



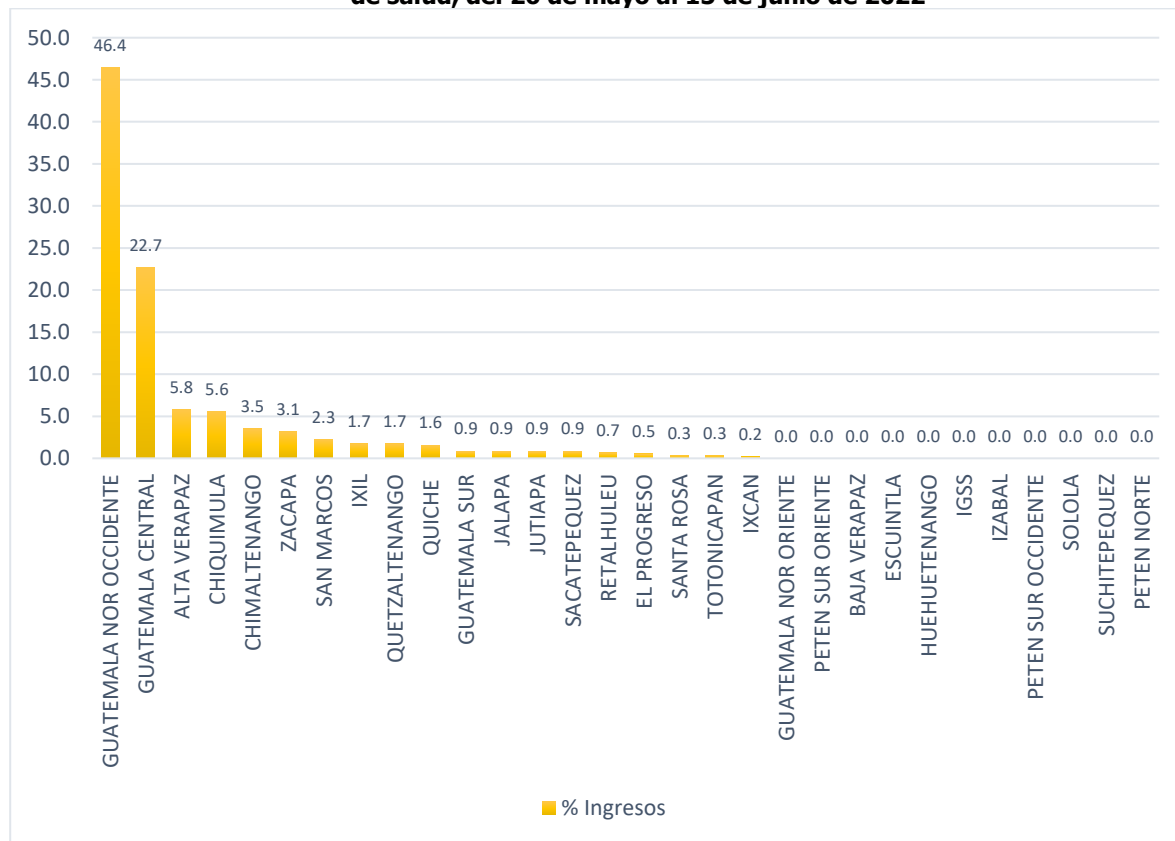
Bárcena Villa Nueva, 29 de junio de 2022

INFORME SEQ-25-06-2022

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

La Gráfica 1 corresponde al ingreso al LNS de 573 muestras del 26 de mayo al 15 de junio del año en curso para el proceso de secuenciación provenientes de las diferentes Áreas de Salud del país.

Gráfica 1. Porcentaje de muestras ingresadas al LNS para el proceso de secuenciación, por área de salud, del 26 de mayo al 15 de junio de 2022

