



GOBIERNO de
GUATEMALA
DR. ALEJANDRO DIAZ WINTER

MINISTERIO DE
SALUD PÚBLICA Y
ASISTENCIA SOCIAL



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

JEFATURA
LABORATORIO NACIONAL DE SALUD
BORVCS - MSPAS
GUATEMALA, C.A.



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,

Ministerio de Salud Pública y Asistencia Social -MSPAS-
Departamento de Epidemiología ///2471-5680
6 avenida 3-45, zona 11, Guatemala, Guatemala.
PBX. 2444-7474 Ext. 1326



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 definidos 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
Total	80		252	

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:

- 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
- Garantizar disponibilidad de insumos para el diagnóstico (rápido y molecular) y envío de muestras a laboratorios de referencia.
- 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.
- 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-america>
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-america-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>



CIRCULAR No TLGG 30-2021

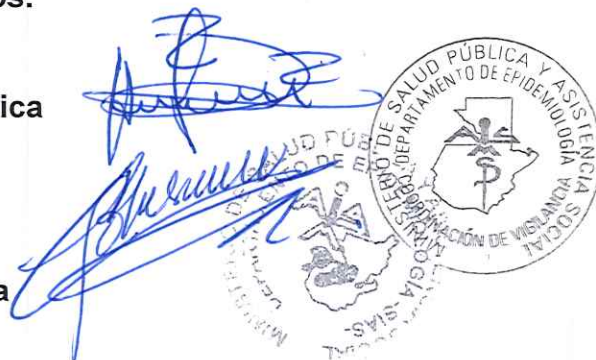
A: Directores, Epidemiólogos y Jefes de Laboratorio de las Áreas de Salud, Hospitales públicos y privados.

De: Dr. Antonio Paredes Samayoa
Coordinador Vigilancia Epidemiológica

Vo. Bo Dra. Lorena Gobern
Jefe Departamento de Epidemiología

Asunto: ALERTA EPIDEMIOLÓGICA VARIANTE DE PREOCUPACIÓN (VOC)
SARS-CoV-2 B.1.1.529 OMICRON

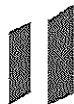
Fecha: Guatemala 26 de noviembre 2021



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).

El Ministerio de Salud de Sudáfrica el 24 de noviembre notificó la identificación de una nueva variante del SARS-CoV-2 linaje B.1.1.529 detectada en 23 de noviembre del año en curso mediante secuenciación genómica viral con muestras procesadas entre el 14 y 22 de noviembre en la provincia de Gauteng. Este linaje posee un alto número de mutaciones previamente observadas en otras variantes de interés (VOI), preocupación (VOC) del virus y adicionalmente más de 30 mutaciones en la proteína S (2).



Un VOI de SARS-CoV-2 es una variante de SARS-CoV-2:

- Con cambios genéticos que se predice o se sabe que afectan las características del virus, tales como transmisibilidad, gravedad de la enfermedad, escape inmunológico, escape diagnóstico o terapéutico; y
- Que ha sido identificado como causante de una transmisión comunitaria significativa o múltiples grupos de COVID-19, en varios países con una prevalencia relativa en aumento junto con un número creciente de casos a lo largo del tiempo u otros impactos epidemiológicos aparentes que sugieren un riesgo emergente para la salud pública mundial.

A la fecha las siguientes están clasificadas en esta categoría:

- Lambda (C.37 detectada en Perú)
- Mu (B.1.621 detectada en Colombia)

Un VOC del SARS-CoV-2, es una variante del SARS-CoV-2 que cumple con la definición de un VOI (ver arriba) y a través de una evaluación comparativa se ha demostrado que está asociado con uno o más de los siguientes cambios en un grado de importancia para la salud pública mundial:

- Aumento de la transmisibilidad o cambio perjudicial en la epidemiología de COVID-19; o
- Aumento de la virulencia o cambio en la presentación clínica de la enfermedad; o
- Disminución de la eficacia de las medidas sociales, de salud pública, de los diagnósticos, vacunas y terapias disponibles.

A la fecha se tiene la siguiente clasificación: Alpha (B.1.1.7 detectada en Reino Unido), Beta (B.1.351 detectada en Sudáfrica), Gamma (P.1 detectada en Brasil) y Delta (B.1.617.2 detectada en India).

El día 26 de noviembre alrededor del medio día el Grupo Técnico Asesor sobre la Evolución del Virus del SRAS-CoV-2 (TAG-VE) informó que la variante del linaje **B.1.1.529** a la Organización Mundial de la Salud (OMS) que dada la evidencia se tiene puede surgir un cambio perjudicial en la epidemiología del COVID-19, la misma debe designarse como una VOC, denominándola la OMS variante **Ómicron**.

La OMS recomienda a los países lo siguiente:

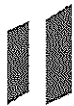


- Mejorar los esfuerzos de vigilancia y secuenciación para comprender mejor las variantes circulantes del SARS-CoV-2.
- Enviar secuencias genómicas completas y metadatos asociados a una base de datos disponible públicamente, como GISAID.
- Notificar los casos / grupos iniciales asociados con la infección por VOC a la OMS a través del mecanismo del RSI.
- Donde exista capacidad y en coordinación con la comunidad internacional, realizar investigaciones de campo y evaluaciones de laboratorio para mejorar la comprensión de los impactos potenciales del VOC en la epidemiología del COVID-19, la gravedad, la eficacia de las medidas sociales y de salud pública, los métodos de diagnóstico, las respuestas inmunitarias, los anticuerpos neutralizantes u otras características relevantes.

