

INFORME EPIDEMIOLÓGICO N°48
VIGILANCIA GENÓMICA DE SARS-CoV-2
(COVID-19)

Chile 25 de enero de 2023

Departamento de Epidemiología



Contenido

1	Resumen	2
2	Antecedentes	3
3	Objetivo del Reporte	5
4	Métodos	5
4.1	Fuentes de Información	6
5	Contexto internacional	7
6	Contexto nacional	9
6.1	Situación Epidemiológica Acumulada	9
6.2	Distribución Temporal	12
6.3	Situación de las Últimas 10 Semanas Epidemiológicas (SE 46-2022 a la 03-2023)	15
7	Conceptos Claves	25
8	Referencias	28
9	Anexos	31
9.1	Metodos de Detección	31
9.2	Seguimiento de las variantes de SARS-CoV-2	38

1 Resumen

En Chile, entre el 22 de diciembre de 2020 al 25 de enero de 2023 (12 hrs) se han analizado 120.288 muestras de casos de SARS-CoV-2, 37.497 (31,2%) fueron secuenciadas y 82.791 (68,8%) genotipificadas por RT-PCR para detección de Mutaciones Asociadas a Variantes (MAV).

En las últimas 10 semanas epidemiológicas (SE), correspondientes de la SE 46 de 2022 a la 03 de 2023, se analizaron 2.476 muestras de casos de SARS-CoV-2 mediante secuenciación genómica completa y 4.097 mediante PCR de MAV.

- La totalidad de las muestras analizadas mediante secuenciación correspondieron a variante Ómicron. De estas, 1.627 fueron subvariantes Ómicron bajo vigilancia, siendo la más frecuente BQ.1* y sus sublinajes (n=1.181).
- De total de muestras secuenciados en viajeros en la SE 01 (n=103), provenientes del aeropuerto Arturo Merino Benítez y otros puntos de entrada, BQ.1 y sus sublinajes fue el linaje más frecuente con el 53,4% (n=55), seguido de XBB* (n=31). En la SE 02, se han analizado 44 muestras identificándose mayoritariamente a los sublinajes de BQ.1 en el 45,5% (n=20) de las muestras y a XBB* en el 34,1% (n=15).
- En relación con las muestras secuenciadas de origen comunitario, en la SE 01 (n=140) los linajes más frecuentes identificados fueron BQ.1 y sus sublinajes con el 71,1% (n=108) de las muestras y XBB* con el 12,1% (n=17). En la SE 02 (n=105), el 64,8% (n=68) correspondió a BQ.1 y sus sublinajes y el 21,9% (n=23) a XBB*.
- De las muestras analizadas mediante PCR de MAV (en adelante, variante probable), Ómicron fue la más frecuente con 3.920 casos que corresponden al 95,7% de los casos genotipificados. Paralelamente, se reportaron muestras indeterminadas y otras variantes probables, estas últimas se encuentran en proceso de reclasificación asociados a ajustes en los algoritmos y parte de las indeterminadas están en espera de asignación de linaje.

(*) Incluye linaje descendientes.

2 Antecedentes

Desde la identificación inicial del SARS-CoV-2, hasta el 25 de enero de 2023, se han compartido a nivel mundial alrededor de 14.700.000 secuencias genómicas completas a través de bases de datos de acceso público (GISAID¹).

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 4).

El 06 de julio de 2021 la OMS publicó una nueva categorización de variantes (antiguamente denominados linajes en alerta para mayor seguimiento adicional) y definiciones de trabajo y acciones tomadas. Esto incluyó un grupo de linajes con cambios genéticos que se sospecha que afectan las características del virus con alguna indicación de que puede suponer un riesgo futuro, pero la evidencia del impacto fenotípico o epidemiológico no se encuentra del todo clara por lo que se requiere reforzar su seguimiento y una evaluación constante en espera de nuevas pruebas. El 29 de marzo de 2022, la OMS agrupó su clasificación en aquellas variantes circulantes en la actualidad y aquellas circulantes anteriormente. En la actualización del 18 de mayo de 2022, y debido a la transmisión generalizada de la VOC Ómicron en el mundo, se agregó una nueva categoría a seguimiento de variantes, denominada "linajes de VOC bajo seguimiento" (VOC-LUM en su sigla en inglés), según OMS, estos linajes pueden requerir atención prioritaria y monitoreo y el objetivo principal de esta categoría es investigar si estos linajes pueden representar una amenaza adicional para la salud pública mundial en comparación con otros virus circulantes. El 07 de julio de 2022, se incluyó el linaje BA.2.75 de Ómicron. En la actualización del 21 de septiembre de 2022, la OMS reemplazó las VOC-LUM por subvariantes Ómicron bajo vigilancia, incorporando mutaciones de interés a los sublinajes, a las cuales se les agregaron subvariantes y una recombinante a la actualización del 12 de octubre de 2022. En la modificación del 13 de enero de 2023 se actualizan las subvariantes de Ómicron bajo seguimiento a BF.7, BQ.1, XBB y se mantiene BA.2.75 (Tabla 4).

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

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 asignado se enlazará a los linajes parentales según nomenclatura PANGO².

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.

A partir de la SE 05 de 2022 se actualizaron en la vigilancia de viajeros del AAMB los criterios de selección de muestras y requisitos de laboratorio para envío a secuenciación genómica de casos de SARS-CoV-2 al ISP. Se estableció el número de casos a secuenciar a través de la determinación del tamaño muestral necesario para la detección temprana de variantes del virus SARS-CoV-2, en casos confirmados provenientes del AAMB. La selección aleatoria se basó en el número de casos en viajeros de la SE anterior (prevalencia de variante nueva de 1/200 y confianza del 95%), para identificar nuevas variantes que ingresen al país y estimar la incidencia de las variantes circulantes en viajeros.

²Nomenclatura 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 de variantes y linajes de SARS-CoV-2, identificados mediante secuenciación genómica y detección de mutaciones asociadas a variantes mediante PCR, según datos disponibles hasta el 25 de enero de 2023 .

4 Métodos

Este informe incluye un reporte de las variantes VOC, VOI que circularon previamente, 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. 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 en una parte de ellos.

A nivel nacional los resultados de PCR de MAV de variantes probables no circulantes a nivel internacional se encuentran en proceso de revisión, por lo que la información puede cambiar en los próximos informes.

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 24 de enero de 2023 .
- 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 9 de noviembre de 2022 .
- Informes de secuenciación genómica para SARS-CoV-2, Universidad de Santiago, al 18 de julio 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 Chile, INTA, del 19 de diciembre 2022 .
- Informes de secuenciación genómica para SARS-CoV-2, Universidad de Valparaíso, del 01 de abril de 2022 .
- Informes de secuenciación genómica para SARS-CoV-2, Universidad de Atacama, del 24 de enero de 2023 .
- 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 25 de enero de 2023 .
- 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 25 de enero de 2023 .
- Registro de defunciones del Departamento de Estadísticas e Información en Salud (DEIS), MINSAL, al 25 de enero de 2023 .
- 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 Contexto internacional

De acuerdo con la actualización epidemiológica semanal COVID-19 de la OMS, desde el 23 de diciembre del 2022 al 23 de enero del 2023, se compartieron 78.505 secuencias de SARS-CoV-2 a través de GISAID. De estas, 78.463 secuencias correspondieron a la VOC Ómicron, lo que representó el 99,9% de las secuencias notificadas a nivel mundial en los últimos 30 días.

Los linajes descendientes de BA.5 siguen siendo predominantes a nivel mundial, con 12.000 secuencias (68,1%) enviadas a GISAID en la SE 01. En la misma semana, la prevalencia de BA.2 y sus sublinajes se encuentra en aumento con 2.824 secuencias (16,0%), los linajes recombinantes se mantuvieron estables con 1.777 secuencias (10,1%), al igual que BA.4 y sus sublinajes, quienes mantienen una prevalencia de 0,4%. Las secuencias no asignadas (presuntamente Ómicron) representan el 5,4% de las secuencias enviadas a GISAID en la SE 01.

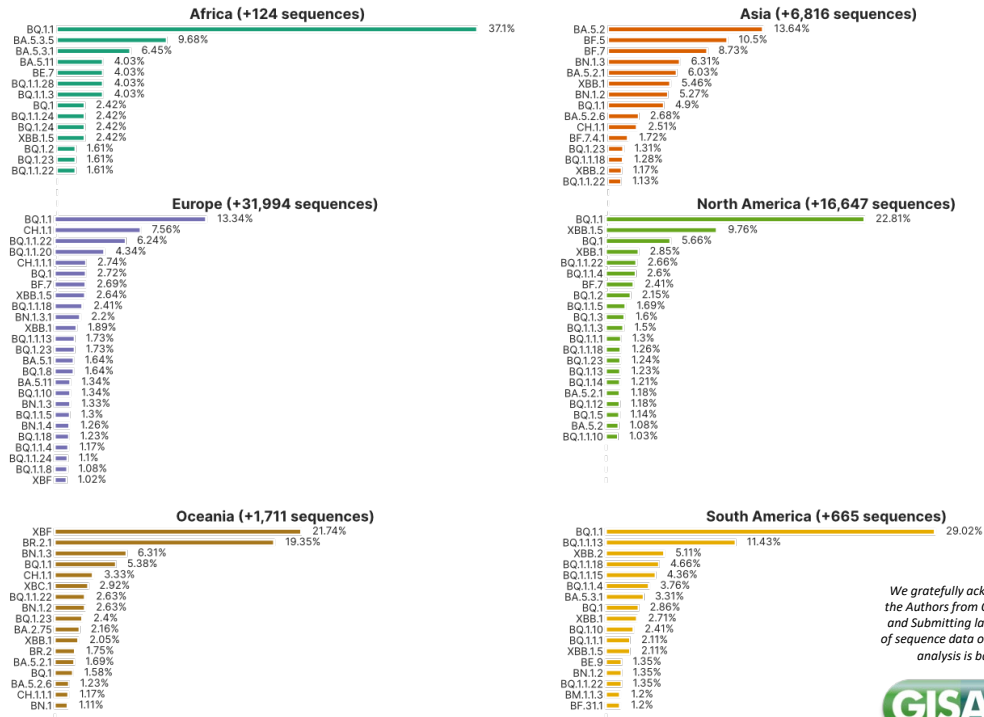
La OMS realizó una evaluación del riesgo para la salud pública de XBB.1.5, el cual corresponde a un sublinaje de XBB, recombinante de dos sublinajes de BA.2. A nivel mundial se han informado 8.931 secuencias, provenientes de 54 países, desde el 22 de octubre del 2022 al 23 de enero del 2023. La mayoría de las secuencias reportadas son de los Estados Unidos (75,0%). Otros países que informaron XBB.1.5 incluyen el Reino Unido (9,9%), Canadá (3,0%), Dinamarca (2,0%), Alemania (1,5%), Austria (1,3%) e Irlanda (1,3%). Esta variante tiene una ventaja de crecimiento en comparación con otros sublinajes de Omicron. Los estudios de laboratorio preliminares indican que tiene un escape inmunitario mayor que los sublinajes de Omicron previos a XBB, en individuos vacunados con tres dosis de vacuna de ARNm, aunque la neutralización se restauró con un refuerzo bivalente. Estos hallazgos a la fecha no se han confirmado con estudios de efectividad de vacunas. Según los informes de varios países, no se ha observado ninguna señal temprana de aumento de la gravedad; sin embargo, es difícil de evaluar aun ya que el número de casos asociados con XBB.1.5 sigue siendo bajo.³

En la Figura 1 se detallan los sublinajes de Ómicron que circularon en las distintas regiones del mundo entre el 20 de diciembre de 2022 y el 17 de enero de 2023. África, Europa, Norte y Sudamérica secuenciaron en mayor proporción de BQ.1.1, Asia BA.5.2 y Oceanía XBF.

