

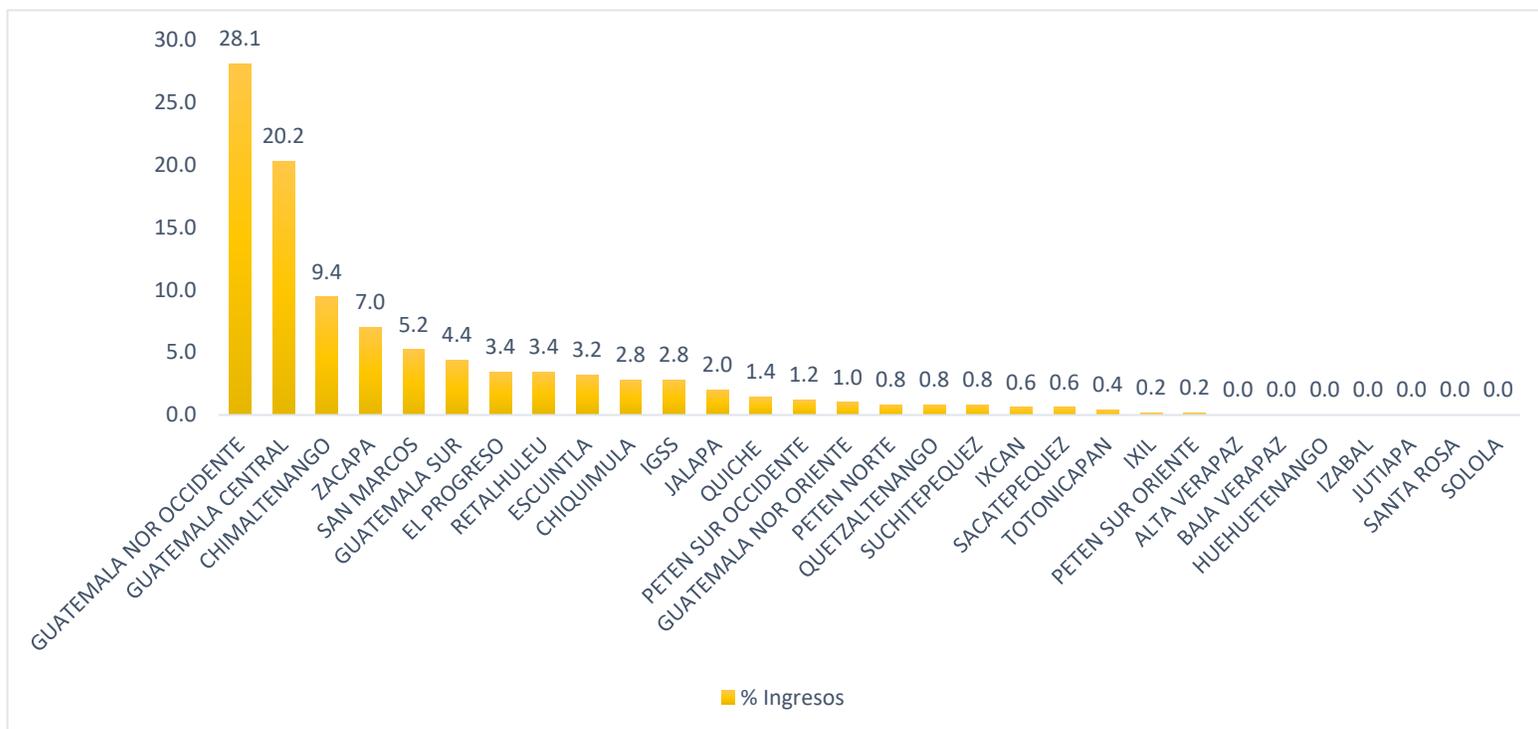


## INFORME SEQ-44-07-2023

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 499 muestras del 19 de junio al 12 de julio 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 19 de junio al 12 de julio del 2023**

