

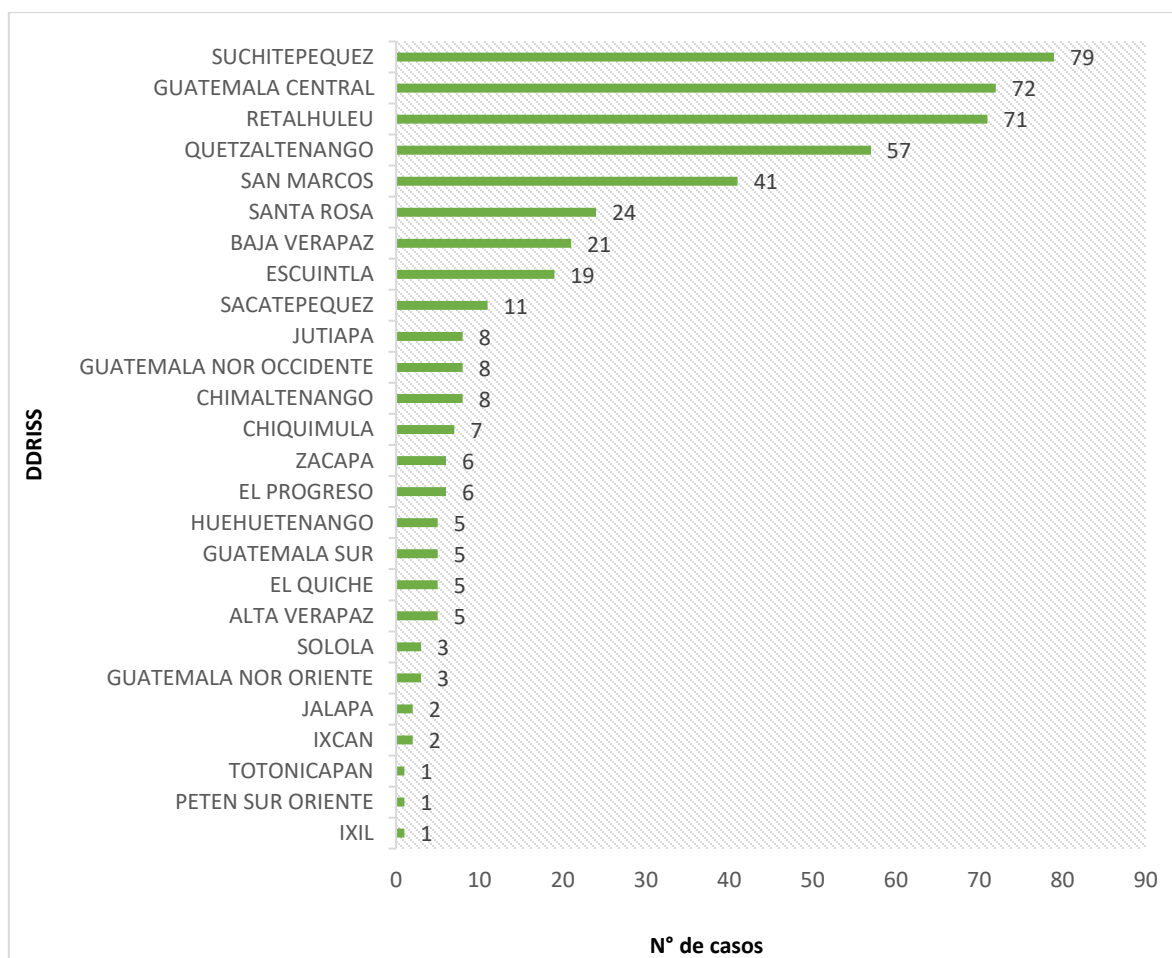
INFORME VIGILANCIA GENÓMICA DENGUE 2024

SEQ-DENV-01-08-2024

Este informe corresponde a la detección de genotipos del virus del dengue, de muestras que ingresan para la vigilancia epidemiológica de dengue, en el Departamento de Referencia para la Vigilancia Epidemiológica de la Dirección del Laboratorio Nacional de Salud (DLNS), es importante mencionar que la vigilancia por laboratorio en este momento prioriza casos según el "algoritmo de vigilancia laboratorio en escenario de epidemia de dengue", (Anexo1). Esta vigilancia tiene el objetivo de identificar y caracterizar los virus circulantes, así como detectar la potencial introducción de nuevos linajes en la población.

