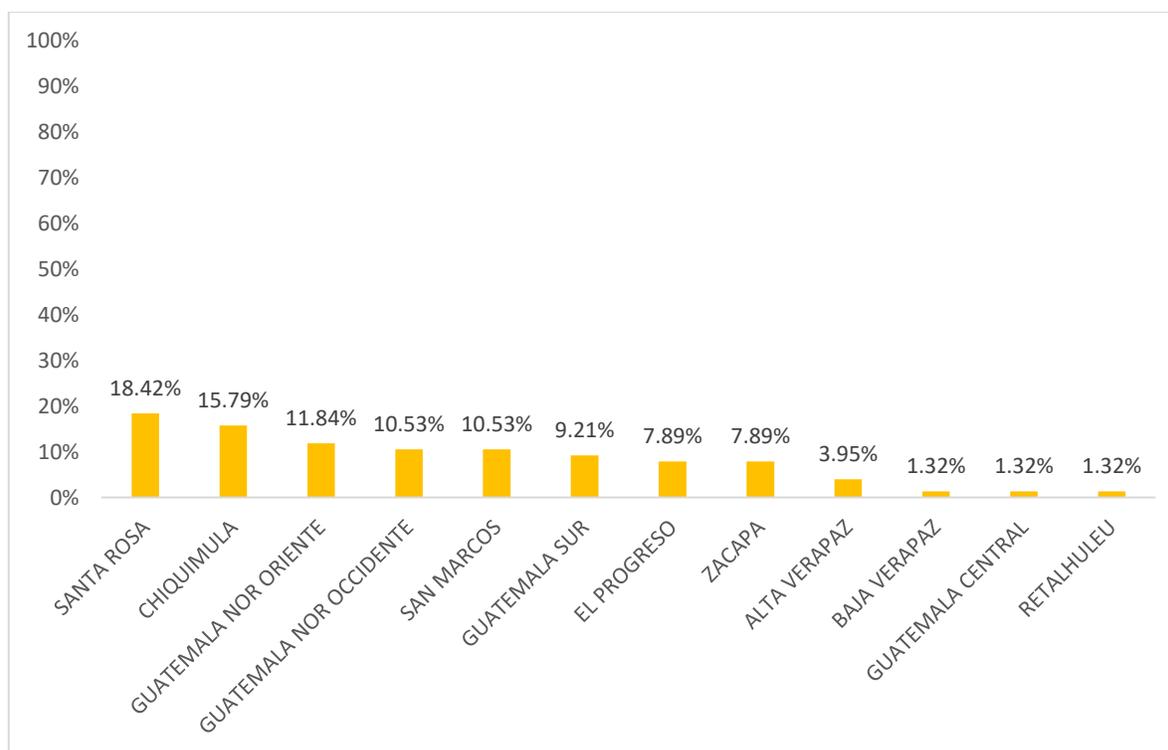


INFORME VES-COVID-56-05-2025

Este informe corresponde a la detección de variantes de interés y en monitoreo (VOI y VUM, respectivamente, por sus siglas en inglés) de muestras que ingresan a la Dirección del Laboratorio Nacional de Salud (DLNS) para la detección y secuenciación del genoma de SARS-CoV-2. Actualmente, ninguna variante de SARS-CoV-2 cumple con los criterios para ser considerada variante de preocupación (VOC).

La Gráfica 1 corresponde al ingreso a la DLNS de **76** muestras del 15 de marzo al 08 de mayo del 2025 para el proceso de secuenciación provenientes de las diferentes Direcciones Departamentales de Redes Integradas de Servicios de Salud (DDRIS).

