



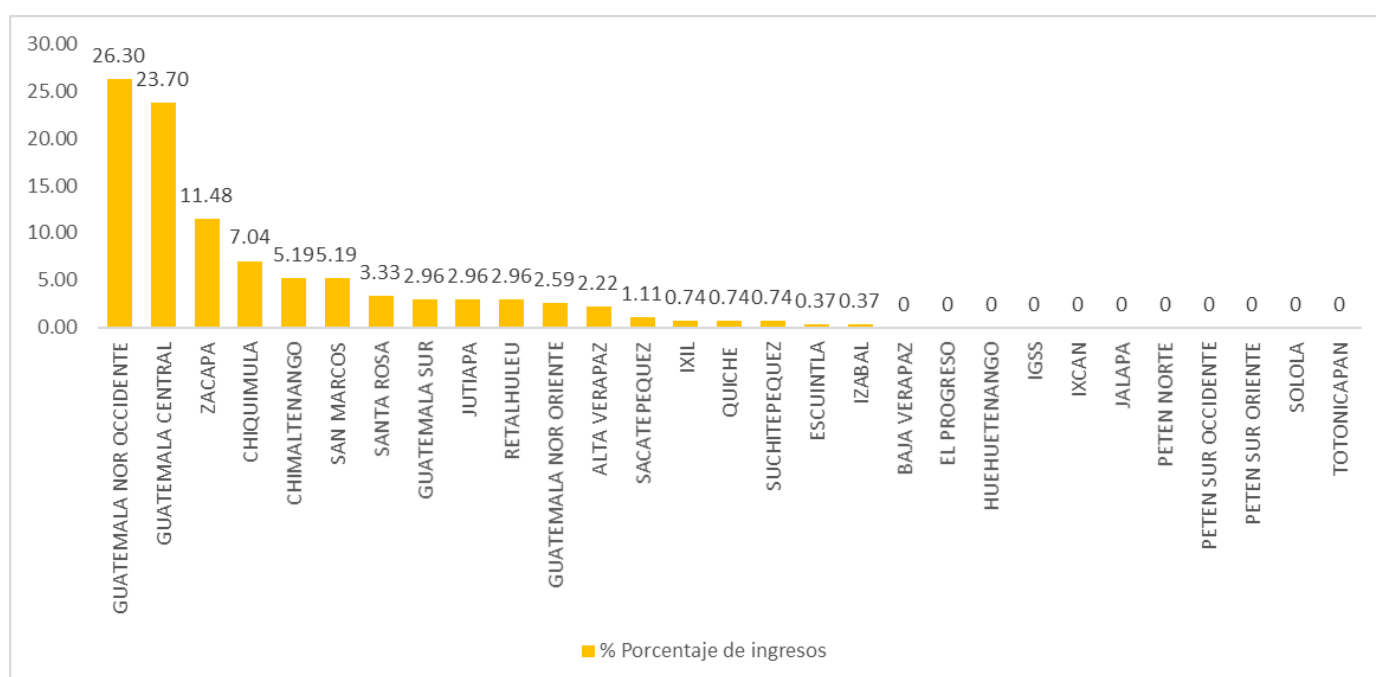
Bárcena Villa Nueva, 05 de diciembre de 2022

INFORME SEQ-32-12-2022

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 270 muestras del 11 al 27 de noviembre 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 11 al 27 de noviembre de 2022

