

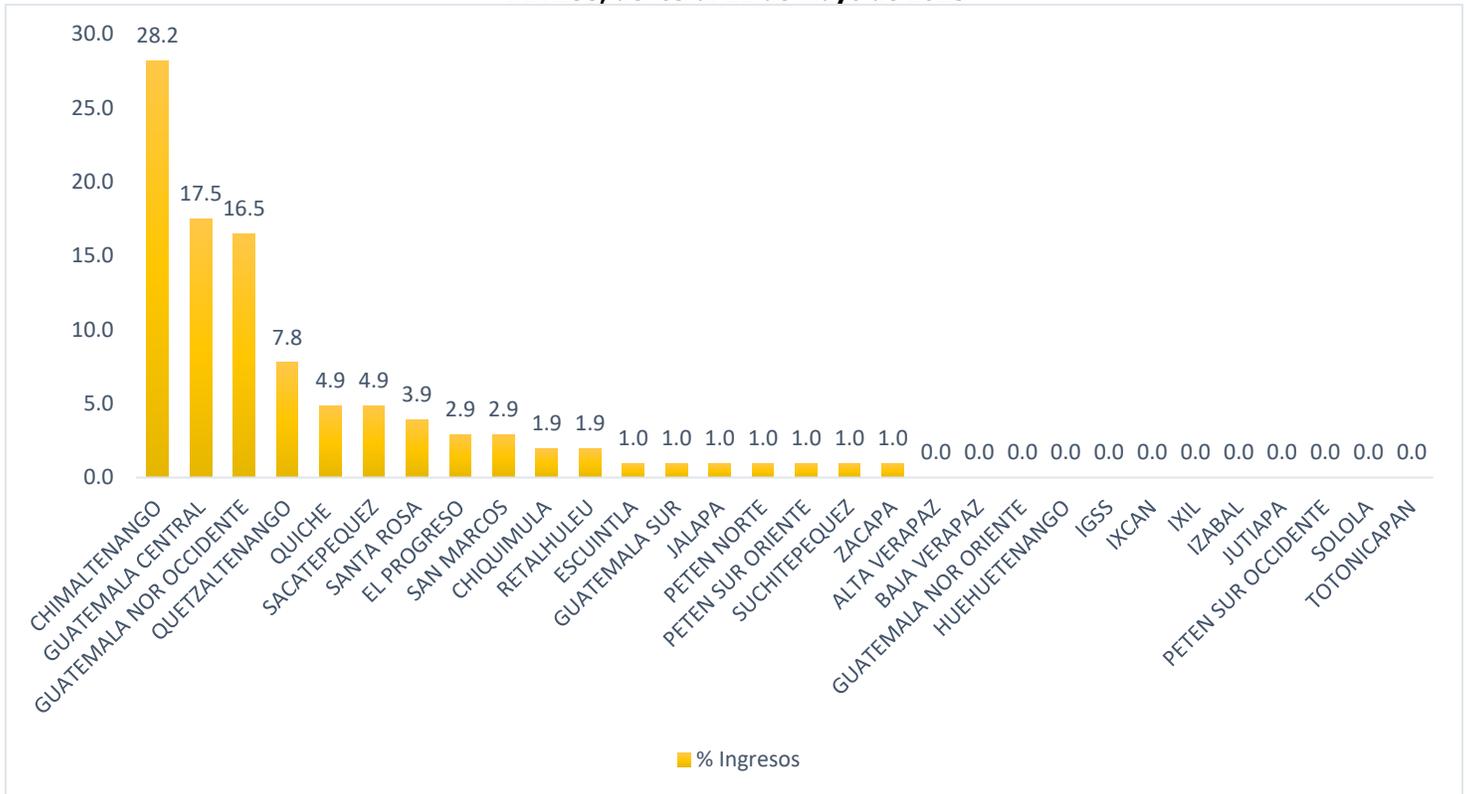
Bárcena Villa Nueva, 01 de junio de 2023

INFORME SEQ-42-05-2023

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 103 muestras del 09 al 22 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).