En este contexto y ante el riesgo que representa para el país esta nueva variante de preocupación, el Ministerio de Salud Pública y Asistencia Social, declara **ALERTA EPIDEMIOLÓGICA POR VARIANTES DE PREOCUPACION (VOC)OMICROM**, a efecto de realizar entre otras las siguientes acciones en el ámbito público y privado:

1. Vigilancia epidemiológica:

- a) Intensificar acciones de vigilancia, prevención y control en poblaciones de viajeros y migrantes.
- b) 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.
- c) Asegurar acciones de registro y notificación oportuna en todos los centros de diagnóstico para SARS CoV-2 autorizados por el MSPAS.
- d) Garantizar disponibilidad de insumos para el diagnóstico (rápido y molecular) y envío de muestras a laboratorios de referencia.
- e) Intensificar las acciones de estrategia de rastreo de contactos y seguimiento de casos ambulatorios a nivel nacional con énfasis en departamentos y municipios con aumento de casos o defunciones.
- f) Realizar y difundir en su área de influencia la caracterización clínico-epidemiológica de los casos.
- g) Monitoreo y difusión de datos de porcentajes de ocupación de camas hospitalarias con énfasis en datos en Unidades de Terapia Intensiva.



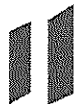
- h) Identificación de conglomerados de casos y defunciones municipales y locales para la oportuna realización de acciones de control, tratamiento y prevención de casos.

2. Comunicación de Riesgo:

Difundir a nivel nacional, departamental, municipal y comunitario el riesgo de incremento de transmisión que representa esta variante en país que puede 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, 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 continuar con 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, con ingreso al país en los últimos 15 días (independiente de resultado de prueba de antígeno).
- c) Envío priorizado de muestras de pacientes sospechosos con las siguientes características:
- i. Migrantes retornados.
 - ii. Viajeros procedentes de cualquier país.
 - iii. Departamentos fronterizos o afluencia comercial alta (Huehuetenango, San Marcos, Quetzaltenango, Izabal, Petén, Chiquimula, Jutiapa, Zacapa).
 - iv. Departamentos con áreas de turismo (Sololá y Sacatepéquez).
 - v. Aumento de casos graves en niños.
 - vi. Cuando aparece un caso con sintomatología no reportada por OMS.
 - vii. Casos de reinfecciones.
 - viii. Cualquier otra indicación que se emita nacional o internacionalmente durante la vigilancia.



4. Fortalecer las acciones de información, educación y comunicación, enfocadas, en la prevención.

- Recomendar el uso correcto y constante de mascarilla.
- Enfatizar en el lavado constante y correcto de manos y/o uso de alcohol en gel al 70%.
- Mantener el distanciamiento físico mínimo de 1.5 metros.
- Evitar aglomeraciones y estar en lugar de mucha afluencia de personas.
- Acudir al servicio de salud si presenta sintomatología de infección respiratorio, guardando las medidas de prevención correspondientes.

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. 1 <https://www.nicd.ac.za/frequently-asked-questions-for-the-b-1-1-529-mutated-sars-cov-2-lineage-in-south-africa/>
3. [https://www.who.int/news/item/26-11-2021-classification-of-omicron-\(b.1.1.529\)-sars-cov-2-variant-of-concern](https://www.who.int/news/item/26-11-2021-classification-of-omicron-(b.1.1.529)-sars-cov-2-variant-of-concern)



MINISTERIO DE SALUD PÚBLICA Y ASISTENCIA SOCIAL

ACUERDO MINISTERIAL NÚMERO 248-2021

Guatemala, 26 de noviembre de 2021

EL MINISTRO DE SALUD PÚBLICA Y ASISTENCIA SOCIAL

CONSIDERANDO

Que para proteger la vida y la salud de los habitantes de la República, el Ministerio de Salud Pública y Asistencia Social está obligado, por mandato constitucional, a impulsar acciones de promoción, prevención, recuperación y rehabilitación de la salud en coordinación con las instituciones estatales, entidades descentralizadas y autónomas, comunidades organizadas y privadas.

CONSIDERANDO

Que mediante el Acuerdo Gubernativo Número 150-2020, emitido por el Presidente de la República de Guatemala en Consejo de Ministros, se dictaron las disposiciones reglamentarias y reformas para garantizar la salud pública derivado de la pandemia COVID-19 y se declaró la continuidad de la emergencia grave como consecuencia de la epidemia Covid-19 y se consideró que para prevenirla, controlarla y mitigarla, existe una serie de acciones y actividades que por salud pública y justicia social se deben impulsar, o en su caso, restringir, por parte de los Ministerios de Estado, los cuales actuarán en cooperación y coordinación con el órgano rector de salud a efecto de priorizar el bienestar de la población en general.

CONSIDERANDO

Que el Ministerio de Salud Pública y Asistencia Social, como Órgano Rector de la Salud en Guatemala, por la situación generada debido a la nueva variante de preocupación del virus SARS-CoV-2 clasificada por la Organización Mundial de la Salud como variante de preocupación denominada "*Omicron*"; encontrándose el país en alerta epidemiológica por dicho virus y su variante, que obliga la intensificación de la vigilancia epidemiológica debido al riesgo que puede significar para la vida y la salud de los guatemaltecos y, basado en el principio de precaución y análisis de riesgos de impacto realizado de estas nuevas variantes, precisa dictar la presente disposición legal, la cual es de estricto interés del Estado.

POR TANTO

En ejercicio de las funciones que le confiere el Artículo 194 literales a) y f) de la Constitución Política de la República de Guatemala y con fundamento en los Artículos 93, 94 y 95 de ese mismo cuerpo legal; 27 literales a), f) y m) del Decreto número 114-97, Ley del Organismo Ejecutivo; y, 3, 4, 5, 6, 7, 9 literal a), 58 y 60 del Decreto número 90-97, Código de Salud, ambos del Congreso de la República de Guatemala.

ACUERDA

APROBAR LA ALERTA SANITARIA NACIONAL NÚMERO 02-2021

Artículo 1. Aprobación. Se aprueba la Alerta Sanitaria Nacional Número 02-2021, conforme lo dispuesto en el presente Acuerdo Ministerial.

