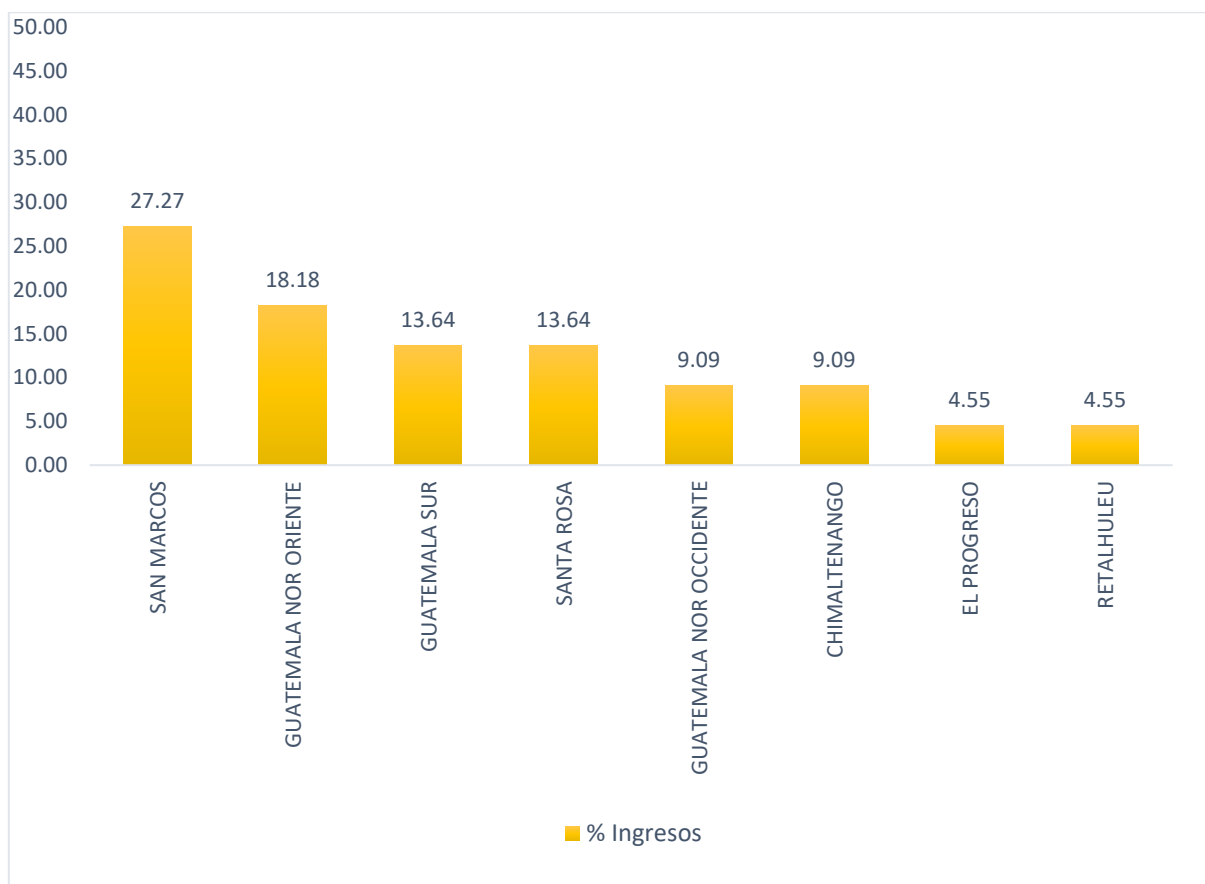


INFORME VES-COVID-55-03-2025

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 22 muestras del 05 de octubre del 2024 al 14 de marzo del 2025 para el proceso de secuenciación provenientes de las diferentes Direcciones Departamentales de Redes Integradas de Servicios de Salud (DDRIS). Las muestras ingresadas por la DDRIS de Santa Rosa, corresponden a pacientes que residen en el departamento de Guatemala.

