

## 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](http://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](http://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>B.1.617.2</b>	14	<b>DELTA</b>
<i>Otras variantes</i>		
A.2.5	22	
B.1.628	4	
B.1.627	2	
B.1.429	3	
B.1.621	1	
<b>TOTAL</b>	<b>58</b>	

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

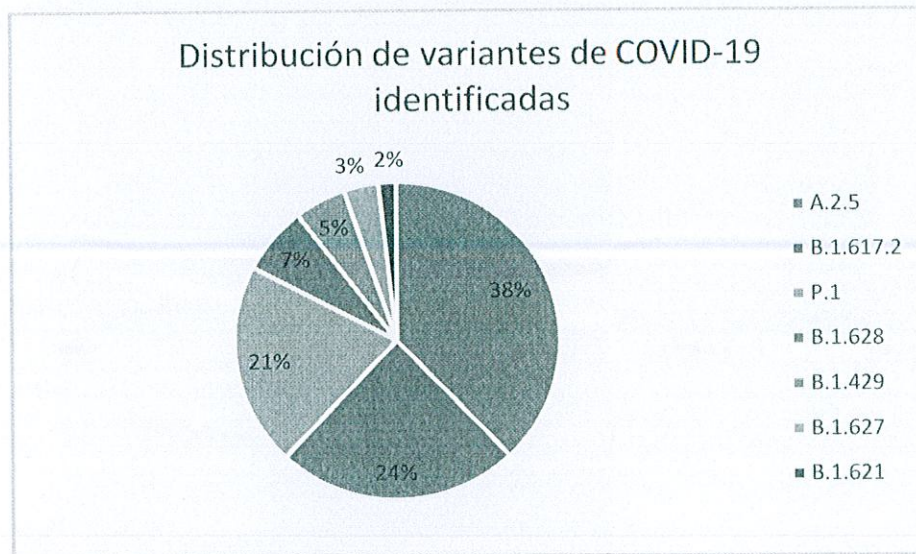


Tabla 4. Porcentaje de linajes encontrados en las muestras secuenciadas, proyecto “Análisis descriptivo del COVID-19 mediante secuenciación del genoma completo de SARS-CoV-2 en Guatemala”

VOC/VOI	Variante	Porcentaje
--	A.2.5	37.9
<b>Delta</b>	<b>B.1.617.2</b>	<b>24.1</b>
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:
  - i. Casos graves con evolución clínica de corta duración (1 -3 días)
  - ii. Casos de supercontagios o muertes en supercontagios.
  - iii. Aumento de casos graves en niños
  - iv. Cuando aparece un caso con sintomatología no reportada por OMS
  - v. Casos de reinfecciones Cualquier otra indicación que se emita nacional o internacionalmente durante la vigilancia.
  - vi. Migrantes retornados
  - vii. 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>