotipificados por mes de toma de muestra. Chile, 22 diciembre 2020 - 17 de mayo de 2022 .



Datos provisorios al 17 de mayo de 2022 en proceso de validación. Elaborado por: Departamento de Epidemiología, Ministerio de Salud.

Figura 9: Variantes y linajes en los casos de SARS-CoV-2 comunitarios secuenciados y genotipificados, según región de residencia. Chile 22 de diciembre 2020 - 17 de mayo de 2022 .



Datos provisorios al 17 de mayo de 2022 en proceso de validación. Elaborado por: Departamento de Epidemiología, Ministerio de Salud.

## 5.5 Situación de las Últimas 10 semanas Epidemiológicas (SE 10 a la 19 de 2022 )

Entre la SE 10 a la 19 de 2022, se analizaron 2.603 muestras de casos de SARS-CoV-2 mediante secuenciación genómica completa, la totalidad corresponde a variante Ómicron. Mediante PCR de MAV, se analizaron 8.781 muestras de casos de SARS-CoV-2, siendo la variante probable Ómicron la más frecuente con 6.235 casos. Se reportaron las variantes probable Alfa (103 casos), Beta (125 casos), Gamma (7 casos), Delta (24 casos) y Mu (677 casos), en espera de confirmación mediante secuenciación genómica completa, dado que en el escenario epidemiológico actual las muestras secuenciadas a nivel nacional corresponden en su totalidad a Ómicron.

Tabla 3: Variantes y linajes principales de casos de SARS-CoV-2 según método de detección. Chile, SE 10 a la 19 de 2022 .

Categoría	Variantes	SG	MAV	Total	(%)	Sub Total	(%)
<b>Variantes de preocupación para la salud pública (VOC)</b>	Alfa <sup>o</sup>	0	103	103	0,9	9.043	79,4
	Beta <sup>o</sup>	0	125	125	1,1		
	Gamma <sup>o</sup>	0	7	7	0,1		
	Delta	0	24	24	0,2		
	Ómicron	2.549	6.235	8.784	77,2		
<b>Linajes VOC bajo monitoreo (VOC-LUM)</b>	BA.4	2	-	2	0,0	54	0,5
	BA.2.12.1	52	-	52	0,5		
<b>Variantes de interés para la salud pública (VOI)</b>	Lambda <sup>o</sup>	0	0	0	0,0	677	5,9
	Mu <sup>o</sup>	0	677	677	5,9		
<b>Linajes y otras variantes</b>	Otros linajes*	0	0	0	0,0	0	0,0
	Indeterminados	-	1.610	1.610	14,1	1.610	14,1
<b>Total</b>		<b>2.603</b>	<b>8.781</b>	<b>11.384</b>	<b>100</b>	<b>11.384</b>	<b>100</b>

(<sup>o</sup>) Clasificadas como variantes circulantes anteriormente según la OMS (16 de marzo de 2022)

(\*) Corresponde a otros linajes de baja frecuencia y otras variantes no especificadas. SG= Secuenciación Genómica. MAV= Mutación asociadas a variante de interés mediante RT-PCR.

Datos provisorios al 17 de mayo de 2022 en proceso de validación. Elaborado por: Departamento de Epidemiología, Ministerio de Salud.

## 5.6 Variante Ómicron

El linaje B.1.1.529 se notificó por primera vez a la OMS el 24 de noviembre de 2021 desde Sudáfrica y la primera infección confirmada conocida por esta variante fue de una muestra recolectada el 9 de noviembre de 2021. Fue clasificada el 26 de noviembre de 2021 como una VOC, asignándole la letra del alfabeto griego "Ómicron".

En Chile, se reportó el primer ingreso de esta variante a través del Aeropuerto AMB el día 25 de noviembre de 2021, siendo secuenciada por el ISP a través de la vigilancia de viajeros el día 03 de diciembre de 2021.

A la fecha se han reportado 7.736 casos secuenciados y 16.108 casos probables a través de RT-PCR para MAV (Tabla 1). En cuanto al tipo de caso, 3.799 casos corresponden a viajeros o a casos relacionados con viajeros secuenciados y 3.937 a casos comunitarios secuenciados.

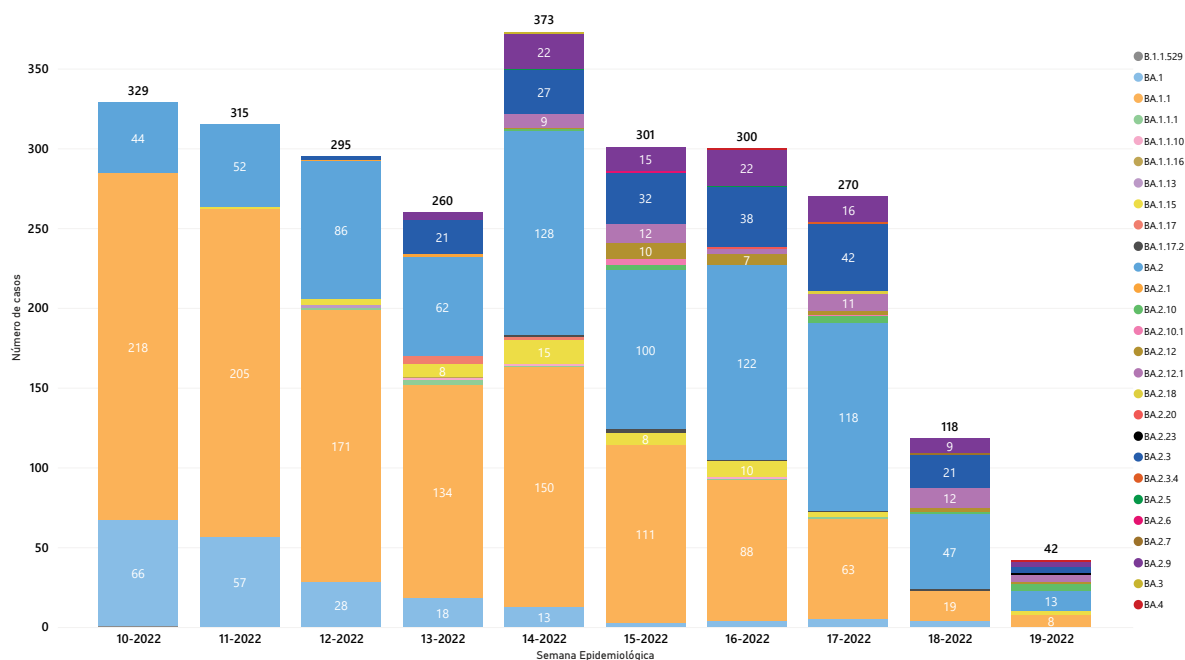
De la totalidad de casos analizados el 54,4% (n=13.011) de los casos presentaron síntomas al momento de la notificación en Epivigila. Se registraron 505 casos hospitalizados (2,1%), 71 ingresos a UCI (0,3%) y se registran 135 fallecidos (0,6%) (Tabla 2).

A través de secuenciación genómica completa se ha identificado la circulación nacional de veintisiete linajes y sublinajes Ómicron. En las últimas 10 SE, se detectaron veintisiete linajes, el más frecuente es BA.1.1 (n=1.167), seguido de BA.2 (n=772), BA.1 (n=198) y BA.2.3 (n=187).

Se identificaron dos casos de BA.4 y 52 casos de BA.2.12.1, recientemente clasificados como linajes VOC bajo seguimiento (VOC-LUM) por la OMS. Los casos BA.4 corresponden a tipo comunitario en residentes de las regiones Metropolitana y del Biobío. Respecto a los casos de BA.2.12.1, son principalmente viajeros (n=41) y el resto comunitarios con residencia en las regiones de Antofagasta, Valparaíso, Metropolitana, O'Higgins, Maule, Ñuble, Biobío y Araucanía.



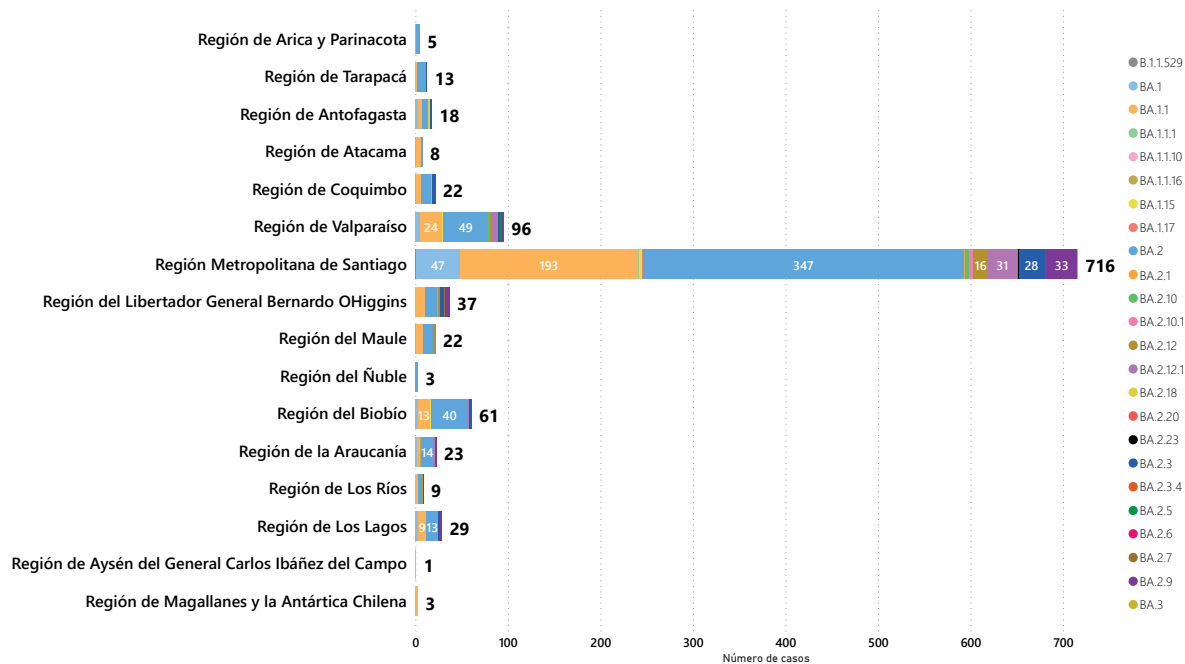
Figura 10: Casos de SARS-Cov-2 de variante Ómicron, según fecha de toma de muestra y linaje. Chile, noviembre de 2021 al 17 de mayo de 2022 .



Datos provisionarios al 17 de mayo de 2022 , en proceso de validación. Elaborado por: Departamento de Epidemiología, Ministerio de Salud.

