

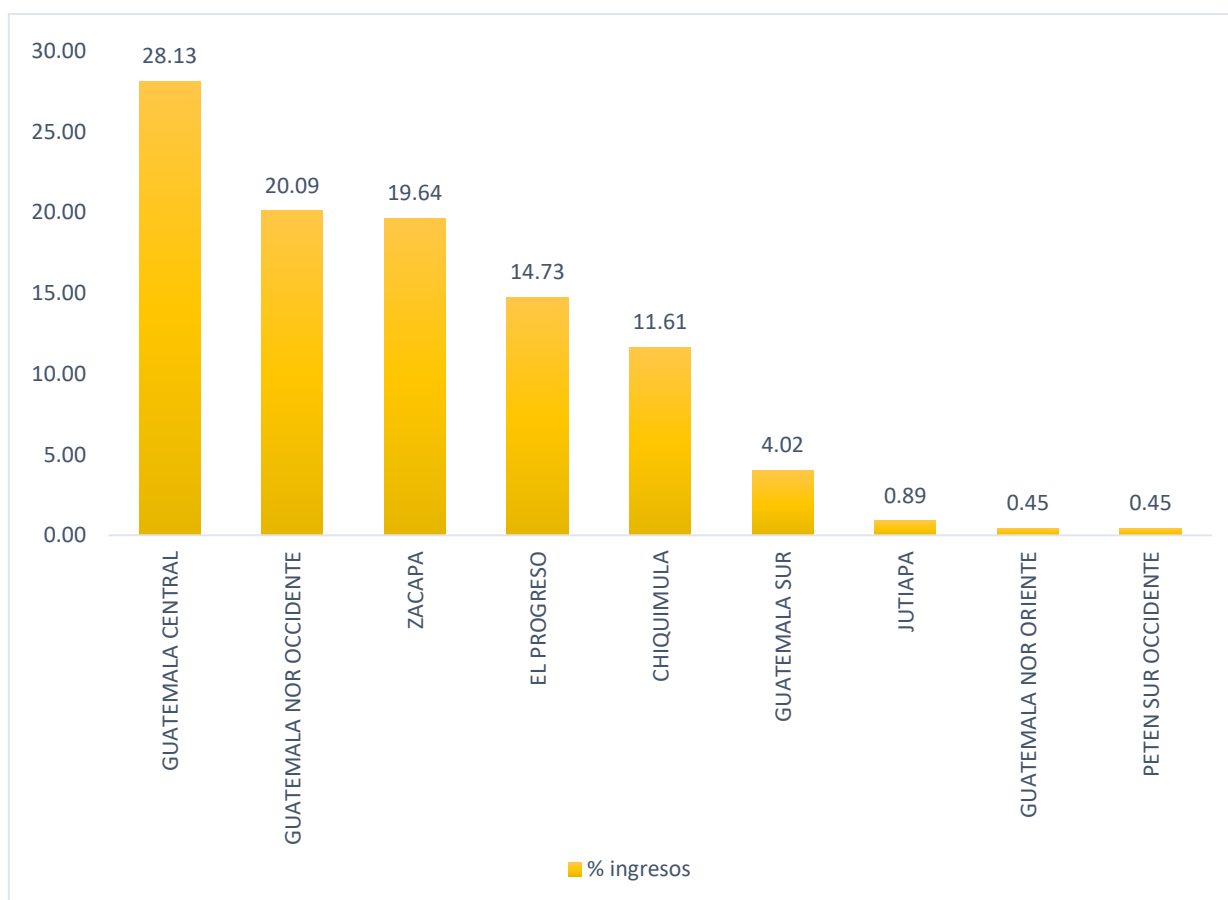


INFORME SEQ-52-07-2024

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 224 muestras del 31 de mayo al 18 de Julio del 2024 para el proceso de secuenciación provenientes de las diferentes Direcciones Departamentales de Redes Integradas de Servicios de Salud (DDRIS).

