



Bárcena Villa Nueva, 05 de octubre de 2021

INFORME SEQ-11-10-2021

Este informe corresponde a la detección de Variantes de preocupación (VOC, por sus siglas en inglés *Variant of Concern*) y variantes de interés (VOI, por sus siglas en inglés *Variant of interest*) en muestras que ingresan al Laboratorio Nacional de Salud para detección y secuenciación del genoma de SARS-CoV-2.

La tabla 1 corresponde a los resultados de 137 muestras secuenciadas, seleccionadas de 523 muestras recibidas para secuenciación y diagnóstico ingresadas al LNS, las cuales cumplían con los criterios de inclusión para tamizaje por VOC, del 18 de agosto al 15 de septiembre del año en curso. Dichas muestras fueron secuenciadas por la Asociación de Salud Integral-ASI- y la Clínica Familiar "Luis Ángel García"/Hospital General San Juan de Dios obteniendo 59 resultados y por el Instituto Conmemorativo Gorgas de Estudios de la Salud (ICGES) de Panamá obteniendo 78 resultados descritos a continuación:

Tabla 1. Resultados de secuenciación del genoma de SARS-CoV-2

Clasificación OMS de las variantes SARS-CoV-2	Linaje	Denominación OMS	Frecuencia	Primera Detección
VOC (Variante de preocupación)	B.1.617.2	Delta	102	India
	AY.4	Delta	9	India
	AY.11	Delta	1	India
	AY.20	Delta	1	India
	AY.24	Delta	1	India
	AY.25	Delta	1	India
	AY.26	Delta	1	India
	AY.3	Delta	1	India
	AY.5	Delta	1	India
	P.1	Gamma	5	Brasil
Otros	A.2.5		6	
	B.1.628		7	
	B.1.214.2		1	
TOTAL			137	

Fuente: Datos obtenidos por la Asociación de Salud Integral-ASI-, Clínica Familiar "Luis Ángel García"/Hospital General San Juan de Dios y el Instituto Conmemorativo Gorgas de Estudios de la Salud (ICGES) de Panamá 2021.



Se logró la secuenciación genómica completa de 137 muestras. Encontrándose 123 variantes de preocupación (VOC), de las cuales 118 son Delta que corresponde al 86.13% (118/137) de las muestras secuenciadas y 5 Gamma que corresponde al 3.65% (5/137).

Los linajes AY.4, AY.11, AY.20, AY.24, AY.25, AY.26, AY.3 y AY.5 pertenecen a la variante Delta, esta nomenclatura no indica ninguna diferencia biológica funcional, se utiliza con el fin de rastrear el virus a una escala más fina.