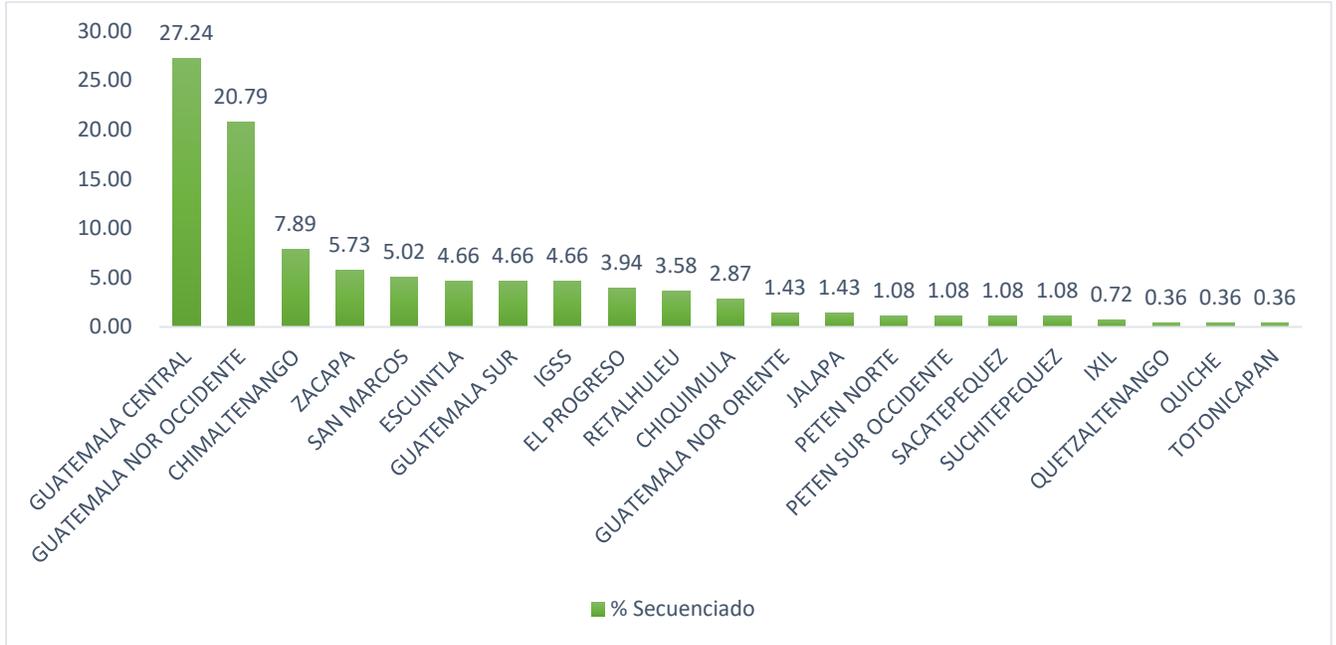


Fuente: Dirección del Laboratorio Nacional de Salud –DLNS–.

Se realizó una selección de 285 muestras que cumplieran los criterios de inclusión para el proceso de secuenciación, de las cuales se obtuvo la secuencia genómica efectiva de 279 muestras. En la gráfica 2 se observa el porcentaje de muestras secuenciadas por DDRIS.



**Gráfica 2. Porcentaje de muestras secuenciadas localmente, por DDRISS, del 19 de junio al 12 de julio del 2023**



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

En este proceso se detectaron por primera vez los siguientes linajes: FY.1.2 es una abreviación del linaje XBB.1.22.1.1.2; GJ.1 es una abreviación del linaje XBB.2.3.3.1; GN.1 es una abreviación del linaje XBB.1.5.73.1