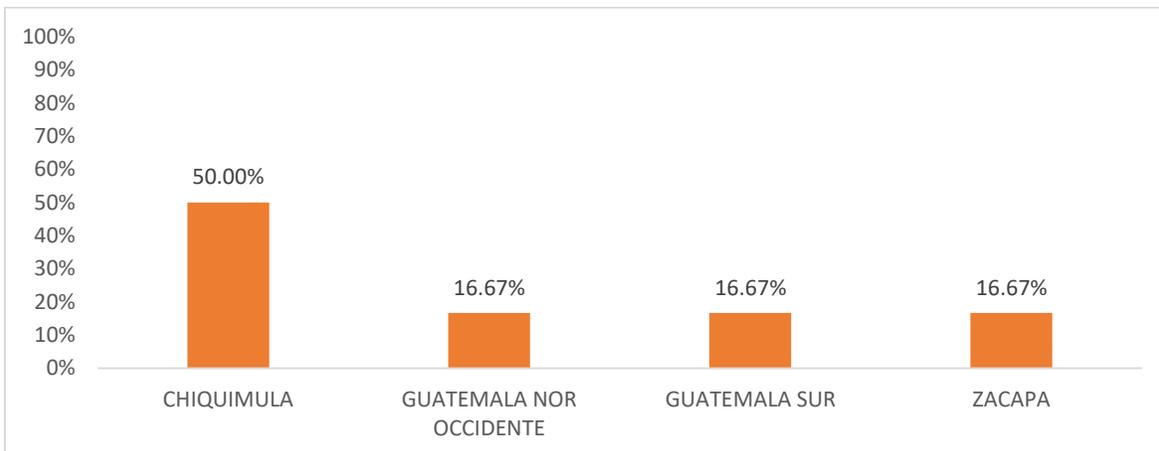
Gráfica 1. Porcentaje de muestras ingresadas a la DLNS para el proceso de secuenciación, por DDRIS, del 15 de marzo al 08 de mayo del 2025 (n=76).



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

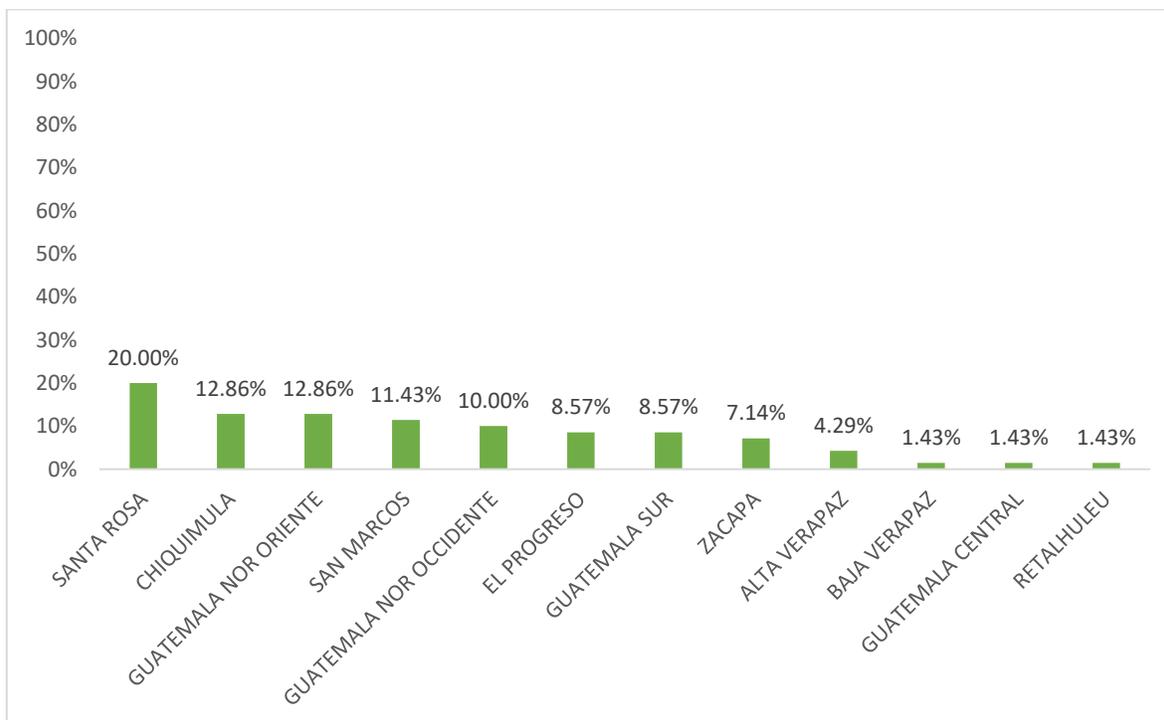
En la Gráfica 2 se observa que 06 muestras se rechazaron para el proceso de secuenciación, provenientes de distintas DDRIS. Finalmente, se seleccionaron **70** muestras ingresadas que cumplieran los criterios de inclusión para el proceso de secuenciación (ver Gráfica 3), de las cuales se obtuvo la secuencia genómica efectiva de **69** muestras.

