

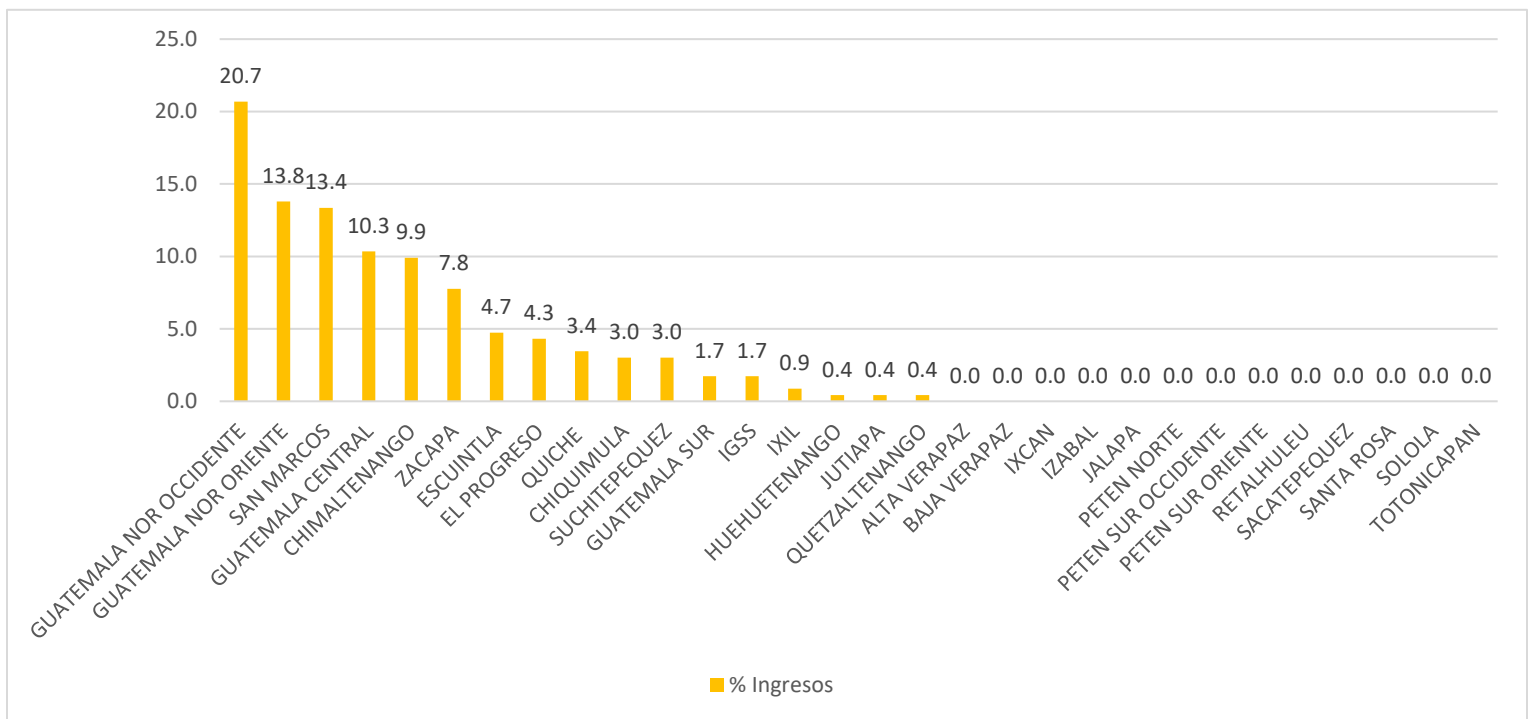
Bárcena Villa Nueva, 27 de enero de 2023

INFORME SEQ-35-01-2023

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 232 muestras del 10 al 23 de enero del año en curso para el proceso de secuenciación provenientes de las diferentes áreas de salud del país.