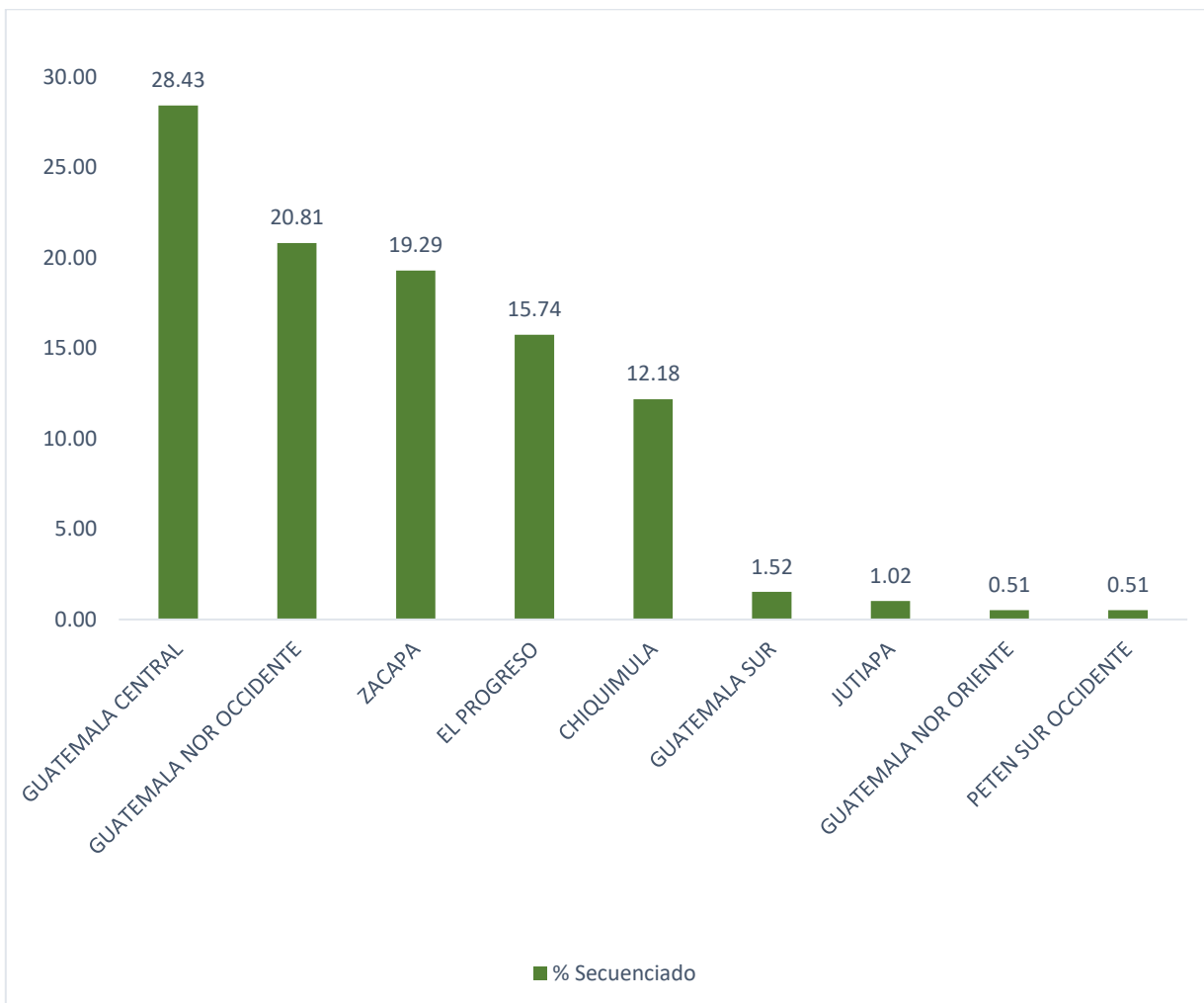
Gráfica 1. Porcentaje de muestras ingresadas a la DLNS para el proceso de secuenciación, por DDRIS, del 31 de mayo al 18 de Julio del 2024



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

Se realizó una selección de 197 muestras que cumplieran los criterios de inclusión para el proceso de secuenciación, de las cuales se obtuvo la secuencia genómica efectiva de 196 muestras. En la gráfica 2 se observa el porcentaje de muestras secuenciadas por DDRIS.