Artículo 2. De la Alerta Sanitaria Nacional. El Ministerio de Salud Pública y Asistencia Social, en calidad de ente rector de la salud, derivado de la situación generada por la nueva variante de la infección por coronavirus del SARS-CoV-2 identificada, y con la finalidad de proteger la salud y bienestar de los habitantes de la República, con base al Código de Salud y el Código de Migración, dispone, en coordinación con las demás entidades estatales y privadas, aplicar las acciones siguientes:

- a) Notificar a puntos de entrada aéreos, terrestres y marítimos, líneas aéreas, y operadores turísticos, que se limitará el ingreso al país a toda persona extranjera cuya procedencia original en los últimos 14 días sea de: Sudáfrica, Namibia, Botswana, Mozambique, Lesotho, Zimbabwe, Eswatini y Egipto.
- b) Para guatemaltecos, extranjeros con residencia permanente en Guatemala, personas del cuerpo diplomático acreditado en el país y tripulación de aeronaves, cuya procedencia original en los últimos 14 días previos al ingreso al país sea de los territorios citados en la literal a), **NO** se limitará el ingreso, sin embargo, deberán cumplir con los requisitos establecidos en el documento "Lineamiento nacional para la prevención de COVID-19 para viajes internacionales hacia Guatemala"; y adicionalmente, cumplir con cuarentena de 10 días en el lugar que indique la persona, quien sufragará sus propios costos.
- c) Reportar a las personas identificadas en la literal b), a la Unidad de Vigilancia Epidemiológica del Ministerio de Salud Pública y Asistencia Social correspondiente en los puestos migratorios, terrestres, marítimos y aéreos, para estricto seguimiento de casos y contactos.
- d) Difundir las disposiciones anteriormente mencionadas a todas las embajadas y consulados acreditados en nuestro país, representaciones diplomáticas en otros países del mundo, así como a todos los operadores y promotores de turismo en nuestro país.
- e) Intensificar acciones de vigilancia epidemiológica y genómica a nivel nacional en todos los servicios de salud pública, Seguro Social y privados del país.

Artículo 3. Procedimientos migratorios. El Ministerio de Salud Pública y Asistencia Social, en su calidad de ente rector de la salud, exhorta al Instituto Guatemalteco de Migración la aplicación de lo normado en el Artículo 59 del Código de Migración, por el bien de la salud de los habitantes de la República de Guatemala.

Se solicita a las siguientes instituciones notificar la Alerta Sanitaria en referencia de forma inmediata y tomar las acciones que corresponda en el ámbito de su competencia:

- a) Instituto Guatemalteco de Migración.
- b) Dirección General de Aeronáutica Civil.
- c) Ministerio de Relaciones Exteriores.
- d) Ministerio de la Defensa Nacional.
- e) Ministerio de Gobernación.
- f) Instituto Guatemalteco de Turismo.
- g) Instituto Guatemalteco de Seguridad Social.

Artículo 4. Ámbito temporal. Estas disposiciones son de forma preventiva y temporal, las cuales serán actualizadas de acuerdo con el comportamiento y evidencia científica mundial de esta nueva variante del virus SARS-CoV-2, y estarán vigentes hasta nueva disposición para lo cual el Ministerio de Salud Pública y Asistencia Social informará a las instituciones y población en general.

Artículo 5. Vigencia. El presente Acuerdo Ministerial se considera de estricto interés del Estado y empieza a regir el día de su publicación en el Diario de Centro América y deberá publicarse en la página web oficial del Ministerio de Salud Pública y Asistencia Social.

COMUNÍQUESE


DOCTOR FRANCISCO JOSÉ COMA MARTÍN
MINISTRO DE SALUD PÚBLICA Y ASISTENCIA SOCIAL




DOCTOR JORGE FRANCISCO MENESES
VICEMINISTRO DE SALUD PÚBLICA Y ASISTENCIA SOCIAL





CIRCULAR No 30

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

De: Dra. Lorena Gobern
Jefe Departamento de Epidemiología
Departamento de Epidemiología

Lic QB César Cónde
Jefe Laboratorio Nacional de Salud

Vo. Bo. Dr. Edwin Eduardo Montufar Velarde
Viceministro de Salud Pública y Asistencia Social

Licda Leslie Lorena Samayoa Jerez
Viceministra de Salud Pública y Asistencia Social

Asunto: ALERTA EPIDEMIOLÓGICA POR HALLAZGO DE
VARIANTE VOC B.1.617.2 -Delta- SARS-CoV-2 EN GUATEMALA

Fecha: Guatemala 09 de agosto 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).

A nivel mundial, hasta la fecha se han identificado 4 variantes de SARS-CoV-2 (Alfa, Beta, Gamma y Delta (Tabla 1), que han sido clasificadas como variantes de preocupación, siguiendo la convención del Grupo de Trabajo de la OMS sobre la Evolución de SARS-CoV-2. Así como 4 variantes de interés (Tabla 2) (2).



Tabla 1. Variantes de preocupación (VOC) actuales

Variante de preocupación (VOC)		
Denominación de OMS	Linaje Pango	País y fecha de primera identificación
Alfa	B.1.1.7	Reino Unido (septiembre/20)
Beta	B.1.351	África del Sur (mayo/20)
Gamma	P.1	Brasil (noviembre/20)
Delta	B.1.617.2	India (octubre/20)

Fuente: Organización Panamericana de la Salud www.paho.org

Tabla 2. Variantes de interés (VOI) actuales

Variantes de interés (VOI)		
Denominación de OMS	Linaje Pango	País y fecha de primera identificación
Eta	B.1.525	Diferentes Países (dec/20)
Iota	B.1.526	Estados Unidos de América (nov/20)
Kappa	B.1.617.1	India (oct/20)
Lambda	C.37	Perú (dec/20)

Fuente: Organización Panamericana de la Salud www.paho.org

Existen varios países con un aumento de casos y hospitalizaciones, con el surgimiento de la variante de preocupación (VOC, por sus siglas en inglés) Delta, incluyendo Estados Miembros de las Américas con alta cobertura de vacunación.

