



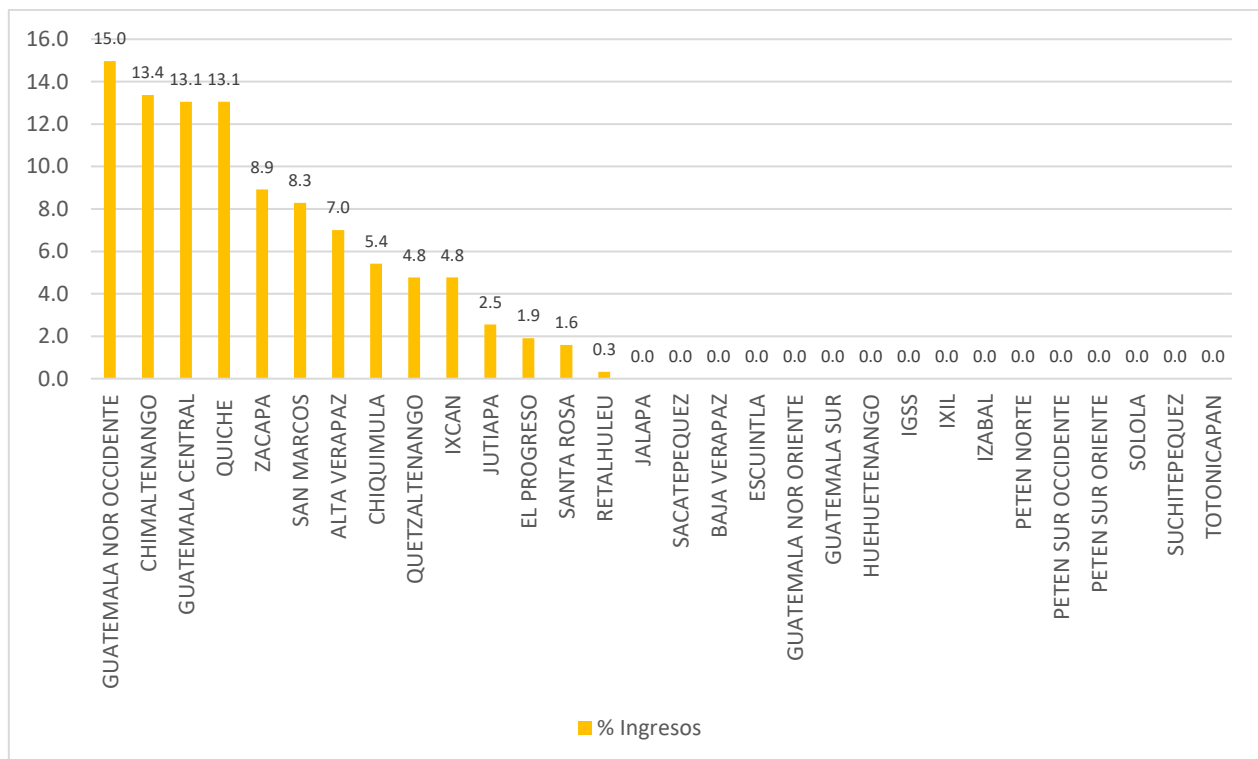
Bárcena Villa Nueva, 9 de septiembre de 2022

## INFORME SEQ-29-09-2022

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.

Para este período de secuenciación se realizó la pre-selección de 314 muestras que ingresaron de las diversas áreas de salud, tomando en cuenta criterios de priorización. La Gráfica 1 corresponde a la selección final de muestras por áreas de salud, ingresadas al Laboratorio Nacional de Salud del 15 de agosto al 04 de septiembre del año en curso para el proceso de secuenciación.

**Gráfica 1. Porcentaje de muestras seleccionadas para el ingreso al LNS para el proceso de secuenciación, por área de salud, del 15 de agosto al 04 de septiembre de 2022**

