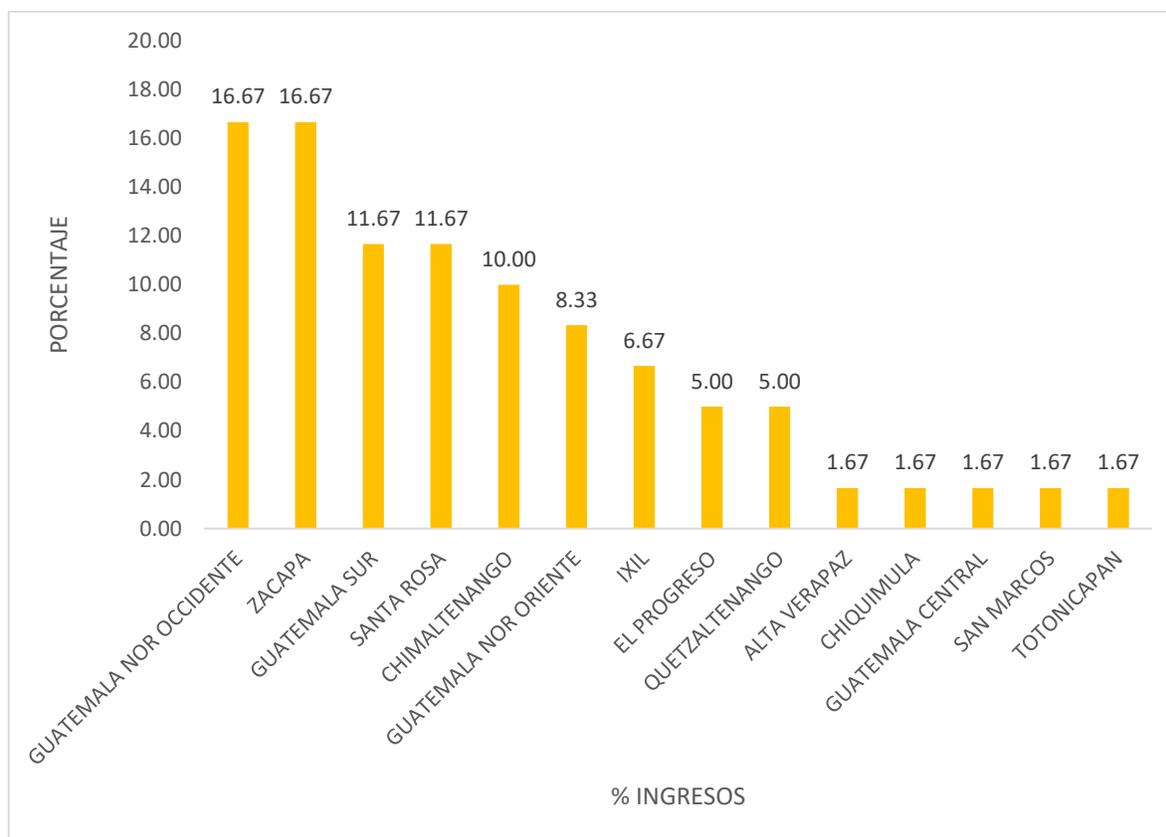


## INFORME VES-COVID-57-07-2025

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.

La Gráfica 1 corresponde al ingreso a la DLNS de **60** muestras del 09 de mayo al 18 de julio del 2025 para el proceso de secuenciación provenientes de las diferentes Direcciones Departamentales de Redes Integradas de Servicios de Salud (DDRIS).