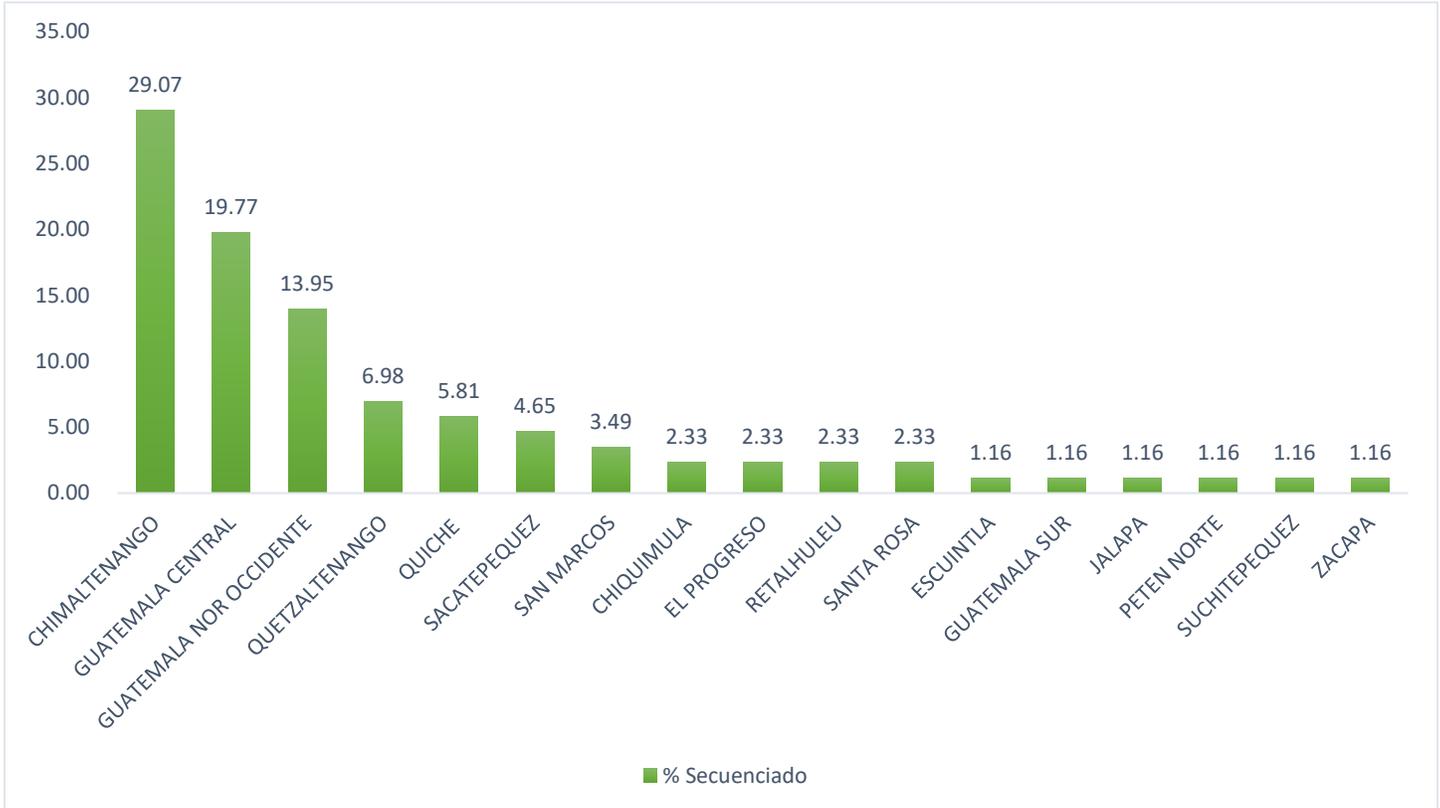
Gráfica 1. Porcentaje de muestras ingresadas a la DLNS para el proceso de secuenciación, por DDRIS, del 09 al 22 de mayo de 2023



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

Se realizó una selección de 86 muestras que cumplieran los criterios de inclusión para el proceso de secuenciación, de las cuales se obtuvo la secuencia genómica efectiva de 71 muestras. En la gráfica 2 se observa el porcentaje de muestras secuenciadas por DDRISS.

Gráfica 2. Porcentaje de muestras secuenciadas localmente, por DDRISS, del 09 al 22 de mayo de 2023