Gráfica 2. Porcentaje de muestras rechazadas para el proceso de secuenciación, por DDRISS, del 15 de marzo al 08 de mayo del 2025 (n=6).



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

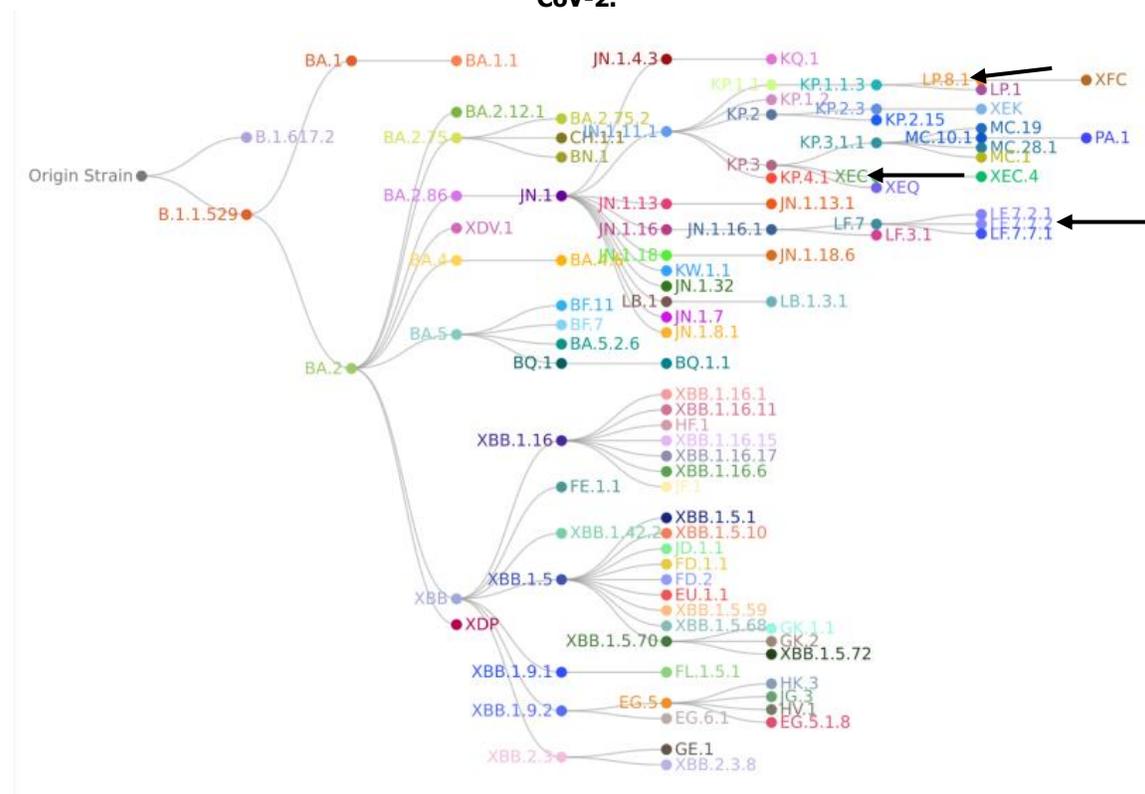
Gráfica 3. Porcentaje de muestras secuenciadas localmente, por DDRISS, del 15 de marzo al 08 de mayo del 2025 (n=70).



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

En este proceso de secuenciación se detectaron por primera vez los sublinajes **LP.8.1** (BA.2.86.1.1.11.1.1.1.3.8.1), **LP.8.1.2** (BA.2.86.1.1.11.1.1.1.3.8.1.2), **LF.7.6** (BA.2.86.1.1.16.1.7.6), **LF.7.9** (BA.2.86.1.1.16.1.7.9), **MC.30.1.1** (BA.2.86.1.1.11.1.3.1.1.30.1.1) y la recombinante **XEC**. Las variantes LP.8.1 y XEC, son dos de las seis variantes bajo vigilancia (VUM, por sus siglas en inglés), según la Organización Mundial de la Salud (OMS) y los Centros para el Control y la Prevención de Enfermedades Europeo (ECDC, por sus siglas en inglés).

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.

Según los Centros para el Control y la Prevención de Enfermedades (CDC, por sus siglas en inglés), se estima que en Estados Unidos para la semana epidemiológica 12, los linajes LP.8.1 y XEC representaron el 47% y 22% respectivamente, siendo los linajes de mayor circulación. Sin embargo, estas variantes no presentan ningún cambio en la presentación clínica de la enfermedad.