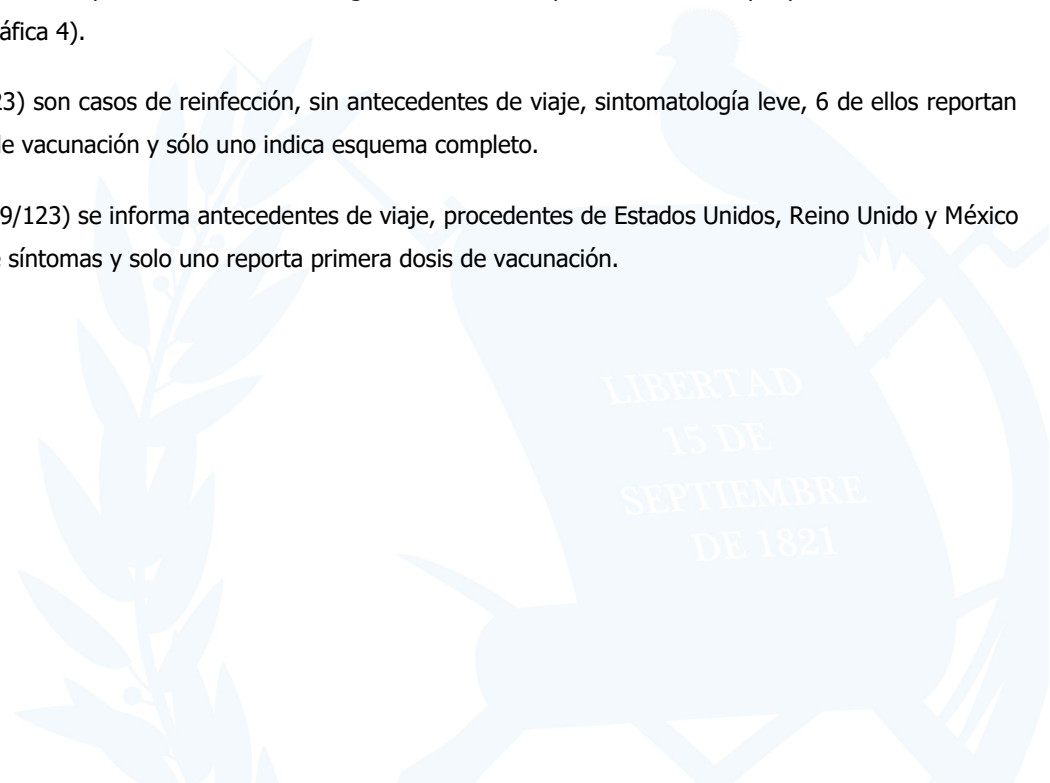
Los otros linajes que continúan circulando en el país son A.2.5 y el B.1.628 y se reporta por primera vez el linaje B.1.214.2 (ver gráfica 1) que corresponden al 10.22% (14/137) de las muestras secuenciadas.

De los 123 pacientes con VOC, 71 pertenecen al sexo femenino y 52 al sexo masculino, con edades comprendidas entre 1 mes a 92 años, con una media de 36 (ver gráfica 2 y gráfica 3). Las muestras son referidas de los departamentos de Guatemala, Alta Verapaz, Chimaltenango, Chiquimula, El Progreso, Escuintla, Izabal, Petén, Quiché y Quetzaltenango (Ver imagen 1).

El 25.2% (31/123) de los casos VOC refieren antecedentes de vacunación, 16 de ellos con esquema completo. En la mayoría de estos pacientes la sintomatología fue leve a excepción de 3 casos que presentaron síntomas severos (ver gráfica 4).

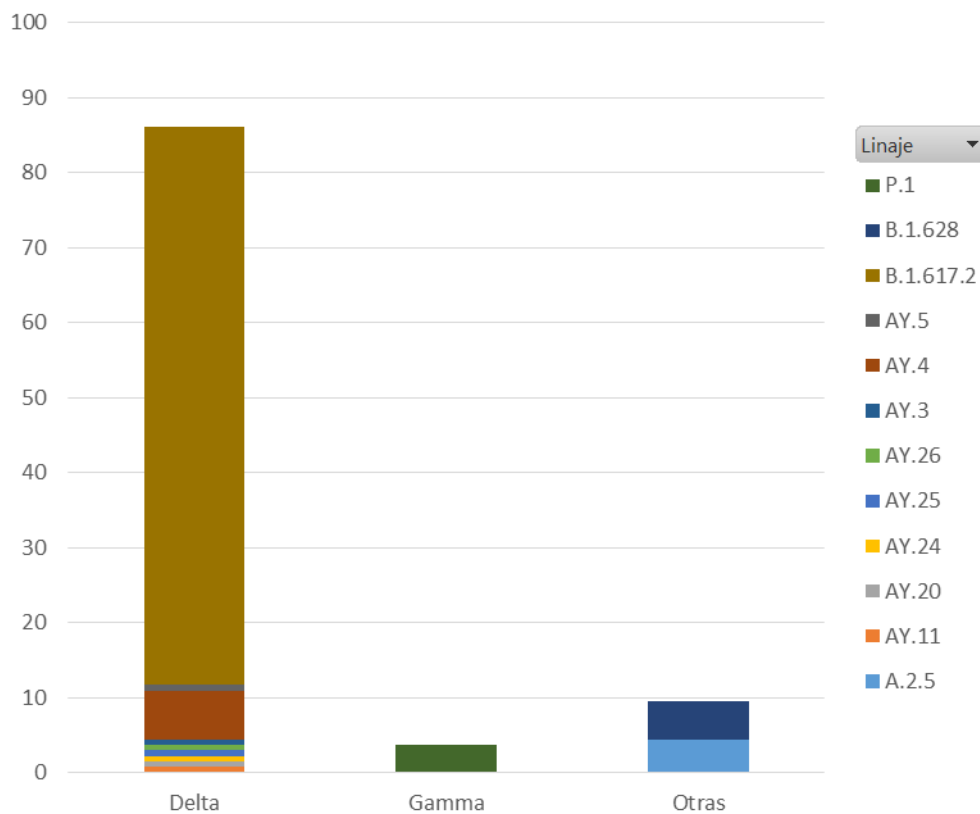
El 8.1% (10/123) son casos de reinfección, sin antecedentes de viaje, sintomatología leve, 6 de ellos reportan antecedentes de vacunación y sólo uno indica esquema completo.

