

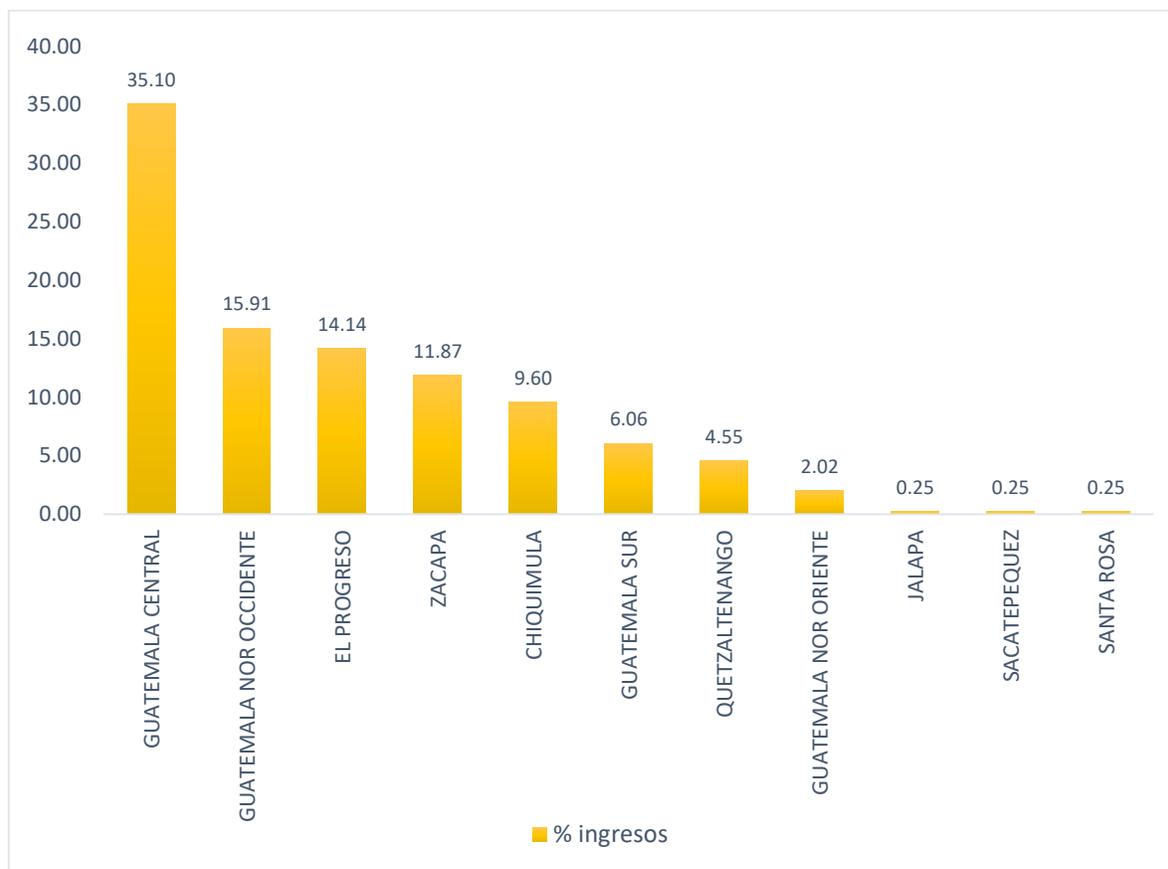


INFORME SEQ-53-09-2024

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 396 muestras del 19 de julio al 30 de agosto del 2024 para el proceso de secuenciación provenientes de las diferentes Direcciones Departamentales de Redes Integradas de Servicios de Salud (DDRIS).