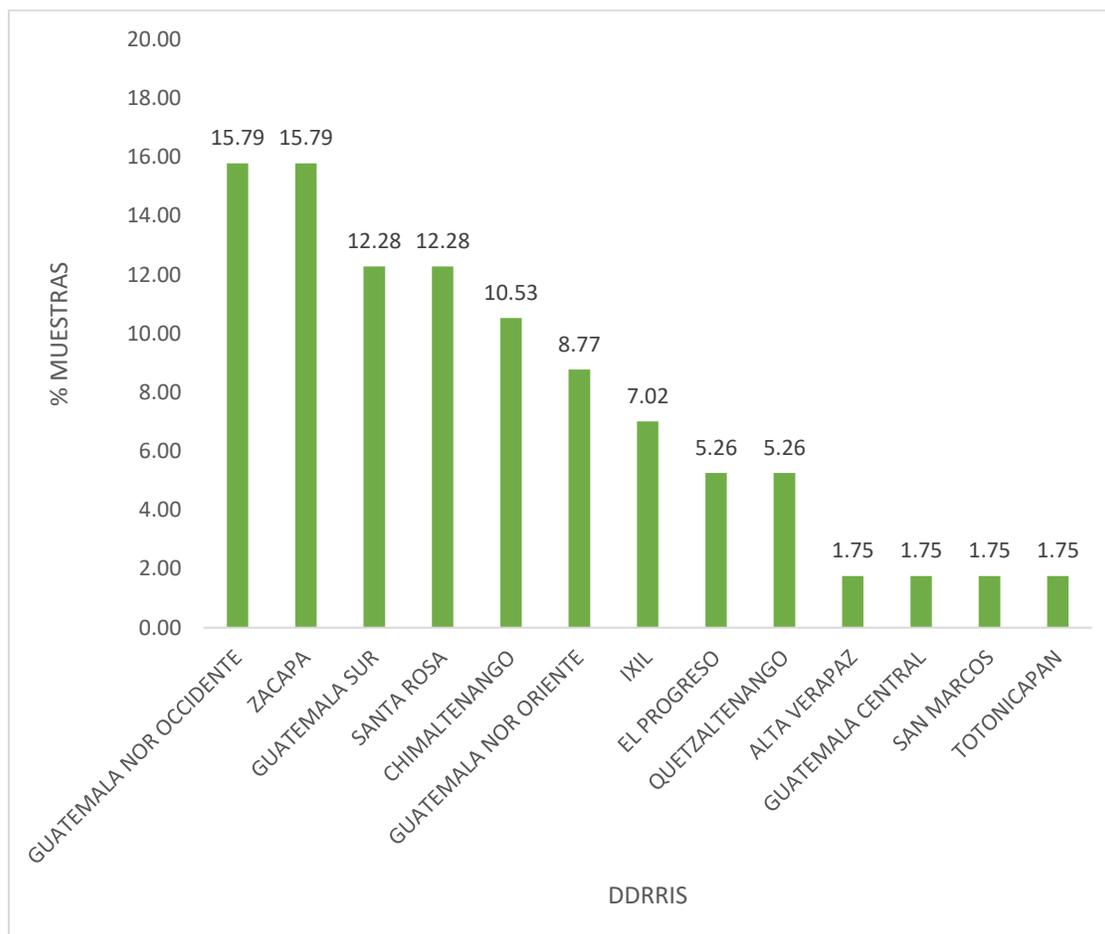
**Gráfica 1. Porcentaje de muestras ingresadas a la DLNS para el proceso de secuenciación, por DDRIS, del 09 de mayo al 18 de julio del 2025 (n=60).**



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

Se seleccionaron **59** muestras que cumplieran los criterios de inclusión para el proceso de secuenciación (ver Gráfica 2), de las cuales se obtuvo la secuencia genómica efectiva de **57** muestras.

**Gráfica 2. Porcentaje de muestras secuenciadas localmente, por DDRIS, del 09 de mayo al 18 de julio del 2025 (n=57).**



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

En este proceso de secuenciación se detectaron por primera vez los sublinajes **XFG**, **XFC.1.1.1**, **NY6** (BA.2.86.1.1.11.1.1.1.3.8.1.1.6), **NY15** (BA.2.86.1.1.11.1.1.1.3.8.1.1.15), **PY.5** (BA.2.86.1.1.16.1.7.9.1.5), **LP.10** (BA.2.86.1.1.11.1.1.1.3.10) y **LF.7.9** (BA.2.86.1.1.16.1.7.9). La subvariante XFG.2 desciende del linaje XFG, el cual emergió en enero de 2025 y fue designado por la Organización Mundial de la Salud (OMS) como variante bajo monitoreo (VUM) el 25 de junio de este mismo año. Las variantes BA.2.86 siguen siendo Variantes de Interés según la OMS y los Centros para el Control y la Prevención de Enfermedades Europeo (ECDC, por sus siglas en inglés).