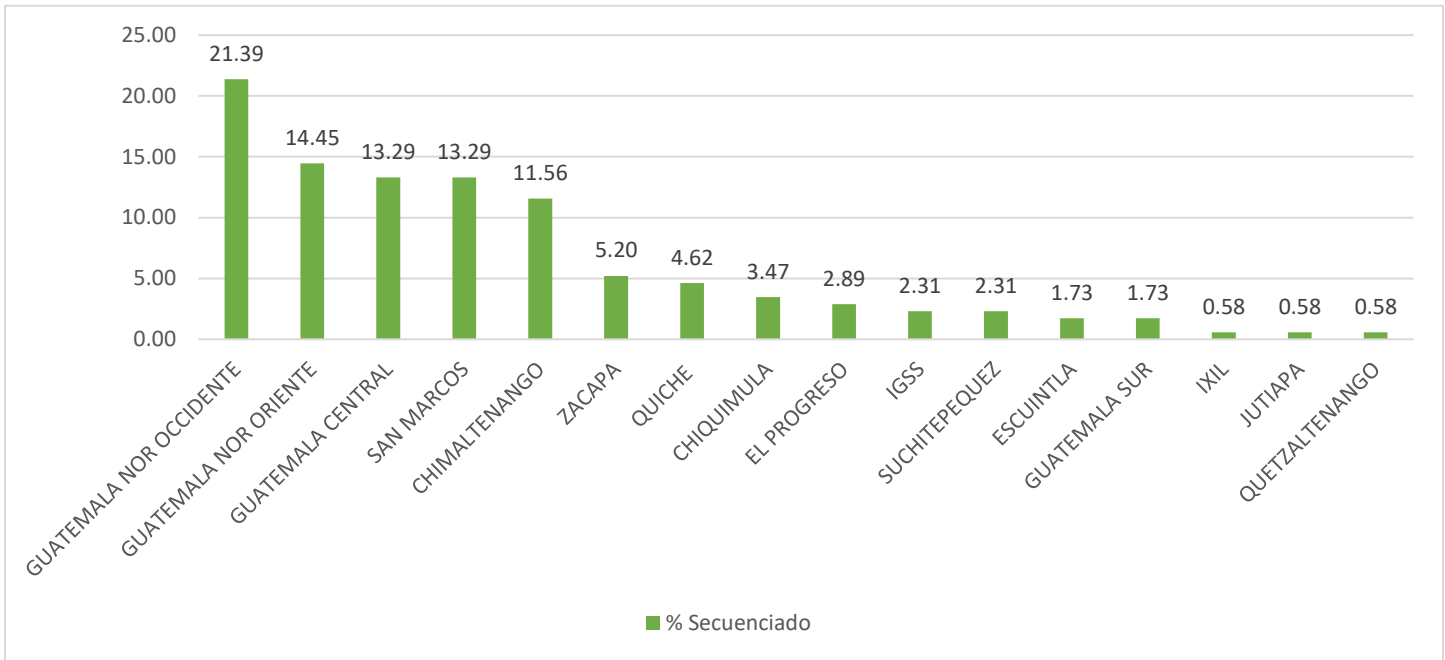
Gráfica 1. Porcentaje de muestras ingresadas al LNS para el proceso de secuenciación, por área de salud, del 10 al 23 de enero de 2023



Fuente: Laboratorio Nacional de Salud –LNS–.

Se realizó una selección de 173 muestras que cumplieran los criterios de inclusión para el proceso de secuenciación, de las cuales se obtuvo la secuencia genómica efectiva de 133 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 10 al 23 de enero de 2023



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. La variante más frecuente corresponde a la recombinante XBB la cual representa el 79.70% del total de los linajes encontrados; 10.52% para la variante BQ.1 y sus sublinajes; 3% para la variante BA.2 3% para la variante BA.5 y sus sublinajes y 3.75 % para la variante XBB.1.5.