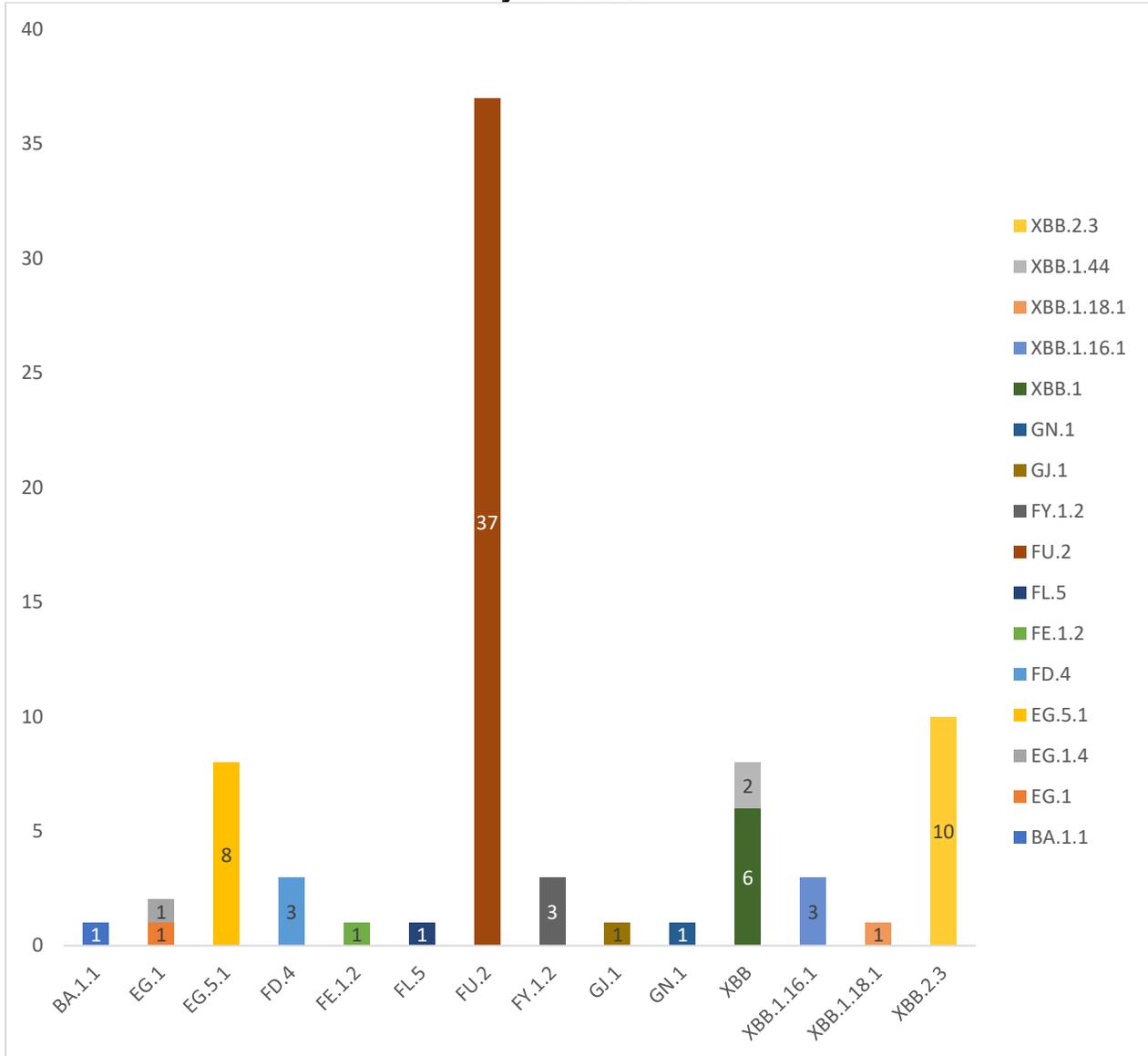
De las nuevas subvariantes detectadas, GJ.1 (XBB.2.3.3.1) es un sublinaje que presenta mutaciones en las proteínas estructurales S, E, M y N, se encuentra principalmente en China y Estados Unidos. La variante GN.1 (XBB.1.5.73.1) es un sublinaje que presenta mutaciones en la proteína estructural S, se ha encontrado predominio en países como Perú y Costa Rica. FY.1.2 (XBB.1.22.1.1.2) se ha encontrado en países como Bulgaria y Estados Unidos. Hasta la fecha no hay reportes de aumento de casos en estas nuevas variantes o cambios en las presentaciones clínicas de la enfermedad.

