

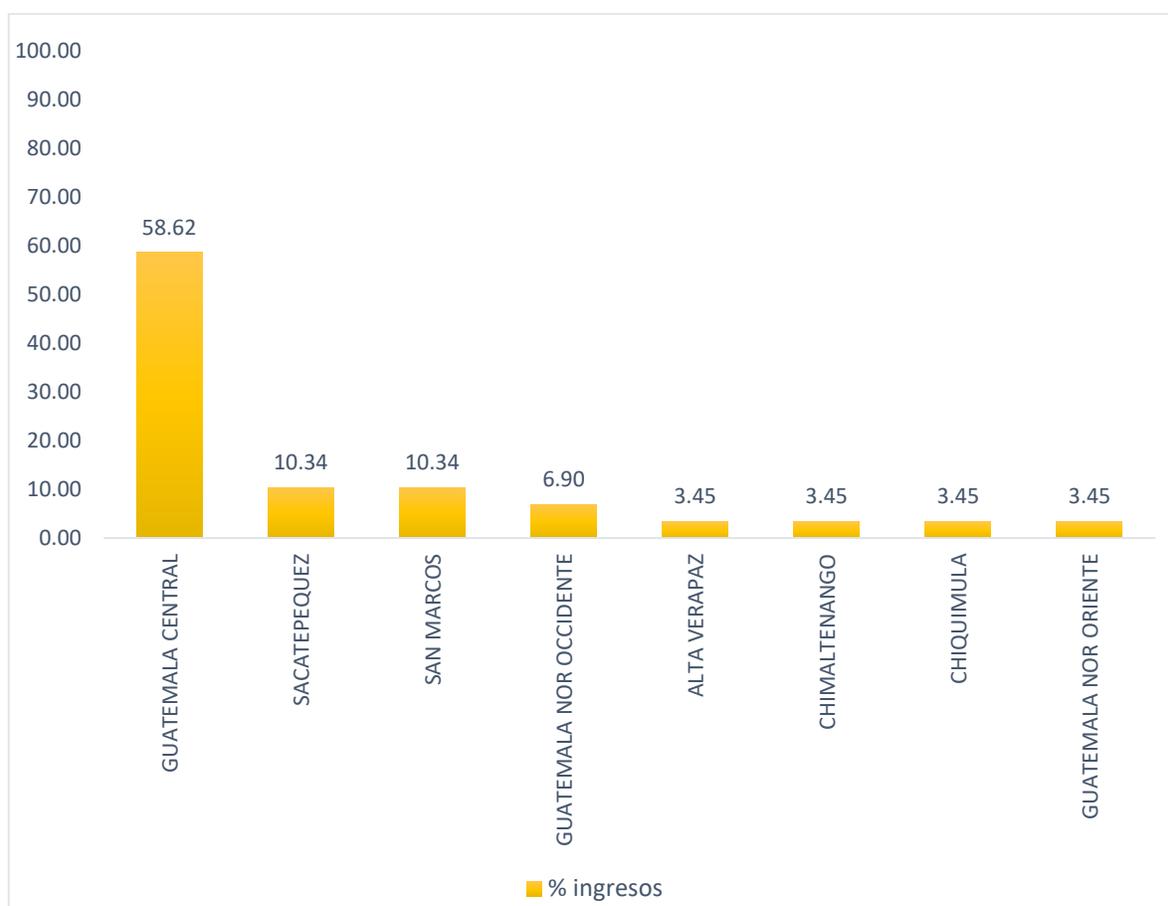


INFORME VES-SEQ-54-10-2024

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 29 muestras del 2 de septiembre al 04 de octubre del 2024 para el proceso de secuenciación provenientes de las diferentes Direcciones Departamentales de Redes Integradas de Servicios de Salud (DDRIS).