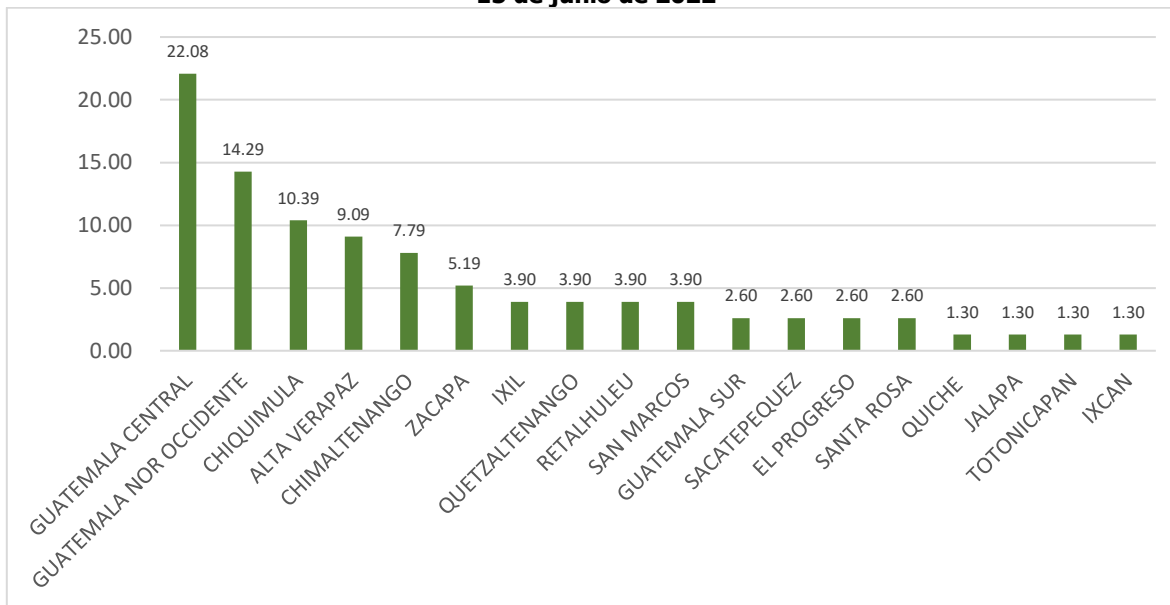


Fuente: Laboratorio Nacional de Salud –LNS-.

De las muestras ingresadas, 205 cumplían con los criterios de aceptación de muestra para el proceso de secuenciación. De éstas muestras, 79 muestras fueron secuenciadas en el Laboratorio Nacional de Salud (LNS). De dichas muestras, se obtuvo la secuenciación genómica efectiva de 77 muestras. En la gráfica 2 se observa la procedencia de las muestras de las cuales se obtuvo una secuenciación.



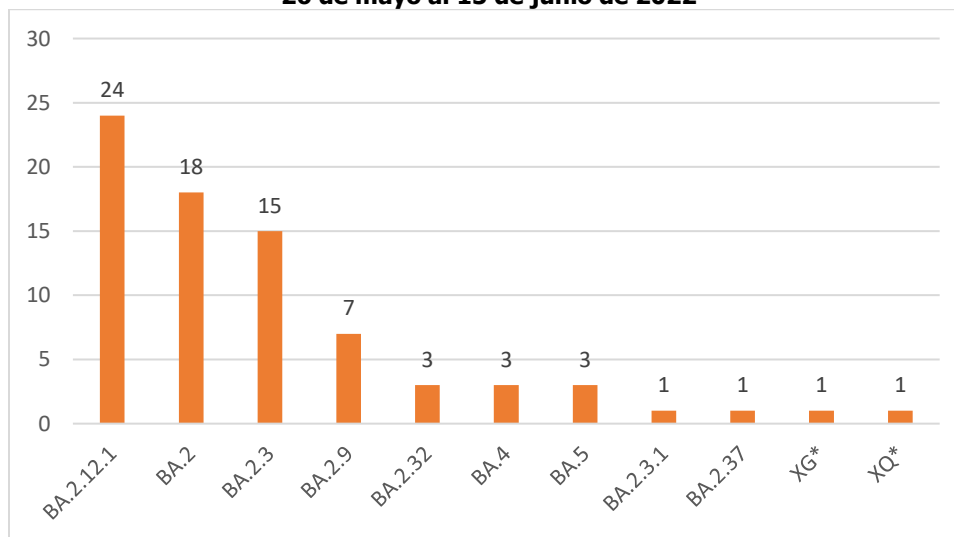
Gráfica 2. Porcentaje de muestras secuenciadas localmente, por área de salud, del 26 de mayo al 15 de junio de 2022



Fuente: Laboratorio Nacional de Salud –LNS–.

Del total de las muestras que se obtuvo asignación de linaje, el 100% corresponde a la VOC Ómicron (Linajes BA.2, BA.2, BA.2.3.1, BA.2.9, BA.2.12.1, BA.2.32, BA.2.37, BA.4, BA.5, recombinantes XG y XQ). Como se observa en la gráfica 3, el sublinaje BA.2.12.1 es el que se presenta con más frecuencia, seguido por el sublinaje BA.2

Gráfica 3. Variantes de Preocupación (VOC) detectadas por el proceso de secuenciación local, del 26 de mayo al 15 de junio de 2022



* Variante recombinante.

Fuente: Laboratorio Nacional de Salud –LNS–.