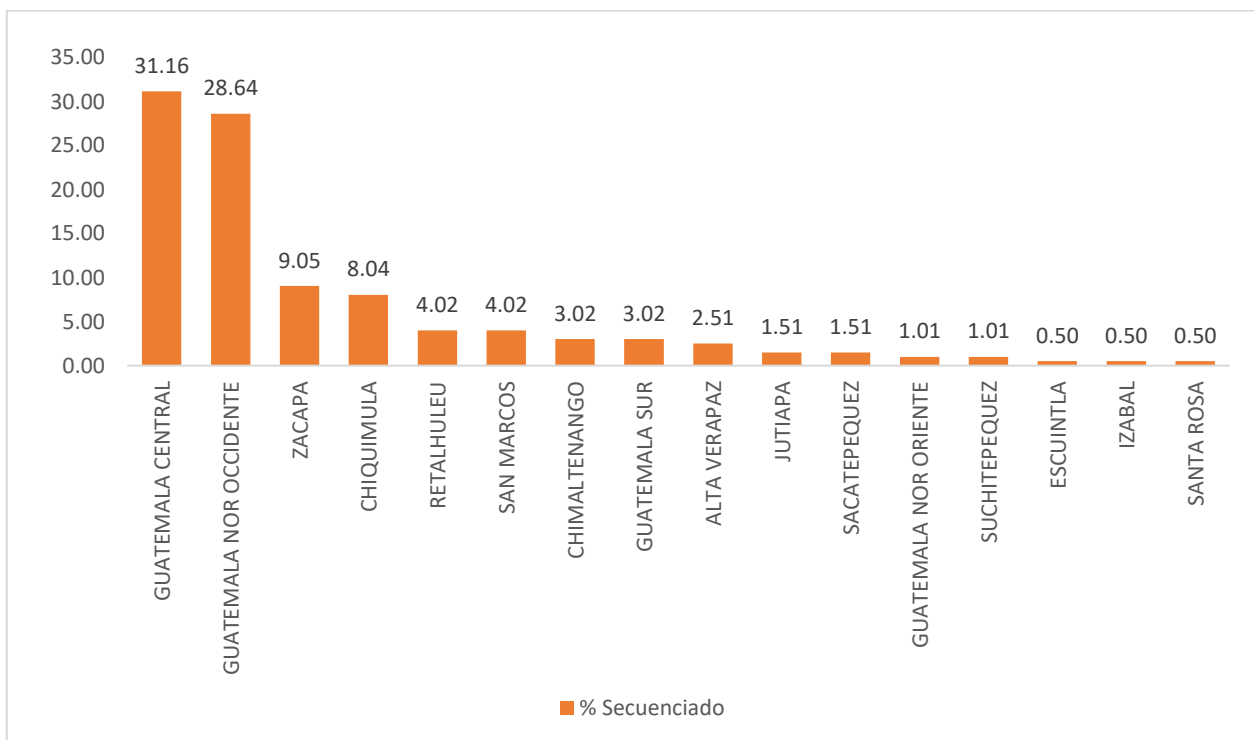


Fuente: Laboratorio Nacional de Salud –LNS–.

Se realizó una selección de 216 muestras que cumplieran los criterios de inclusión para el proceso de secuenciación, de las cuales se obtuvo la secuencia genómica efectiva de 199 muestras. En la gráfica 2 se observa el porcentaje de muestras secuenciadas por área de salud.



Gráfica 2. Porcentaje de muestras secuenciadas localmente, por área de salud, del 11 al 27 de noviembre 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 y 4. La variante recombinante XBB junto con todos sus sublinajes predominan, en general representa el 41.20% del total de los linajes encontrados; 34.67% para la variante BQ.1 y sus sublinajes; 20.10% para la variante BA.5 y sus sublinajes.

