



Bárcena Villa Nueva, 13 de octubre de 2021

## INFORME SEQ-13-10-2021

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.

Con la finalidad de seguir fortaleciendo la Vigilancia Genómica en el país, a partir del mes de septiembre 2021 se estarán enviando mensualmente muestras positivas para SARS-CoV-2 al Instituto Costarricense de Investigación y Enseñanza en Nutrición y Salud –INCIENSA- como parte del “Proyecto Estratégico 1: Fortalecimiento de las capacidades de la vigilancia genómica del SARS-CoV-2 y otros microorganismos en los laboratorios de salud pública de la Región” de la Secretaria Ejecutiva del Consejo de Ministros de Salud de Centroamérica y República Dominicana –SE-COMISCA- a partir del mes de septiembre 2021.

La tabla 1 corresponde a los resultados de 232 muestras recibidas en el LNS del 28 de agosto al 28 septiembre del año en curso, para secuenciación y diagnóstico. De las cuales, se seleccionaron 152 muestras que cumplieran con los criterios de inclusión para secuenciación. Dichas muestras fueron secuenciadas por la Asociación de Salud Integral-ASI- y la Clínica Familiar “Luis Ángel García”/Hospital General San Juan de Dios (HGSJDD) obteniendo 58 resultados y por el Instituto Costarricense de Investigación y Enseñanza en Nutrición y Salud (INCIENSA) obteniendo 48 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
<b>VOC</b> (Variante de preocupación)	B.1.617.2	Delta	91	India
	AY.20	Delta	4	India
	AY.25	Delta	4	India
	AY.7.1	Delta	1	India
	P.1	Gamma	1	Brasil
Otros	A.2.5		1	
	B.1.628		4	
<b>TOTAL</b>			<b>106</b>	

Fuente: Datos obtenidos por ASI, Clínica Familiar “Luis Ángel García”/HGSJDD e INCIENSA.



Se logró la secuenciación genómica completa de 106 muestras, encontrándose 101 variantes de preocupación (VOC), de las cuales 100 son Delta que corresponden al 94.33% (100/106) de las muestras secuenciadas y una Gamma que corresponde al 0.94% (1/106). Los linajes A.2.5 y B.1.628 continúan circulando en el país (Ver gráfica 1).

De los 101 VOC secuenciadas, 62 pertenecen al sexo femenino y 39 al sexo masculino (ver gráfica 2), con edades comprendidas entre 1 a 84 años, con una media de 35 (ver gráfica 3).

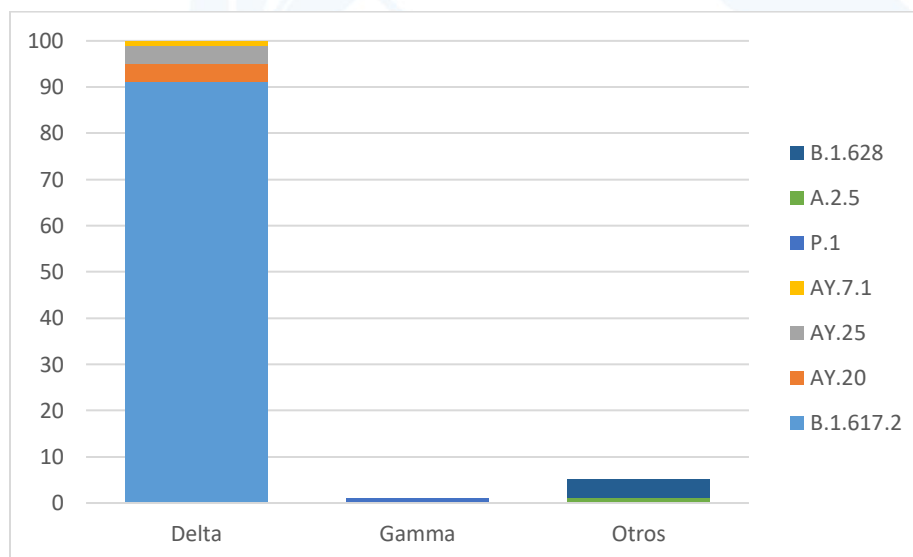
Las muestras son referidas de los departamentos de Alta Verapaz, Guatemala, Chimaltenango, Chiquimula, Escuintla, Izabal, Quiché y Totonicapán (Ver imagen 1).

El 34.6 % (35/101) de los casos refieren antecedentes de vacunación, el 45.7% (16/35) de ellos con esquema completo, la mayoría con síntomas leves (ver gráfica 4).

El 5.9% (6/101) son casos de reinfección, sin antecedentes de viaje, con sintomatología leve, 2 de ellos reportan antecedentes de vacunación.

En el 33.6 % (34/101) se informa antecedentes de viaje, procedentes de Estados Unidos y México, la mayoría no refiere síntomas y sólo uno indica antecedentes de vacunación.

