

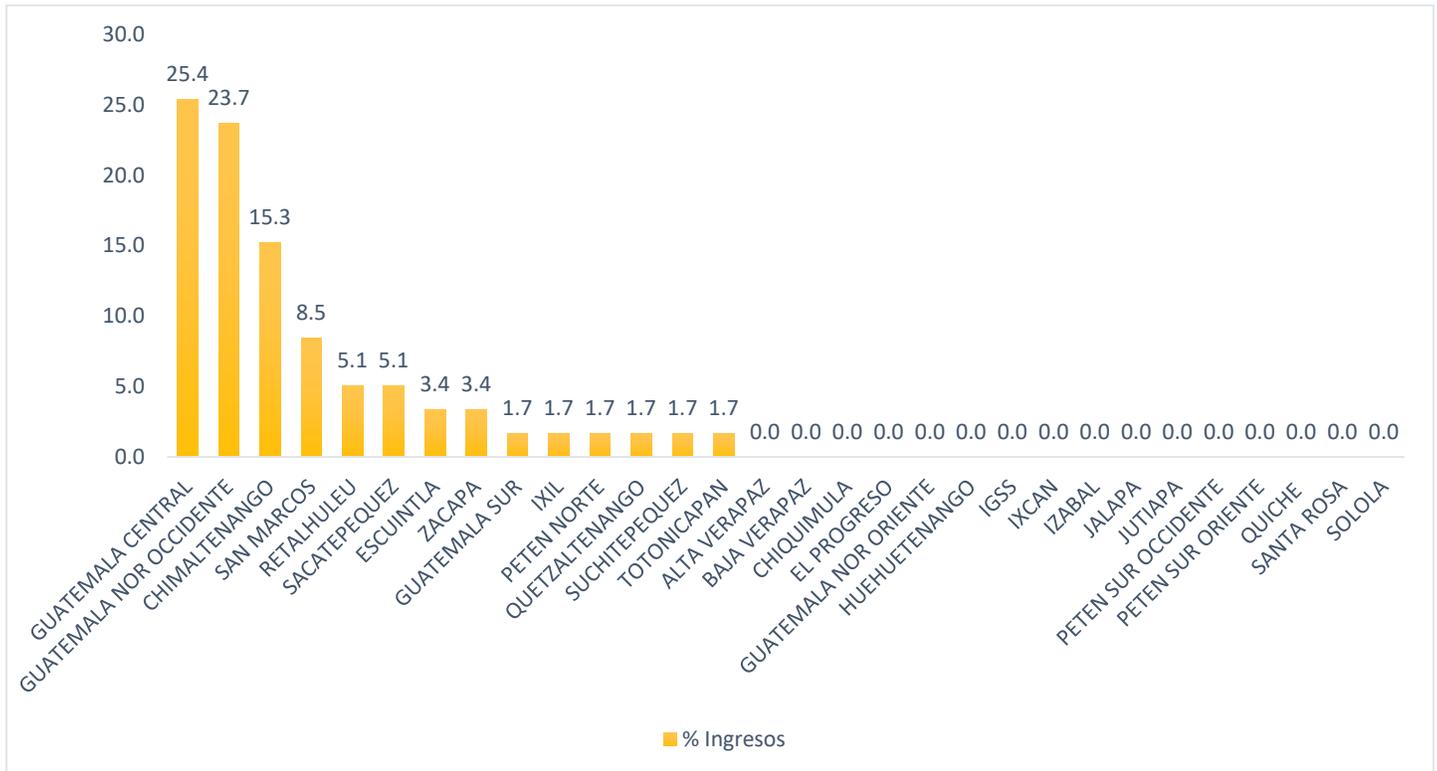
Bárcena Villa Nueva, 17 de mayo de 2023

INFORME SEQ-41-05-2023

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

La Gráfica 1 corresponde al ingreso al DLNS de 59 muestras del 26 de abril al 08 de mayo del año en curso para el proceso de secuenciación provenientes de las diferentes Direcciones Departamentales de Redes Integradas de Servicios de Salud (DDRIS).