## XFG

XFG es una variante recombinante, resultado del intercambio de material genético entre los linajes LF.7 y LP.8.1.2, lo que dio origen a una nueva subvariante con características genéticas combinadas (ver Imagen 1).

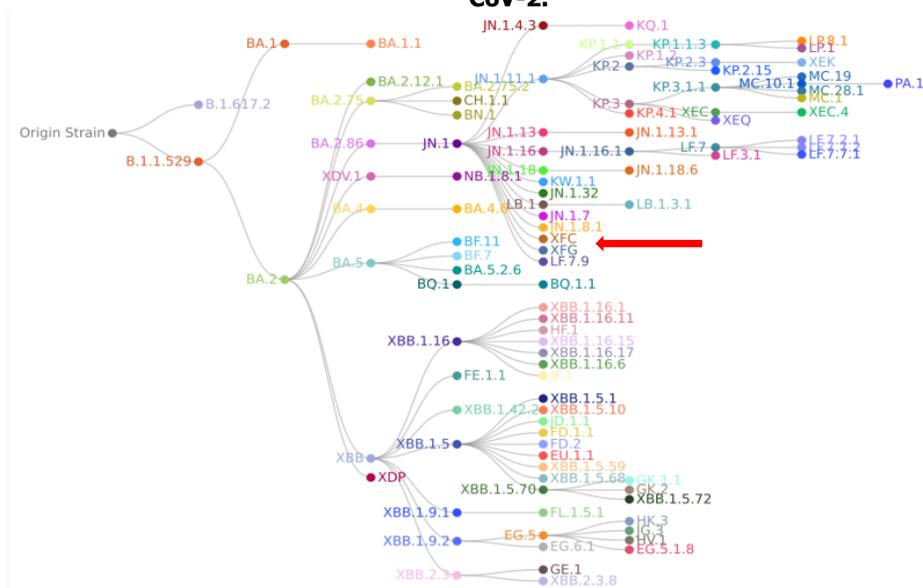
Hasta el 22 de junio de 2025, la variante XFG representaba el 22.7% de las secuencias globales de SARS-CoV-2 reportadas en GISAID, con un marcado aumento respecto al 7.4% registrado cuatro semanas antes. Su proporción creció en todas las regiones de la OMS que comparten datos de forma constante, especialmente en América (del 7.8% al 26.5%) y el Sudeste Asiático (del 17.3% al 68.7%).

Según la OMS, XFG muestra una ligera mayor evasión inmune que LP.8.1. Aunque aumentaron casos y hospitalizaciones en algunos países del Sudeste Asiático, no hay evidencia de que cause una enfermedad más grave que otras variantes actuales. Por ahora, no representa un riesgo público adicional significativo.

## XFC

La variante XFC.1.1.1 es una subvariante de XFC.1, derivada del linaje recombinante XFC, el cual surgió a partir de una recombinación entre los linajes LF.7 y LP.8.1.1. Para mayo de 2025, esta variante mostró un incremento en su proporción dentro de los casos reportados en Estados Unidos.

