

OPS



Organización
Panamericana
de la Salud



Organización
Mundial de la Salud
OFICINA REGIONAL PARA LAS
Américas

Actualización epidemiológica: Variantes de SARS-CoV-2 en las Américas.

26 de enero de 2021

Aspectos destacados

- Se ha documentado recientemente que las personas infectadas con la **variante VOC 202012/01** tienen un mayor riesgo de fallecer que las personas infectadas con otras variantes².
- Estudios preliminares sugieren que la **variante 501Y.V2** está asociada con una carga viral más alta, lo que podría sugerir un potencial de mayor transmisibilidad⁴.
- Se registró un aumento de la **variante P.1 linaje B.1.1.28** en Manaus, constituyendo el 52,2% (n = 35/67) de los casos tipificados de SARS-CoV-2 en diciembre de 2020 y en enero de 2021, esta proporción aumentó a 85,4% (n = 41/48)⁸.

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.

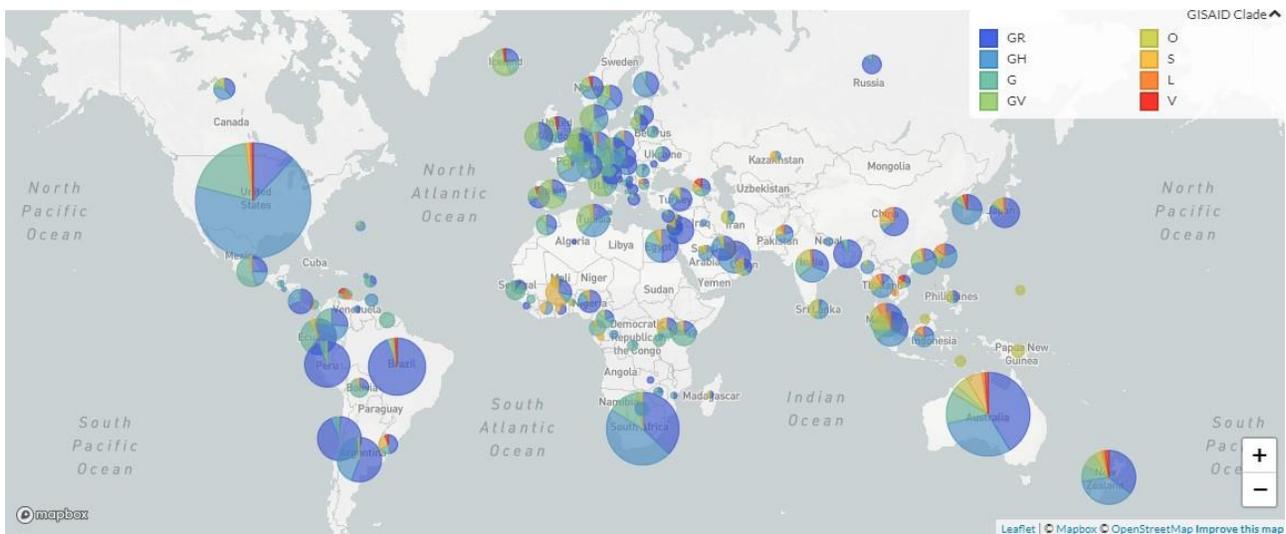
Cita sugerida: Organización Panamericana de la Salud / Organización Mundial de la Salud. Variantes de SARS-CoV-2 en las Américas. 26 de enero de 2021, Washington, D.C. OPS/OMS. 2021.

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	E484K K417N N501Y S477N
L	B	C241, C3037, A23403, C8782, G11083, G25563, G26144, T28144, G28882	E484K K417N N501Y S477N
V	B.2	G11083T, G26144T, NSP6-L37F, NS3-G251V	E484K K417N N501Y S477N
G	B.1	C241T, C3037T, A23403G, S-D614G	N501S E484Q T478I S477G N439K A475V F456L F490S S477R S477I S477N S494A N501Y V445I E484K T478K S494P
GH	B.1.*	C241T, C3037T, A23403G, G25563T, S-D614G + NS3-Q57H	N501T K417N Y453F N501Y E484K E484D N439K S494P S477R G446V S477N
GR	B.1.1.1	C241T, C3037T, A23403G, G28882A, S-D614G + N-G204R	Q493R F490Y Y453F S477G A475V F490S G446V S477R S477I S477N G502V K417T N501Y G446S G447V E484K K458N T478K S494P
GV	B.1.177	C241T, C3037T, A23403G, C22227T, S-D614G + S-A222V	N501S E484Q T478I S477G N439K A475V F456L F490S S477R S477I S477N S494A N501Y V445I E484K T478K S494P