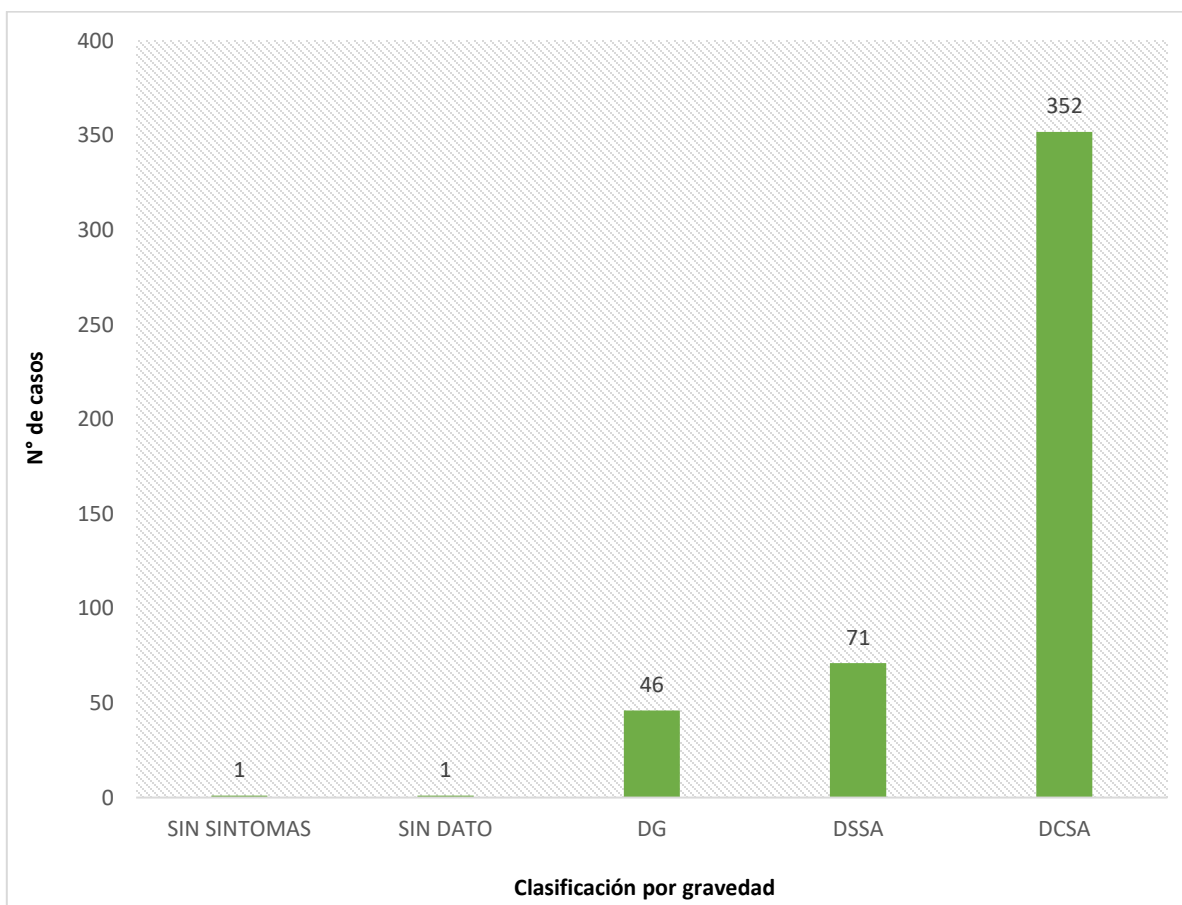
La Gráfica 1 corresponde al ingreso a la Sección de Secuenciación de 471 muestras, las cuales fueron seleccionadas por la Unidad de Arbovirosis de los envíos de las diferentes Direcciones Departamentales de Redes Integradas de Servicios de Salud (DDRIS), de fechas del 01 de enero al 18 de julio de 2024, según el cumplimiento de los criterios de inclusión para el proceso de secuenciación. Los datos presentados en este informe reflejan aquellos priorizados por la unidad, los cuales incluyen casos de dengue con síntomas de alarma y dengues graves, entre otros, la clasificación de los casos se presentan la gráfica 2.

Gráfica 1. Muestras ingresadas del virus del dengue para el proceso de secuenciación, por DDRIS, del 01 de enero al 18 de julio del 2024.



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

Gráfica 2. Clasificación de casos según gravedad¹ de muestras ingresadas al proceso de secuenciación, del 01 de enero al 18 de julio del 2024.