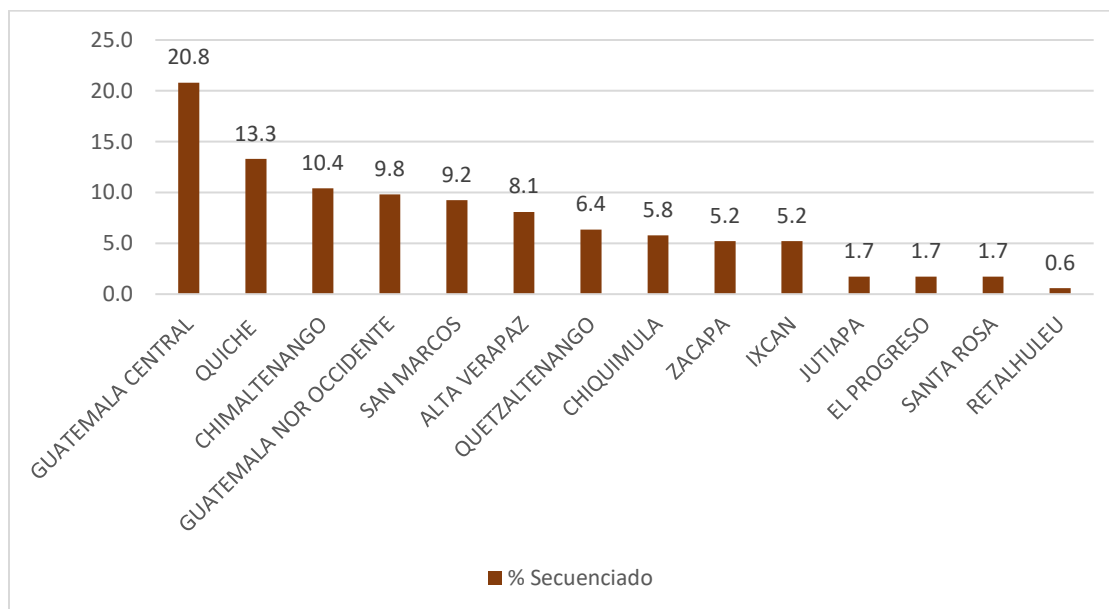


Fuente: Laboratorio Nacional de Salud –LNS–.

Según los criterios de priorización y muestra, se seleccionaron 173 muestras para el proceso de secuenciación local y externa, de las cuales se obtuvo la secuencia genómica efectiva de 170 muestras. En la gráfica 2 se observa la procedencia de las muestras de las cuales se obtuvo una secuencia.



**Gráfica 2. Porcentaje de muestras secuenciadas localmente, por área de salud, del 15 de agosto al 04 de septiembre de 2022**

