

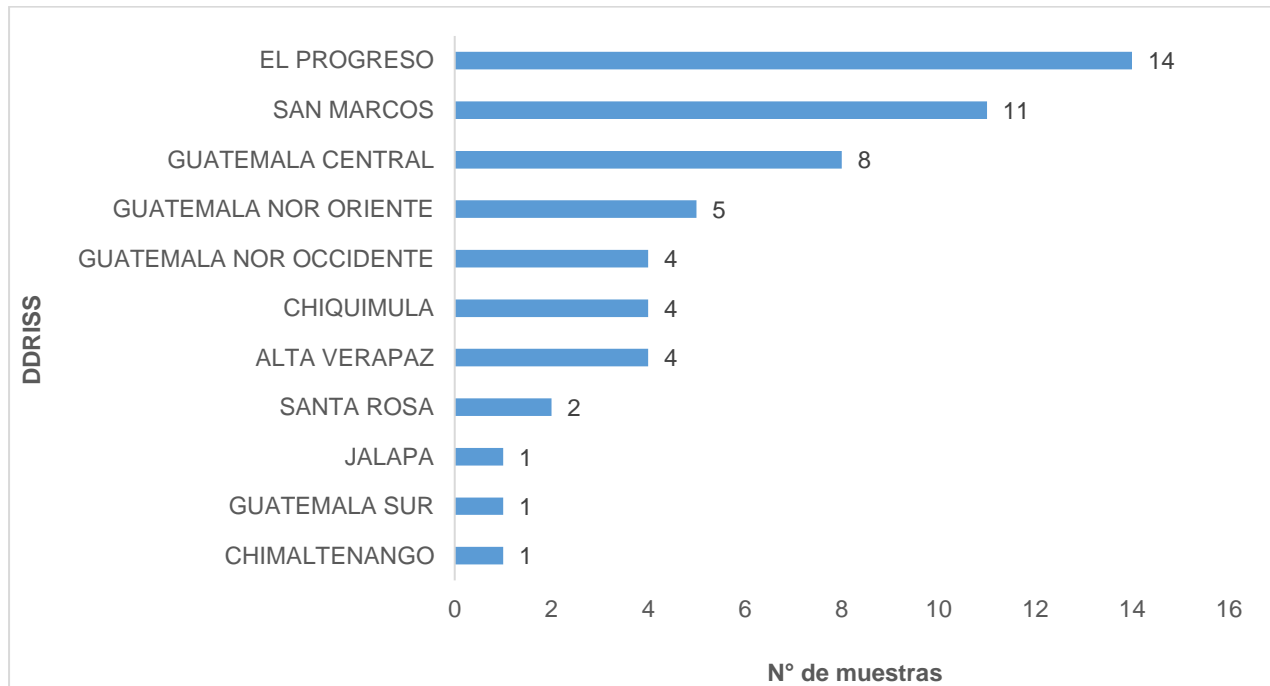
## INFORME VIGILANCIA GENÓMICA INFLUENZA 2024

### VES-FLU-02-10-2024

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 de **55** muestras a la Sección de Secuenciación, 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, del 05 de septiembre al 03 de octubre del 2024. Los datos presentados en este informe reflejan aquellos priorizados por la unidad, los cuales incluyen: casos de diferentes grupos etarios, muestras provenientes de diferentes regiones geográficas, que cumplan con criterios de calidad y con definición de caso como 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 05 de septiembre al 03 de octubre del 2024 (n=55).**

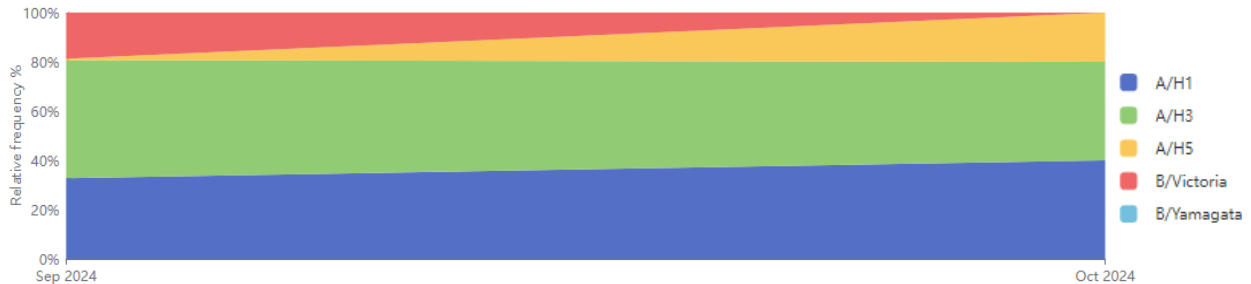


Fuente: Dirección del Laboratorio Nacional de Salud –DLNS–.