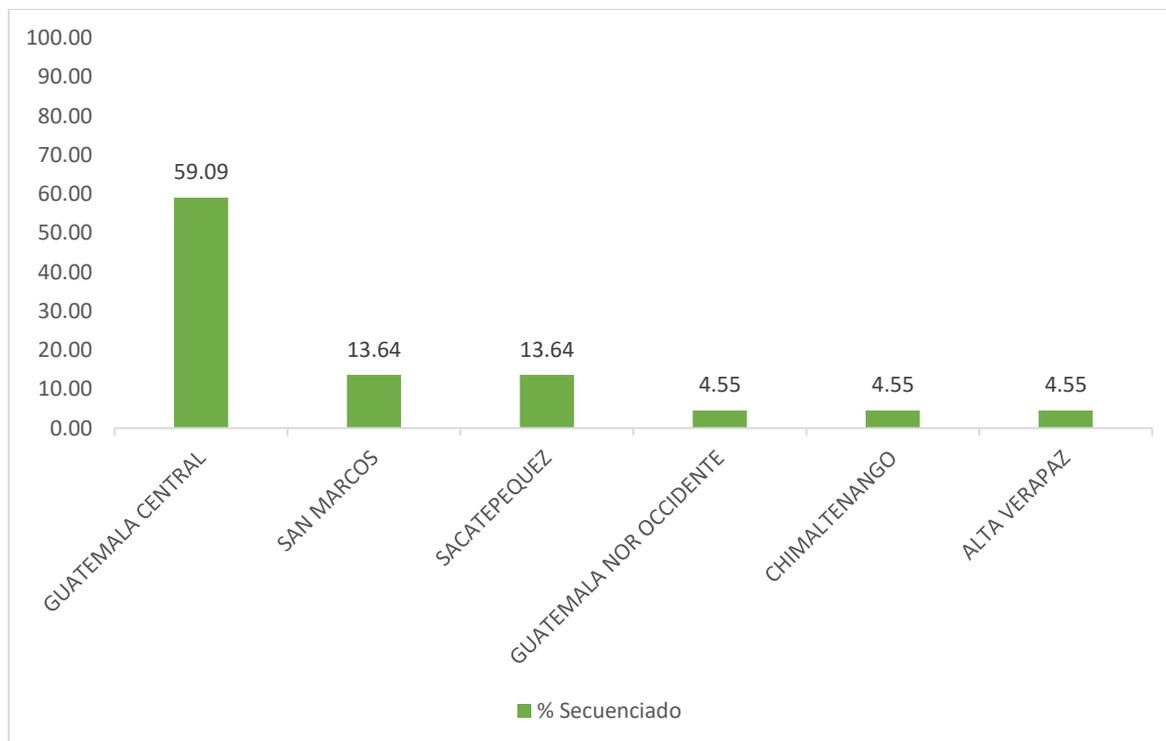
Gráfica 1. Porcentaje de muestras ingresadas a la DLNS para el proceso de secuenciación, por DDRIS, del 2 de septiembre al 4 de octubre del 2024



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

Se realizó una selección de 22 muestras que cumplieron los criterios de inclusión para el proceso de secuenciación, de las cuales se obtuvo la secuencia genómica efectiva de 21 muestras. En la Gráfica 2 se observa el porcentaje de muestras secuenciadas por DDRIS.

Gráfica 2. Porcentaje de muestras secuenciadas localmente, por DDRISS, del 2 de septiembre al 4 de octubre del 2024



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

En este proceso de secuenciación se continuó la detección de las variantes KP.2.3, KP.3.11, LB.1.8 y LP.1.2. Según los Centros para el Control y la Prevención de Enfermedades (CDC, por sus siglas en inglés), en Estados Unidos las variantes dominantes son KP.3.1.1, seguida de KP.2.3 y LB. En Guatemala, se observa una tendencia similar. Se considera que las variantes emergentes KP.2, KP.3 y LB.1 pertenecen a la familia de variantes "FLiRT"; esto también incluye descendientes como KP.2.3 y KP.3.1.1. Las variantes "FLiRT" se denominan así porque exhiben las mutaciones F por L en la posición 456 y R por T en la posición 346.

La variante KP.3.1.1 es descendiente de la variante KP.3 (en sí misma descendiente de JN.1) y contiene varias mutaciones asociadas con el escape de la protección inmunitaria mediada por vacunas. Evidencia preliminar sugiere que la variante emergente KP.3.1.1 puede exhibir una mayor infectividad en comparación con KP.3 y con JN.1. Esta variante se encuentra bajo vigilancia según la última actualización de la OMS (septiembre 2024).