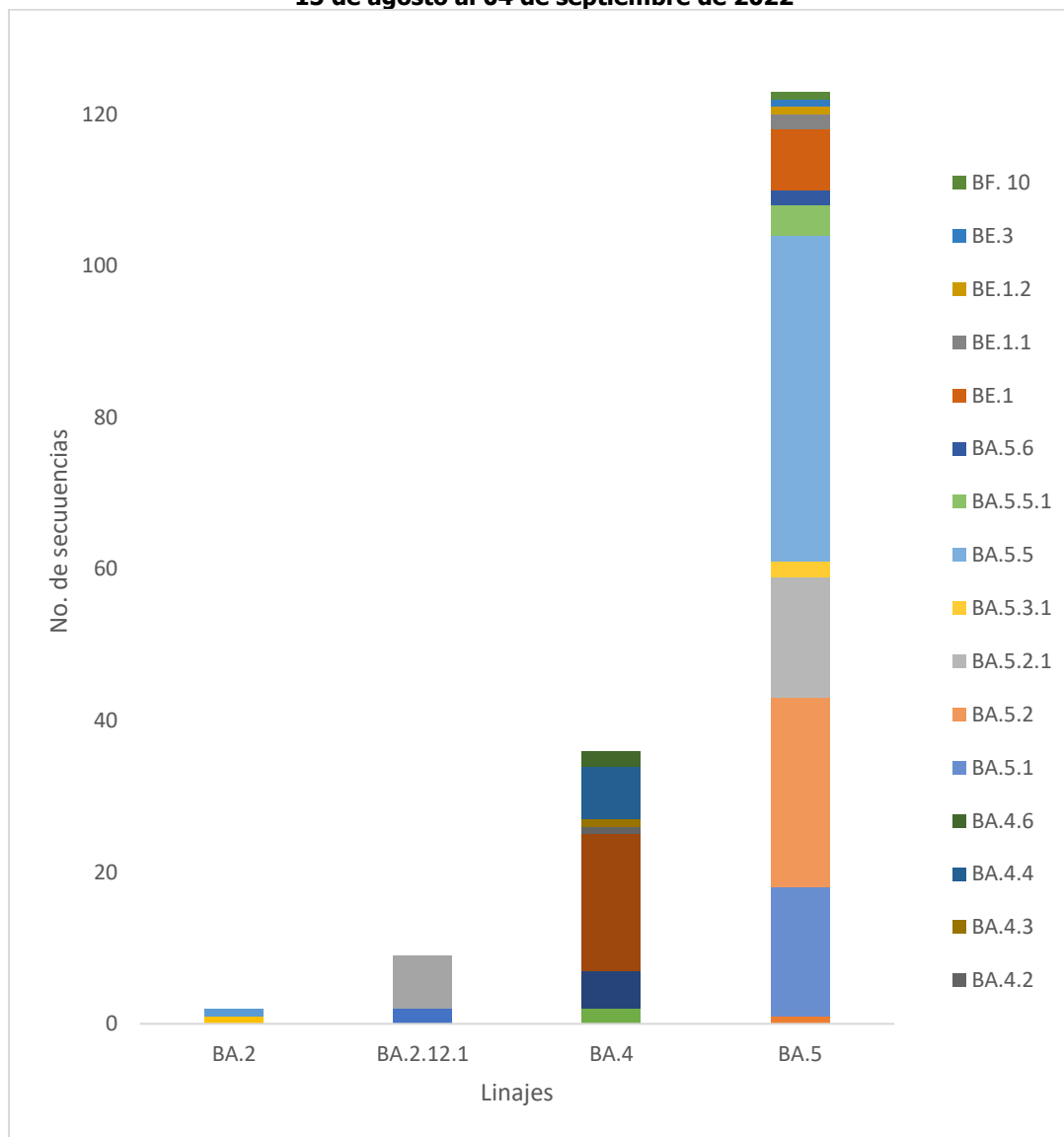


Fuente: Laboratorio Nacional de Salud –LNS–.

Del total de las muestras que se obtuvo asignación de linaje, el 100% corresponde a la VOC Ómicron, cuyos diversos sublinajes se pueden observar en la gráfica 3. El linaje BA.5, junto con todos sus sublinajes, continúa predominando, seguido del linaje BA.4. En general, los linajes BA.5, BA.4 representan el 93.53% del total de los linajes encontrados. El linaje BE.1 es una abreviación dada por Pangolin al linaje B.1.1.529.5.3.1.1; BF.10 al linaje B.1.1.529.5.2.1.10, BE.1.1 al linaje B.1.1.529.5.3.1.1.1, BE.1.2 al linaje B.1.1.529.5.3.1.1.2 y BE.3 al linaje B.1.1.529.5.3.1.1.3.



**Gráfica 3. Variantes de Preocupación (VOC) detectadas por el proceso de secuenciación local, del 15 de agosto al 04 de septiembre de 2022**



Fuente: Laboratorio Nacional de Salud –LNS–.