³Weekly epidemiological update on COVID-19 -Edition 127 published 25 January 2023. WHO.

Figura 1: Tendencia mundial, por región, de sublinajes variantes de Ómicron en secuencias recopiladas en GISAID desde el 20 de diciembre de 2022 al 17 de enero de 2023.

Regional trends of Omicron variant sublineages in sequences collected from 2022-12-20 to 2023-01-17



Only Omicron sublineages with prevalence > 1% in the last 4 weeks are shown here. See <https://www.who.int/en/activities/tracking-SARS-CoV-2-variants/> for variant information and definitions.

We gratefully acknowledge the Authors from Originating and Submitting laboratories of sequence data on which the analysis is based.



by BII/GIS, A*STAR Singapore

Fuente: GISAID

6 Contexto nacional

6.1 Situación Epidemiológica Acumulada

En Chile, entre el 22 de diciembre de 2020 y el 25 de enero de 2023, se han analizado 120.288 muestras de casos de SARS-CoV-2, 37.497 fueron secuenciadas (31,2%) y 82.791 (68,8%) 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 - 25 de enero de 2023.

Categoría	Variantes	SG	MAV	Total	(%)	Sub Total	(%)
Variantes de preocupación para la salud pública (VOC)	Alfa ^o	293	288	581	0,5	104.236	86,7
	Beta ^o	4	69	73	0,1		
	Gamma ^o	4.413	2.619	7.032	5,8		
	Delta ^o	7.878	32.769	40.647	33,8		
	Ómicron	19.430	36.473	55.903	46,5		
Subvariantes Ómicron bajo vigilancia*	BF.7	49	0	49	0,0	1.902	1,6
	BQ.1	1.322	0	1.322	1,1		
	BA.2.75	232	0	232	0,2		
	XBB	299	0	299	0,2		
Variantes de interés para la salud pública (VOI)	Lambda ^o	1.714	25	1.739	1,4	4.534	3,8
	Mu ^o	849	1.946	2.795	2,3		
Linajes y otras variantes	Otros linajes**	1.014	33	1.047	0,9	1.047	0,9
	Indeterminados	-	8.569	8.569	7,1	8.569	7,1
Total		37.497	82.791	120.288	100	120.288	100

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

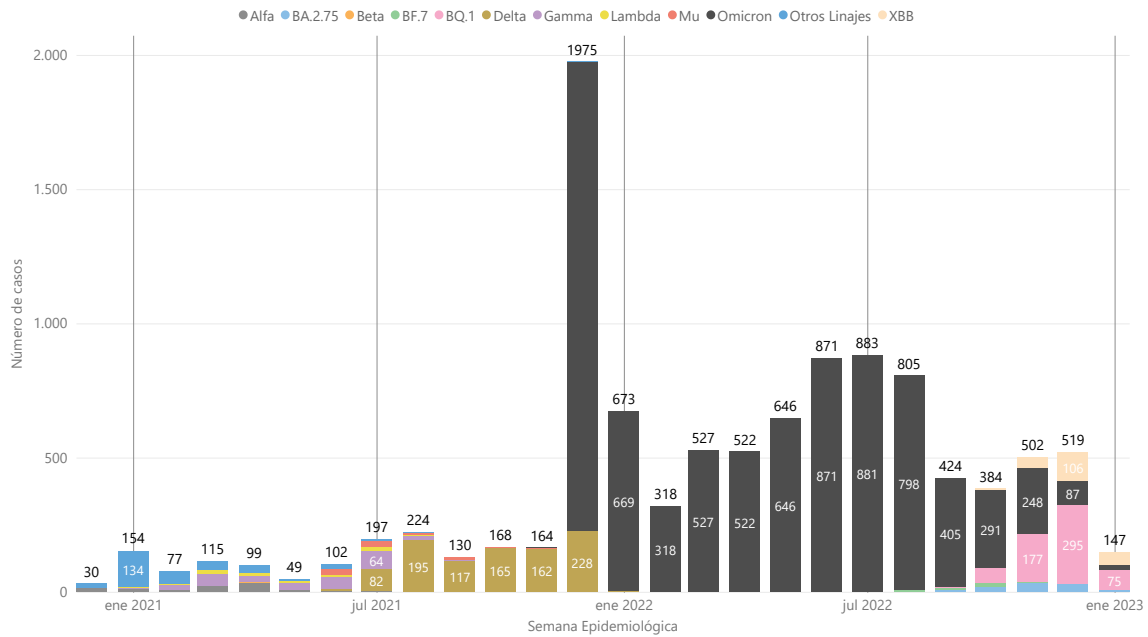
(*) Incluye linaje descendientes.

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

Datos provisorios al 25 de enero de 2023, en proceso de validación. Elaborado por: Departamento de Epidemiología, Ministerio de Salud.

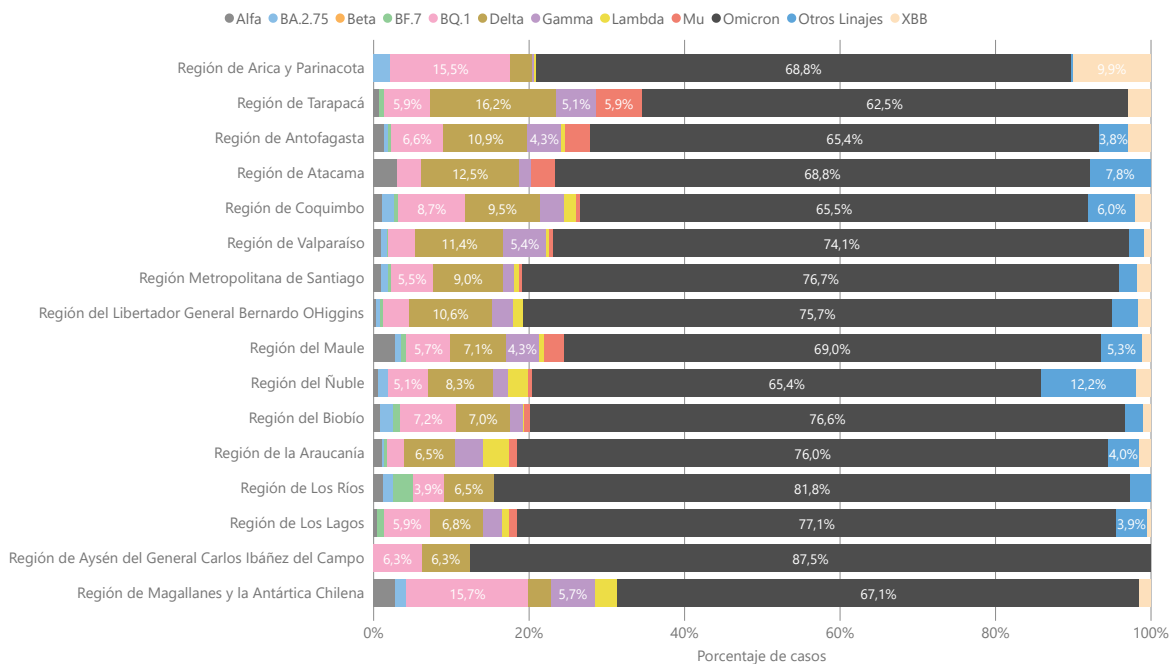
6.1.1 Distribución de variantes en viajeros secuenciados

Figura 2: Variantes y linajes de casos de SARS-CoV-2 viajeros* secuenciados por mes de toma de muestra. Chile, 22 de diciembre 2020 - 25 de enero de 2023.



Datos provisionarios al 25 de enero de 2023 en proceso de validación. Elaborado por: Departamento de Epidemiología, Ministerio de Salud. (*) Incluye casos relacionados a viajeros.

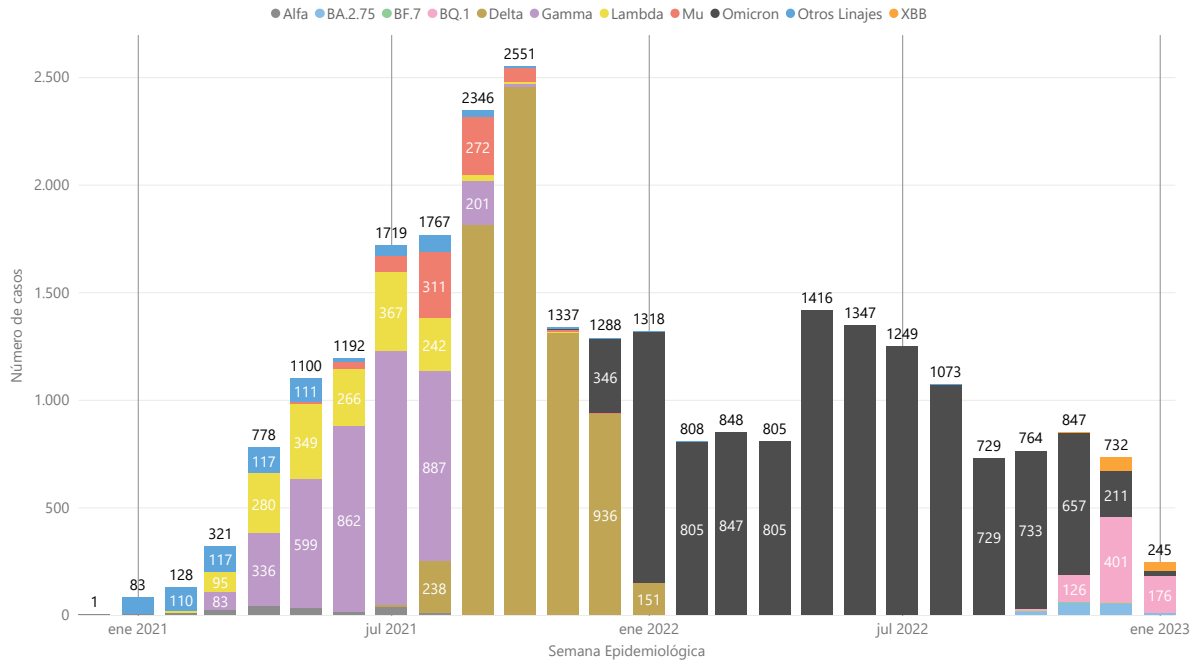
Figura 3: Variantes y linajes de casos de SARS-CoV-2 viajeros* secuenciados según región de residencia. Chile 22 de diciembre 2020 - 25 de enero de 2023.



Datos provisionarios al 25 de enero de 2023 en proceso de validación. Elaborado por: Departamento de Epidemiología, Ministerio de Salud. (*) Incluye casos relacionados a viajeros.