Gráfica 2. Porcentaje de muestras secuenciadas localmente, por DDRISS, del 31 de mayo al 18 de julio del 2024



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

En este proceso de secuenciación se continuó la detección de la subvariante JN.1, derivada de la variante BA.2.86, desde el 19 de diciembre de 2023, la Organización Mundial de la Salud (OMS) clasificó a JN.1 como una variante de interés, es decir, que tiene características con el potencial para aumentar la transmisibilidad o la gravedad de la enfermedad.

Sobre las variantes detectadas por primera vez en este proceso de secuenciación se destaca la variante KP y sus sublinajes, KP.1.1, KP.1.1.3, Kp.2, KP.2.2, KP.2.3, KP.3.2.3 las últimas 4 han sido declaradas por la OMS como variantes en monitoreo (VUMs) desde el 03 de mayo de 2024. La variante JN.1 (BA.2.86.1.1), que surgió de BA.2.86.1 con la sustitución S:L455S, mostró una mayor aptitud y superó al linaje XBB dominante anterior a principios de 2024. JN.1 se diversificó posteriormente, lo que llevó a la aparición de descendientes con sustituciones de proteína de espiga (S) como S:R346T y S:F456L. En particular, la variante KP.2 (JN.1.11.1.2), descendiente de JN.1 con mutaciones en S:R346T y S:F456L, esta variante se ha propagado rápidamente en múltiples regiones a partir de abril de 2024. KP.2 tiene tres sustituciones en la proteína S, incluidas las dos anteriores, y una sustitución adicional en la proteína no S en comparación con JN.1, que le sugiere una mayor aptitud viral y por lo cual potencialmente se convierte en el linaje predominante en todo el mundo.



A principios de abril de 2024, la frecuencia estimada de KP.2 ya había alcanzado el 20% en el Reino Unido. A finales de marzo, causaba alrededor del 4% de las infecciones en EE. UU., según los Centros para el Control y Prevención de enfermedades de los Estados Unidos (CDC), mientras que su cepa parental, JN.1, causaba más del 50% de las infecciones en ese momento. A principios de mayo, KP.2 representaba alrededor del 28% de las infecciones, superando a JN.1 como variante dominante.

KP.3, parece conservar casi el mismo perfil mutacional que KP.2, con la adición de un cambio en la proteína de espiga: Q493E, lo que le confiere una mayor afinidad de unión a ACE2 que KP.2. La afinidad es la fuerza de la interacción entre el dominio de unión al receptor de la proteína de espiga del SARS-CoV-2 y el receptor de la enzima convertidora de angiotensina 2 (ACE2) humana. Esta afinidad es fundamental para determinar la capacidad del virus para infectar células humanas y su capacidad de propagarse. Además, KP.3 es más evasivo inmunológicamente, las mutaciones del dominio de unión al receptor en la proteína de espiga del SARS-CoV-2 pueden hacer que una variante sea más inmunoelusiva al alterar los epítopos de unión a los anticuerpos y alterar las propiedades electrostáticas del dominio de unión al receptor.