Fuente: GISAID. Disponible en: <https://platform.gisaid.org>. Actualizado el 22 de enero de 2021. Cambios en la glicoproteína S (espícula para los 14.399 nuevos genomas completos) Accedida el 25 de enero de 2021.

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



Fuente: GISAID. Disponible en: <https://bit.ly/3qA9nXl>. Accedido el 25 de enero de 2021.

Desde la identificación inicial del SARS-CoV-2, hasta la fecha, se han compartido, a nivel mundial, más de 414.575 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.

Existe una comprensión, cada vez mayor, de cómo datos de secuenciación genómica (GSD por sus siglas en inglés) ayudan a mejorar las acciones de salud pública; por lo cual se insta a expandir la capacidad de secuenciación en la Región. 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 altos¹. Este sesgo, debe considerarse cuando se evalúa la presencia o ausencia en una variante determinada en un lugar y su frecuencia relativa.

A continuación, se presenta un resumen sobre las variantes de SARS-CoV-2 que tienen o podrían tener un impacto en la salud pública.

Caracterización genómica del SARS-CoV-2

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, recientes publicados por el gobierno del Reino Unido, indican que:

- La variante VOC 202012/01, B.1.1.7 parece haber aumentado sustancialmente la transmisibilidad en comparación con otras variantes y ha crecido rápidamente hasta convertirse en la variante dominante en gran parte del Reino Unido.
- De acuerdo con la evaluación inicial realizada por la Agencia de Salud Pública del Reino Unido (PHE, por sus siglas en inglés) sobre la gravedad de la enfermedad a través de un estudio de casos y controles pareado no informó diferencias significativas en el riesgo de hospitalización o muerte en personas infectadas con la variante B.1.1.7 versus las infectadas con otras variantes.
- Con base a diferentes análisis realizados sobre las personas que han fallecido y que estaban positivas a la variante B.1.1.7 versus las infectadas con otras variantes, existe la posibilidad real de que el primer grupo de personas (las infectadas con la variante B.1.1.7), tengan un riesgo mayor de fallecer que las personas infectadas con otras variantes².

¹ 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>

² Gobierno del Reino Unido. NERVTAG paper on COVID-19 variant of concern B.1.1.7. Publicado el 22 de enero de 2021. Disponible en: <https://bit.ly/39ft5hd>

Hasta el 25 de enero de 2021, fuera del Reino Unido, 62 países y territorios de las seis regiones de la OMS han notificado casos importados o transmisión comunitaria de VOC 202012/01, cifra que representa 2 países y territorios adicionales desde la publicación de la Actualización Epidemiológica Ocurrencia de variantes de SARS-CoV-2 en las Américas el 20 de enero de 2021 por la OPS/OMS³.

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 transmisibilidad⁴.

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 pública⁵. Aunque esta nueva variante no parece causar enfermedad más grave, el rápido aumento observado en el número de casos ha colocado a los sistemas de salud bajo presión⁶.

Hasta el 25 de enero de 2021, fuera de Sudáfrica, 30 países de cinco de las seis regiones de la OMS han notificado casos de variante 501Y.V2, cifra que representa 7 países adicionales desde la publicación de la Actualización Epidemiológica Ocurrencia de variantes de SARS-CoV-2 en las Américas - 20 de enero de 2021 por la OPS/OMS³.

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.

³ OPS/OMS. Ocurrencia de variantes de SARS-CoV-2 en las Américas. 20 de enero de 2021, Washington, D.C. OPS/OMS. 2021. Disponible en: <http://bit.ly/3sK111V>

⁴ OMS. Variantes de SARS-CoV-2. Disponible en : <https://bit.ly/39hRvXT>

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

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

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.⁵

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%)⁷.