En el 15.4% (19/123) se informa antecedentes de viaje, procedentes de Estados Unidos, Reino Unido y México ninguno refiere síntomas y solo uno reporta primera dosis de vacunación.





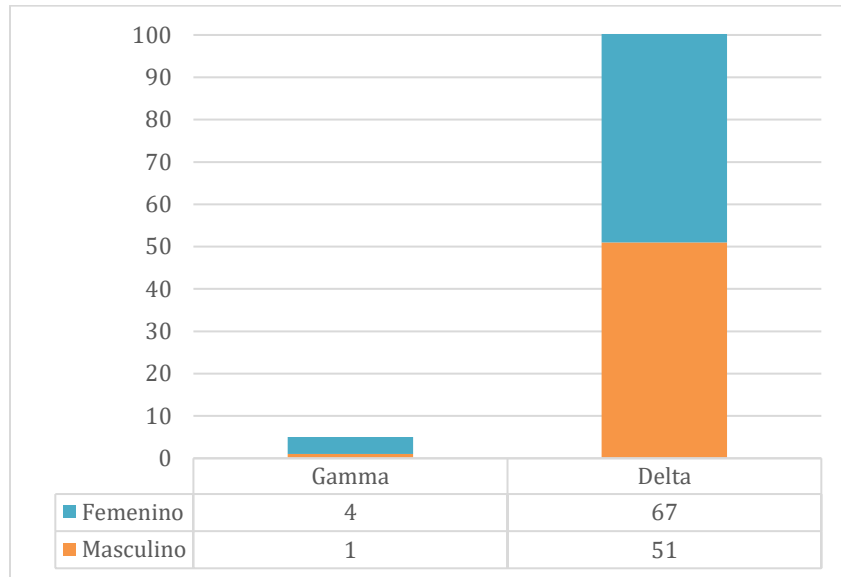
Gráfica 1. Variantes circulantes a nivel nacional en porcentaje



Fuente: Datos obtenidos por la Asociación de Salud Integral-ASI-, Clínica Familiar "Luis Ángel García"/Hospital General San Juan de Dios y el Instituto Conmemorativo Gorgas de Estudios de la Salud (ICGES) de Panamá 2021.