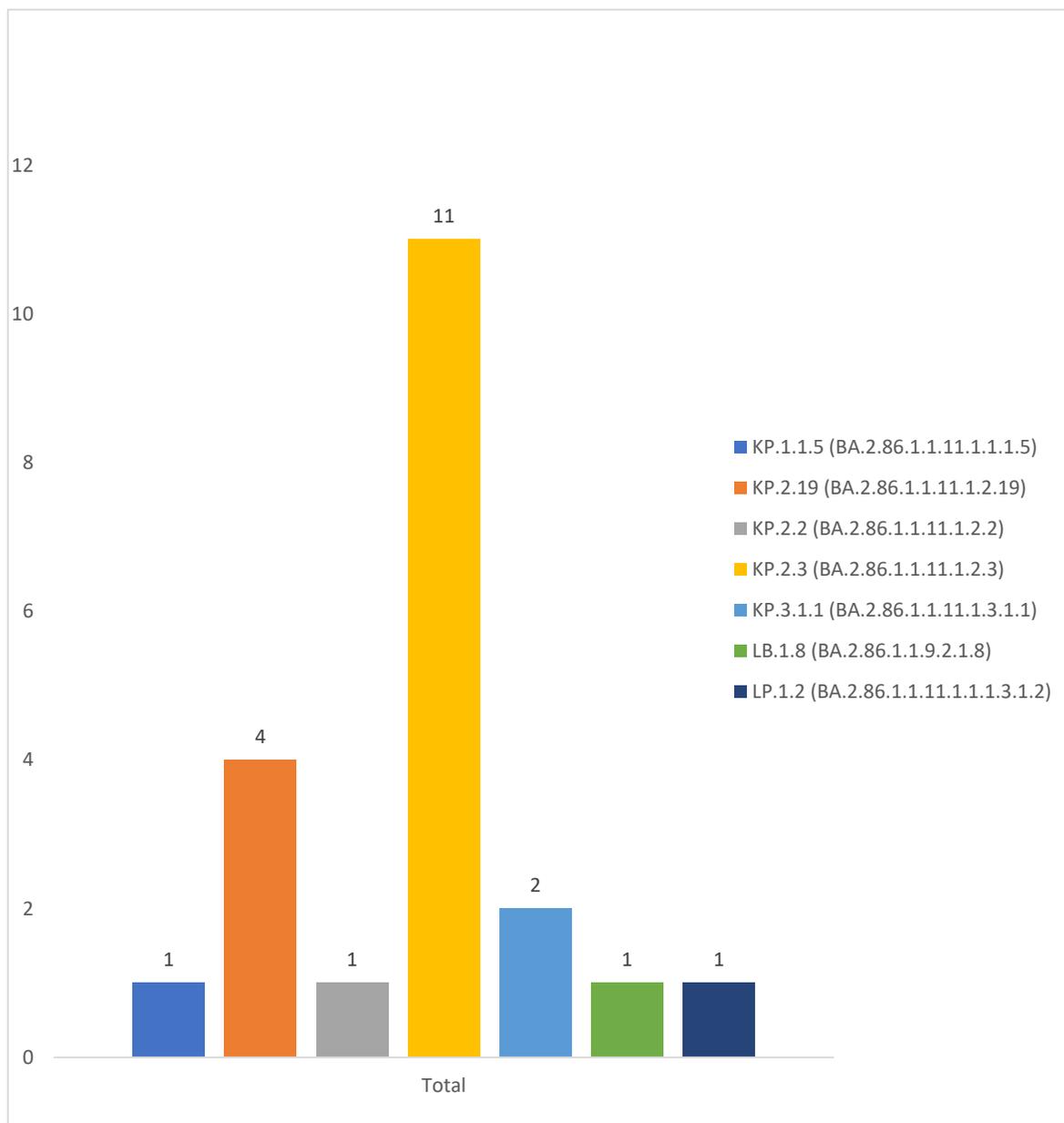
La variante KP.2 (también llamada JN.1.11.1.2) es descendiente de la variante JN.1 y contiene varias mutaciones asociadas con el escape de la protección inmunitaria mediada por vacunas. Estudios preliminares sugieren una mayor aptitud viral para KP.2 y KP.3 que las variantes y subvariantes anteriores de JN.1. Sin embargo, debido a la alta similitud antigénica entre KP.2 y JN.1, se espera que las personas con una infección reciente por JN.1 probablemente tengan cierta protección de anticuerpos de neutralización cruzada contra KP.2.

Dadas las recientes actualizaciones, es importante continuar con el monitoreo de las variantes 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. El de mayor representatividad corresponde a la KP.2.3 con el 52.38%, seguido de la KP.2.19 con el 19.05% y el sublinaje KP.3.1.1 con el 9.52%, en general esta variante representa el 90.48% del total de los linajes encontrados. Las otras variantes representan el 9.52%, donde se observa la variante LB.1.8 (4.76%) y LP.1.2 (4.76%) de los linajes encontrados.

