

## Introducción

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 (**Tabla 1** y **Figura 1**). Por diversos procesos de microevolución y presiones de selección, pueden aparecer algunas mutaciones adicionales, generando diferencias al interior de cada grupo genético (denominadas variantes). Es importante mencionar, que la denominación de clado, linaje, variante, etc., son arbitrarias y no corresponden a una jerarquía taxonómica oficial.

Con la información disponible a la fecha, la mayoría de los cambios del SARS-CoV-2 ha tenido poco o ningún impacto en cómo se transmite o en la gravedad de la enfermedad que causa.

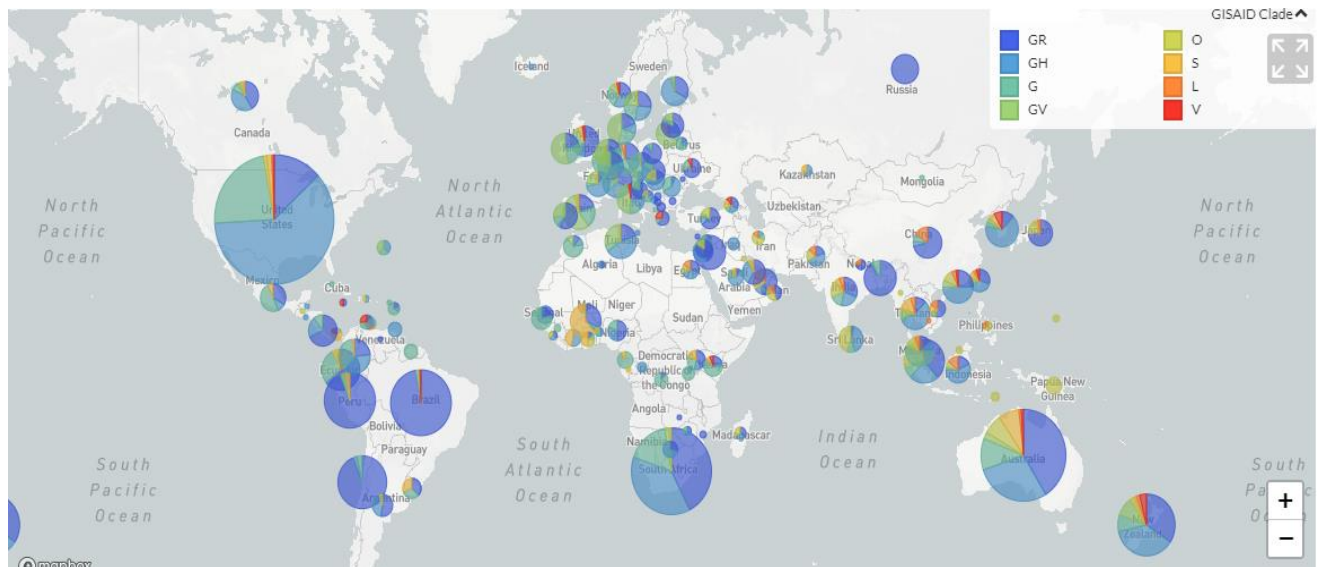
**Tabla 1.** Mutaciones que definen las variantes genéticas de SARS-CoV-2

Grupo Genético		Mutaciones de referencia para el grupo genético	Mutaciones en la proteína S
S	A	C8782T, T28144C, NS8-L84S	N439K N501T V503F S494P N501Y S477N
L	B	C241, C3037, A23403, C8782, G11083, G25563, G26144, T28144, G28882	N439K N501T V503F S494P N501Y S477N
V	B.2	G11083T, G26144T, NSP6-L37F, NS3-G251V	N439K N501T V503F S494P N501Y S477N
G	B.1	C241T, C3037T, A23403G, S-D614G	N501S N501H V503F T478I F490Y Y453F V445A A475S N439K A475V F490S G446V S477I S477N G476S T478R N501Y E484K N437S S477T S494P
GH	B.1.*	C241T, C3037T, A23403G, G25563T, S-D614G + NS3-Q57H	N501T E484Q K417N V503F N501I N501Y E484A E484K N439K T478K G485R S494P A475V G446V Q493K S477N
GR	B.1.1.1	C241T, C3037T, A23403G, G28882A, S-D614G + N-G204R	K417N V503F Y453F S494L A475V G446V F490S S477R S477I F490L S477N G476S N501T V445I N501Y G447V E484K K458N T478K S494P
GV	B.1.177	C241T, C3037T, A23403G, C22227T, S-D614G + S-A222V	N501S N501H V503F T478I F490Y Y453F V445A A475S N439K A475V F490S G446V S477I S477N G476S T478R N501Y E484K N437S S477T S494P