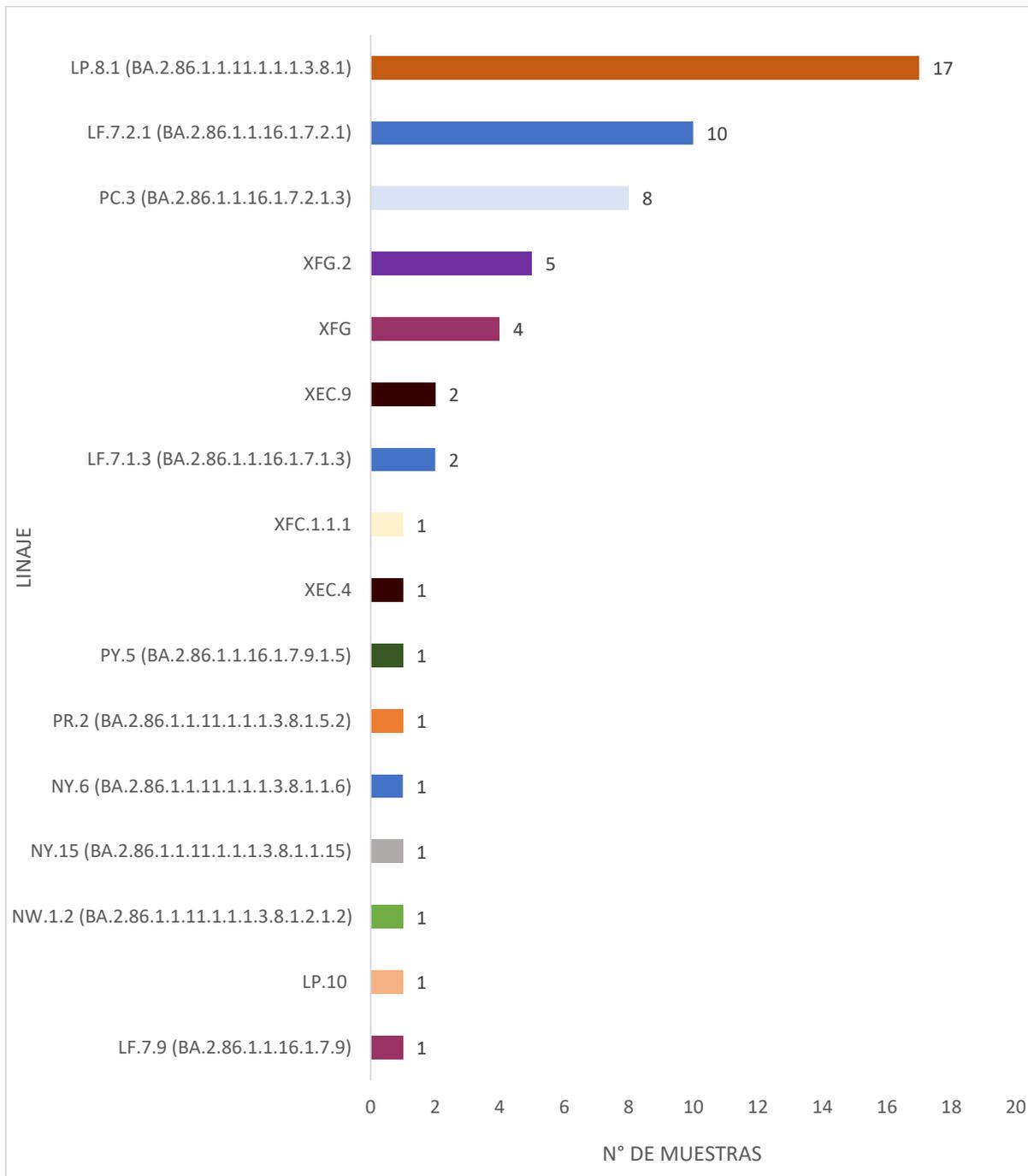
**Imagen 1. Evolución y aparición de los nuevos linajes según la clasificación de Pango de SARS-CoV-2.**



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

De las muestras que se obtuvo una secuencia genómica efectiva y la asignación de linaje, el 100% corresponde a la variante Ómicron. Como se observa en la Gráfica 3, el sublinaje predominante en circulación es LP.8.1 (n=17; 29.82%), seguido de LF.7.2.1 (n=10; 17.54%), y PC.3 (n=8; 14.03%), XFG.2 (n=5; 8.77%), XFG (n=4; 7.02%), LF.7.1.3 (n=2; 3.51%) y, por último, XEC.9 (n=2; 3.51%). Los linajes restantes representan cada uno el 1.75% del total de secuencias obtenidas.