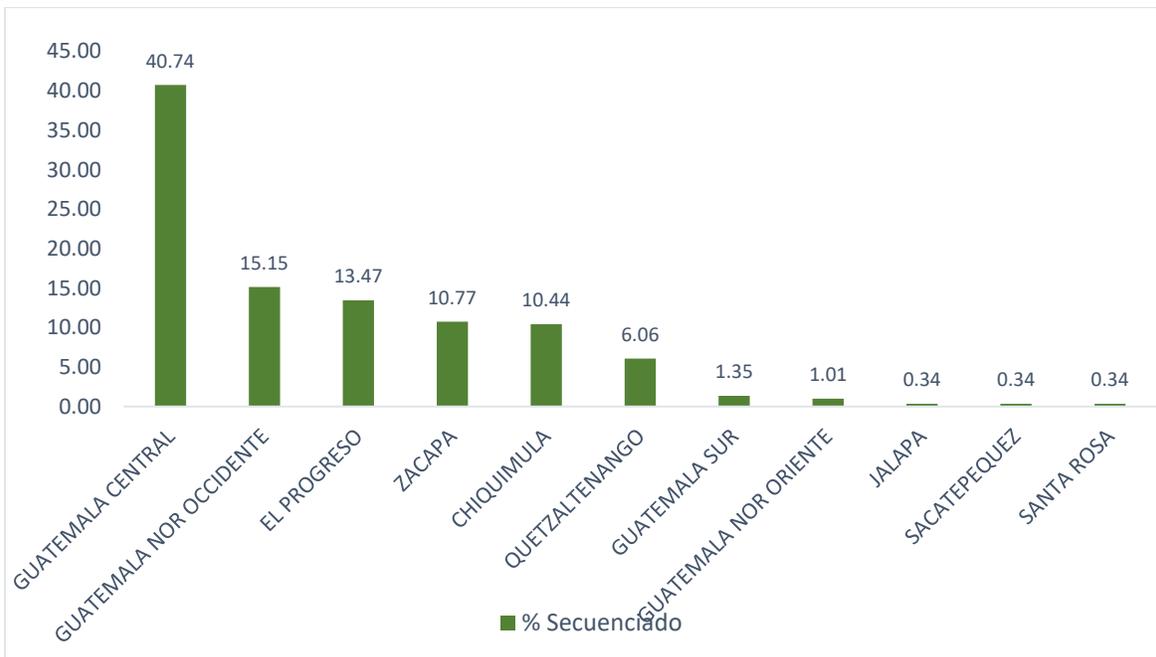
Gráfica 1. Porcentaje de muestras ingresadas a la DLNS para el proceso de secuenciación, por DDRIS, del 19 de julio al 30 de agosto del 2024



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

Se realizó una selección de 297 muestras que cumplieran los criterios de inclusión para el proceso de secuenciación, de las cuales se obtuvo la secuencia genómica efectiva de 291 muestras. En la Gráfica 2 se observa el porcentaje de muestras secuenciadas por DDRIS.

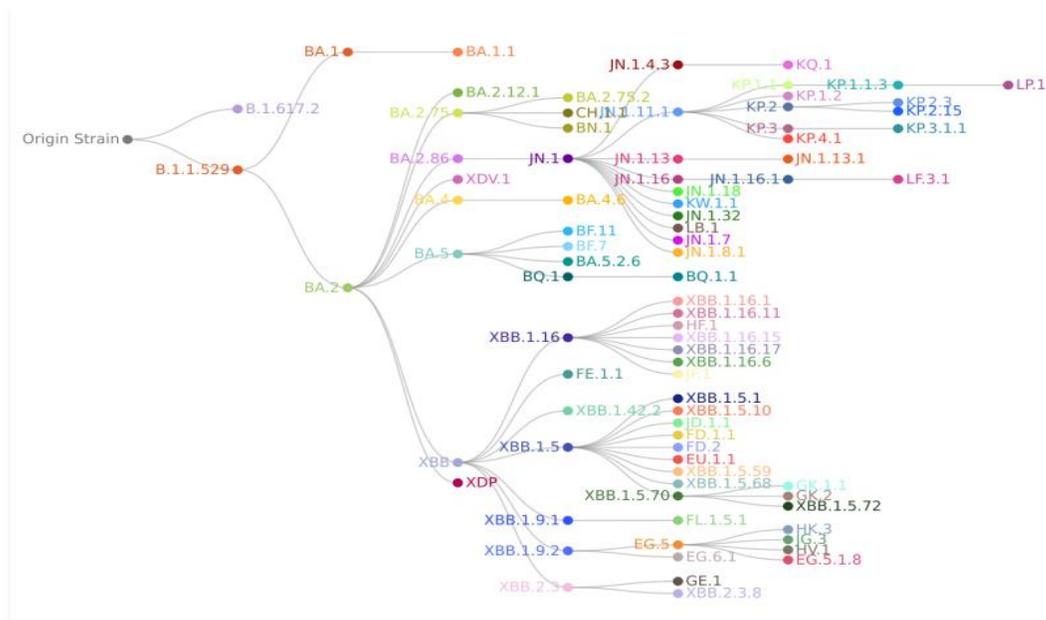
Gráfica 2. Porcentaje de muestras secuenciadas localmente, por DDRISS, del 19 de julio al 30 de agosto del 2024