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. En la gráfica 3 se encuentran la variante BA.1.1 y la recombinante XBB con sus sublinajes.

La variante más frecuente corresponde a la recombinante XBB juntos con todos sus sublinajes, la cual representa el 99.64% de las muestras secuenciadas. La subvariante XBB.1.5 (71.33%), como se observa en la gráfica 4 es la más predominante; FU.2 (13.26); XBB (2.87%), XBB.2.3 (3.58%), XBB (2.87%), EG.5.1 (2.87%), FD.4 (1.08); FY.1.2 (1.08%); XBB.16.1 (1.08%); EG.1 (0.72%), FE. 1.2 (0.36%), FL.5 (0.36%), GJ.1 (0.36%), GN.1 (0.36%), XBB.1.18.1 (0.36%). La variante BA.1.1 representa el 0.36%.



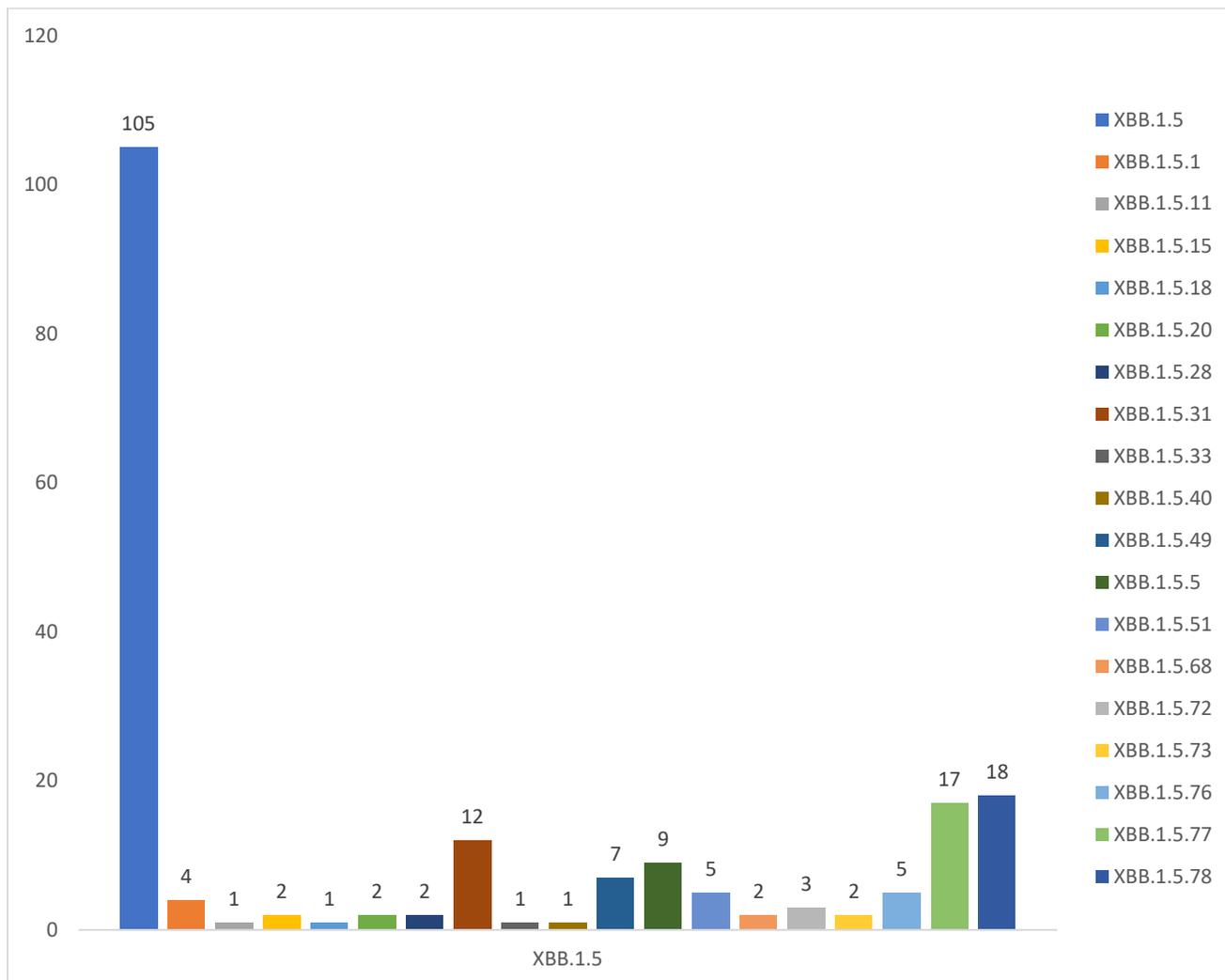
**Gráfica 3. Recombinantes XBB detectadas por el proceso de secuenciación local, del 19 de junio al 12 de julio del 2023**



