

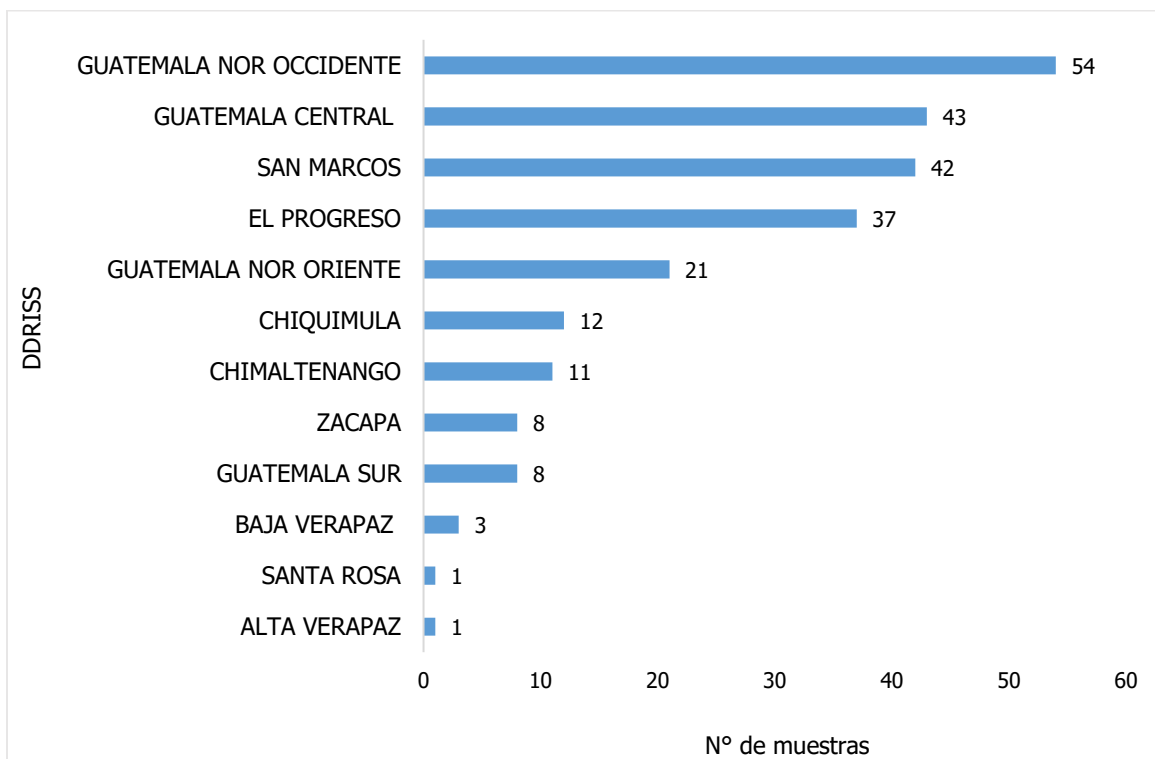
INFORME VIGILANCIA GENÓMICA INFLUENZA 2024

VES-FLU-01-09-2024

Este informe corresponde a la detección de clados y subclados del virus de la influenza, de muestras que ingresaron para la vigilancia epidemiológica de virus respiratorios y vigilancia centinela de Influenza, en el Departamento de Referencia para la Vigilancia Epidemiológica de la Dirección del Laboratorio Nacional de Salud (DLNS). Esta vigilancia genómica tiene el objetivo de identificar, caracterizar y hacer el seguimiento de la proporción de virus de influenza de diferentes clados que están circulando en Guatemala.

La Gráfica 1 corresponde al ingreso a la Sección de Secuenciación de 241 muestras, las cuales fueron seleccionadas por la Unidad de Virus Respiratorios a partir de los envíos de las Direcciones Departamentales de Redes Integradas de Servicios de Salud (DDRIS) y los sitios centinelas, de fechas del 01 de enero al 30 de agosto 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 diferentes grupos etarios, provenientes de diferentes regiones geográficas, muestras que cumplan con criterios de calidad y con definición de caso: Enfermedad Tipo Influenza (ETI) o Infección Respiratoria Aguda Grave (IRAG).