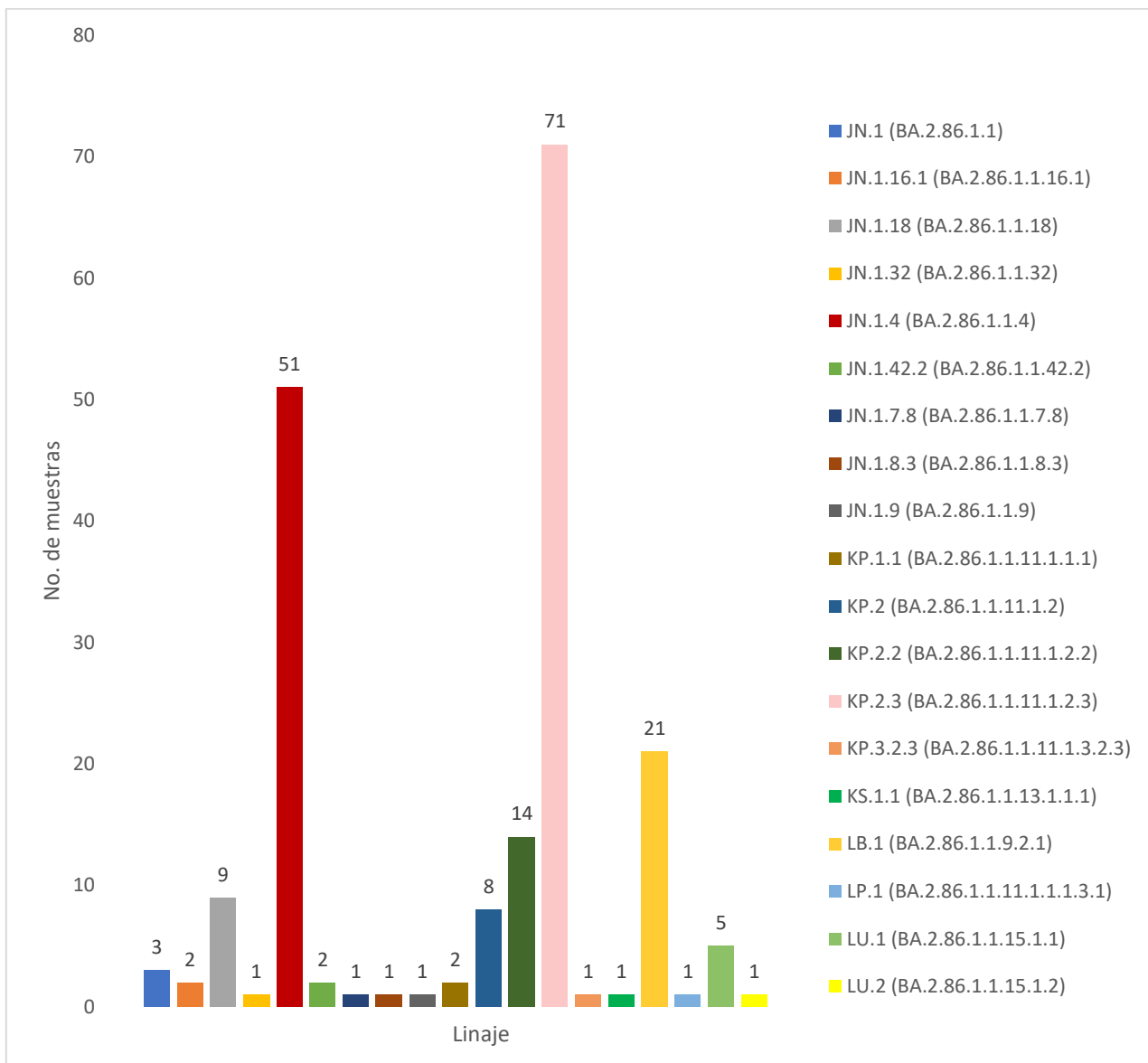
En este proceso de secuenciación también se detectaron por primera vez las variantes, LB.1, LB.1.2 y LB.1.8, han sido declaradas por la OMS como variantes en monitoreo (VUMs) desde el 28 de junio de 2024. Estas variantes también descienden de JN.1. Sobre la variante LB.1, su rápido incremento desde inicios de junio 2024 indica que podría reemplazar a KP.3 como la variante dominante en un futuro. Adicionalmente, estudios indican que LB.1 puede tener una mutación clave S:S31 que puede ser responsable de su rápida expansión.

Así mismo se detectaron las variantes, KS.1.1, LP.1, LU.1 y LU.2, todas ellas descendientes de JN.1, las primeras dos fueron detectadas a finales de abril e inicios de mayo de 2024. En cuanto a las variantes LU, fueron registradas por primera vez a inicios de julio de 2024. Por lo cual la OMS sigue evaluando el comportamiento de dichas variantes.

En cuanto a los síntomas con respecto a todas las nuevas variantes detectadas, no se ha reportado cambio en la presentación clínica de la enfermedad, se sigue observando un cuadro clínico leve, pero probablemente no se deba a que el virus sea más leve, sino a que inmunidad es mucho más fuerte ahora; después de años de vacunas e infecciones, la mayoría de la población está en mejores condiciones de combatir una infección sin desencadenar una enfermedad grave.