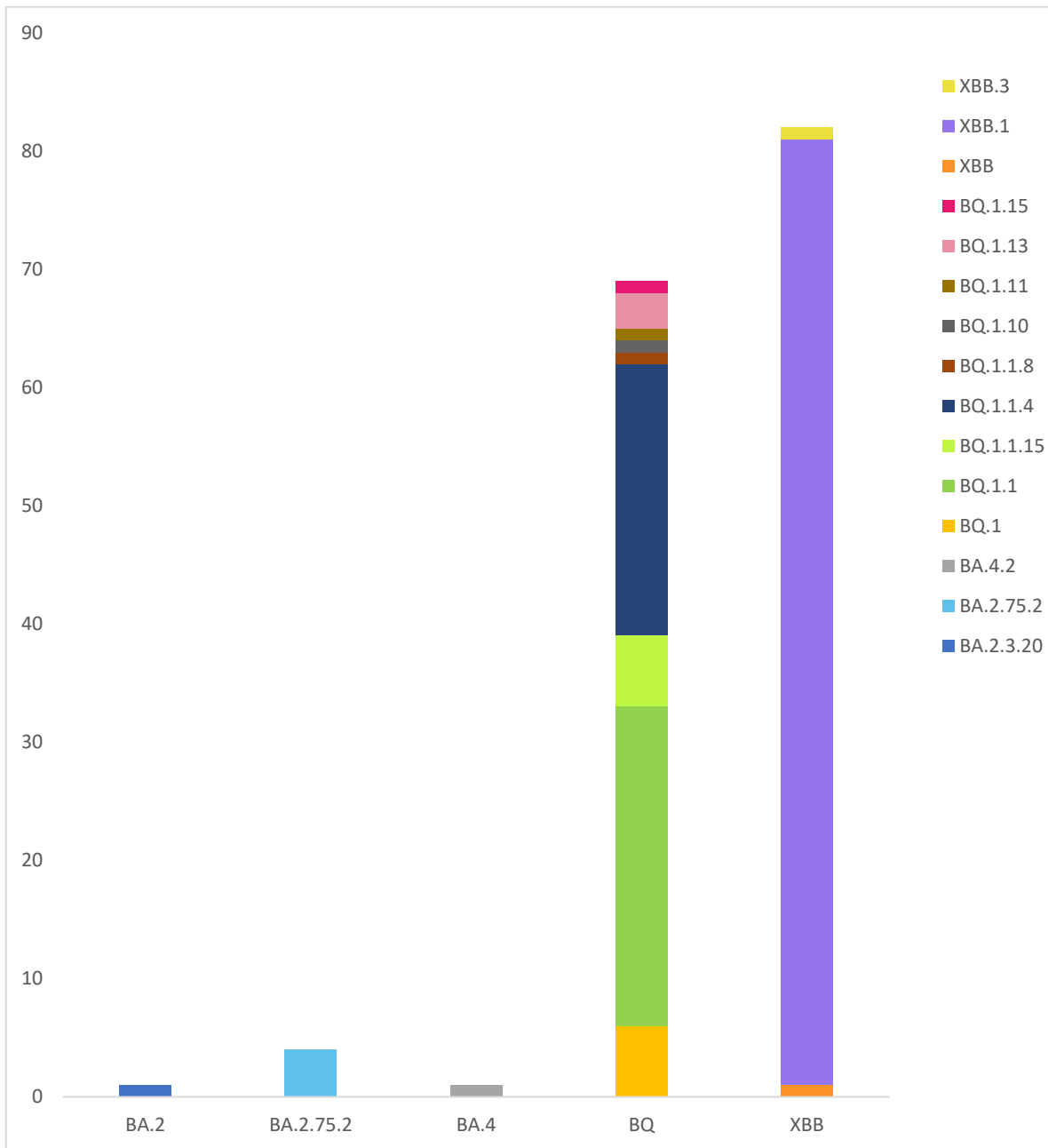
En la gráfica 3 se encuentran agrupados por los linajes BA.2, BA.2.75, BA. 4, BQ y la recombinante XBB; y los diferentes sublinajes obtenidos. En la gráfica 4 se encuentra la variante BA.5 y sus distintos sublinajes, siendo esta variante la que presenta una mayor diversidad de sublinajes

En este proceso de secuenciación se pudo detectar la circulación de la variante BA.2.75.2, esta fue detectada por primera vez en mayo de 2022, presenta algunas mutaciones parecidas a BA.5, a pesar de derivarse de BA.2. Las mutaciones distintivas que definen el linaje son las espigas K147E, W152R, G446S y R493Q. Las dos últimos, G446S y R493Q, son el mayor motivo de preocupación, ya que pueden influir tanto en el escape inmunitario como en la unión a ACE2, esto es lo que hace tenga una mayor transmisibilidad.

La variante recombinante XBB, surge de las altas tasas de transmisión de las variantes BA.2.10.1 y BA.2.75. En Guatemala se detectó la recombinante XBB en la semana epidemiológica 44 y la variante BA.2.75.2 en la semana epidemiológica 46 y 47, por lo cual se piensa que la variante recombinante fue importada.



