



## CIRCULAR No 10

**A:** Directores, Epidemiólogos y Jefes de Laboratorio de las Áreas de Salud,  
Hospitales públicos y privados

**De:** Lic QB Cesar Conde  
Jefe del Laboratorio Nacional de Salud



Dra. Lorena Gobern  
Jefe Departamento de Epidemiología  
Departamento de Epidemiología



**Vo. Bo.** Dra. Maria Amelia Flores  
Ministra de Salud Pública y Asistencia Social



**Asunto:** ALERTA EPIDEMIOLÓGICA POR HALLAZGO DE VIGILANCIA GENOMICA DE SARS-CoV-2 EN GUATEMALA

**Fecha:** Guatemala 08 de abril 2021

### A. Antecedentes a nivel mundial

La aparición de mutaciones es un evento natural y esperado dentro del proceso de evolución de los virus. Desde la caracterización genómica inicial del SARS-CoV-2, este virus se ha dividido en diferentes grupos genéticos o clados. De hecho, algunas mutaciones específicas definen los grupos genéticos virales (también denominados linajes) que circulan actualmente a nivel global. Por diversos procesos de microevolución y presiones de selección, pueden aparecer algunas mutaciones adicionales, generando diferencias al interior de cada grupo genético (denominadas variantes) (1).

La caracterización genética de patógenos virales es la base para el desarrollo de protocolos de diagnóstico, vacunas y medicamentos antivirales. Esta estrategia también es una herramienta útil en salud pública para el seguimiento a brotes y control de enfermedades mediante estudios de epidemiología molecular virus circulantes y, por lo tanto, ha contribuido para la mitigación de la enfermedad. Asimismo, la secuenciación genómica del SARS-CoV-2 y la liberación oportuna de la información no solo permitió la caracterización del agente etiológico involucrado en el brote inicial,

sino también se ha convertido en una herramienta esencial para generar datos virológicos de SARS-CoV-2, para impulsar la respuesta de laboratorio, y entender mejor los patrones de dispersión y evolución de SARS-CoV-2 (1).

Hasta la fecha se han identificado tres variantes diferentes de SARS-CoV-2 clasificadas por la Organización Mundial de la Salud como **variantes de preocupación (VOC por su acrónimo en inglés)** que son: en el Reino Unido e Irlanda del Norte, denominada VOC 202012/01, perteneciente al linaje B.1.1.7; en la República de Sudáfrica, denominada 501Y.V2, perteneciente al linaje B.1.351 y la variante denominada P.1 en Brasil que pertenece al linaje B.1.1.28 (2,3).

Entre los factores que la OMS ha considerado para la definición operativa para las VOC, se encuentran:

1. Aumento de la transmisibilidad o el daño causado por el cambio en la epidemiología de la COVID-19.
2. Aumento de la virulencia o cambio en la presentación clínica de la enfermedad o
3. Disminución de la eficacia de las medidas de distanciamiento social y de salud pública o de los diagnósticos, vacunas y terapéuticas disponibles (4).

Adicionalmente a las VOC, la OMS ha proporcionado una definición operativa para otras variantes, denominadas **variantes de interés de SARS-CoV-2 (VOI por su acrónimo en inglés)** las cuales se caracterizan porque tienen:

1. Cambios fenotípicos en comparación con un aislado de referencia o tiene un genoma con mutaciones que conducen a cambios de aminoácidos asociados con implicaciones fenotípicas establecidas o sospechadas; Y
2. **Se ha identificado que causa transmisión comunitaria/ múltiples casos / conglomerados de casos de COVID-19, o se ha detectado en varios países;** o
3. Es evaluada como una VOI por la OMS en consulta con el Grupo de trabajo de la OMS sobre la evolución del SARS-CoV-2.

Hasta el 23 de marzo de 2021, la OMS ha clasificado como variantes de interés (VOI) las siguientes: B.1.525; B.1.427/B.1.429 (denominadas Californianas); y B.1.1.28.2, alias P.2. (4)

## **B. Situación en Guatemala**

Guatemala, ha contribuido a la generación de datos de secuenciación genómica mediante la Red Regional de Vigilancia Genómica de COVID-19, a través del Laboratorio Nacional de Salud (LNS) del Ministerio de Salud Pública y Asistencia Social. De las primeras muestras secuenciadas en el extranjero, del periodo de mayo a agosto del año 2020, se evidenció que el grupo genético G es la variante que se encuentra en el país durante este periodo, asimismo, el linaje B.1 es el predominante dentro de dicho grupo.

De las últimas muestras procesadas en el LNS correspondientes al mes de enero 2021, **NO** se detectaron Variantes de Preocupación (B.1.1.7, B.1.351, P.1), el principal hallazgo es que se detectó **5 muestras con linaje B.1.429 y dos muestras con linaje B.1.427** que corresponden a muestras de pacientes de los departamentos de Guatemala y El Progreso, respectivamente; 4 masculinos 3

femeninos con edades entre 17 a 87 años (mediana de 52 años), todos ambulatorios, con registro de sintomatología leve y ninguno reportado a la fecha como fallecido. Estos linajes identificados en el país han sido definidas como variantes de interés (VOI) para algunos países; en Guatemala debido a la caracterización anteriormente descrita, podrían considerarse también como VOI, sin embargo es importante estar atentos a cambios en la epidemiología de la enfermedad, virulencia, el comportamiento de estas variantes en la transmisión, así como intensificar la vigilancia genómica en todo el país.

