

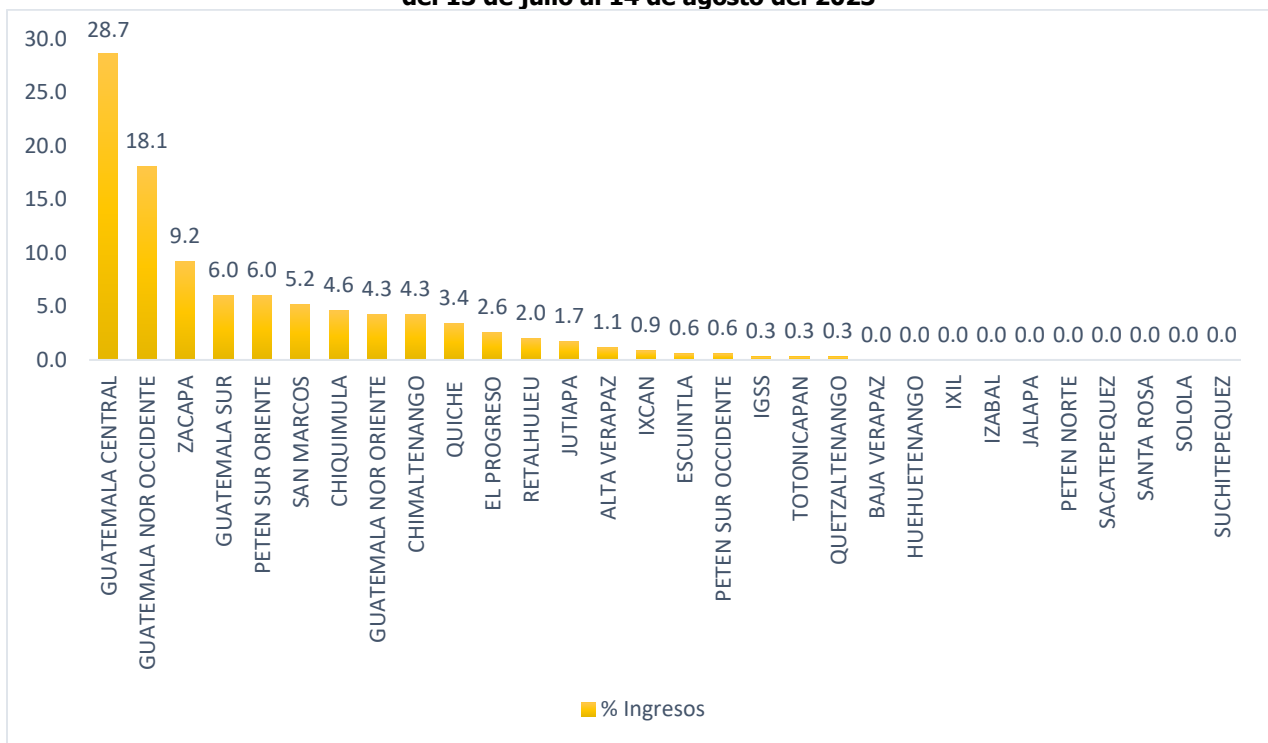


INFORME SEQ-45-08-2023

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 349 muestras del 13 de julio al 14 de agosto 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 13 de julio al 14 de agosto del 2023