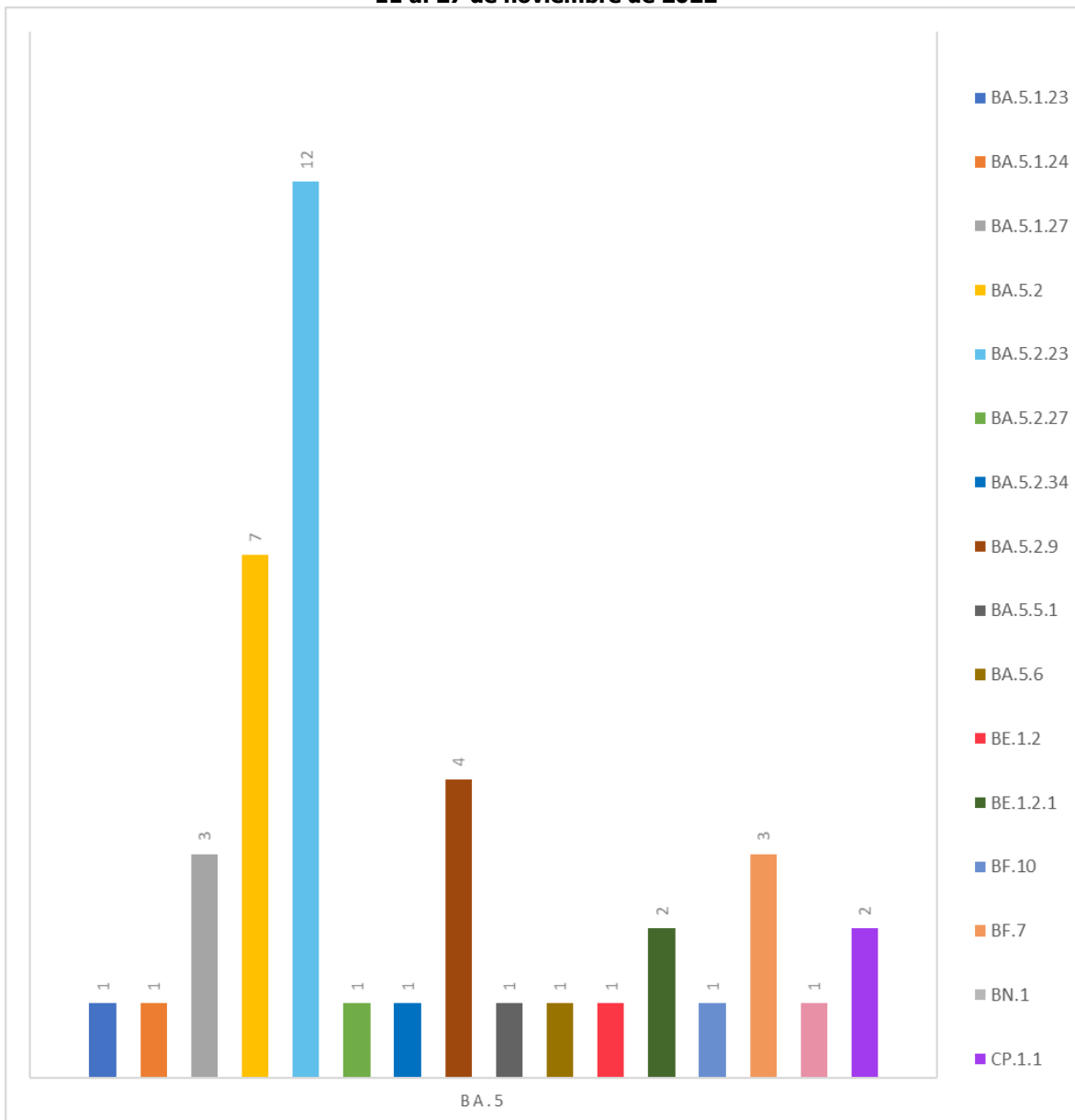
Gráfica 3. Variantes de Preocupación BA.2, BA.2.75, BA.4 y recombinante, detectadas por el proceso de secuenciación local, del 11 al 27 de noviembre de 2022



Fuente: Laboratorio Nacional de Salud –LNS–.