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

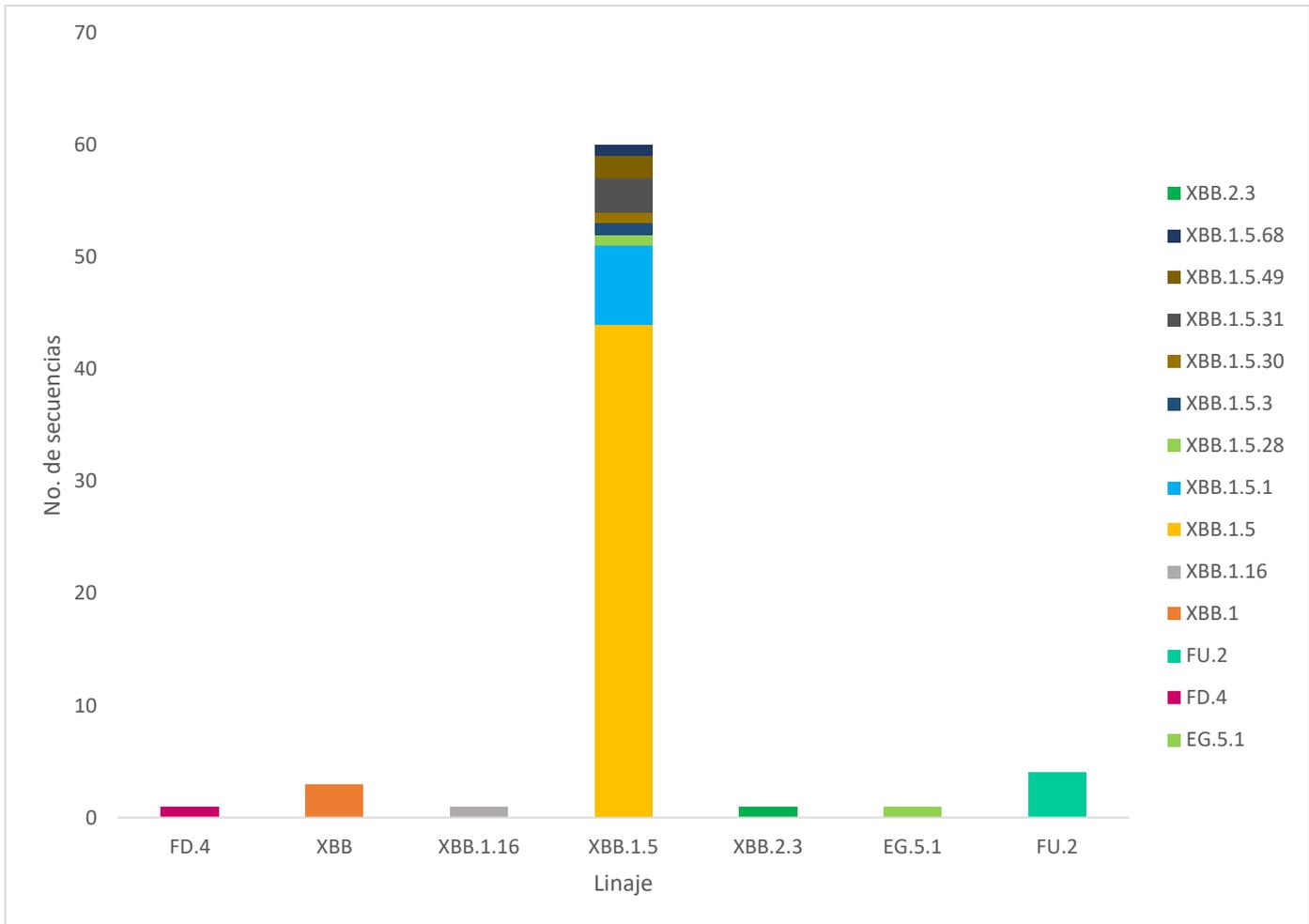
En este proceso se detectaron por primera vez los siguientes linajes: FD.4 es una abreviación del linaje XBB.1.5.15.4; FU.2 es una abreviación del linaje XBB.1.16.1.2; EG.5.1 es una abreviación del linaje XBB.1.9.2.5.1 y XBB. 2.3. De todos estos nuevos linajes únicamente XBB.2.3 es clasificada como Variante Bajo Monitoreo (VUM, por sus siglas en inglés), según la Organización Mundial de la Salud (OMS), desde día 18 de mayo de 2023. En Guatemala dicho linaje se detectó en una muestra enviada por la Dirección Departamental de Redes Integradas de Servicios de Salud de Petén Norte. El caso detectado corresponde a un paciente de sexo masculino, de 75 años, no refiere antecedentes de viaje, sintomatología grave.

Fue detectada por primera vez en diciembre de 2022 en India, sin embargo no se había observado cambios en el aumento de casos hasta en marzo de 2023, esta presenta mutaciones de evasión inmune S:T478K la cual presentaba la variante B.1.617 (Delta) y que confiere una unión viral más fuerte al receptor ACE2, por lo que, el cambio fenotípico puede ser de mayor infectividad y evasión de anticuerpos neutralizantes.