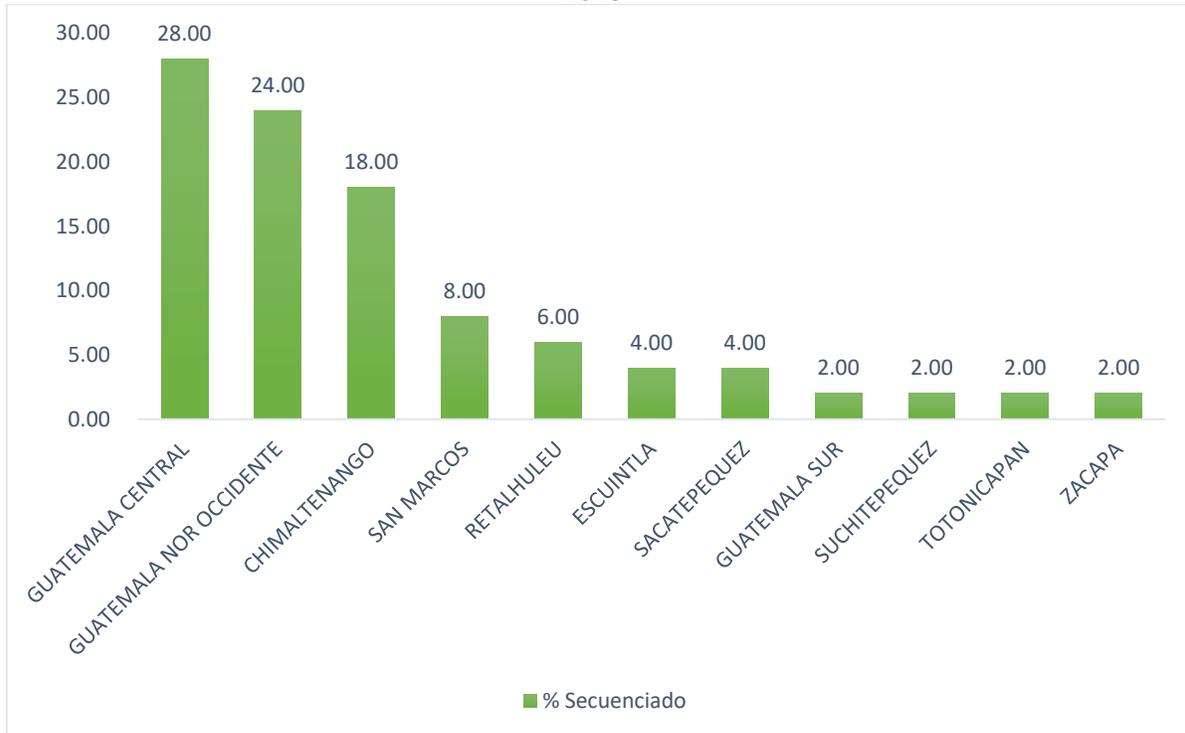
Gráfica 1. Porcentaje de muestras ingresadas a la DLNS para el proceso de secuenciación, por DDRIS, del 26 de abril al 08 de mayo de 2023



Fuente: Dirección del Laboratorio Nacional de Salud –DLNS–.

Se realizó una selección de 50 muestras que cumplieran los criterios de inclusión para el proceso de secuenciación, de las cuales se obtuvo la secuencia genómica efectiva de 44 muestras. En la gráfica 2 se observa el porcentaje de muestras secuenciadas por DDRISS.