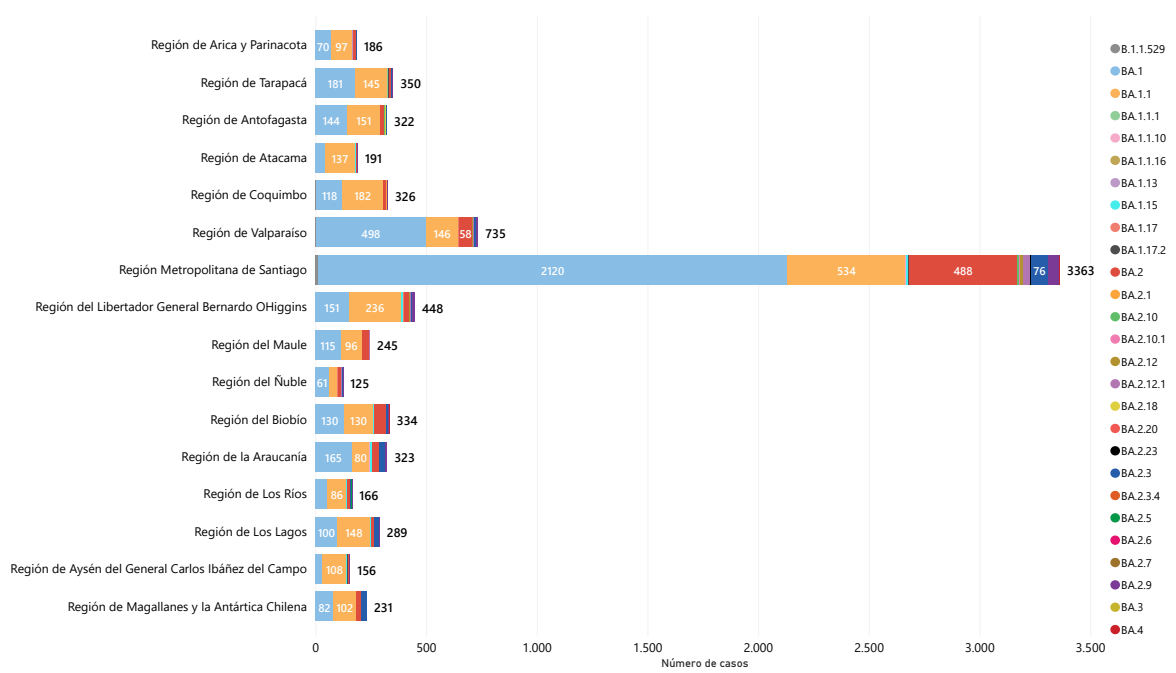
La distribución regional entre la SE 10 a la 19 de 2022 se encuentra en los Anexos. Figura 19.

Figura 11: Casos de SARS-CoV-2 de variante Ómicron en viajeros secuenciados de variantes y linajes en seguimiento de SARS-CoV-2 según región de residencia. Chile, SE 10 a la 19 de 2022 .



Datos provisionarios al 17 de mayo de 2022 en proceso de validación. Elaborado por: Departamento de Epidemiología, Ministerio de Salud.

Figura 12: Casos de SARS-CoV-2 de variante Ómicron comunitarios secuenciados de variantes y linajes en seguimiento, según región de residencia. Chile, SE 10 a la 19 de 2022 .



Datos provisorios al 17 de mayo de 2022 en proceso de validación. Elaborado por: Departamento de epidemiología, Ministerio de Salud.

## 6 Descripción Epidemiológica según Métodos de Detección de Variantes

### 6.1 Casos de SARS-CoV-2 de Variante Confirmada

Tabla 4: Resumen de variantes y linajes principales obtenidos mediante secuenciación genómica de casos de SARS-CoV-2, según laboratorios de análisis de muestras. Chile, 22 diciembre de 2021 - 17 de mayo de 2022.

Categoría	Variantes (Linaje PANGO)											Sub Total		
		ISP	UMAG	UV	UACH	UNAB	UFRO	USACH	UA	UC	Total	(%)	Total	(%)
Variantes de preocupación para la salud pública (VOC)	Alfa <sup>o</sup>	273	0	0	4	16	0	0	0	0	293	1,0	20.292	69,8
	Beta <sup>o</sup>	4	0	0	0	0	0	0	0	0	4	0,0		
	Gamma <sup>o</sup>	4006	175	0	55	115	20	32	5	0	4408	15,2		
	Delta	6057	181	278	388	269	393	173	112	0	7851	27,0		
	Ómicron	7293	58	141	0	0	0	144	82	18	7736	26,6		
Linajes VOC bajo monitoreo (VOC-LUM)	BA.4	2	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0,0	54	0,2
	BA.2.12.1	52	0	0	0	0	0	0	0	0	52	0,2		
Variantes de interés para la salud pública (VOI)	Lambda <sup>o</sup>	1611	63	0	30	5	2	6	0	0	1717	5,9	2.566	8,8
	Mu <sup>o</sup>	797	1	0	10	18	9	3	6	5	849	2,9		
Linajes y otras variantes	Otros*	904	9	0	1	74	2	0	11	1	1002	3,4	1.002	3,4
	No amplifica <sup>&amp;</sup>	4716	138	98	23	4	74	44	69	5	5171	17,8	5.171	17,8
<b>Total</b>		<b>25.715</b>	<b>625</b>	<b>517</b>	<b>511</b>	<b>501</b>	<b>500</b>	<b>402</b>	<b>285</b>	<b>29</b>	<b>29.085</b>	<b>100</b>	<b>29.085</b>	<b>100</b>

(<sup>o</sup>) Clasificadas como variantes circulantes anteriormente, según la OMS.

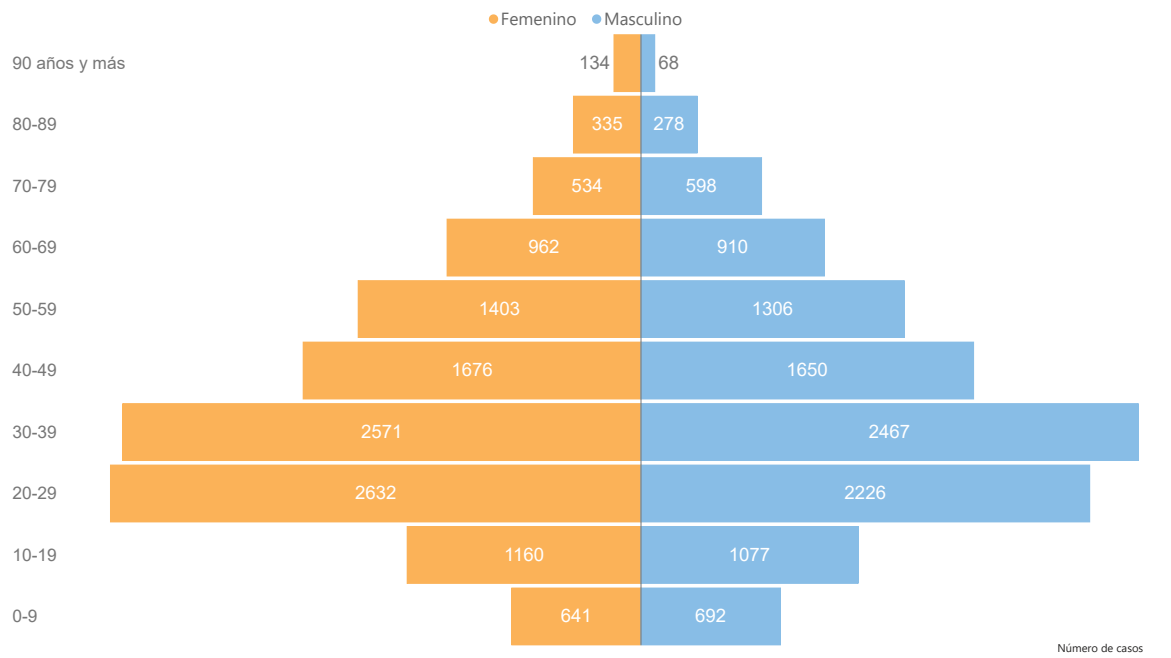
(\*) Corresponde a otros linajes de baja frecuencia y otras variantes no especificadas.

(&) Corresponde a muestras en las que no se obtiene linaje.

ISP= Instituto de Salud Pública. UNAB= Universidad Andrés Bello. UMAG=Universidad de Magallanes. UACH= Universidad Austral de Chile. UFRO= Universidad de la Frontera. USACH= Universidad de Santiago de Chile. UV= Universidad de Valparaíso. UA= Universidad de Antofagasta. UC= Universidad Católica.

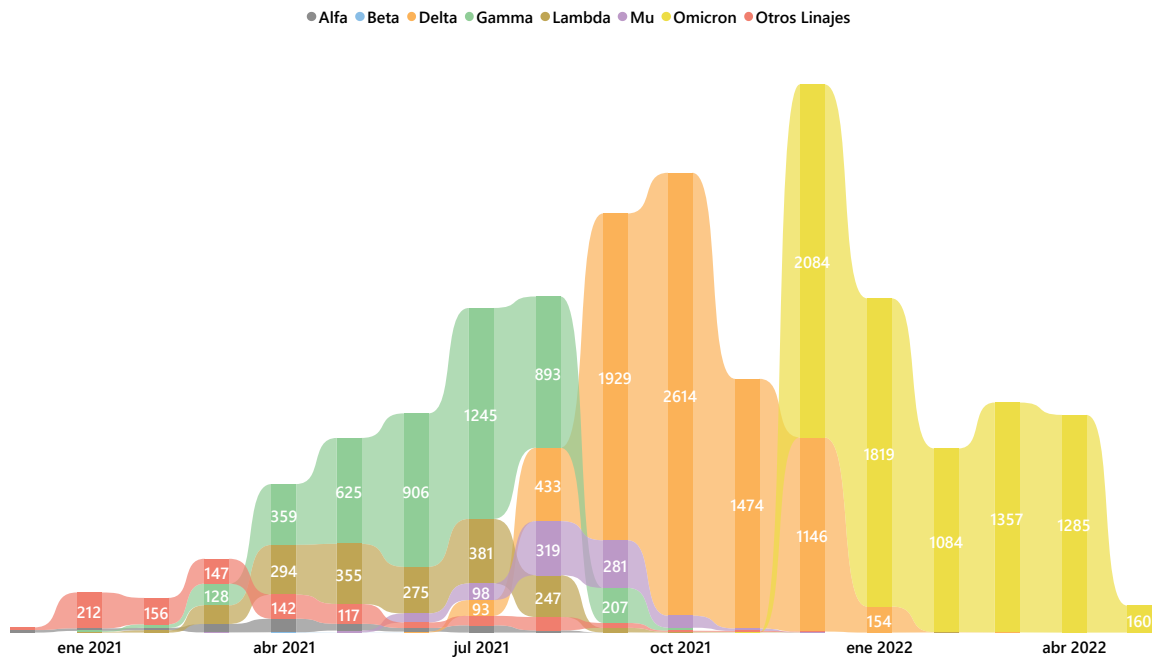
Datos provisorios al 17 de mayo de 2022, en proceso de validación. Elaborado por: Departamento de Epidemiología, Ministerio de Salud.