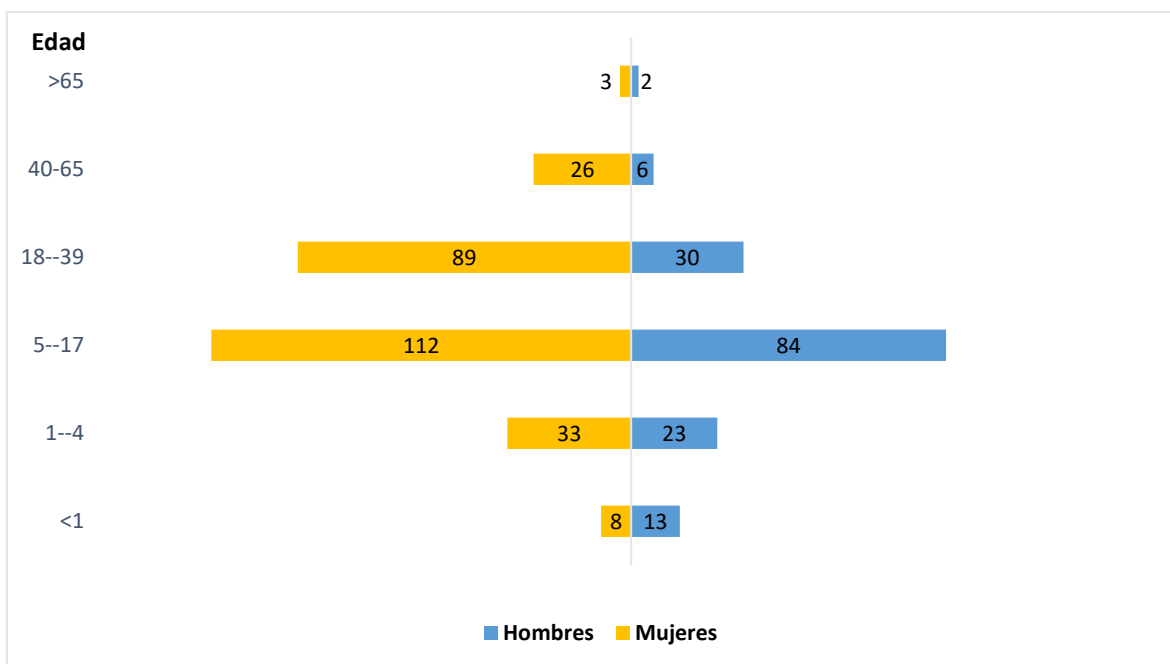
¹DCSA= dengue con signos de alarma, DSSA= dengue sin signos de alarma, DG= dengue grave.

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

De las muestras que cumplieran los criterios de inclusión para el proceso de secuenciación, se obtuvo la secuencia genómica efectiva de 432 muestras.

La Gráfica 3 corresponde a casos de dengue según grupo etario y sexo. De los casos seleccionados para el proceso de secuenciación, se observa que tanto el grupo masculino y femenino entre 5-17 años representan más del 45 % de los casos (n=196), cabe resaltar que también se observa una cantidad notable de casos en niños entre 1-4 (n=56). Estudios han demostrado que el riesgo de progresar a un dengue grave es mayor en niños, por lo que se resalta la importancia de mantener la vigilancia en estos grupos. Del total de los casos seleccionados, tres personas no refieren edad o fecha de nacimiento, por lo que no se han incluido en este gráfico.

Gráfica 3. Casos por grupo etario y sexo de muestras secuenciadas localmente, del 01 de enero al 18 de julio del 2024.