Gráfica 1. Muestras ingresadas del virus de influenza para el proceso de secuenciación en la DLNS, por DDRIS, del 01 de enero al 30 de agosto del 2024.



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

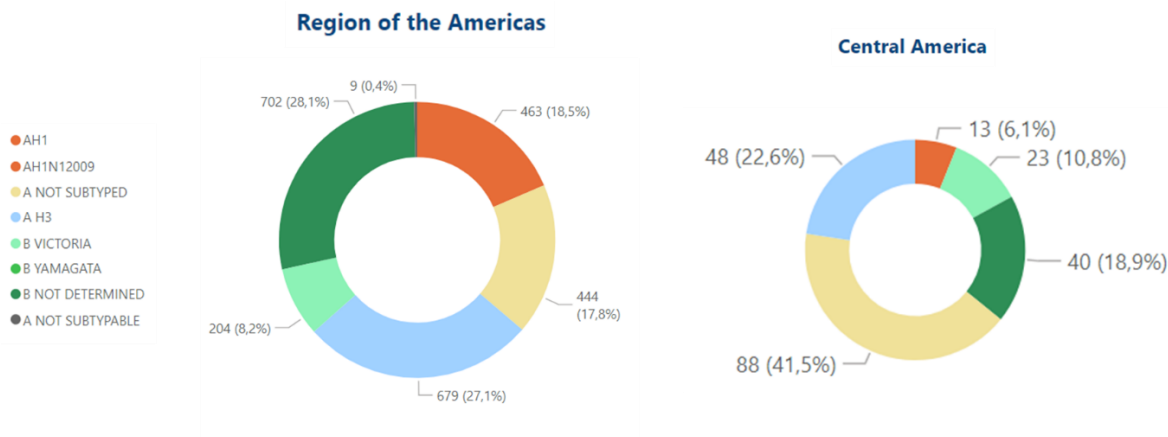
El genoma de los virus de la influenza sufre cambios genéticos constantemente. Por este motivo, la vigilancia genómica tiene un rol fundamental para la salud pública porque ayuda a determinar la eficacia de las vacunas o incluso si el virus de la influenza en animales puede afectar a humanos.

Actualmente, los virus A y B de la influenza son los causantes de las epidemias estacionales en personas. Los virus de influenza A se clasifican en subtipos según dos proteínas de la superficie: hemaglutinina (H) y neuraminidasa (N). En cambio, los virus de la influenza B se clasifican en linajes.

La Organización Panamericana de la Salud (OPS) monitorea y reporta constantemente la situación regional del virus de la influenza. En las últimas 4 semanas epidemiológicas, se observa que en la región de América se han detectado influenza A H1 e influenza A H3 en similar proporción. En la región de Centroamérica, la situación es similar, circulan tanto influenza A H1 como A H3; sin embargo, un gran número de casos de influenza A no se han logrado subtipificar. Asimismo, se observa que en Centroamérica circula influenza B/Victoria, pero muchos casos de influenza B no se han logrado identificar linaje.

Según los Centros para el Control y Prevención de Enfermedades (CDC, siglas en inglés), actualmente los virus de influenza A(H1N1) en circulación están relacionados con el virus pandémico H1N1 2009. Respecto a influenza B, el único linaje circulante es B/Victoria.

