



**LINEAMIENTOS PARA EL ABORDAJE DE CASOS POSITIVOS PARA
SECUENCIACIÓN DE SARS-CoV-2 PARA PACIENTES QUE ASISTEN A
HOSPITALES PRIVADOS, PÚBLICOS Y AL INSTITUTO GUATEMALTECO DE
SEGURIDAD SOCIAL –IGSS–**

29 enero 2021

ANTECEDENTES

La enfermedad por coronavirus (COVID 19) es una enfermedad infecciosa causada por un coronavirus descubierto recientemente. La mayoría de las personas infectadas por el virus de COVID-19 presentan cuadros respiratorios de leves a moderados y se recuperan sin tratamiento especial. Las personas mayores y las que padecen afecciones médicas subyacentes, como enfermedades cardiovasculares, diabetes, enfermedades respiratorias crónicas o cáncer, tienen más probabilidades de presentar un cuadro grave. El virus de COVID 19 se propaga principalmente a través de las gotículas de saliva o las secreciones nasales que se generan cuando una persona infectada tose o estornuda, por lo que es importante que se tomen precauciones al toser y estornudar (por ejemplo, tapándose la boca con el codo flexionado).

En la semana del 11 al 17 de enero, a nivel mundial se notificaron 4,7 millones de casos nuevos, una disminución del 6% con respecto a la semana anterior, y el número de nuevas muertes ha subido a un récord de 93,000; un aumento del 9% con respecto a la semana anterior. Esto eleva las cifras acumuladas a más de 93 millones de casos notificados y más de 2 millones de muertes en todo el mundo desde el inicio de la pandemia (1).

En la Región de las Américas en la misma semana se notificaron más de 2,4 millones de casos nuevos y más de 43,000 nuevas muertes, una disminución del 2% y un aumento del 15% respectivamente en comparación con la semana anterior. Durante las últimas cuatro semanas el mayor número de casos lo sigue notificando Estados Unidos de América (1 583 237 casos nuevos, 478,3 casos nuevos por 100,000 habitantes, una disminución del 11%) Brasil (379 784 casos nuevos, 178,7 casos nuevos por 100,000 habitantes, un aumento del 21%) y Colombia (114 611 casos nuevos, 225,2 casos nuevos por 100,000 habitantes, un aumento del 14%). El mayor número de muertes se registró en los Estados Unidos de América (23 198 nuevas muertes, 7,0 nuevas muertes por 100 000, un aumento del 12%), México (6 953 nuevas muertes, 5,4 nuevas muertes por 100 000, un aumento del 25%) y Brasil (6 786 nuevos fallecidos, 3,2 nuevas muertes por 100 000, un aumento del 12%) (1).

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

Laboratorio Nacional de Salud



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) (2).

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. Entre los virus respiratorios, la caracterización genética de los virus influenza es un ejemplo clásico de cómo la estrategia ha proporcionado información, entre otros, para la composición de la vacuna, el diagnóstico molecular, el monitoreo de resistencia a antivirales y la vigilancia de los 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 el desarrollo oportuno de protocolos de diagnóstico y seguimiento a la evolución de la pandemia de COVID-19. Así, la secuenciación genómica 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 (2).

En los últimos meses, tres variantes diferentes de SARS-CoV-2 han sido notificadas a la OMS como eventos inusuales de salud pública: 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.1.35 y la variante denominada P.1 en Brasil que pertenece al linaje B.1.1.28 (3,4)

Hallazgos y datos preliminares, tanto epidemiológicos, de modelización, filogenéticos y clínicos sugieren que el SARS-CoV-2 VOC 202012/01 posee mayor transmisibilidad. Sin embargo, los análisis preliminares hasta la fecha no indican cambios en la gravedad de la enfermedad (medida por la duración de la hospitalización y la tasa de letalidad a los 28 días), o la aparición de reinfección entre los casos positivos a esta variante en comparación con casos por otros linajes de SARS-CoV-2 que circulan en el Reino Unido. Aun sin que se observe mayor gravedad en los casos, preocupa el aumento de transmisibilidad, porque se asocia a un importante impacto de salud pública, debido al aumento de casos en un plazo de tiempo limitado (4).

Hasta la fecha, 60 países de las seis regiones de la OMS han notificado casos importados o transmisión comunitaria de VOC 202012/01, mientras que fuera de Sudáfrica, un total de 23 países, en cuatro de las seis regiones de la OMS, han notificado casos de la variante 501Y.V25. En cuanto a la variante P.1 se ha reportado en 8 países (2-4).