De las muestras ingresadas, 52 cumplieron los criterios de inclusión para el proceso de secuenciación local y se obtuvo la secuencia genómica efectiva de 43 muestras, de las cuales se identificaron los subtipos y linajes (Gráfica 2).

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. En la Imagen 1 se observa que en el periodo que abarca este informe, a nivel global se encuentran circulando proporciones similares de virus A/H1 y A/H3, con un aumento considerable en los casos de influenza aviar A/H5. Respecto a la influenza tipo B, únicamente circula B/Victoria.

**Imagen 1. Situación global del virus de la influenza en las últimas 6 semanas epidemiológicas.**

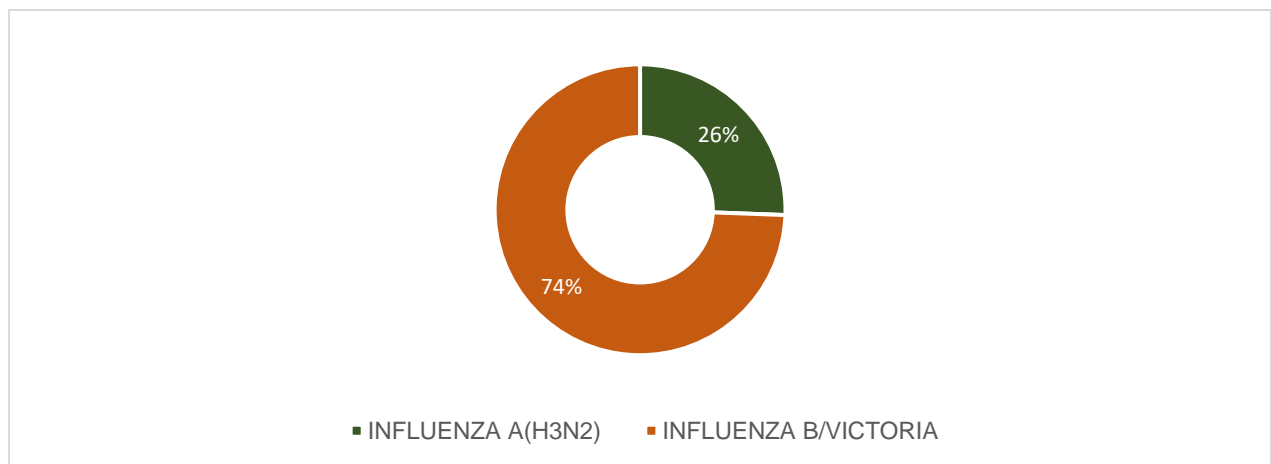


Fuente: GISAID.

De acuerdo a un informe presentado por la Organización Panamericana de la Salud (OPS), en la subregión América Central se ha observado un descenso de la actividad de ETI e IRAG en las últimas semanas, con la mayoría de casos positivos de ETI atribuidos a SARS-CoV-2 e influenza, que se encuentran en descenso. La actividad de influenza, tras alcanzar niveles epidémicos en varios países de la subregión, ha mostrado un descenso en las últimas cuatro semanas epidemiológicas. Durante este período, los virus predominantes han sido de tipo B/Victoria seguido del tipo A(H3N2).

En Guatemala, se observa una tendencia similar a la de la subregión. De acuerdo a la Gráfica 2, actualmente se presenta una mayor proporción de casos de influenza B/Victoria, seguido de influenza A(H3N2).