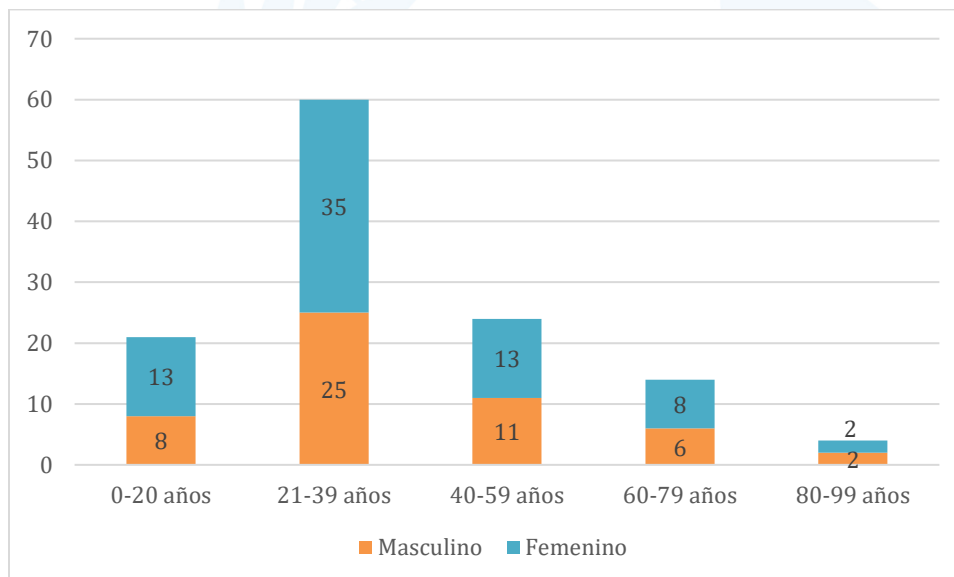


Gráfica 2. Clasificación de variantes VOC por género



Fuente: Información obtenida de Ficha Epidemiológica Vigilancia Virus Respiratorios – COVID 19.

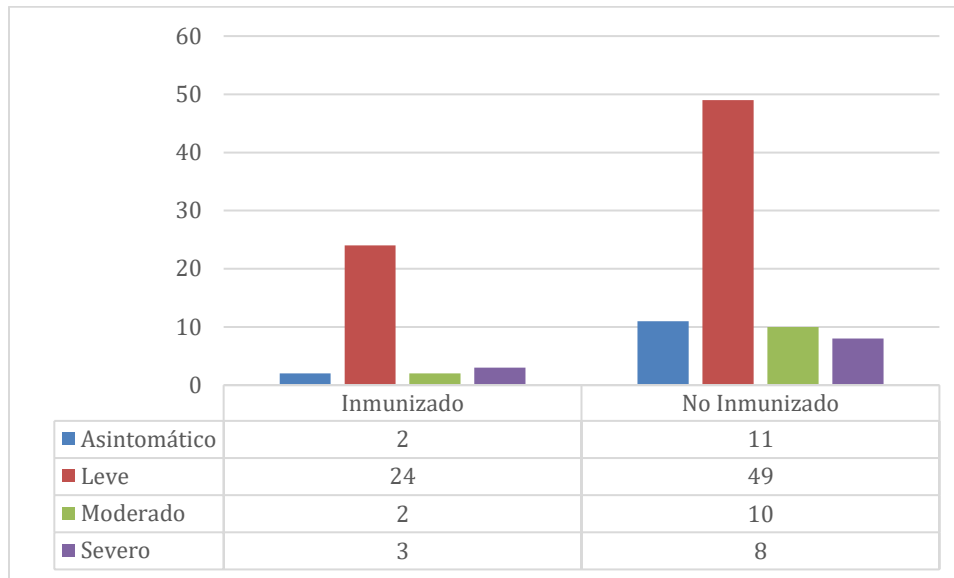
Gráfica 3. Clasificación de variantes VOC por género y edad



Fuente: Información obtenida de Ficha Epidemiológica Vigilancia Virus Respiratorios – COVID 19.