**Fuente:** GISAID. Disponible en: <https://platform.gisaid.org>. Accedida el 19 de enero de 2021.

**Cita sugerida:** Organización Panamericana de la Salud / Organización Mundial de la Salud. Ocurrencia de variantes de SARS-CoV-2 en las Américas. 20 de enero de 2021, Washington, D.C. OPS/OMS. 2021.

**Figura 1.** Distribución geográfica de las variantes genéticas de SARS-CoV-2



**Fuente:** GISAID. Disponible en: <https://bit.ly/3qA9nXI> Accedido el 18 de enero de 2021.

Desde la identificación inicial del SARS-CoV-2, hasta la fecha, se han compartido, a nivel mundial, más de 387.500 secuencias genómicas completas a través de bases de datos de acceso público. La capacidad de monitorear la evolución viral casi en tiempo real tiene un impacto directo en la respuesta de salud pública a la pandemia de COVID-19.

La comprensión, cada vez mayor, de cómo los datos de secuenciación genómica (GSD por sus siglas en inglés) pueden contribuir a mejorar la salud pública justifica e insta a expandir la capacidad de secuenciación; sin embargo, persisten los desafíos para la implementación generalizada (suficiente personal entrenado, disponibilidad de equipos, reactivos e infraestructura bioinformática, garantía de la calidad del dato, y capacidades para su interpretación y utilización). Actualmente, la capacidad de secuenciación y los datos no se distribuyen uniformemente en todo el mundo, con una representación sesgada del SARS-CoV-2 GSD de países de ingresos altos<sup>1</sup>. Este sesgo, debe considerarse cuando se evalúa la presencia o ausencia en una variante determinada en un lugar y su frecuencia relativa.

## Caracterización genómica del SARS-CoV-2

Los informes recientes de diferentes variantes del SARS-CoV-2 han vuelto a despertar interés y preocupación por el impacto de los cambios virales. En los últimos meses, dos 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 y en Sudáfrica, denominada 501Y.V2, perteneciente al linaje B.1.351.

---

<sup>1</sup> OMS. Secuenciación genómica del SARS-CoV-2 para objetivos de salud pública. Guía provisional, 8 de enero de 2021. WHO/2019-nCoV/genomic\_sequencing/2021.1. Disponible en inglés en: <https://bit.ly/38uAr0>

### **Variante VOC 202012/01, linaje B.1.1.7**

El 14 de diciembre de 2020, las autoridades del Reino Unido notificaron a la OMS una variante denominada por el Reino Unido como SARS-CoV-2 VOC 202012/01. Esta variante contiene 23 sustituciones de nucleótidos y no está relacionada filogenéticamente con el virus SARS-CoV-2 que circulaba en el Reino Unido en el momento en que se le detectó. No está claro cómo y dónde se originó.

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<sup>2</sup>.

Hasta el 19 de enero de 2021, fuera del Reino Unido, 60 países y territorios de las seis regiones de la OMS han notificado casos importados o transmisión comunitaria de VOC 202012/01<sup>3</sup>(**Figura 2**), cifra que representa 20 países y territorios adicionales desde la publicación del documento titulado “Ocurrencia de variantes de SARS-CoV-2 en las Américas. Información preliminar” el 11 de enero de 2021<sup>4</sup>.

### **Variante 501.V2, linaje B.1.351**

El 18 de diciembre de 2020, las autoridades nacionales de Sudáfrica anunciaron la detección de una nueva variante del SARS-CoV-2 que se está extendiendo rápidamente en tres provincias de Sudáfrica. Sudáfrica ha denominado a esta variante 501Y.V2, debido a una mutación N501Y. Si bien la variante VOC 202012/01 también tiene la mutación N501Y, el análisis filogenético ha demostrado que 501Y.V2 detectada en Sudáfrica es una variante diferente.