A medida que las variantes del linaje JN.1 se continúan diversificando, el número de sustituciones de aminoácidos de la glicoproteína *Spike* (Figura 2) se han incrementado más en variantes durante el año 2025 (ej., LP.8 y LF.7), comparado con las variantes del año 2024 (ej., KP.2 y KP.3). Muchas de estas sustituciones ocurren en las regiones NTD y RBD que pueden influir en la reducción de la neutralización del virus.

XEC

XEC es una variante recombinante de KS.1.1 (JN.13.1.1.1) y KP.3.3 (JN.1.11.1.3.3), la cual se identificó por primera vez en Alemania el 7 de agosto de 2024. XEC adquirió dos sustituciones S, S:T22N y S:F59S y cambios notables como Q493E y L455S. Estas mutaciones pueden conferir propiedades inmunogénicas únicas, aunque el potencial general de escape inmunitario de XEC se ve limitado por la ausencia de nuevas mutaciones en epítopos conservados. XEC también muestra una limitada distribución geográfica, lo cual le infiere un potencial evolutivo limitado o de bajo impacto epidemiológico.

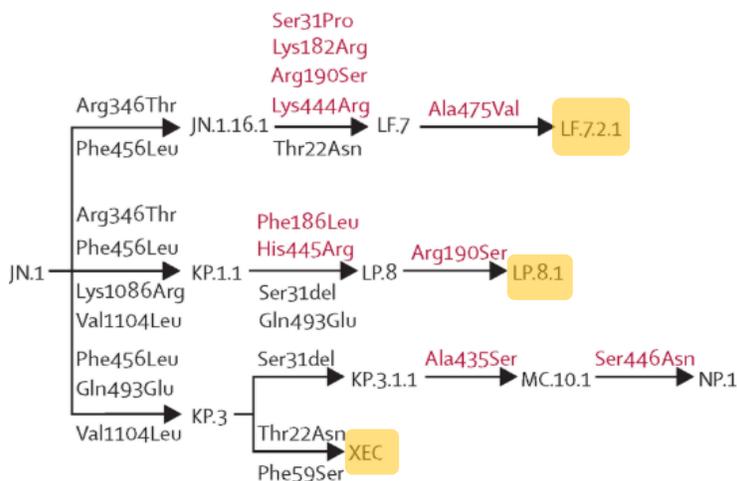
LP.8.1

LP.8.1 es una variante de SARS-CoV-2 derivada de KP.1.1, con la primera muestra recolectada el 1 de julio de 2024. En comparación con las variantes más recientes y dominantes de SARS-CoV-2, LP.8.1 presenta las siguientes mutaciones adicionales en la proteína Spike: S31- (distinta solo de XEC), F186L, R190S, R346T, V445R y K1086R. La mutación V445R ha demostrado aumentar la afinidad de unión al receptor hACE2, lo que podría incrementar la transmisibilidad de la variante, y subrayan la importancia de monitorear LP.8.1. Según las estimaciones del modelo del Departamento de Salud Pública de California (CDPH, por sus siglas en inglés), LP.8.1 se proyecta como la variante con la proporción más alta y de crecimiento más rápido.

MC.30.1.1

Al día de hoy no se cuenta con información específica sobre esta variante. Se ha documentado la existencia de otras variantes relacionadas con la denominación MC, descendientes de KP.3.1.1.