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

En la Imagen 1 podemos observar la evolución y aparición de los nuevos linajes según la clasificación de Pango de SARS-CoV-2. Actualmente se observa la circulación del linaje JN.1 y sus sublinajes.

Imagen 1. Evolución y aparición de los nuevos linajes según la clasificación de Pango de SARS-CoV-2



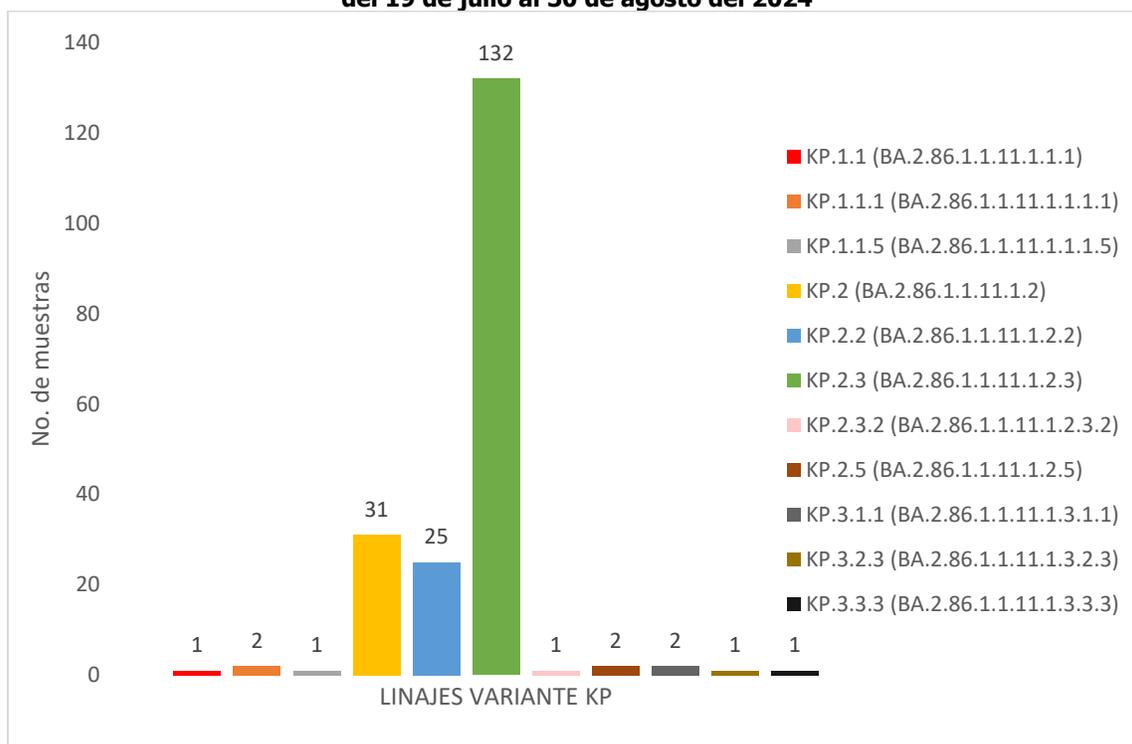
Fuente: Centers for Disease Control and Prevention. COVID Data Tracker