En la tabla No. 1 se detalla la cantidad de muestras con linaje, procesadas a partir de la implementación de la Metodología de Secuenciación de Nueva Generación en el LNS.

Tabla No. 1 Muestras con linaje procesadas por el LNS

Linaje	Fecha de procesamiento			
	De septiembre a diciembre 2020	Porcentaje	De enero 2021	Porcentaje
B	2	3	4	2
B.1	63	79	173	69
B.1.1		0	17	7
B.1.1.368		0	5	2
B.1.1.74	7	9		0
B.1.2	1	1	4	2
B.1.240		0	5	2
B.1.335		0	3	1
B.1.427		0	2	1
B.1.429		0	5	2
B.1.590		0	4	2
B.1.596		0	3	1
Otros	7	9	27	11
<b>Total</b>	<b>80</b>		<b>252</b>	

Fuente: LNS

En este contexto, el Ministerio de Salud Pública y Asistencia Social de la República de Guatemala, declara ALERTA EPIDEMIOLÓGICA POR VARIANTES B.1 427 Y B.1 429 (Californianas) a efecto de realizar entre otras las siguientes acciones en el ámbito público y Privado:

**1. Vigilancia epidemiológica:**

- a) Intensificar acciones de detección oportuna y búsqueda activa de casos en municipios silenciosos o con incremento de casos por 100,000 hb en los últimos 14 días
- b) Garantizar disponibilidad de insumos para el diagnóstico (rápido y molecular) y envío de muestras a laboratorios de referencia.
- c) Reactivar o intensificar las acciones de estrategia de rastreo contactos y seguimiento de casos ambulatorios a nivel nacional con énfasis en departamentos y municipios con aumento de casos o defunciones en los últimos 14 días.
- d) Realizar y difundir en su área de influencia la caracterización clínico-epidemiológica de los casos de los últimos 14 días.

- e) Monitoreo y difusión de datos de porcentajes de ocupación de camas hospitalarias con énfasis en datos en Unidades de terapia intensiva
- f) Identificación de Conglomerados de casos comunitarios para la oportuna realización de acciones de control, tratamiento y prevención de casos

## 2. **Comunicación de Riesgo:**

a. Difundir a nivel nacional, departamental, municipal y comunitario el riesgo de incremento de transmisión con la identificación de estas variantes en país que pudiera incidir en aumento de casos graves y posibles defunciones, así como enfatizar para que se continúen las acciones de prevención y control establecidas en los acuerdos Ministeriales vigentes relacionados a COVID-19.

Implementar medidas de restricción de la movilización a nivel nacional y/o local según disposiciones de autoridades superiores con mensajes claros y en idiomas locales

## 3. **Vigilancia genómica:**

- a) Revisión de las directrices emanadas en comunicado del LNS de fecha 18 de enero dirigido a directores de hospitales públicos y privados, Directores de Área de Salud y Gerente del Instituto Guatemalteco de Seguridad Social solicitando el apoyo para la coordinación la vigilancia genómica
- b) Envío de muestras al LNS de personas que consulten a sus servicios de salud para la realización de la prueba de diagnóstico SARS CoV-2 y que tengan historial de viaje reciente y con ingreso al país en los últimos 15 días (independiente de resultado de prueba de antígeno).
- c) Envío priorizado de muestras de pacientes con las siguientes características:
  - i. Casos de supercontagios o muertes en supercontagios.
  - ii. Departamentos fronterizos o afluencia comercial alta (Huehuetenango, San Marcos, Quetzaltenango, Izabal, Petén, Chiquimula, Jutiapa, Zacapa)
  - iii. Departamentos con áreas de turismo (Sololá, Sacatepéquez)
  - iv. Aumento de casos graves en niños
  - v. Cuando aparece un caso con sintomatología no reportada por OMS
  - vi. Casos de reinfecciones
  - vii. Cualquier otra indicación que se emita nacional o internacionalmente durante la vigilancia.
- d) Si en su Área de influencia no existe ninguno de los casos listados en el inciso "c" podrán enviar un máximo de 10% de sus muestras positivas para realizar la vigilancia, de acuerdo a los siguientes criterios:
  - Fallecidos o pacientes graves que no presentaban factores de riesgo asociados.
  - Personas asintomáticas con pruebas positivas de Covid-19
- e) **Criterio de aceptación para las muestras:**
  - Envío de muestras según criterios ya establecidos por LNS disponibles en: <http://portal.lns.gob.gt/index.php/component/sppagebuilder/62-secuencia-covid/>

#### Referencias bibliográficas

1. Nota técnica: Caracterización genómica del SARS-CoV-2 y variantes circulantes en la Región de las Américas. Organización Mundial de la Salud, 08 de octubre de 2020. <https://www.paho.org/es/documentos/nota-tecnica-caracterizacion-genomica-sars-cov-2-variantes-circulantes-region-americas>
2. Organización Mundial de la Salud. Actualización epidemiológica semanal – 27 de enero de 2021. <https://www.who.int/publications/m/item/weekly-epidemiological-update---27-january-2021>
3. Organización Mundial de la Salud. Ocurrencia de variantes de SARS-CoV-2 en las Américas. Información preliminar. 11 enero 2021. <https://www.paho.org/es/documentos/ocurrencia-variantes-sars-cov-2-americas-informacion-preliminar>
4. Organización Mundial de la Salud. Actualización epidemiológica: Variantes de SARS-CoV-2 en las Américas – 24 de marzo 2021. <https://iris.paho.org/handle/10665.2/53382>