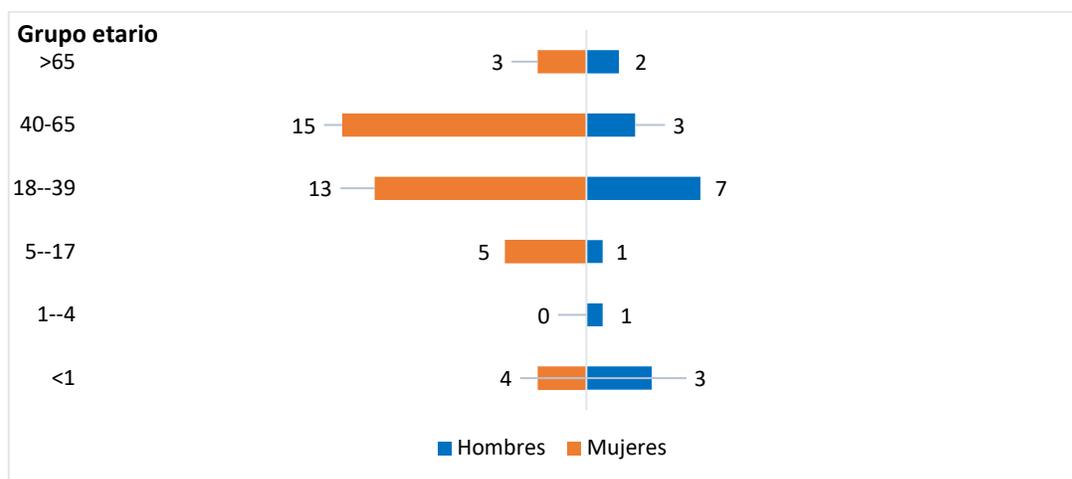
**Gráfica 3. Linajes de las variantes detectadas en el proceso de secuenciación local, del 09 de mayo al 18 de julio del 2025 (n=57).**



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

De las muestras con secuencias genómicas efectivas, se evaluaron los casos según grupo etario y sexo (Gráfica 4). La mayoría de secuencias corresponde al grupo etario entre los 18 a 39 años con un total de 20 casos, seguido del grupo entre 40 a 65 años con un total de 18 casos.

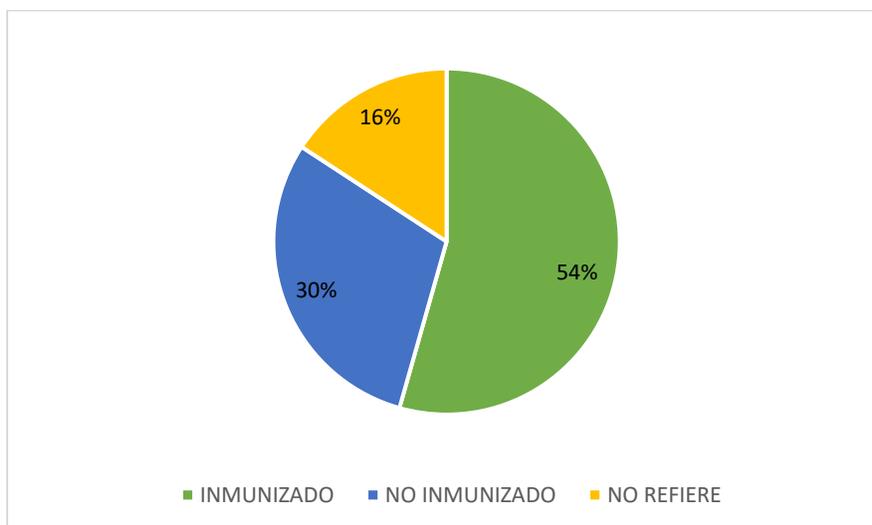
**Gráfica 4. Casos por grupo etario y sexo de muestras con secuencia genómica efectiva, del 09 de mayo al 18 de julio del 2025 (n=57).**



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

De los casos en los cuales se obtuvo una secuencia genómica efectiva, la mayoría refirió antecedentes de vacunación, según datos recolectados de las fichas epidemiológicas (ver Gráfica 5).