Figura 13: Casos de SARS-CoV-2 secuenciados según sexo y edad. Chile, 22 de diciembre 2020 - 17 de mayo de 2022 .



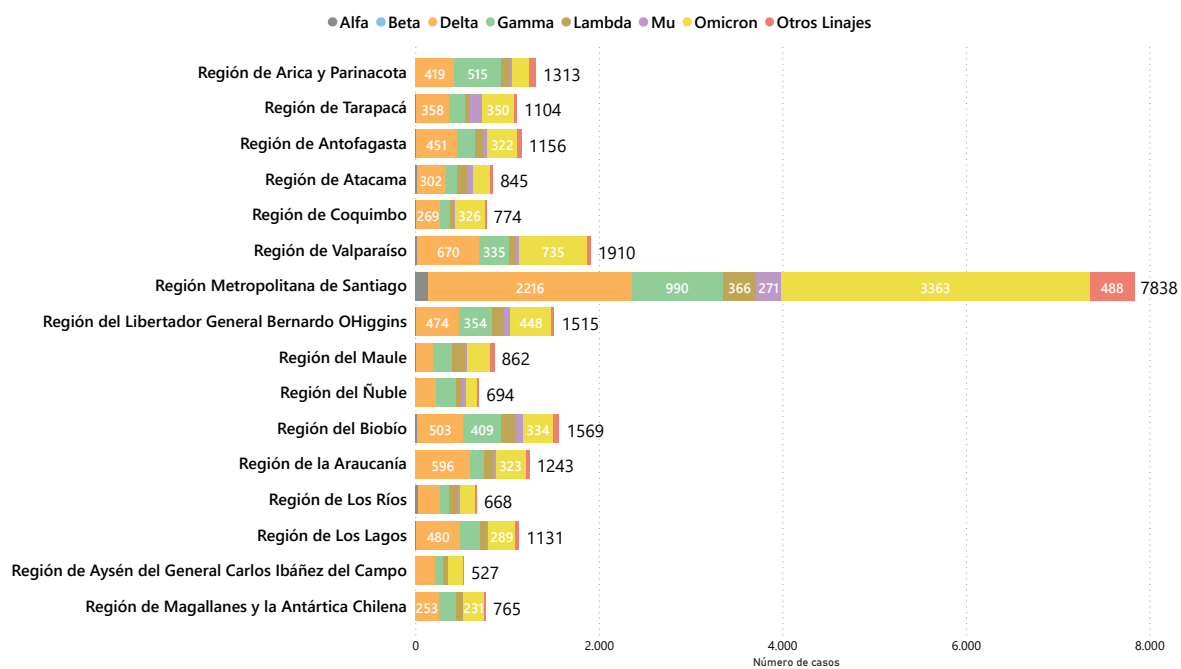
Datos provisorios al 17 de mayo de 2022 , en proceso de validación. Elaborado por: Departamento de Epidemiología, Ministerio de Salud.

Figura 14: VOC, VOI y linajes principales de casos de SARS-CoV-2 secuenciados según mes de toma de muestras. Chile, 22 diciembre 2020 -17 de mayo de 2022 .



Datos provisorios al 17 de mayo de 2022 , en proceso de validación. Elaborado por: Departamento de Epidemiología, Ministerio de Salud.

Figura 15: Casos de SARS-CoV-2 secuenciados según región de residencia. Chile, 22 diciembre 2020 - 17 de mayo de 2022 .



Datos provisionarios al 17 de mayo de 2022 , en proceso de validación. Elaborado por: Departamento de Epidemiología, Ministerio de Salud.

## 6.2 Casos de SARS-CoV-2 de Variante Probable

Tabla 5: Resumen de variantes y linajes principales obtenidos mediante MAV casos de SARS-CoV-2. Chile, 22 de diciembre de 2020 - 17 de mayo de 2022 .

Categoría	Variantes	Total	(%)	Sub Total	(%)
	(Linaje PANGO)				
Variantes de preocupación para la salud pública (VOC)	Alfa <sup>o</sup>	321	0,5	51.958	84,9
	Beta <sup>o</sup>	126	0,2		
	Gamma <sup>o</sup>	2.620	4,3		
	Delta	32.783	53,6		
Variantes de interés para la salud pública (VOI)	Ómicron	16.108	26,3	1.756	2,9
	Lambda <sup>o</sup>	25	0,0		
	Mu <sup>o</sup>	1.731	2,8		
Otros linajes	Otros linajes*	34	0,1	0	0,0
	Indeterminado	7.442	12,2	7.442	12,2
<b>Total</b>		<b>61.190</b>	<b>100</b>	<b>61.190</b>	<b>100</b>

(<sup>o</sup>) Clasificadas como variantes circulantes anteriormente, según la OMS.

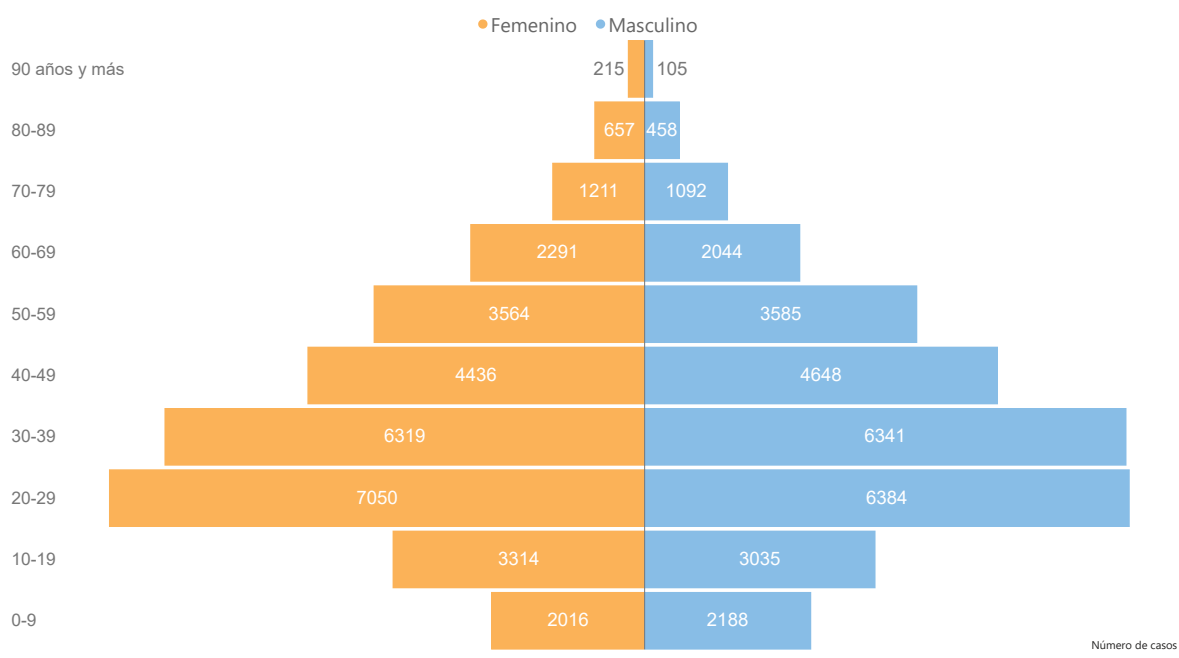
(\*) Corresponde a otros linajes de baja frecuencia y otras variantes no especificadas.

MAV: Mutaciones asociadas a variantes mediante RT-PCR

**\*Red de laboratorios públicos implementados a nivel nacional:** Laboratorio Hospital Dr. Juan Noé Crevani del SS de Arica. Laboratorio Hospital Dr. Ernesto Torres Galdames del SS de Iquique. Laboratorio Clínico Hospital Regional Antofagasta del SS de Antofagasta. Laboratorio Hospital Regional Copiapó. Laboratorio Hospital San Pablo Coquimbo. Laboratorio Hospital San Camilo del SS de Aconcagua. Laboratorio Hospital Gustavo Fricke. Laboratorio Biología Molecular Hospital Carlos Van Buren del SS de Valparaíso. Laboratorio Hospital Dr. Luis Calvo Mackenna del SS de Metropolitano Oriente. Laboratorio Hospital Asistencia Pública. Laboratorio Hospital San Juan de Dios del SS de Metropolitano Occidente. Laboratorio Hospital Metropolitano. Laboratorio Hospital Lucio Córdova del SS de Metropolitano Sur. Laboratorio Complejo Asistencial Dr. Sótero Del Río del SS de Metropolitano Sur Oriente. Laboratorio Hospital Roberto del Río del SS de Metropolitano Norte. Laboratorio Hospital Regional de Rancagua del SS de O'Higgins. Laboratorio Hospital Regional de Talca del SS de Maule. Laboratorio Hospital Herminda Martín del SS de Ñuble. Laboratorio Complejo Asistencial Dr. Víctor Ríos Ruíz del SS de Biobío. Laboratorio Hospital de Curanilahue. Laboratorio Clínico Hospital Guillermo Grant Benavente del SS de Concepción. Laboratorio Hospital de las Higueras - Talcahuano. Laboratorio Hospital Angol Dr. Mauricio Heyermann. Laboratorio Hospital Dr. Hernán Henríquez Aravena del SS de Araucanía Sur. Laboratorio Hospital Valdivia del SS de Valdivia. Laboratorio Hospital Base San José de Osorno del SS de Osorno. Laboratorio Hospital de Puerto Montt del SS de Reloncaví. Laboratorio Hospital de Castro del SS de Chiloé. Laboratorio Hospital de Coyhaique. Laboratorio Hospital de Magallanes del SS de Magallanes. **Red de laboratorios privados a nivel nacional que han reportado resultados a MINSAL:** Laboratorio Bioclinic del Servicio de Salud Iquique. Laboratorio CrystalLab. Laboratorio CancerLab - Universidad Católica del Norte. Laboratorio DESAM - APS Quillota. Laboratorio Etcheverry. Laboratorio Biología Facultad de Medicina - Universidad de Chile. Laboratorio Gamma. Laboratorio Bioscan. Laboratorio Clínica Alemana de Santiago de la Región de Metropolitana (hasta el 21 de octubre 2021). Laboratorio Biosoluciones. Laboratorio de Infectología y Virología Molecular (Red de Salud UC-CHRISTUS). Laboratorio GeneproDx. Laboratorio TAAG Genetics de la Región de Metropolitana. Laboratorio Bioclinic (Santiago). Laboratorio Tested S.P.A. Laboratorio IC+Medical. Laboratorio Prevegen. Laboratorio Universidad de Concepción - Lab. Proteomica Fac Farmacia. Laboratorio INNOVOLAB de la Región de Los Lagos. Laboratorio CIBA Puerto Montt. BIOLAB LTDA. Centro de Investigaciones Biológicas Aplicadas (CIBA) Aysén.