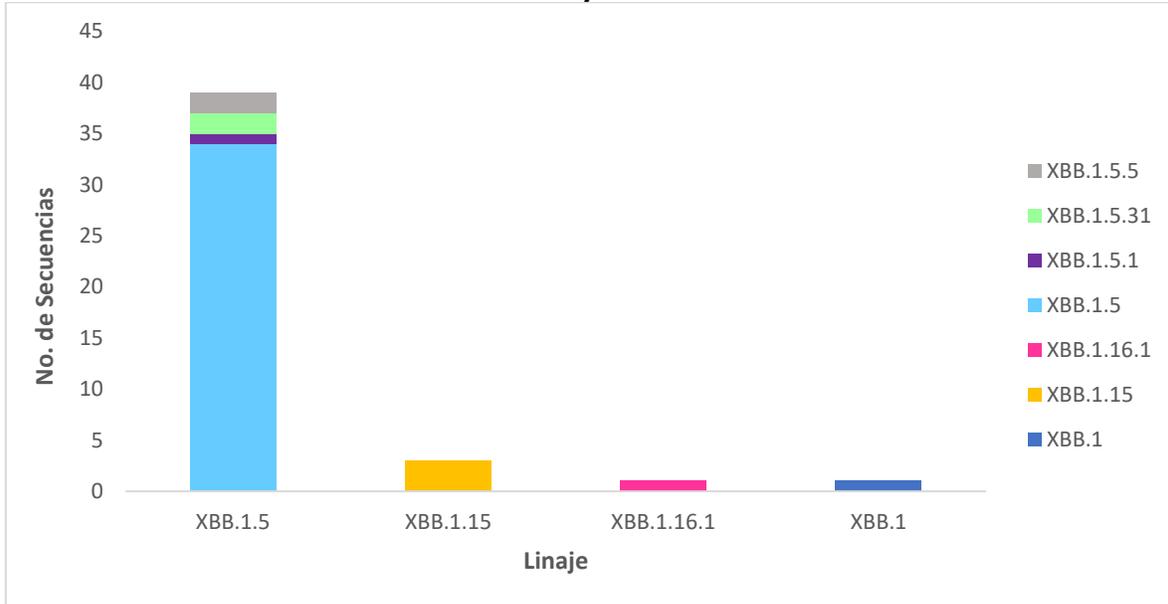
Gráfica 2. Porcentaje de muestras secuenciadas localmente, por DDRISS, del 04 al 25 de abril de 2023



Fuente: Dirección del Laboratorio Nacional de Salud –DLNS–.

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 100%, esta incluye la subvariante XBB.1.5 (88.64%); XBB.1.15 (6.82%); XBB.1 (2.27%) y XBB.1.16.1 (2.27%).

Gráfica 3. Recombinantes XBB detectadas por el proceso de secuenciación local, del 26 de abril al 08 de mayo de 2023



Fuente: Dirección del Laboratorio Nacional de Salud –DLNS–.

De acuerdo a la Organización Mundial de la Salud (OMS) la XBB.1.16 es un linaje descendiente de XBB, una recombinante de dos linajes descendientes de BA.2. El sublinaje XBB.1.16 fue reportada por primera vez el 09 de enero de 2023 y designada como una Variante Bajo Monitoreo (VUM, por sus siglas en inglés). El 17 de abril del año en curso, XBB.1.16 fue designada como una Variante de Interés (VOI, por sus siglas en inglés). XBB.1.16 tiene un perfil genético similar al de la VOI XBB.1.5, con las mutaciones adicionales en los aminoácidos E180V y K478R en la proteína de espiga en comparación con su pariente XBB.1.

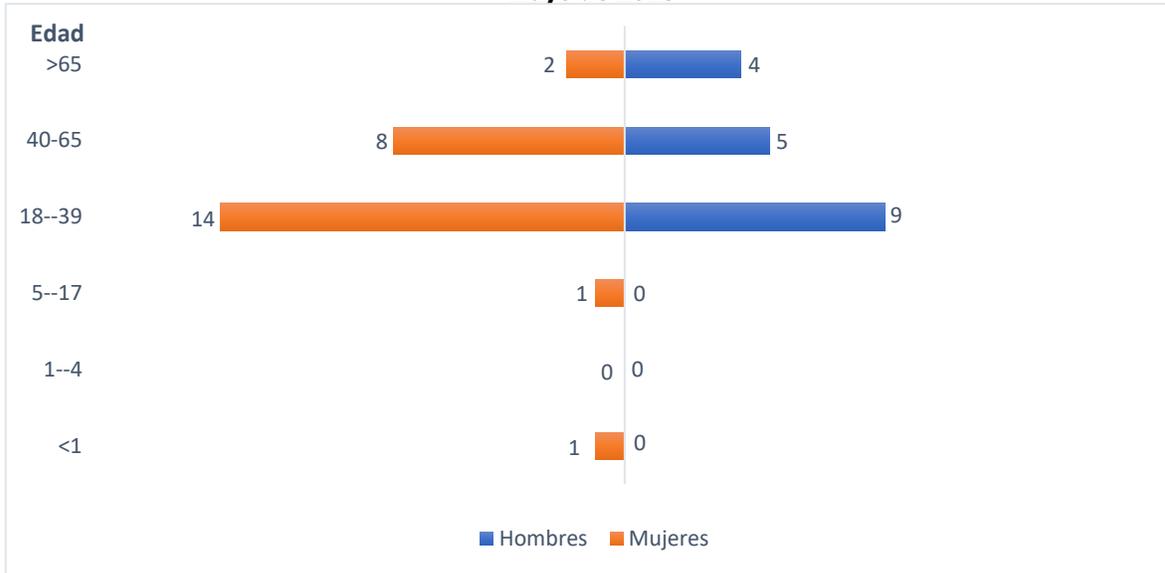
Globalmente, ha habido un aumento semanal en la prevalencia de casos de XBB.1.16. Durante la semana epidemiológica 13 la prevalencia global de XBB.1.16 fue del 4.15%, lo que representó un aumento con respecto a las 4 semanas anteriores cuando la prevalencia global fue del 0.52%.