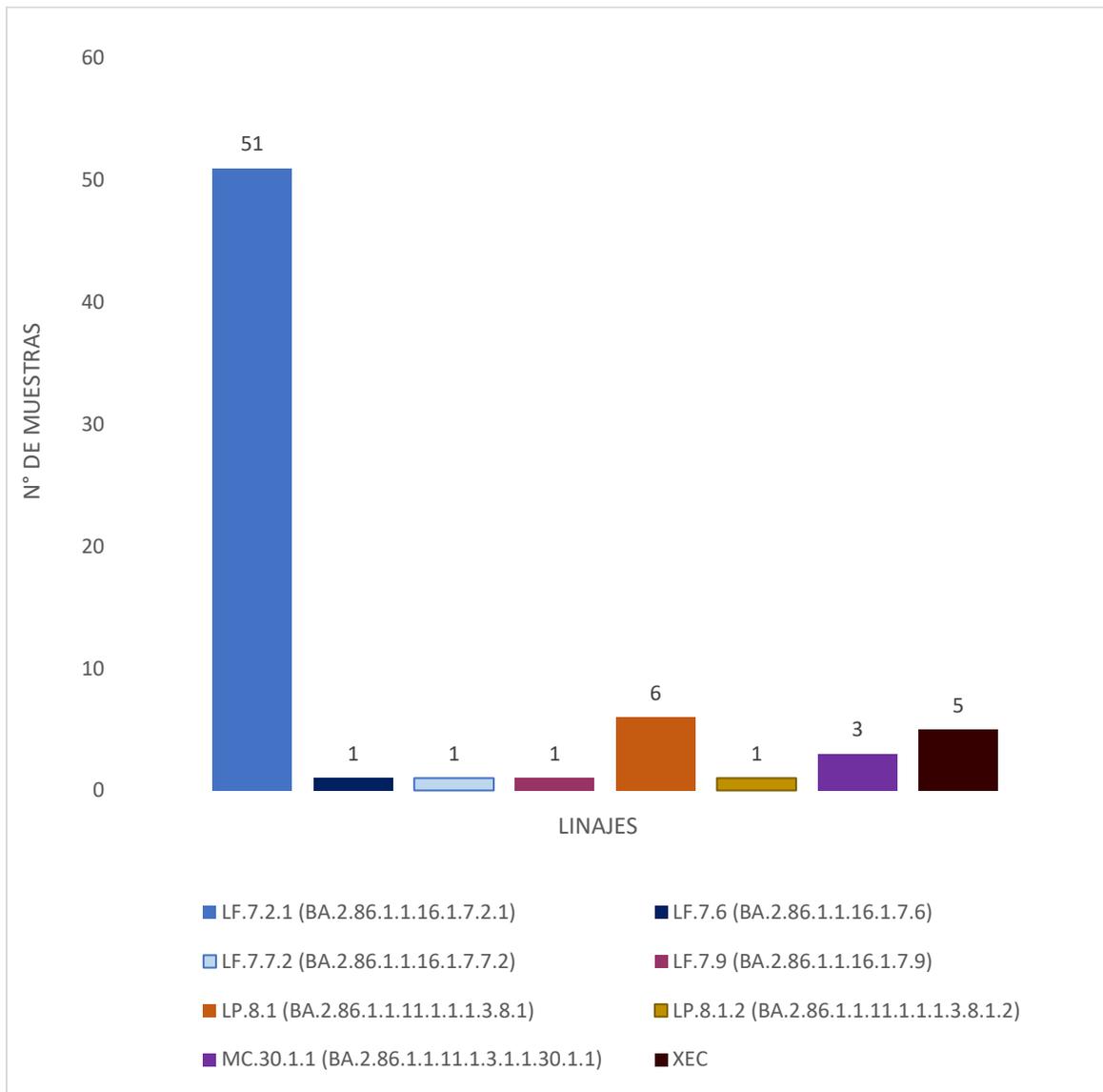
Imagen 2. Evolución de la glicoproteína *Spike* de las variantes prevalentes de SARS-CoV-2.



(Jingyi *et al.*, 2025)

De las muestras que se obtuvo una secuencia genómica efectiva y la asignación de linaje, el 92.75% corresponde a la variante Ómicron y el 7.25% corresponden a la variante recombinante XEC. Como se observa en la Gráfica 4, el sublinaje predominante en circulación es LF.7.2.1 (n=51; 73.91%), seguido de LP.8.1 (n=6; 8.70%), XEC (n=5; 7.25%) y, por último, MC.30.1.1 (n=3; 4.35%). Los linajes restantes representan cada uno el 1.45% del total de secuencias obtenidas.