En julio de 2020, fue notificado por primera vez la variante B.1.617.2 que posteriormente fue designada como VOC Delta, con un daño importante para la salud, sin embargo, más de 13 meses después, fue notificado por 135 países a nivel mundial y 24 países y territorios en la Región de las Américas. Cabe señalar que, a partir de abril de 2021, se observa un aumento exponencial en las muestras de VOC Delta a nivel mundial. En julio de 2021, se observó un predominio global de VOC Delta en casi el 90% de las muestras de todo el mundo (2).

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

- Aumento de la transmisibilidad o el daño causado por el cambio en la epidemiología de la COVID-19.



- Aumento de la virulencia o cambio en la presentación clínica de la enfermedad, o
- Disminución de la eficacia de las medidas de distanciamiento social y de salud pública o de los diagnósticos, vacunas y terapéuticas disponibles.

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. En la alerta epidemiológica del 25 de junio de 2021, se informó la presencia de tres variantes de Preocupación:

- B.1.1.7 Alfa
- B.1.351 Beta
- P.1 Gamma

Como fortalecimiento de la Vigilancia Genómica de SARS-CoV-2 en el país, la Asociación de Salud Integral-ASI- quienes cuentan con la capacidad instalada y la competencia en el tema de secuenciación, a través del proyecto “Análisis descriptivo del COVID-19 mediante secuenciación del genoma completo de SARS-CoV-2 en Guatemala” y en concordancia con los criterios definidos por el Laboratorio Nacional de Salud han procesado muestras proporcionadas por diferentes servicios de salud tanto públicos como privados.

Recientemente se realizó una corrida de 58 muestras efectivas, las cuales fueron tomadas del 02 de junio al 21 de julio de 2021, cuyos resultados se obtuvieron el día de hoy 09/08/2021, obteniéndose la siguiente distribución:

Tabla 3. Frecuencias de linajes encontrados en las muestras secuenciadas.

LINAJE	FRECUENCIA	DENOMINACIÓN OMS
<i>Variantes de Preocupación (VOC)</i>		
P.1	12	GAMA
B.1.617.2	14	DELTA
<i>Otras variantes</i>		
A.2.5	22	
B.1.628	4	
B.1.627	2	
B.1.429	3	
B.1.621	1	
TOTAL	58	

Fuente: Datos producidos por Asociación de Salud Integral -ASI-

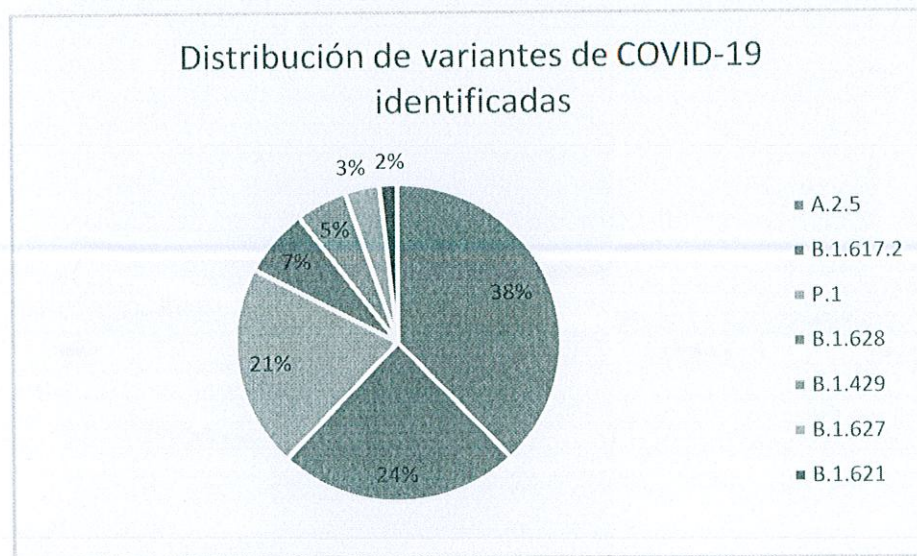


Tabla 4. Porcentaje de linajes encontrados en las muestras secuenciadas, proyecto “Análisis descriptivo del COVID-19 mediante secuenciación del genoma completo de SARS-CoV-2 en Guatemala”

VOC/VOI	Variante	Porcentaje
--	A.2.5	37.9
Delta	B.1.617.2	24.1
Gamma	P.1	20.7
--	B.1.628	6.9
--	B.1.429	5.2
--	B.1.627	3.4
--	B.1.621	1.7
Total		99.9

Fuente: Datos producidos por Asociación de Salud Integral –ASI-

Gráfica No 1. Porcentaje de linajes encontrados en las muestras secuenciadas, proyecto “Análisis descriptivo del COVID-19 mediante secuenciación del genoma completo de SARS-CoV-2 en Guatemala”



Fuente: Datos producidos por Asociación de Salud Integral –ASI-

Caracterización de pacientes con Variantes Delta:

De los 14 casos con identificación de Variante B.1.617.2 (con muestra tomada durante los meses de junio y julio) siete (50%) son femeninos, con edades comprendidas entre 8 y 78 años (mediana de 31 años), todos procedentes del departamento de Guatemala, atendidos en hospitales privados; 10 registraron antecedente de actividad de riesgo previo al diagnóstico (viaje, reunión familiar y reunión con amigos) y seis (6) con antecedente de vacunación (cinco con esquema completo); siete (50%)



presentaban sintomatología leve, en el resto no se registro ningún síntoma, y ninguno fue registrado como hospitalizado.