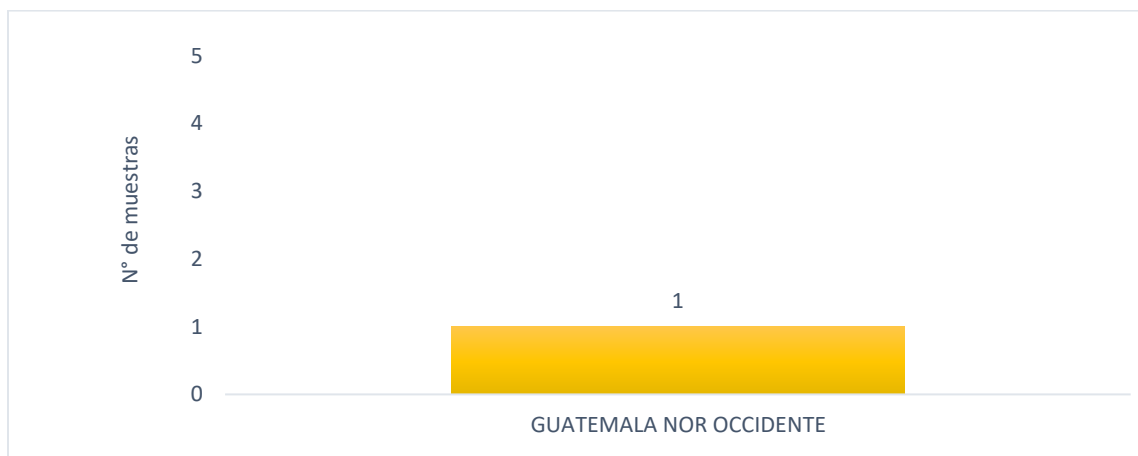
Gráfica 1. Porcentaje de muestras ingresadas a la DLNS para el proceso de secuenciación, por DDRIS, del 05 de octubre del 2024 al 14 de marzo del 2025



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

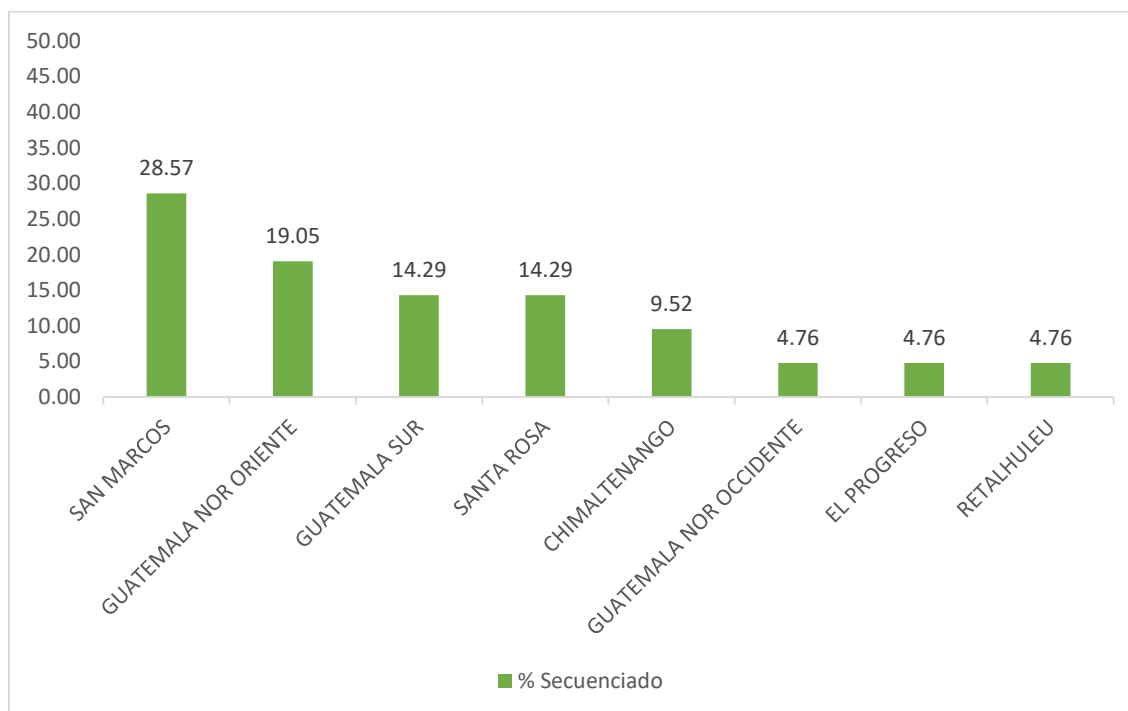
En la Gráfica 2 se observa 01 muestra rechazada para el proceso de secuenciación por DDRISS. Se seleccionaron 21 muestras ingresadas que cumplieran los criterios de inclusión para el proceso de secuenciación, de las cuales se obtuvo la secuencia genómica efectiva de **18** muestras.