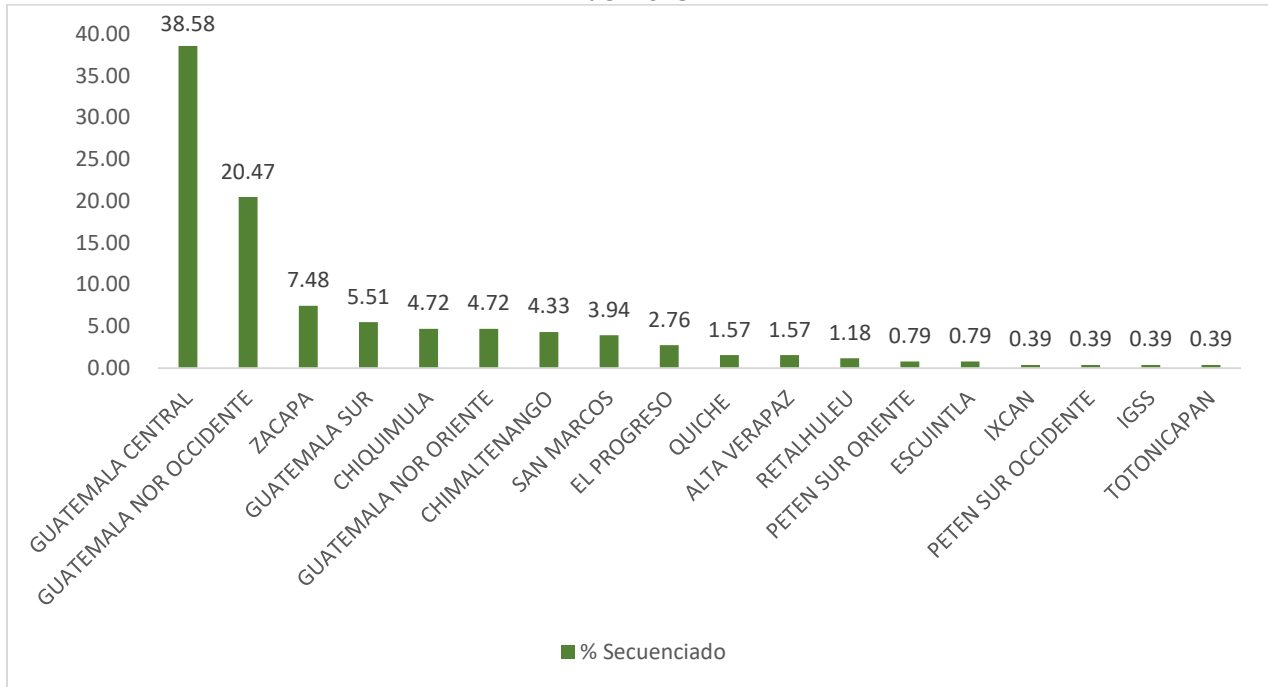


Fuente: Dirección del Laboratorio Nacional de Salud –DLNS–.

Se realizó una selección de 254 muestras que cumplieran los criterios de inclusión para el proceso de secuenciación, de las cuales se obtuvo la secuencia genómica efectiva de 253 muestras. En la gráfica 2 se observa el porcentaje de muestras secuenciadas por DDRIS.



Gráfica 2. Porcentaje de muestras secuenciadas localmente, por DDRISS, del 13 de julio al 14 de agosto del 2023



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

En este proceso de secuenciación se detectaron por primera vez los siguientes linajes: HZ.1 es una abreviación del linaje XBB.1.5.68.1; HS.1 es una abreviación del linaje XBB.1.5.95.1; DV.7.1 es una abreviación del linaje B.1.1.529.2.75.3.4.1.1.1.1.1.7.1.