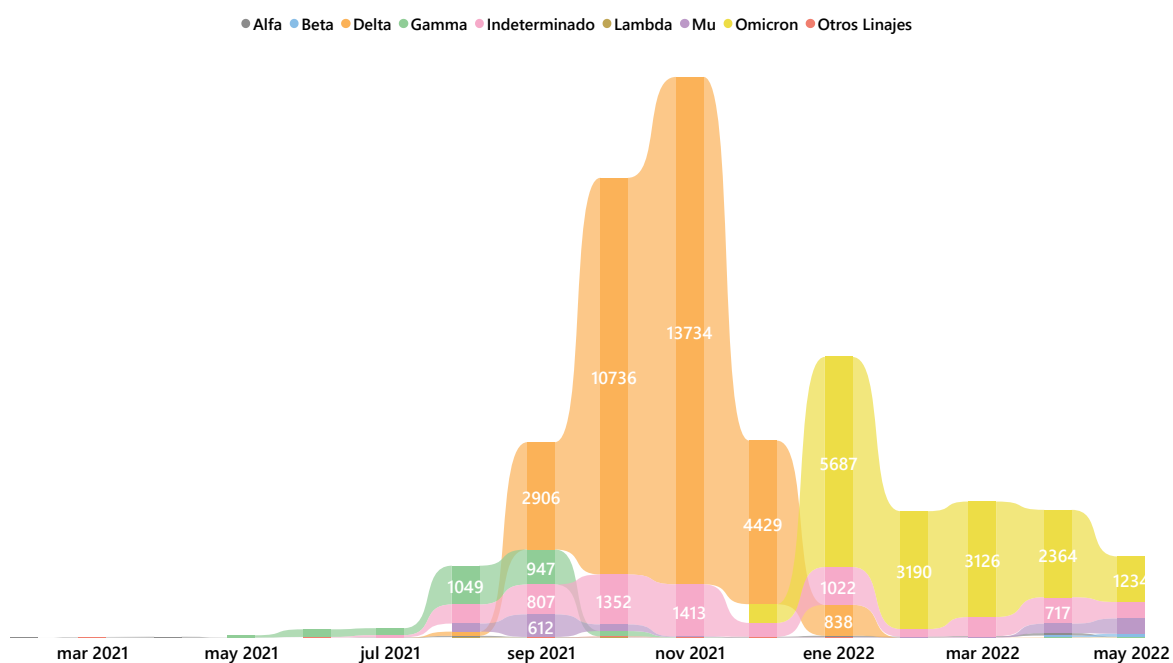
Datos provisorios al 17 de mayo de 2022, en proceso de validación. Elaborado por: Departamento de Epidemiología, Ministerio de Salud.

Figura 16: Casos de SARS-CoV-2 genotipificados según sexo y edad. Chile, 22 de diciembre 2020 - 17 de mayo de 2022 .



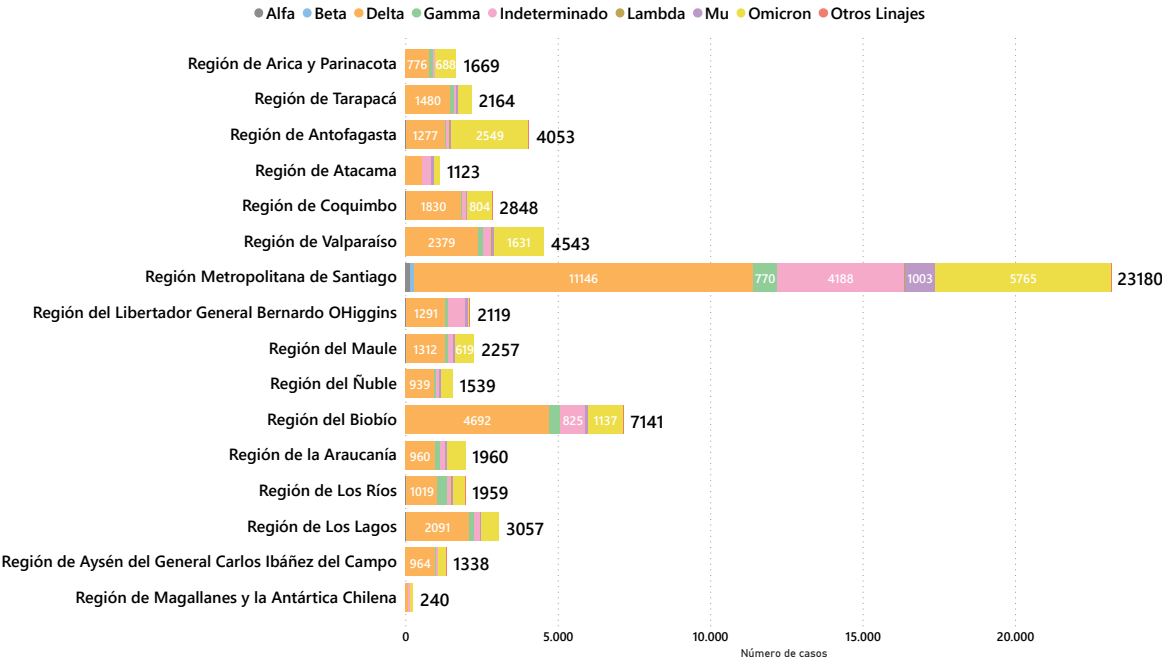
Datos provisionarios al 17 de mayo de 2022 , en proceso de validación. Elaborado por: Departamento de Epidemiología, Ministerio de Salud.

Figura 17: Variantes y linajes principales de casos de SARS-CoV-2 genotipificados según fecha de toma de muestra. Chile, Chile, 22 diciembre 2020 -17 de mayo de 2022 .



Datos provisionarios al 17 de mayo de 2022 , en proceso de validación. Elaborado por: Departamento de Epidemiología, Ministerio de Salud.

Figura 18: Casos de SARS-CoV-2 genotipificados según región de residencia. Chile, 22 diciembre 2020 - 17 de mayo de 2022 .



Datos provisorios al 17 de mayo de 2022 , en proceso de validación. Elaborado por: Departamento de Epidemiología, Ministerio de Salud.



## 7 Conceptos Claves

- **Variante de SARS-CoV-2:** es una versión del virus que contiene mutaciones que lo hace genéticamente distinto a los otros virus. También puede referirse a aquellos virus resultantes que forman un linaje<sup>3</sup>.
- **Secuenciación genómica:** es un proceso que determina la composición genética completa o parcial de un organismo o tipo celular específico<sup>4</sup>.
- **RT-PCR para detección de mutaciones:** es una técnica de PCR específica que es utilizada para detectar variaciones en secuencias de ADN o ARN en un alelo específico.
- **Genotipificación:** es un proceso que se utiliza para determinar diferencias en el complemento genético comparado con una secuencia de ADN de referencia o de otra muestra permitiendo caracterizar o identificar pequeñas variaciones en una secuencia genética como por ejemplo la ausencia o presencia de un gen<sup>5</sup>.
- **Caso de SARS-CoV-2 de variante confirmado:** persona que cumple con la definición de caso confirmado de SARS-CoV-2 contenida en el Capítulo I, número 6 de la Resolución Exenta N°494 del 12 de abril de 2022 que establece el Plan "Seguimos cuidándonos, Paso a Paso" y tiene una muestra secuenciada por el Instituto de Salud Pública o un laboratorio verificado por el ISP.
- **Caso de SARS-CoV-2 de variante probable:** persona que cumple con la definición de caso confirmado para SARS-CoV-2 contenida en el Capítulo I, número 6 de la Resolución Exenta N°494 del 12 de abril de 2022 que establece el Plan "Seguimos cuidándonos, Paso a Paso" y se identifica mutaciones asociadas a variantes de acuerdo a las mutaciones que permite detectar el kit que posee el laboratorio, mediante RT-PCR.
- **Caso de variante de SARS-CoV-2 indeterminado:** persona que cumple con la definición de caso confirmado para SARS-CoV-2 contenida en el Capítulo I, número 6 de la Resolución Exenta N°494

---

<sup>3</sup>Harvey, W.T., Carabelli, A.M., Jackson, B. et al. SARS-CoV-2 variants, spike mutations and immune escape. *Nat Rev Microbiol* 19, 409-424 (2021). <https://doi.org/10.1038/s41579-021-00573-0>

<sup>4</sup>Behjati, Sam, and Patrick S Tarpey. "What is next generation sequencing?" *Archives of disease in childhood. Education and practice edition* vol. 98,6 (2013): 236-8. doi:10.1136/archdischild-2013-304340

<sup>5</sup>Genomic sequencing of SARS-CoV-2: a guide to implementation for maximum impact on public health 8 January 2021| COVID-19: Laboratory and diagnosis. URL: <https://www.who.int/publications/i/item/9789240018440>

del 12 de abril de 2022 que establece el Plan "Seguimos cuidándonos, Paso a Paso" y no se logra determinar mutaciones asociadas variantes de acuerdo a las mutaciones que permite detectar el kit que posee el laboratorio, mediante RT-PCR.

- **Caso de Covid-19 viajero:** caso SARS-CoV-2 de variante confirmado o probable con una declaración jurada para viajeros para prevenir enfermedades por coronavirus (COVID-19) de viaje internacional en los 14 días previos al inicio de síntomas o la fecha de toma de muestra, o que a través de la investigación epidemiológica se determine antecedente de viaje internacional.
- **Caso Covid-19 relacionado con viajero:** caso SARS-CoV-2 de variante confirmado o probable, contacto estrecho de un caso de COVID-19 viajero.
- **Caso Covid-19 comunitario:** caso SARS-CoV-2 de variante confirmado o probable, 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.

## **Agradecimientos**

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 de este análisis, a los equipos de la red de vigilancia epidemiológica nacional, a la red de laboratorios de hospitales públicos y centros privados, por la contribución de información de la pesquisa de MAV mediante RT-PCR, a las Universidades de Magallanes, Andrés Bello, Austral, Católica, Antofagasta, de la Frontera, de Valparaíso y de Santiago, por el envío de los reportes de vigilancia genómica y al Instituto de Salud Pública.