Los datos genómicos destacaron que la variante 501.V2 desplazó rápidamente a otros linajes que circulan en Sudáfrica. Estudios preliminares, sugieren que esta variante está asociada con una carga viral más alta, lo que podría sugerir un potencial de mayor transmisibilidad. No obstante, es necesario continuar con la investigación de este y otros factores que influyen en la transmisibilidad<sup>5</sup>.

Además, en esta etapa de las investigaciones en curso, no hay evidencia clara de que la nueva variante esté asociada con una enfermedad más grave o peor desenlace. Se necesitan más investigaciones para comprender el impacto en la transmisión, la gravedad clínica de la infección, los diagnósticos de laboratorio, la terapéutica, las vacunas o las medidas preventivas de salud pública<sup>5</sup>. Aunque esta nueva variante no parece causar enfermedad más grave, el

---

<sup>2</sup> OMS. Variantes de SARS-CoV-2. 31 de diciembre de 2020. Disponible en: <https://bit.ly/2Nif1j6>

<sup>3</sup> OMS. Actualización epidemiológica semanal de COVID-19. Publicada el 19 de enero de 2021. Disponible en: <https://bit.ly/2LE5Kl5>

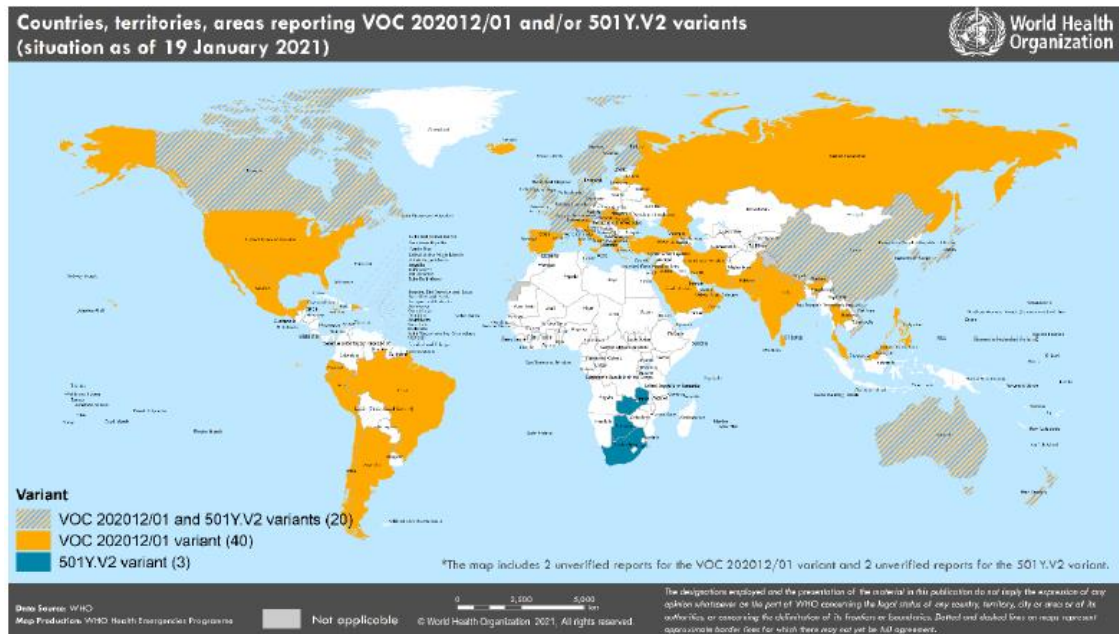
<sup>4</sup> OPS/OMS. Ocurrencia de variantes de SARS-CoV-2 en las Américas. Información preliminar al 11 de enero de 2021, Washington, D.C. OPS/OMS. 2021. Disponible en: <https://bit.ly/2LeZBeX>

<sup>5</sup> OMS. Actualización epidemiológica semanal de COVID-19. Publicada el 5 de enero de 2021. Disponible en: <https://bit.ly/3oGtAeg>

rápido aumento observado en el número de casos ha colocado a los sistemas de salud bajo presión<sup>6</sup>.