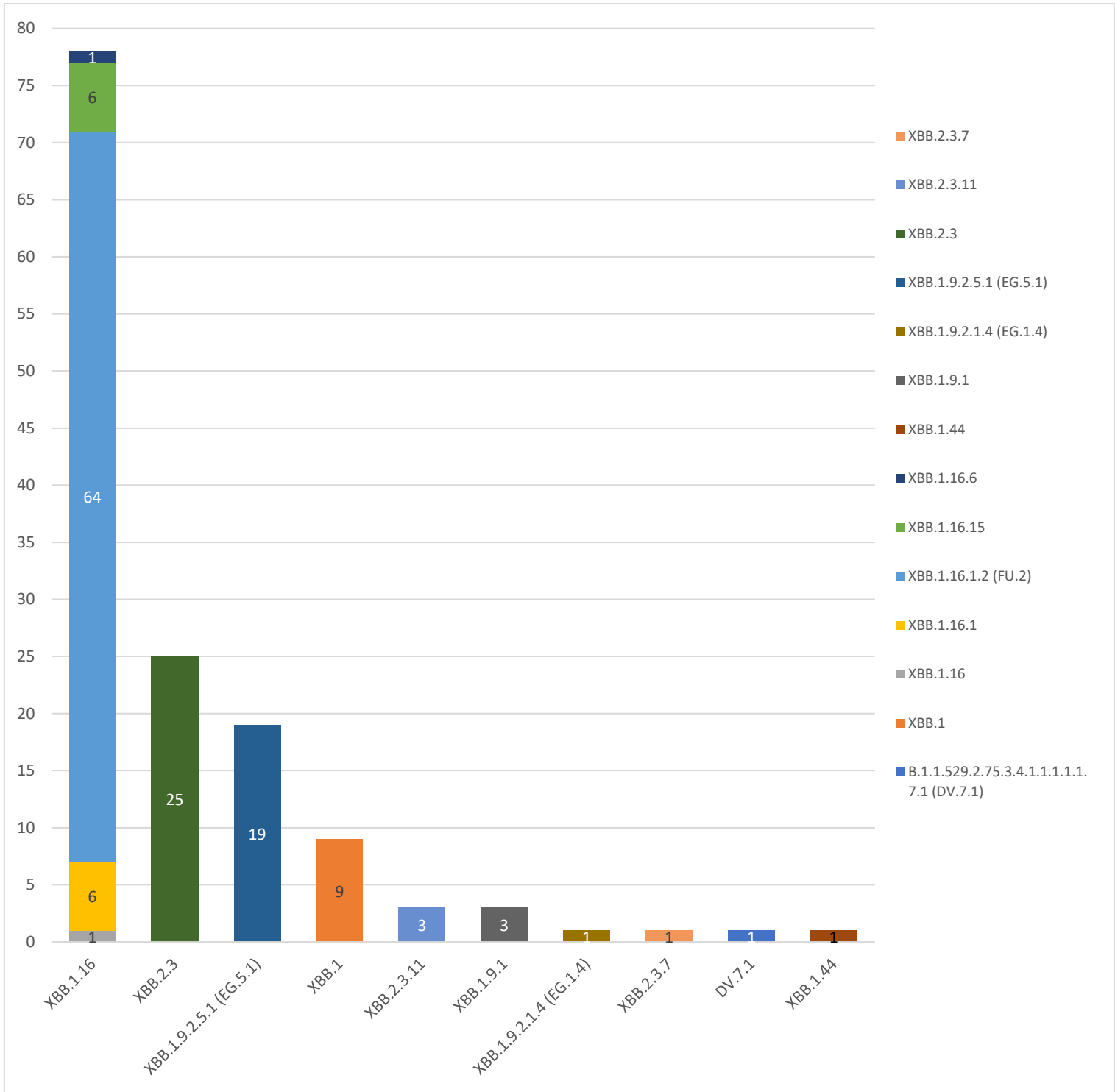
De las nuevas subvariantes detectadas todas presentan mutación en la proteína S; HZ.1 (XBB.1.5.68.1) es un sublinaje que se ha encontrado hasta la fecha en países como Estados Unidos, Canadá y Guatemala. HS.1 (XBB.1.5.95.1) es un sublinaje con mayor predominio en países como México y Ecuador. DV.7.1 se ha encontrado en países de Europa como Noruega, Irlanda y España. 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 ómicron y recombinantes XBB con sus sublinajes y en la gráfica 4 se encuentra la subvariante XBB.1.5 y sus respectivos sublinajes.

La variante más frecuente corresponde a la recombinante XBB juntos con todos sus sublinajes, la cual representa el 99.63% de las muestras secuenciadas. La subvariante XBB.1.5 (44.27%), como se observa en la gráfica 4 es la más predominante; la segunda con mayor predominancia es XBB.1.16 (30.83); XBB.2.3 (9.88%); EG.5.1 (7.51%); XBB.1 (3.96%), XBB.2.3.11 (1.19%), XBB.9.1 (1.19%), EG.1.4 (0.40%); XBB.2.3.7 (0.40%). La variante DV.7.1 representa el 0.40%.