Según el Centro para el Control y Prevención de Enfermedades (CDC, por sus siglas en inglés), las variantes XBB.1.16 y XBB.2.23 están aumentando en proporción, lo que significa que hay un mayor riesgo de reinfecciones.

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 (84.51%), FU.2 (5.63%), XBB (4.23%), y FD.4, XBB.1.16, XBB, EG.5.1 que representan el 1.41% cada una.

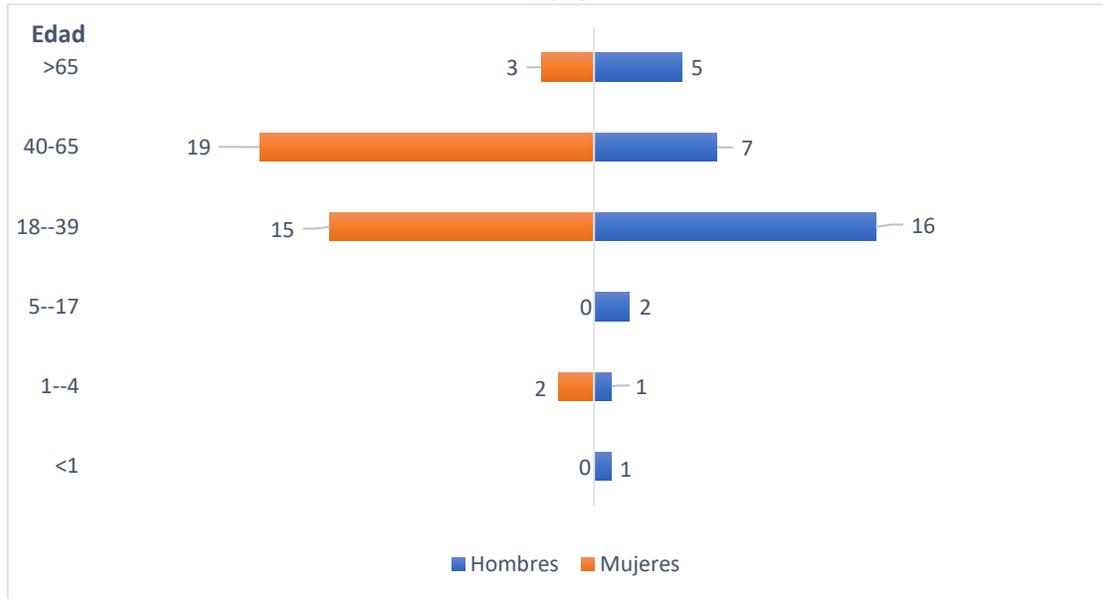
Gráfica 3. Recombinantes XBB detectadas por el proceso de secuenciación local, del 09 al 22 de mayo de 2023



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

De las muestras secuenciadas, la mayoría pertenecen al sexo femenino rango de edad de 18 a 65 años (gráfica 4).

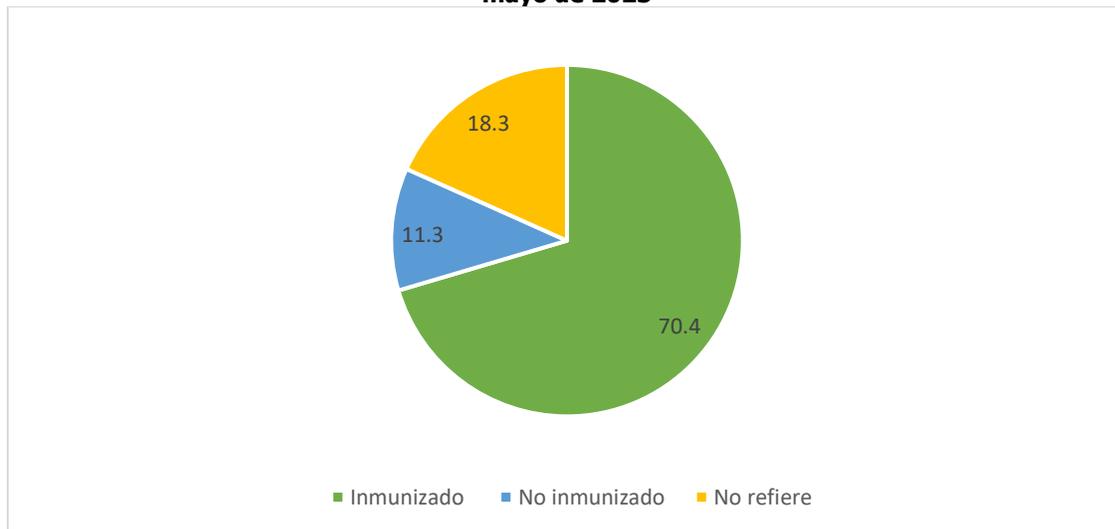
Gráfica 4. Casos por edad y sexo de muestras secuenciadas localmente, del 09 al 22 de mayo de 2023



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).