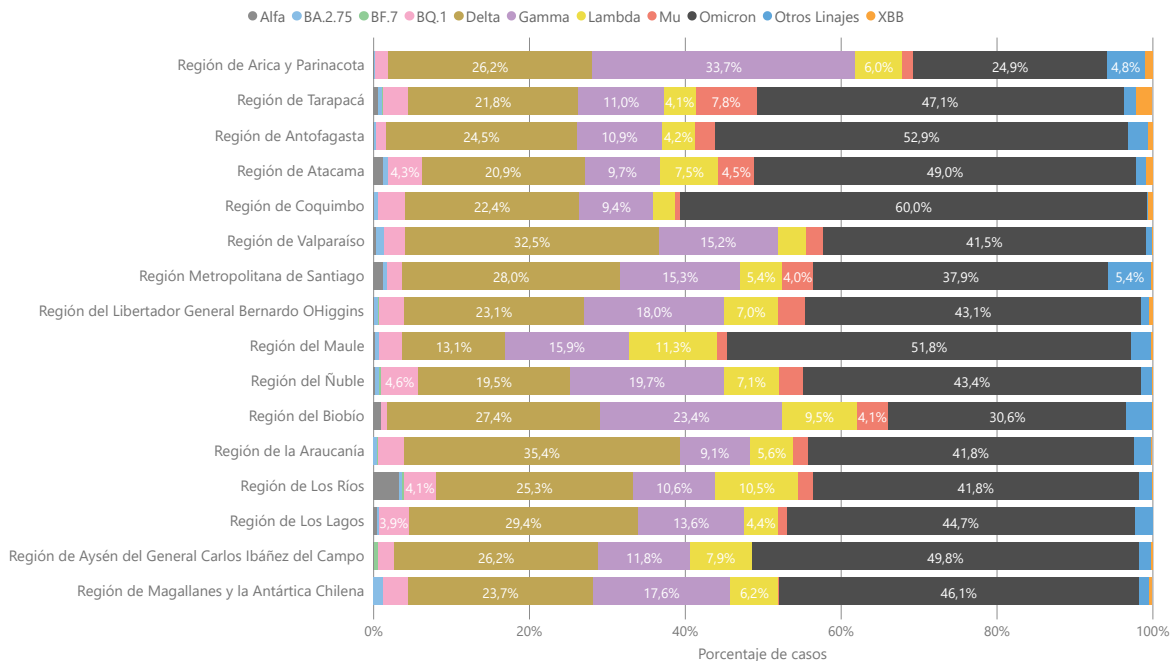
6.1.2 Distribución de variantes en comunitarios secuenciados

Figura 4: Variantes y linajes de casos de SARS-CoV-2 comunitarios secuenciados por mes de toma de muestra. Chile, 22 diciembre 2020 - 25 de enero de 2023 .



Datos provisorios al 25 de enero de 2023 en proceso de validación. Elaborado por: Departamento de Epidemiología, Ministerio de Salud.

Figura 5: Variantes y linajes en los casos de SARS-CoV-2 comunitarios secuenciados según región de residencia. Chile 22 de diciembre 2020 - 25 de enero de 2023 .

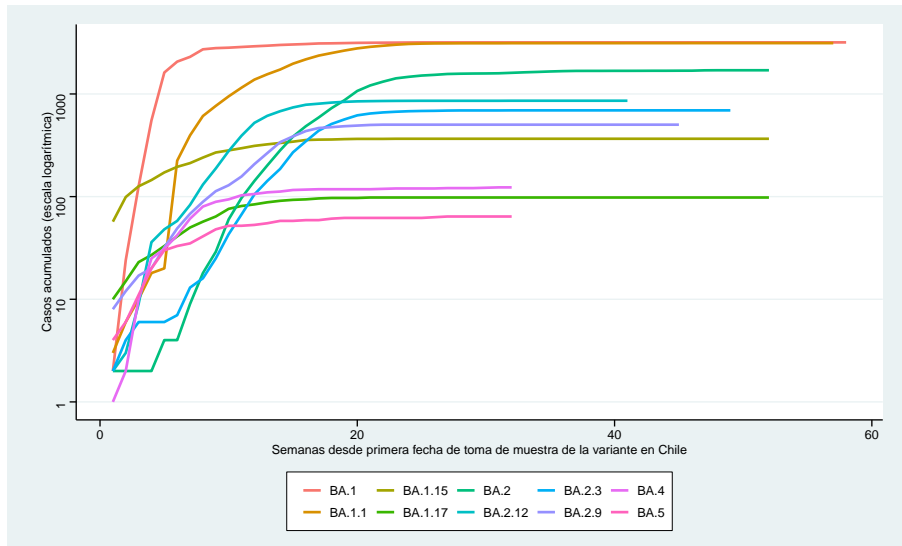


Datos provisorios al 25 de enero de 2023 en proceso de validación. Elaborado por: Departamento de Epidemiología, Ministerio de Salud.

6.2 Distribución Temporal

La velocidad de propagación del total de casos secuenciados, desde la pesquisa del primer caso, se encuentra en la figura 6 considerando los principales linajes Ómicron detectados en el país.

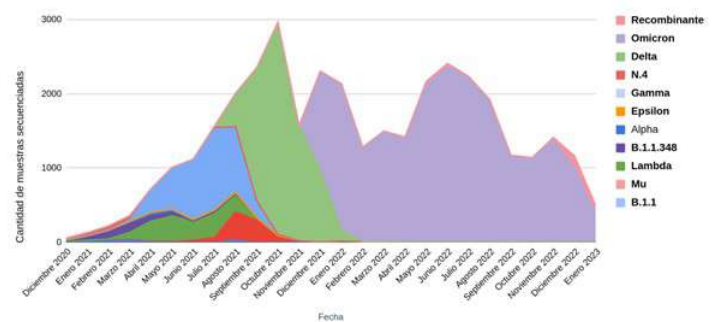
Figura 6: Casos acumulados de variantes de linajes Ómicron secuenciados desde la primera semana de detección del caso. Chile, noviembre 2021 - 25 de enero de 2023 .



Datos provisorios al 25 de enero de 2023 , en proceso de validación. Elaborado por: Departamento de Epidemiología, Ministerio de Salud.

Según la información publicada en GISAID, Chile dispone de 40.714 genomas completos al 24 de enero de 2023. La figura 7 contempla genomas completos depositados en GISAID y genomas completos enviados a la plataforma. De Latinoamérica, Chile es uno de los países que más genomas completos ha compartido (0,78% de los casos positivos de COVID-19), mostrando la evolución de los linajes disponibles en GISAID.

Figura 7: Evolución de Variantes y linajes predominantes de SARS-CoV-2 en Chile, diciembre 2020 - 24 de enero de 2023.



Fuente: Instituto de Salud Pública de Chile.

Al 24 de enero de 2023, Chile dispone de 21.390 genomas completos de la variante Ómicron depositados en GISAID. Desde la última actualización del seguimiento de variantes de la OMS (13 de Enero de 2023), se señalan las siguientes subvariantes Ómicron bajo vigilancia (ex VOC-LUM): BF.7, XBB (recombinante de BA.2.10.1 y sublinajes de BA.2.75), BQ.1* y BA.2.75* con sus sublinajes. La subvariante Ómicron BF.7 registró 52 casos, la variante recombinante de Ómicron XBB* registró 310 casos. La subvariante BA.2.75 con sus descendientes (BA.2.75.1 a BA.2.75.9, BY.1, BL.1, BN.1, BM.1, CH.1, CA.7 y BR.1) incrementaron la cantidad de casos acumulados a 232 y finalmente BQ.1 y sus descendientes comprenden un total de 1337 casos. Cabe señalar que la variante BF.7* destacada por OMS, es un descendiente del sublinaje BA.5.2 y BQ.1* es descendiente del sublinaje BA.5.3, por tanto ambas pertenecen a BA.5.

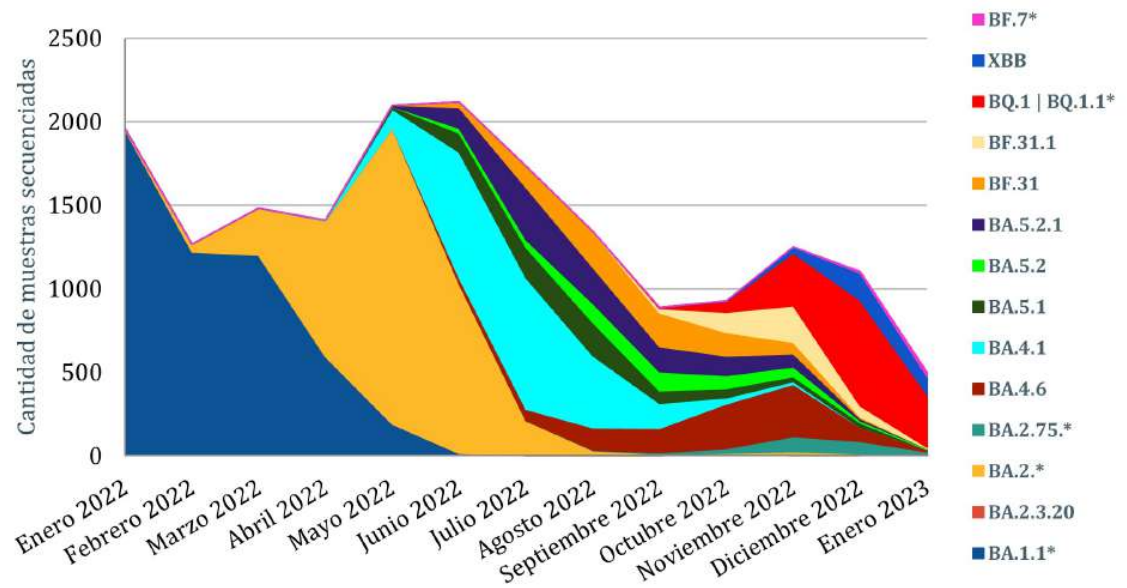
En Chile BA.5* (n=5.982) y BA.4* (n=4.182) predominaron en la cantidad de casos acumulados en el 2022. El sublinaje BA.5 contempla una serie de descendientes (BA.5.1 a BA.5.11), de los cuales se han identificado durante la vigilancia aeropuerto-comunitaria los descendientes BA.5.1 (n=1.128), BA.5.2, (n=2.997) y BA.5.3 (n=1.626) y dominan el escenario nacional en cuanto a número de casos totales (figura 8).

Por otra parte, los sublinajes descendientes que destacan en la vigilancia nacional de SARS-CoV-2, corresponden a BF.31|BF.31.1 (n=1.233), BA.5.2.1 (n=862), BA.5.1 (n=1.128), BA.4.1 (n=2.892) y BA.4.6 (n=1.134)⁴, por el alto número de casos acumulados registrados en los tres últimos meses, con un incremento sustancial de BQ.1|BQ.1.1* (n=1.337), y BF.31.1 (n=438) principalmente, ambos pertenecientes al sublinaje BA.5. Cabe destacar que, del 100% de las secuencias reportadas a nivel mundial de BF.31 y BF.31.1, el 67% y 55%, respectivamente de casos, son reportados en Chile y en países de América en menor porcentaje. El linaje de interés XBB.1.5 (Kraken), que a nivel global reporta 14.100 casos en GISAID, Chile presenta 34 casos en total, en donde 9 de ellos fueron reportados durante diciembre de 2022 y 25 casos reportados durante enero de 2023.

