

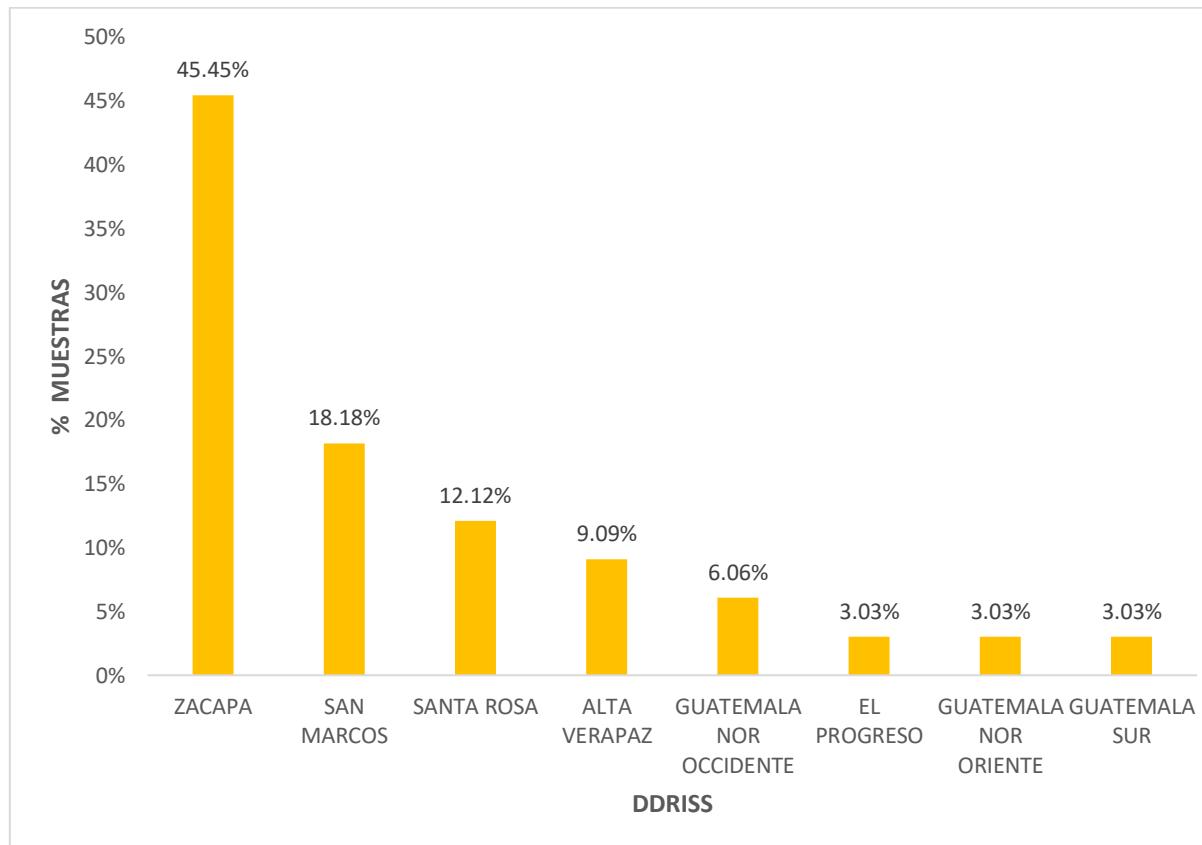


INFORME VES-COVID-59-12-2025

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 **33** muestras del 27 de septiembre al 26 de noviembre del 2025 para el proceso de secuenciación provenientes de las diferentes Direcciones Departamentales de Redes Integradas de Servicios de Salud (DDRISS).