Gráfica 4. Variantes de Preocupación BA.5 detectadas por el proceso de secuenciación local, del 11 al 27 de noviembre de 2022

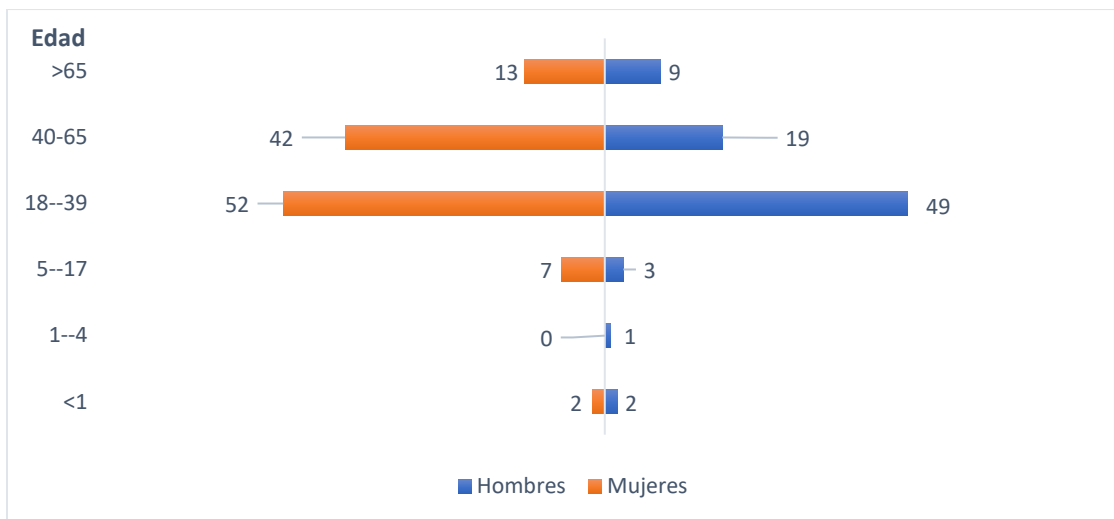


Fuente: Laboratorio Nacional de Salud –LNS–.



De las muestras secuenciadas, la mayoría pertenecen al rango de edad de 18 a 39 para el sexo femenino (gráfica 5).

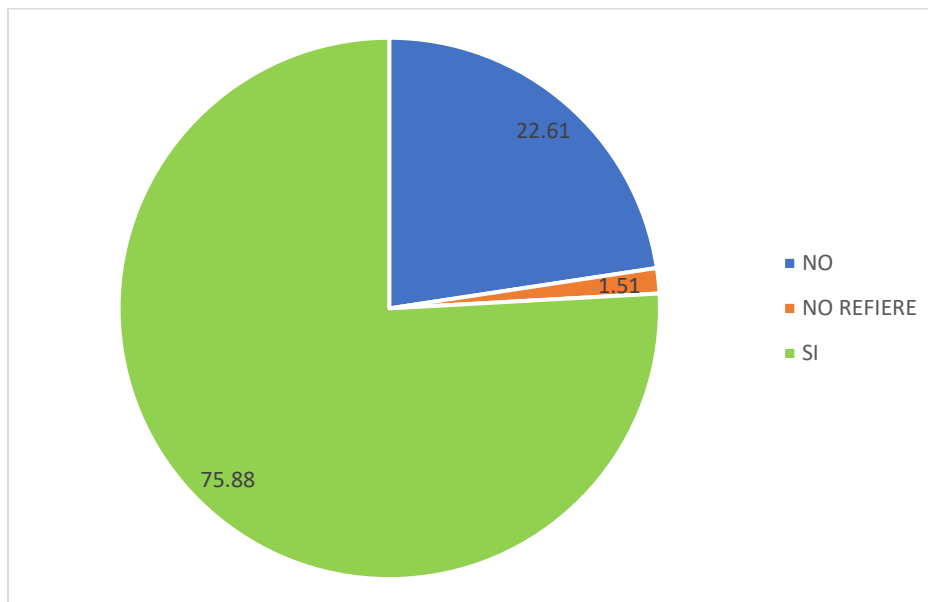
Gráfica 5. Casos por edad y sexo de muestras secuenciadas localmente, del 11 al 27 de noviembre de 2022



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 muestras secuenciadas localmente, del 11 al 27 de noviembre de 2022