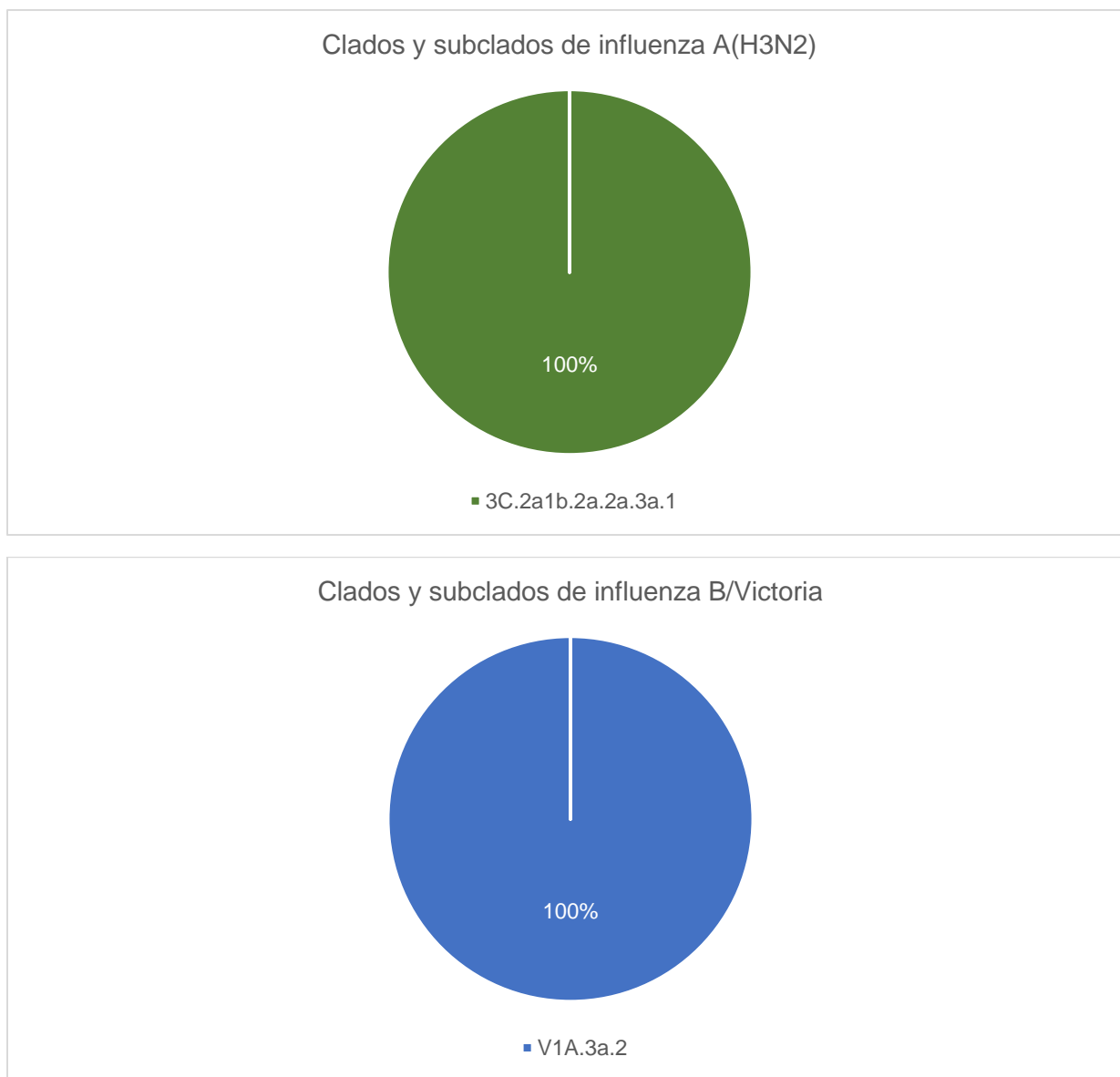
**Gráfica 2. Porcentaje de muestras por subtipos (influenza A) y linajes (influenza B) de influenza secuenciadas la DLNS, del 05 de septiembre al 03 de octubre del 2024 (n=43).**



Fuente: Dirección del Laboratorio Nacional de Salud.

En la Gráfica 3, se muestran los clados que circulan actualmente en Guatemala, tanto de influenza A como de influenza B. En el caso de la influenza A(H3N2) el clado 3C.2a1b.2a.2a.3a.1 es el único circulando en este período (n=11); en el caso de influenza B/Victoria es el clado V1A.3a.2 (n=32).