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



**Gráfica 4. Subvariante XBB.1.5 y sus distintos sublinajes detectados en el proceso de secuenciación local, 19 de junio al 12 de julio del 2023**





De las muestras secuenciadas, la mayoría pertenecen al sexo femenino rango de edad de 18 a 65 años (gráfica 5).

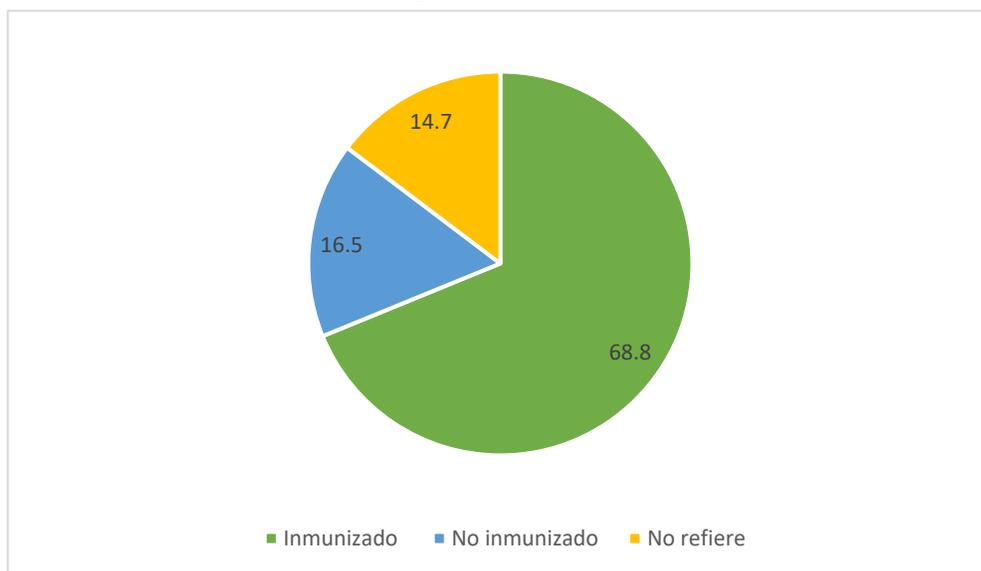
**Gráfica 5. Casos por edad y sexo de muestras secuenciadas localmente, del 19 de junio al 12 de julio del 2023**



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 6).

**Gráfica 6. Porcentaje de casos inmunizados de muestras secuenciadas localmente, del 19 de junio al 12 de julio del 2023**