Según investigaciones preliminares realizado en Manaus, Estado de Amazonas en Brasil ha habido un aumento de la proporción de casos secuenciados para la variante P.1 indicando

Laboratorio Nacional de Salud



transmisión local, lo que aumenta la preocupación de reinfección o transmisión acelerada de la enfermedad (3).

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 del Ministerio de Salud Pública y Asistencia Social. En el mes de septiembre se seleccionaron 30 muestras positivas de hisopado nasofaríngeo para COVID-19 de los meses de mayo a agosto del año 2020, las cuales fueron procesadas en el Laboratorio Regional de Secuenciación, Fiocruz-Brasil. De las 30 muestras enviadas, fue posible secuenciar 20 evidenciando que el grupo genético G es la variante genética que se encuentra en el país durante este periodo.

La enfermedad por el coronavirus 2019 (COVID-19) se ha propagado a través de varias fronteras, lo que ha dado lugar a la demanda de medidas de detección y gestión de los casos sospechosos en los puntos de entrada, en particular los puertos, aeropuertos y pasos fronterizos (5).

Además, se deberá tomar en cuenta lo indicado en el Acuerdo Ministerial número 299-2020 donde se indica Aprobar la Alerta Sanitaria Número 02-2020 en la que se limita el ingreso a la República de Guatemala a las personas extranjeras que han estado en los 14 días anteriores a su arribo en el territorio del Reino Unido de Gran Bretaña e Irlanda del Norte y Sudáfrica (6).

OBJETIVOS

1. Generar información genética mediante la vigilancia genómica de casos confirmados de COVID-19 de pacientes que asisten a los servicios de salud públicos y privados del país, así como del Instituto Guatemalteco de Seguridad Social –IGSS-.
2. Determinar las variantes genéticas del SARS-CoV-2 de casos confirmados para COVID-19 de pacientes que asisten a los servicios de salud públicos y privados del país, así como del Instituto Guatemalteco de Seguridad Social –IGSS-.
3. Detectar oportunamente las variantes genómicas del SARS-CoV-2 de interés nacional e internacional.

ALCANCE

Aplica a los pacientes con sintomatología de infección por COVID-19 que buscan atención médica en los servicios de salud públicos y privados del país, así como en el Instituto Guatemalteco de Seguridad Social –IGSS-.

Laboratorio Nacional de Salud



ESTRATEGIA

En los diferentes Hospitales y seguro social del país pueden presentarse los siguientes escenarios, para lo cual deberán seguir las indicaciones:

ESCENARIO A

Si el **resultado es positivo para la prueba rápida de antígeno** deberá tomar nueva muestra de hisopado nasofaríngeo en medio de transporte viral (MTV) y deberá ser enviada al Laboratorio Nacional de Salud, en cadena de frío y con su respectiva solicitud de análisis de secuenciación (Anexo No. 2), para la confirmación del diagnóstico por medio de PCR en tiempo real y secuenciación de SARS-CoV-2.

ESCENARIO B

Si el **resultado es negativo para la prueba rápida de antígeno y presenta síntomas de COVID-19** deberá tomar nueva muestra de hisopado nasofaríngeo en medio de transporte viral (MTV) para su confirmación por PCR en tiempo real y secuenciación de SARS-CoV-2 en el caso que el resultado final sea positivo, en cadena de frío y con su respectiva solicitud de análisis de secuenciación (Anexo No. 2),.

ESCENARIO C

Si el **resultado es positivo para la prueba PCR** deberá enviar una alícuota de la muestra (500 µl), deberá ser congelada a -80°C hasta su envío al Laboratorio Nacional de Salud, en cadena de frío y con su respectiva solicitud de análisis de secuenciación (Anexo No. 2), para la confirmación del diagnóstico por medio de PCR en tiempo real y secuenciación de SARS-CoV-2.

Si se tiene alguna consulta, favor comunicarse al LNS al tel. 664-0599 extensión 213 con la Licda. Claudia Estrada o Licda. Christa Leal o a los correos estrada.claudia@lns.gob.gt y leal.christa@lns.gob.gt

BIBLIOGRAFÍA

1. Organización Mundial de la Salud. Actualización epidemiológica semanal – 19 de enero de 2021. <https://www.who.int/publications/m/item/weekly-epidemiological-update---19-january-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-americas>