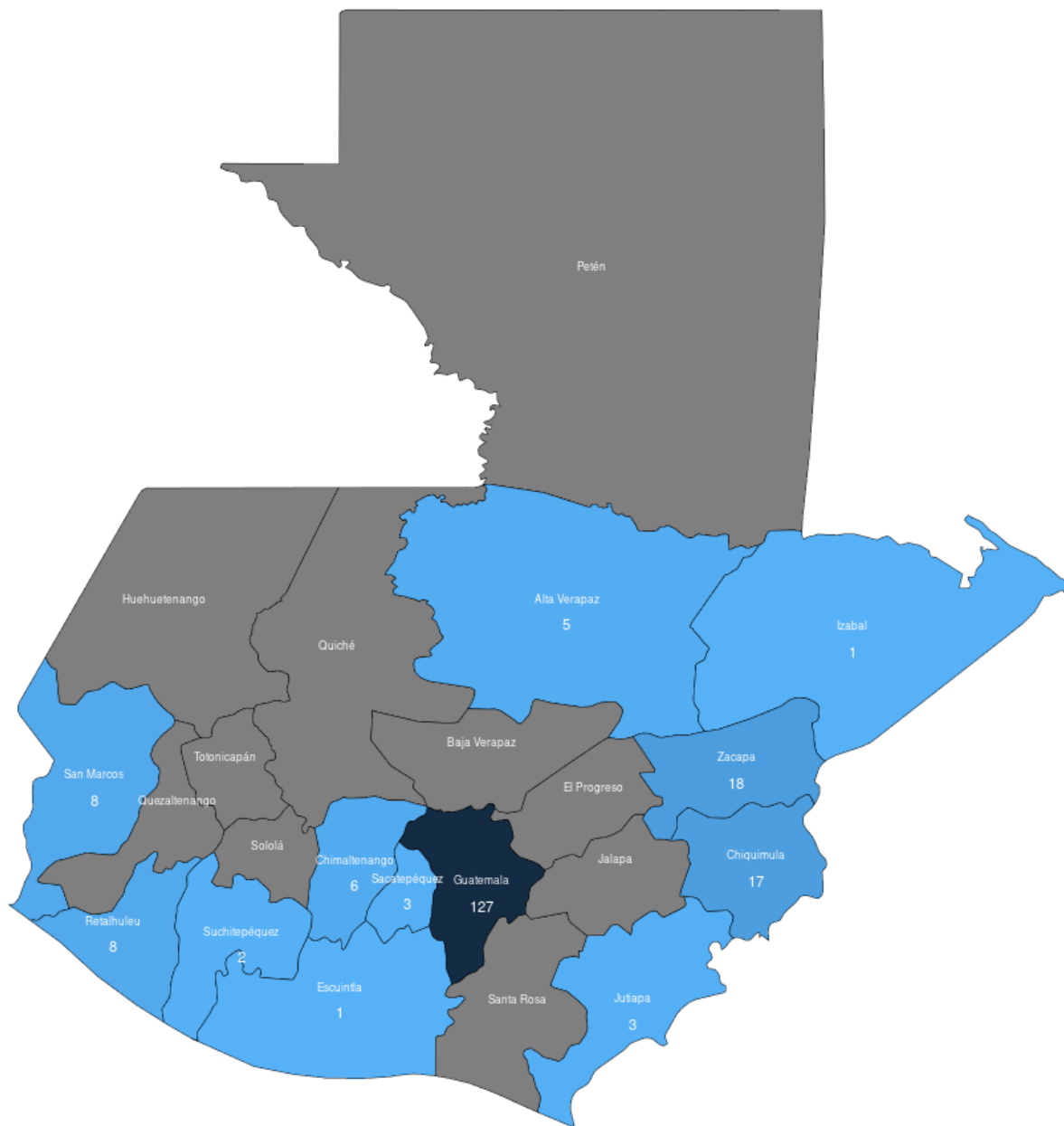


Fuente: Información obtenida de Ficha Epidemiológica Vigilancia Virus Respiratorios – COVID 19.