Gráfica 2. Número de muestras rechazadas para el proceso de secuenciación, por DDRISS, del 05 de octubre del 2024 al 14 de marzo del 2025



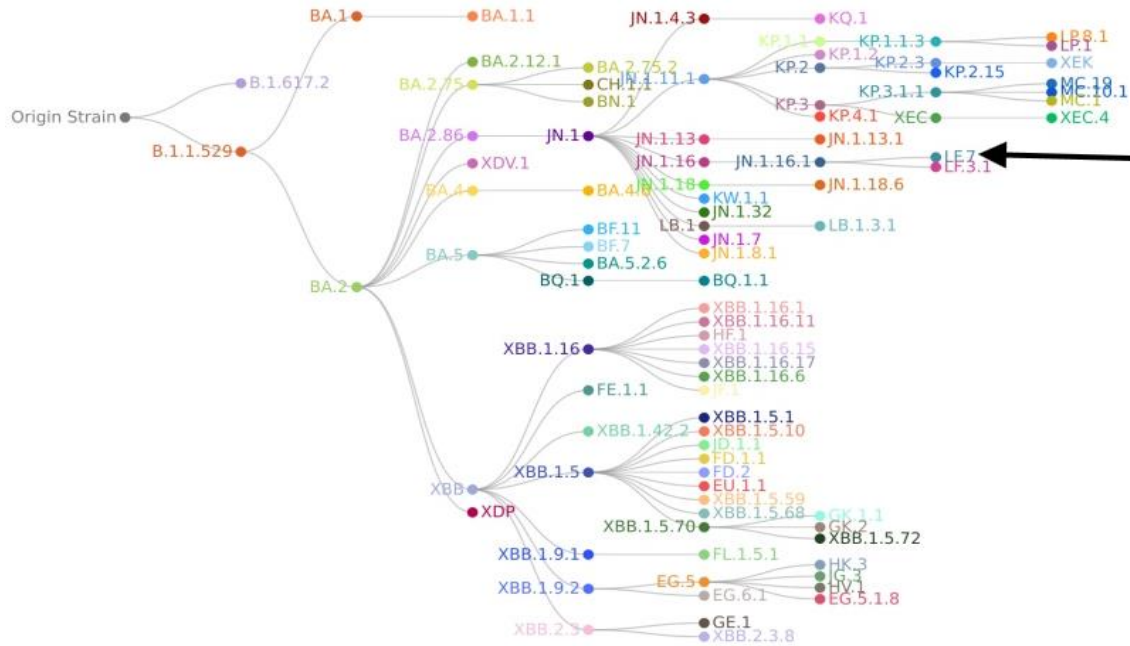
Fuente: Dirección del Laboratorio Nacional de Salud –DLNS–.

Gráfica 3. Porcentaje de muestras secuenciadas localmente, por DDRISS, del 05 de octubre del 2024 al 14 de marzo del 2025



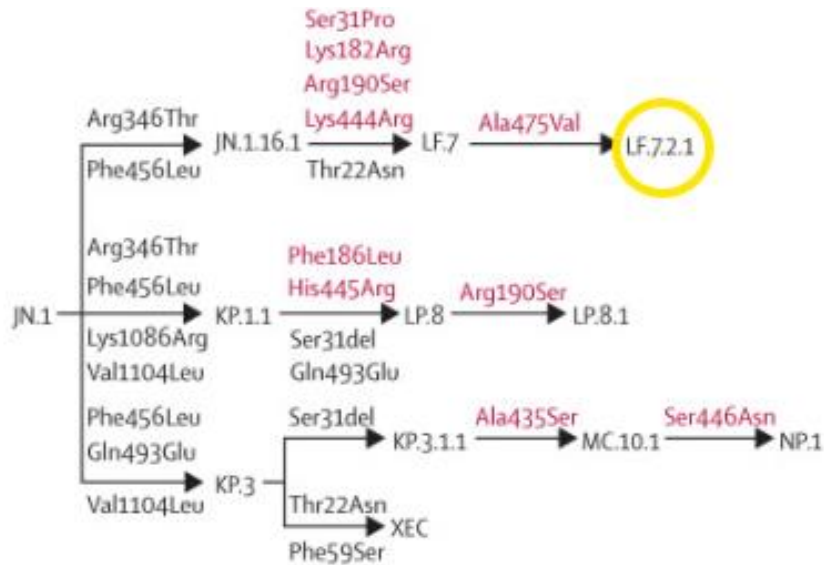
Fuente: Dirección del Laboratorio Nacional de Salud –DLNS–.