Durante este año se ha trabajado colaborativamente con ASI, para monitorear las diferentes variantes del SARS-CoV-2 durante la pandemia, procesando muestras a lo largo de marzo 2020 a la fecha, a partir del mes de agosto se ha intensificado la búsqueda de las diferentes con énfasis en la variante Delta, semanalmente se estarán procesando al menos 80 muestras a nivel local, con la finalidad de disminuir los tiempos de respuesta y obtener los resultados de manera oportuna de las variantes circulantes.

Ante este hallazgo el Ministerio de Salud Pública y Asistencia Social de la República de Guatemala, emite la siguiente ALERTA EPIDEMIOLÓGICA POR VARIANTE B.1.617.2 (VOC) DELTA 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 con prioridad en municipios de alta densidad poblacional o con incremento de casos por 100,000 hb en los últimos 14 días
- b) Intensificar acciones de registro y notificación oportuna en todos los centros de diagnóstico para SARS CoV-2 autorizados por el MSPAS
- c) Correcto llenado de información requerida en la ficha de vigilancia epidemiológica COVID-19
- d) Intensificar acciones de vigilancia, prevención y control el poblaciones migrantes (con énfasis en retornados de Estados Unidos)
- e) Garantizar disponibilidad de insumos para el diagnóstico (rápido y molecular) y envío de muestras a laboratorios de referencia.
- f) 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.
- g) Realizar y difundir en su área de influencia la caracterización clínico-epidemiológica de los casos de los últimos 14 días.
- h) Monitoreo y difusión de datos de porcentajes de ocupación de camas hospitalarias con énfasis en datos en Unidades de terapia intensiva
- i) 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 esta variante y las otras VOC circulantes en el país que esta impactando en el aumento de casos graves y defunciones, así como enfatizar para que se continúen las acciones de prevención y control establecidas en los acuerdos Ministeriales vigentes relacionados a COVID-19, con mensajes claros y en idiomas locales
- b. Enfatizar no realizar o asistir a eventos de riesgo como: Reuniones de más de 5 personas



- Evitar asistir a lugar concurridos o con aglomeraciones
- c. Uso correcto y permanente de la mascarilla, lavado de manos, uso de alcohol en gel
- d. Asistencia oportuna a los servicios de salud al inicio de síntomas para diagnóstico y evaluación médica

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:
- Casos graves con evolución clínica de corta duración (1 -3 días)
 - Casos de supercontagios o muertes en supercontagios.
 - Aumento de casos graves en niños
 - Cuando aparece un caso con sintomatología no reportada por OMS
 - Casos de reinfeccionesCualquier otra indicación que se emita nacional o internacionalmente durante la vigilancia.
 - Migrantes retornados
 - Personas con antecedente de vacunación
- 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/>

Otros:

Implementar medidas de restricción de la movilización a nivel nacional y/o local según disposiciones de autoridades superiores

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. Actualización epidemiológica: Incremento de la variante delta y su impacto potencial en la región de las Américas 8 de agosto de 2021.
<https://www.paho.org/es/file/93027/download?token=4mMn0B2o>



CIRCULAR JEFATURA No. TLGG- 16-2021

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

De: Dra. Lorena Gobern
Jefe Departamento de Epidemiología
Departamento de Epidemiología

Lic QB César Cónde
Jefe Laboratorio Nacional de Salud

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

Asunto: ALERTA EPIDEMIOLÓGICA POR HALLAZGO DE VARIANTE VOC B.1.1.7 DE SARS-CoV-2 EN GUATEMALA

Fecha: Guatemala 14 de mayo 2021

A. Antecedentes a nivel mundial

Según la Organización Mundial de la Salud/ Oficina Sanitaria Panamericana de la Salud (OMS/OPS) desde la identificación inicial del SARS-CoV-2, hasta el 22 de marzo de 2021, se han compartido, a nivel mundial, más de 845.000 secuencias genómicas completas a través de bases de datos de acceso público (1). El monitoreo de los cambios en el virus tiene un impacto directo en la respuesta de salud pública a la pandemia de COVID-19, permitiendo identificar cambios en los patrones epidemiológicos, o en la virulencia o en la disminución de la eficacia terapéutica, entre otros.

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

- Marcadores genéticos específicos que se prevé que afecten la transmisión, el diagnóstico, los tratamientos o el escape inmunitario
- Evidencia de que es la causa de una mayor proporción de casos o clústeres de brotes particulares, evidencia de mayor transmisibilidad
- Evidencia del impacto sobre el diagnóstico, los tratamientos o las vacunas
- Interferencia generalizada con los objetivos de las pruebas de diagnóstico
- Evidencia de susceptibilidad sustancialmente menor a una o más clases de tratamientos
- Evidencia de reducción significativa en la neutralización por anticuerpos generados durante una infección anterior o la vacunación

Ministerio de Salud Pública y Asistencia Social -MSPAS-

Departamento de Epidemiología ///2471-5680

6 avenida 3-45, zona 11, Guatemala, Guatemala.

PBX. 2444-7474 Ext. 1326



- Evidencia de una menor protección inducida por la vacuna ante enfermedades graves
- Evidencia de mayor gravedad de la enfermedad.

Al 11 de mayo 2021 se han identificado cuatro 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); B.1.617 detectada en India. (2)

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.

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 encontró en el país durante ese periodo, asimismo, el linaje B.1 es el predominante dentro de dicho grupo. En la alerta epidemiológica del 08 de abril el mes de enero 2021 se detectaron **cinco 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 fallecido. Estos linajes son identificados como variantes de interés (VOI).

El 12 de mayo se recibe notificación de la Asociación de Salud Integral, realizaron secuenciación de varias muestras de pacientes procedentes de un hospital privado positivos a SARS CoV-2 logrando identificar en una muestra todas las mutaciones que caracterizan el **linaje B.1.1.7** conocido como **Variante del Reino Unido** clasificada por la OMS como VOC.