Gráfica 4. Inmunización y sintomatología en pacientes con VOC

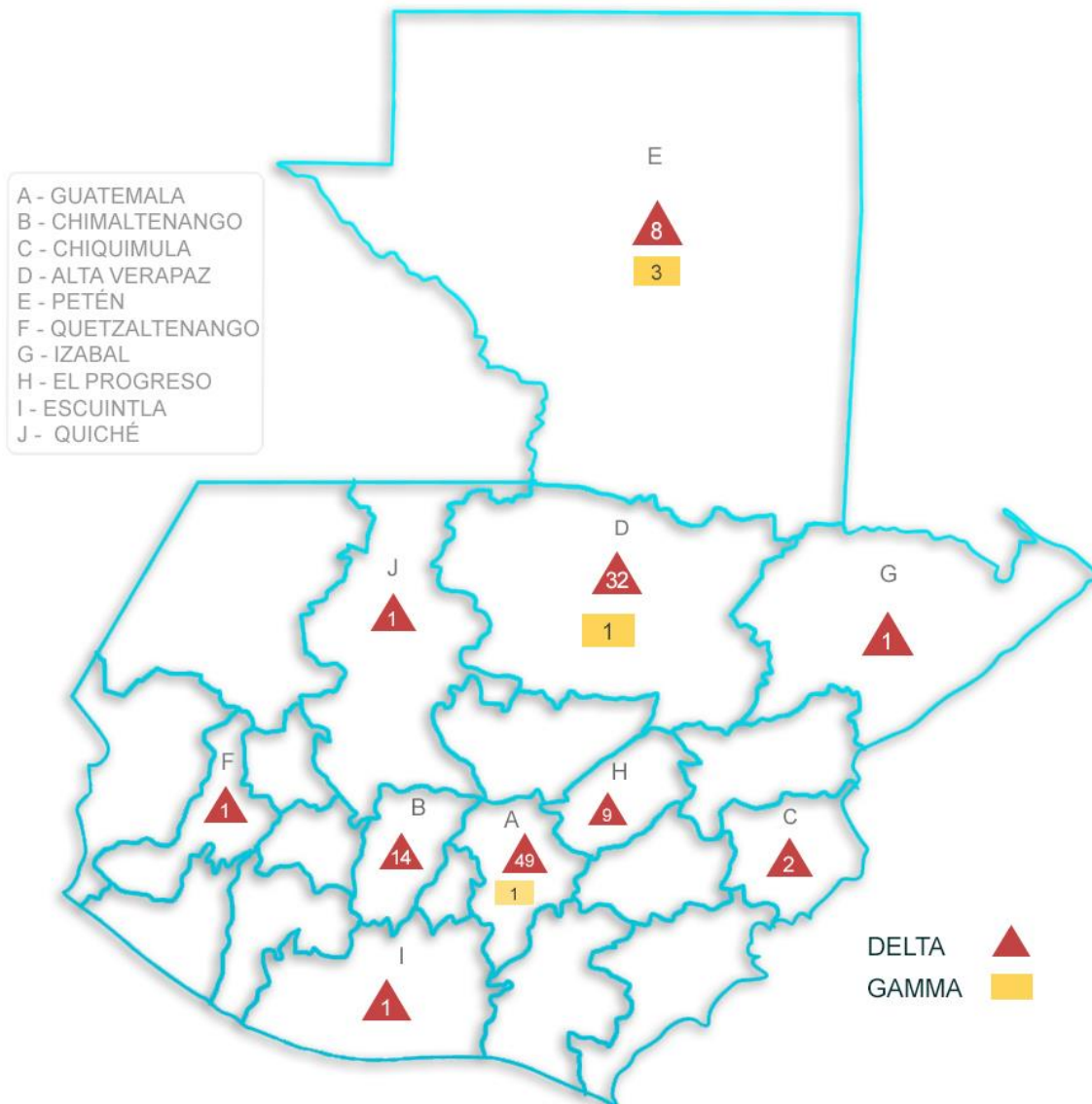


Fuente: Información obtenida de Ficha Epidemiológica Vigilancia Virus Respiratorios – COVID 19.





Imagen 1. Distribución de las variantes VOC a nivel nacional



Fuente: Información obtenida de Ficha Epidemiológica Vigilancia Virus Respiratorios – COVID 19.