⁴Nota: La variación en el número de linajes puede cambiar a medida que se realizan nuevas designaciones en Pangolín (Phylogenetic Assignment of Named Global Outbreak Lineages).

(*) Incluye linaje descendientes.

Figura 8: Evolución de los linajes de Ómicron de SARS-CoV-2 en Chile. Enero 2022 - 24 de enero de 2023.



Fuente: Instituto de Salud Pública de Chile.

6.3 Situación de las Últimas 10 Semanas Epidemiológicas (SE 46-2022 a la 03-2023)

Desde la SE 46-2022 a la 03-2023, se analizaron 2.476 muestras de casos de SARS-CoV-2 mediante secuenciación genómica completa, la totalidad correspondió a la variante Ómicron. De estas, 1.627 fueron subvariantes Ómicron bajo seguimiento. Por otro lado, mediante PCR de MAV se analizaron 4.097 muestras, siendo la variante probable Ómicron la más frecuente con 3.920 casos. Las otras variantes probables reportadas se encuentran en proceso de reclasificación asociado a ajustes en los algoritmos y parte de las indeterminadas están en espera de asignación de linaje. El detalle por variante y linaje se encuentra en la Tabla 2.

Tabla 2: Variantes y linajes principales de casos de SARS-CoV-2 según método de detección. Chile, SE 46-2022 a la 03-2023 .

Categoría	Variantes	SG	MAV ^{&}	Total	(%)	Sub Total	(%)
Variantes de preocupación para la salud pública (VOC)	Alfa ^o	0	1				
	Gamma ^o	0	1				
	Ómicron	849	3.920	4.771	72,6	4.771	72,6
Subvariantes Ómicron bajo vigilancia*	BF.7	10	0	10	0,2		
	BQ.1	1.181	0	1.181	18,0	1.627	24,8
	BA.2.75	146	0	146	2,2		
	XBB	290	0	290	4,4		
	Indeterminados	-	175	175	2,7	175	2,7
Total		2.476	4.097	6.573	100	6.573	100

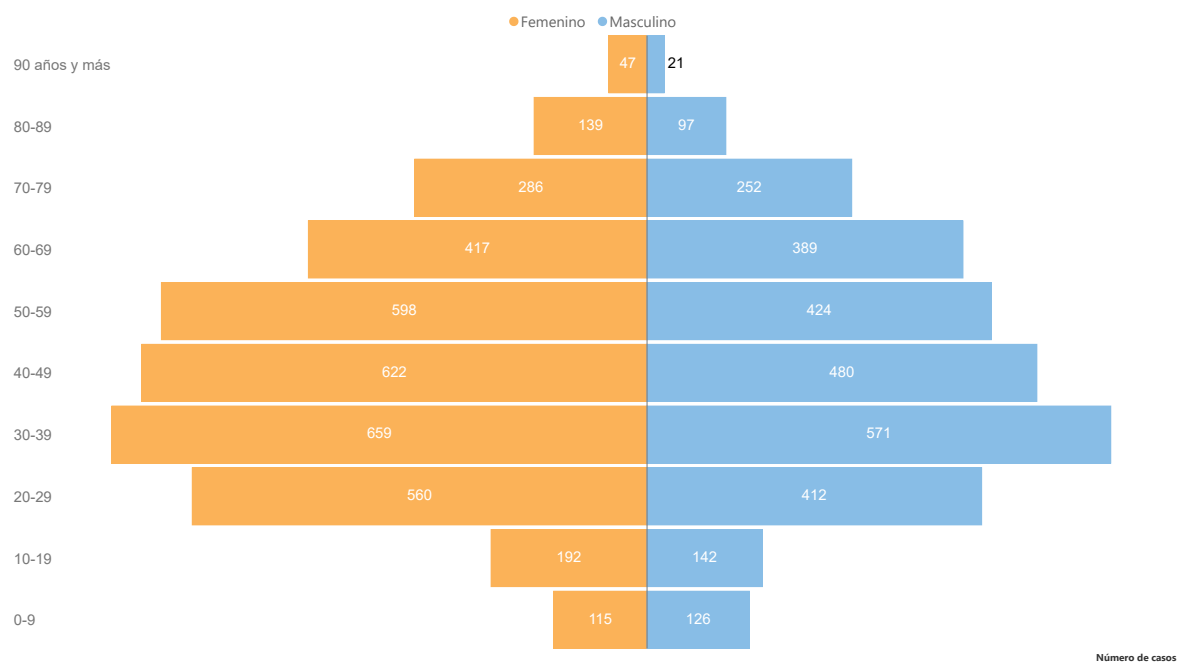
(^o) Clasificadas como variantes circulantes anteriormente según la OMS.

([&]) Las variantes detectadas por MAV se consideran probables y se encuentran en proceso de revisión y reclasificación por actualización de los algoritmos. Una parte de ellos se envía a confirmación mediante secuenciación genómica completa.

(*) Incluye linaje descendientes.

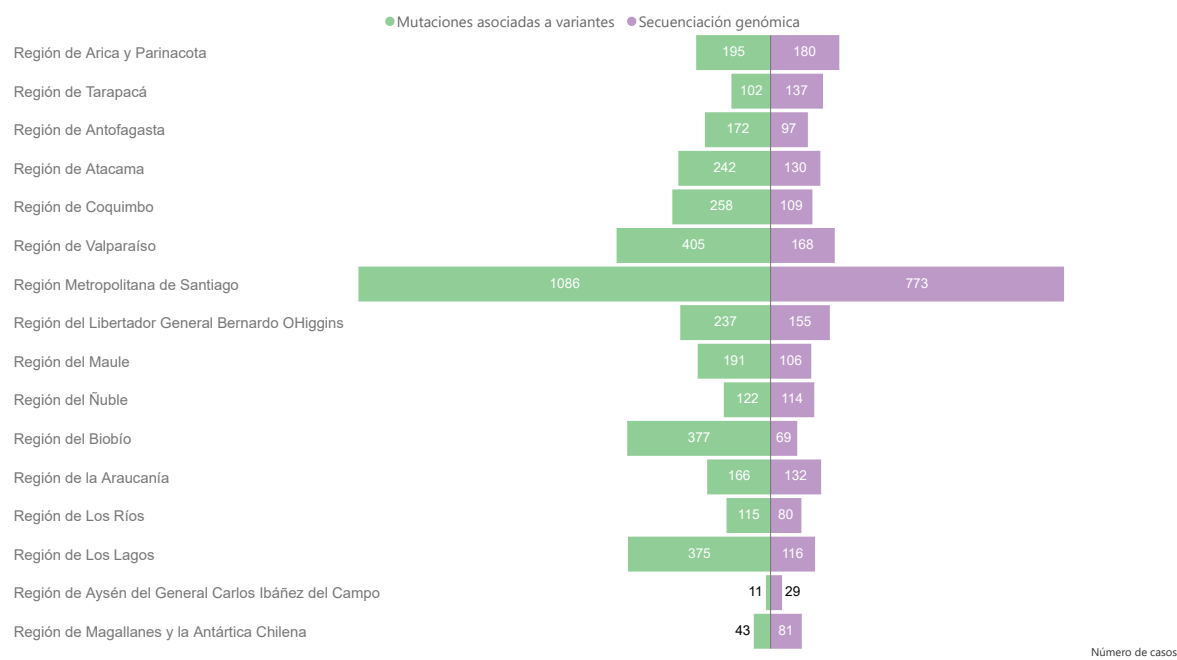
Datos provisorios al 25 de enero de 2023 en proceso de validación. Elaborado por: Departamento de Epidemiología, Ministerio de Salud.

Figura 9: Casos de SARS-CoV-2 secuenciados y genotipificados según sexo y edad. Chile, SE 46-2022 a la 03-2023 .



Datos provisorios al 25 de enero de 2023 , en proceso de validación. Elaborado por: Departamento de Epidemiología, Ministerio de Salud.

Figura 10: Casos de SARS-CoV-2 según método de detección y región de residencia. Chile, SE 46-2022 a la 03-2023 .



Datos provisorios al 25 de enero de 2023 , en proceso de validación. Elaborado por: Departamento de Epidemiología, Ministerio de Salud.

6.3.1 Características Clínicas de los Casos

Tabla 3: Casos de SARS-CoV-2 de variantes y linajes secuenciados y genotipificados, según antecedentes clínicos. Chile, SE 46-2022 a la 03-2023 .

	Total	Sintomático		Hospitalización		Ingreso UCI/UTI		Fallecidos/letalidad		Embarazo		Comorbilidad*	
		n	%	n	%	n	%	n	%	n	%	n	%
VOC													
Ómicron	4.769	2.698	56,6	191	4,0	17	0,4	51	1,1	48	1,0	680	14,3
Subvariantes Ómicron bajo vigilancia**													
BF.7	10	6	60,0	0	0,0	0	0,0	18	180,0	0	0,0	2	20,0
BQ.1	1.181	514	43,5	44	3,7	4	0,3	2	0,2	28	2,4	113	9,6
BA.2.75	146	60	41,1	8	5,5	1	0,7	0	0,0	5	3,4	15	10,3
XBB	290	95	32,8	6	2,1	1	0,3	0	0,0	2	0,7	20	6,9
Omicron+VOC-LUM	6.396	3.373	52,7	249	3,9	23	0,4	71	1,1	83	1,3	830	13,0

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

(**) Incluye linaje descendientes.

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

Nota: Se excluyen variantes en reclasificación y que no están en circulación a nivel mundial, por ajustes en los algoritmos de PCR de MAV.

Datos provisionales al 25 de enero de 2023 , en proceso de validación. Elaborado por: Departamento de Epidemiología, Ministerio de Salud.