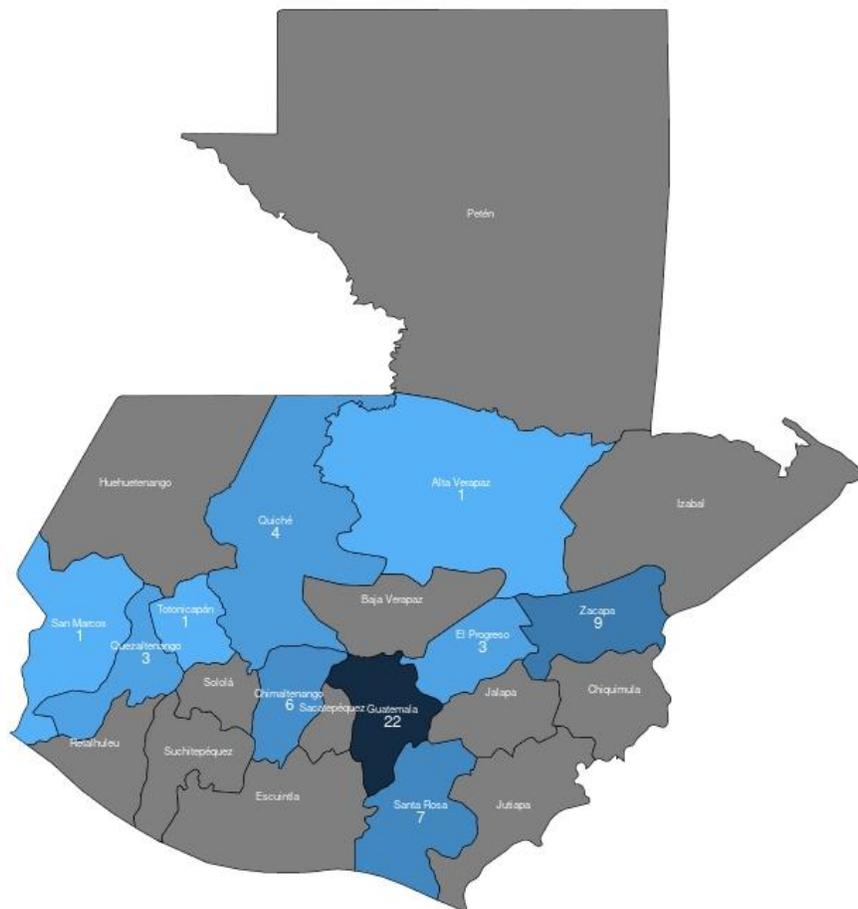
**Gráfica 5. Porcentaje de casos inmunizados de muestras con secuencia genómica efectiva, del 09 de mayo al 18 de julio del 2025 (n=57).**



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

A continuación, en la Imagen 2 se presentan los casos detectados con secuencias genómicas efectivas distribuidos por departamento. El mayor número de casos se encontró en el departamento de Guatemala (n=22), seguido de Zacapa (n=09) y Santa Rosa (n=07).