Hasta el 19 de enero de 2021, fuera del Sudáfrica, 23 países de cuatro de las seis regiones de la OMS han notificado casos de variante 501Y.V2<sup>3</sup> (**Figura 2**), cifra que representa 17 países adicionales desde la publicación del documento titulado "Ocurrencia de variantes de SARS-CoV-2 en las Américas. Información preliminar" el 11 de enero de 2021<sup>4</sup>.

**Figura 2.** Distribución geográfica de las variantes genéticas de SARS-CoV-2: VOC 202012/01 y 501Y.V2, 19 de enero de 2021.



**Fuente:** OMS. Actualización epidemiológica semanal de COVID-19. Publicada el 19 de enero de 2021. Disponible en: <https://bit.ly/2LE5K15>

Se están realizando más investigaciones epidemiológicas y virológicas para seguir evaluando la transmisibilidad, gravedad, riesgo de reinfección y respuesta de anticuerpos a estas nuevas variantes, así como el impacto potencial sobre las medidas de salud pública, incluidos el diagnóstico, el tratamiento y las vacunas.

### Otras variantes de potencial interés en salud pública.

Adicionalmente a las variantes ya mencionadas, Brasil, los Estados Unidos de América y Japón, han notificado la detección de variantes cuyo alcance e importancia para la salud pública de estas nuevas variantes requieren más investigación epidemiológica y de laboratorio.<sup>5</sup>

---

<sup>6</sup> OMS. Actualización epidemiológica semanal de COVID-19. Publicada el 12 de enero de 2021. Disponible en: <https://bit.ly/2Knxzxm>

## Linaje B.1.1.28

El linaje fue descrito por primera vez en Brasil el 5 de marzo de 2020 por el Instituto Adolfo Lutz en un paciente de 22 años. Este linaje, ha estado circulando en Reino Unido (3,0%), Australia (1,0%), Estados Unidos (1,0%), y Portugal (1,0%)<sup>7</sup>.

## Variante P.1, linaje B.1.1.28

El 9 de enero de 2021, **Japón** notificó a la OMS sobre una nueva variante del SARS-CoV-2, B.1.1.28 (inicialmente informada como B.1.1.248), detectada en cuatro viajeros procedentes de Brasil. Esta variante, no está relacionada de manera cercana a las variantes SARS-CoV-2 VOC 202012/01 ni a la variante 501Y.V2.

Esta variante tiene 12 mutaciones en la proteína Espícula, que incluyen tres mutaciones de interés en común con 501Y.V2, es decir, K417N / T, E484K y N501Y, que pueden afectar la transmisibilidad y respuesta inmune del huésped<sup>5</sup>.

El 12 de enero de 2021, investigadores en **Brasil**<sup>8</sup> informaron sobre la detección de una variante del linaje B.1.1.28 que, al igual que la variante P.1, presenta la mutación E484K, la cual probablemente ha evolucionado independientemente de la variante detectada entre los viajeros en Japón. La detección fue realizada en el estado de Amazonas.

Adicionalmente, otros investigadores de Brasil informaron sobre la realización de 148 secuencias del genoma completo del SARS-CoV-2 del estado de Amazonas, en la cual se identificaron 69 (47%) secuencias B.1.1.28 muestreadas de diferentes municipios entre el 13 de abril y el 13 de noviembre de 2020, siendo ésta la variante más prevalente en ese estado brasileño<sup>9,10,11</sup>.

## Variante L452R

En los **Estados Unidos**, el Departamento de Salud Pública de California (CDPH, por sus siglas en inglés), en coordinación con el condado de Santa Clara y la Universidad de California en San Francisco (UCSF, por sus siglas en inglés), anunció el 17 de enero de 2021 que la variante de SARS-CoV-2, L452R, se detecta con mayor frecuencia, mediante secuenciación genómica del virus en varios condados del estado de California. Las investigaciones sobre esta variante y su impacto en la salud pública se encuentran en curso<sup>12</sup>.