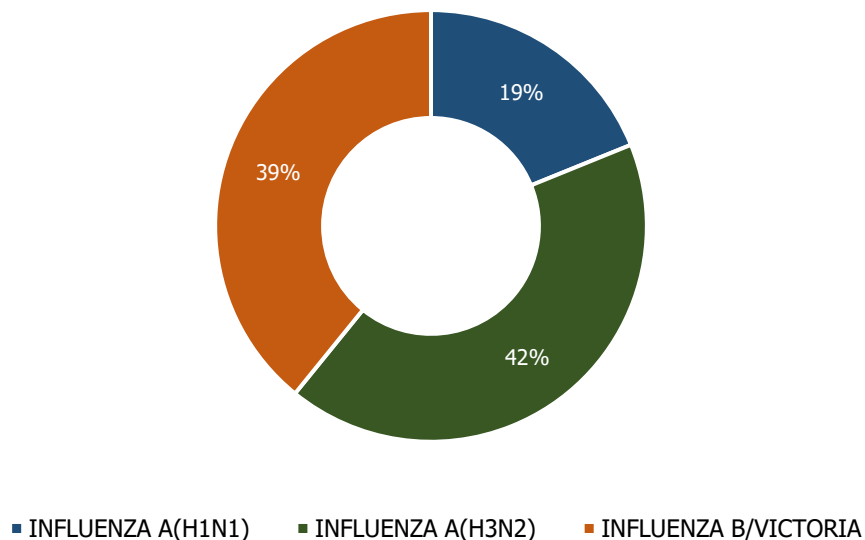
Imagen 1. Situación regional del virus de la influenza en las últimas 4 semanas epidemiológicas.



Fuente: Organización Panamericana de la Salud (OPS).

De las muestras que cumplieran los criterios de inclusión para el proceso de secuenciación local, se obtuvo la secuencia genómica efectiva de 212 muestras y se identificaron los subtipos y linajes (Gráfica 2). Se observa una mayor proporción de casos de influenza A(H3N2).

Gráfica 2. Porcentaje de muestras por subtipos (influenza A) y linajes (influenza B) de influenza secuenciadas la DLNS, del 01 de enero al 30 de agosto del 2024.



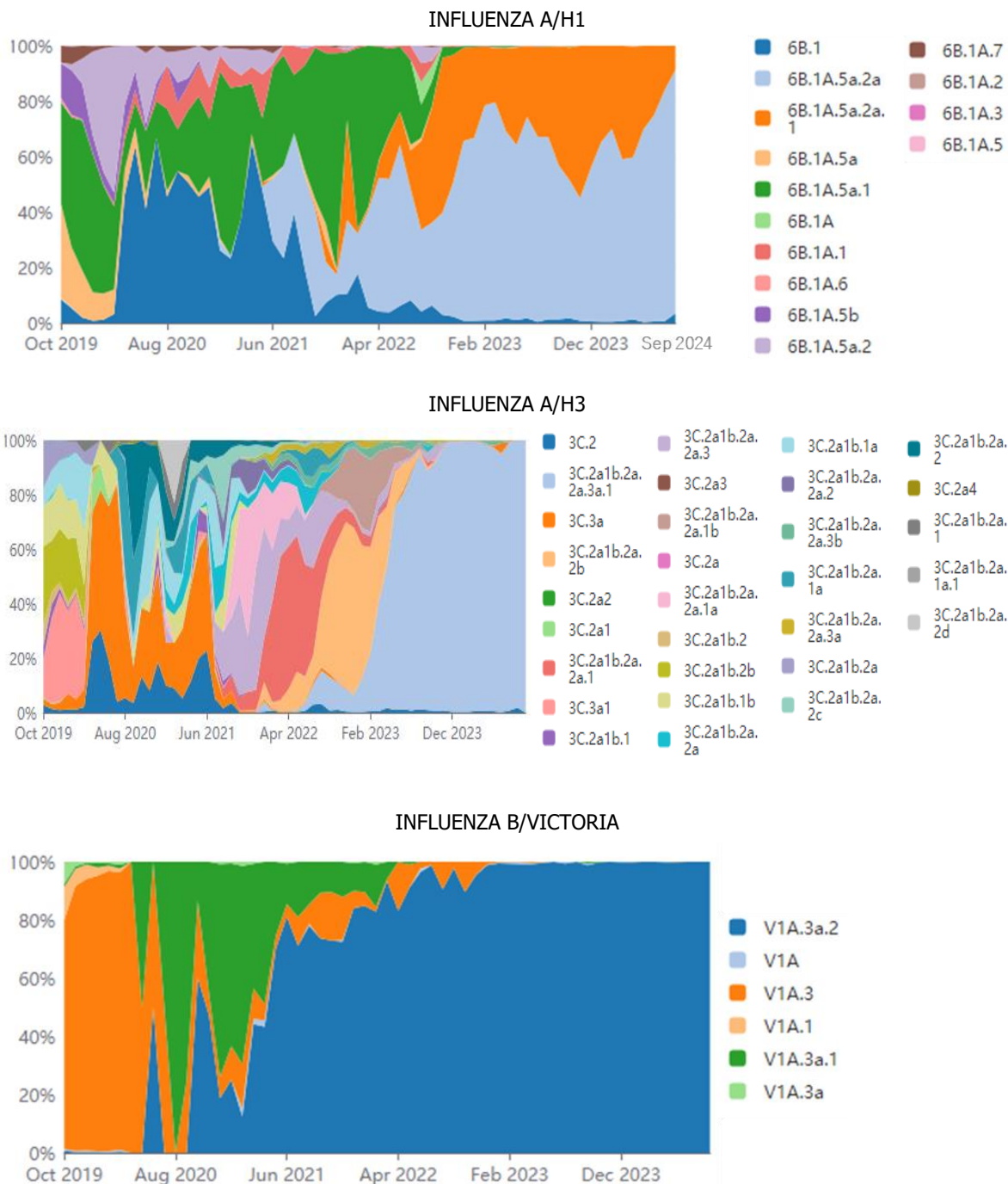
Fuente: Dirección del Laboratorio Nacional de Salud –DLNS-.