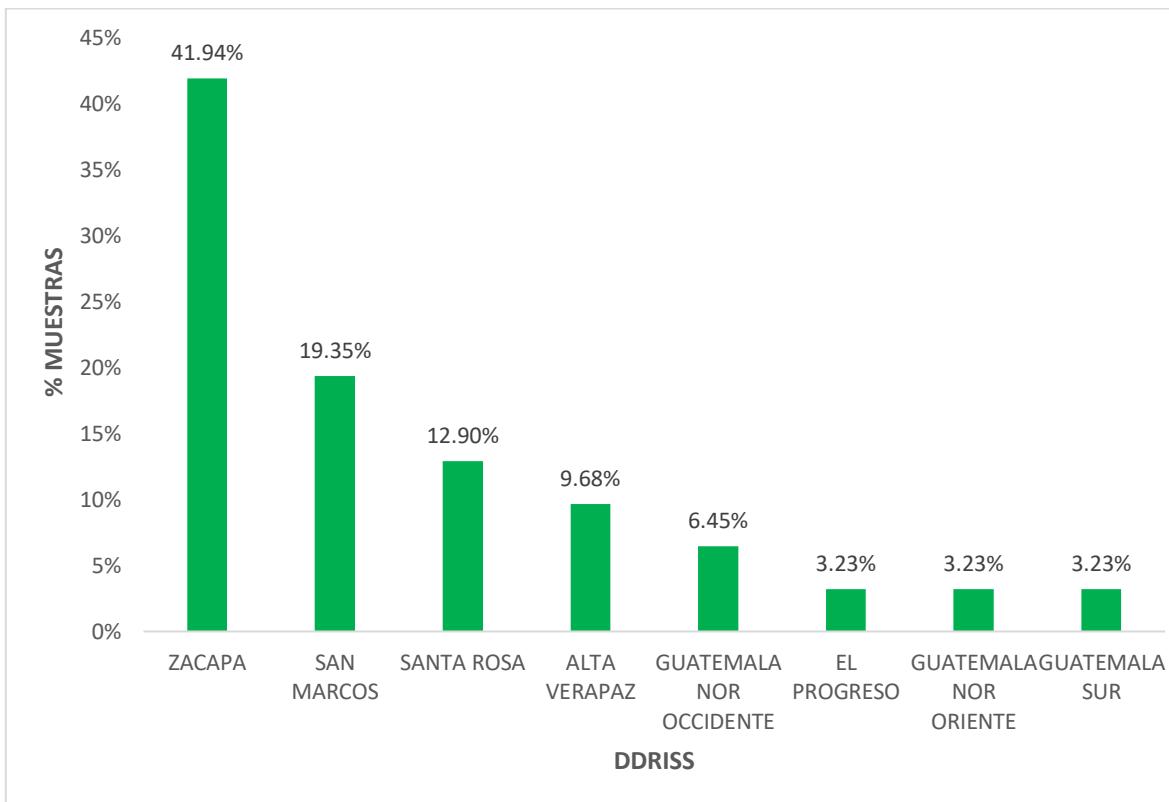
Gráfica 1. Porcentaje de muestras ingresadas a la DLNS para el proceso de secuenciación, por DDISS, del 27 de septiembre al 26 de noviembre del 2025 (n=33).



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

Se seleccionaron **31** 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 **28** muestras.

Gráfica 2. Porcentaje de muestras secuenciadas localmente, por DDRISS, del 27 de septiembre al 26 de noviembre del 2025 (n=31).