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



**GOBIERNO de  
GUATEMALA**

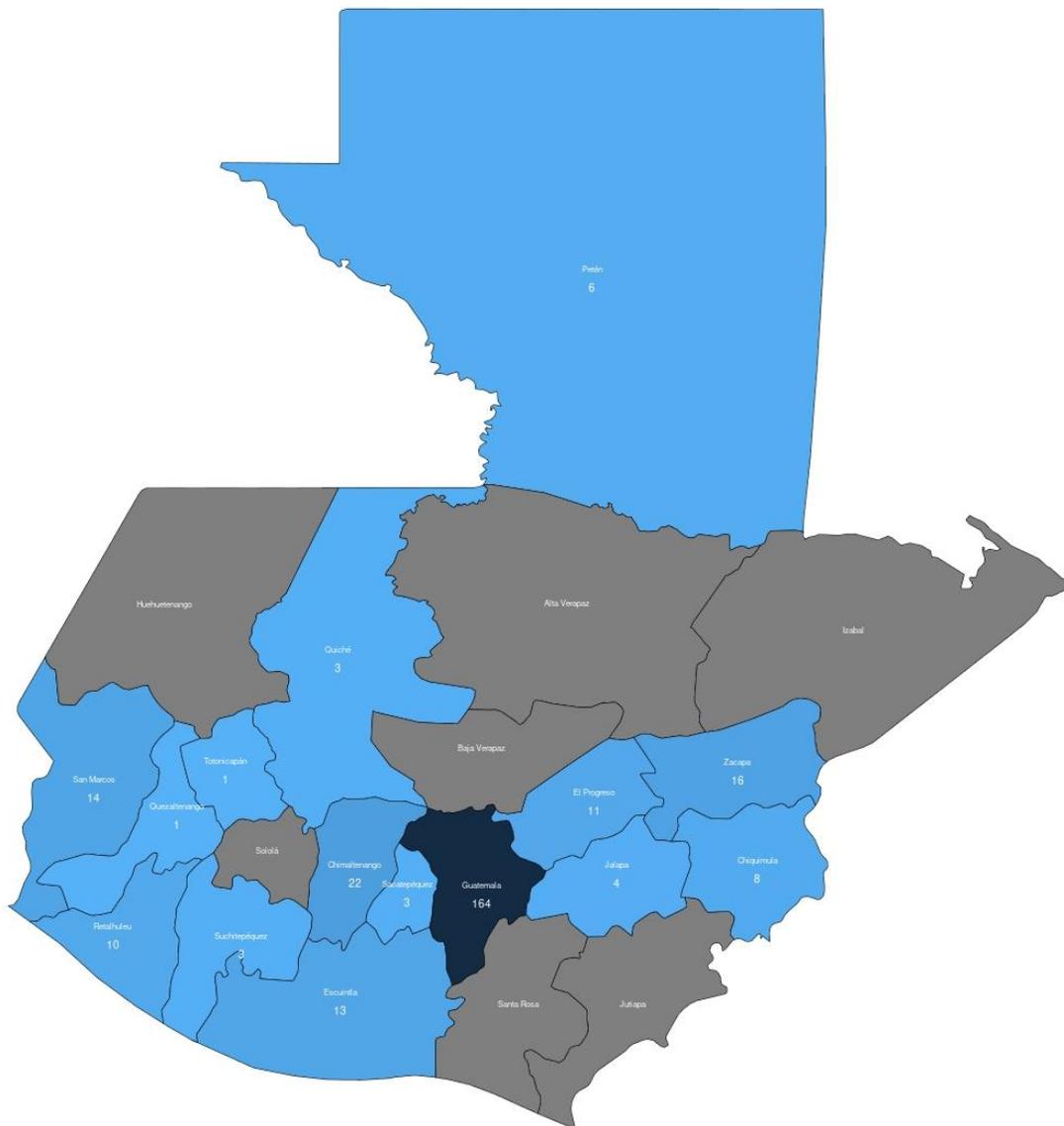
DR. ALEJANDRO GIAMMATTEI

MINISTERIO DE  
SALUD PÚBLICA  
Y ASISTENCIA  
SOCIAL

DIRECCIÓN DEL LABORATORIO  
NACIONAL DE SALUD

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

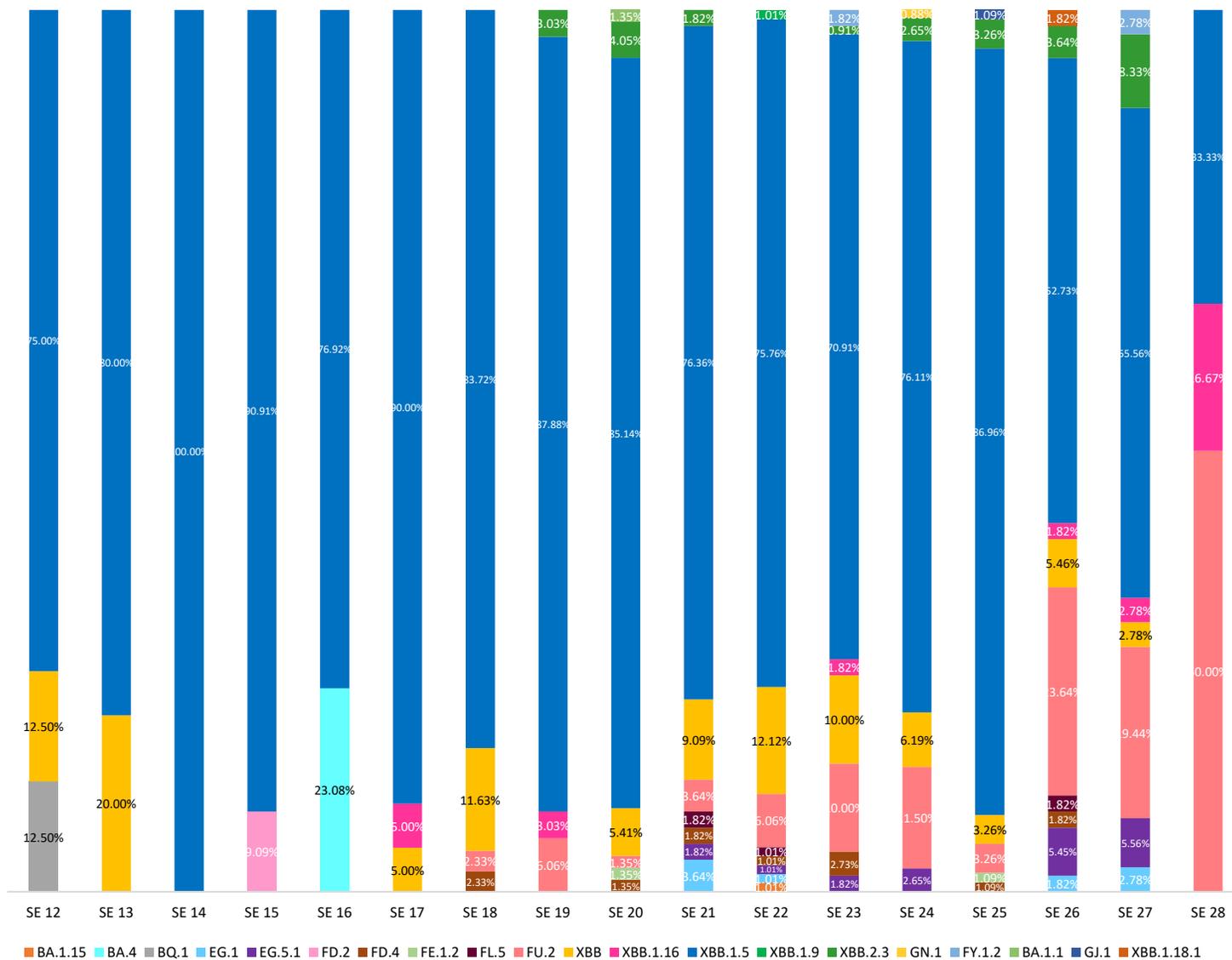
**Imagen 1. Distribución de casos VOC detectados por departamento del 19 de junio al 12 de julio del 2023**



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 12 a la 28 del año 2023. Hasta la fecha el sublinaje XBB continúa siendo la variante más frecuente.

**Gráfica 8. Proporción de casos de VOC de muestras secuenciadas localmente, de las semanas epidemiológicas 12 a la 28 del año 2023.**



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