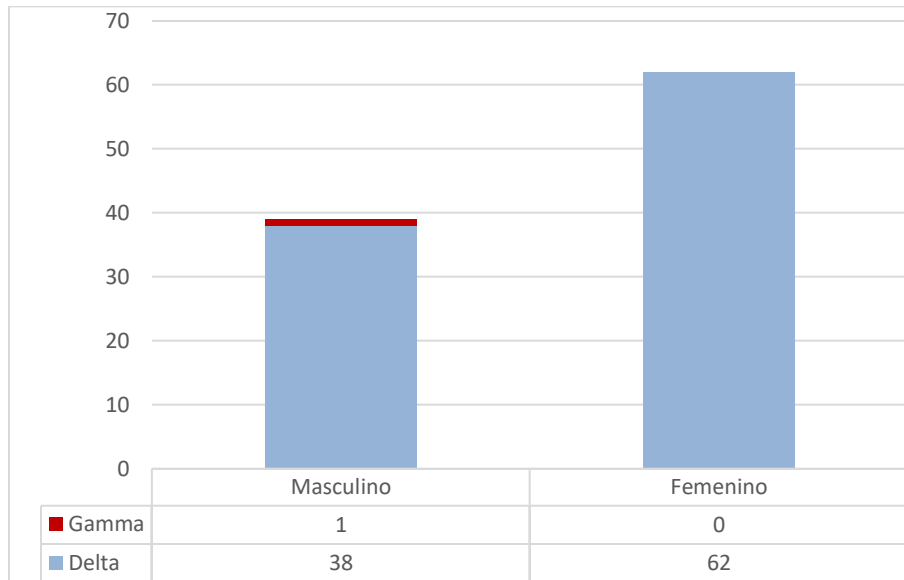
**Gráfica 1. Variantes circulantes en el país**



Fuente: Datos obtenidos por ASI, Clínica Familiar "Luis Ángel García"/HGSJDD e INCIENSA.