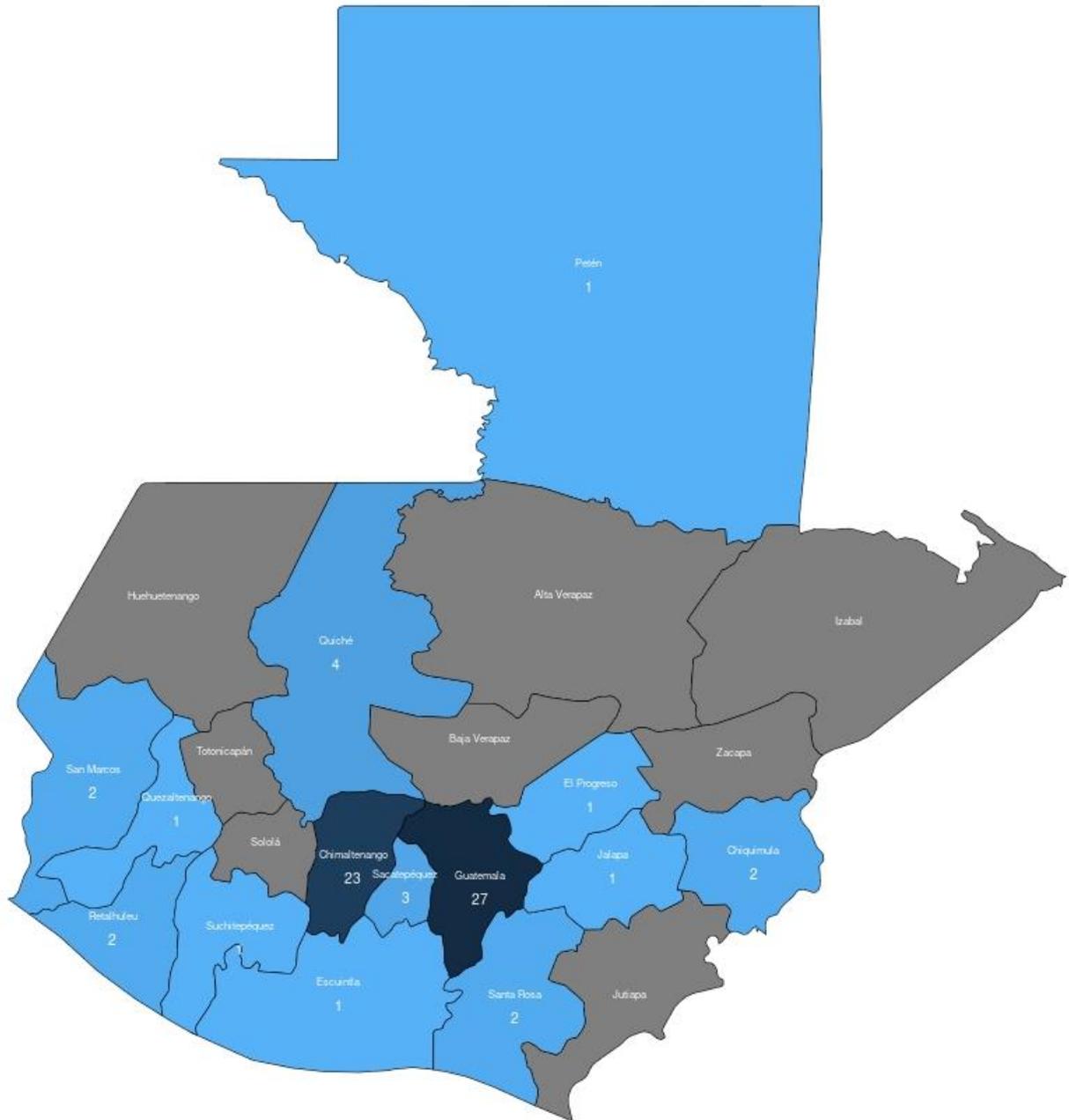
Gráfica 5. Porcentaje de casos inmunizados de muestras secuenciadas localmente, del 09 al 22 de mayo de 2023



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.