## 8 Referencias

1. Instituto de Salud Pública de Chile. ORD C/Nº 02011 23 de octubre de 2020: Recomendaciones recolección y envío muestras estudio genético SARS-CoV-2. Disponible en línea <https://www.ispch.cl>
2. Organización Panamericana de la Salud / Organización Mundial de la Salud. Ocurrencia de variantes SARS-CoV-2 en las Américas. 20 de enero de 2021, Washington, D.C. OPS/OMS. 2021. Disponible en línea <https://www.paho.org/es/documentos/actualizacion-epidemiologica-ocurrencia-variantes-sars-cov-2-americas-20-enero-2021>
3. Organización Panamericana de la Salud / Organización Mundial de la Salud. Ocurrencia de variantes SARS-CoV-2 en las Américas. 26 de enero de 2021, Washington, D.C. OPS/OMS. 2021. Disponible en línea <https://www.paho.org/es/documentos/actualizacion-epidemiologica-ocurrencia-variantes-sars-cov-2-americas-26-enero-2021>
4. Centers for Disease Control and Prevention. Emerging SARS-CoV-2 Variants. CDC, 28 de enero de 2021. Disponible en línea <https://www.cdc.gov/coronavirus/2019-ncov/more/science-and-research/scientific-brief-emerging-variants.html>
5. Centers for Disease Control and Prevention. SARS-CoV-2 Variant Classifications and Definitions. Última actualización: 24 de marzo de 2021. Disponible en línea <https://www.cdc.gov/coronavirus/2019-ncov/cases-updates/variant-surveillance/variant-info.html>.
6. Centers for Disease Control and Prevention. About Variants of the Virus that Causes COVID-19. Última actualización: 2 de abril de 2021. Disponible en línea <https://www.cdc.gov/coronavirus/2019-ncov/transmission/variant.html>.
7. Organización Mundial de la Salud. Actualización epidemiológica semanal sobre COVID-19-4 de mayo de 2021. Disponible en línea <https://www.who.int/publications/m/item/weekly-epidemiological-update-on-covid-19-4-may-2021>

8. Nuevo linaje en expansión en Perú y Chile, con una delección convergente en el gen ORF1a ( 3675-3677) y una nueva delección en el gen Spike ( 246-252, G75V, T76I, L452Q, F490S, T859N). Pedro E. Romero, Alejandra Dávila-Barclay, Luis Gonzáles, Guillermo Salvatierra, et all. Disponible en <https://virological.org/t/novel-sublineage-within-b-1-1-1-currently-expanding-in-peru-and-chile-with-a-convergent-deletion-in-the-orf1a-gene-3675-3677-and-a-novel-deletion-in-the-spike-gene-246-252-g75v-t76i-l452q-f490s-t859n/685>.
9. Instituto de Salud Pública: Formulario de registro para envío de muestras para secuenciamiento. Disponible en línea <http://formularios.ispch.cl/Generales/Ingresar.aspx?>
10. Instituto de Salud Pública de Chile. Resumen Ejecutivo de Variantes. Informes de abril-septiembre 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 18 de mayo de 2022 . 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- 26 de octubre de 2021. Disponible en línea <https://www.who.int/publications/m/item/weekly-epidemiological-update-on-covid-19-1-june-2021>.
15. Ministerio de Salud de Chile. Testeo en todos los viajeros que ingresen al país. Ord. B51 N°/2254 del

25 de junio 2021. Disponible en línea [http://epi.minsal.cl/wp-content/uploads/2021/07/ORD\\_2254\\_TESTEO\\_EN\\_TODOS\\_LOS\\_VIAJEROS.pdf](http://epi.minsal.cl/wp-content/uploads/2021/07/ORD_2254_TESTEO_EN_TODOS_LOS_VIAJEROS.pdf)

16. 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>.

17. 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](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)

18. Ministerio de Salud de Chile. Instruye sobre estrategia de vigilancia genómica mediante mutaciones asociadas a variantes a través de RT-PCR. Ordinario B51 N°338 del 26 de enero 2022. Disponible en línea [http://epi.minsal.cl/wp-content/uploads/2022/02/ORD\\_338\\_26\\_01\\_2022.pdf](http://epi.minsal.cl/wp-content/uploads/2022/02/ORD_338_26_01_2022.pdf)

19. Ministerio de Salud de Chile, Subsecretaria de Salud Pública: Establece Plan Seguimos Cuidándonos Paso a Paso. Actualiza definición de caso sospechoso, confirmado, probable, personas en alerta COVID-19 y contacto estrecho; periodos de aislamiento; para vigilancia epidemiológica ante pandemia de COVID-19 en Chile. Resolución Exenta 494. Diario Oficial Santiago 12 de abril de 2022. Disponible en línea <https://www.bcn.cl/leychile/navegar?idNorma=1174714>

## 9 Anexos

### 9.1 Metodos de Detección

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 eluído se realiza 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 es 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 juntan y las librerías se preparan 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 son secuenciadas en el equipo MiSeq (Illumina) utilizando un kit de 300 ciclos. Alrededor de 0.3 GB de datos son obtenidos por cada muestra.

La calidad de las secuencias es analizada con FastQC software v0.11.8. Las lecturas son filtradas y recortadas usando el software BBDuk, considerando un mínimo de largo de lecturas de 36 bases y una calidad  $\geq 20$ . El ensamble del genoma se realiza con IRMA software v0.9.3 utilizando como referencia la secuencia NCBI NC\_045512.2. Los alineamientos son realizados usando MAFFT v7.458 y los genomas ensamblados son ingresados a Pangolín v.2.3.8 para la determinación de su linaje. 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 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 Netowrk utilizando su versión 3.0. 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. 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 Andrés 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, es analizado usando el pipeline Dragen Covid Lineage. El pipeline se configura con los siguientes parámetros: Aligner Min Score= 12, Coverage Threhold= 20, Virus detection Threshold= 5, Enable Duplicate Marking= yes.

El Laboratorio AUSTRAL-omics de la Universidad de Austral de Chile, realiza la secuenciación de SARS-CoV- 2 mediante la tecnología Illumina. La extracción de RNA total se realiza a partir de hisopados nasofaríngeos, utilizando el sistema automatizado ZYBIO NUCLEIC ACID ISOLATION SYSTEM y el kit de Extracción de RNA viral ZYB.B-200 Zybio. La elaboración de las bibliotecas de secuenciación se realiza



utilizando el kit Illumina COVIDSeq siguiendo las recomendaciones del fabricante. La secuenciación de las bibliotecas se realiza usando un kit Illumina 600 ciclos, configuración 2X150 en un equipo Miseq Illumina. El análisis bioinformático de las lecturas se realiza a partir de los archivos fastq entregados, se realiza un proceso de limpieza de lecturas de calidades menores a Q30 usando los programas Trimmomatic y PRINSEQ-lite. Las lecturas de alta calidad son ensambladas con el programa IRMA, estos genomas ensamblados y sus respectivos metadatos son subidos al repositorio de GISAID. Finalmente, estos genomas son evaluados mediante el programa PANGOLIN para la asignación de linaje.

El Laboratorio de Virología Molecular de la Pontificia Universidad Católica de Chile, realiza la secuenciación de genomas virales empleando la tecnología de Oxford Nanopore Technologies. Para esto se utilizan muestras biológicas (hisopado nasofaríngeo, saliva, esputo, entre otras) de individuos con diagnóstico positivo a SARS-CoV-2 mediante un ensayo de RT-qPCR y que tenga un valor de CT inferior a 35. El RNA total se extrae desde las muestras empleando TRIZOL LS, seguido de la extracción del RNA Viral mediante el Kit E.Z.N.A Viral RNA Kit (Omega Bio-tek). La síntesis de cDNA, amplificación del genoma viral y generación de librerías para secuenciación se realiza siguiendo el protocolo ARTIC "nCoV-2019 sequencing protocol V3" (<https://www.protocols.io/view/ncov-2019-sequencing-protocol-v3-locost-bh42j8ye>). Una vez obtenidos los archivos FAST5, se realiza el basecalling, demultiplexing y posterior ensamble de los genomas SARS-CoV-2, empleando el pipeline bioinformático de ARTIC network (v1.2.1; <https://github.com/artic-network/fieldbioinformatics/releases>), incluyendo modificaciones sugeridas en: <https://github.com/artic-network/fieldbioinformatics/issues/59>. Después del ensamblaje, se evalúa el largo de la secuencia consenso obtenida y el porcentaje de nucleótidos resueltos, seleccionándose sólo aquellas secuencias de un tamaño de al menos 29.000 nucleótidos y con al menos un 95% del genoma resuelto. Finalmente, para cada secuencia, se identifica el clado y linaje al que pertenecen según la nomenclatura de Nextstrain y Pangonlin respectivamente y se genera el archivo con los metadatos epidemiológicos los cuales son subidos a la plataforma GISAID.

La Unidad de Genómica y Bioinformática de la Universidad de Santiago de Chile realiza el proceso de secuenciación de genomas completos de SARS-CoV-2 mediante tecnología Illumina. Para esto, el laboratorio recibe muestras de hisopados nasofaríngeos a partir de los cuales se obtiene RNA y las muestras son procesadas mediante qPCR para asegurar la calidad de las mismas. Aquellas muestras con Ct < 26 son aceptadas para secuenciación. Las librerías para secuenciación son preparadas mediante el kit COVID-seq de Illumina y las muestras son secuenciadas en un equipo NextSeq 500, utilizando un kit de secuenciación NextSeq500 Mid Output, el cual asegura 1 Gb de data por cada muestra. El análisis bioinformático se realiza mediante i) DRAGEN (Illumina) y ii) un pipeline manual para verificar las mutaciones asociadas a las diversas variantes y linajes. Finalmente, los genomas se ensamblan en un archivo fasta y subidos a la plataforma GISAID.

El Laboratorio de Genómica Microbiana (LGM) de la Universidad de Antofagasta realiza la secuenciación genómica del virus SARS CoV-2 por la tecnología Nanopore. La extracción de RNA viral se realiza utilizando el kit de Qiagen (QIAamp Viral RNA Mini kit) en muestras de hisopado nasofaríngeo. La integridad del RNA extraído, se evalúa utilizando el kit (Qubit™ RNA IQ ASSAY) en el fluorómetro Qubit (ThermoFischer). La síntesis de cDNA se realiza utilizando el Kit Luna Script™ RT SuperMix, siguiendo las instrucciones del fabricante. El cDNA obtenido es utilizado como molde, en la amplificación por PCR, utilizando la enzima Q5 Hot Start DNA polymerase y pool de primers IDT V3, siguiendo el protocolo Lo Cost V.3 de ARTIC nCoV-2019 V3. La identificación (multiplexación) de las muestras se realiza por la incorporación de native barcodes, utilizando el kit Barcoding Expansion (EXP-NBD104/NBD114) de Oxford Nanopore. La cuantificación de la librería es realizada en el fluorómetro Qubit utilizando el Kit 1X dsDNA HS Assay kit. La secuenciación de la librería es realizada con el kit de ligación (SQK-LSK109) de Oxford Nanopore en celda de flujo FLO-MIN106D por 24 h. Los archivos FASTQ se cargan en la implementación del ARTIC Nanopore bioinformatics SOP (nCoV-2019 novel coronavirus bioinformatics protocol) empaquetado en un container Docker para determinar la secuencia consenso por cada barcode utilizando la versión para primers V3. Las secuencias consensos son cargadas en la plataforma Nextstrain, pangó y GISAID para determinar la calidad de la secuencia, clado y linaje.