Según el CDC, actualmente los virus de influenza A(H1N1) y A(H3N2) en circulación han cambiado genéticamente y formado clados independientes. Por otro lado, en los últimos años, los virus de influenza B/Victoria han circulado con mayor frecuencia en comparación con los virus de influenza B/Yamagata a nivel mundial.

La Iniciativa Global para Compartir Todos los Datos de Influenza (GISAID, por sus siglas in inglés) actualiza frecuentemente la información sobre la progresión de clados de influenza a través de los años. En la Imagen 2, se observa que de 2019 a inicios del 2022 los clados de influenza A/H1 con mayor circulación a nivel global eran: 6B.1 y 6B.1A.5a.1. A partir del segundo semestre del 2022, estos fueron reemplazados por los: 6B.1A.5a.2a y 6B.1A.5a.2a.1. Respecto a influenza A/H3, desde inicios de 2022 el clado 3C.2a1b.2a.2a.3a.1 ha sido el principal a nivel global. Finalmente, del linaje influenza B/Victoria, desde finales de 2021 ha circulado principalmente el clado V1A.3a.2.

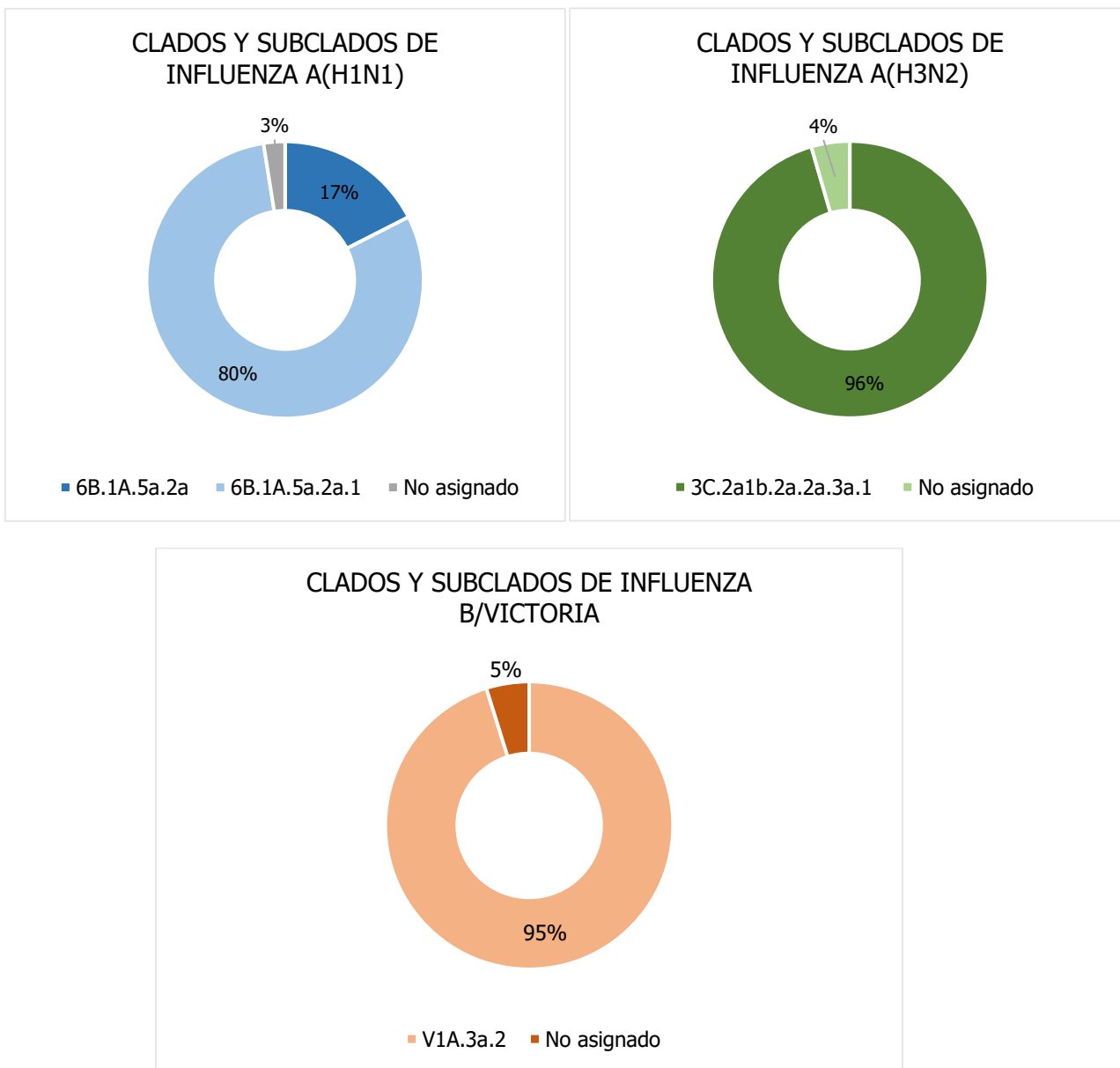
En la Gráfica 3, de acuerdo a los resultados de la secuenciación local de influenza, los clados que circulan actualmente en Guatemala, tanto de influenza A como de influenza B, corresponden también a los que circulan a nivel global. En el caso de la influenza A(H1N1), el clado 6B.1A.5a.2a.1 es el que circula en mayor proporción (n=32); mientras que para la influenza A(H3N2) es el clado 3C.2a1b.2a.2a.3a.1 el más frecuente (n=85); en el caso de influenza B/Victoria es el clado V1A.3a.2 (n=79).

Imagen 2. Progresión de clados y subclados de influenza a nivel global, de octubre de 2019 a septiembre de 2024.



Fuente: GISAIID.

Grafica 3. Número de muestras de influenza según clados y sus respectivos subclados secuenciadas en la DLNS, del 01 de enero al 30 de agosto del 2024.

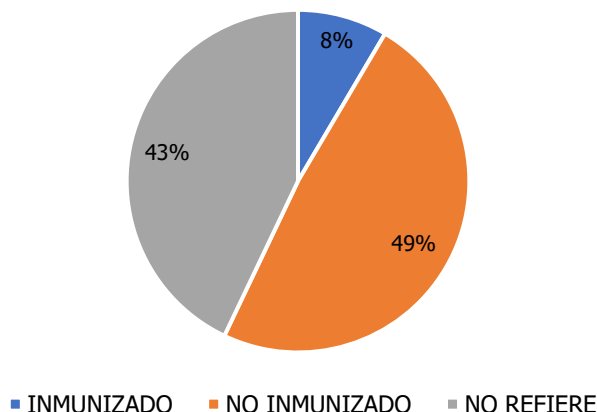


Fuente: Dirección del Laboratorio Nacional de Salud –DLNS–.