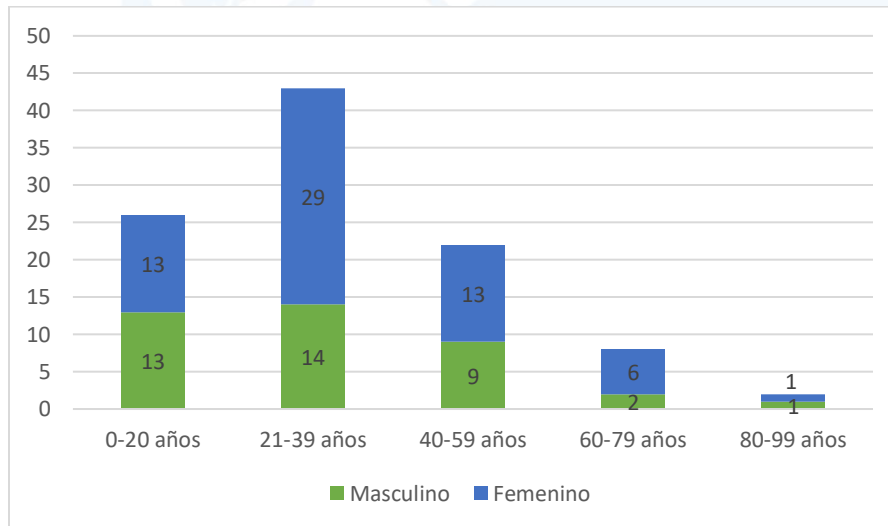


**Gráfica 2. Clasificación de variantes VOC por género**



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

**Gráfica 3. Clasificación de variantes VOC por género y edad**

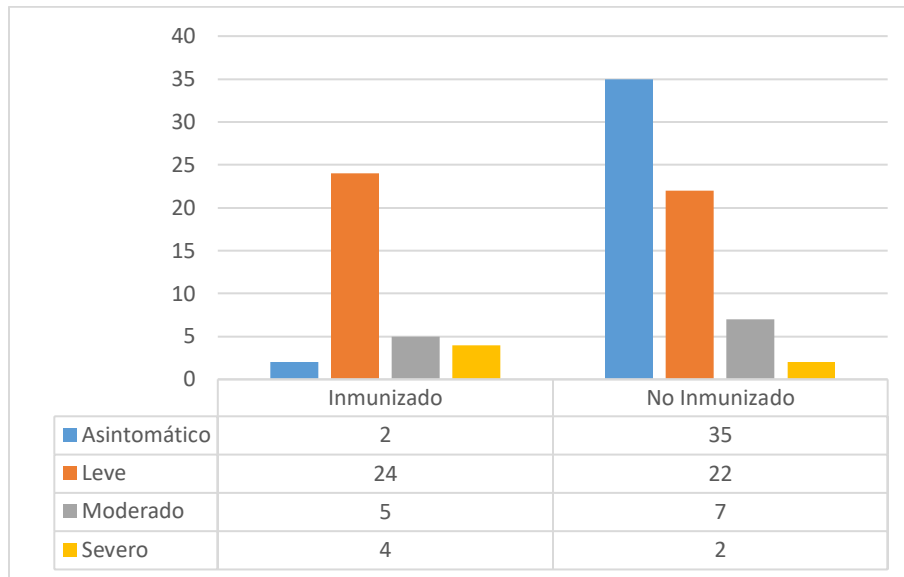


Fuente: Información obtenida de Ficha Epidemiológica Vigilancia Virus Respiratorios – COVID 19.

# Laboratorio Nacional de Salud



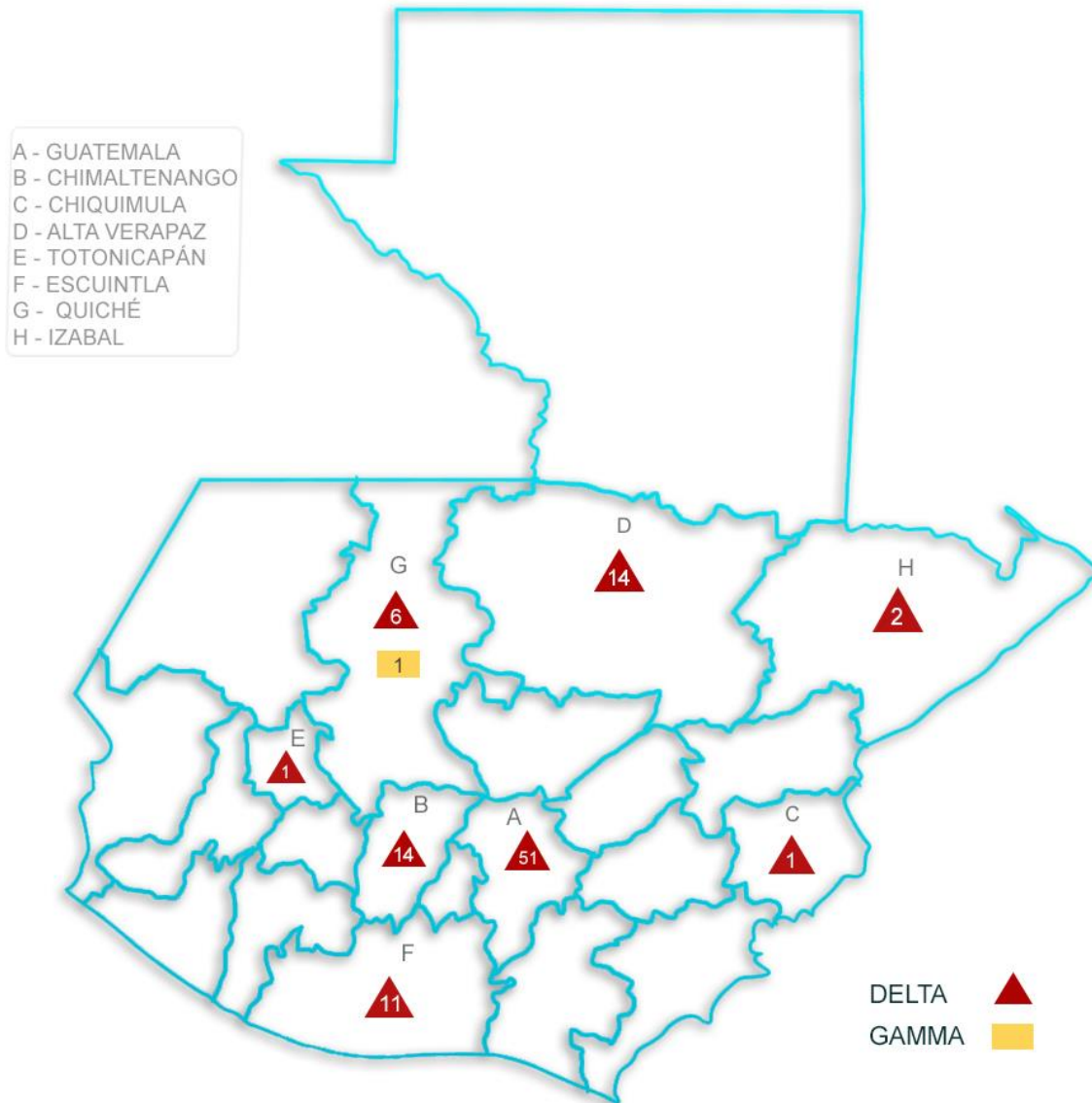
**Gráfica 4. Inmunización y sintomatología en pacientes con VOC**



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.