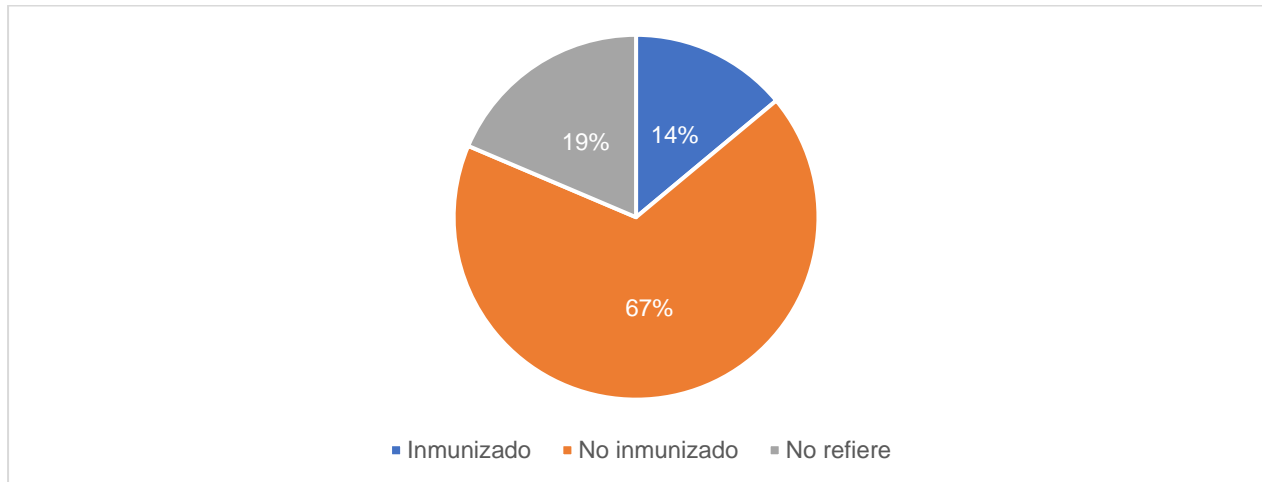
**Gráfica 3. Número de muestras de influenza según clados y sus respectivos subclados secuenciadas en la DLNS, del 05 de septiembre al 03 de octubre del 2024.**



Fuente: Dirección del Laboratorio Nacional de Salud.

En la Gráfica 4 se observan los antecedentes de vacunación contra la influenza de las muestras secuenciadas efectivamente. Aproximadamente 67% (n=29) de las personas no están inmunizadas, el 8% (n=6) de las personas refieren estar inmunizadas contra la influenza. Sin embargo, en el 19% de los casos no se cuenta con este dato (n=8).

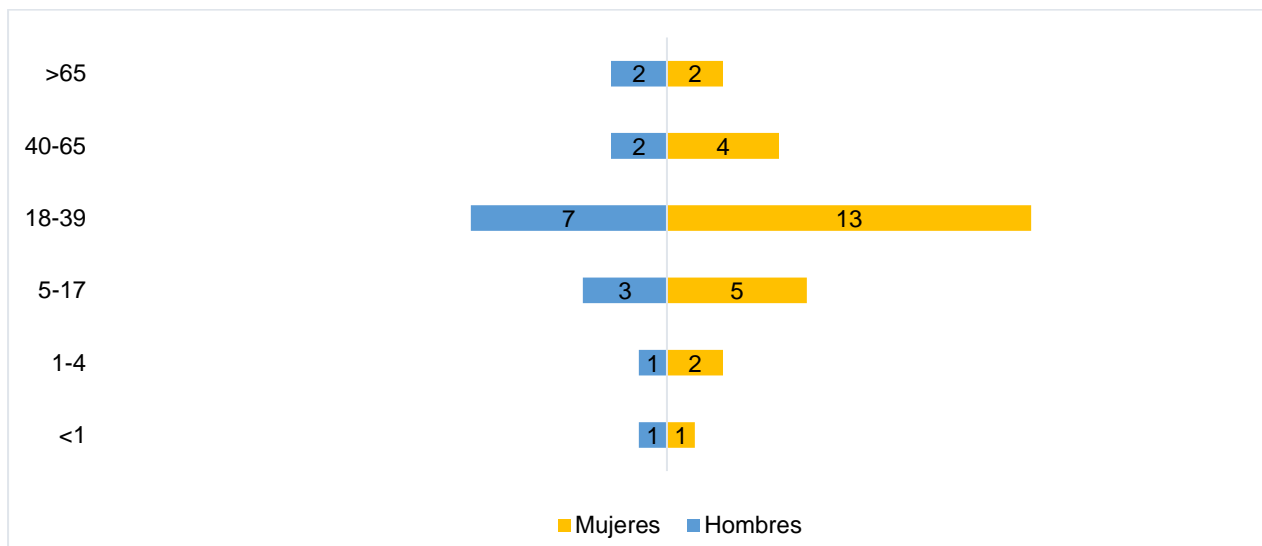
**Gráfica 4. Antecedentes de vacunación de casos de muestras ingresadas al proceso de secuenciación en la DLNS, del 05 de septiembre al 03 de octubre del 2024.**



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 y hombres entre 18 a 39 años.