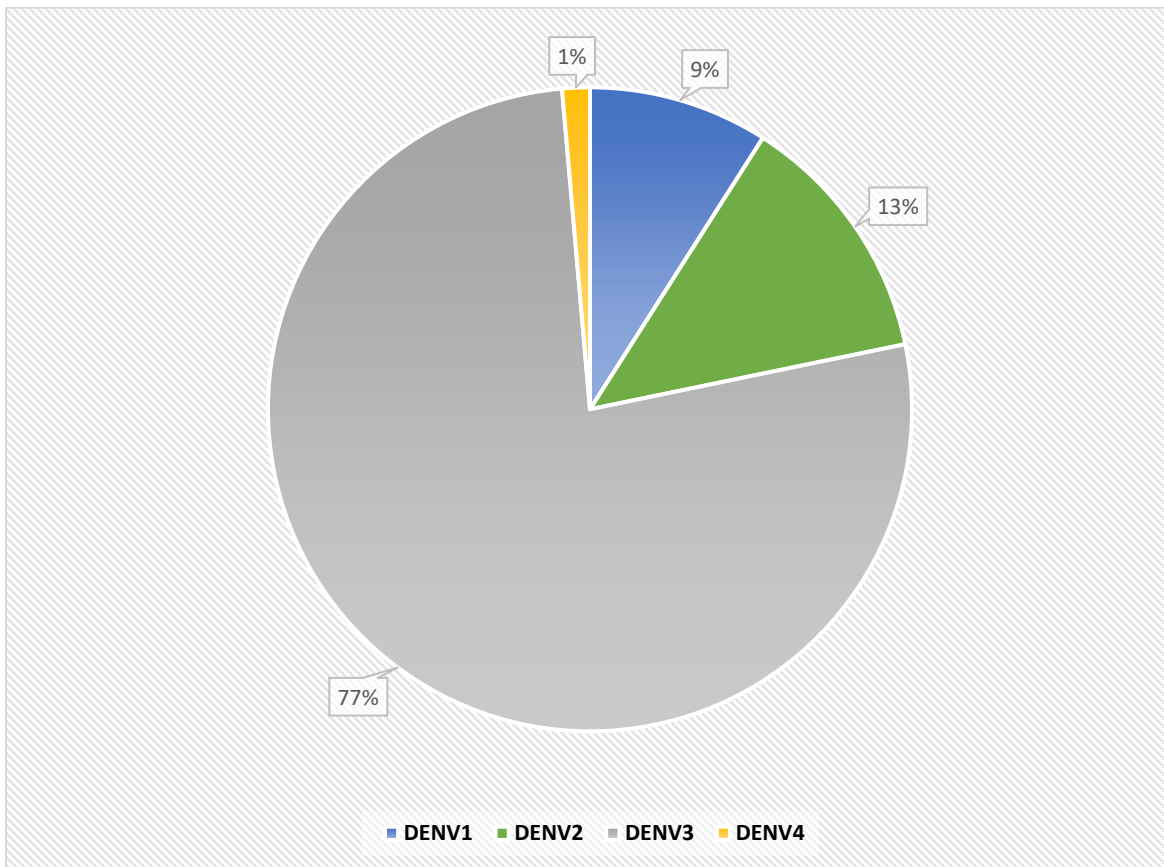


Fuente: Información obtenida de Ficha Epidemiológica Integrada Dengue-Chikungunya-Zika.

Según la Organización Panamericana de la Salud (OPS), la incidencia del dengue se ha incrementado en las últimas tres décadas. Cerca de 500 millones de personas en las Américas están en riesgo de contraer dengue. Adicionalmente, los cuatro serotipos del dengue (DENV 1, DENV 2, DENV 3 y DENV 4) circulan a lo largo de las Américas y en algunos casos simultáneamente como en Guatemala.

En nuestro proceso de secuenciación se identificó el genotipo de 432 muestras. Se puede observar en la gráfica 4, la circulación de los 4 serotipos en nuestro país. El 77% de casos corresponde al DENV 3 (n=332), el 13% al DENV 2 (n=55) y el 9% al DENV 1 (n=39). Finalmente, el DENV 4 es el que se encontró en menor proporción con solo 1% de casos (n=6).

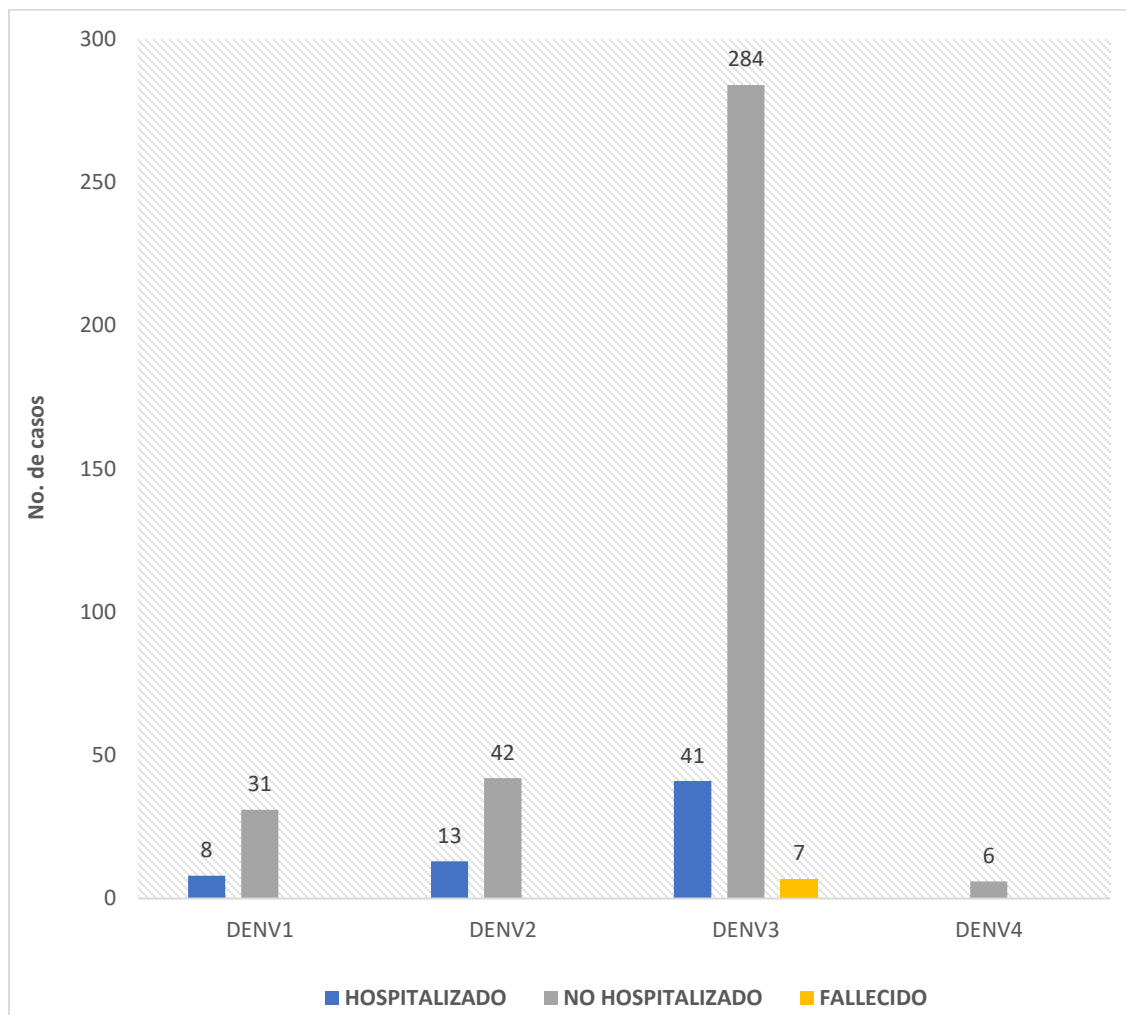
Gráfica 4. Número de muestras por serotipo de dengue secuenciadas localmente, del 01 de enero al 18 de julio del 2024.