Según las recomendaciones de la OPS, la mejor forma de prevenir y reducir la carga de influenza severa continúa siendo la vacunación. A pesar de que existe una vacuna con efectividad moderada, dada la continua variación de los virus circulantes que requiere actualizar anualmente su composición, se estima que solo la mitad de la población en riesgo se la aplica cada año.

En la Gráfica 4 se observan los antecedentes de vacunación contra la influenza de las muestras secuenciadas. Aproximadamente 50% (n=103) de las personas no están inmunizadas, el 8% (n=18) de las personas refieren estar inmunizadas contra la influenza. Sin embargo, en muchos casos no se cuenta con este dato (n=91).

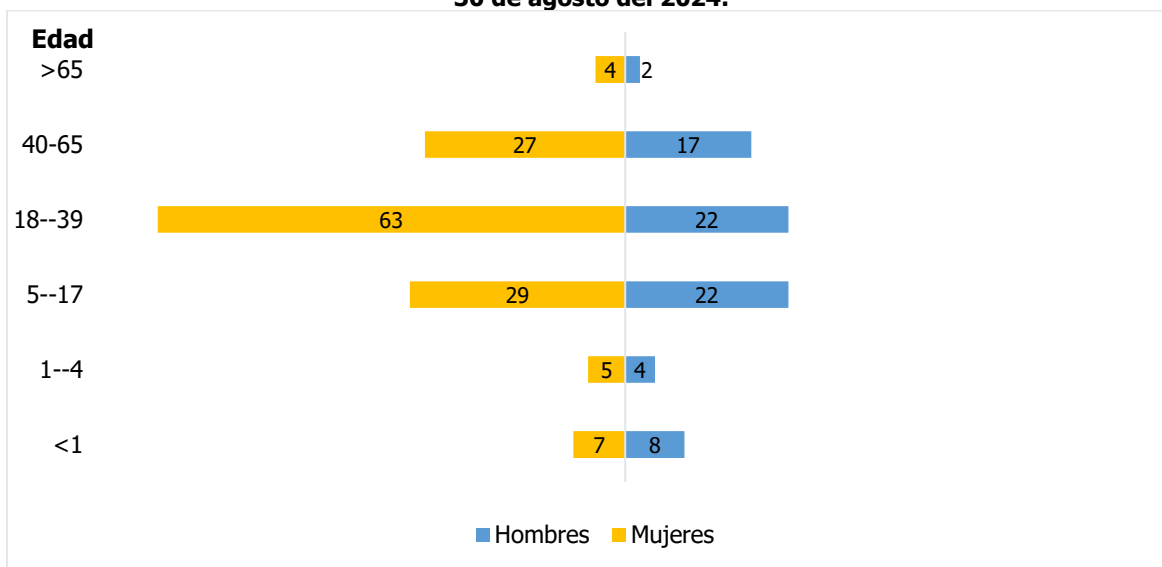
Gráfica 4. Antecedentes de vacunación de casos de muestras ingresadas al proceso de secuenciación en la DLNS, del 01 de enero al 30 de agosto del 2024.



Fuente: Información obtenida de Ficha Epidemiológica Vigilancia de Virus Respiratorios.

La Gráfica 5 corresponde a casos de influenza según grupo etario y sexo. De las muestras ingresadas al proceso de secuenciación y obtuvieron un resultado genómico efectivo, se observa que la mayor parte de casos son mujeres entre 18 a 39 años. Cabe mencionar que dos personas no refieren esta información en la ficha.