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 y había sido identificada en diciembre de 2020 en Manaus, estado de Amazonas, Brasil⁸(**Figuras 2 y 3**).

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 huésped⁶.

De acuerdo con un grupo de investigadores de Brasil, se ha observado un aumento reciente en la proporción de casos de P.1 en Manaus, Amazonas. P.1 no se detectó en Manaus entre marzo y noviembre de 2020, sin embargo, el 52,2% (n = 35/67) de los casos tipificados de SARS-CoV-2 de diciembre fueron causados por P.1 y en enero de 2021, esta proporción aumentó a 85,4% (n = 41/48). También detectaron un aumento en la proporción de casos de la variante P.2 en diciembre de 2020 a 25,4% (n = 17/67), pero una disminución a 6% en enero de 2021. La frecuencia de otros linajes disminuyó del 96,3% entre marzo y noviembre de 2020 a 8,3% en enero de 2021.

Los nuevos análisis sugieren que los casos más recientes en Manaus están siendo causados por la transmisión local de P.1, aunque P.2⁹ y otros linajes aún podrían estar circulando. Estos resultados deben considerarse preliminares en esta etapa. Será necesario contar con datos más representativos para investigar con más detalle los cambios en la frecuencia de P.1 en Manaus y en otros lugares¹⁰.

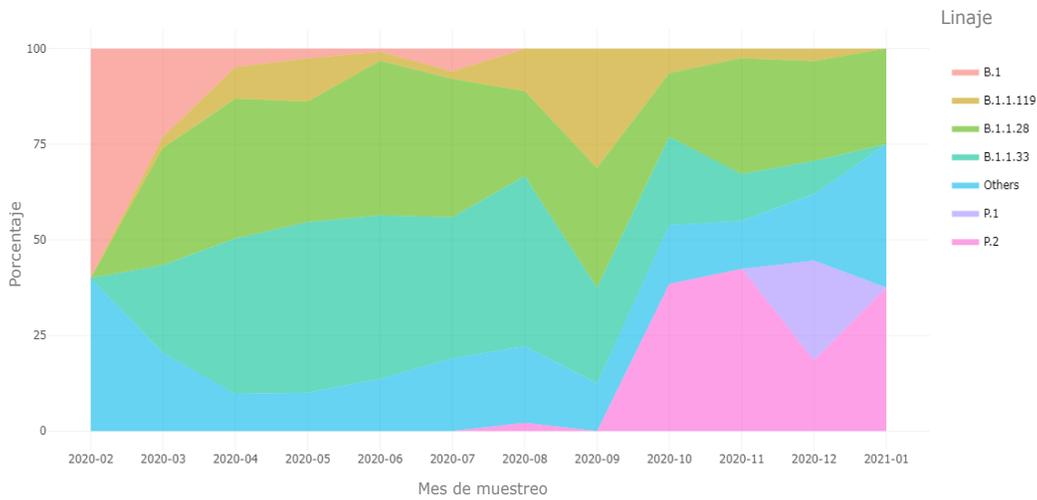
⁷ GISAID. Disponible en: <https://www.gisaid.org/>

⁸ Faria N, Morales I, Candido D. Genomic characterization of an emergent SARS-CoV-2 lineage in Manaus: preliminary findings. Disponible en: <https://bit.ly/3a4n22X>

⁹ Voloch C, Da Silva F Jr R, de Almeida L, et al. Genomic characterization of a novel SARS-CoV-2 lineage from Rio de Janeiro, Brazil. Disponible en: <https://bit.ly/2KQEn6I>