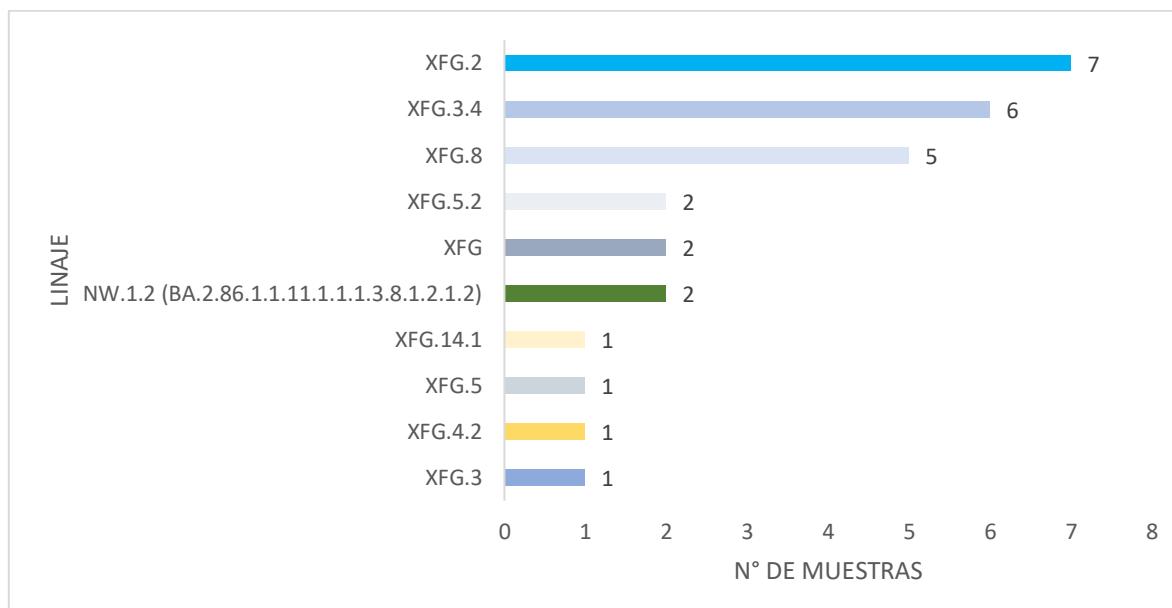
Fuente: Dirección del Laboratorio Nacional de Salud –DLNS-.

De las muestras con secuenciación genómica efectiva y asignación de linaje, el 100 % correspondió a la variante Ómicron. Del total analizado, el 92.85 % se clasificó como la variante recombinante XFG (n = 26) y el 7.15 % como la variante NW.1.2 (BA.2.86.1.1.11.1.1.1.3.8.1.2.1.2) (n = 2). Ambas variantes ya habían sido detectadas previamente en el país, confirmando su circulación sostenida en Guatemala durante el período de análisis.

Este comportamiento es concordante con los reportes internacionales, incluidos los de Estados Unidos, donde actualmente la variante XFG se ha consolidado como la variante dominante a nivel global.

La variante XFG corresponde a un recombinante de los linajes LF.7 y LP.8.1.2 y presenta cuatro mutaciones relevantes en la proteína de espiga (His445Arg, Asn487Asp, Gln493Glu y Thr572Ile). Estas mutaciones, en particular Asn487Asp y Gln493Glu, se han asociado con reducción en el reconocimiento por anticuerpos neutralizantes de clase 1 y clase 1/2, lo que sugiere un potencial aumento en la evasión inmune.

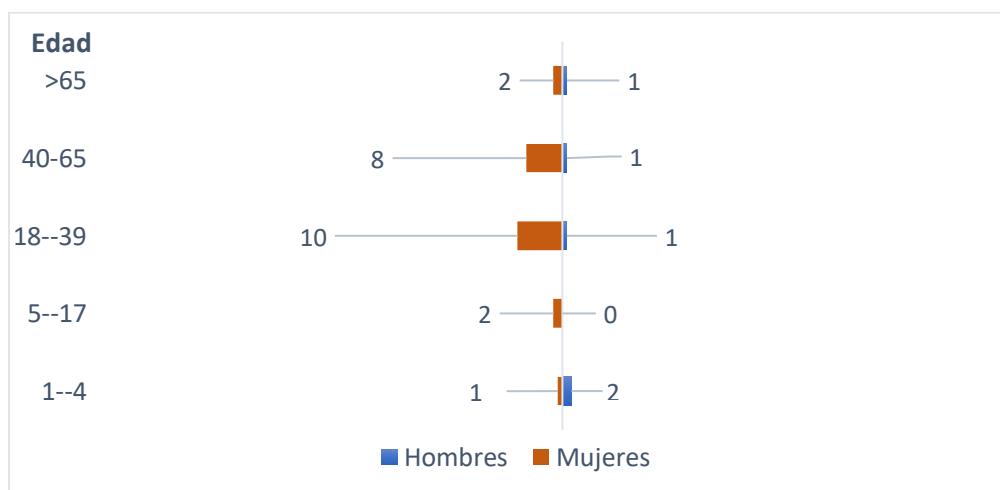
Gráfica 3. Linajes de las variantes detectadas en el proceso de secuenciación local, del 27 de septiembre al 26 de noviembre del 2025 (n=28).