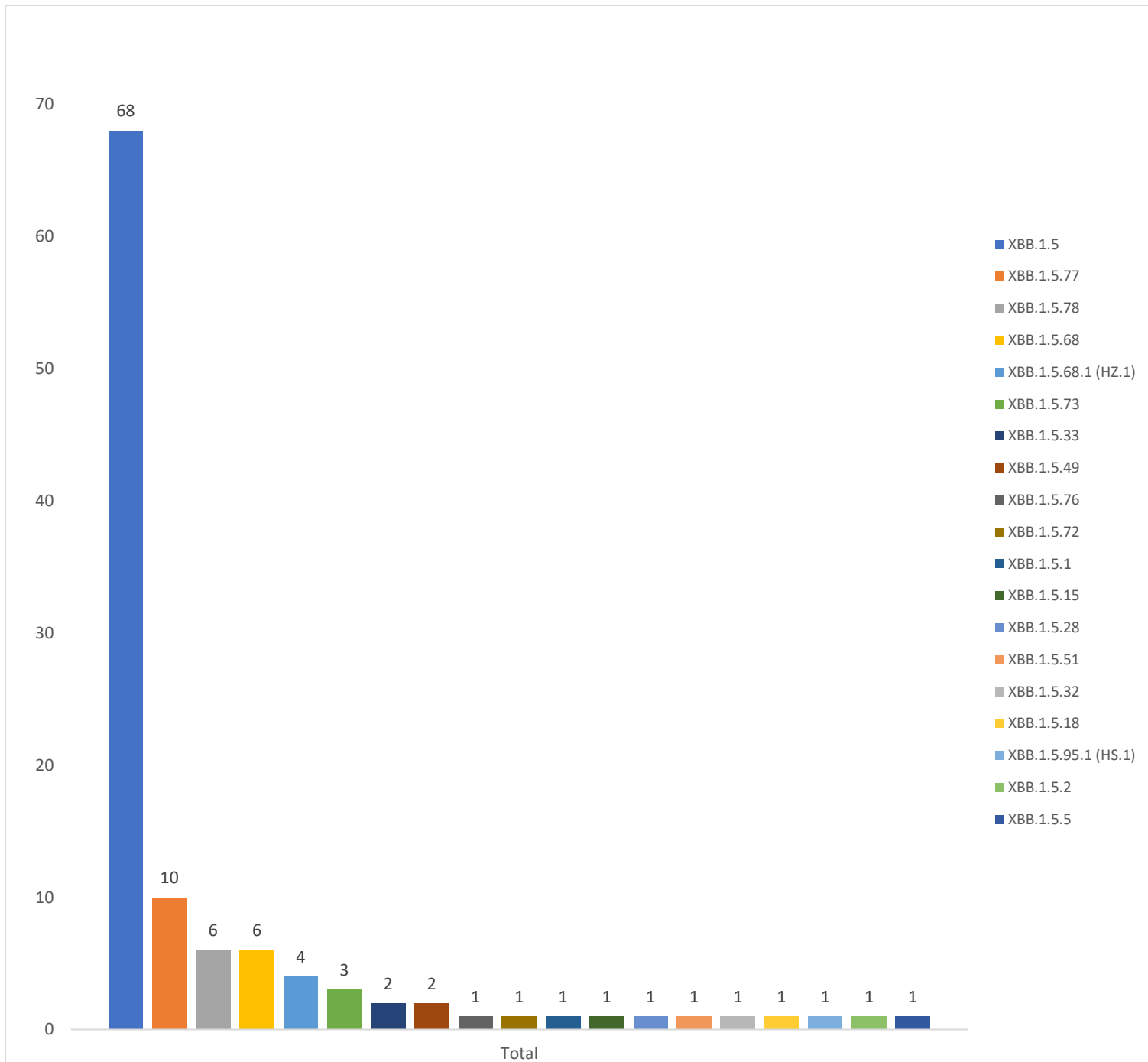
Gráfica 3. Variante de Ómicron Y recombinantes XBB detectadas por el proceso de secuenciación local, del 13 de julio al 14 de agosto del 2023