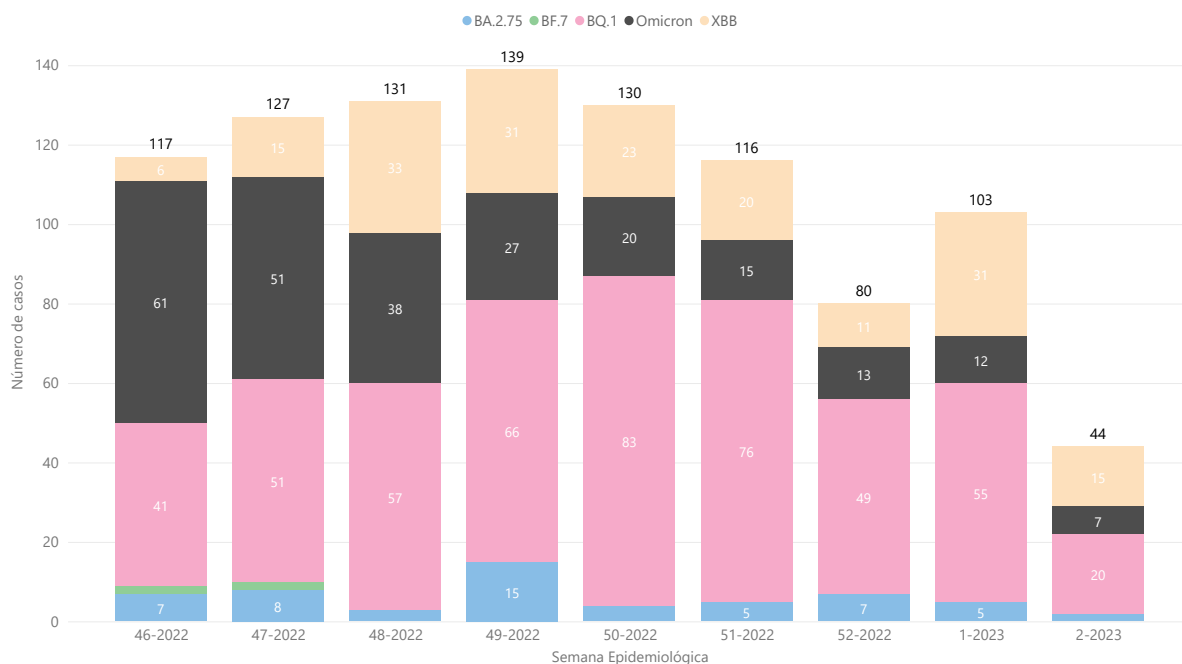
6.3.2 Distribución de variantes en viajeros secuenciados

A través de la vigilancia de viajeros en el aeropuerto AMB y otros puntos de entrada, se han analizado mediante secuenciación genómica completa 987 casos de SARS-CoV-2 en las últimas 10 SE (46-2022 a 03-2023). En este periodo BQ.1 y sus sublinajes han sido los predominantes con 498 (50,5%) muestras, seguido de otros linajes Ómicron que no se encuentran bajo monitoreo con 244 muestras (24,7%), seguido de XBB* con 185 (18,7%), BA.2.75* (n=56, 5,7%) y BF.7* (n=4, 0,4%).

En la SE 01 (n=103), BQ.1 y sus sublinajes fue el linaje más frecuente con el 53,4% (n=55) de las muestras secuenciadas, seguido de XBB* con el 30,1% (n=31), luego por otros linajes Ómicron con 11,7% (n=12) y BA.2.75* con el 4,9% (n=5).

En la SE 02, se han analizado 44 muestras, de las cuales el 45,5% (n=20) correspondieron a BQ.1*, el 34,1% (n=15) a XBB*, el 15,9% (n=7) a otros linajes Ómicron y el 4,5% (n=2) a BA.2.75*. Preliminarmente no se cuenta con resultados de la secuenciación de casos con fecha de toma de muestra en la SE 03 de 2023.

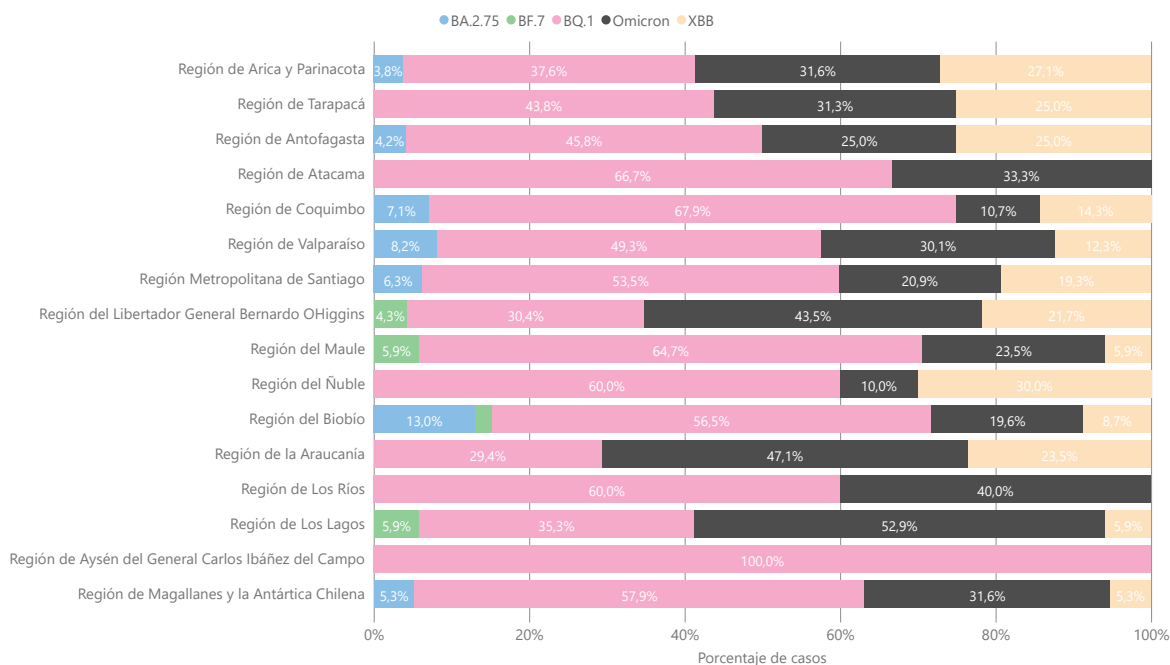
Figura 11: Linajes de casos de SARS-CoV-2 viajeros secuenciados por semana epidemiológica de toma de muestra. Chile, SE 46-2022 a la 03-2023 .



Datos provisorios al 25 de enero de 2023 , en proceso de validación. Elaborado por: Departamento de Epidemiología, Ministerio de Salud.

(*) Incluye linaje descendientes.

Figura 12: Linajes de casos de SARS-CoV-2 viajeros secuenciados según región de residencia. Chile, SE 46-2022 a la 03-2023 .



Datos provisorios al 25 de enero de 2023 en proceso de validación. Elaborado por: Departamento de Epidemiología, Ministerio de Salud.

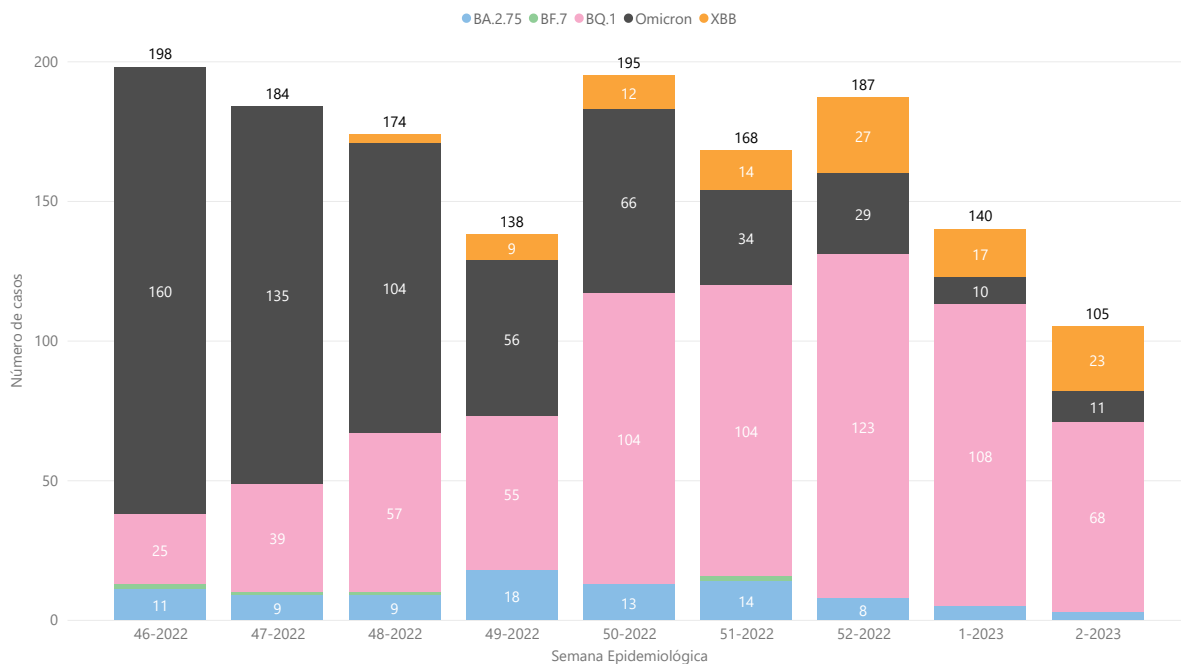
6.3.3 Distribución de variantes en casos comunitarios secuenciados

En las últimas 10 SE se han analizado a través de secuenciación genómica 1.489 casos de origen comunitario. El 45,9% (n=683) de los casos han correspondido a BQ.1*, el 40,6% (n=605) a otros linajes Ómicron, el 7,1% (n=105) a XBB*, el 6,0% (n=90) a BA.2.75* y el 0,4% (n=6) a BF.7*.

En relación con los casos analizados mediante secuenciación en la SE 01 (n=140), BQ.1* se identificó en el 77,1% (n=108) de las muestras, XBB* (n=17) en el 12,1%, otros linajes Ómicron 7,1% (n=10) y BA.2.75* en cinco muestras.

En la SE 02, se han analizado 105 muestras, el 64,8% (n=68) correspondió a BQ.1*, el 21,9% (n=23) a XBB*, el 10,5% (n=11) a otros linajes Ómicron y tres muestras a BA.2.75*. Preliminarmente no se cuenta con resultados de la secuenciación de casos con fecha de toma de muestra en la SE 03 de 2023.

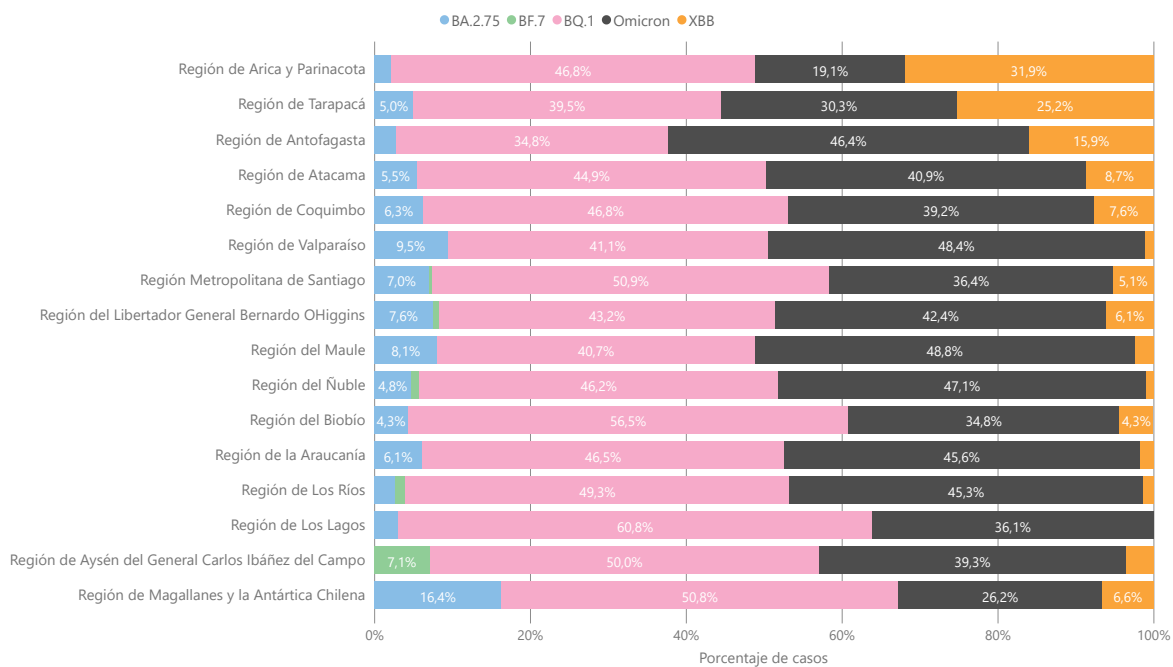
Figura 13: Linajes de casos de SARS-CoV-2 comunitarios secuenciados por semana epidemiológica de toma de muestra. Chile, SE 46-2022 a la 03-2023 .