**Imagen 2. Distribución de casos VOC detectados por departamento, del 09 de mayo al 18 de julio del 2025 (n=57).**

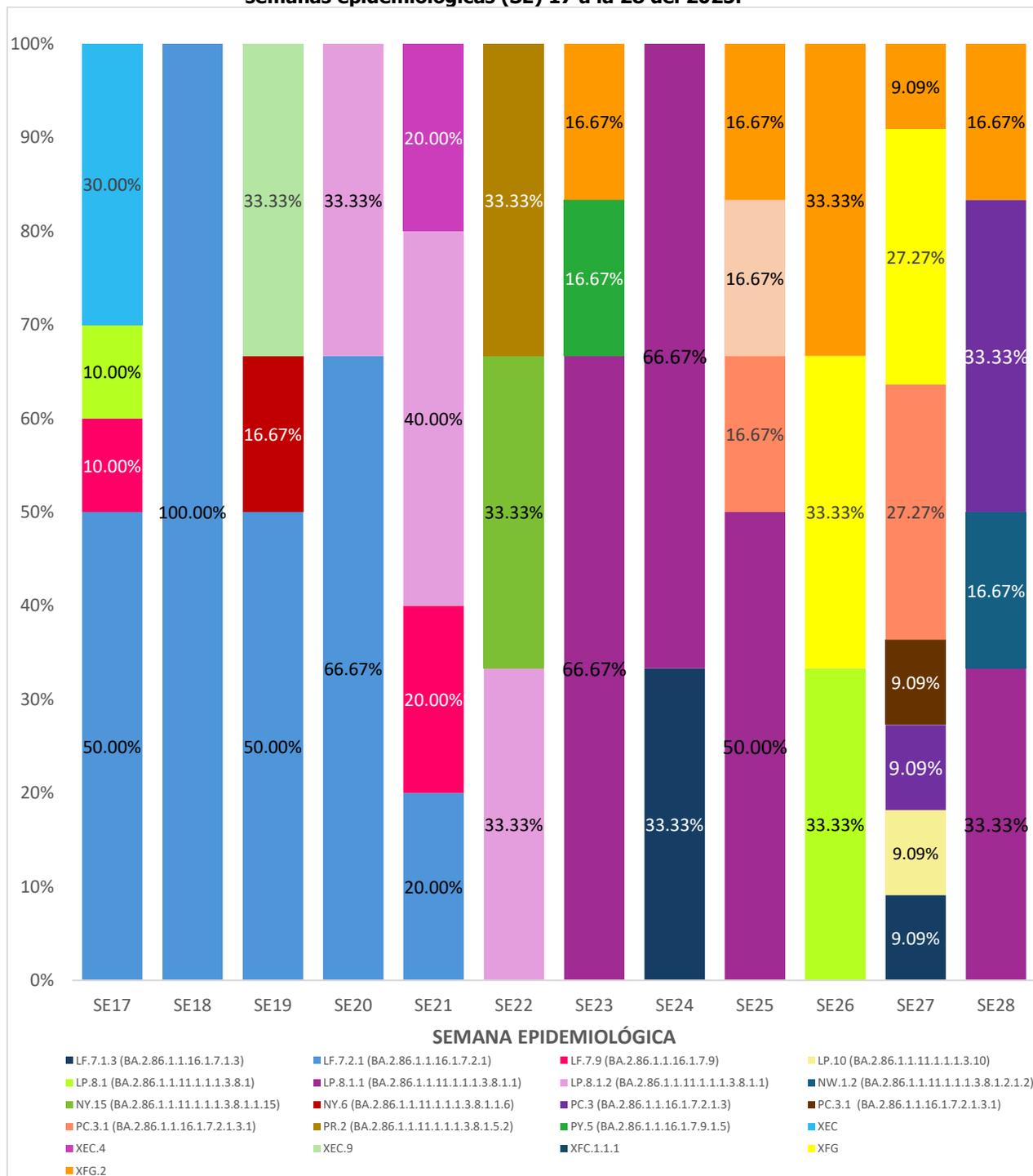


Fuente: Dirección del Laboratorio Nacional de Salud -DLNS-.

En la Gráfica 6 se observa el comportamiento de los distintos sublinajes de las semanas epidemiológicas (SE) 17 a la 24 del año 2025. Se observa la introducción del linaje recombinante XEC en la SE 17, la recombinante XEC.9 en la SE 19, y la recombinante XEC.4 en la SE 21. También se observa la introducción del linaje XFG.2 desde la SE 23.



**Gráfica 6. Proporción de casos VOC de muestras secuenciadas localmente, de las semanas epidemiológicas (SE) 17 a la 28 del 2025.**



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