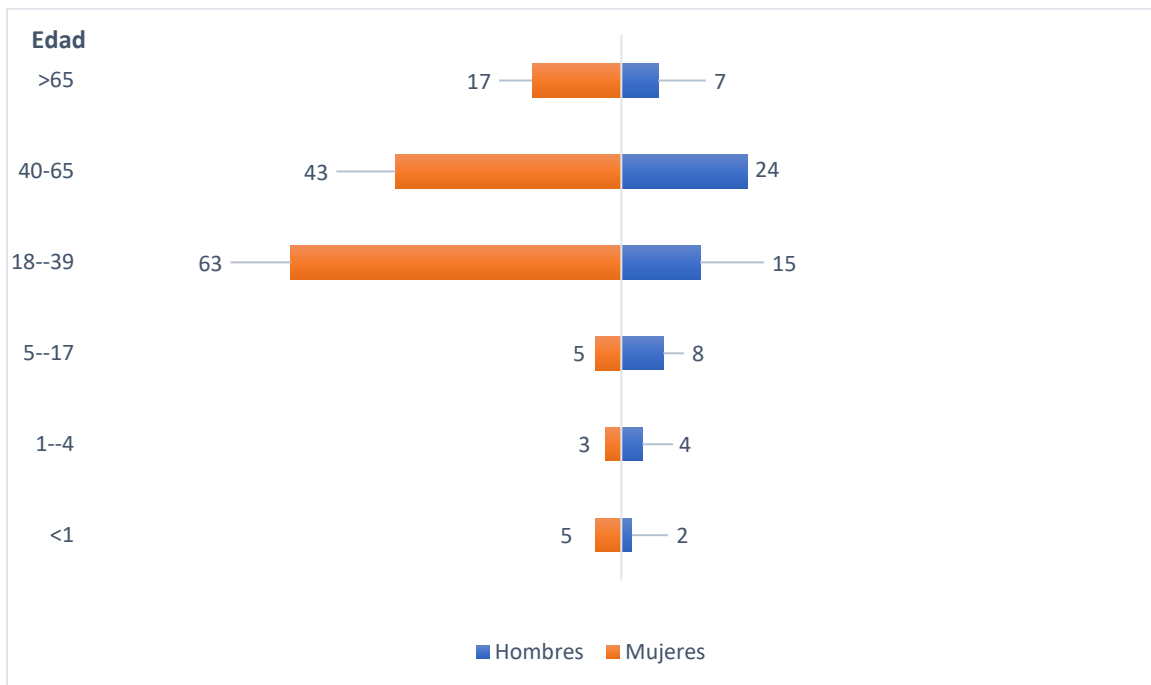
Del total de las muestras que se obtuvo asignación de linaje, el 100% corresponde a la variante Ómicron. Como se observa en la gráfica 3, la variante predominante es la KP, incluyendo todos sus sublinajes, en general representa el 48.98% del total de los linajes encontrados; la variante JN.1 y sus sublinajes corresponden al 36.22%, la variante LB y sus sublinajes, representan el 10.71%, la variante LU, representa el 3.06%, KS y LP representan el 0.51% cada uno.

Gráfica 3. Variante de Ómicron detectadas por el proceso de secuenciación local, del 31 de mayo al 18 de julio del 2024