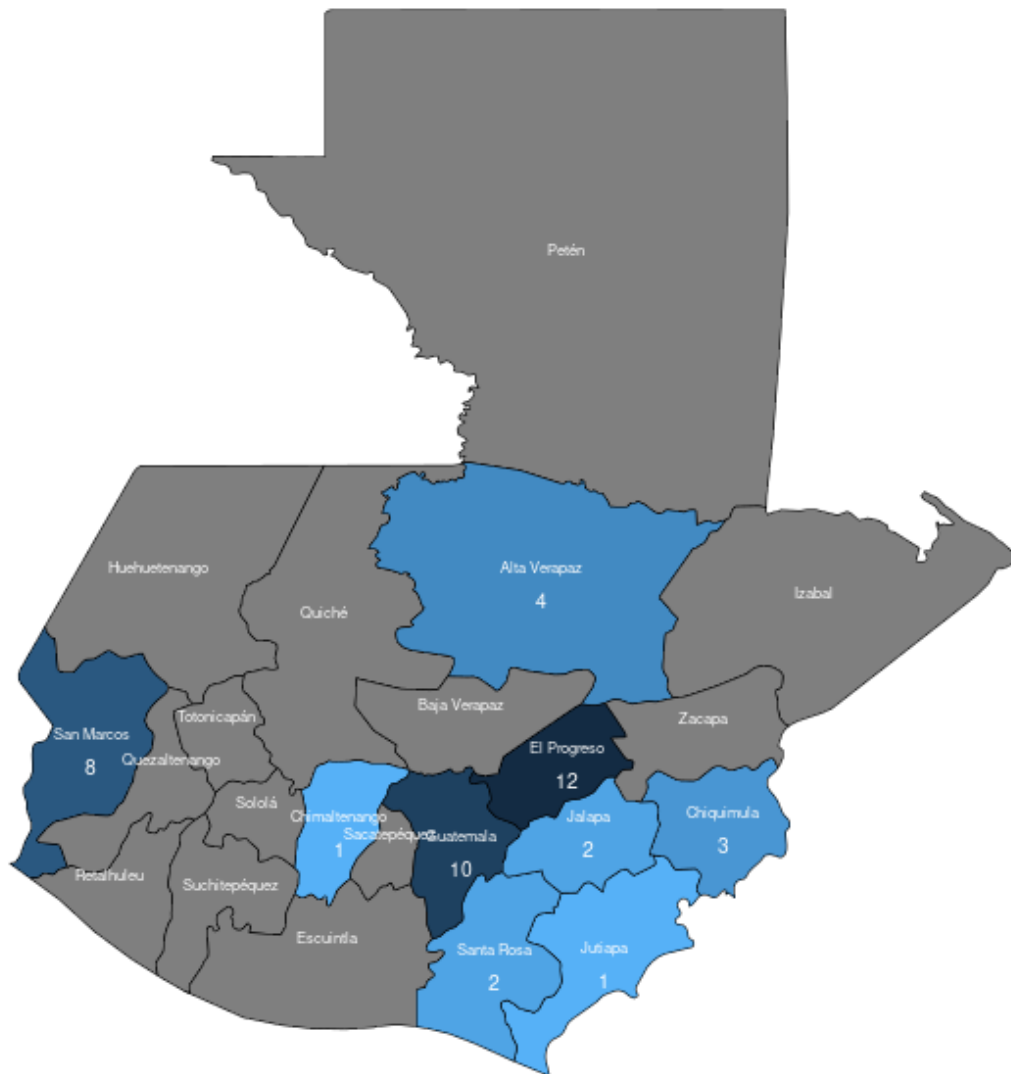
**Gráfica 5. Casos por grupo etario y sexo de muestras secuenciadas localmente, del del 05 de septiembre al 03 de octubre del 2024.**



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

A continuación, la Imagen 2 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 El Progreso (n=12), Guatemala (n=10) y San Marcos (n=8), de los cuales en los últimos dos están ubicados sitios centinela para la vigilancia de influenza.

**Imagen 2. Distribución de casos de influenza secuenciados en la DLNS por departamento, del del 05 de septiembre al 03 de octubre del 2024.**



Fuente: Dirección del Laboratorio Nacional de Salud.