De las muestras secuenciadas 5 corresponden al sublinaje XBB.1.5 de reciente introducción, que corresponden a las siguientes áreas Guatemala Central (3), Quiché (1), El Progreso (1); ninguno de los casos refiere antecedentes de viaje. La variante de Ómicron XBB.1.5 es un sublinaje de XBB, la cual es una variante recombinante de dos sublinajes de BA.2., específicamente de BA.2.75 y BA.2.10.1 la cual se ha caracterizado por poseer numerosas mutaciones en la proteína de espiga, que reducen la acción de los anticuerpos generados por vacunación e infección, incluidas los sublinajes anteriores de Ómicron.

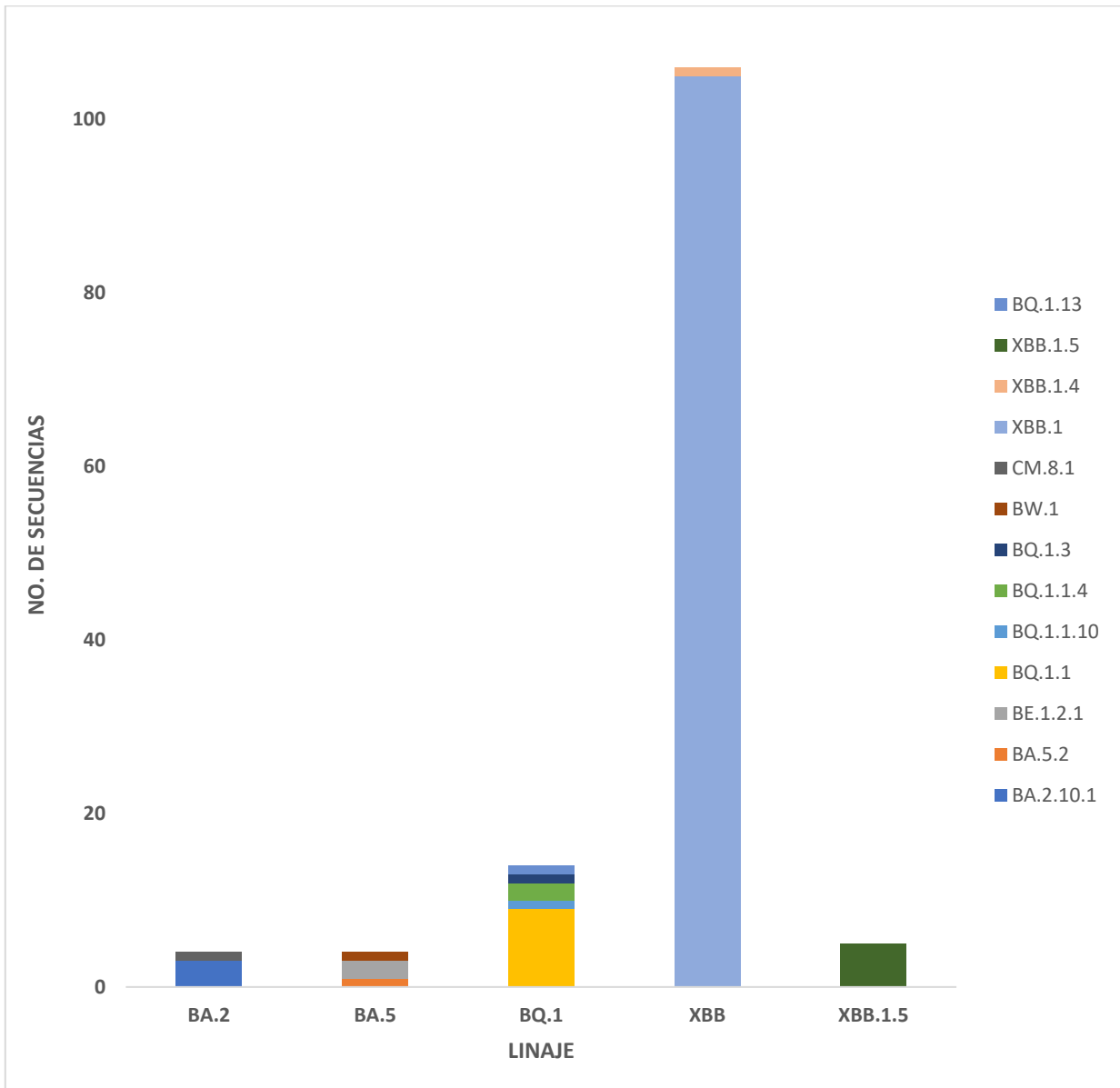
De acuerdo a la Organización Mundial de la Salud, desde el 22 de octubre del 2022 al 11 de enero de 2023, se han reportado 5,288 secuencias de dicha variante provenientes de 38 países. La mayoría de estas secuencias han sido reportadas por Estados Unidos (82.2%), Reino Unido (8.1%) y Dinamarca (2.2%).