Datos provisorios al 25 de enero de 2023 , en proceso de validación. Elaborado por: Departamento de Epidemiología, Ministerio de Salud.

(*) †Incluye linaje descendientes.

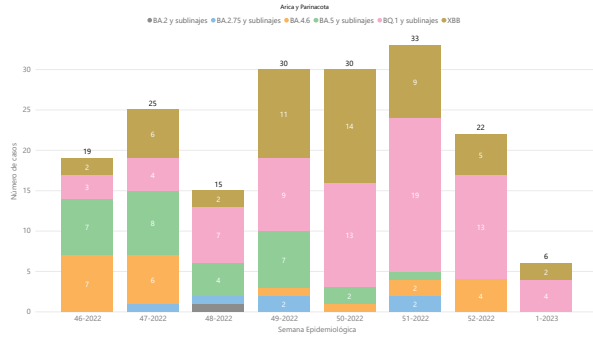
Figura 14: Linajes en los casos de SARS-CoV-2 comunitarios secuenciados, según región de residencia. Chile, SE 46-2022 a la 03-2023 .



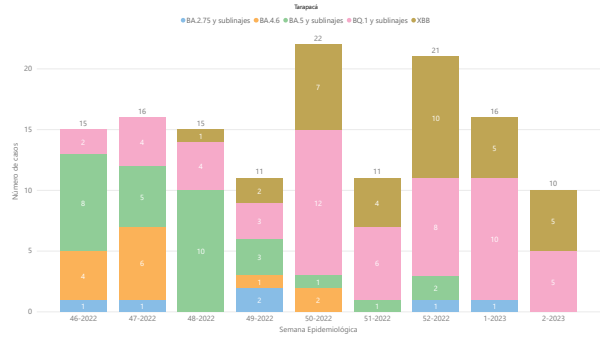
Datos provisorios al 25 de enero de 2023 en proceso de validación. Elaborado por: Departamento de Epidemiología, Ministerio de Salud.

Figura 15: Variantes y linajes de Ómicron de casos de SARS-CoV-2 secuenciados según semana epidemiológica y región de residencia. Chile, desde SE 46-2022 a la 03-2023.

Arica y Parinacota



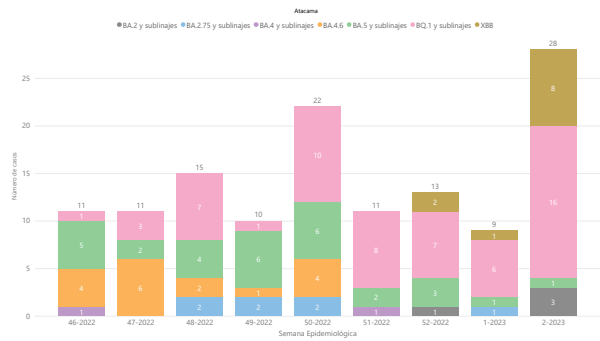
Tarapacá



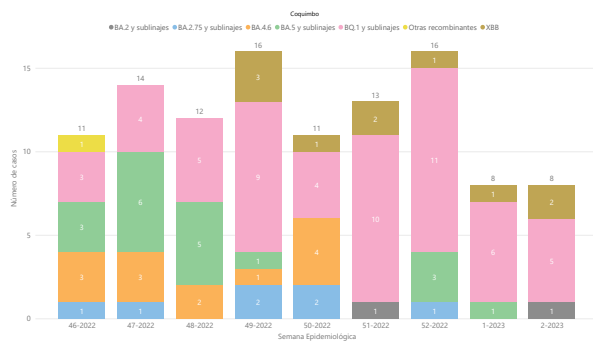
Antofagasta



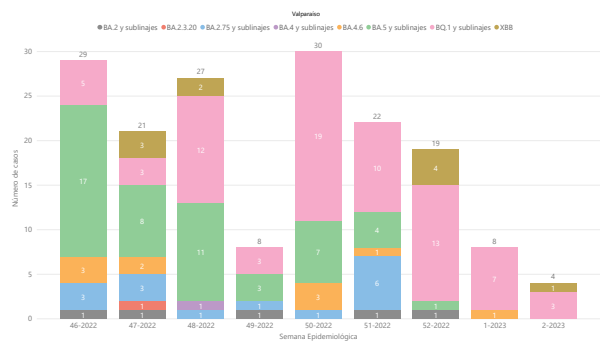
Atacama



Coquimbo

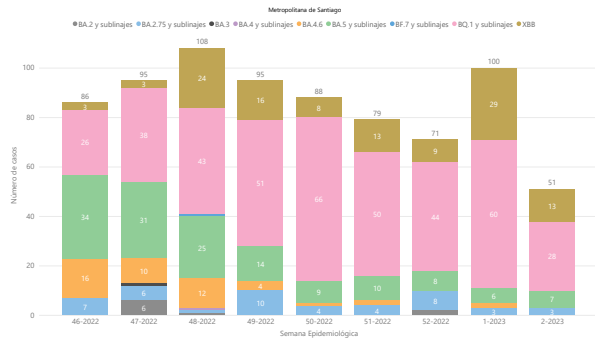


Valparaíso

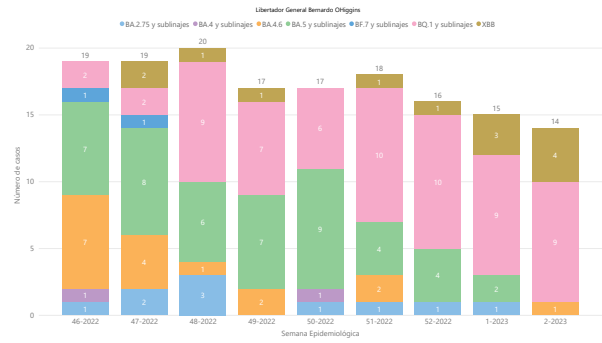


Dada la resolución variable de la imagen vectorial, se recomienda ajustar mediante zoom para una mayor visualización de las figuras.

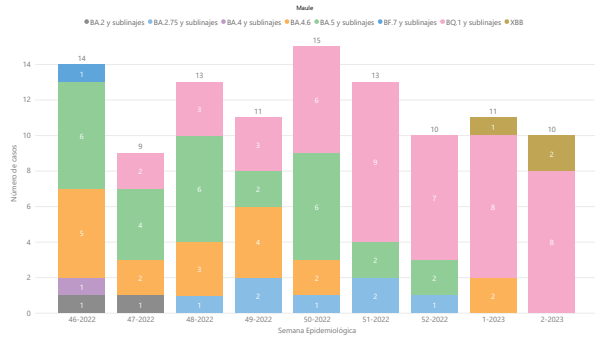
Metropolitana



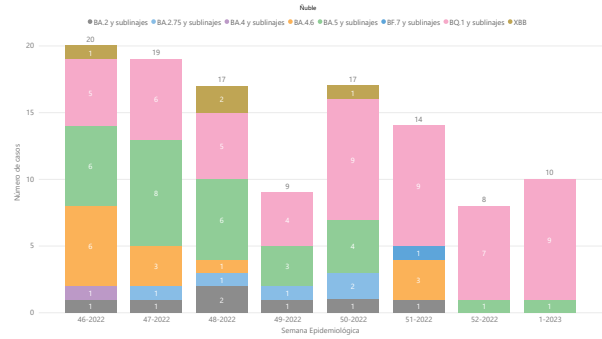
Libertador Bernardo O'Higgins



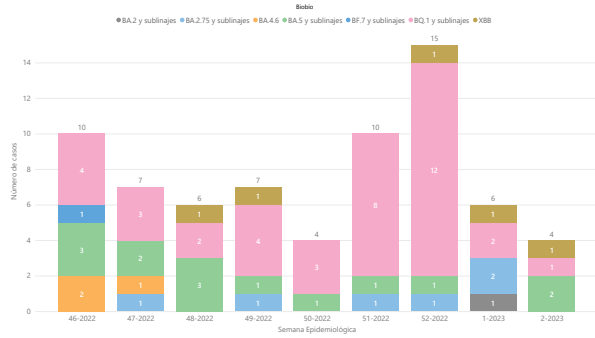
Maule



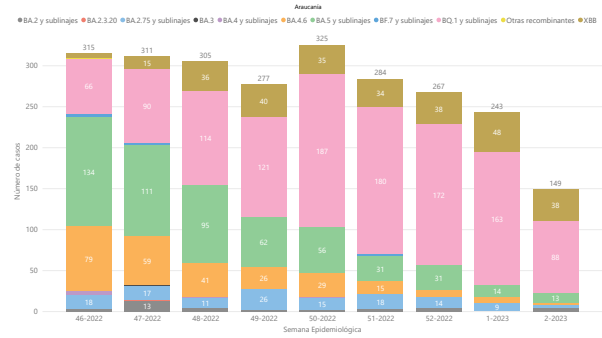
Nuble



Biobío

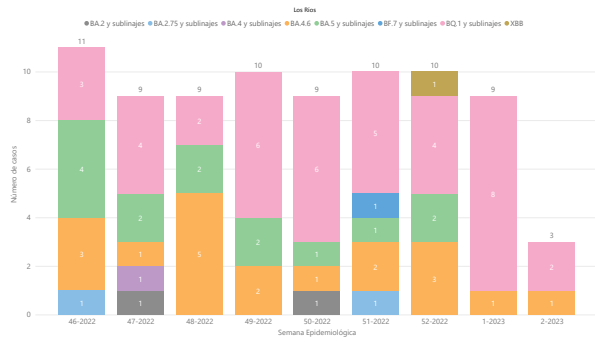


Araucanía

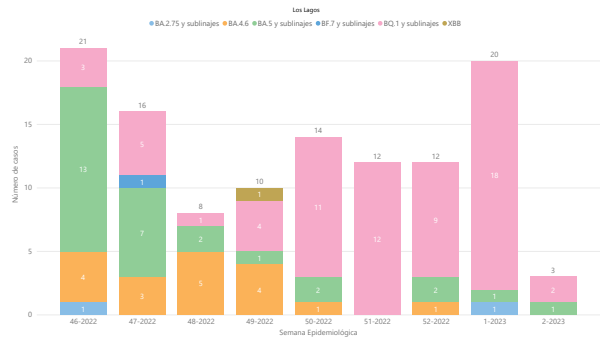


Dada la resolución variable de la imagen vectorial, se recomienda ajustar mediante zoom para una mayor visualización de las figuras.