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

Imagen 1. Distribución de casos VOC detectados por departamento del 11 al 27 de noviembre de 2022

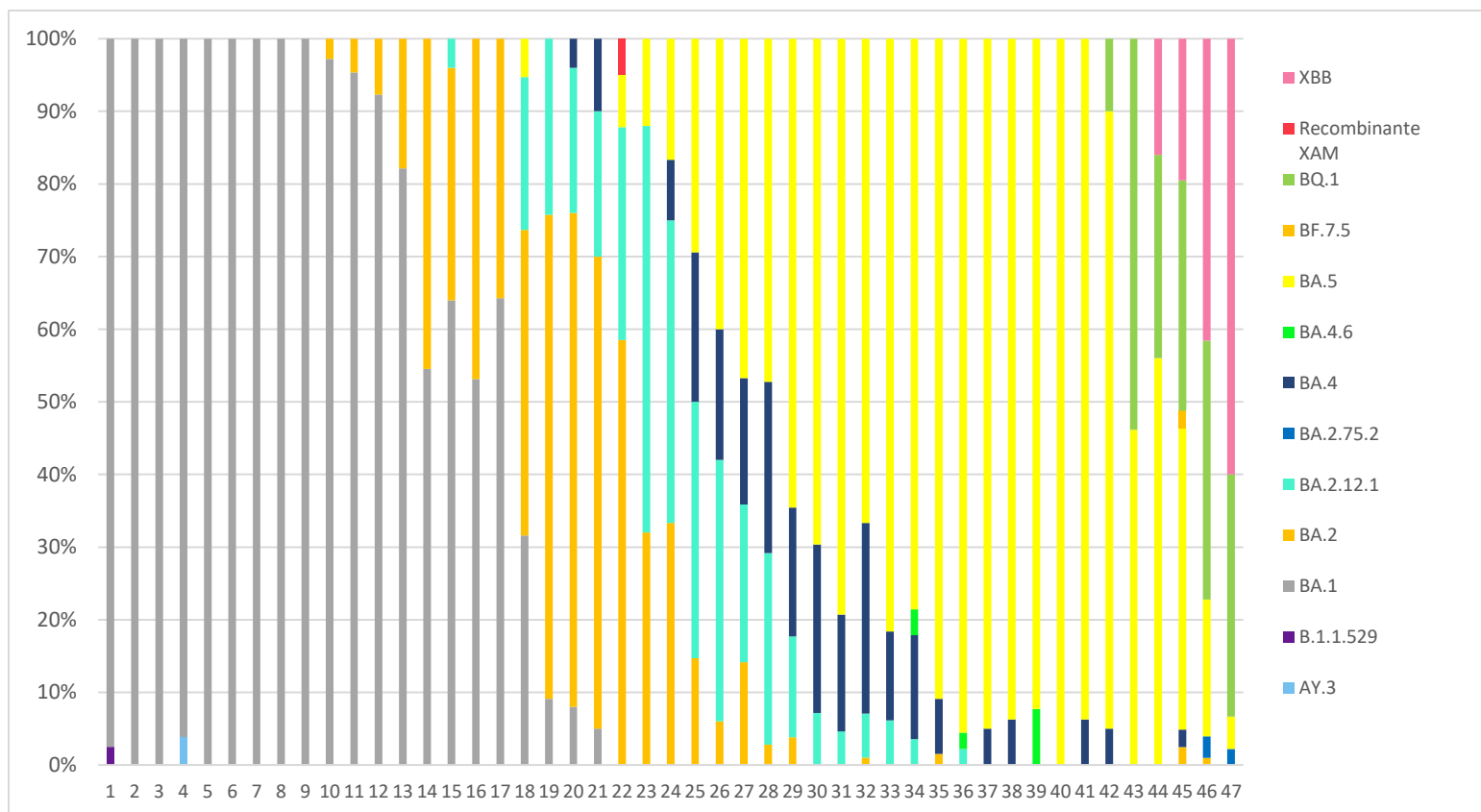


Fuente: Información obtenida del Laboratorio Nacional de Salud.



En la siguiente gráfica se puede observar el comportamiento de los diferentes sublinajes, de las semanas epidemiológicas 1 a la 47, observándose la aparición del linaje BQ.1 desde la semana epidemiológica 42 y la recombinante XBB desde la semana epidemiológica 44, esta recombinante ha desplazado a los otros linajes desde la semana epidemiológica 47, ocupando más del 50% de los casos.

Gráfica 6. Proporción de casos de VOC de muestras secuenciadas localmente, de las semanas epidemiológicas de la 1 a la 47 de 2022.



Fuente: Laboratorio Nacional de Salud -LNS-.