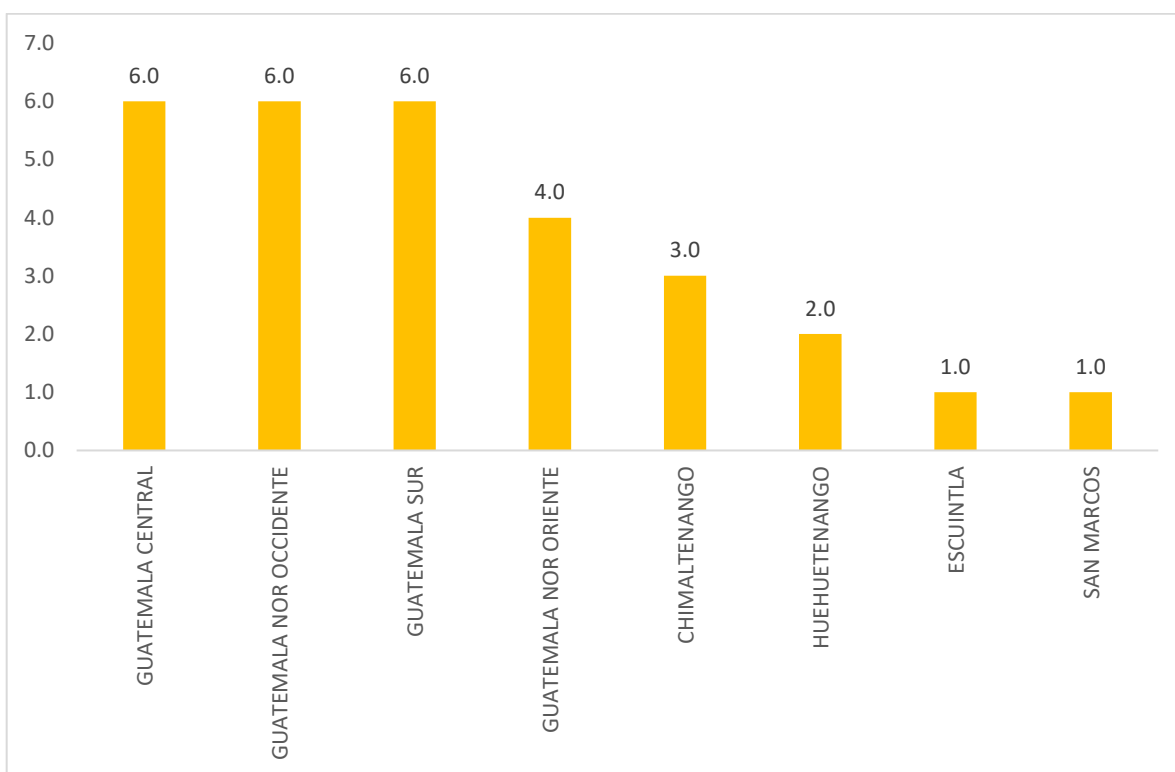


INFORME SEQ-47-12-2023

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 a la DLNS de 29 muestras del 06 de octubre al 01 de diciembre del año en curso para el proceso de secuenciación provenientes de las diferentes Direcciones Departamentales de Redes Integradas de Servicios de Salud (DDRIS).