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.

Imagen 2. Mutaciones del linaje JN.1



(Jingyi et al., 2025)

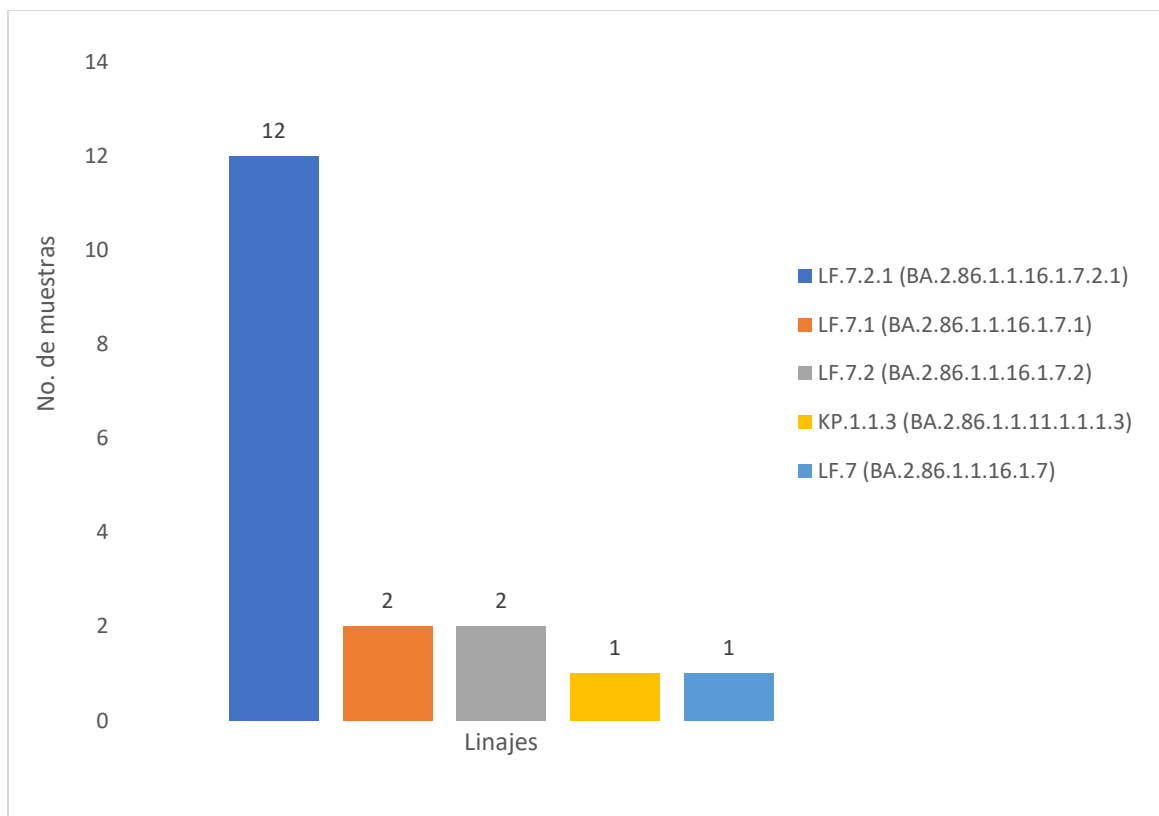
En este proceso de secuenciación se detectó por primera vez los sub linajes LF.7 (BA.2.86.1.1.16.1.7), LF.7.1 (BA.2.86.1.1.16.1.7.1), LF.7.2 (BA.2.86.1.1.16.1.7.2) y LF.7.2.1 (BA.2.86.1.1.16.1.7.2.1). Según Los Centros para el Control y la Prevención de Enfermedades (CDC, por sus siglas en inglés), se estima que en Estados Unidos el linaje LF.7 representa el 4% de las variantes en circulación para el mes de febrero. Recientemente este sub linaje de JN.1 ha demostrado ventajas de crecimiento compitiendo con los linajes dominantes como el XEC.