El 05 de enero, el Grupo Asesor Técnico sobre la Evolución del Virus (TAG-VE) de la OMS indicó que, según las características genéticas y estimaciones de la tasa de crecimiento inicial, XBB.1.5 puede contribuir a aumentar la incidencia de casos. Hasta la fecha, la confianza general en la evaluación es baja, ya que las estimaciones de la ventaja del crecimiento provienen en su mayoría de un solo país, los Estados Unidos.

Según los Centros para la Prevención y el Control de Enfermedades de los Estados Unidos (US CDC, por sus siglas en inglés) XBB.1.5 no está asociado con una mayor reducción en la neutralización por los sueros vacunados y convalecientes en comparación con XBB.1. Los estudios que evalúan la capacidad del suero humano para neutralizar eficazmente el virus SARS-CoV-2 *in vitro* proporcionan una indicación temprana de si los linajes emergentes pueden evadir los anticuerpos neutralizantes inducidos por la infección o la vacuna, que son fundamentales para la protección contra la infección.

XBB.1.5 está asociado con una mayor transmisibilidad en comparación con XBB debido a que presenta un cambio de aminoácido rara vez visto, llamado F486P, en la proteína de espiga. No obstante, todavía se requieren de más investigaciones para dilucidar este mecanismo, por lo cual dicha característica hace que sea importante continuar vigilando a este sublinaje.

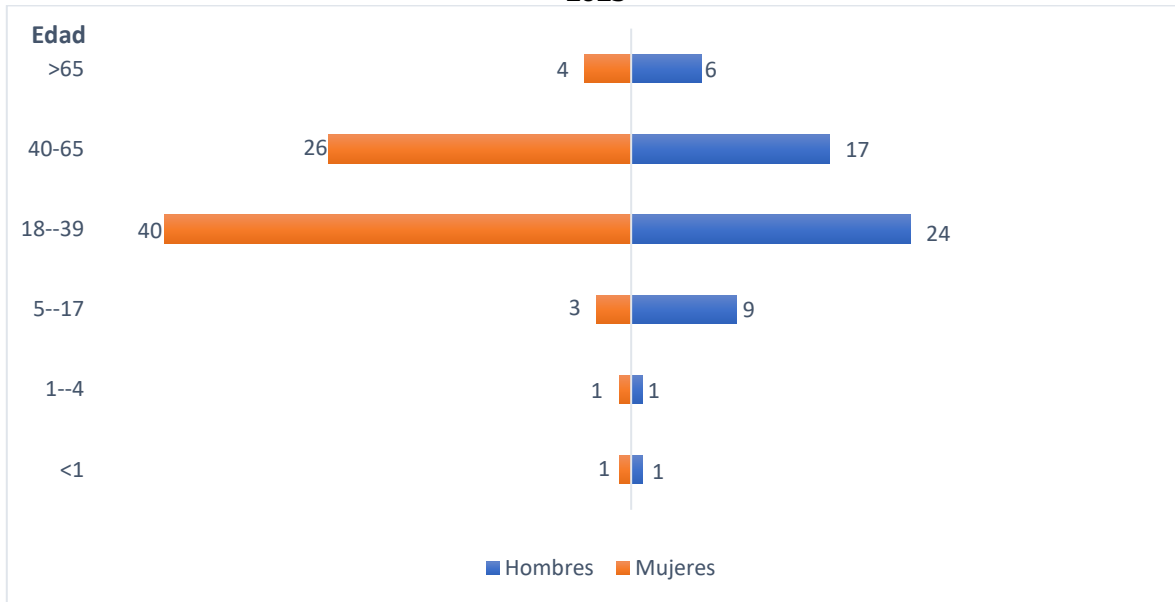
Gráfica 3. Variantes de Preocupación BA.2, BA.2.5, BQ.1 y recombinantes XBB detectadas por el proceso de secuenciación local, del 10 al 23 de enero de 2023