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

En la Gráfica 5, se muestra la resolución de los casos (hospitalizado, no hospitalizado o fallecido) por serotipo de dengue, en general, se observa que el número de pacientes no hospitalizados (n=363) es mayor que los hospitalizados (n=62). Sin embargo, cabe resaltar que la mayor cantidad de hospitalizaciones ocurrieron cuando los pacientes presentaban infección con DENV 3 (n=41), al igual que los fallecidos.

Grafica 5. Resolución de casos según serotipo de dengue secuenciadas localmente, del 01 de enero al 18 de julio del 2024.

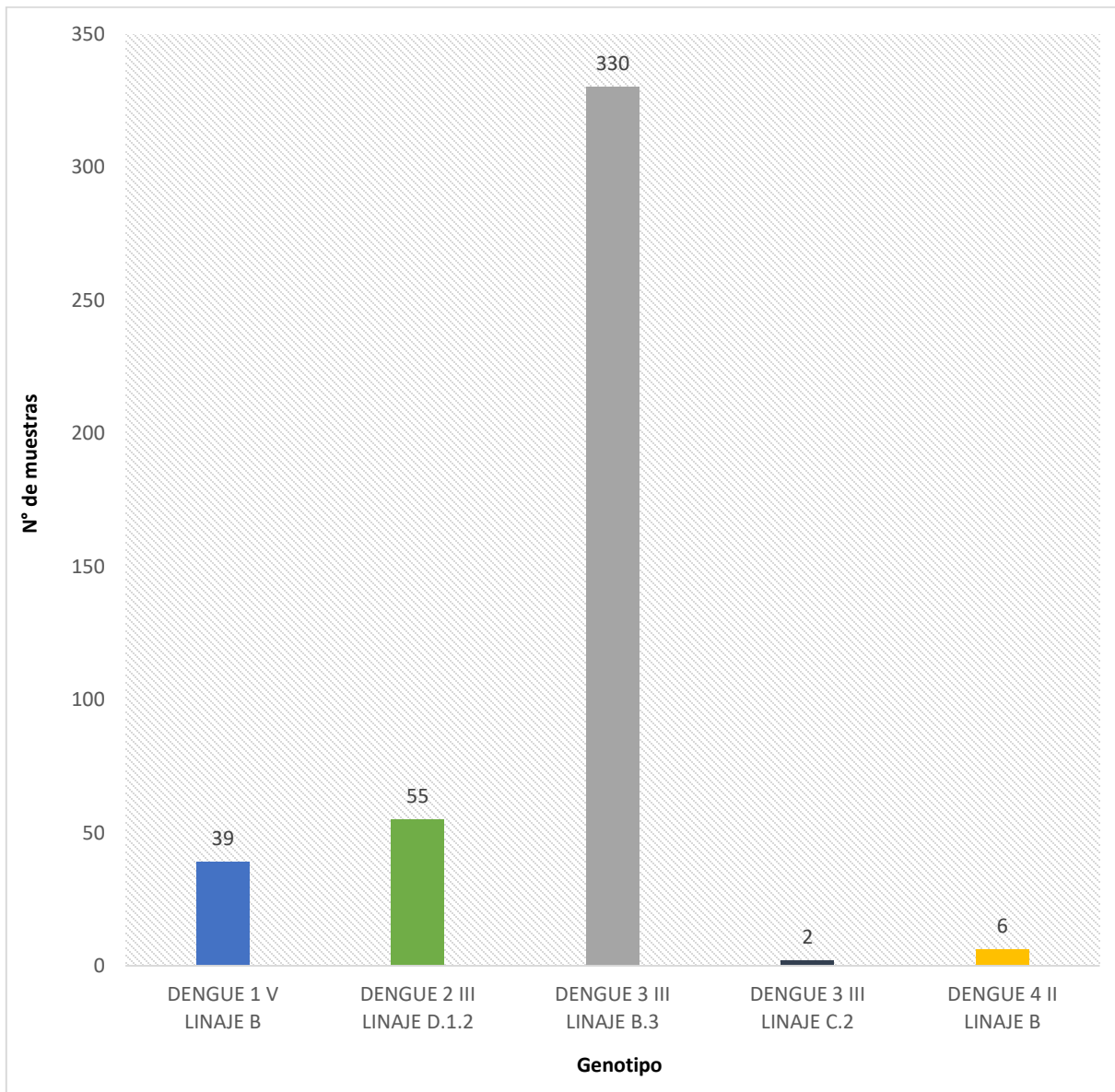


Fuente: Dirección del Laboratorio Nacional de Salud –DLNS-.