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). El 39.28 % de las secuencias corresponde al grupo etario entre los 18 a 39 años con un total de 11 casos, de los cuales 10 casos son mujeres; seguido del grupo entre 40 a 65 años con un total de 9 casos.

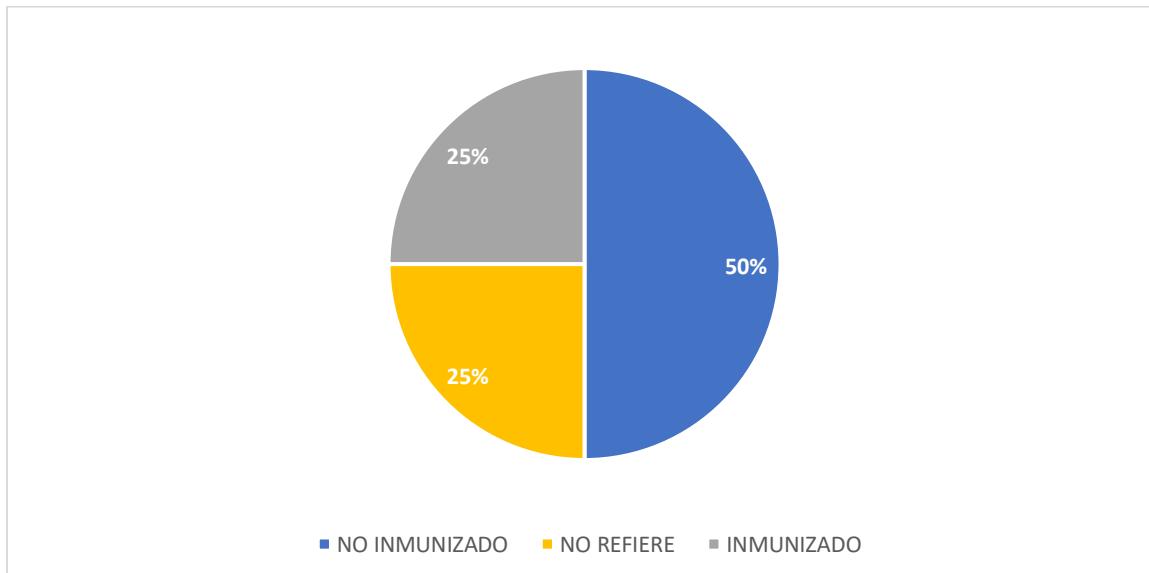
Gráfica 4. Casos por grupo etario y sexo de muestras con secuencia genómica efectiva, del 27 de septiembre al 26 de noviembre del 2025 (n=28).



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

De los casos en los cuales se obtuvo una secuencia genómica efectiva, solamente el 25% refirió antecedentes de vacunación, según datos recolectados de las fichas epidemiológicas (ver Gráfica 5).