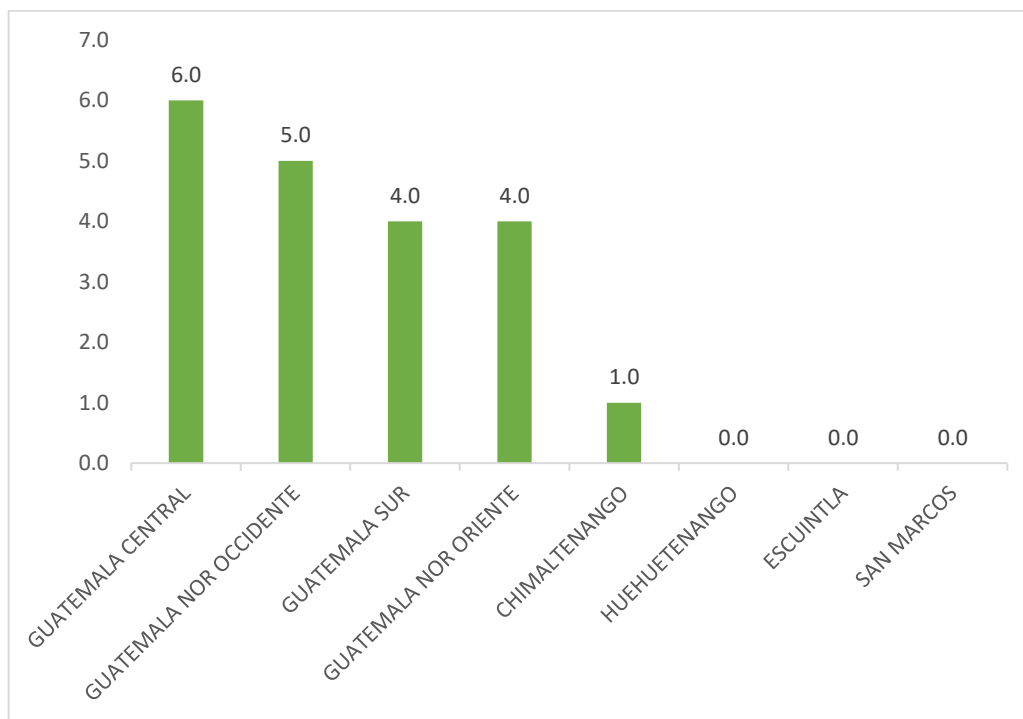
Gráfica 1. Número de muestras ingresadas a la DLNS para el proceso de secuenciación, por DDRIS, del 06 de octubre al 01 de diciembre del 2023



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

Se realizó una selección de 20 muestras que cumplieran los criterios de inclusión para el proceso de secuenciación, de las cuales se obtuvo la secuencia genómica efectiva del total de las muestras seleccionadas. En la gráfica 2 se observa el porcentaje de muestras secuenciadas por DDRIS.

Gráfica 2. Número de muestras secuenciadas localmente, por DDRISS, del 06 de octubre al 01 de diciembre del 2023



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

En este proceso de secuenciación se detectaron por primera vez los siguientes linajes: JN.1 (BA.2.86.1.1); se detectó por primera vez en septiembre en Estados Unidos según informó el CDC (Centros para el Control y la Prevención de Enfermedades). También en Estados Unidos, a finales de octubre esta variante constituía sólo el 0,1% de las secuencias relativas a los casos de Covid-19, mientras que, según las estimaciones de los CDC, desde principios de diciembre su prevalencia ha aumentado hasta el 15-29%. A nivel mundial, ha habido un rápido aumento en la proporción de JN.1 reportada, con su prevalencia global aproximada del 27,1% en la semana epidemiológica 48 según la Organización Mundial de la Salud. Esta nueva variante posee una mutación en la proteína Spike L455S en comparación con la BA.2.86. Su prevalencia ha aumentado rápidamente a nivel mundial, por lo cual la OMS está clasificando JN.1 como una variante de interés (VOI) separada del linaje original BA.2.86.

HV.1 (XBB.1.9.2.5.1.6.1); esta variante muestra predominio de casos en Estados Unidos de América 72,0%, Canadá 16,0%, Reino Unido 3,0%, Francia 1,0% y España 1,0%. Según los datos más recientes del CDC, la variante conocida como HV.1, representa actualmente el mayor responsable de las infecciones por coronavirus, justo detrás se encuentra JN.1 seguido de EG.5; todas variantes Omicrón.

JD.1.1 (XBB.1.5.102.1.1), ha presentado mutaciones en la proteína Spike (S:A475V), y se ha centralizado principalmente en Brasil, España y Bélgica.