En este proceso de secuenciación se continuó la detección de la subvariante JN.1, LB.1.2, LB.1.8, LP.1 y KS.1.1. Dentro de las variantes detectadas por primera vez en este proceso de secuenciación se destacan los sublinajes de la variante KP, KP.1.1.1, KP.1.1.5, KP.2.3.2, KP.2.5, KP.3.1.1 y KP.3.3.3, las últimas 4 han sido declaradas por la OMS como variantes en monitoreo (VUMs), actualizado al 19 de julio del 2024. Sin embargo, al 30 de agosto del 2024, el Centro Europeo para la Prevención y el Control de Enfermedades (ECDC) declaró la variante KP.3 y todos sus sublinajes como variante de interés (VOI). Según los datos de los Centros para el Control y Prevención de Enfermedades de los Estados Unidos (CDC), actualmente la variante KP.3 y sus sublinajes representan más del 50 % de las variantes detectadas en los Estados Unidos. Por este motivo, es importante continuar con el monitoreo de esta variante cuyos cambios pueden incidir en la transmisibilidad, inmunidad y gravedad de la enfermedad.

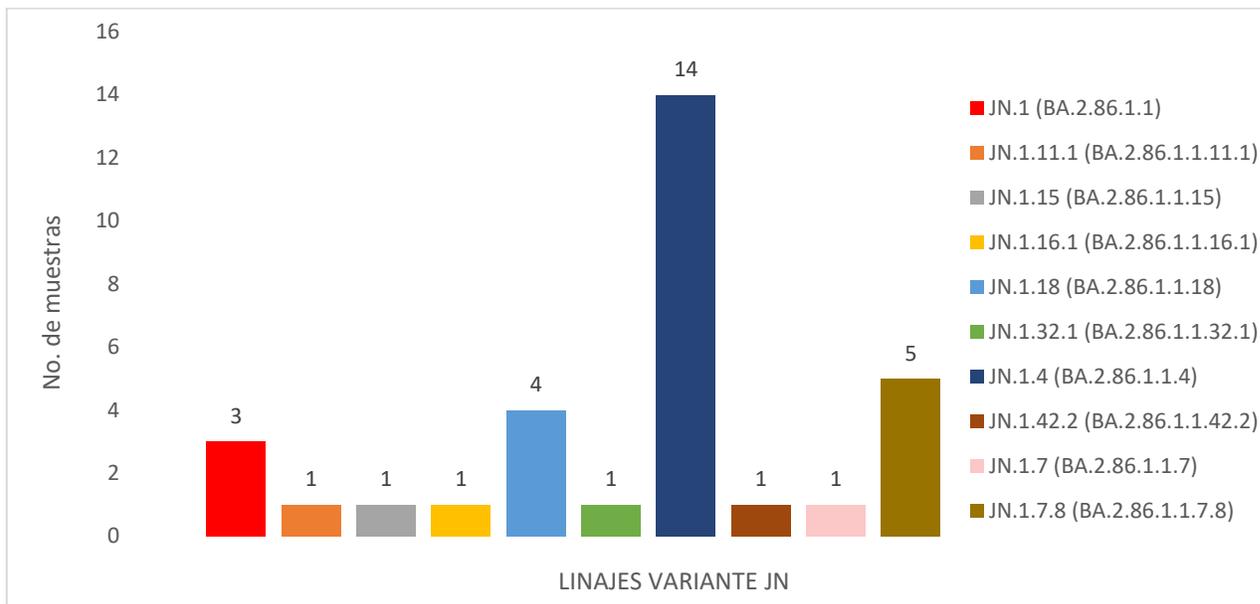
Del total de las muestras que se obtuvo asignación de linaje, el 100% corresponde a la variante Ómicron. Como se observa en la gráfica 3, la variante predominante es la KP, incluyendo todos sus sublinajes, en general representa el 68.38% del total de los linajes encontrados; la variante JN.1 y sus sublinajes corresponden al 11% (Gráfica 4). Las otras variantes representan el 20.62%, gráfica 5, donde se observa que la variante LB y sus sublinajes representan el 16.84% de los linajes encontrados, seguido de la variante KS.1.1 con 2.06% y finalmente la variante LP.1 con 1.72%.