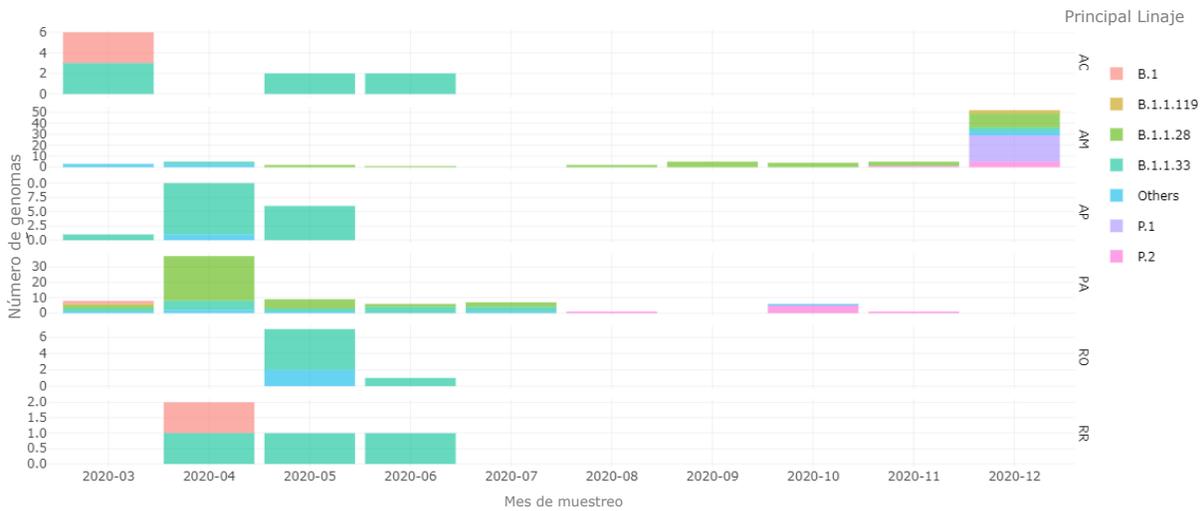
¹⁰ Faria Nuno, Sabino Ester. Increasing frequency of the P.1 lineage in Manaus. Disponible en: <https://bit.ly/3ccOaiQ>

Figura 2. Distribución porcentual de los principales linajes de SARS-CoV-2 por mes de muestra. Brasil, febrero 2020 a enero 2021.



Fuente: Red genómica Fiocruz. Disponible en: <https://bit.ly/2YmCSiH>. Accedida el 26 de enero de 2021.

Figura 3. Distribución de los principales linajes de SARS-CoV-2, por mes de muestreo y estado en la región norte de Brasil. Marzo a diciembre de 2020.



Nota:

Estados, Región Norte de Brasil

- AC = Acre
- AM = Amazonas
- AP = Amapá
- PA = Pará
- RO = Rondônia
- RR = Roraima

Fuente: Red genómica Fiocruz. Disponible en: <https://bit.ly/2YmCSiH>. Accedida el 26 de enero de 2021.

Hasta el 25 de enero de 2021, 8 países y territorios en tres de las seis regiones de la OMS han notificado casos de variante P.1, linaje B.1.1.28. En la región de las Américas, Brasil y Estados Unidos han notificado casos.

Variantes genéticas del SARS-CoV-2 en las Américas

En la región de las Américas la Red Regional de Vigilancia Genómica de COVID-19^{11,12}, ha contribuido a la generación de datos de secuenciación genómica. La red, 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 secuenciar¹³.

Hasta el 25 de enero de 2021, 32 países y territorios de las Américas han publicado en la plataforma GISAID 94.183 genomas del SARS-CoV-2, recolectados entre febrero 2020 y enero 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 Cristóbal y Nieves, San Martín, San Vicente y las Granadinas, Suriname, Trinidad y Tobago, Uruguay y Venezuela.

Hasta el 25 de enero de 2021, 14 países (cuatro países adicionales en relación con la publicación del 20 de enero de 2021³) han notificado la detección de la variante VOC 202012/01, la variante 501Y.V2 y la variante P.1. Adicionalmente, dos países han notificado la detección de mutaciones de potencial interés para la salud pública (**Tabla 2**).

¹¹ Red Regional de Vigilancia Genómica de COVID-19. Disponible en: <https://bit.ly/3bu0qez>

¹² 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;"

¹³ 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 las variantes SARS-CoV-2 VOC 202012/01, 501Y.V2, P.1 y otras mutaciones de interés para la salud pública en la Región de las Américas, al 25 de enero de 2021.