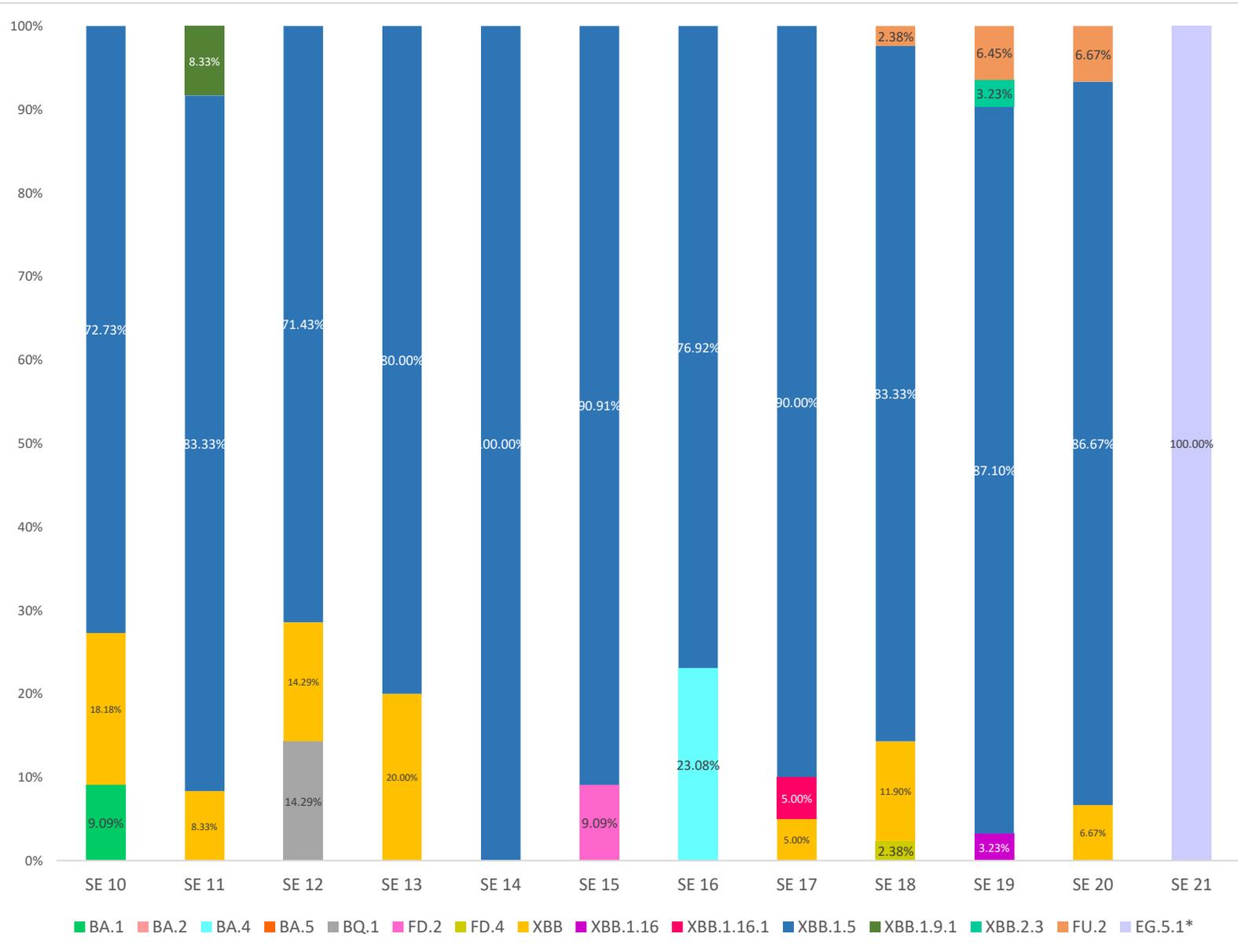
Imagen 1. Distribución de casos VOC detectados por departamento del del 09 al 22 de mayo de 2023



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 10 a la 21 del año 2023. Hasta la fecha el sublinaje XBB continúa siendo la variante más frecuente. La aparición del sublinaje XBB.2.3 se observa en la semana epidemiológica 19.

Gráfica 7. Proporción de casos de VOC de muestras secuenciadas localmente, de las semanas epidemiológicas 10 a la 21 del año 2023.



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

*En la semana epidemiológica 21 únicamente se secuenció una muestra en la cual se detectó el linaje EG.5.1 sin embargo, no representa el 100%