Gráfica 3. Variante KP y sus distintos sublinajes detectados en el proceso de secuenciación local, del 19 de julio al 30 de agosto del 2024



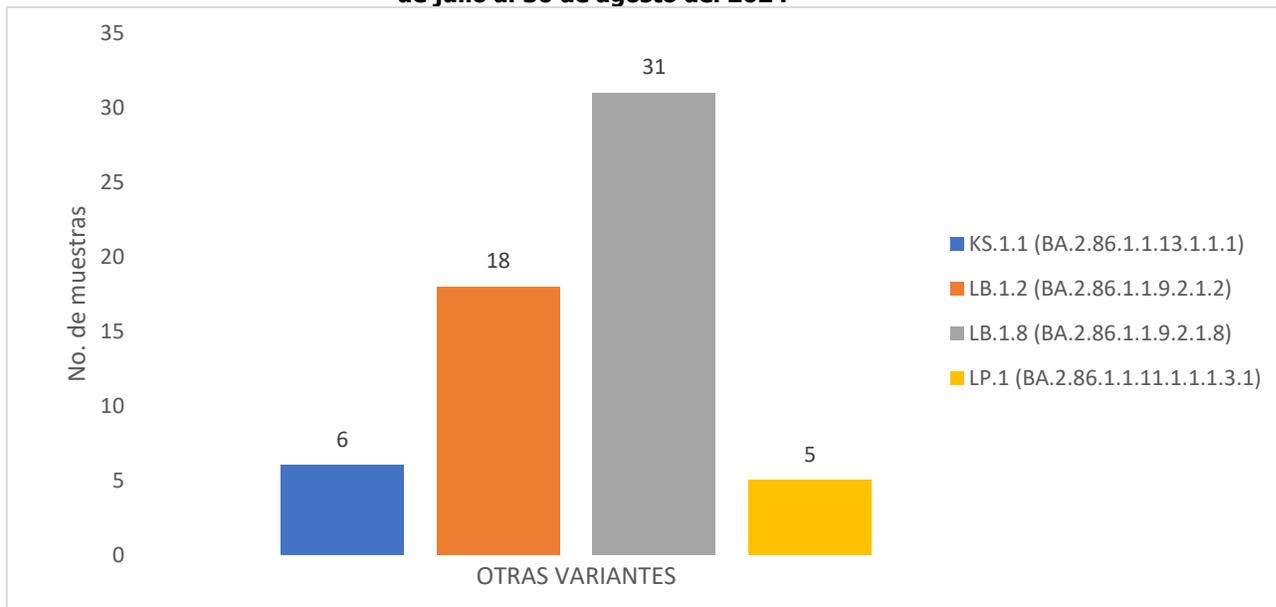
Fuente: Dirección del Laboratorio Nacional de Salud –DLNS–.

Gráfica 4. Variante JN.1 y sus distintos sublinajes detectados en el proceso de secuenciación local, del 19 de julio al 30 de agosto del 2024