Gráfica 3. Variantes Ómicron detectadas por el proceso de secuenciación local, del 2 de septiembre al 4 de octubre del 2024

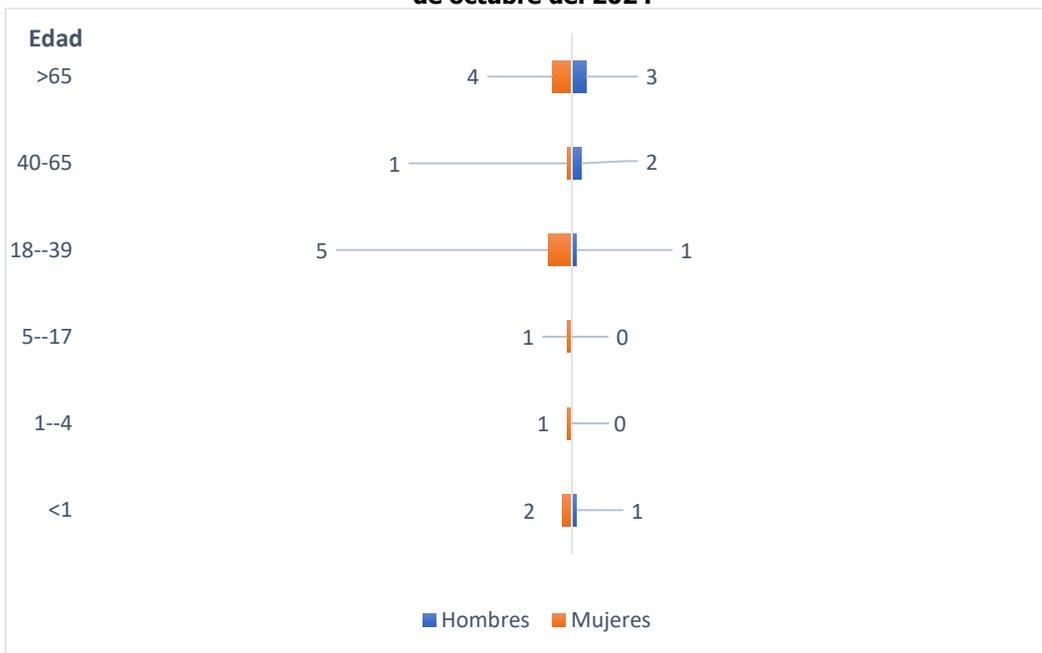


Fuente: Dirección del Laboratorio Nacional de Salud –DLNS–.



De las muestras secuenciadas la mayoría pertenecen al sexo femenino, siendo del grupo etario entre 18 a 39 años (Gráfica 4).

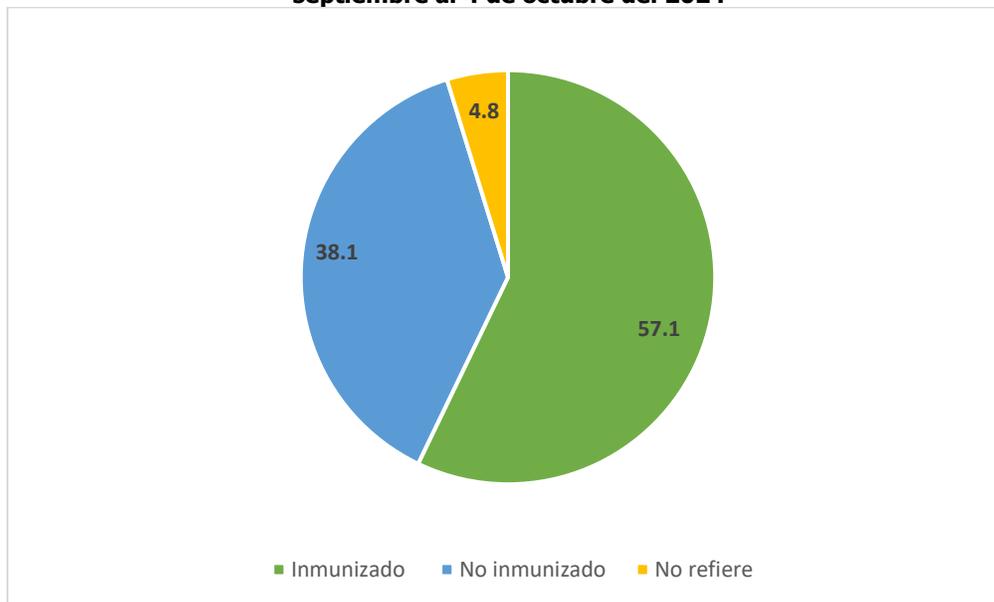
Gráfica 4. Casos por edad y sexo de muestras secuenciadas localmente, del 2 de septiembre al 4 de octubre del 2024



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 5).