---

<sup>7</sup> GISAID. Disponible en: <https://www.gisaid.org/>

<sup>8</sup> Faria N, Morales I, Candido D, et al. Genomic characterization of an emergent SARS-CoV-2 lineage in Manaus: preliminary findings. Disponible en: <https://bit.ly/3qx9aEU>

<sup>9</sup> Ministerio de Salud de Brasil. Red Genómica Fundación Oswaldo Cruz (FioCruz). Nota Técnica 2021/01. Disponible en: <https://bit.ly/3sBdYLe>

<sup>10</sup> Naveca F, Nascimento V, Souza V. et al. Phylogenetic relationship of SARS-CoV-2 sequences from Amazonas with emerging Brazilian variants harboring mutations E484K and N501Y in the Spike protein. Disponible en: <https://bit.ly/3sC2Tti>

<sup>11</sup> Información disponible en: <https://bit.ly/38VU3yH>

<sup>12</sup> Departamento de Salud Pública de California. Comunicado de prensa. Disponible en: <https://bit.ly/3bVtc7V>

## Variantes genéticas del SARS-CoV-2 en las Américas

La región de las Américas ha contribuido a la generación de datos de secuenciación genómica mediante la Red Regional de Vigilancia Genómica de COVID-19<sup>13,14</sup>, la cual está abierta a todos los países de la región, a través de los Laboratorios Nacionales de Salud Pública o instituciones públicas equivalentes. Esta Red incluye dos Laboratorios Regionales de Secuenciación (Fiocruz-Brasil y el Instituto de Salud Pública-Chile), los que brindan secuenciación externa para los laboratorios participantes de la red que no tienen la capacidad para secuenciar<sup>15</sup>.

Hasta el 19 de enero de 2021, países y territorios de las Américas han publicado en la plataforma GISAID 87.851 genomas del SARS-CoV-2, recolectados entre febrero 2020 y enero de 2021. Los países y territorios que han contribuido son: Antigua y Barbuda, Argentina, Aruba, Belice, Bermuda, Bolivia, Brasil, Canadá, Chile, Colombia, Costa Rica, Cuba, Curazao, Ecuador, El Salvador, Estados Unidos de América, Guadalupe, Guatemala, Jamaica, México, Panamá, Perú, República Dominicana, San Bartolomé, San Eustaquio, San Kitts y Nieves, San Martín, San Vicente y las Granadinas, Suriname, Trinidad y Tabago, Uruguay y Venezuela.

Con relación a la situación en la Región de las Américas, hasta el 18 de enero de 2021, 10 países (dos países adicionales en relación con la publicación del 11 de enero de 2021<sup>3</sup>) han notificado la detección de la variante VOC 202012/01 (**Tabla 2**), un país la detección de la variante 501Y.V2 y dos países la detección de mutaciones de potencial interés para la salud pública (**Tabla 2**).

---

<sup>13</sup> Red Regional de Vigilancia Genómica de COVID-19. Disponible en: <https://bit.ly/3bu0aez>

<sup>14</sup> Según la Resolución CD58.R9 - La pandemia de COVID-19 en la Región de las Américas, "El 58.o Consejo Directivo resuelve solicitar a la Directora que: mantenga la red regional para la vigilancia de la influenza y otros virus respiratorios, y la amplíe mediante la creación de una red regional de vigilancia genómica;"

<sup>15</sup> OPS/OMS. Nota Técnica: Caracterización genómica del SARS-CoV-2 y variantes circulantes en la Región de las Américas. Disponible en: <https://bit.ly/3i4klf>

**Tabla 2.** Detección de la variante SARS-CoV-2 VOC 202012/01, la variante 501Y.V2 y otras mutaciones de interés para la salud pública en la Región de las Américas, al 18 de enero de 2021.

País	Variante SARS-CoV-2 VOC 202012/01	Variante 501Y.V2	Otras mutaciones de potencial interés para la salud pública
Argentina	Si	No	No
Brasil	Si	No	Si (E484K)
Canadá	Si	Si	No
Chile	Si	No	No
Ecuador	Si	No	No
Estados Unidos de América	Si	No	Si (L452R)
Jamaica	Si	No	No
México	Si	No	No
Perú	Si	No	No
República Dominicana	Si	No	No

**Fuente:** Información compartida por los Centros Nacionales de Enlace para Reglamento Sanitario Internacional (RSI) o publicada en los sitios web de los Ministerios de Salud, Agencias de Salud o similares y reproducidos por la OPS/OMS.