Según sus características genéticas, características de escape inmunitario y estimaciones de la tasa de crecimiento, XBB.1.16 puede propagarse globalmente y provocar un aumento en la incidencia de casos. De los informes de India y otros países, no se han observado señales tempranas de aumentos en la gravedad, debido a que XBB.1.16 se ha extendido a 33 países, la gravedad de la enfermedad se está monitoreando cuidadosamente. En conjunto, la evidencia disponible no sugiere que XBB.1.16 tenga riesgos adicionales para la salud pública en relación con los otros linajes descendientes de Ómicron que circulan actualmente.

El caso de XBB.1.16.1 encontrado en Guatemala pertenece a un sublinaje de la subvariante XBB.1.16, el cual se detectó en la semana epidemiológica 17, y que corresponde a una paciente de sexo femenino de 28 años de edad, proveniente del DDRISS de Guatemala Central; refiere antecedentes de vacunación y no refiere antecedentes de viaje.

De las muestras secuenciadas, la mayoría pertenecen al rango de edad de 18 a 39 años (gráfica 4).

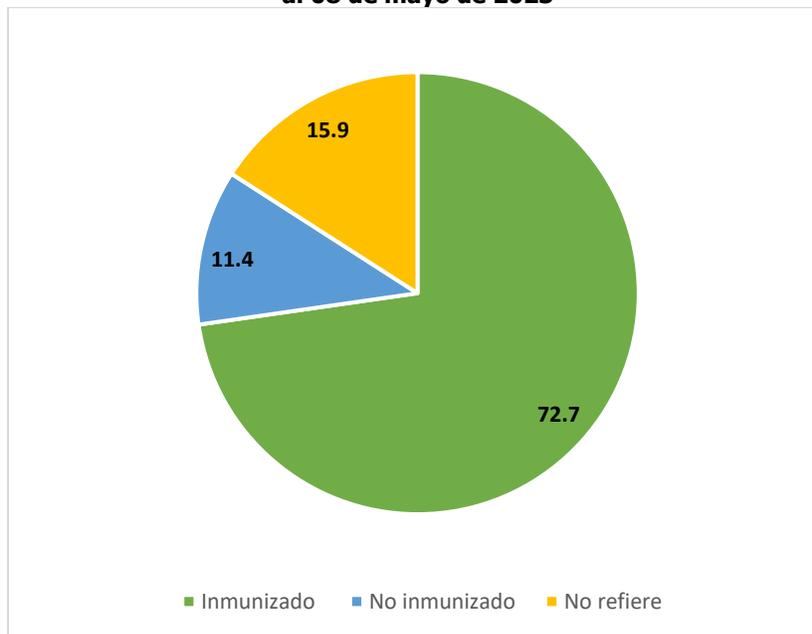
Gráfica 4. Casos por edad y sexo de muestras secuenciadas localmente, del 26 de abril al 08 de mayo de 2023



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).