Gráfica 5. Porcentaje de casos inmunizados de muestras secuenciadas localmente, del 2 de septiembre al 4 de octubre del 2024

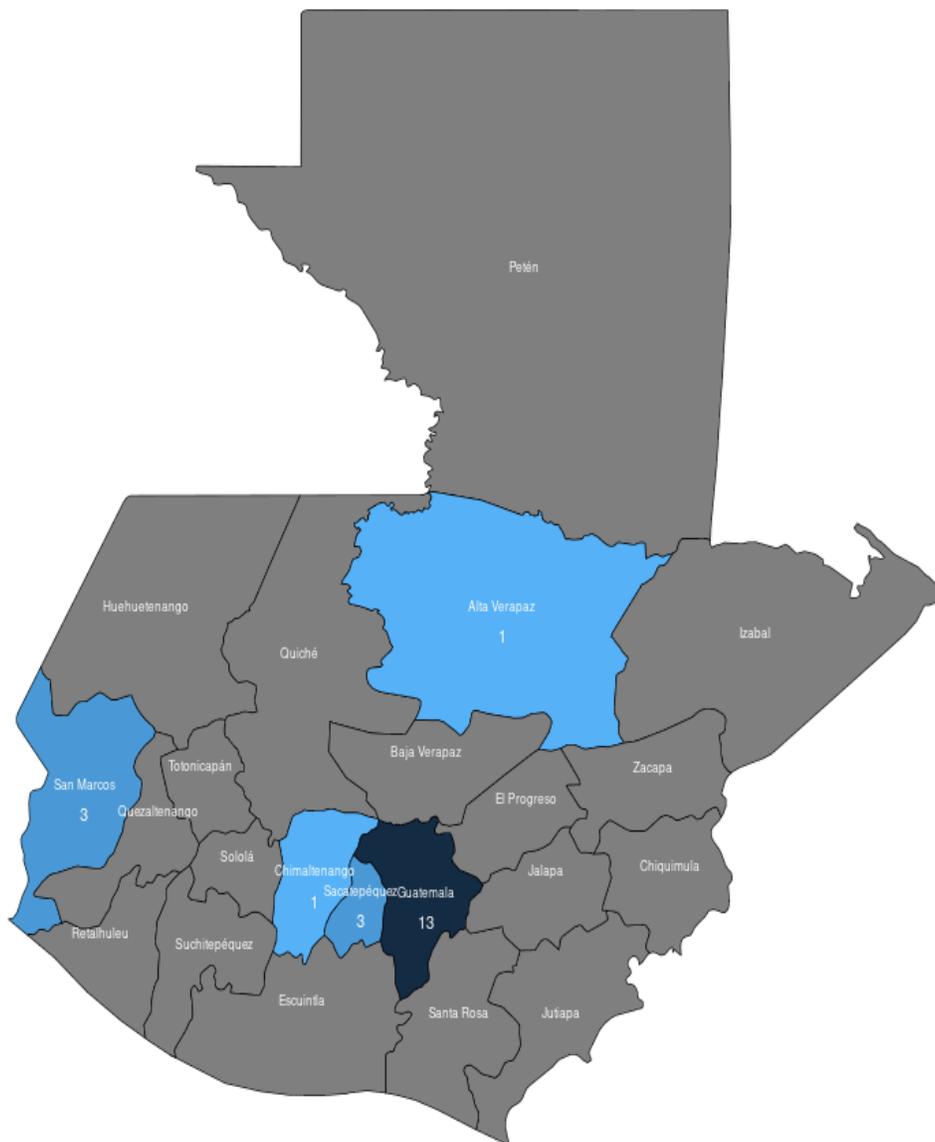


Fuente: Información obtenida de Ficha Epidemiológica Vigilancia Virus Respiratorios – COVID 19.



A continuación, en la Imagen 1 se presentan los casos detectados con secuencias genómicas efectivas en Guatemala, distribuidos por departamento.