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 4).

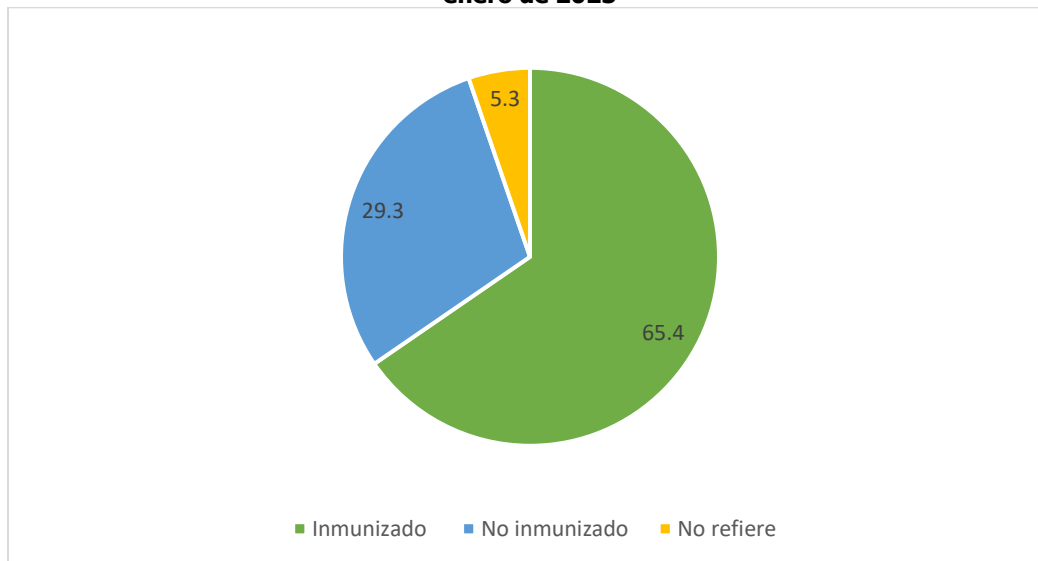
Gráfica 4. Casos por edad y sexo de muestras secuenciadas localmente, del 10 al 23 de enero de 2023



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).