En la gráfica 6 se muestran los resultados de la secuenciación de dengue por genotipos. Para el DENV 3 se han detectado dos linajes del genotipo III. Actualmente el genotipo dominante es el III linaje B.3 (n=330), el cual fue introducido en Guatemala en septiembre de 2022. En el mes de mayo, se detectaron 2 casos del genotipo III linaje C.2, genotipo que circulaba antes del linaje B.3, estos casos provenientes de las DDRISS Guatemala Central y Jutiapa.

Ya que estudios previos han demostrado el desplazamiento de genotipos, la DLNS mantiene la vigilancia genómica para detectar la posible introducción de nuevos genotipos y linajes que también podrían asociarse a cambios en la severidad de la enfermedad.

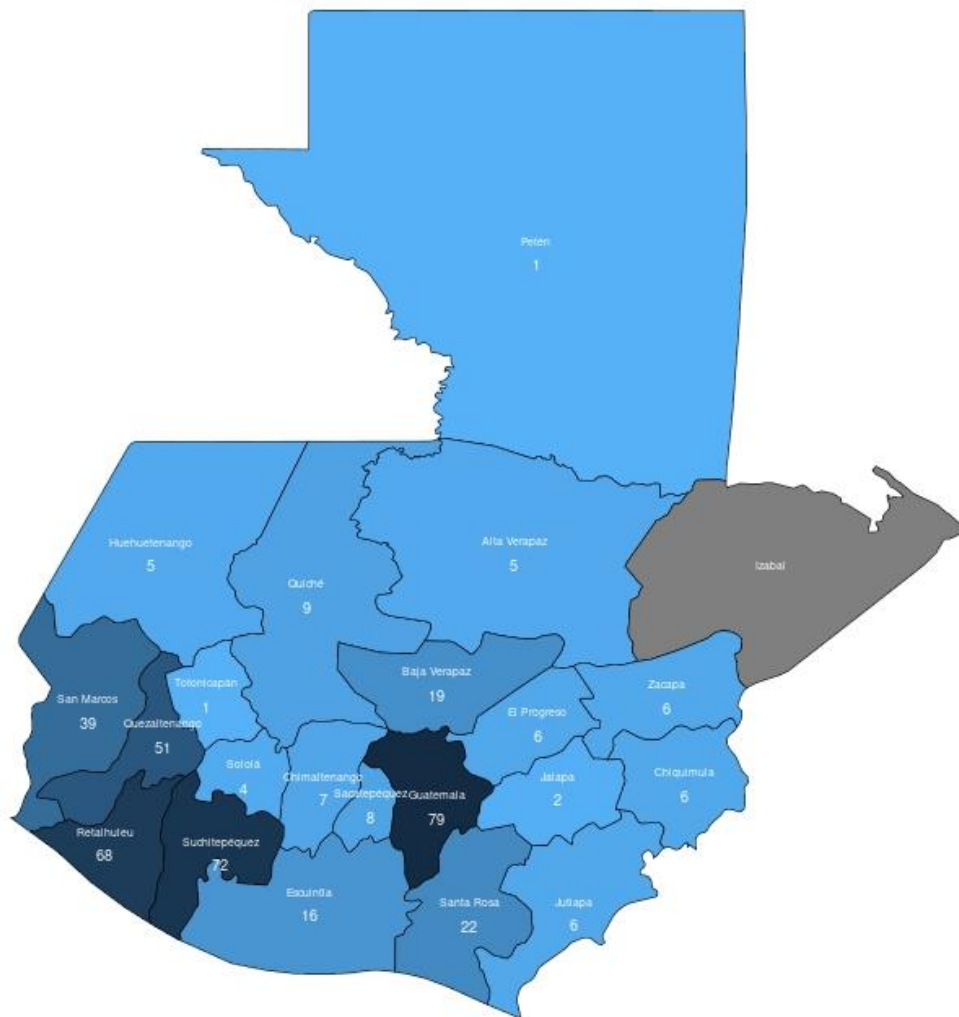
Gráfica 6. Número de muestras por genotipo de dengue secuenciadas localmente, del 01 de enero al 18 de julio del 2024.