Estos resultados fueron confirmados por el Hospital y Escuela de Medicina, Mount Sinai en Nueva York, además, fueron registrados en:

<https://na01.safelinks.protection.outlook.com/?url=https%3A%2F%2Fvirological.org%2Ft%2Fpangolin-web-application-release%2F482&data=04%7C01%7C%7C5d24a52b10e44328d2308d9166bc7c9%7C84df9e7f9f640afb435aaaaaaaaaaaa%7C1%7C0%7C637565474428947752%7CUnknown%7CTWS>



[pbGZsb3d8eyJWljiOiMC4wLjAwMDAiLCJQIjoiV2luMzliLCJBTiI6Ikl1haWwiLCJXVCI6Mn0%3D%7C1000∓reserved=0](https://na01.safelinks.protection.outlook.com/?url=https%3A%2F%2Fwww.gisaid.org%2F∓data=04%7C01%7C%7C5d524a52b10e44328d2308d9166bc7c9%7C84df9e7fe9f640afb435aaaaaaaaaaaa%7C1%7C0%7C637565474428947752%7CUnknown%7CTWFpbGZsb3d8eyJWljiOiMC4wLjAwMDAiLCJQIjoiV2luMzliLCJBTiI6Ikl1haWwiLCJXVCI6Mn0%3D%7C1000∓reserved=0)

Adicionalmente la secuencia se encuentra en el repositorio internacional (<https://na01.safelinks.protection.outlook.com/?url=https%3A%2F%2Fwww.gisaid.org%2F∓data=04%7C01%7C%7C5d524a52b10e44328d2308d9166bc7c9%7C84df9e7fe9f640afb435aaaaaaaaaaaa%7C1%7C0%7C637565474428947752%7CUnknown%7CTWFpbGZsb3d8eyJWljiOiMC4wLjAwMDAiLCJQIjoiV2luMzliLCJBTiI6Ikl1haWwiLCJXVCI6Mn0%3D%7C1000∓reserved=0>)

La muestra pertenece a un paciente masculino de 68 años de edad, asintomático, contacto cercano de un caso sintomático leve positivo. Ambos con antecedente de haber regresado de viaje (25 de marzo) de Estados Unidos (Miami) el caso positivo inició síntomas el 7 de abril procediendo a obtención de muestra en esa fecha. No existe evidencia epidemiológica hasta el momento de casos secundarios en familiares o amigos y actualmente ambos casos se encuentran clasificados como recuperados.

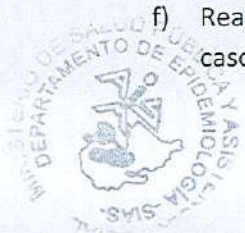
Es importante indicar que en el país:

- La vigilancia genómica se encuentra en reciente desarrollo
- Existe evidencia de incremento en la incidencia y mortalidad nacional registrada en las últimas 8 semanas
- Se podría esperar que esta y otras variantes VOC estén circulando en el país

En este contexto, el Ministerio de Salud Pública y Asistencia Social de la República de Guatemala, declara ALERTA EPIDEMIOLÓGICA POR VARIANTE B.1.1.7 (VOC) a efecto de realizar entre otras las siguientes acciones en el ámbito público y Privado:

1. Vigilancia epidemiológica:

- a) Intensificar acciones de vigilancia, prevención y control en poblaciones migrantes (con énfasis en retornados de Estados Unidos) y viajeros
- b) 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
- c) Asegurar acciones de registro y notificación oportuna en todos los centros de diagnóstico para SARS CoV-2 autorizados por el MSPAS
- d) Garantizar disponibilidad de insumos para el diagnóstico (rápido y molecular) y envío de muestras a laboratorios de referencia.
- e) 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.
- f) Realizar y difundir en su área de influencia la caracterización clínico-epidemiológica de los casos de los últimos 14 días.





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

2. **Comunicación de Riesgo:**

- a) Incrementar mensajes de prevención a los viajeros por las Aerolíneas y agencias de viajes.
- b) Difundir a nivel nacional, departamental, municipal y comunitario el riesgo de incremento de transmisión con la identificación de esta variante en país que puede 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, 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 2021 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. Migrantes retornados y viajeros
 - ii. Departamentos fronterizos o afluencia comercial alta (Huehuetenango, San Marcos, Quetzaltenango, Izabal, Petén, Chiquimula, Jutiapa, Zacapa)
 - iii. Departamentos con áreas de turismo (Sololá, Sacatepéquez entre otros)
 - iv. Aumento de casos graves en niños
 - v. Cuando aparece un caso con sintomatología no reportada por OMS
 - vi. Casos de reinfecciones
- 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. Organización Mundial de la Salud. Actualización epidemiológica semanal – 11 de mayo de 2021. <https://www.who.int/publications/m/item/weekly-epidemiological-update-on-covid-19---11-may-2021>
2. 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-america>
3. 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>
4. 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-america-informacion-preliminar>



CIRCULAR No TLGG 25-2021

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

De: Dra. Lorena Gobern
Jefe Departamento de Epidemiología
Departamento de Epidemiología

Lic QB César Cónde
Jefe Laboratorio Nacional de Salud

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

Asunto: ALERTA EPIDEMIOLÓGICA POR HALLAZGO DE VARIANTES VOC ALPHA,
GAMA Y BETA DE SARS-CoV-2 EN GUATEMALA

Fecha: Guatemala 25 de junio 2021

A. Antecedentes a nivel mundial

Según la Organización Mundial de la Salud/ Oficina Sanitaria Panamericana de la Salud (OMS/OPS) desde la identificación inicial del SARS-CoV-2, hasta el 22 de marzo de 2021, se han compartido, a nivel mundial, más de 845.000 secuencias genómicas completas a través de bases de datos de acceso público (1). El monitoreo de los cambios en el virus tiene un impacto directo en la respuesta de salud pública a la pandemia de COVID-19, permitiendo identificar cambios en los patrones epidemiológicos, o en la virulencia o en la disminución de la eficacia terapéutica, entre otros.