Hasta el 19 de enero de 2021, los **Estados Unidos** es el país en la Región de las Américas que ha notificado el número más alto de casos en los cuales se ha detectado la variante SARS-CoV-2 VOC 202012/01 (122 casos<sup>16</sup>), distribuidos en 20 estados<sup>17</sup>, siendo los estados de California y Florida los que concentran 70% de los casos notificados.

Hasta el 15 de enero de 2021, **Canadá**<sup>18</sup> y **Chile**<sup>19</sup> han notificado 23 y 20 casos con la variante SARS-CoV-2 VOC 202012/01, respectivamente.

Por otra parte, hasta el 15 de enero de 2021, la variante 501.V2, linaje B.1.35, ha sido detectada sólo en Canadá (2 casos) en la Región de las Américas.

<sup>16</sup> El número de casos notificados se basa en una muestra de muestras positivas para SARS-CoV-2 y no representa el número total de casos del linaje B.1.1.7 que puede estar circulando en los Estados Unidos de América y es posible que no coincida con los números informados por los estados, territorios, tribus y funcionarios locales. Centros para el control y prevención de enfermedades (CDC por sus siglas en inglés). Disponible en: <https://bit.ly/39K33pV>

<sup>17</sup> Centros para el control y prevención de enfermedades (CDC por sus siglas en inglés). Disponible en: <https://bit.ly/39K33pV>

<sup>18</sup> Agencia de Salud Pública de Canadá. Disponible en: <https://bit.ly/39K4F2X>

<sup>19</sup> Ministerio de Salud de Chile. Reporte circulación de SARS-CoV-2 VOC 202012/01 en Chile. Disponible en: <https://bit.ly/2KuWS0s>

## Conclusiones y orientaciones para las autoridades nacionales

Las autoridades nacionales y locales deben continuar fortaleciendo las actividades de control de enfermedades existentes, incluido el monitoreo de sus epidemias a través de la vigilancia epidemiológica en curso y los testeos estratégicos; realizar investigaciones de brotes y búsqueda de contactos; y, cuando corresponda, ajustar las medidas sociales y de salud pública para reducir la transmisión del SARS-CoV-2.

La información disponible indica que ambas variantes de interés (VOC 202012/01 y 501Y.V2) se han identificado en las Américas. La frecuencia de detección de estas variantes es aún muy limitada hasta la fecha. No obstante, existe la posibilidad de que gradualmente se incremente la detección de estas variantes en las próximas semanas y meses.

Así como de los patrones de circulación global, la detección de las variantes del SARS-CoV-2 en un país y lugar específico también dependen de la capacidad que cada país tenga de realizar vigilancia genómica.

La OPS/OMS ha venido fortaleciendo la capacidad que cada país realice vigilancia genómica desde marzo de 2020 en el marco de la Red Regional de Vigilancia Genómica de la COVID-19 e insta a los Estados Miembros a participar en esta Red y a realizar la secuenciación, de acuerdo con las muestras recomendadas y los planteamientos técnicos de esta Red.

Además de recomendar la publicación oportuna de las secuencias en la plataforma GISAID, la OPS/OMS solicita a los países la notificación inmediata de la primera detección de las variantes VOC 202012/01 y 501Y.V2 al primer nivel subnacional en base a datos mínimos de acuerdo con el documento de la OMS, disponible en: <https://bit.ly/3sd4Psb>

Igualmente se recomienda monitorear constantemente los cambios repentinos e importantes de incidencia (por ejemplo, del 50% en un periodo de 2–4 semanas) que ocurran a la luz de las medidas de salud pública y de distanciamiento de social implementadas, cumplidas por la población. El cálculo y monitoreo de la incidencia en base a fecha de inicio de síntomas (comparado a la fecha de notificación) debería contribuir a mejorar la oportunidad del monitoreo.