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

A continuación, la Imagen 1 muestra la distribución espacial por departamento de las secuencias genómicas efectivas obtenidas en el proceso de secuenciación local. Los tres departamentos con mayor número de secuencias obtenidas son Guatemala (n=79), Suchitepéquez (n=72) y Retalhuleu (n=68). Únicamente en Izabal aún no se tienen datos genómicos de dengue.

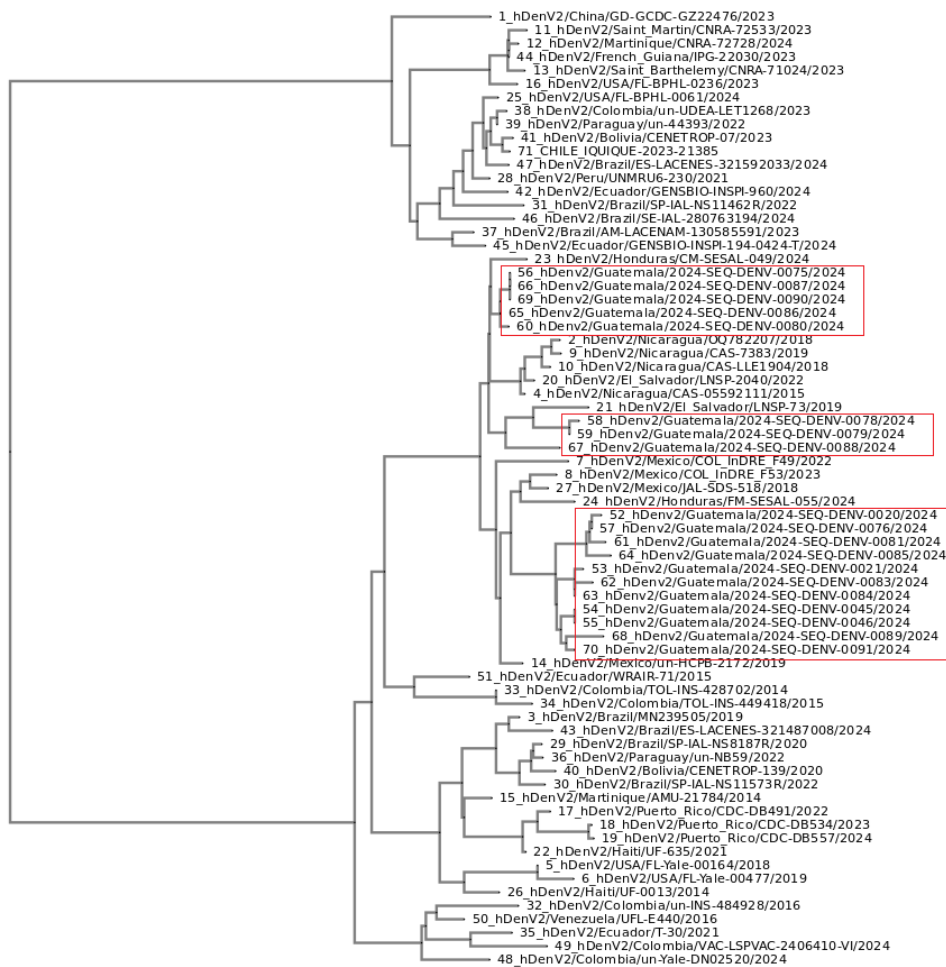
Imagen 1. Distribución de casos de dengue secuenciados localmente por departamento, del 01 de enero al 18 de julio del 2024.



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

La imagen 2 representa un árbol filogenético por el método Neighbor-Joining con un bootstrap 1000, en el cual se observa las relaciones evolutivas de 19 muestras de virus dengue serotipo 2 genotipo III encontradas en el primer semestre del 2024 (remarcadas de color rojo) y secuencias de América bajadas de repositorios públicos. Las muestras de Guatemala se relacionaron con muestras de El Salvador, Honduras, Nicaragua y México. Se incorporaron algunas secuencias de dengue serotipo 2 genotipo Cosmopolitan que circula en la sub región de Sur América, ninguna de las muestras hasta ahora detectadas de dengue serotipo de 2 en el proceso de secuenciación agrupa con estas.