País	VOC 202012/01	501Y.V2	P.1	Otras mutaciones de potencial interés para la salud pública
Argentina	Si	No	No	No
Brasil	Si	No	Si	Si (E484K, K417N)
Canadá	Si	Si	No	No
Chile	Si	No	No	No
Cuba	No	Si	No	No
Ecuador	Si	No	No	No
Estados Unidos de América	Si	No	Si	Si (L452R)
Jamaica	Si	No	No	No
México	Si	No	No	No
Panamá	No	Si	No	No
Perú	Si	No	No	No
República Dominicana	Si	No	No	No
Santa Lucía	Si	No	No	No
Trinidad y Tabago	Si	No	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.

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 la COVID-19, 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 en salud pública (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, se espera 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 para 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 202012/01,501Y. V2, P.1 y de todas aquellas con potencial impacto en la salud pública, 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 y 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 reciente¹⁴, 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 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.

¹⁴ 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://bit.ly/3sQ74BU>

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>Vigilancia, equipos de respuesta rápida e investigación de casos</p> 	<p>Manejo Clínico</p> 
<p>Acceda a los documentos en inglés en este enlace: https://bit.ly/30zjmCj</p> <p>Acceda a los documentos en español en los siguientes enlaces: https://bit.ly/2SyV6Mg y https://bit.ly/33AsZCL</p>	<p>Acceda a los documentos en inglés en este enlace: https://bit.ly/3li6wQB</p> <p>Acceda a los documentos en español en los siguientes enlaces: https://bit.ly/2SyV6Mg y https://bit.ly/3i8lJIR</p>
<p>Laboratorio</p> 	<p>Prevención y control de infecciones</p> 
<p>Acceda a los documentos en inglés en este enlace: https://bit.ly/3d3TJ1g</p> <p>Acceda a los documentos en español en los siguientes enlaces: https://bit.ly/2SyV6Mg y https://bit.ly/2LqLNX</p>	<p>Acceda a los documentos en inglés en este enlace: https://bit.ly/3d2ckuV</p> <p>Acceda a los documentos en español en los siguientes enlaces: https://bit.ly/2SyV6Mg y https://bit.ly/3oARxDH</p>
<p>Preparación crítica y respuesta</p> 	<p>Viajes, puntos de entrada y salud de fronteras</p> 
<p>Acceda a los documentos en inglés en este enlace: https://bit.ly/3liWHBT</p> <p>Acceda a los documentos en español en los siguientes enlaces: https://bit.ly/2SyV6Mg y https://bit.ly/3i5rNN6</p>	<p>Acceda a los documentos en inglés en este enlace: https://bit.ly/3ivDivW</p> <p>Acceda a los documentos en español en los siguientes enlaces: https://bit.ly/2SyV6Mg y https://bit.ly/3i5rNN6</p>
<p>Escuelas, lugares de trabajo y otras instituciones</p> 	<p>Otros recursos</p>
<p>Acceda a los documentos en inglés en este enlace: https://bit.ly/3d66iJO</p> <p>Acceda a los documentos en español en los siguientes enlaces: https://bit.ly/2SyV6Mg y https://bit.ly/3i5rNN6</p>	<p>Acceda a los documentos en inglés en este enlace: https://bit.ly/33zXgRQ</p> <p>Acceda a los documentos en español en los siguientes enlaces: https://bit.ly/2SyV6Mg y https://bit.ly/3i5rNN6</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. Ministerio de Salud de **Cuba**. Disponible en: <https://bit.ly/3ofC5M7>
6. 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 inglés en: <https://bit.ly/2XvvaCC>
7. Departamento de Salud de Minnesota (**Estados Unidos**). Disponible en: <https://bit.ly/3pmXVyD>
8. Ministerio de Salud de **Panamá**. Disponible en: <https://bit.ly/3aPTyfJ>
9. Ministerio de Salud y Bienestar de **Santa Lucía**. Disponible en: <https://bit.ly/39fDEpa>
10. Informe del Centro Nacional de Enlace (CNE) para Reglamento Sanitario Internacional (RSI) de **Trinidad y Tabago**, recibido por la OPS/OMS por correo electrónico.
11. OMS. Considerations for implementing a risk-based approach to international travel in the context of COVID-19: interim guidance, 16 December 2020. Disponible en inglés en: <https://bit.ly/3aBbmUv>
12. 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>
13. 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>