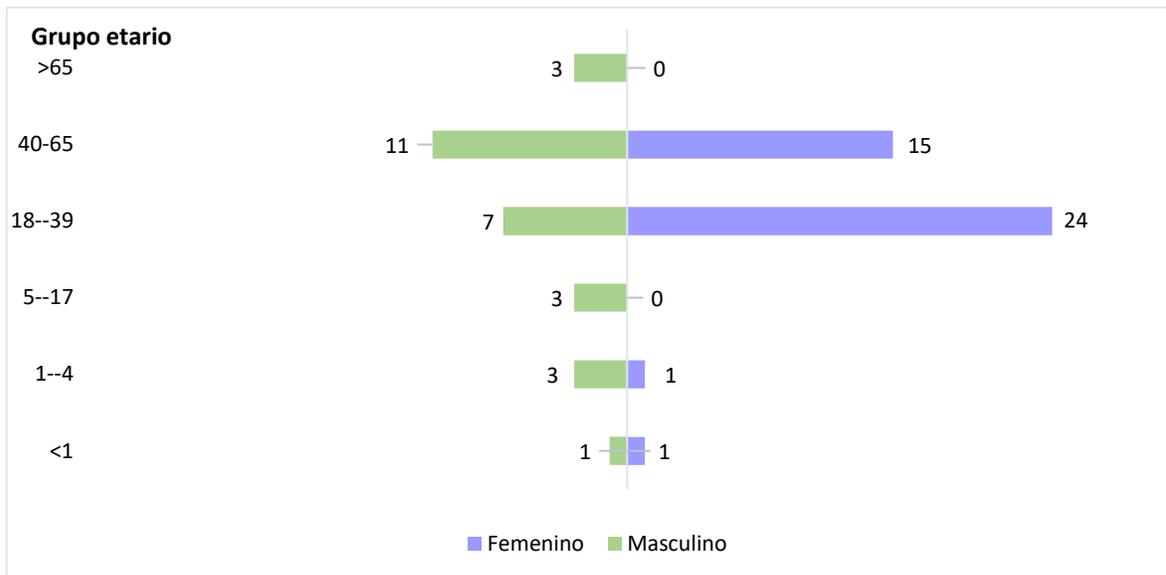
Gráfica 4. Linajes de las variantes detectadas en el proceso de secuenciación local, del 15 de marzo al 08 de mayo del 2025 (n=69).



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

De las muestras con una secuencia genómica efectiva, se evaluaron los casos según grupo etario y sexo (Gráfica 5). La mayoría de secuencias corresponde al grupo etario entre los 18 a 39 años con un total de 31 casos (femenino=24, masculino=7), seguido del grupo entre 40 a 65 años con un total de 26 casos (femenino=15, masculino=11). Los demás grupos se encuentran en menor proporción.

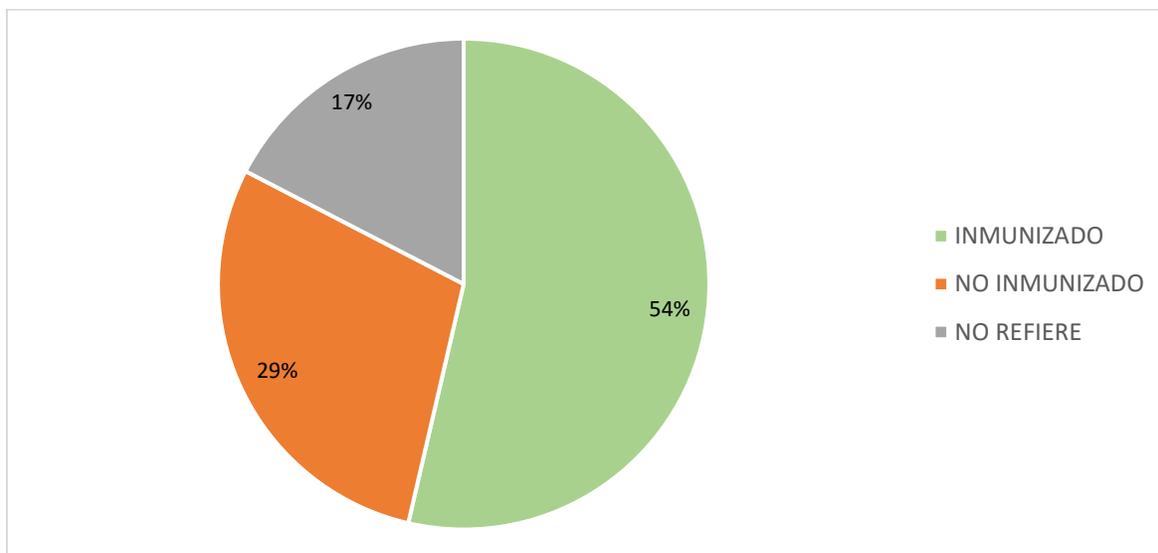
Gráfica 5. Casos por grupo etario y sexo de muestras con secuencia genómica efectiva, del 15 de marzo al 08 de mayo del 2025 (n=69).