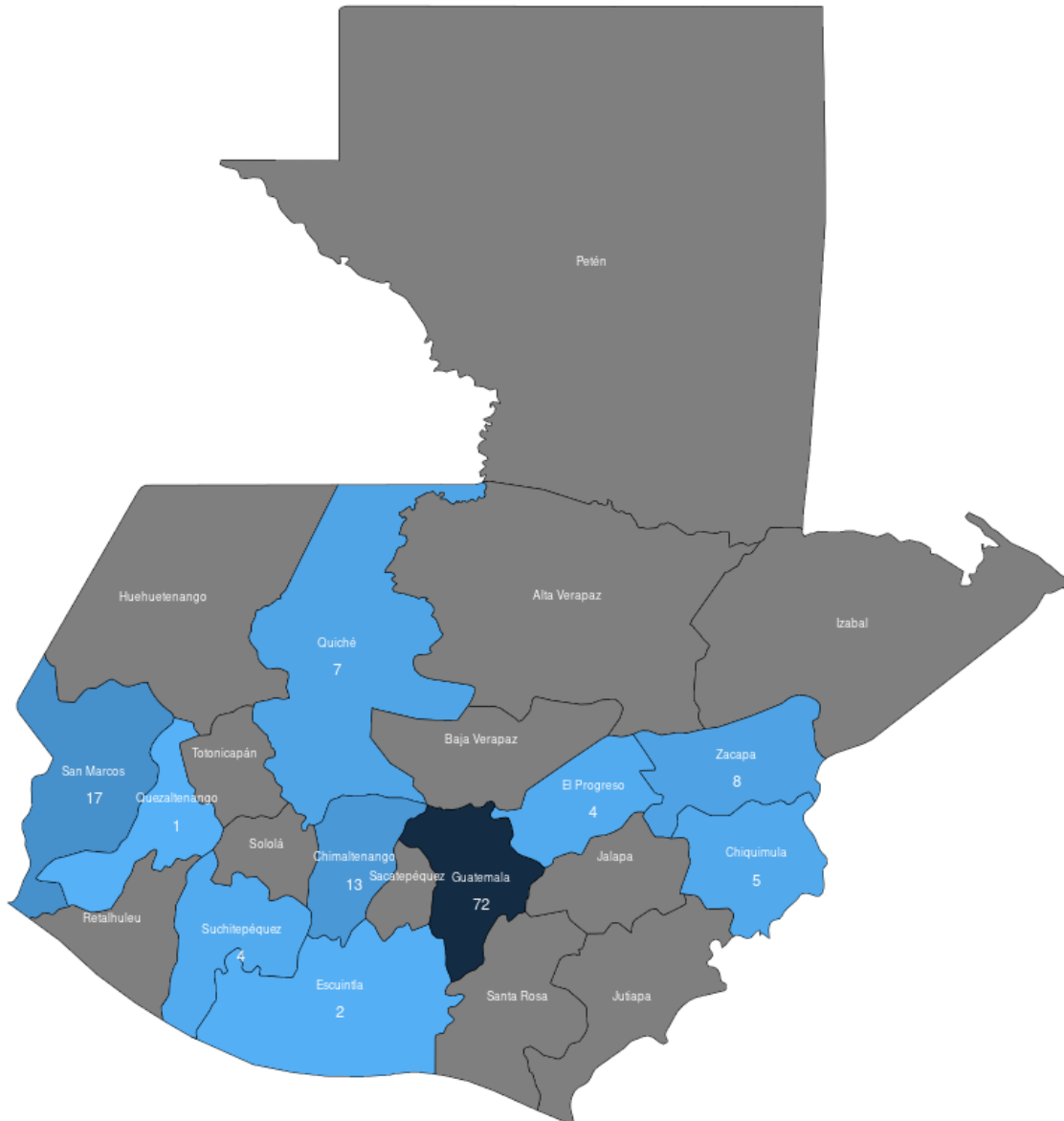
Gráfica 5. Porcentaje de casos inmunizados de muestras secuenciadas localmente, del 10 al 23 de enero de 2023



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.