En particular, LF.7.2.1 contiene una mutación A475V (Ala475Val) adicional en comparación con LF.7, que porta las mutaciones S31P, K182R, R190S y K444R en espiga, y se ha propagado rápidamente. Según el CDC, la variante LF.7.2.1 no se encuentra catalogada como variante de preocupación, interés o monitoreo.

LF.7.2.1 muestra un aumento significativo en la evasión inmunitaria plasmática, lo que la convierte actualmente en la variante con mayor evasión inmunitaria. Esta mejora se atribuye a la mutación A475V, que reforzó significativamente la resistencia a los anticuerpos de clase 1. Sin embargo, esta mutación también causa una débil afinidad de unión RBD-ACE2, por lo que no representa la mayor ventaja de crecimiento.

Del total de las muestras que se obtuvo asignación de linaje, el 100% corresponde a la variante Ómicron. Como se observa en la gráfica 4, el sub linaje predominante es LF.7.2.1 con el 66.67% seguido de los sub linajes LF.7.1 y LF.7.2 con el 11.11% cada uno y por último los sub linajes LF.7 y KP.1.1.3 con el 5.56% cada uno.

Gráfica 4. Linajes de la Variantes Ómicron detectadas en el proceso de secuenciación local, del 05 de octubre del 2024 al 14 de marzo del 2025



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

Las muestras secuenciadas se encuentran dentro del grupo etario entre los 18 a mayores de 65 años (Gráfica 5). Del total de los casos, una persona no refiere edad o fecha de nacimiento, por lo que no se han incluido en este gráfico.

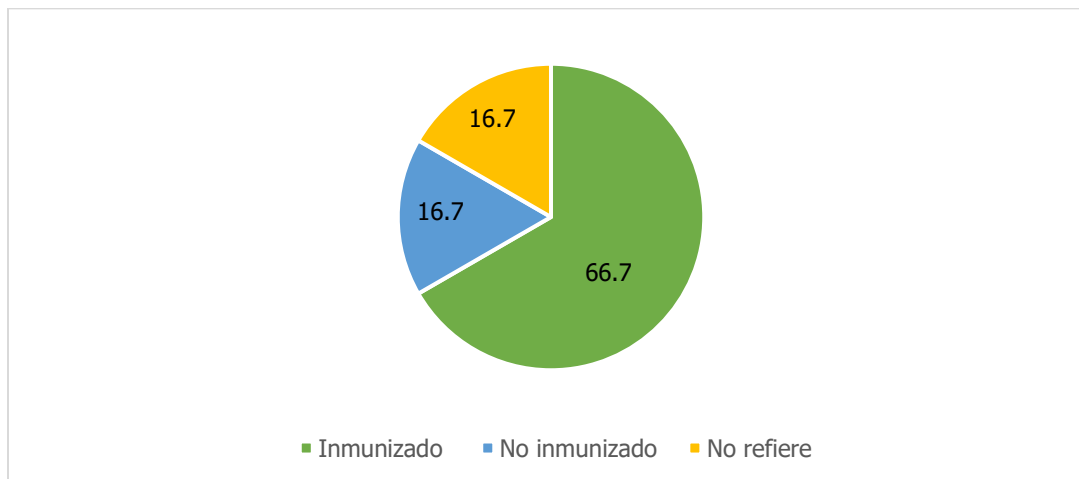
Gráfica 5. Casos por grupo etario y sexo de muestras con secuencia genómica efectiva, del 05 de octubre del 2024 al 14 de marzo del 2025



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 6).