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).

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

Marcadores genéticos específicos que se prevé que afecten la transmisión, el diagnóstico, los tratamientos o el escape inmunitario.

- Evidencia de que es la causa de una mayor proporción de casos o clústeres de brotes particulares
- Evidencia del impacto sobre el diagnóstico, los tratamientos o las vacunas
 - Interferencia generalizada con los objetivos de las pruebas de diagnóstico
 - Evidencia de susceptibilidad sustancialmente menor a una o más clases de tratamientos
 - Evidencia de reducción significativa en la neutralización por anticuerpos generados durante una infección anterior o la vacunación
 - Evidencia de una menor protección inducida por la vacuna ante enfermedades graves
- Evidencia de mayor transmisibilidad
- Evidencia de mayor gravedad de la enfermedad

Al 31 de mayo 2021 la OMS anunció nuevas denominaciones de las variantes de interés y variantes de preocupación, el listado de las variantes de SARS-CoV-2, de acuerdo con la clasificación de la OMS al 15 de junio de 2021, se encuentra disponible en la Tabla 1.

Hasta la fecha se han identificado cuatro **variantes de preocupación (VOC por su acrónimo en inglés)** que son: en el Reino Unido e Irlanda del Norte, denominada **Alpha**, perteneciente al linaje B.1.1.7; en la República de Sudáfrica, denominada **Beta**, perteneciente al linaje B.1.351, la variante denominada **Gamma** en Brasil/Japón que pertenece al linaje P.1 y la variante de la India denominada Delta que pertenece al linaje B.1.617.2

Tabla 1. Variantes de preocupación (VOC) y variantes de interés (VOI), según clasificación de la OMS al 15 de junio de 2021.

Variantes de SARS-CoV-2 Clasificación OMS	Denominación OMS	Linaje Pango	Primera detección
Variante de preocupación	Alfa	B.1.1.7	Reino Unido
	Beta	B.1.351	Sudáfrica
	Gamma	P.1	Brasil
	Delta	B.1.617.2	India
Variante de interés	Épsilon	B.1.427/B.1.429	Estados Unidos de América
	Zeta	P.2	Brasil
	Eta	B.1.525	Múltiples países
	Theta	P.3	Filipinas
	Iota	B.1.526	Estados Unidos de América
	Kappa	B.1.617.1	India
	Lambda	C.37	Perú

Fuente: OMS. Actualización epidemiológica semanal de la COVID-19

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 Variantes de interés del grupo genético G es la variante que se encontraba en el país durante ese periodo, asimismo, el linaje



B.1 es el predominante dentro de dicho grupo. En el mes de enero se detectaron 5 muestras 5 muestras con linaje B.1.429 y dos muestras con linaje B.1.427, ambas denominadas Épsilon. El 12 de mayo se recibe notificación de la Asociación de Salud Integral, informando que con fondos privados realizaron secuenciación de varias muestras de pacientes procedentes de un hospital privado positivos a SARS CoV-2 logrando identificar en una muestra todas las mutaciones que caracterizan el linaje B.1.1.7, denominada Alpha, documentada en Reino Unido. Derivado de estos hallazgos el país ha emitido 2 alertas epidemiológicas con los hallazgos identificados y los lineamientos de vigilancia epidemiológica, laboratorial y de comunicación de riesgo para el nivel nacional

Con la finalidad de fortalecer la vigilancia genómica a finales del mes de abril, en el Laboratorio Nacional de Salud se implementó un nuevo algoritmo para el tamizaje de 3 variantes de preocupación, este tamizaje se realizó a través de un RT-PCR para la Detección de la delección NSP6 S106/G107/F108, presente en las siguientes variantes de preocupación del SARS-CoV-2:

- P.1 (cladoNextstrain 20J/501Y.V3, PANGO linaje B.1.1.28.1)
- VOC 202012/01 (cladoNextstrain 20I/501Y.V1, PANGO linaje B.1.1.7)
- 501Y.V2 (cladoNextstrain 20H/501Y.V2, PANGO linaje B.1.351)

La implementación del tamizaje para detección de VOC se realizó en conjunto con la Organización Panamericana de la Salud/Organización Mundial de la Salud (OPS/OMS). Esta metodología indica la presencia o ausencia de las VOC; sin embargo, no diferencia entre las mismas. Por lo tanto, una vez detectada una VOC, se debe realizar la respectiva secuenciación para conocer a cuál VOC pertenece. Hasta la fecha se han tamizado para este procedimiento 2,901 muestras, correspondiente a los meses de febrero a junio de 2021 (primeras dos semanas de junio), las cuales ingresaron al LNS para detección de SARS-CoV-2 y muestras referidas por diferentes servicios de salud como parte de la vigilancia genómica. Del total de muestras procesadas (Tabla No.1). en el tamizaje se detectaron 152 VOC positivo

Tabla 1. Detección de VOC en muestras ingresadas para detección de SARS-CoV-2 y para secuenciación en el LNS.

	Muestras ingresadas para detección de SARS-CoV-2	Muestras ingresadas para secuenciación	TOTAL
-Tamizadas para VOC	2221	680	2901
-Positivas VOC	62	90	152

Fuente: Datos producidos en el Laboratorio Nacional de Salud.

La procedencia de las muestras positivas para VOC sin secuenciación genómica proceden de los departamentos de Guatemala, Retalhuleu, San Marcos, Jalapa, Jutiapa, Zacapa, El Progreso, Chimaltenango, Chiquimula, Sololá, Alta Verapaz y Quetzaltenango. Asimismo, se encontraron



muestras positivas para VOC de muestras enviadas por el Aeropuerto Internacional "La Aurora" de viajeros de nacionalidad guatemalteca procedentes de México y Estados Unidos.