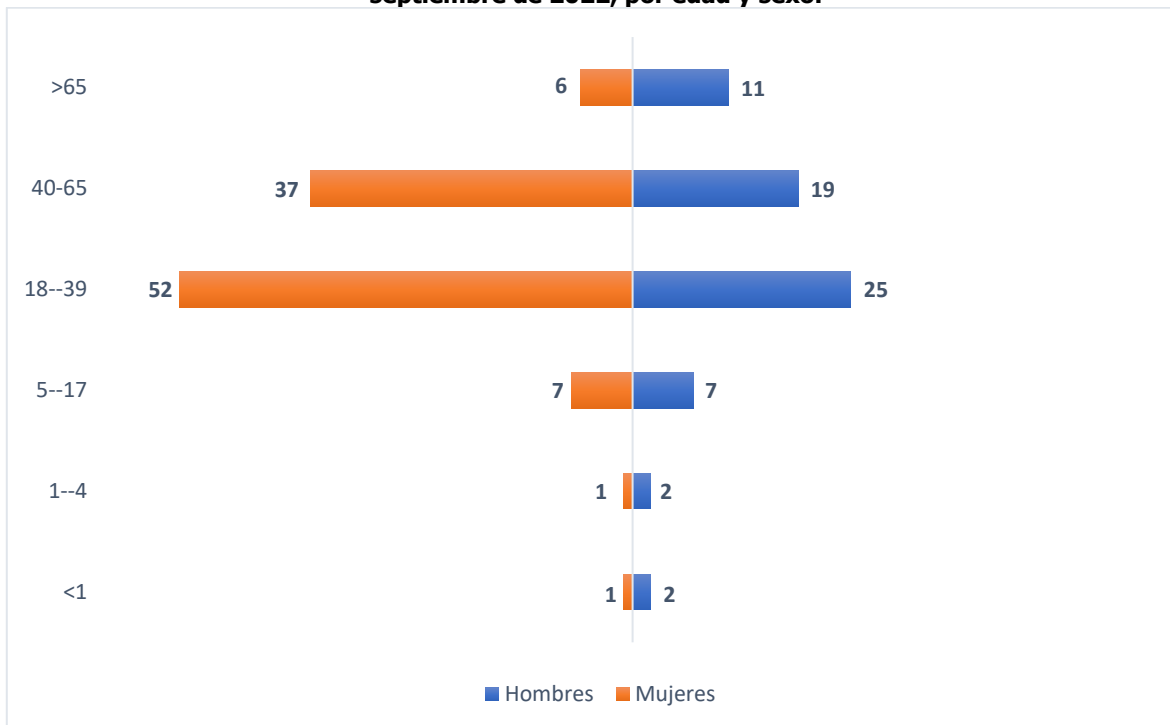
En la gráfica 3 se encuentran agrupados por linaje los diferentes sublinajes obtenidos. Para la variante BA.5 se encontraron los sublinajes BA.5.1, BA.5.1.6, BA.5.2, BA.5.2.1, BA.5.3.1, BA.5.5, BA.5.6, BE.1., BE.1.1, BF.10, BA.5.5.1, BE.3 y BE.1.2. Para el linaje BA.4 se encontraron los sublinajes BA.4, BA.4.1, BA.4.2, BA.4.3, BA.4.4 y BA.4.6. En esta secuenciación fueron encontrados dos sublinajes de BA.2, BA.2.9 y BA.2.3.5. El sublinaje BA.2.12.1 no se agrupó dentro de los linajes de BA.2, debido a su importancia epidemiológica.

De las 170 muestras secuenciadas, la mayoría pertenecen al sexo femenino con predominio en los rangos de edad de 18 a 39 años (gráfica 4).





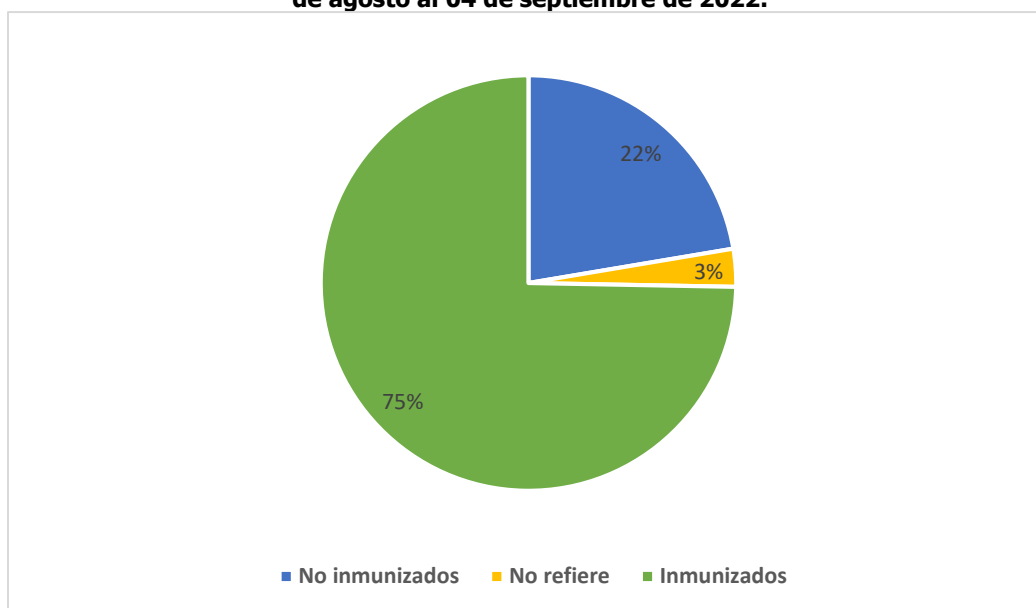
**Gráfica 4. Casos de VOC de muestras secuenciadas localmente, del 15 de agosto al 04 de septiembre de 2022, por edad y sexo.**



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 15 de agosto al 04 de septiembre de 2022.**