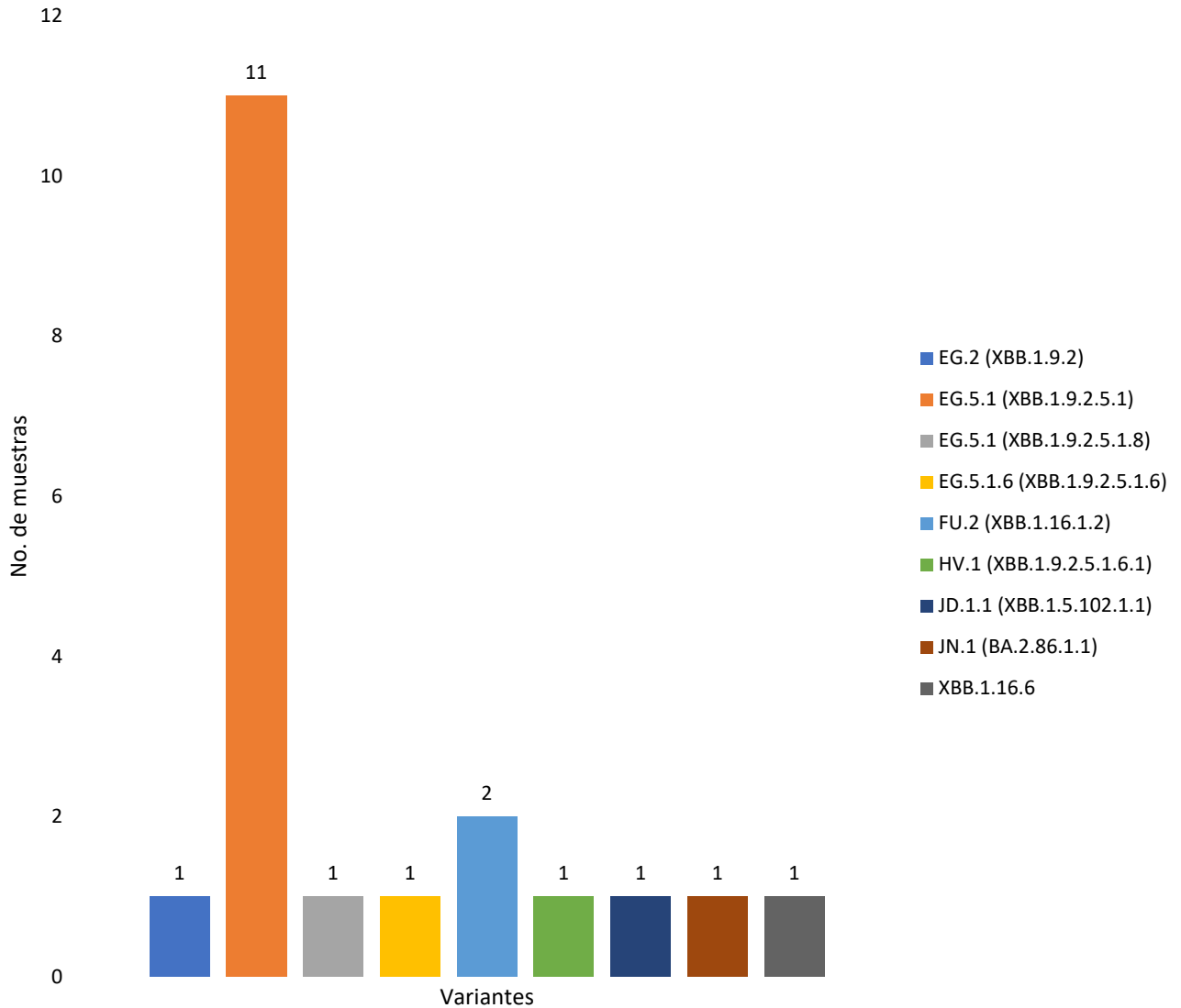
Del total de las muestras que se obtuvo asignación de linaje, el 100% corresponde a la variante Ómicron, siendo la JN.1 una clasificación de variante de interés (VOI) desde el 19 de diciembre de 2023 según la Organización Mundial de la Salud. En la gráfica 3 se pueden observar los diversos sublinajes de la variante Ómicron.

La variante más frecuente corresponde a la recombinante XBB juntos con todos sus sublinajes, la cual representa el 95% de las muestras secuenciadas. La subvariante XBB.1.9.2.5.1 (EG.5.1) 55%, es la variante más predominante; la



segunda con mayor predominancia es XBB.1.16.1.2 (FU.2) 10% y todos sus sublinajes EG.2 (XBB.1.9.2), EG5.1 (XBB.1.9.2.5.1.8), EG.5.1.6 (XBB.1.9.2.5.1.6), HV.1 (XBB.1.9.2.5.1.6.1), JD.1.1 (XBB.1.5.102.1.1) y XBB.1.16.6. El 5% restante está representado por la nueva Variante de interés JN.1 (BA.2.86.1.1).