Como se puede observar en la gráfica 3, se encontraron los sublinajes BA.4 y BA.5 por primera vez en Guatemala, los cuales han sido reportados en otros países; y su aparición ha concordado con el aumento de casos. Actualmente en nuestro país se observa un aumento en la incidencia de los casos, el cual puede deberse al ingreso de las variantes BA.2.12.1, BA.4 y BA.5.

Para la variante BA.4, se reportan 3 casos de sexo masculino de 66, 48 y 28 años de edad, procedentes de El Progreso, Alta Verapaz y Quiché, los cuales no refieren antecedentes de viaje. Para la variante BA.5, se reportan 2 casos de sexo masculino de 42 y 36 años, y un caso de sexo femenino de 28 años, procedentes de San Marcos, Sacatepéquez y Chimaltenango, respectivamente. Ninguno reporta antecedente de viaje.

Según el Centro Europeo para el Control y Prevención de Enfermedades, BA.4 y BA.5 se detectaron por primera vez en Sudáfrica en enero y febrero de 2022, respectivamente, y desde entonces se han convertido en las variantes dominantes allí. Ambos linajes contienen las sustituciones de aminoácidos L452R, F486V y R493Q en el dominio de unión al receptor de la proteína espícula en comparación con BA.2. Los estudios preliminares sugieren un cambio significativo en las propiedades antigénicas de BA.4 y BA.5 en comparación con BA.1 y BA.2, especialmente en comparación con BA.1.

El reciente aumento de casos observado para BA.4 y BA.5 probablemente se deba a su capacidad para evadir la protección inmunitaria inducida por una infección y/o vacunación previa, especialmente si esta ha disminuido con el tiempo. Actualmente no hay indicios de ningún cambio en la gravedad de BA.4 y BA.5 en comparación con los linajes anteriores de Ómicron.

El aumento en la capacidad de transmisión en BA.4 y BA.5 no parece ser tan alto como en BA.2.12.1, pero su evasión inmunológica, la falta relativa de inmunidad de reacción cruzada a BA.1 y cierto aumento de la resistencia a los anticuerpos monoclonales es similar a BA.2.12.1. A diferencia de BA.2.12.1, BA.4 y BA.5 no han mostrado una entrada mejorada a las células, según estudios actuales.

También se observa la aparición de 2 casos de variantes recombinantes, XG y XQ, las cuales pertenecen a dos pacientes de sexo femenino de 13 y 18 años, provenientes de San Marcos. Ninguna de las dos pacientes refiere antecedentes de viaje.

Las variantes recombinantes son el resultado del intercambio de material genético de virus relacionados para crear descendencia con material genético de ambos virus progenitores. Esto puede surgir cuando un virus de dos linajes diferentes coinfectan la misma célula.

Según la Organización Panamericana de la Salud/Organización Mundial de la Salud (OPS/OMS), la alta circulación simultánea de BA.1 y BA.2 ha facilitado la ocurrencia de recombinaciones entre estos 2 sublinajes. El evento ya ha sido demostrado en diferentes países incluyendo el Reino Unido, donde se han descrito al menos 6 recombinantes diferentes, dependiendo de los sitios de recombinación, denominados XE, XR, XL, XN, XP y XQ, siendo XE el más detectado en ese país. Dinamarca (XG, XH), Finlandia (XJ), Bélgica (XK) y Países Bajos (XM) también han detectado eventos recombinantes adicionales. Además, se han reportado señales que faltan confirmar en Costa Rica (posible XE).

Actualmente, no hay evidencia que indique un aumento significativo de la capacidad de transmisión o cambios en la forma clínica o la gravedad de la enfermedad debido a la infección con este virus recombinante, y todas las medidas de control de salud pública, incluidas las vacunas, siguen siendo muy eficientes y deben mantenerse. Asimismo, se reitera la recomendación de mantener y potenciar la vigilancia genómica para la detección temprana de cualquier cambio en las secuencias y el comportamiento de los virus.