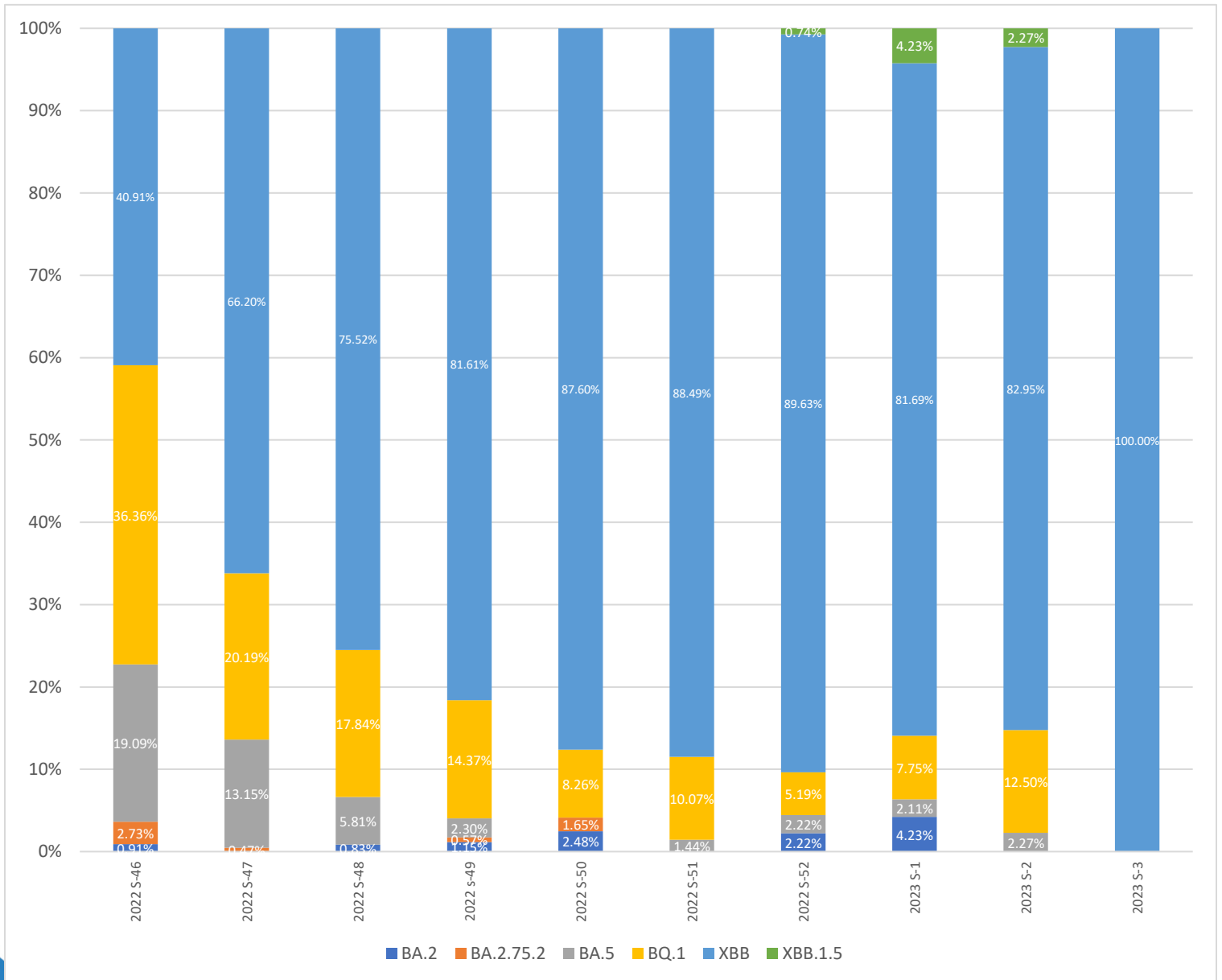
Imagen 1. Distribución de casos VOC detectados por departamento del 10 al 23 de enero de 2023



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 46 a la 52 del año 2022 y las primeras 3 semanas epidemiológicas del año 2023. La aparición de la variante XBB.1.5 se dio en la semana epidemiológica 52 del año 2022, hasta la fecha XBB continúa siendo la variante más frecuente.

Gráfica 6. Proporción de casos de VOC de muestras secuenciadas localmente, de las semanas epidemiológicas de la 46 a la 52 del año 2022 y semana epidemiológica de la 1 a la 3 del año 2023.



Fuente: Laboratorio Nacional de Salud –LNS–.