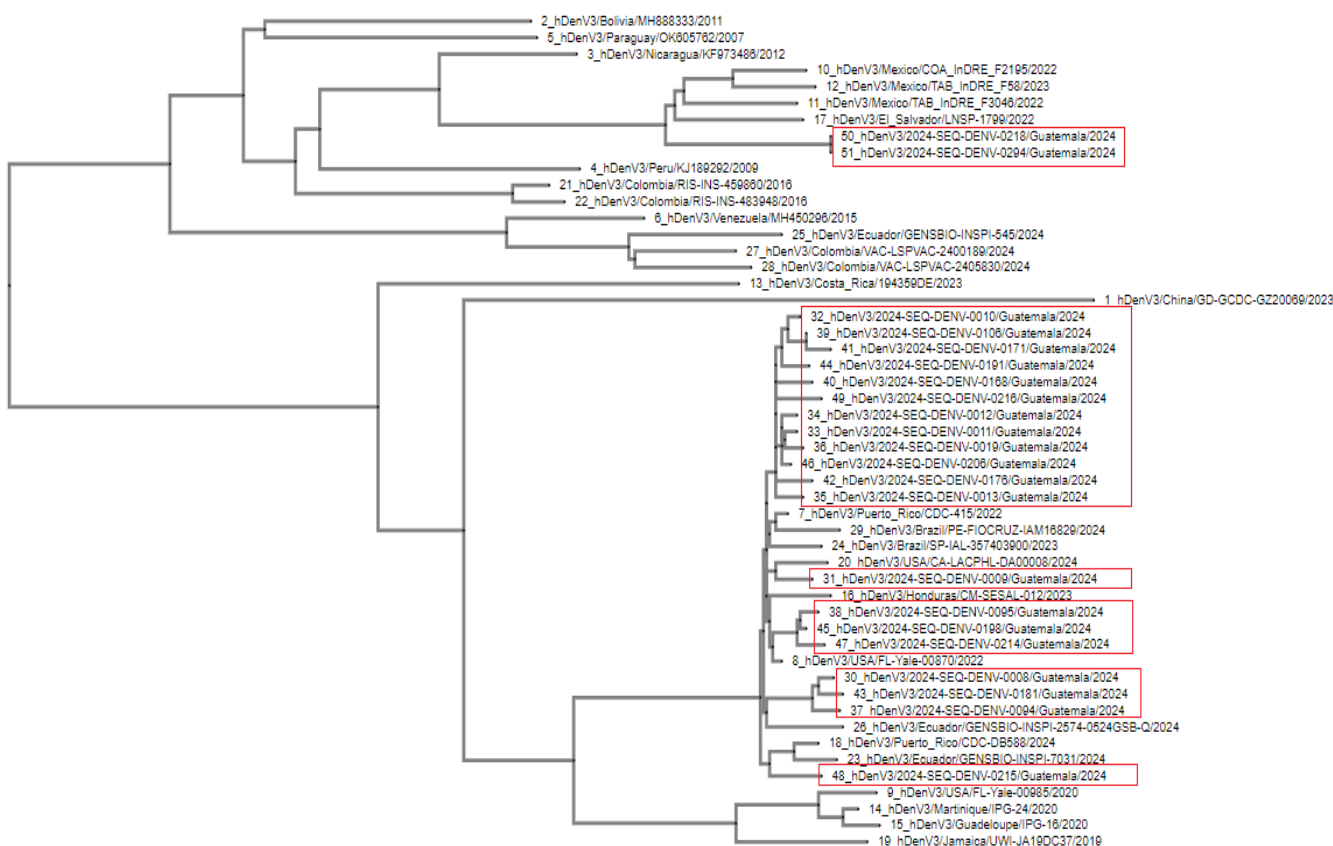
Imagen 2. Análisis filogenético para virus dengue serotipo 2 (DENV-2) genotipo III que muestra el agrupamiento de muestras secuenciadas en la DLNS



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

La imagen 3 representa un árbol filogenético por el método Neighbor-Joining con un bootstrap 1000, se observan las relaciones evolutivas de 22 muestras de virus dengue serotipo 3 genotipo III encontradas en el primer semestre del 2024 (remarcadas de color rojo) y secuencias de dengue serotipo 3 disponibles de bases de datos públicas. Las muestras de Guatemala se relacionaron con muestras de El Salvador, México, Estados Unidos, Ecuador y Puerto Rico. Las dos secuencias de dengue serotipo 3 genotipo III linaje C.2, encontradas en mayo de 2024, se relacionan con muestras de México y Salvador, este linaje era el predominante durante los años 2022 e inicios de 2023.

Imagen 3. Análisis filogenético para virus dengue serotipo 3 (DENV-3) genotipo III que muestra el agrupamiento de muestras secuenciadas en la DLNS



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

ANEXO 1