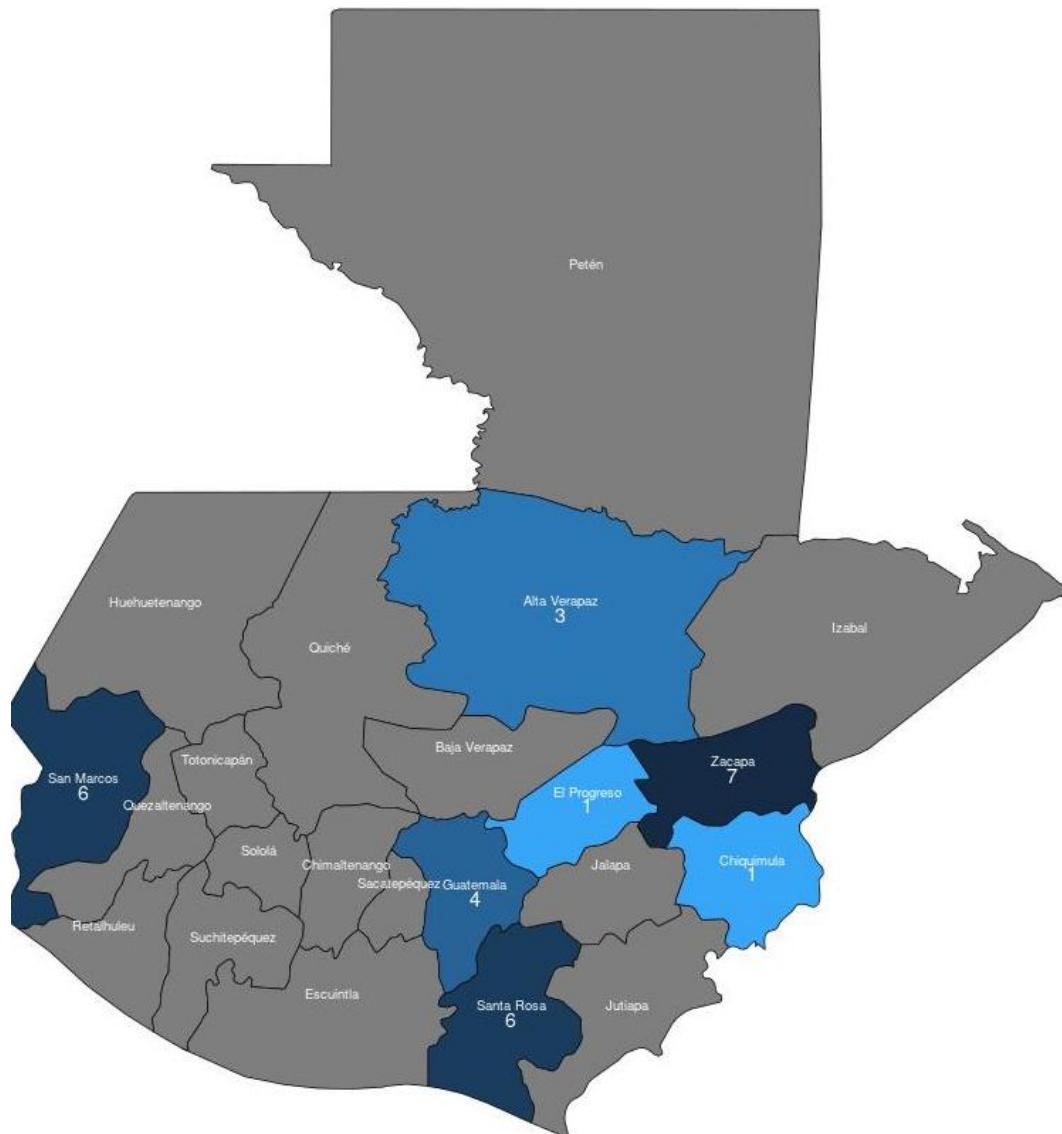
Gráfica 5. Porcentaje de casos inmunizados de muestras con secuencia genómica efectiva, del 27 de septiembre al 26 de noviembre del 2025 (n=28).



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 Zacapa (n=7), seguido de Santa Rosa (n=6) y San Marcos (n=6), y Guatemala (n=4).