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, 13 de julio al 14 de agosto del 2023

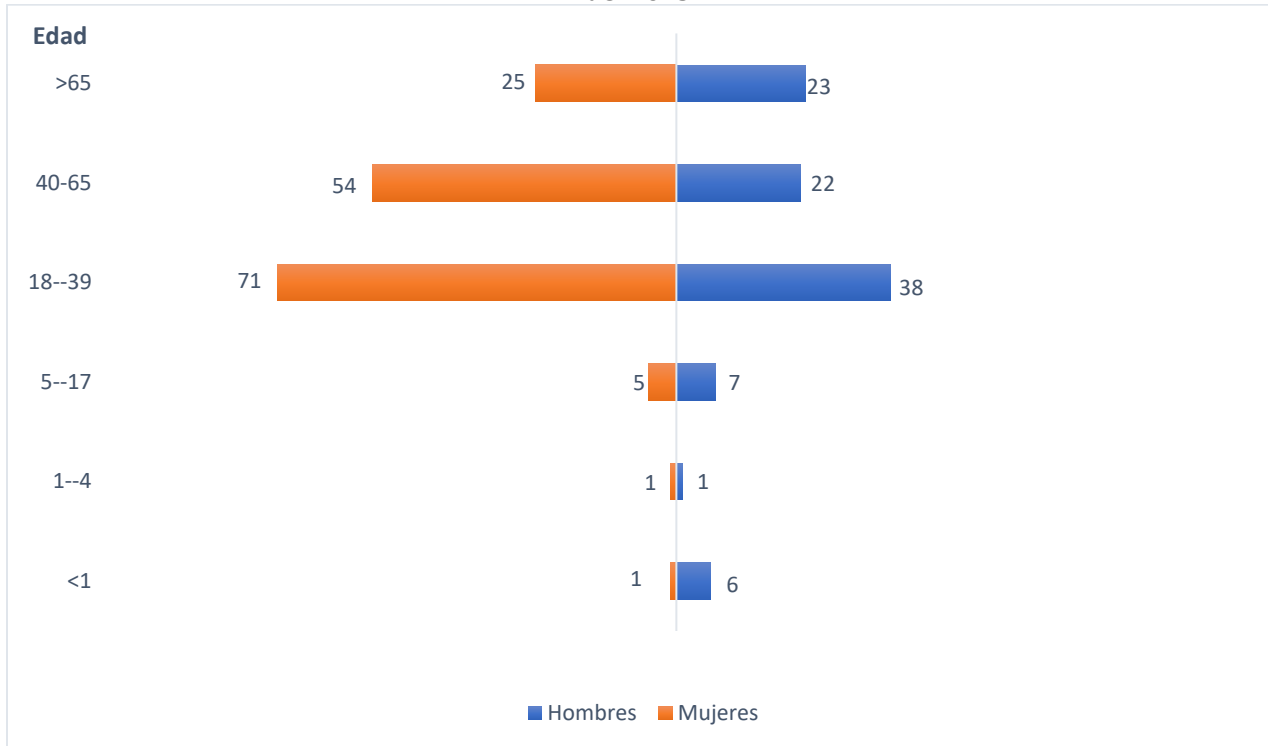


Fuente: Dirección del Laboratorio Nacional de Salud –DLNS–.