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

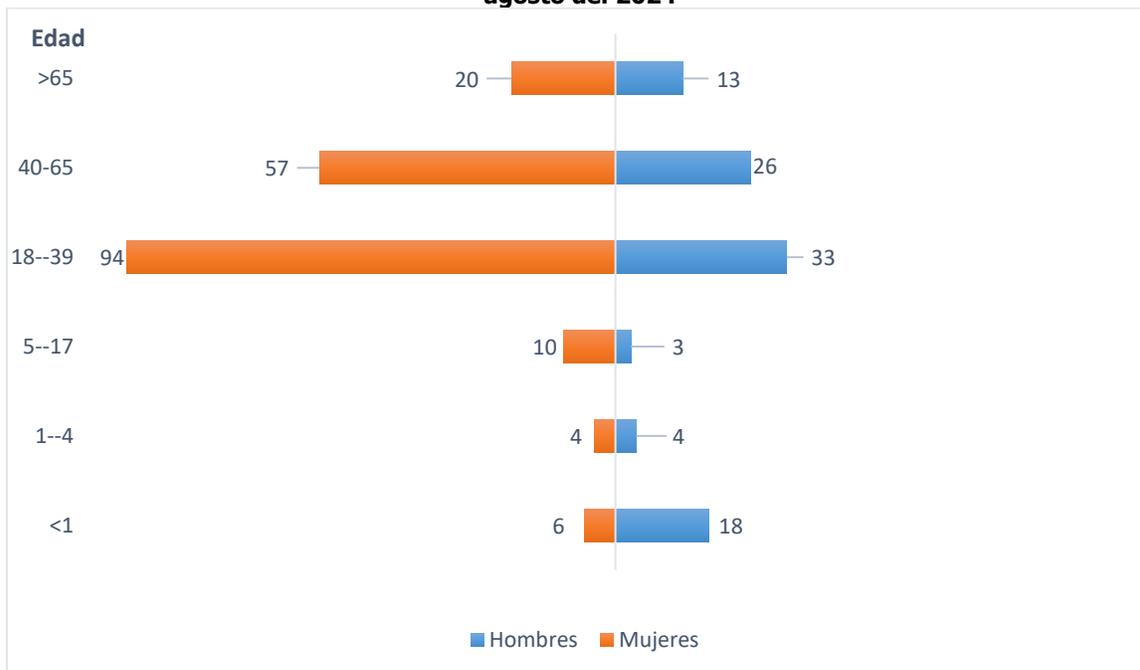
Gráfica 5. Otras variantes y sus sublinajes detectados en el proceso de secuenciación local, del 19 de julio al 30 de agosto del 2024



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

De las muestras secuenciadas la mayoría pertenecen al sexo femenino, siendo del grupo etario entre 18 a 39 años. Del total de los casos seleccionados, tres personas no refieren edad o fecha de nacimiento, por lo que no se han incluido en este gráfico (Gráfica 6).

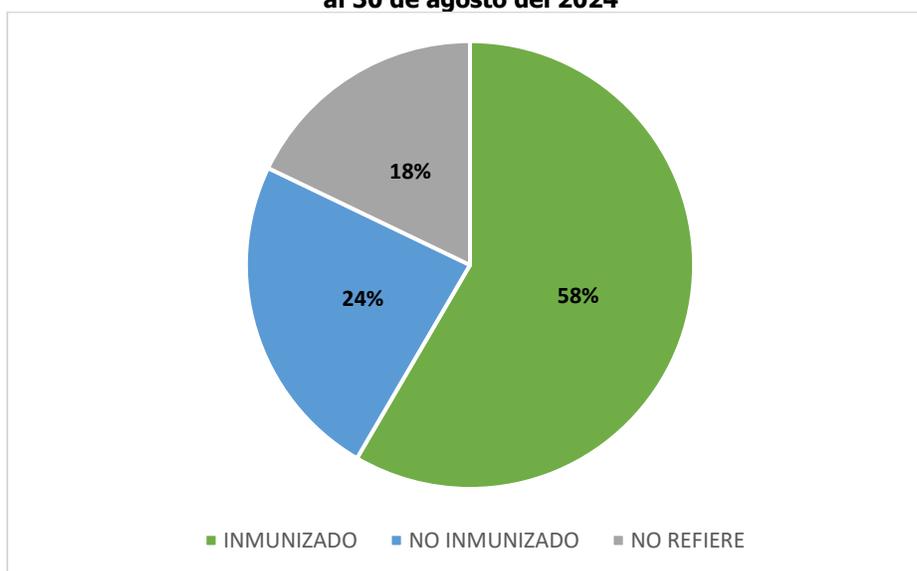
Gráfica 6. Casos por edad y sexo de muestras secuenciadas localmente, del 19 de julio al 30 de agosto del 2024



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

De los casos secuenciados la mayoría refirió antecedentes de vacunación, según datos recolectados de las fichas epidemiológicas (Gráfica 7).