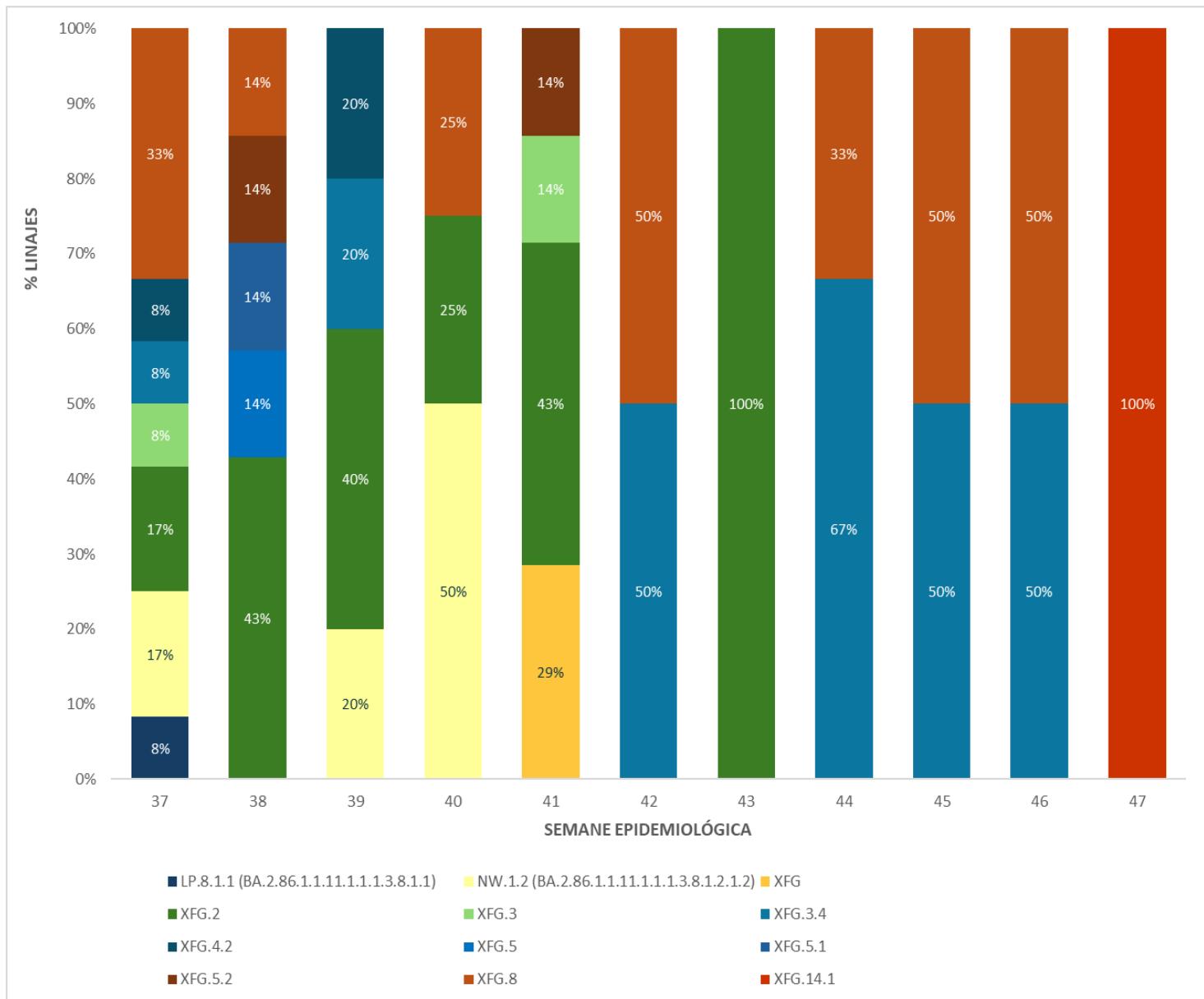
Imagen 2. Distribución de casos VOC detectados por departamento, del 27 septiembre al 26 de noviembre del 2025 (n=28).



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) 37 a la 47 del año 2025. Se observa la introducción de la variante XFG.5.2 en la semana epidemiológica 38 y la variante XFG.14.1 en la semana epidemiológica 14.

Gráfica 6. Proporción de casos VOC de muestras secuenciadas localmente, de las semanas epidemiológicas (SE) 37 a la 47 del 2025.



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