La OPS/OMS recomienda que en caso de síntomas que sugieran una enfermedad respiratoria aguda durante o después del viaje, se recomienda a los viajeros que busquen atención médica y compartan su historial de viajes con su proveedor de atención médica. Las autoridades sanitarias deben trabajar con los sectores de transporte y turismo para proporcionar a los viajeros información para reducir el riesgo de infección.

De conformidad con el asesoramiento proporcionado por el Comité de Emergencia sobre COVID-19 en su reunión más reciente<sup>20</sup>, la OMS recomienda que los Estados Parte reconsideren periódicamente las medidas aplicadas a los viajes internacionales de conformidad con el artículo 43 del Reglamento Sanitario Internacional (2005) y continúen proporcionando

---

<sup>20</sup> OMS. Declaración acerca de la sexta reunión del Comité de Emergencias del Reglamento Sanitario Internacional (2005) sobre la pandemia de enfermedad por el coronavirus de 2019 (COVID-19). 15 de enero de 2021. Disponible en: [https://www.who.int/es/news/item/15-01-2021-statement-on-the-sixth-meeting-of-the-international-health-regulations-\(2005\)-emergency-committee-regarding-the-coronavirus-disease-\(covid-19\)-pandemic](https://www.who.int/es/news/item/15-01-2021-statement-on-the-sixth-meeting-of-the-international-health-regulations-(2005)-emergency-committee-regarding-the-coronavirus-disease-(covid-19)-pandemic)



información y justificación a la OMS sobre las medidas que interfieren significativamente con el tráfico internacional. Insta a los Estados parte a utilizar criterios coordinados, con plazos limitados, basados en los riesgos y fundamentados en datos probatorios para definir medidas sanitarias aplicables a los viajes internacionales.

En todas las circunstancias, los viajes esenciales (p. Ej., Personal de emergencia; proveedores de apoyo técnico de salud pública; personal crítico en el sector del transporte y la seguridad, como la gente de mar; repatriaciones; y transporte de carga para suministros esenciales como alimentos, medicinas y combustible) identificados por los países deben ser siempre priorizados y facilitados.

Adicionalmente, la OPS/OMS mantiene las recomendaciones publicadas a través de las Alertas y Actualizaciones Epidemiológicas de COVID-19 emitidas a la fecha y disponibles en: <https://bit.ly/3dErsyG>

A continuación, se listan los enlaces a una serie de guías, informes científicos y otros recursos publicados por la OPS/OMS y la OMS.