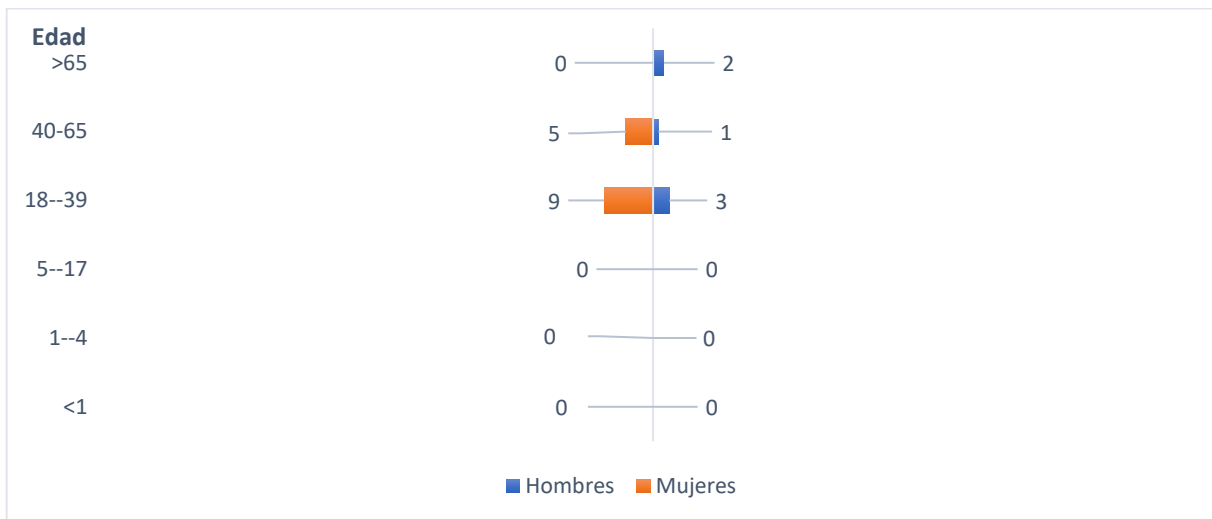
Gráfica 3. Variante de Ómicron Y recombinantes XBB detectadas por el proceso de secuenciación local, del 06 de octubre al 01 de diciembre del 2023



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

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

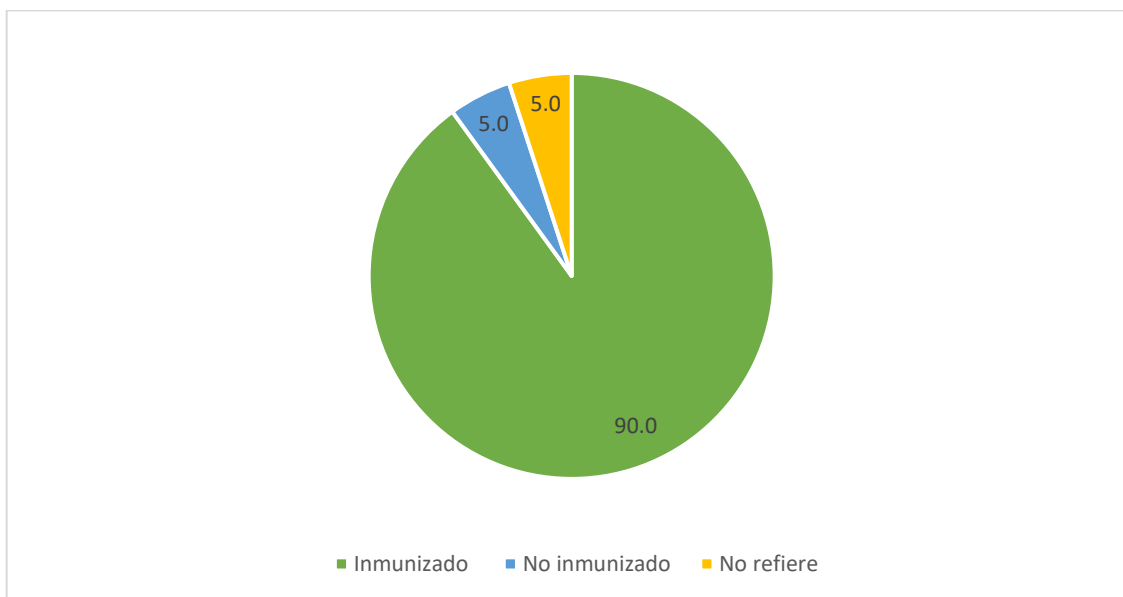
Gráfica 4. Casos por edad y sexo de muestras secuenciadas localmente, del 06 de octubre al 01 de diciembre del 2023



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 5).

Gráfica 5. Porcentaje de casos inmunizados de muestras secuenciadas localmente, del 06 de octubre al 01 de diciembre 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.