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

De los casos de los cuales se obtuvo una secuencia genómica efectiva, la mayoría (54%) refirió antecedentes de vacunación, según datos recolectados de las fichas epidemiológicas (Gráfica 6).

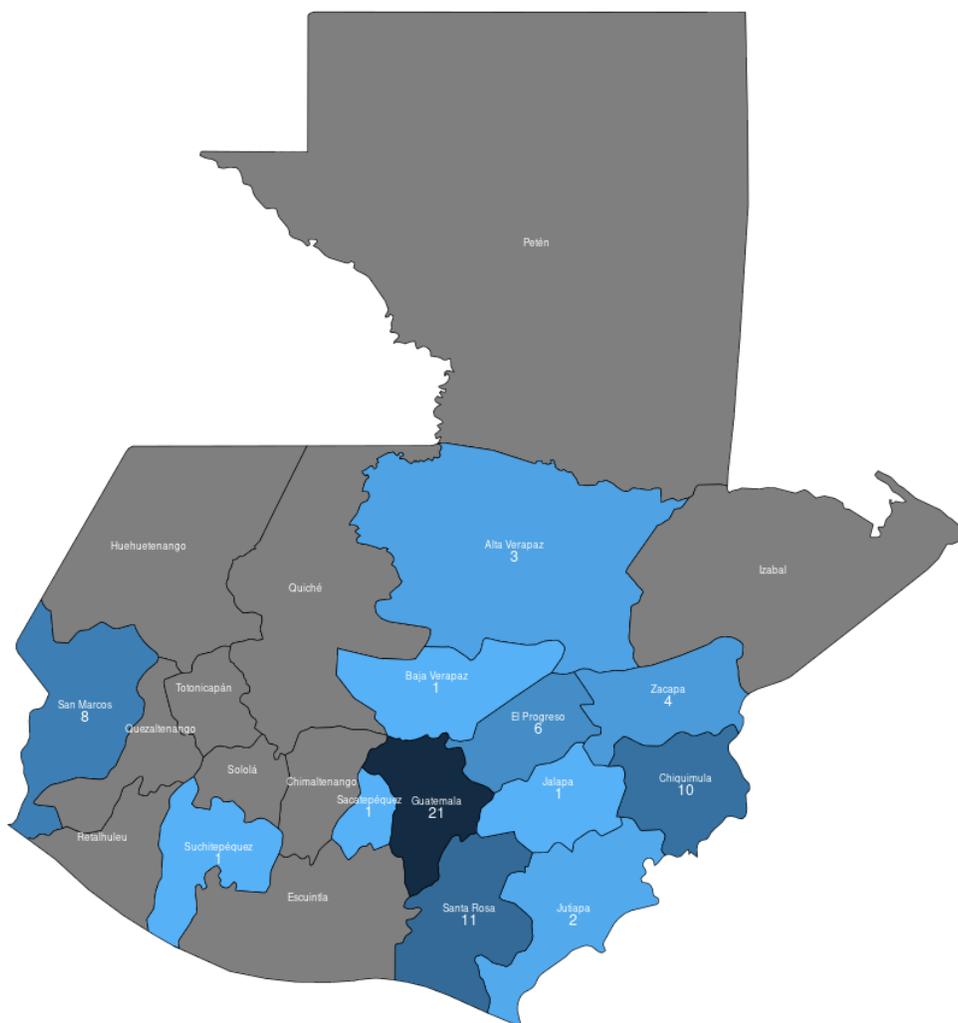
Gráfica 6. Porcentaje de casos inmunizados de muestras con secuencia genómica efectiva, del 15 de marzo al 08 de mayo del 2025 (n=69).



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 encontró en el departamento de Guatemala (n=21), seguido de Santa Rosa (n=11), Chiquimula (n=10), San Marcos (n=8), El Progreso (n=6), Zacapa (n=4), Alta Verapaz (n=3), Jutiapa (n=2) y los demás departamentos (Baja Verapaz, Jalapa, Sacatepéquez y Suchitepéquez) presentan un caso cada uno.