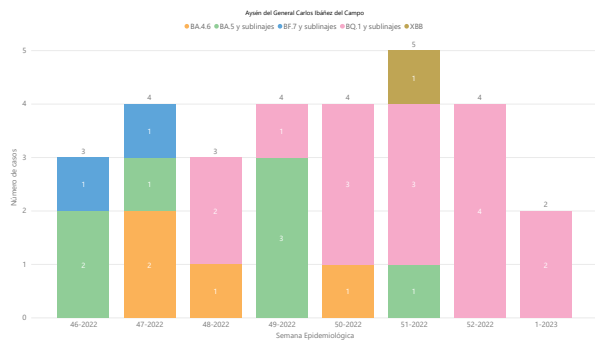
Los Ríos



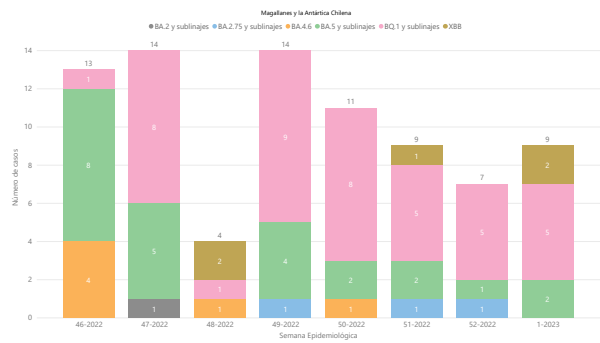
Los Lagos



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 25 de enero de 2023 , 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 linaje³.
- **Secuenciación genómica:** es un proceso que determina la composición genética completa o parcial de un organismo o tipo celular específico⁴.
- **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 gen⁵.
- **Caso de SARS-CoV-2 de variante confirmado:** persona que cumple con la definición de caso confirmado de SARS-CoV-2 según Resolución Exenta N° 1.400, Santiago, 29 de septiembre 2022 y Ord. B51 N° 4915 del 19 de octubre de 2022 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 según Resolución Exenta N° 1.400, Santiago, 29 de septiembre 2022 y Ord. B51 N° 4915 del 19 de octubre de 2022 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 según Resolución Exenta N° 1.400, Santiago, 29 de septiembre 2022 y Ord. B51 N° 4915 del 19 de octubre de 2022 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.

³Harvey, 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>

⁴Behjati, 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

⁵Genomic 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>

- **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, de Santiago, de Chile (INTA) y de Atacama, 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 25 de enero de 2023 . 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

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

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

19. Ministerio de Salud de Chile, Subsecretaria de Salud Pública: Establece Plan Seguimos Cuidándonos. Resolución Exenta 1400. Diario Oficial Santiago 29 de septiembre de 2022. Ministerio de Salud de Chile. Actualización de las definiciones operativas para la vigilancia COVID-19 en el marco del Plan "Seguimos cuidándonos". Ordinario B51 N°4915 del 19 de octubre de 2022.

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 ≥ 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.

La genotipificación de las muestras positivas a SARS-CoV-2 solicitadas por SEREMI de Maule se realizan en el laboratorio de Bioinformática y Expresión Génica del Instituto de Nutrición y Tecnología de los Alimentos (INTA), Universidad de Chile, utilizando la tecnología Nanopore diseñada por Oxford. Para ello, muestras de RNA provenientes de hisopado nasofaríngeo de pacientes positivos son enviadas al laboratorio manteniendo una cadena de frío permanente. Luego de la recepción, el procesamiento de cada muestra comienza con la síntesis de cDNA utilizando el kit comercial High-Capacity RNA-to-cDNA (Applied Biosystem) a partir de 9uL de RNA, siguiendo las indicaciones del fabricante. Luego, cada muestra es amplificada en dos pooles utilizando los partidores v3 (LoCost) descritos por ARTIC, obteniendo productos de amplificación de 400pb. Posteriormente, cada librería genómica se construye utilizando el kit comercial Ligation Sequencing Kit SQK-LSK110 en combinación con PCR Barcoding Expansion 1-96 EXP-PBC096 (Oxford Nanopore) siguiendo las recomendaciones del fabricante. Una vez secuenciada la muestra, los archivos obtenidos en formato fast5 son filtrados y categorizados según calidad para obtener un formato fastq utilizando el pipeline EPI2ME dispuesto por Oxford Nanopore. Estas ultimas secuencias son utilizadas para la determinación de variantes y linajes utilizando la base de datos de Nextstrain, para finalmente depositar cada genoma en la base de datos GISAID.

La secuenciación de las muestras positivas de SARS-CoV-2 solicitadas por SEREMI de Atacama se realizan en el laboratorio de Biología Molecular y Genómica, Facultad de Medicina, Universidad de Atacama (UDA), utilizando la tecnología MiniSeq diseñada por Illumina. Para ello, muestras de RNA provenientes de hisopado nasofaríngeo de pacientes positivos son enviadas al laboratorio manteniendo una cadena de frío permanente. Luego de la recepción, el procesamiento de cada muestra comienza con la síntesis de cDNA. Luego, cada muestra es amplificada en dos pooles utilizando los partidores CPP1 y CPP2, obteniendo productos de amplificación de 400 pb. Posteriormente, cada librería genómica se construye utilizando el kit de Illumina siguiendo las recomendaciones del fabricante. Una vez secuenciada la muestra, los archivos obtenidos en formato fastq.gz, son subidas a la Plataforma GISAID, donde se realiza la determinación de variantes y linaje.

9.2 Seguimiento de las variantes de SARS-CoV-2

Tabla 4: Clasificación de variantes, según actualización de la OMS al 25 de enero de 2023.

Denominación OMS	Linaje Pango°	Clado/linaje GISAID	Clado Nextstrain	Primeras muestras documentadas	Fecha de designación
Variantes de preocupación (VOC), que circulan actualmente					
Ómicron*	B.1.1.529	GR/484A	21K, 21L, 21M, 22A, 22B, 22C, 22D	Varios países, noviembre de 2021	26-11-2021
Linaje Pango°	Clado/linaje GISAID	Clado Nextstrain	Primeras muestras documentadas	Relación con los linajes VOC circulantes	
Subvariantes Ómicron bajo vigilancia					
BF.7**		GRA	22B	Enero de 2022	Sublinaje de BA.5
BQ.1§		GRA	22E	Febrero de 2022	Sublinaje de BA.6
BA.2.75§		GRA	22D	Diciembre de 2021	Sublinaje de BA.2
XBBμ			22F	Agosto de 2022	Recombinante de los sublinajes BA.2.10.1 y BA.2.75, es decir, BJ1 y BM.1.1.1, con un punto de ruptura en S1
Denominación OMS	Linaje Pango°	Clado/linaje GISAID	Clado Nextstrain	Primeras muestras documentadas	Fecha de designación
VOC circulantes anteriormente					
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
Gamma	P.1	GR/501Y.V3	20J (V3)	Brasil, noviembre de 2020	09-03-2022
Delta	B.1.617.2	G/478K.V1	21A, 21I, 21J	India, octubre de 2020	07-06-2022

(°) Incluye todos los linajes descendientes.

(*) 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.

(**) Mutación adicional fuera de la proteína espicular: N: G30-, S33F, ORF9b: M26-, A29I, V30L

(§) Mutación adicional fuera de la proteína espicular: ORF1a: Q556K, L3829F, ORF1b: Y264H, M1156I, N1191S, N: E136D, ORF9b: P10F

(§) Mutación adicional fuera de la proteína espicular: ORF1a: S1221L, P1640S, N4060S, ORF1b: G662S, E: T11A

(μ) Mutaciones adicionales fuera de la proteína espiga: ORF1a: K47R, ORF1b: G662S, S959P, E: T11A, ORF8: G8*

Fuente: Seguimiento de variantes de SARS-CoV-2, Organización Mundial de la Salud, actualización 18 de enero de 2023.

Tabla 5: 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 - 25 de enero de 2023 .

Categoría	Variantes (Linaje PANGO)	Laboratorios											Total	(%)	Sub Total	
		ISP	UMAG	UV	UACH	UNAB	UFRO	USACH	UA	UC	UDA	INTA			(%)	(%)
Variantes de preocupación para la salud pública (VOC)	Alfa*	273	0	0	4	16	0	0	0	0	0	0	293	0,7	32.018	73,7
	Beta*	4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4	0,0		
	Gamma*	4.010	175	0	55	116	20	31	6	0	0	0	4.413	10,2		
	Delta*	6.069	181	278	388	269	393	172	128	0	0	0	7.878	18,1		
	Ómicron	18.370	58	141	0	0	0	248	311	18	119	165	19.430	44,7		
Subvariantes Ómicron bajo vigilancia*	BF.7	48	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	49	0,1	1.902	4,4
	BQ.1	1308	0	0	0	0	0	0	0	0	14	0	1322	3,0		
	BA.2.75	229	0	0	0	0	0	0	0	0	3	0	232	0,5		
	XBB	295	0	0	0	0	0	0	0	0	4	0	299	0,7		
Variantes de interés para la salud pública (VOI)	Lambda*	1.611	63	0	30	5	2	6	0	0	0	0	1.717	4,0	2.566	5,9
	Mu*	794	1	0	10	18	9	3	6	8	0	0	849	2,0		
Linajes y otras variantes	Otros Linajes*	907	9	0	1	74	2	0	17	1	0	0	1011	2,3	1.011	2,3
	No amplifica [§]	5.442	138	98	23	4	74	60	74	5	0	8	5.926	13,6	5.926	13,6
Total		39.360	625	517	511	502	500	520	542	32	140	174	43.423	100	43.423	100

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

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

(*) Incluye linaje descendientes.

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. INTA= Instituto de Nutrición y Tecnología de los Alimentos, Universidad de Chile. UC= Universidad Católica. UDA= Universidad de Atacama.

Datos provisorios al 25 de enero de 2023 , en proceso de validación. Elaborado por: Departamento de Epidemiología, Ministerio de Salud.

Tabla 6: Resumen de variantes y linajes principales obtenidos mediante MAV casos de SARS-CoV-2. Chile, 22 de diciembre de 2020 - 25 de enero de 2023 .

Categoría	Variantes (Linaje PANGO)	Total	(%)	Sub Total	(%)
Variantes de preocupación para la salud pública (VOC)	Alfa°	288	0,3	72.218	87,2
	Beta°	69	0,1		
	Gamma°	2.619	3,2		
	Delta°	32.769	39,6		
Variantes de interés para la salud pública (VOI)	Ómicron	36.473	44,1	1.971	2,4
	Lambda°	25	0,0		
	Mu°	1.946	2,4		
Otros linajes	Otros linajes*	33	0,0	33	0,0
	Indeterminado	8.569	10,4	8.569	10,4
Total		82.791	100	82.791	100

(°) 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 Ruiz 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 25 de enero de 2023, en proceso de validación. Elaborado por: Departamento de Epidemiología, Ministerio de Salud.

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 25 de enero de 2023 .