Imagen 1. Distribución de casos VOC detectados por departamento del 06 de octubre al 01 de diciembre del 2023

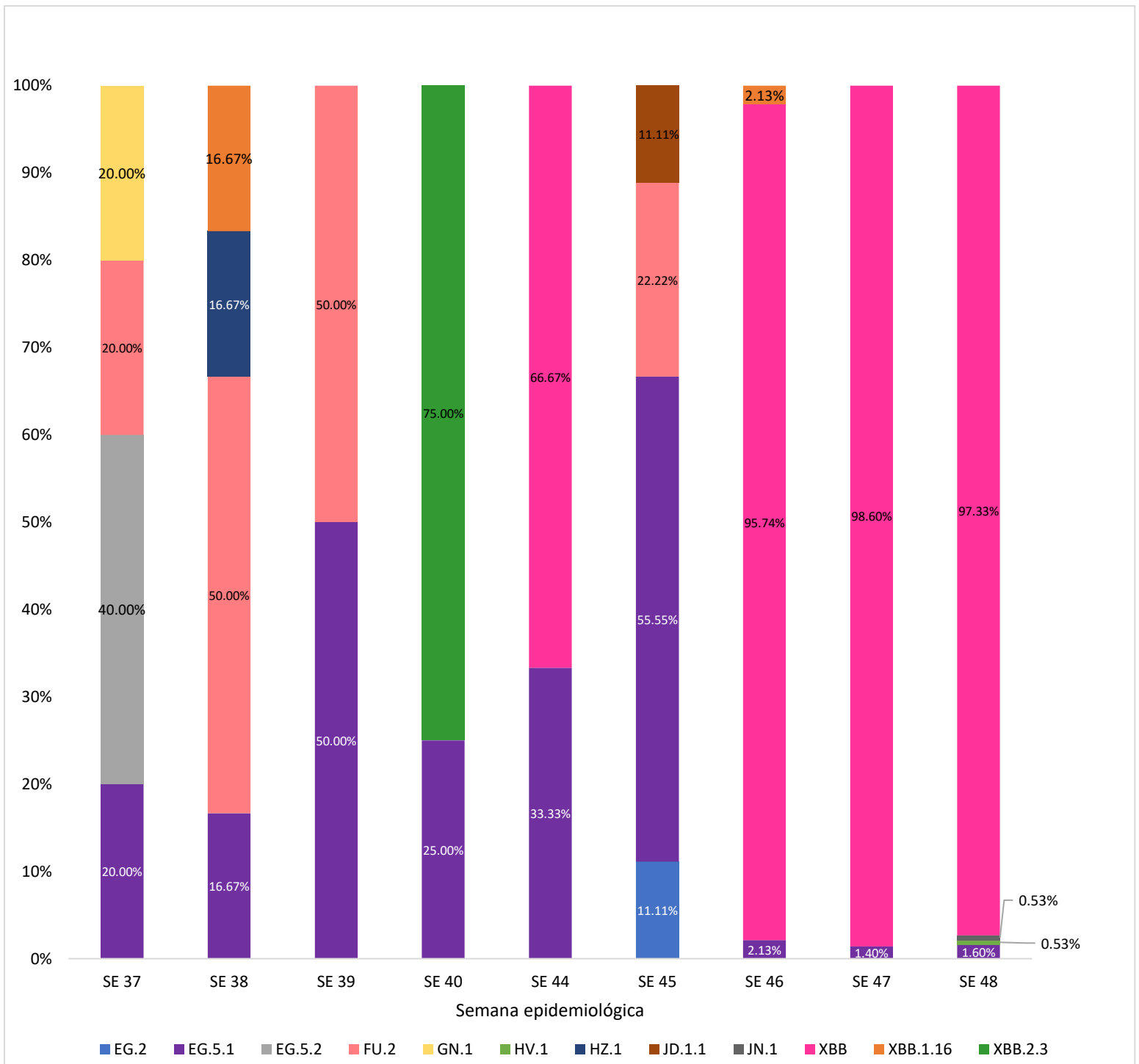


Fuente: Dirección del Laboratorio Nacional de Salud -DLNS-.

En gráfica 6 se puede observar el comportamiento de los diferentes sublinajes, de las semanas epidemiológicas de la 30 a la 40 del año 2023.



Gráfica 6. Proporción de casos de VOC de muestras secuenciadas localmente, de las semanas epidemiológicas 37 a la 48 del año 2023.



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