El laboratorio de Genómica del Núcleo Científico y Tecnológico en Biorecursos (BIOREN) de la Universidad de La Frontera, realiza la secuenciación del SARS-CoV-2 mediante la tecnología Illumina. A partir de 8 uL de ARN se realiza la preparación de las bibliotecas de secuenciación mediante el kit Illumina COVID-Seq, siguiendo las instrucciones del fabricante. La secuenciación se realiza usando un kit Illumina de 2X150 de 600 ciclos en un equipo Illumina Miseq. Los análisis bioinformáticos son realizados a partir de los fastq generados usando el pipeline DRAGEN COVID Lineage v3.5.3 en la plataforma BaseSpace, utilizando los siguientes parámetros: Enable Trim Sequences=yes; Reference: NC\_045512.2; Aligner Min Score=12; Coverage Threshold=20; Virus detection Threshold= 5; Enable Duplicate Marking= yes. Finalmente, el análisis de asignación de linaje / clado se realiza utilizando las herramientas Pangolin y NextClade; y las secuencias genómicas generadas son depositadas en la base GISAID.

La Unidad de Genómica de la Universidad de Valparaíso realiza la secuenciación genómica de SARS-CoV-2 mediante tecnología Illumina. Para esto, se utilizan muestras de hisopados nasofaríngeos con Ct < 26, de las cuales se extrae el ARN utilizando el sistema automatizado Zymo Nucleic Acid Isolation System, en colaboración con el laboratorio UVCLIN de nuestra Institución. Posteriormente, las librerías para secuenciación se preparan mediante el kit COVIDSeq de Illumina utilizando 8 uL de ARN total, siguiendo las instrucciones del fabricante. La secuenciación se realiza usando un kit Illumina de de 300 ciclos, configuración 2X150 en un equipo Illumina Miseq. El análisis bioinformático se realiza a partir de los archivos fastq generados, usando el pipeline DRAGEN COVID Lineage v3.5.4 en la plataforma BaseSpace, utilizando los parámetros por defecto. La asignación de linaje y clado se realizan utilizando las herramientas Pangolin y NextClade. Los genomas generados son depositados en la base de datos GISAID.

Los laboratorios de establecimientos incorporados por el MINSAL 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 asociadas a variantes con los siguientes kits: AccuPower® SARS-CoV-2 Variant ID Real-Time RT-PCR TCL, Allplex™ SARS-CoV-2

Variants I Assay, Allplex™ SARS- CoV-2 Variants II Assay, Allplex™ SARS- CoV-2 Variants IV Assay, GSD NovaType III SARS-CoV-2 RT-PCR, Molaccu SARS-CoV-2 Multiplex Variants PCR Kit (Biotecom), Molaccu DEK Multiplex Variants PCR kit (Biotecom), SARS-COV-2 VARIANTS REALTIME PCR (Vircell S,L), GeneSG kit COVID-19 Multiplex PCR variant full (Tecnigen), TaqMan™ SARS-CoV-2 Mutation Panel (Thermofisher), VirSNiP SARS-CoV-2 TIB Molbiol (Roche), NEBNext ARTIC SARS-CoV-2 Companion Kit (Oxford Nanopore Technologies) y Kit Mutaciones: TaqPath 1-Step RT-qPCR MM, CG - 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. Posteriormente otros establecimientos de salud públicos y privados se incluyen y reportan su información a través de sistema de reportería establecido por el Ministerio de Salud.

## 9.2 Seguimiento de las variantes de SARS-CoV-2

Tabla 6: Clasificación de variantes, según actualización de la OMS al 18 de mayo de 2022.

Etiqueta OMS	Linaje Pango*	Gisaïd Clade	Nextstrain Clade	Muestras documentadas más antiguas	Fecha de designación
<b>Variantes de preocupación (VOC), que circulan actualmente</b>					
Delta	B.1.617.2	G/478K.V1	21A, 21I, 21J	India, octubre de 2020	11-05-2021
Ómicron °	B.1.1.529	GR/484A	21K, 21L, 21M	Varios países, noviembre de 2021	26-11-2021
Linaje Pango*	Gisaïd Clade	Nextstrain Clade	Muestras documentadas más antiguas	Fecha de designación	
<b>Linajes VOC bajo monitoreo (VOC-LUM)</b>					
BA.4*	GRA22A	22A	South Africa, enero de 2022	18-05-2022	
BA.5*	GRA	22B	South Africa, enero de 2022	18-05-2022	
BA.2.12.1	GRA	22C	Estados Unidos, diciembre de 2022	18-05-2022	
BA.2.9.1§	GRA	-	Varios países, febrero de 2022	18-05-2022	
BA.2.11**	GRA	-	Varios países, marzo de 2022	18-05-2022	
BA.2.13§	GRA	-	Varios países, febrero de 2022	18-05-2022	
Etiqueta OMS	Linaje Pango*	Gisaïd Clade	Nextstrain Clade	Muestras documentadas más antiguas	Fecha de designación
<b>VOC circulantes anteriormente</b>					
Alfa	B.1.1.7	GRY	20I (V1)	Reino Unido, septiembre de 2020	09-03-2022
Beta	B.1.351	GH/501Y.V2	20H (V2)	Sudáfrica, mayo de 2020	09-03-2022
Gama	P.1	GR/501Y.V3	20J (V3)	Brasil, noviembre de 2020	09-03-2022
Etiqueta OMS	Linaje Pango*	Gisaïd Clade	Nextstrain Clade	Muestras documentadas más antiguas	Fecha de designación
<b>Variantes de interés (VOI), circulantes anteriormente</b>					
Épsilon	B.1.427/B.1.429	GH/452R.V1	21C	Estados Unidos, marzo 2020	06-07-2021
Zeta	P.2	GR/484K.V2	20B/S.484K	Brasil, abril 2020	06-07-2021
Eta	B.1.525	G/484K.V3	21D	Múltiples países, diciembre 2020	20-09-2021
Theta	P.3	GR/1092K.V1	21E	Filipinas, enero 2021	06-07-2021
Iota	B.1.526	GH/253G.V1	21F	Estados Unidos, marzo 2020	20-09-2021
Kappa	B.1.617.1	G/452R.V3	21B	India, octubre 2020	20-09-2021
Lambda	C.37	GR/452Q.V1	20G	Perú, agosto de 2020	09-03-2022
Mu	B.1.621	GH	21H	Colombia, enero 2021	09-03-2022
Linaje Pango*	Gisaïd Clade	Nextstrain Clade	Muestras documentadas más antiguas	Fecha de designación	
<b>Variantes bajo monitoreo (VUM)</b>					
B.1.640	GH/490R	-	Varios países, septiembre 2021	22-11-2021	
XD	-	-	Francia, enero 2022	09-03-2022	
Linaje Pango*	Gisaïd Clade	Nextstrain Clade	Muestras documentadas más antiguas	Fecha de designación	
<b>Variantes monitoreadas anteriormente (FMV)</b>					
AV.1	GR	-	Reino Unido, marzo 2021	21-07-2021	
AT.1	GR	-	Federación de Rusia, enero 2021	21-07-2021	
R.1	GR	-	Varios países, enero 2021	09-11-2021	
B.1.466.2	GH	-	Indonesia, noviembre 2020	09-11-2021	
B.1.1.519	GR	20B/S.732A	varios países, noviembre 2020	09-11-2021	
C.36.3	GR	-	Varios países, enero 2021	09-11-2021	
B.1.214.2	G	-	varios países, noviembre 2020	09-11-2021	
B.1.1.523	GR	-	varios países, mayo 2020	09-11-2021	
B.1.619	G	20A/S.126A	varios países, mayo 2020	09-11-2021	
B.1.620	G	-	varios países, noviembre 2020	09-11-2021	
B.1.630	GH	-	República Dominicana, marzo 2021	29-12-2021	
B.1.1.318	GR	-	Varios países, enero 2021	02-06-2021	
C.1.2	GR	-	Sudáfrica, mayo 2021	01-09-2021	

(\*) Incluye todos los linajes descendientes.

Fuente: Seguimiento de variantes de SARS-CoV-2, Organización Mundial de la Salud, actualización 18 de mayo de 2022.

(°) Incluye BA.1, BA.2, BA.3, BA.4, BA.5 y linajes descendientes. También incluye formas recombinantes circulantes BA.1/BA.2 como XE.

(#) Estos linajes tienen una constelación idéntica de mutaciones en Spike y las siguientes diferencias fuera de Spike: BA.4: ORF7b:L11F, N:P151S; BA.5: M:D3N. Ambos tienen reversiones en nsp4: L438 y ORF6: D61

(§) Estos linajes tienen una constelación idéntica de mutaciones en Spike y las siguientes diferencias fuera de la Spike: BA.2.9.1: ORF3a:H78Y, N:P67S, N:S412I

(\*) Mutación adicional fuera de la proteína espiga: ORF1a:S2519P

Tabla 7: Número de casos SARS-CoV-2 secuenciados y genotipificados por región y mes de toma de muestra de PCR. Chile, 22 de diciembre del 2020 al 17 de mayo de 2022 .