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	Jun	Jul	Ago	Sept	Oct	Nov	Dic		Ene
Región de Arica y Parinacota	0	1	3	4	99	146	186	234	129	445	369	301	147	501	127	179	71	206	268	412	268	71	108	186	215	40	4.716
Región de Tarapacá	0	6	3	16	55	36	17	109	279	360	780	714	237	375	103	90	40	67	79	128	170	60	63	59	129	64	4.039
Región de Antofagasta	0	1	10	4	35	41	77	144	74	516	498	442	472	1.143	1.155	374	222	332	565	338	268	112	84	104	150	51	7.212
Región de Atacama	0	3	0	0	18	83	59	102	58	149	393	541	136	100	86	104	89	226	187	332	290	123	73	111	189	104	3.556
Región de Coquimbo	0	8	9	5	3	26	27	56	53	182	556	920	545	552	271	200	154	183	327	371	253	18	100	145	176	96	5.236
Región de Valparaíso	1	11	13	11	38	67	98	162	322	290	1.013	1.326	866	830	354	555	465	606	542	581	469	350	288	339	254	130	9.981
Región Metropolitana de Santiago	18	155	125	292	326	338	428	391	1.270	2.750	6.305	4.858	3.808	3.516	1.340	1.615	2.242	3.627	2.497	1.797	1.490	794	888	934	881	459	43.144
Región del Lib. Bdo. O'Higgins	0	8	2	8	7	78	171	111	293	475	653	705	182	195	223	267	170	252	222	278	226	195	187	236	148	95	5.387
Región del Maule	4	11	9	34	60	73	76	91	100	308	461	752	214	257	58	281	237	244	213	258	286	249	120	165	118	90	4.769
Región de Ñuble	3	13	9	13	23	24	52	110	111	276	521	467	147	92	96	144	133	118	109	124	143	119	121	130	118	41	3.257
Región del Biobío	1	3	11	13	51	78	46	186	269	941	1.518	2.997	633	706	273	487	373	298	324	393	434	249	263	231	187	139	11.104
Región de la Araucanía	2	6	4	18	41	51	53	96	284	345	659	550	281	257	186	264	200	161	156	223	250	150	149	159	128	77	4.750
Región de Los Ríos	2	1	0	9	34	45	84	195	360	159	439	563	170	201	82	183	85	52	69	109	152	89	33	104	106	27	3.353
Región de Los Lagos	0	10	6	20	57	57	48	93	228	473	822	972	440	418	101	248	165	134	274	435	541	204	142	296	218	109	6.511
Región de Aysén	0	0	2	3	18	34	27	39	43	103	129	403	163	317	21	27	64	66	132	52	32	24	19	18	17	11	1.764
Región de Magallanes	0	0	0	7	39	39	73	56	72	9	62	160	151	121	76	42	62	83	48	80	76	48	54	61	56	34	1.509
Total	31	237	206	457	904	1.216	1.522	2.175	3.945	7.781	15.178	16.671	8.592	9.581	4.552	5.060	4.772	6.655	6.012	5.911	5.348	2.855	2.692	3.278	3.090	1.567	120.288

Datos provisorios al 25 de enero de 2023 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 - 25 de enero de 2023 .

Regiones	VOC										Subvariantes Ómicron bajo vigilancia				VOI				Otros Linajes	Inteterminado	Total SG	Total RT PCR	
	Alfa		Beta		Gamma		Delta		Ómicron		BF.7	BQ.1	BA.2.75	XBB	Lambda		Mu						
	SG	RT PCR	SG	RT PCR	SG	RT PCR	SG	RT PCR	SG	RT PCR	SG	SG	SG	SG	SG	RT PCR	SG	RT PCR					SG
Región de Arica y Parinacota	3	0	0	0	515	133	419	777	628	1.752	0	80	10	51	94	0	22	10	74	0	161	1.816	2.833
Región de Tarapacá	10	4	0	0	173	117	359	1.481	774	698	2	56	8	34	62	0	124	64	24	0	76	1.570	2.440
Región de Antofagasta	5	15	0	1	205	55	482	1.273	1.081	3.587	1	38	4	17	78	3	56	63	53	1	223	1.982	5.221
Región de Atacama	20	11	0	0	138	0	303	544	734	984	1	62	9	11	105	0	66	103	23	0	443	1.410	2.085
Región de Coquimbo	5	6	0	0	112	35	272	1.830	826	1.788	1	60	9	11	37	1	8	50	16	2	171	1.297	3.883
Región de Valparaíso	22	8	0	0	327	182	660	2.440	1.636	3.757	1	91	25	12	63	1	41	73	35	0	579	2.822	7.040
Región Metropolitana de Santiago	143	135	4	45	999	771	2.218	11.297	7.306	12.757	20	471	96	122	368	13	267	1.164	478	24	4.396	12.021	30.602
Región del Lib. Bdo. O'Higgins	4	37	0	21	354	77	473	1.298	1.066	1.265	2	73	12	13	138	4	66	141	31	1	311	2.159	3.155
Región del Maule	11	4	0	0	209	106	185	1.310	834	1.565	2	53	9	5	143	0	23	39	47	0	228	1.468	3.252
Región de Ñuble	4	7	0	0	214	74	221	939	571	846	3	58	8	4	76	0	34	43	33	0	112	1.168	2.021
Región del Biobío	21	4	0	0	409	378	504	4.705	857	2.716	4	44	8	5	164	0	73	91	66	3	1.052	2.111	8.949
Región de la Araucanía	1	4	0	0	154	195	596	1.015	915	1.326	3	62	10	6	94	0	31	37	49	0	207	1.859	2.784
Región de Los Ríos	32	41	0	0	99	307	240	1.023	452	764	4	41	5	1	98	3	18	44	17	1	163	966	2.346
Región de Los Lagos	9	12	0	0	220	157	479	2.099	866	2.166	2	73	4	1	71	0	19	17	43	0	271	1.714	4.722
Región de Aysén	1	0	0	2	91	29	212	630	343	313	3	15	0	1	55	0	0	4	10	1	111	716	1.090
Región de Magallanes	2	0	0	0	194	3	255	108	541	189	0	45	15	5	68	0	1	3	15	0	65	1.096	368
Total	293	288	4	69	4.413	2.619	7.878	32.769	19.430	36.473	49	1.322	232	299	1.714	25	849	1.946	1.014	33	8.569	37.497	82.791

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

(*) Incluye linaje descendientes.

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 25 de enero de 2023 , en proceso de validación. Elaborado por: Departamento de Epidemiología, Ministerio de Salud.

Tabla 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 - 25 de enero de 2023 .

Categoría	Variantes (Linaje PANGO)	Comunitario	Viajeros y relacionados a viajeros	Total
Variantes de preocupación para la salud pública (VOC)	Alfa ^o	184	109	293
	Beta ^o	0	4	4
	Gamma ^o	4.170	243	4.413
	Delta ^o	6.920	958	7.878
	Ómicron	11.402	8.028	19.430
Subvariantes Ómicron bajo vigilancia*	BF.7	14	35	49
	BQ.1	716	606	1.322
	BA.2.75	132	100	232
	XBB	105	194	299
Variantes de interés para la salud pública (VOI)	Lambda ^o	1.641	73	1.714
	Mu ^o	777	72	849
Linajes y otras variantes	Otros linajes*	731	283	1.014
Total		26.792	10.705	37.497

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

(*) Incluye linaje descendientes.

Datos provisorios al 25 de enero de 2023 en proceso de validación. Elaborado por: Departamento de Epidemiología, Ministerio de Salud.

Tabla 10: 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 - 25 de enero de 2023 .

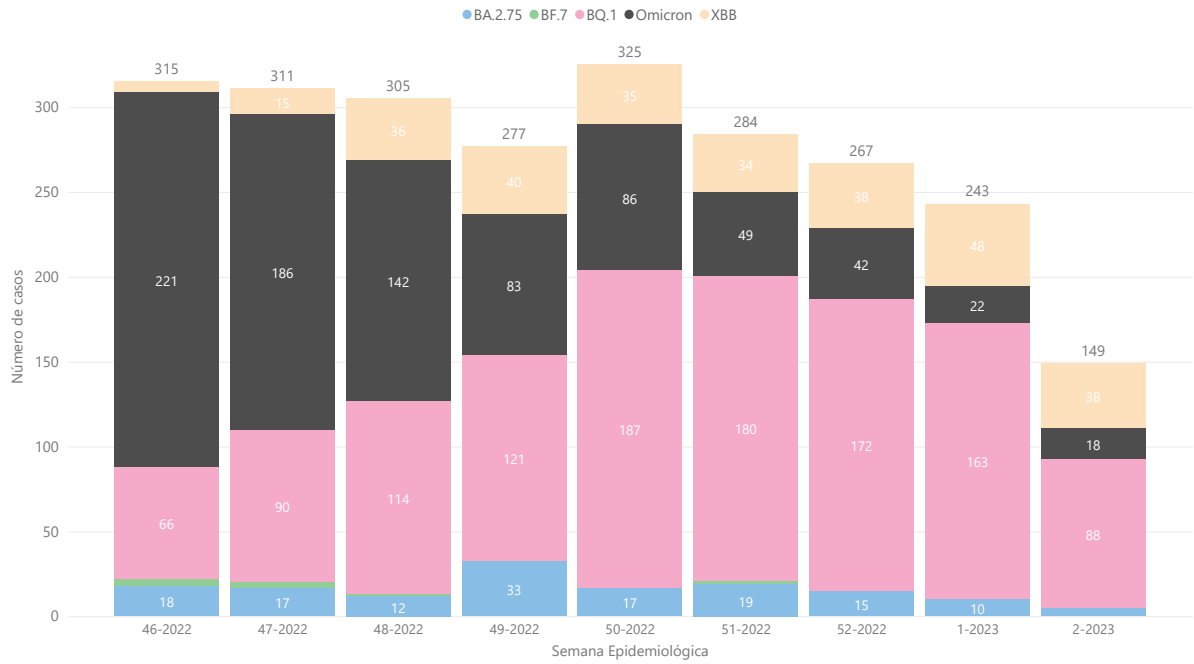
Categoría	Variantes (Linaje PANGO)	Comunitario	Viajeros y relacionados a viajeros	Total
Variantes de preocupación para la salud pública (VOC)	Alfa°	279	9	288
	Beta°	68	1	69
	Gamma°	2.499	120	2.619
	Delta°	32.717	52	32.769
	Ómicron	35.792	681	36.473
Variantes de interés para la salud pública (VOI)	Lambda°	25	0	25
	Mu°	1.939	7	1.946
Linajes y otras variantes	Otros*	32	1	33
Indeterminado	Indeterminado	8.513	56	8.569
Total		81.864	927	82.791

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

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

Datos provisorios al 25 de enero de 2023 en proceso de validación. Elaborado por: Departamento de Epidemiología, Ministerio de Salud.

Figura 16: Casos de SARS-COV-2 de variante Ómicron secuenciados, según semana epidemiológica de toma de muestra y linaje pango. Chile, SE 46-2022 a la 03-2023 .



Datos provisionarios al 25 de enero de 2023 , en proceso de validación. Elaborado por: Departamento de Epidemiología, Ministerio de Salud.