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



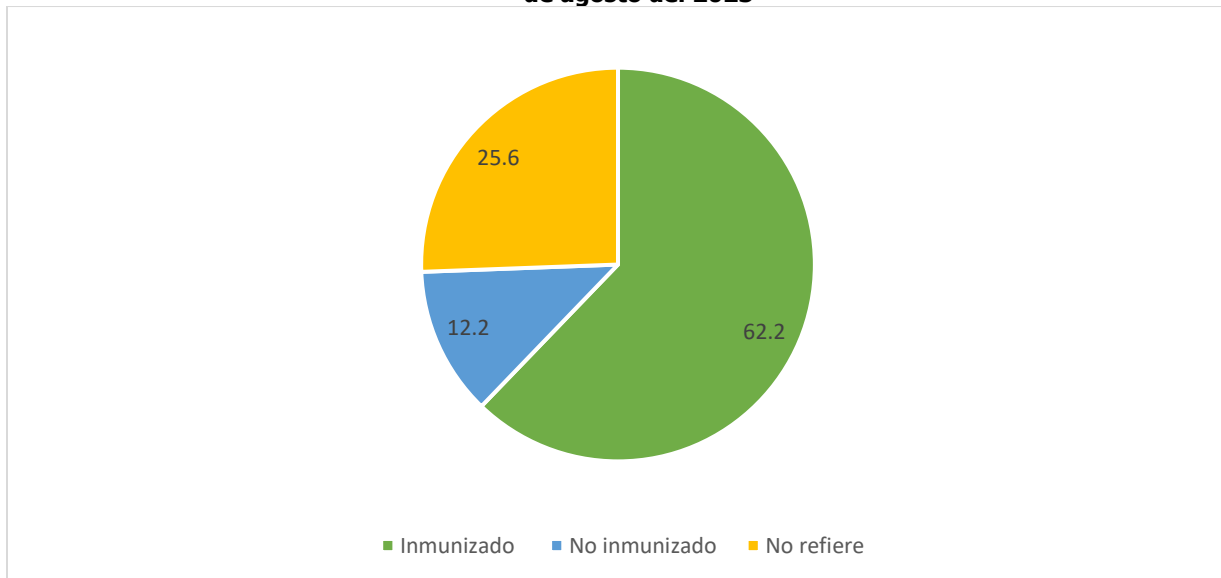
Gráfica 5. Casos por edad y sexo de muestras secuenciadas localmente, del 13 de julio al 14 de agosto del 2023



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 13 de julio al 14 de agosto del 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.