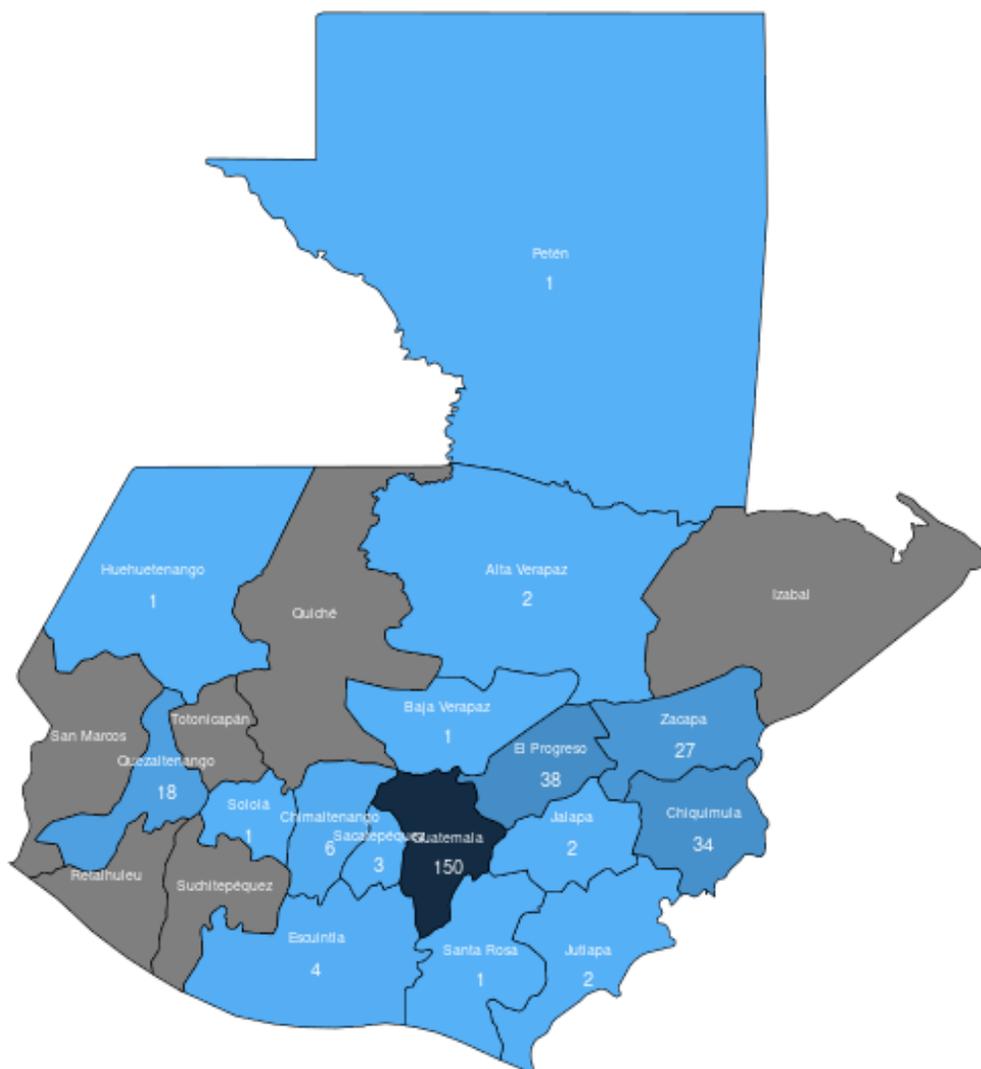
Gráfica 7. Porcentaje de casos inmunizados de muestras secuenciadas localmente, del 19 de julio al 30 de agosto del 2024



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.