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

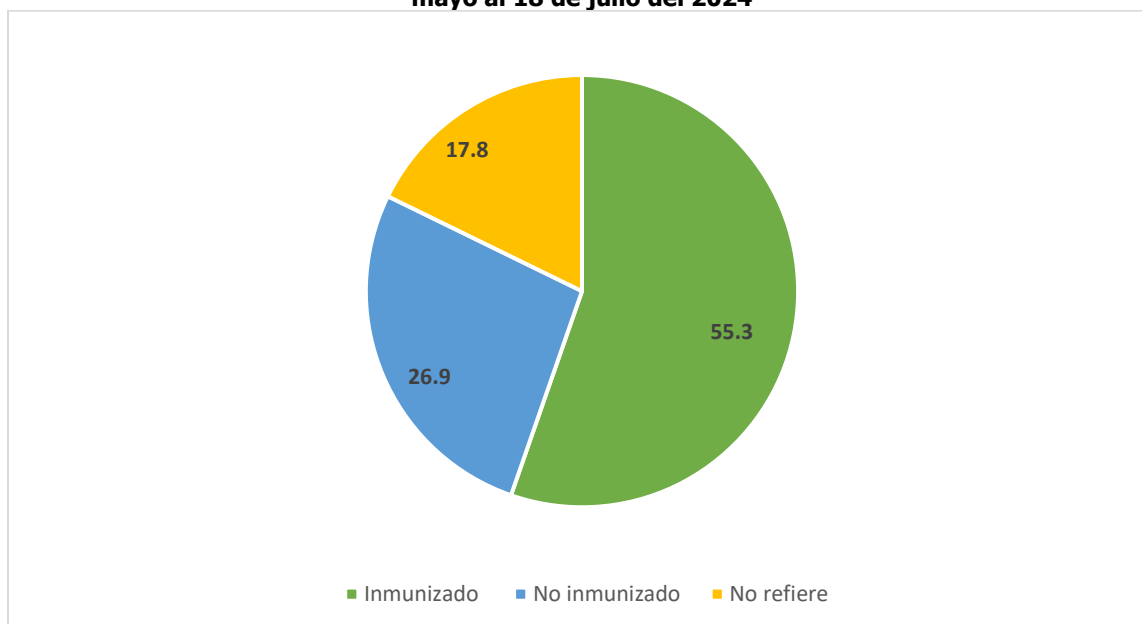
Gráfica 4. Casos por edad y sexo de muestras secuenciadas localmente, del 31 de mayo al 18 de julio del 2024



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 31 de mayo al 18 de julio del 2024