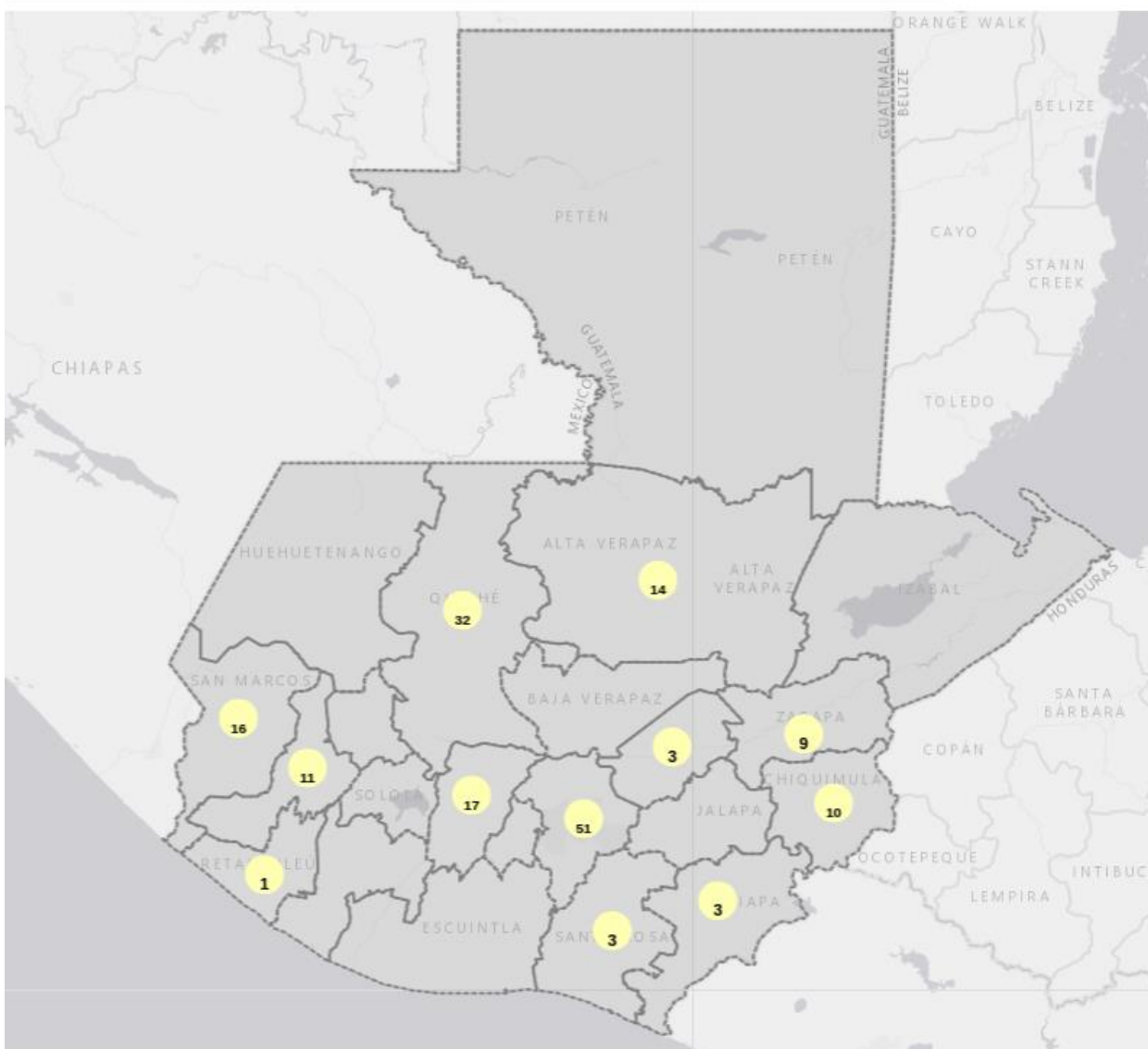
Fuente: Información obtenida de Ficha Epidemiológica Vigilancia Virus Respiratorios – COVID 19.