Imagen 1. Distribución de casos VOC detectados por departamento del 2 de septiembre al 4 de octubre del 2024

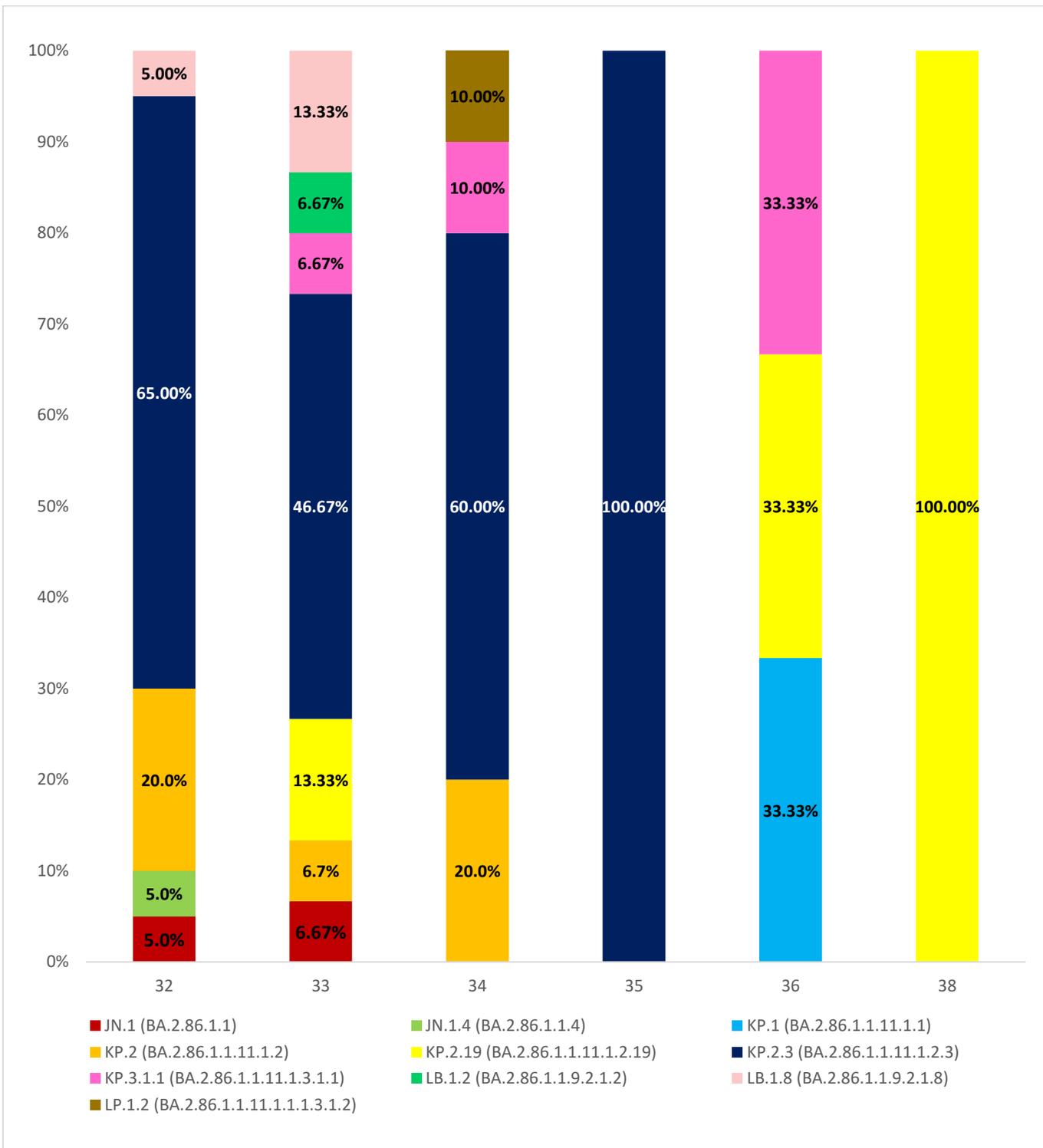


Fuente: Dirección del Laboratorio Nacional de Salud -DLNS-.

En la Gráfica 6 se observa el comportamiento de los diferentes sublinajes, de las semanas epidemiológicas 32 a la 38 del año 2024. Se observa la introducción de la variante KP.2.19 en la semana epidemiológica 33, así mismo en esta semana aparece el sublinaje KP.3.1.1 la cual es considerada de monitoreo según la OMS, y considerada como variante de interés según el CDC.



Gráfica 6. Proporción de casos de VOC de muestras secuenciadas localmente, de las semanas epidemiológicas 32 a la 38 del año 2024.



Fuente: Dirección del Laboratorio Nacional de Salud –DLNS-