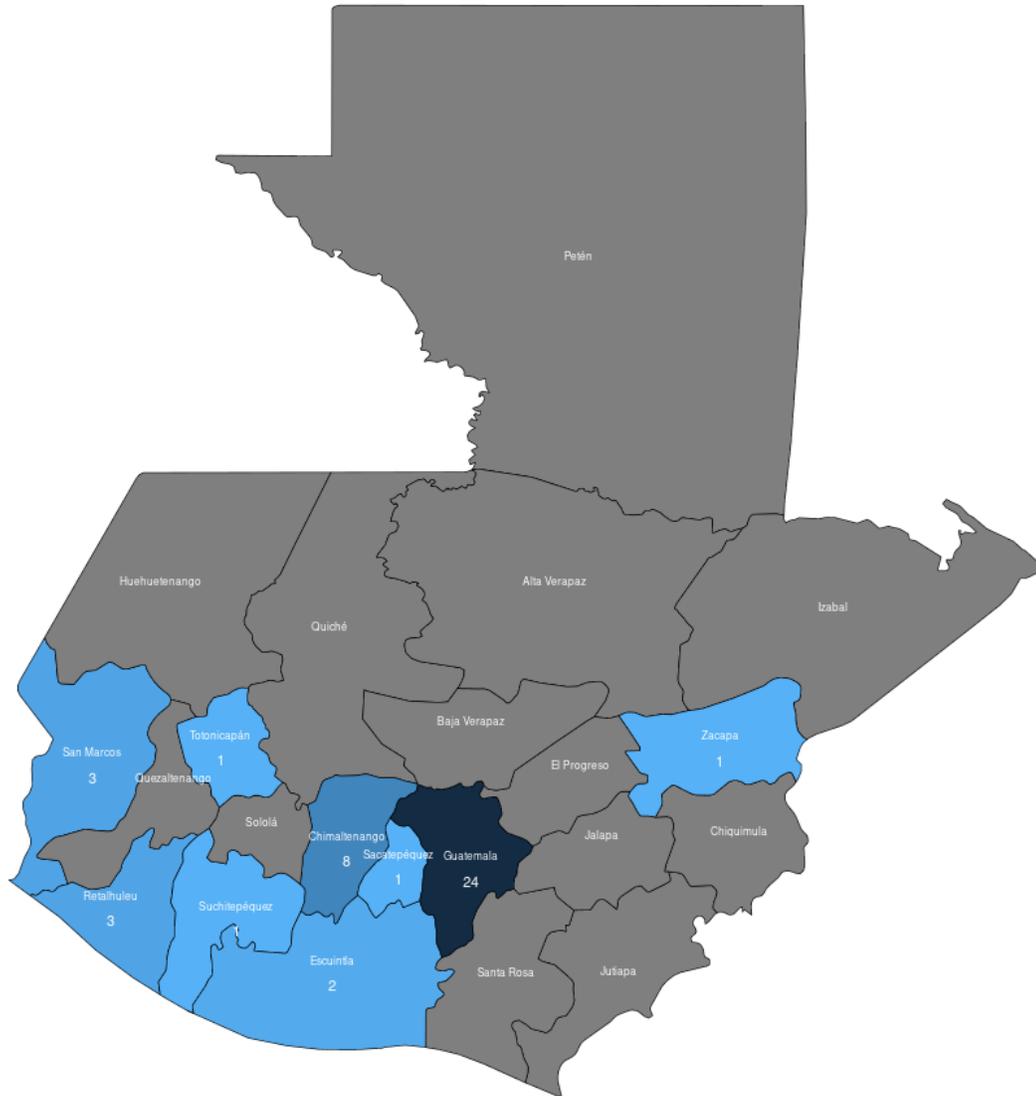
Gráfica 5. Porcentaje de casos inmunizados de muestras secuenciadas localmente, del 26 de abril al 08 de mayo de 2023



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.