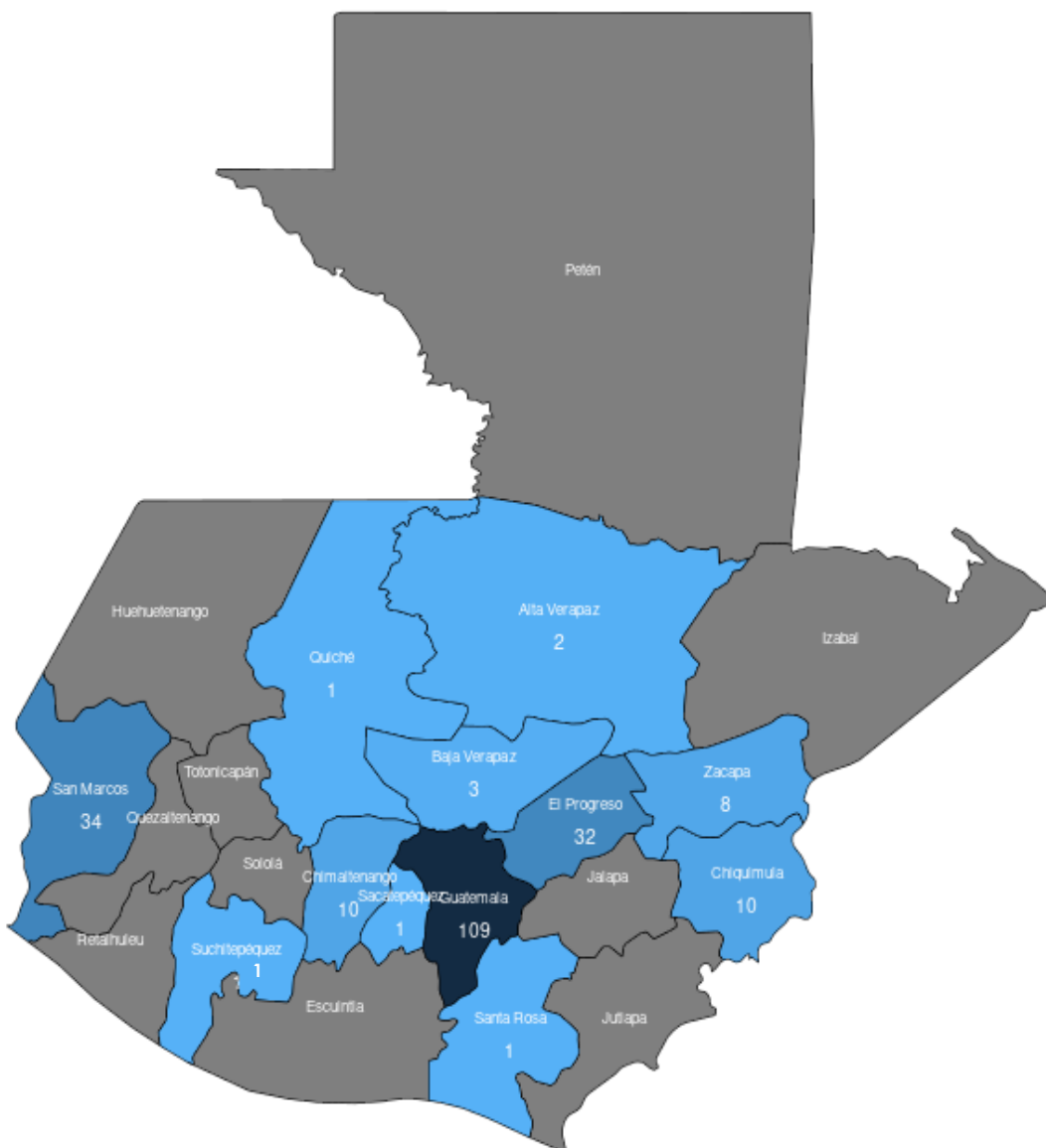
Gráfica 5. Casos por grupo etario y sexo de muestras secuenciadas localmente, del 01 de enero al 30 de agosto del 2024.



Fuente: Información obtenida de Ficha Epidemiológica Vigilancia de Virus Respiratorios.

A continuación, la Imagen 3 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=109), San Marcos (n=34) y El Progreso (n=32), de los cuales en los primeros dos, están ubicados sitios centinela para la vigilancia de influenza.

Imagen 3. Distribución de casos de influenza secuenciados en la DLNS por departamento, del 01 de enero al 30 de agosto del 2024.



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