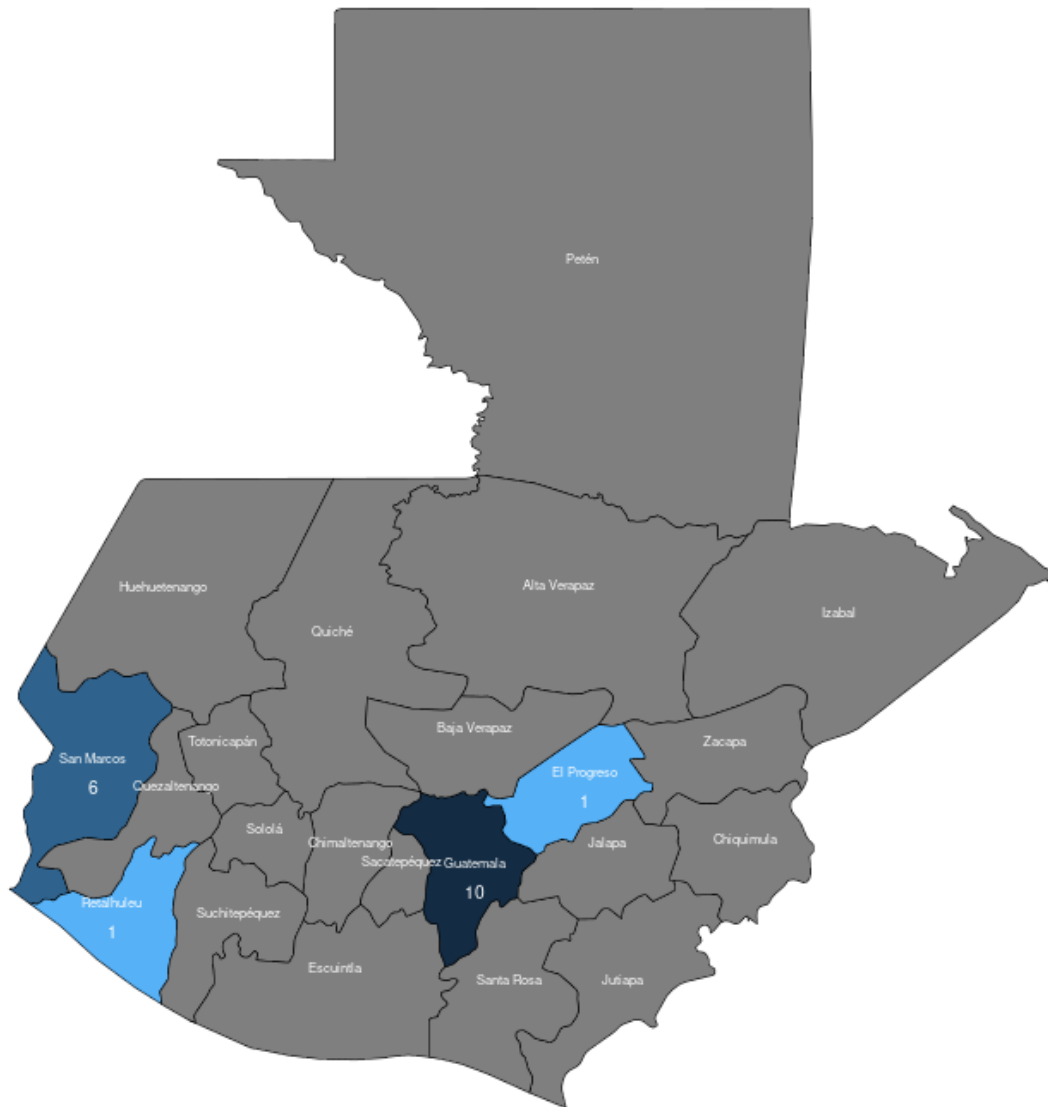
Gráfica 6. Porcentaje de casos inmunizados de muestras con secuencia genómica efectiva, del 05 de octubre del 2024 al 14 de marzo del 2025



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

A continuación, en la Imagen 3 se presentan los casos detectados con secuencias genómicas efectivas en Guatemala, distribuidos por departamento. El mayor número de casos se encuentra en el departamento de Guatemala seguido de San Marcos.