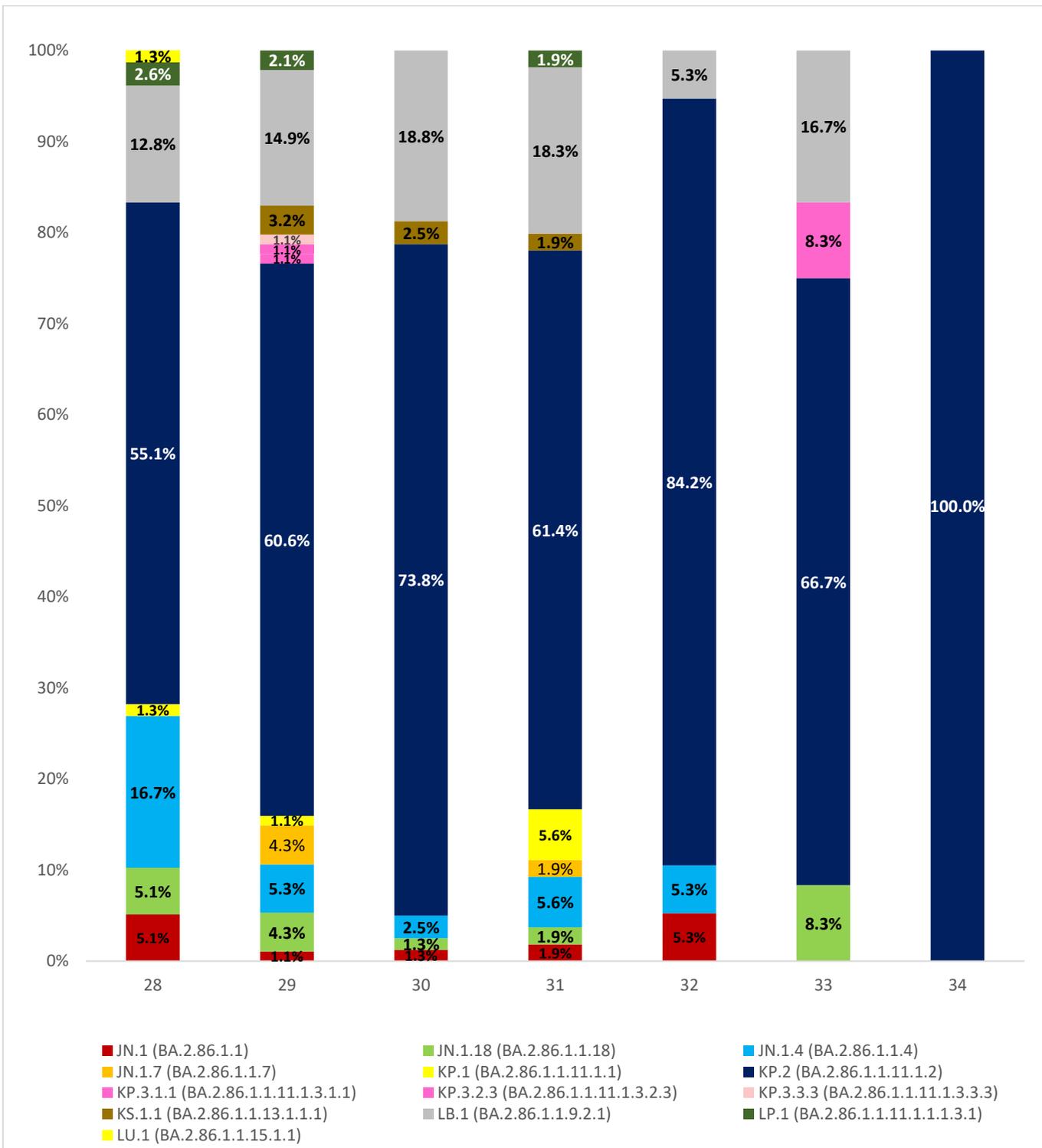
Imagen 2. Distribución de casos VOC detectados por departamento del del 19 de Julio al 30 de agosto del 2024



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

En la Gráfica 8 se observa el comportamiento de los diferentes sublinajes, de las semanas epidemiológicas 28 a la 34 del año 2024. Se observa la introducción de la variante KP.3 en la semana epidemiológica 29, esta variante es considerada de monitoreo según la OMS, además se observa introducción del sublinaje KP.3.1.1 en la semana epidemiológica 33, considerada como variante de interés según el CDC.

Gráfica 8. Proporción de casos de VOC de muestras secuenciadas localmente, de las semanas epidemiológicas 28 a la 34 del año 2024.



Fuente: Dirección del Laboratorio Nacional de Salud –DLNS-