**GOBIERNO de
GUATEMALA**

DR. ALEJANDRO GIAMMATTEI

MINISTERIO DE
SALUD PÚBLICA
Y ASISTENCIA
SOCIAL

DIRECCIÓN DEL LABORATORIO
NACIONAL DE SALUD

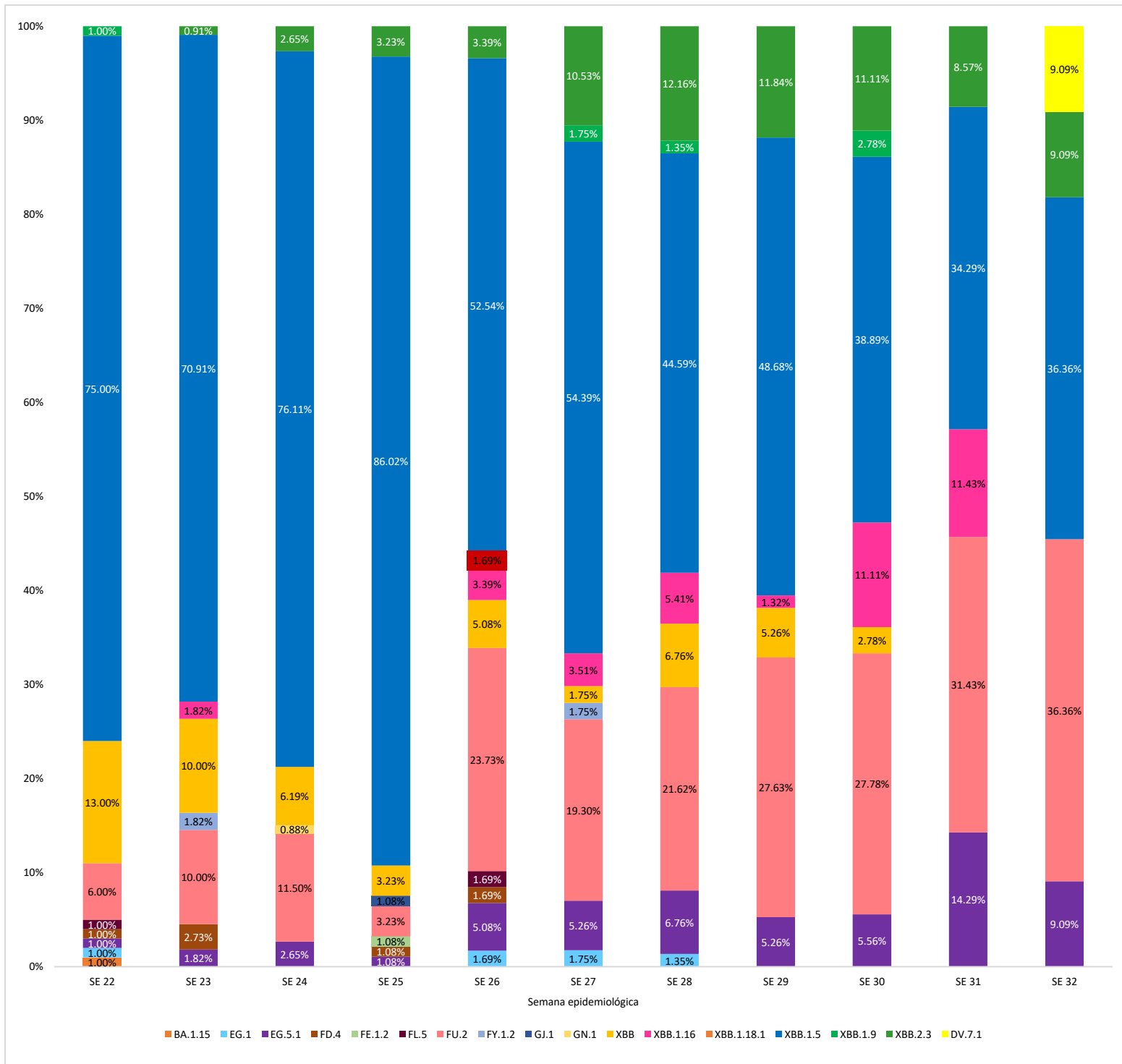
En gráfica 8 se puede observar el comportamiento de los diferentes sublinajes, de las semanas epidemiológicas de la 22 a la 32 del año 2023. Se observa un incremento en la prevalencia de la variante EG.5.1 que fue detectada en Guatemala en la semana epidemiológica 21, actualmente representa el 14% de los casos reportados hasta la semana 31. Esta variante fue denominada 9 de agosto de 2023 por la Organización Mundial de la Salud como Variante de Interés (por las siglas en inglés, VOI).

EG.5 porta una mutación adicional del aminoácido F456L en la proteína de pico en comparación con el XBB.1.9.2 original subvariante y XBB.1.5. Dentro del linaje EG.5, la subvariante EG.5.1 tiene una mutación de pico adicional Q52H y representa el 88% de las secuencias disponibles para EG.5 y sus linajes descendientes.

A nivel mundial, ha habido un aumento constante en la proporción de EG.5 reportados. Durante la semana epidemiológica 29 (17 al 23 de julio de 2023), la prevalencia global de EG.5 fue del 17,4%. Este es un aumento notable con respecto a los datos reportados cuatro semanas anteriores (semana 25, 19 al 25 de junio de 2023), cuando la prevalencia global de EG.5 fue del 7,6%. Esta variante EG.5 ha mostrado una mayor prevalencia, ventaja de crecimiento y propiedades de escape inmunológico, sin embargo, hasta la fecha no se han informado cambios en la gravedad de la enfermedad.



Gráfica 8. Proporción de casos de VOC de muestras secuenciadas localmente, de las semanas epidemiológicas 22 a la 32 del año 2023.-.



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