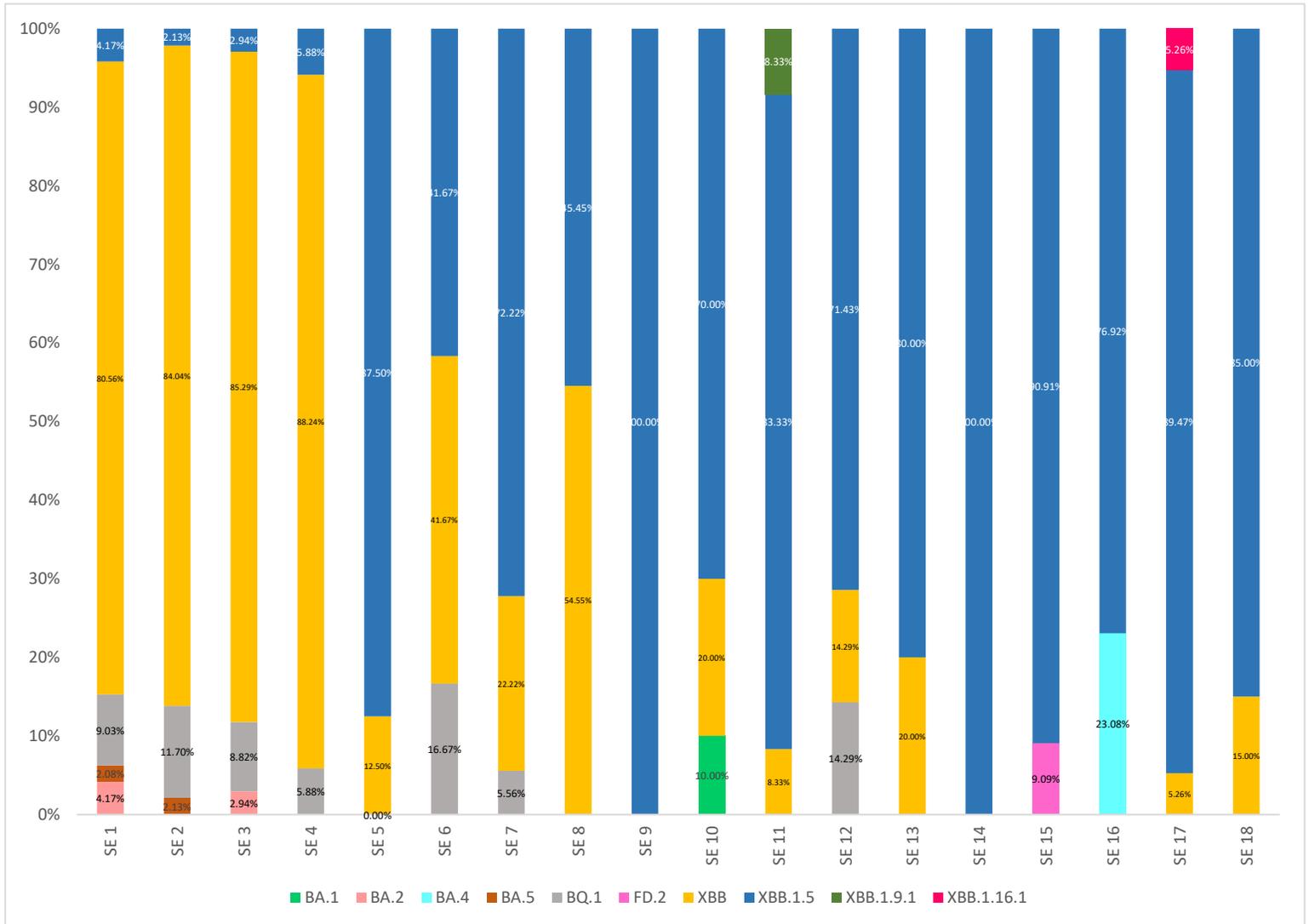
Imagen 1. Distribución de casos VOC detectados por departamento del 26 de abril al 08 de mayo de 2023



Fuente: Dirección del Laboratorio Nacional de Salud -DLNS-.

En la siguiente gráfica se puede observar el comportamiento de los diferentes sublinajes, de las semanas epidemiológicas de la 1 a la 18 del año 2023. Hasta la fecha el sublinaje XBB continúa siendo la variante más frecuente. La aparición del sublinaje XBB.1.16.1 se observa en la semana epidemiológica 17.

Gráfica 7. Proporción de casos de VOC de muestras secuenciadas localmente, de las semanas epidemiológicas 1 a la 18 del año 2023.



Fuente: Dirección del Laboratorio Nacional de Salud –DLNS-.