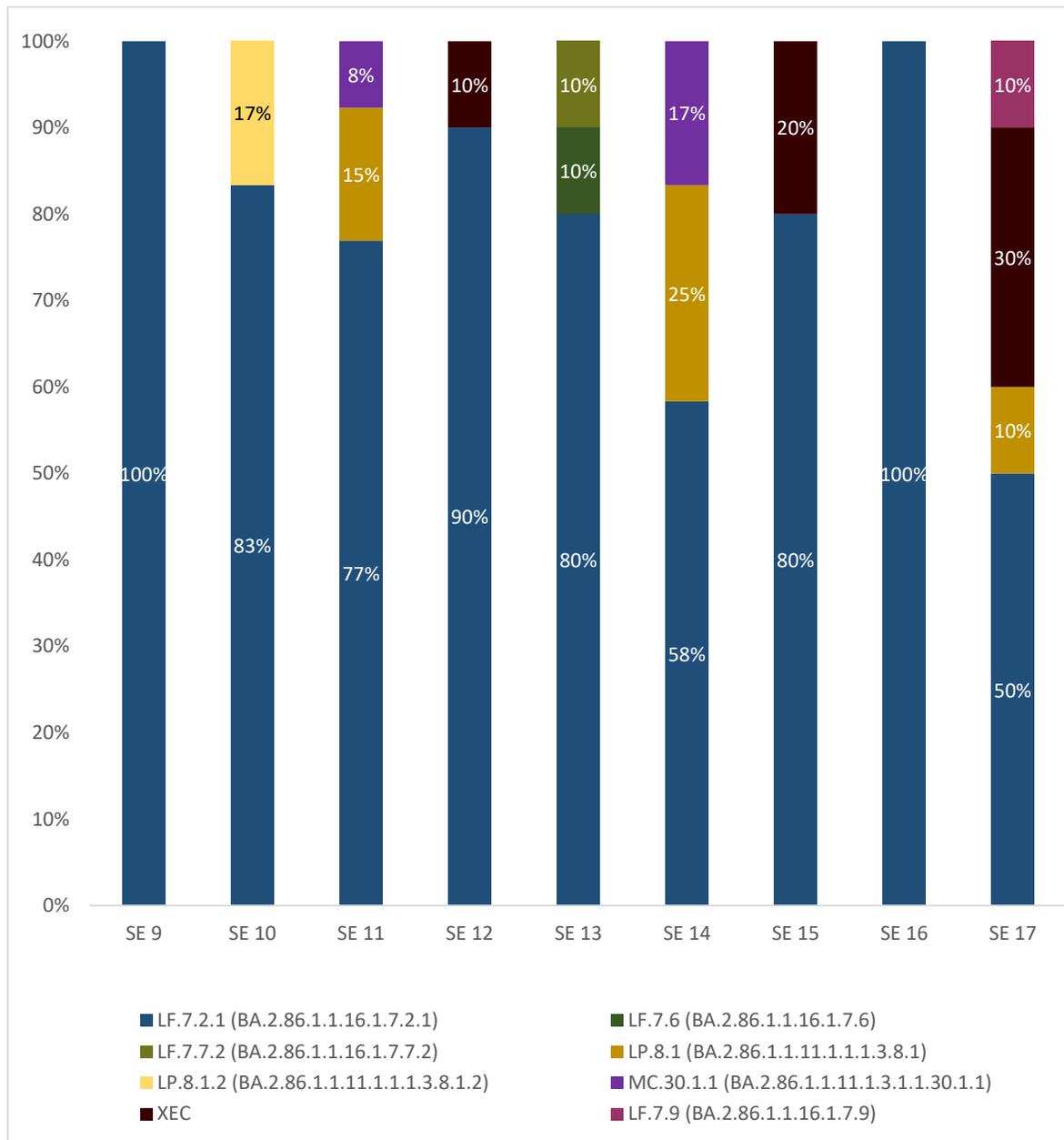
Imagen 3. Distribución de casos VOC detectados por departamento, del 15 de marzo al 08 de mayo del 2025 (n=69).



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

En la Gráfica 7 se observa el comportamiento de los distintos sublinajes de las semanas epidemiológicas (SE) 9 a la 17 del año 2025. Se observa la introducción del sublinaje LP.8.1.2 en la SE 10, los sublinajes LP.8.1 y MC.30.1.1 en la SE 11, la variante recombinante XEC en la SE 13 y LF.7.9 en la SE 17.

Gráfica 7. Proporción de casos VOC de muestras secuenciadas localmente, de las semanas epidemiológicas (SE) 9 a la 17 del 2025 (n=69).



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