<p><b>Vigilancia, equipos de respuesta rápida e investigación de casos</b></p> 	<p><b>Manejo Clínico</b></p> 
<p>Acceda a los documentos en inglés en este enlace: <a href="https://bit.ly/30zjmCj">https://bit.ly/30zjmCj</a></p> <p>Acceda a los documentos en español en los siguientes enlaces: <a href="https://bit.ly/2SyV6Mg">https://bit.ly/2SyV6Mg</a> y <a href="https://bit.ly/33AsZCL">https://bit.ly/33AsZCL</a></p>	<p>Acceda a los documentos en inglés en este enlace: <a href="https://bit.ly/3li6wQB">https://bit.ly/3li6wQB</a></p> <p>Acceda a los documentos en español en los siguientes enlaces: <a href="https://bit.ly/2SyV6Mg">https://bit.ly/2SyV6Mg</a> y <a href="https://bit.ly/3i8IJR">https://bit.ly/3i8IJR</a></p>
<p><b>Laboratorio</b></p> 	<p><b>Prevención y control de infecciones</b></p> 
<p>Acceda a los documentos en inglés en este enlace: <a href="https://bit.ly/3d3TJ1g">https://bit.ly/3d3TJ1g</a></p> <p>Acceda a los documentos en español en los siguientes enlaces: <a href="https://bit.ly/2SyV6Mg">https://bit.ly/2SyV6Mg</a> y <a href="https://bit.ly/2LqILNX">https://bit.ly/2LqILNX</a></p>	<p>Acceda a los documentos en inglés en este enlace: <a href="https://bit.ly/3d2ckuV">https://bit.ly/3d2ckuV</a></p> <p>Acceda a los documentos en español en los siguientes enlaces: <a href="https://bit.ly/2SyV6Mg">https://bit.ly/2SyV6Mg</a> y <a href="https://bit.ly/3oARxDH">https://bit.ly/3oARxDH</a></p>
<p><b>Preparación crítica y respuesta</b></p> 	<p><b>Viajes, puntos de entrada y salud de fronteras</b></p> 
<p>Acceda a los documentos en inglés en este enlace: <a href="https://bit.ly/3ijWHBT">https://bit.ly/3ijWHBT</a></p> <p>Acceda a los documentos en español en los siguientes enlaces: <a href="https://bit.ly/2SyV6Mg">https://bit.ly/2SyV6Mg</a> y <a href="https://bit.ly/3i5rNN6">https://bit.ly/3i5rNN6</a></p>	<p>Acceda a los documentos en inglés en este enlace: <a href="https://bit.ly/3ivDivW">https://bit.ly/3ivDivW</a></p> <p>Acceda a los documentos en español en los siguientes enlaces: <a href="https://bit.ly/2SyV6Mg">https://bit.ly/2SyV6Mg</a> y <a href="https://bit.ly/3i5rNN6">https://bit.ly/3i5rNN6</a></p>
<p><b>Escuelas, lugares de trabajo y otras instituciones</b></p> 	<p><b>Otros recursos</b></p>
<p>Acceda a los documentos en inglés en este enlace: <a href="https://bit.ly/3d66iJO">https://bit.ly/3d66iJO</a></p> <p>Acceda a los documentos en español en los siguientes enlaces: <a href="https://bit.ly/2SyV6Mg">https://bit.ly/2SyV6Mg</a> y <a href="https://bit.ly/3i5rNN6">https://bit.ly/3i5rNN6</a></p>	<p>Acceda a los documentos en inglés en este enlace: <a href="https://bit.ly/33zXgRQ">https://bit.ly/33zXgRQ</a></p> <p>Acceda a los documentos en español en los siguientes enlaces: <a href="https://bit.ly/2SyV6Mg">https://bit.ly/2SyV6Mg</a> y <a href="https://bit.ly/3i5rNN6">https://bit.ly/3i5rNN6</a></p>

## Referencias

1. OMS. Secuenciación genómica del SARS-CoV-2 para objetivos de salud pública. Guía provisional, 8 de enero de 2021. Disponible en inglés en: <https://bit.ly/38ulAr0>
2. OMS. Secuenciación genómica del SARS-CoV-2: una guía de implementación para lograr el máximo impacto en la salud pública, 8 de enero de 2021. Disponible en inglés en: <https://bit.ly/3sd4Psb>
3. OMS. Pruebas diagnósticas para el SARS-CoV-2. Orientaciones provisionales, 11 de septiembre de 2020. Disponible en: <https://bit.ly/2HjNb33>
4. OPS/OMS. Red Regional de Vigilancia Genómica de COVID-19. Disponible en: <https://bit.ly/3bu0qez>
5. Proyecto **Argentino** Interinstitucional de Genómica de SARS-CoV-2. Reporte #12. 15 de enero de 2021. Disponible en: <https://bit.ly/35RA1n1>
6. Informe del Centro Nacional de Enlace (CNE) para Reglamento Sanitario Internacional (RSI) de la **República Dominicana**, recibido por la OPS/OMS por correo electrónico.
7. Centros para el Control y Prevención de Enfermedades de los **Estados Unidos de América**. Casos de COVID-19 en EE. UU. causados por variantes. Disponible en: <https://bit.ly/2XvvaCC>
8. OMS. Considerations for implementing a risk-based approach to international travel in the context of COVID-19: interim guidance, 16 December 2020. Disponible en: <https://bit.ly/3qBbmuV>
9. OMS. Risk assessment tool to inform mitigation measures for international travel in the context of COVID-19. Disponible en inglés en: <https://bit.ly/3iuxYKR>
10. OMS. COVID-19 diagnostic testing in the context of international travel, Scientific brief. 16 de diciembre de 2020. Disponible en inglés en: <https://bit.ly/39l6dAp>