Región de Residencia	Fecha de toma de muestra																		Total muestras regionales
	2020		2021										2022						
	Dic	Ene	Feb	Mar	Abr	May	Jun	Jul	Ago	Sept	Oct	Nov	Dic	Ene	Feb	Mar	Abr	May	
Región de Arica y Parinacota	0	1	10	6	36	40	77	143	72	512	503	441	461	1.135	1.121	366	196	89	5.209
Región de Tarapacá	0	1	3	4	99	146	186	238	131	450	367	303	150	500	125	179	71	29	2.982
Región de Antofagasta	0	2	0	0	19	83	59	102	58	147	390	537	131	95	86	105	89	65	1.968
Región de Atacama	0	0	2	3	20	39	31	43	45	123	170	599	261	373	25	32	71	28	1.865
Región de Coquimbo	0	8	10	6	4	26	27	56	52	180	550	923	540	558	272	193	152	65	3.622
Región de Valparaíso	3	5	3	13	32	49	50	86	275	329	640	521	254	245	185	261	196	56	3.203
Región Metropolitana de Santiago	0	10	6	18	57	57	47	96	229	475	821	967	438	415	101	248	162	41	4.188
Región del Lib. Bdo. O'Higgins	1	1	0	9	34	45	85	195	360	158	437	561	168	202	83	183	85	20	2.627
Región del Maule	0	0	0	7	40	39	74	56	72	8	58	156	155	121	74	41	64	40	1.005
Región de Ñuble	0	6	3	16	60	36	18	113	282	372	784	716	238	375	103	90	40	16	3.268
Región del Biobío	5	12	14	11	34	68	103	167	333	280	1.012	1.282	783	812	308	562	470	197	6.453
Región de la Araucanía	0	3	11	12	51	78	43	185	268	941	1.520	2.989	630	709	274	485	375	136	8.710
Región de Los Ríos	0	8	2	8	7	78	171	110	292	478	652	699	180	195	223	267	169	95	3.634
Región de Los Lagos	4	12	9	33	60	73	76	91	102	310	462	752	216	254	58	281	237	89	3.119
Región de Aysén	0	4	6	11	20	23	52	110	110	275	522	466	130	92	96	143	131	42	2.233
Región de Magallanes	18	164	127	300	331	336	423	384	1.253	2.730	6.275	4.766	3.838	3.493	1.379	1.609	2.239	1.353	31.018
<b>Total</b>	<b>31</b>	<b>237</b>	<b>206</b>	<b>457</b>	<b>904</b>	<b>1.216</b>	<b>1.522</b>	<b>2.175</b>	<b>3.934</b>	<b>7.768</b>	<b>15.163</b>	<b>16.678</b>	<b>8.573</b>	<b>9.574</b>	<b>4.513</b>	<b>5.045</b>	<b>4.747</b>	<b>2.361</b>	<b>85.104</b>

Datos provisorios al 17 de mayo de 2022 en proceso de validación. Elaborado por: Departamento de Epidemiología, Ministerio de Salud.

Tabla 8: Distribución de variantes y linajes de casos SARS-CoV-2, según método de detección y región de residencia. Chile, desde el 22 de diciembre 2020 - 17 de mayo de 2022 .

Regiones	VOC										VOC-LUM				VOI				Otros Linajes			Inteterminado	Total SG	Total RT PCR
	Alfa		Beta		Gamma		Delta		Ómicron		BA.4		BA.2.12.1		Lambda		Mu		SG	RT PCR	RT PCR			
	SG	RT PCR	SG	RT PCR	SG	RT PCR	SG	RT PCR	SG	RT PCR	SG	RT PCR	SG	RT PCR	SG	RT PCR								
Región de Arica y Parinacota	3	0	0	0	515	136	419	776	186	688	0	0	0	0	94	0	22	10	74	0	59	1.313	1.669	
Región de Tarapacá	10	4	0	0	173	121	358	1.480	350	436	0	0	0	0	62	0	124	64	27	0	59	1.104	2.164	
Región de Antofagasta	5	20	0	1	202	58	451	1.277	319	2.549	0	0	3	0	77	3	52	41	47	2	102	1.156	4.053	
Región de Atacama	20	9	0	0	138	0	302	529	191	188	0	0	0	0	105	0	66	69	23	0	328	845	1.123	
Región de Coquimbo	5	9	0	0	112	34	269	1.830	326	804	0	0	0	0	36	1	8	41	18	2	127	774	2.848	
Región de Valparaíso	24	7	0	0	335	182	670	2.379	728	1.631	0	0	7	0	66	1	41	71	39	0	272	1.910	4.543	
Región Metropolitana de Santiago	140	164	4	108	990	770	2.216	11.146	3.329	5.765	1	0	33	0	366	12	271	1.003	488	24	4.188	7.838	23.180	
Región del Lib. Bdo. O'Higgins	4	25	0	11	354	74	474	1.291	445	35	0	0	3	0	138	4	66	120	31	1	558	1.515	2.119	
Región del Maule	11	4	0	0	208	109	185	1.312	244	619	0	0	1	0	143	1	23	70	47	0	142	862	2.257	
Región de Ñuble	4	7	0	0	214	73	222	939	123	371	0	0	2	0	76	0	34	43	19	0	106	694	1.539	
Región del Biobío	21	17	0	0	409	377	503	4.692	331	1.137	1	0	2	0	164	0	73	90	65	3	825	1.569	7.141	
Región de la Araucanía	2	3	0	0	154	184	596	960	322	598	0	0	1	0	95	0	31	36	42	0	179	1.243	1.960	
Región de Los Ríos	32	41	0	0	99	308	239	1.019	166	388	0	0	0	0	98	3	18	44	16	1	155	668	1.959	
Región de Los Lagos	9	9	0	0	220	159	480	2.091	289	575	0	0	0	0	71	0	19	17	43	0	206	1.131	3.057	
Región de Aysén	1	2	0	6	91	33	214	964	156	242	0	0	0	0	55	0	0	9	10	1	81	527	1.338	
Región de Magallanes	2	0	0	0	194	2	253	98	231	82	0	0	0	0	71	0	1	3	13	0	55	765	240	
<b>Total</b>	<b>293</b>	<b>321</b>	<b>4</b>	<b>126</b>	<b>4.408</b>	<b>2.620</b>	<b>7.851</b>	<b>32.783</b>	<b>7.736</b>	<b>16.108</b>	<b>2</b>	<b>0</b>	<b>52</b>	<b>0</b>	<b>1.717</b>	<b>25</b>	<b>849</b>	<b>1.731</b>	<b>1.002</b>	<b>34</b>	<b>7.442</b>	<b>23.914</b>	<b>61.190</b>	

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

Sólo se considera la columna de RT-PCR para aquellas variantes que se cuenta con la detección a través de RT-PCR para análisis de mutaciones asociadas a variantes.

Datos provisorios al 17 de mayo de 2022 , en proceso de validación. Elaborado por: Departamento de Epidemiología, Ministerio de Salud.

Tabla 9: Datos asociados a la Figura 6, 7, 8 y 9. Resumen de variantes y linajes principales de casos confirmados de SARS-CoV-2 según tipo de caso, a partir de su secuenciación. Chile, 22 diciembre de 2020 - 17 de mayo de 2022 .

Categoría	Variantes (Linaje PANGO)	Comunitario	Viajeros y relacionados a viajeros	Total
Variantes de preocupación para la salud pública (VOC)	Alfa <sup>o</sup>	184	109	293
	Beta <sup>o</sup>	0	4	4
	Gamma <sup>o</sup>	4165	243	4408
	Delta	6895	956	7851
	Ómicron	3937	3799	7736
Linajes VOC bajo monitoreo (VOC-LUM)	BA.4	2	0	2
	BA.2.12.1	11	41	52
Variantes de interés para la salud pública (VOI)	Lambda <sup>o</sup>	1644	73	1717
	Mu <sup>o</sup>	777	72	849
Linajes y otras variantes	Otros linajes*	719	283	1002
<b>Total</b>		<b>18334</b>	<b>5580</b>	<b>23914</b>

(<sup>o</sup>) Clasificadas como variantes circulantes anteriormente, según la OMS.

(\*) Corresponde a otros linajes de baja frecuencia y otras variantes no especificadas.

Datos provisorios al 17 de mayo de 2022 en proceso de validación. Elaborado por: Departamento de Epidemiología, Ministerio de Salud.



Tabla 10: Datos asociados a la Figura 6, 7, 8 y 9. Resumen de variantes y linajes principales de casos confirmados de SARS-CoV-2 según tipo de caso, a partir de la detección de mutaciones asociadas a variantes. Chile, 22 diciembre de 2020 - 17 de mayo de 2022 .

Categoría	Variantes (Linaje PANGO)	Comunitario	Viajeros y relacionados a viajeros	Total
Variantes de preocupación para la salud pública (VOC)	Alfa <sup>o</sup>	313	8	321
	Beta <sup>o</sup>	125	1	126
	Gamma <sup>o</sup>	2500	120	2.620
	Delta	32730	53	32.783
	Ómicron	15740	368	16.108
Variantes de interés para la salud pública (VOI)	Lambda <sup>o</sup>	25	0	25
	Mu <sup>o</sup>	1.724	7	1.731
			0	
Linajes y otras variantes	Otros <sup>*</sup>	33	1	34
			0	
	Indeterminado	7.406	36	7.442
<b>Total</b>		<b>60.596</b>	<b>594</b>	<b>61.190</b>

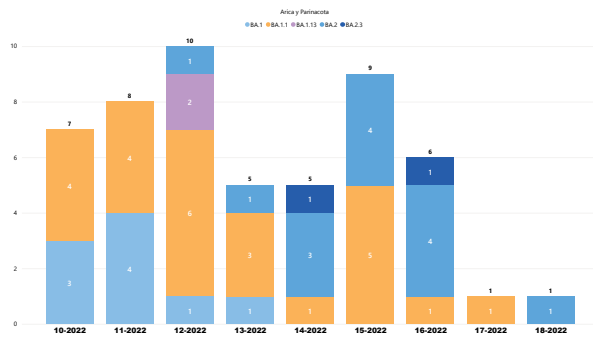
(<sup>o</sup>) Clasificadas como variantes circulantes anteriormente, según la OMS.

(<sup>\*</sup>) Corresponde a otros linajes de baja frecuencia y otras variantes no especificadas.

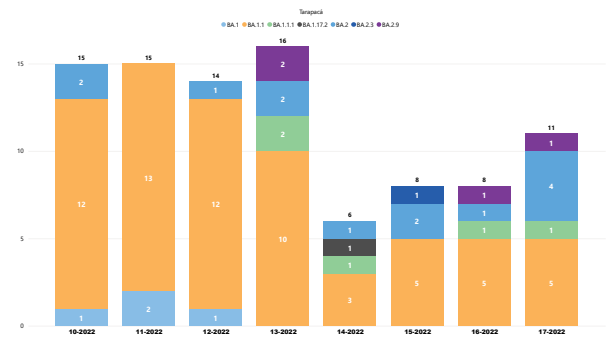
Datos provisionales al 17 de mayo de 2022 en proceso de validación. Elaborado por: Departamento de Epidemiología, Ministerio de Salud.

Figura 19: Variantes y linajes de Ómicron de casos de SARS-CoV-2 según semana epidemiológica y región de residencia. Chile, desde SE 10 a la 19 de 2022 .