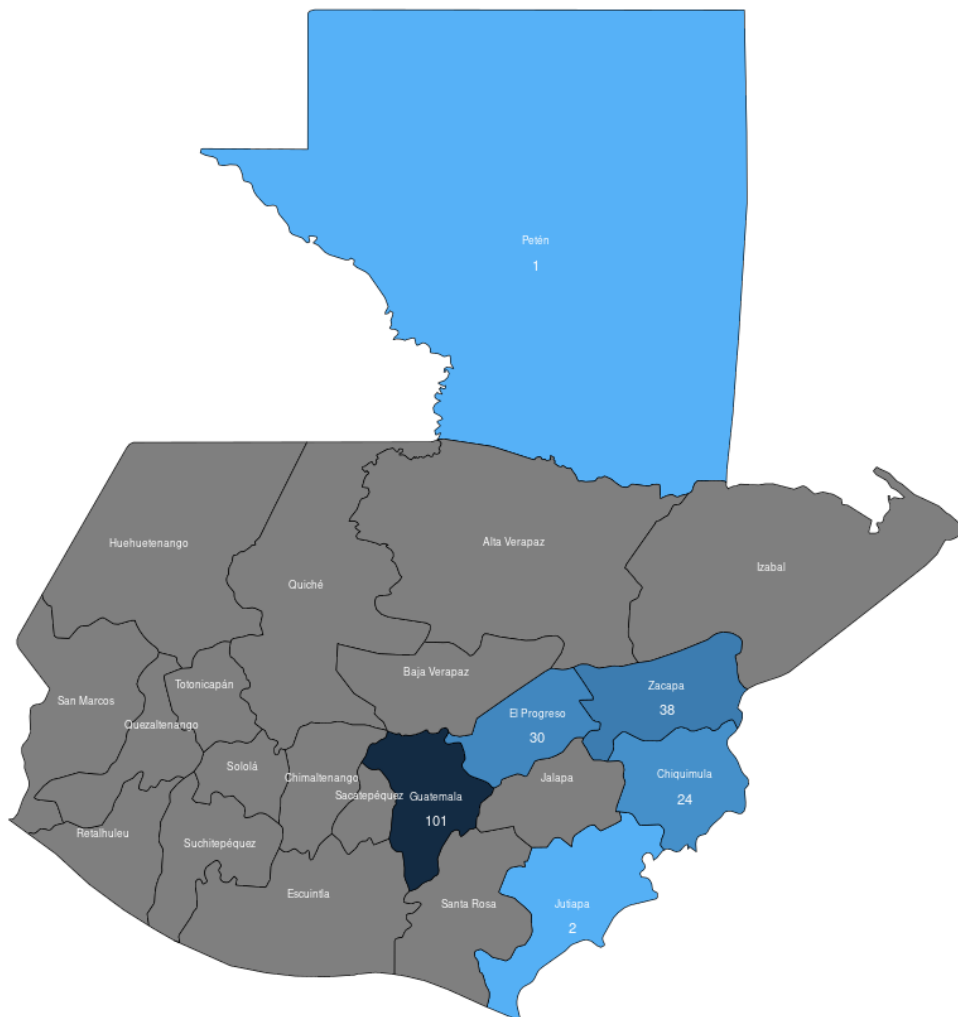


Fuente: Información obtenida de Ficha Epidemiológica Vigilancia Virus Respiratorios – COVID 19.



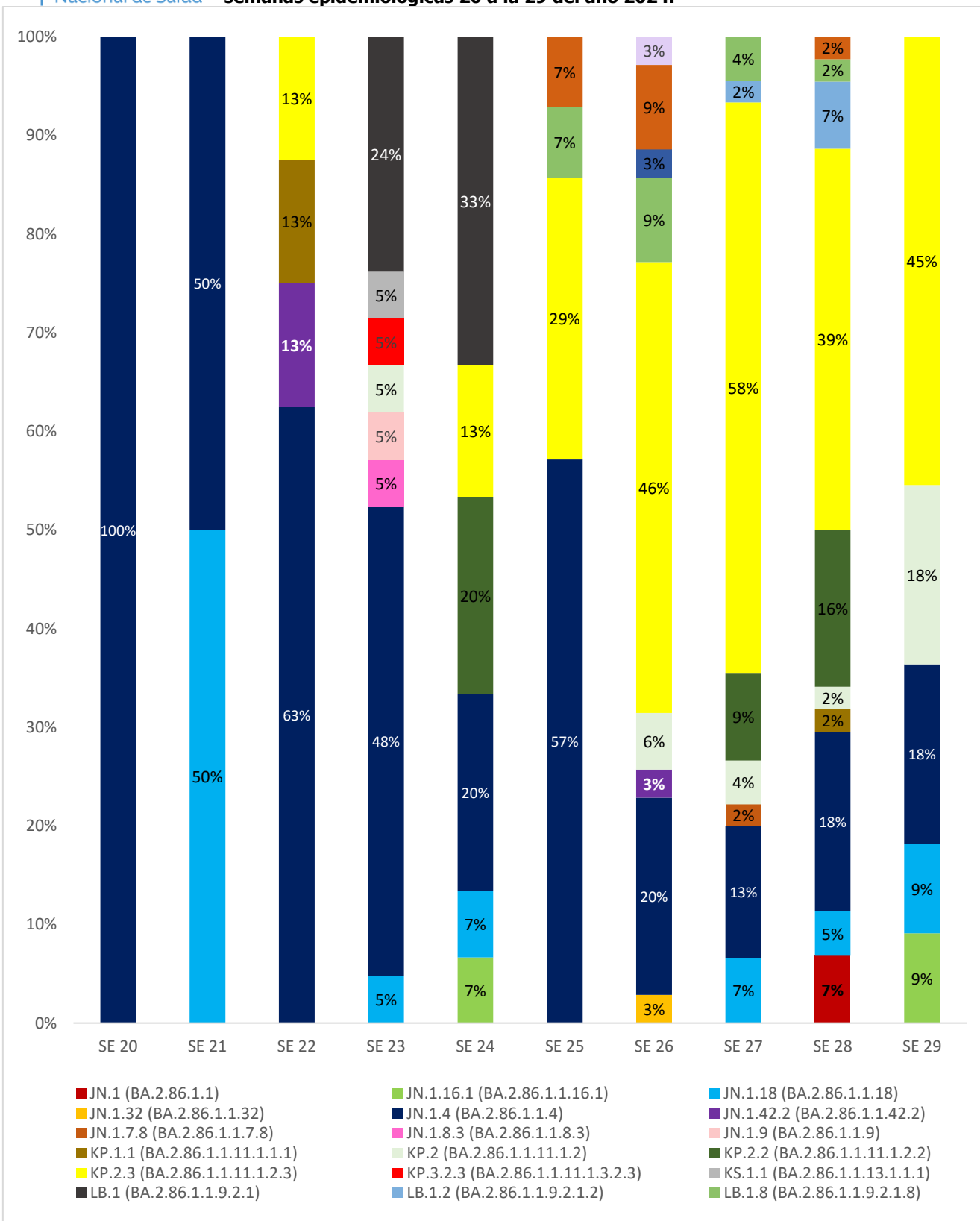
A continuación, se presentan los casos de VOC detectados en Guatemala distribuidos por departamento.