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

**Imagen 1. Distribución de casos VOC detectados por departamento del 15 de agosto al 04 de septiembre de 2022.**

ÓMICRON

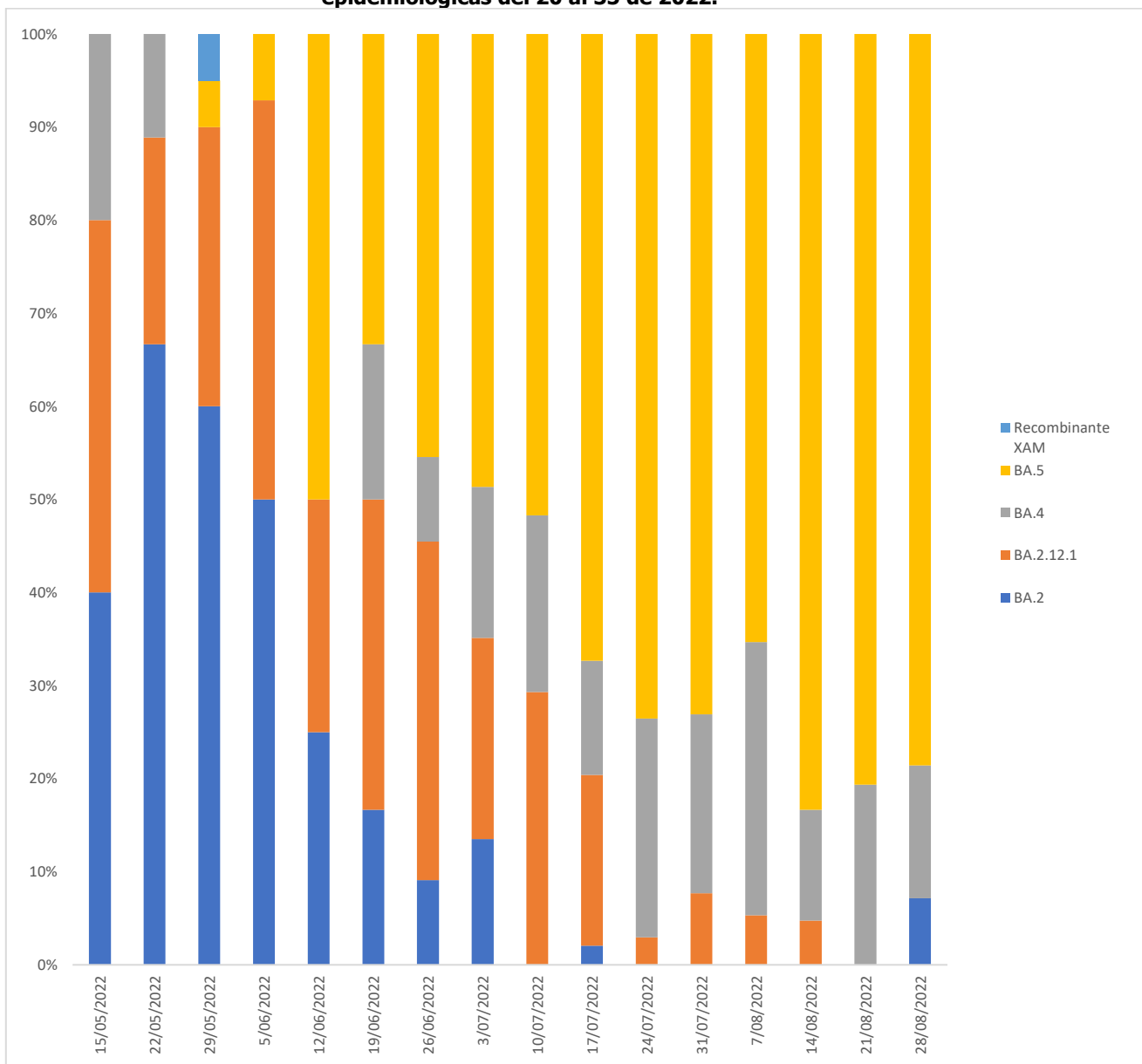


Fuente: Información obtenida del Tablero de Vigilancia Genómica del Laboratorio Nacional de Salud.



En la siguiente gráfica se puede observar el comportamiento de los diferentes sublinajes, de las semanas epidemiológicas 20 a 35, observándose que el linaje BA.5 sigue predominando desde la semana 26, pero no ha desplazado en su totalidad a los otros linajes. Las recombinantes XQ y XG, fueron renombradas con el nombre XAM, debido a la actualización de Pangolin, esta recombinante fue identificada por Panamá.

**Gráfica 6. Proporción de casos de VOC de muestras secuenciadas localmente, de las semanas epidemiológicas del 20 al 35 de 2022.**



Fuente: Laboratorio Nacional de Salud –LNS–.