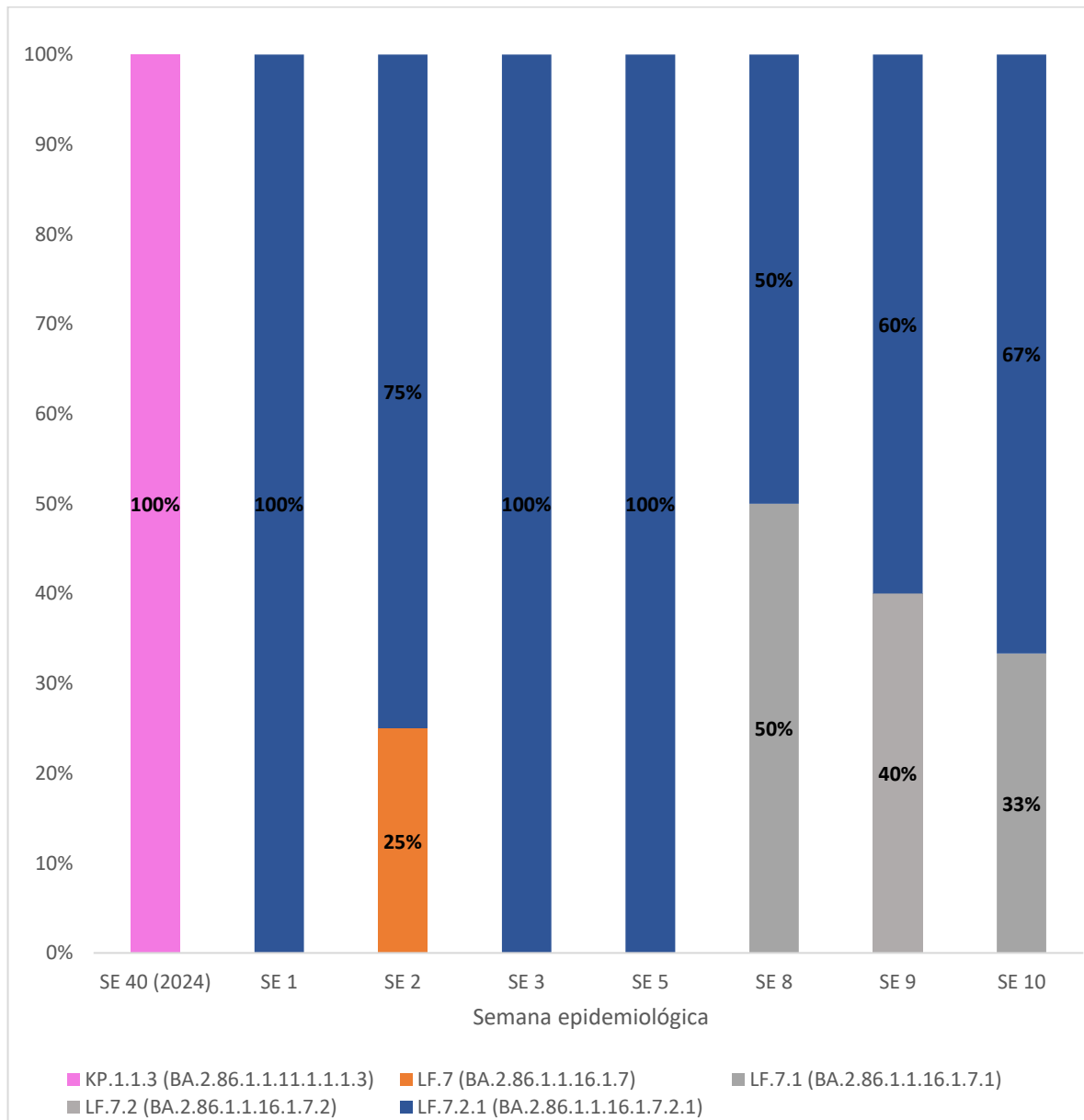
Imagen 3. Distribución de casos VOC detectados por departamento, del 05 de octubre del 2024 al 14 de marzo del 2025



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

En la Gráfica 7 se observa el comportamiento de los diferentes sub linajes de las semanas epidemiológicas 40 del año 2024 y de las semanas 1 a la 10 del año 2025. Se observa la introducción del sub linaje LF.7.2.1 y LF.7 en las semanas epidemiológicas 1 y 2 respectivamente.

Gráfica 7. Proporción de casos VOC de muestras secuenciadas localmente, de las semanas epidemiológicas 40 del año 2024 y de la 1 a la 10 del año 2025



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