Imagen 1. Distribución de casos VOC detectados por departamento del 31 de mayo al 18 de julio del 2024



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

En la gráfica 6 se observa el comportamiento de los diferentes sublinajes, de las semanas epidemiológicas 20 a la 29 del año 2024. Se observa la introducción de la variante KP en la semana epidemiológica 22, la cual hasta desplazado a la variante JN.1 como predominante en las últimas semanas epidemiológicas, siendo el 63% de las detecciones en la semana epidemiológica 29.

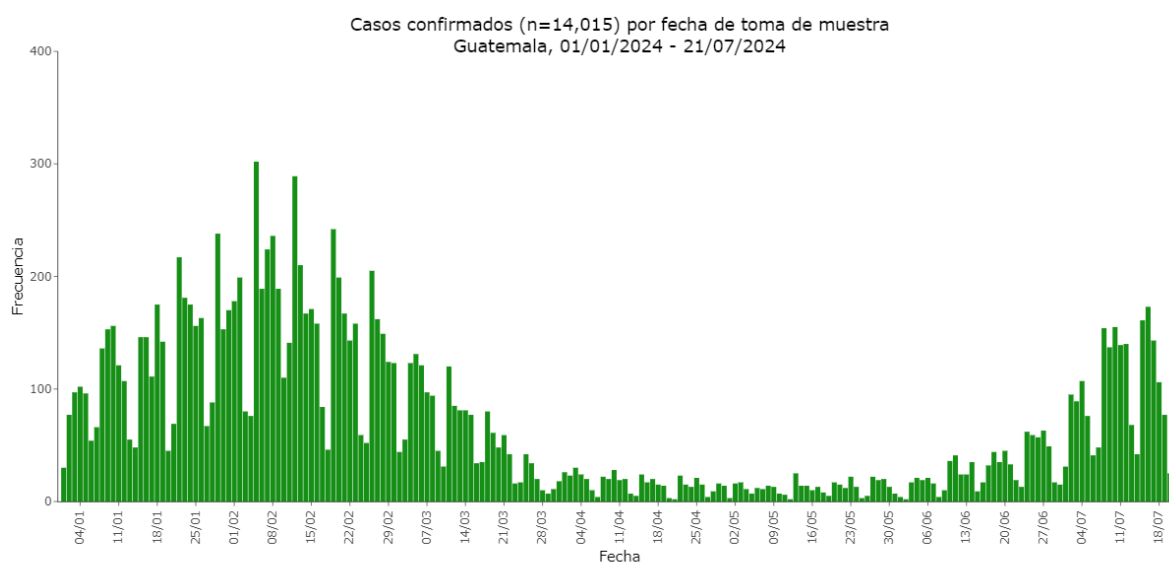


Fuente: Dirección del Laboratorio Nacional de Salud –DLNS–.



Se observa un aumento de casos de COVID-19 desde inicios del mes de junio, esto se debe a la introducción de la variante KP (B.1.1.529.2.86.1.1.11.1). El primer caso detectado fue en una paciente de 48 años de edad del departamento de Guatemala, presentando sintomatología leve. Hasta el 18 de julio se ha detectado en los departamentos de Guatemala, Chimaltenango, Chiquimula, Zacapa y El Progreso; según las muestras remitidas a la Dirección del Laboratorio Nacional de Salud.

Imagen 1. Distribución de casos confirmados de COVID del 01 de enero al 21 de julio de del 2024



Fuente: Tablero QA COVID-19, Ministerio de Salud y Asistencia Social de Guatemala.