De estas muestras, se seleccionaron y enviaron 50 muestras de los meses de marzo y abril que cumplieran con los criterios de selección de muestras positivas por SARS-CoV-2 para secuenciación de genomas completos y recomendaciones para su envío, establecidas por el Instituto Conmemorativo Gorgas de Estudios de la Salud (ICGES) de Panamá, como centro colaborador de OMS, para determinar el linaje y grupo genético. De las muestras enviadas, se obtuvieron resultados de 46 muestras, con variantes de preocupación y de interés, los cuales se presentan a continuación en la tabla 2 y 3.

Tabla 2. Frecuencias de linajes encontrados en las muestras seleccionadas para secuenciar.

LINAJE	FRECUENCIA	DENOMINACIÓN OMS	PRIMERA DETECCIÓN
<i>Variantes de Preocupación (VOC)</i>			
B.1.1.7	13	ALFA	REINO UNIDO
P.1	3	GAMMA	BRASIL
B.1.351	1	BETA	SUDÁFRICA
<i>Variantes de Interés (VOI)</i>			
B.1.526	3	IOTA	EEUU
B.1.429	1	ÉPSILON	EEUU

Tabla 3. Grupos genéticos de las muestras seleccionadas para secuenciar.

GRUPO GENETICO	FRECUENCIA
G	26
S	11
GH	5
GR	4
TOTAL	46

Fuente: Datos producidos por el Instituto Conmemorativo Gorgas de Estudios de la Salud

De las 17 secuencias genómicas obtenidas de variantes VOC el mayor porcentaje pertenecieron a la variante Alfa ($n = 13$, 76.5%), seguido de la variantes Gamma ($n = 3$, 17.6%) y Beta ($n = 1$, 5.9%). De las 4 secuencias genómicas obtenidas de variantes VOI la mayoría pertenecieron a la variante Iota ($n = 3$, 75%) y variante Épsilon ($n = 1$, 25%).

Se determinó que de las 46 secuencias genómicas obtenidas se pudo determinar la circulación de nuevos grupos genéticos, siendo el de principal circulación el Grupo G con un 56.52%, cuya presencia se reportó desde el inicio de la pandemia, además se detectó el Grupo S con un 23.91%.



Los pacientes tienen edades que oscilan entre 16 y 67 años con media de 34; 12 son del sexo masculino y 5 femeninos.

Las 13 Alpha proceden de pacientes residentes de los siguientes departamentos: Guatemala (7), El Progreso (2) Santa Rosa (2) , (1) de Retalhuleu (caso de reinfección) y una pendiente de confirmar residencia (viajero procedente de Estados Unidos)

Las 3 Gamma proceden de: 1 de San Marcos y las otras 2 son de viajeros guatemaltecos procedentes de México (se investiga dirección de residencia en nuestro país)

La Beta corresponde a un paciente viajero guatemalteco procedente de Estados Unidos.

Con la finalidad de seguir fortaleciendo la Vigilancia Genómica del SARS-CoV-2, se tiene programado a corto plazo con el apoyo de OPS, implementar RT-PCR tiempo real para determinar las Variantes de Preocupación Alfa, Beta, Gama, con lo cual se acortaría el tiempo de análisis para determinar la presencia de estas cepas. Además, se tiene planificado el envío de más muestras VOC positivo y negativo para secuenciación al Instituto Gorgas de Panamá con la finalidad de conocer que otras variantes están circulando en el país.

En este contexto, y ante el incremento de casos y defunciones reportadas en las ultimas semanas epidemiológicas el Ministerio de Salud Pública y Asistencia Social de la República de Guatemala, declara ALERTA EPIDEMIOLÓGICA POR VARIANTES DE PREOCUPACION ALPHA, BETA Y GAMA (VOC) a efecto de realizar entre otras las siguientes acciones en el ámbito público y Privado:

1. Vigilancia epidemiológica:

- a) Intensificar acciones de vigilancia, prevención y control el poblaciones de viajeros, migrantes (con énfasis en retornados de Estados Unidos)
- b) 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
- c) Asegurar acciones de registro y notificación oportuna en todos los centros de diagnóstico para SARS CoV-2 autorizados por el MSPAS
- d) Garantizar disponibilidad de insumos para el diagnóstico (rápido y molecular) y envío de muestras a laboratorios de referencia.
- e) 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.
- f) Realizar y difundir en su área de influencia la caracterización clínico-epidemiológica de los casos de los últimos 14 días.
- g) Monitoreo y difusión de datos de porcentajes de ocupación de camas hospitalarias con énfasis en datos en Unidades de terapia intensiva
- h) Identificación de conglomerados de casos y defunciones municipales y locales 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 esta variante en país que puede 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, 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 continuar con 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 sospechosos con las siguientes características:
- Migrantes retornados
 - Viajeros procedentes de cualquier país
 -
 - Departamentos fronterizos o afluencia comercial alta (Huehuetenango, San Marcos, Quetzaltenango, Izabal, Petén, Chiquimula, Jutiapa, Zacapa)
 - Departamentos con áreas de turismo (Sololá, Sacatepéquez)
 - Aumento de casos graves en niños
 - Cuando aparece un caso con sintomatología no reportada por OMS
 - Casos de reinfecciones
 - 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/>

Otros:

Implementar medidas de restricción de la movilización a nivel nacional y/o local según disposiciones de autoridades superiores

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 – 11 de mayo de 2021. <https://www.who.int/publications/m/item/weekly-epidemiological-update-on-covid-19---11-may-2021>
3. Actualización Epidemiológica Enfermedad por coronavirus (COVID-19) – 19 de junio 2021 <https://www.paho.org/es/documentos/actualizacion-epidemiologica-enfermedad-por-coronavirus-covid-19-19-junio-2021>
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>