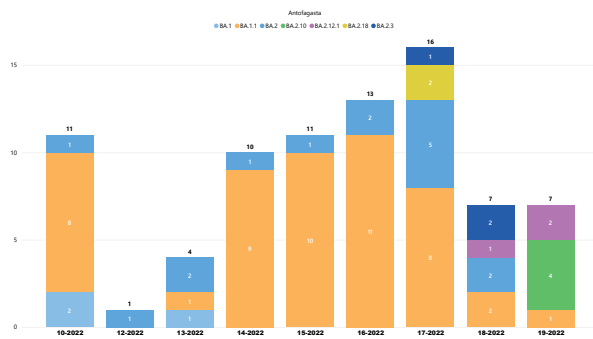
### Arica y Parinacota



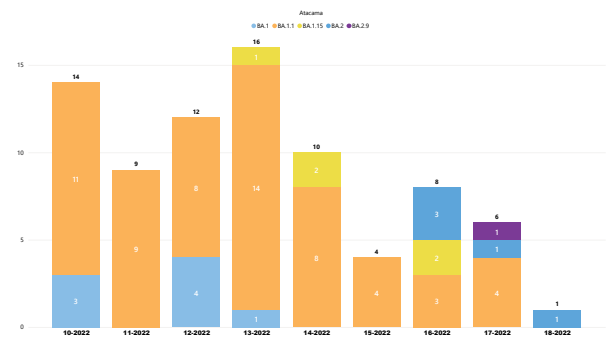
### Tarapacá



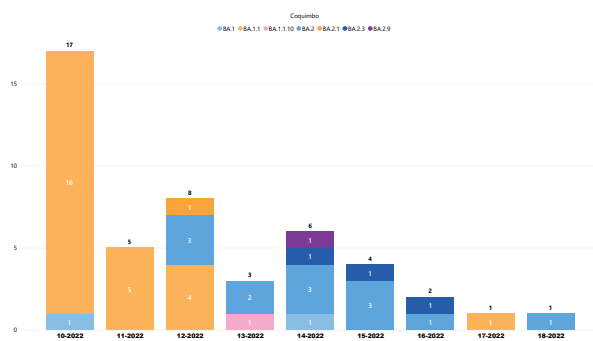
### Antofagasta



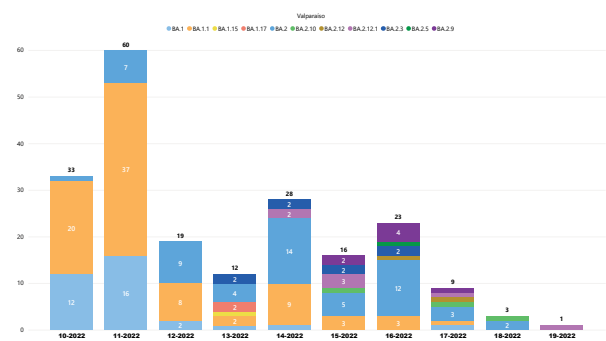
### Atacama



### Coquimbo

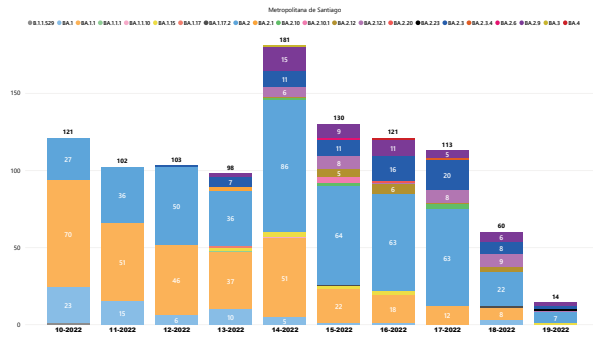


### Valparaíso

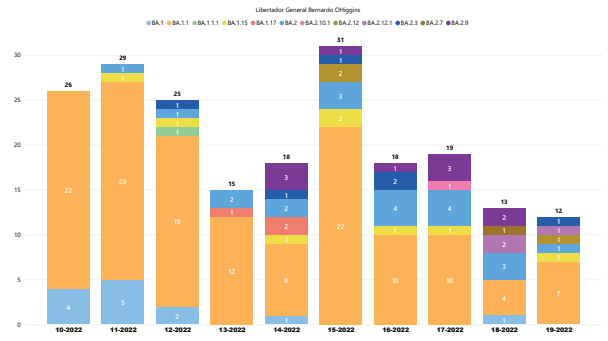


Dada la resolución variable de la imagen vectorial, se recomienda ajustar mediante zoom para una mayor visualización de las figuras

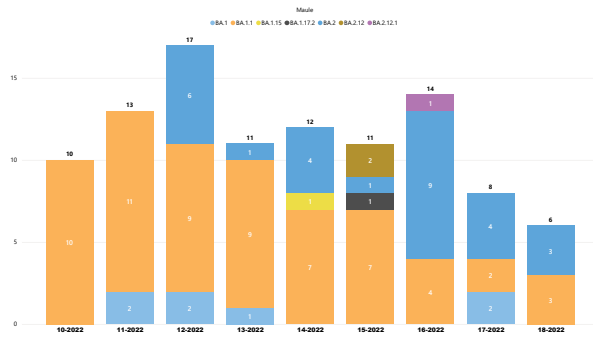
## Metropolitana



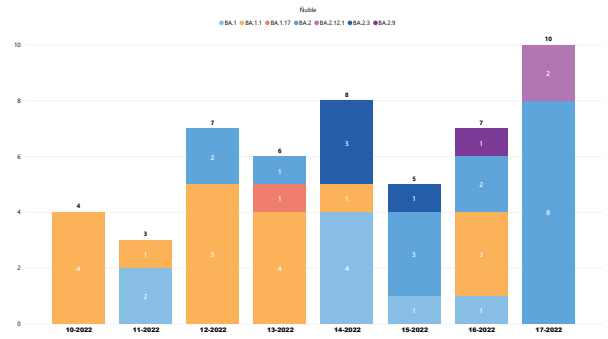
## Libertador Bernardo O'Higgins



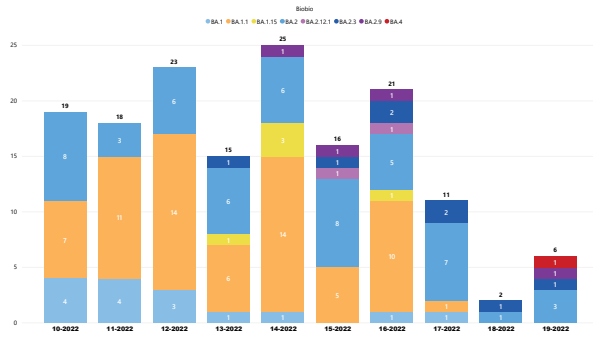
## Maule



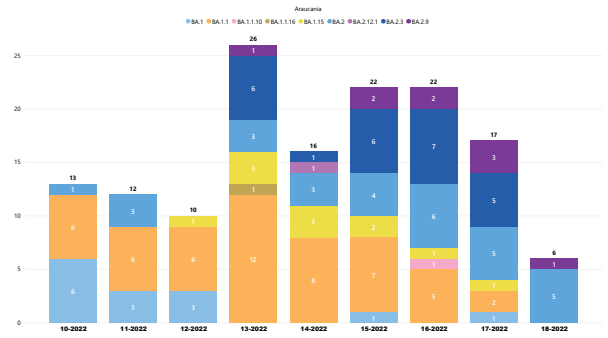
## Ñuble



## Biobío

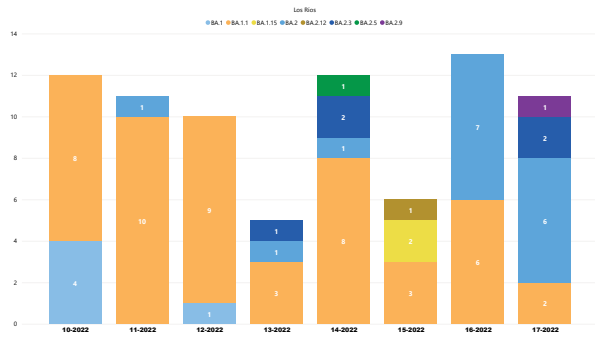


## Araucanía

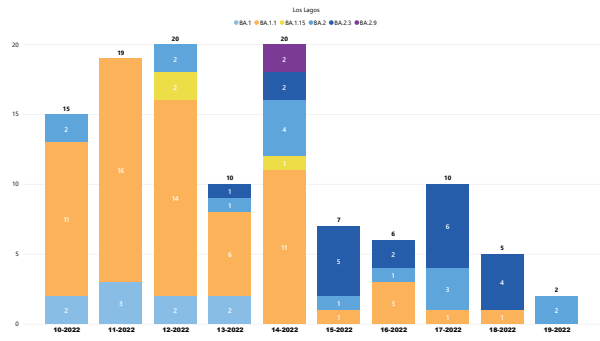


Dada la resolución variable de la imagen vectorial, se recomienda ajustar mediante zoom para una mayor visualización de las figuras

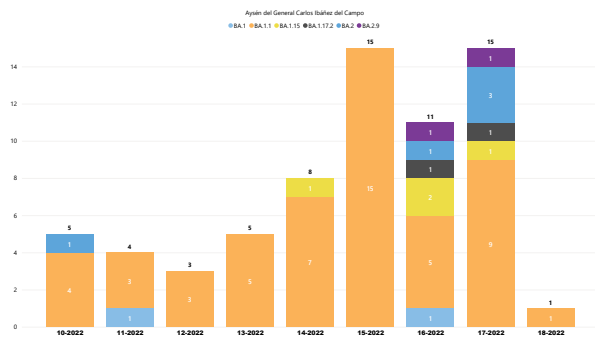
### Los Ríos



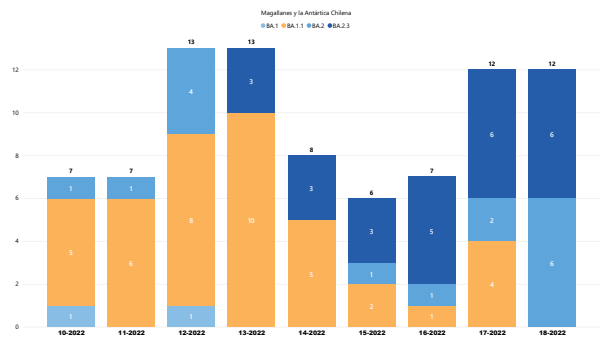
### Los Lagos



### Aysén



### Magallanes y la Antártica Chilena



Dada la resolución variable de la imagen vectorial, se recomienda ajustar mediante zoom para una mayor visualización de las figuras. Datos provisorios al 17 de mayo de 2022, en proceso de validación. Elaborado por: Departamento de Epidemiología, Ministerio de Salud.