Laboratorio Nacional de Salud



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-americas-informacion-preliminar>
5. Acuerdo Ministerial número 299-2020. Alerta Sanitaria Número 02-2020. Ministerio de Salud Pública y Asistencia Social. 21 de diciembre 2020. <https://legal.dca.gob.gt/GestionDocumento/VisualizarDocumento?verDocumentoPr evia=True&versionImpresa=False&doc=79429>
6. Dirección General del Sistema de atención Integral en Salud –DGSIAS- Departamento de Epidemiología, Unidad de Gestión de Riesgos, COPRECOVID. PROCEDIMIENTOS PARA LA PREPARACIÓN Y RESPUESTA FRENTE AL NUEVO CORONAVIRUS COVID-19 MINISTERIO DE SALUD PÚBLICA Y ASISTENCIA SOCIAL: Lineamiento nacional para la prevención de COVID-19 para viajes internacionales hacia y desde Guatemala. Anexo 3.9. <https://igm.gob.gt/protocolo-de-ingreso-al-pais-covid19/>
7. Guía de Vigilancia Epidemiológica de Infección Respiratoria Aguda por COVID-19. Departamento de Epidemiología. Ministerio de Salud Pública y Asistencia Social.

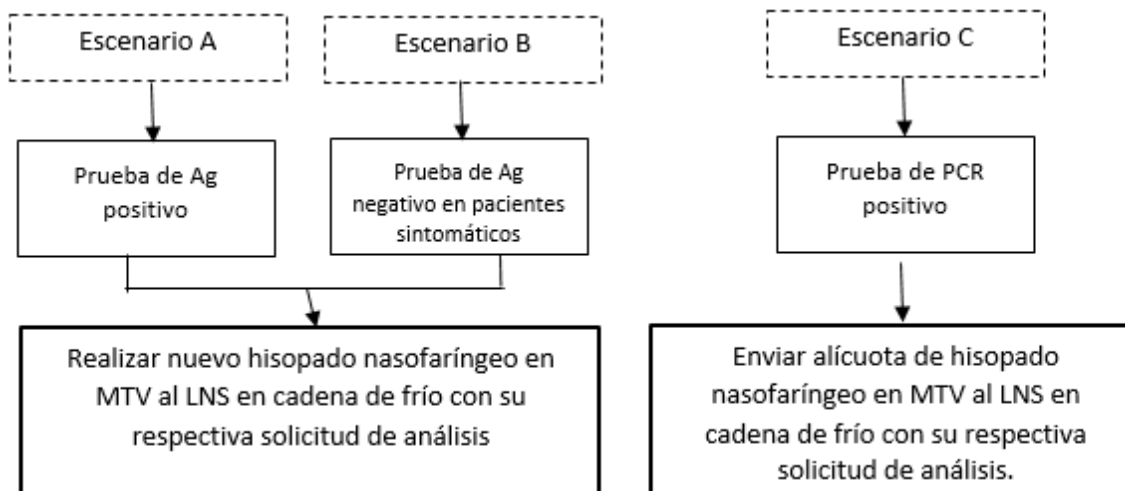


Laboratorio Nacional de Salud



ANEXOS

Anexo 1. Escenarios para la realización de prueba diagnóstica de COVID-19 y referencia para secuenciación.



Fuente: Laboratorio Nacional de Salud, Unidad Central de Referencia para la Vigilancia Epidemiológica, Área Virología.

Anexo 2. Solicitud de Análisis, Secuenciación SARS-CoV-2



MINISTERIO DE SALUD PÚBLICA Y ASISTENCIA SOCIAL
DIRECCION GENERAL DE REGULACIÓN, VIGILANCIA Y CONTROL DE LA SALUD
LABORATORIO NACIONAL DE SALUD
UNIDAD CENTRAL DE REFERENCIA PARA LA VIGILANCIA EPIDEMIOLÓGICA
Kilómetro 22 Carretera al Pacífico Bárcena, Villa Nueva, Guatemala C.A.
PBX 6644-0599 EXT. 214
ÁREA DE VIROLOGÍA
SOLICITUD DE ANÁLISIS, SECUENCIACIÓN SARS-CoV-2

VSIRF014
Rev. 0
Pág. 1 de 1

ÁREA DE SALUD: _____ Fecha: _____

Nombre/Identificador	Procedencia	Sexo	Edad	Antecedente de viaje	Fecha de inicio de síntomas	Síntomas presentados (Severos, leves, fuera de lo normal)	Resolución de caso	Tipo de muestra	Fecha de toma de muestra	Observaciones

Nombre, Firma y Sello del solicitante

Este documento pertenece al Sistema de Gestión del LNS, la copia impresa se convierte en una versión no controlada.

Laboratorio Nacional de Salud

Kilómetro 22 carretera al Pacífico, Bárcena Villa Nueva
PBX: 6644-0599 / www.lns.gob.gt / informacion@lns.gob.gt