Laboratorio Nacional de Salud

Kilómetro 22 Carretera al Pacífico, Bárcena Villa Nueva

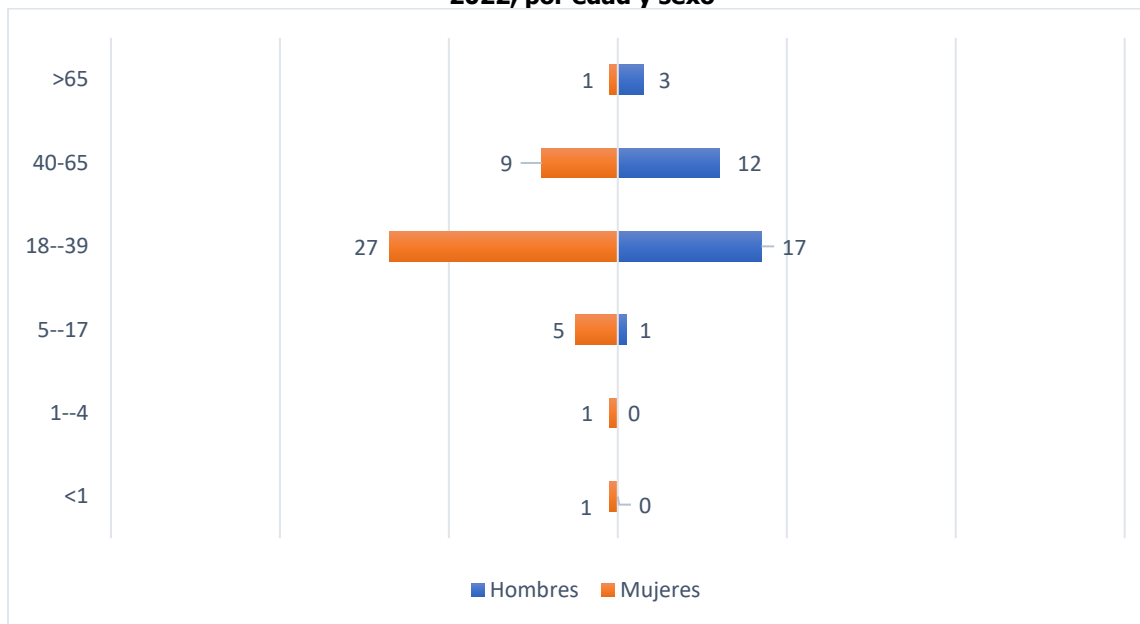
Teléfono: 6644-0599 / informacion@Ins.gob.gt/ www.Ins.gob.gt

Trabajando por la salud de Guatemala



De las 77 muestras secuenciadas, la mayoría pertenecen al sexo femenino con predominio en los rangos de edad de 18 a 39 años (gráfica 4).

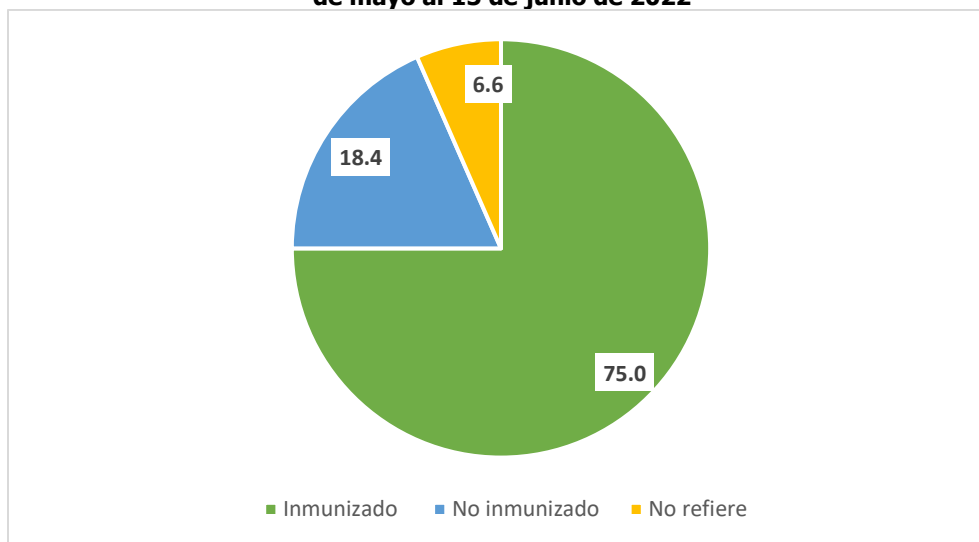
Gráfica 4. Casos de VOC de muestras secuenciadas localmente, del 26 de mayo al 15 de junio de 2022, por edad y sexo



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

De los casos secuenciados la mayoría refirió antecedentes de vacunación, según ficha epidemiológica.

Gráfica 5. Porcentaje de casos inmunizados de VOC de muestras secuenciadas localmente, del 26 de mayo al 15 de junio de 2022



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



A continuación, se presentan los casos de VOC detectados en Guatemala distribuidos por departamento.

Imagen 1. Distribución de casos VOC detectados por departamento del 26 de mayo al 15 de junio de 2022



*Variantes recombinantes

Fuente: Información obtenida del Tablero de Vigilancia Genómica del Laboratorio Nacional de Salud.