

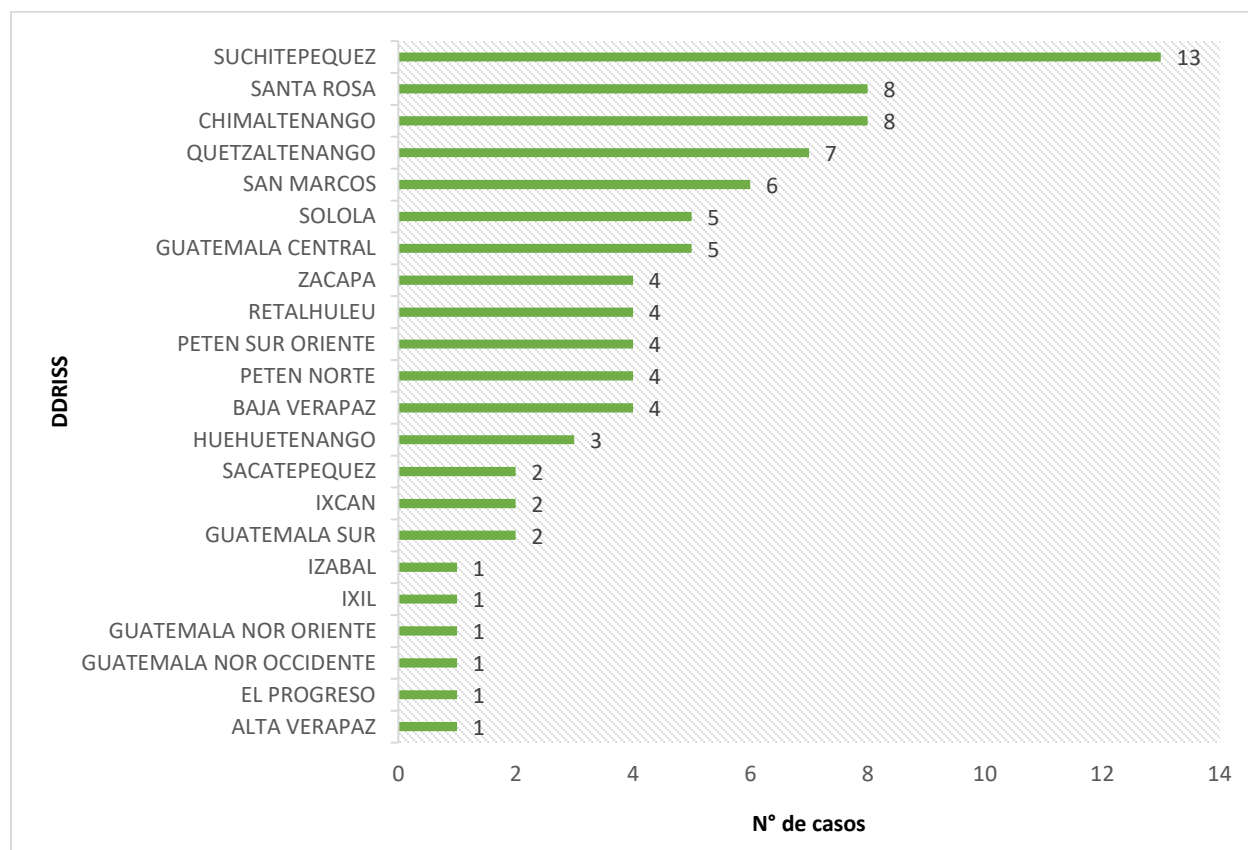
INFORME VIGILANCIA GENÓMICA DENGUE 2024

VES-DENV-02-10-2024

Este informe corresponde a la detección de genotipos y linajes 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). Esta vigilancia genómica tiene el objetivo de identificar y caracterizar los serotipos del virus circulante, así como detectar la potencial introducción de nuevos linajes en la población.

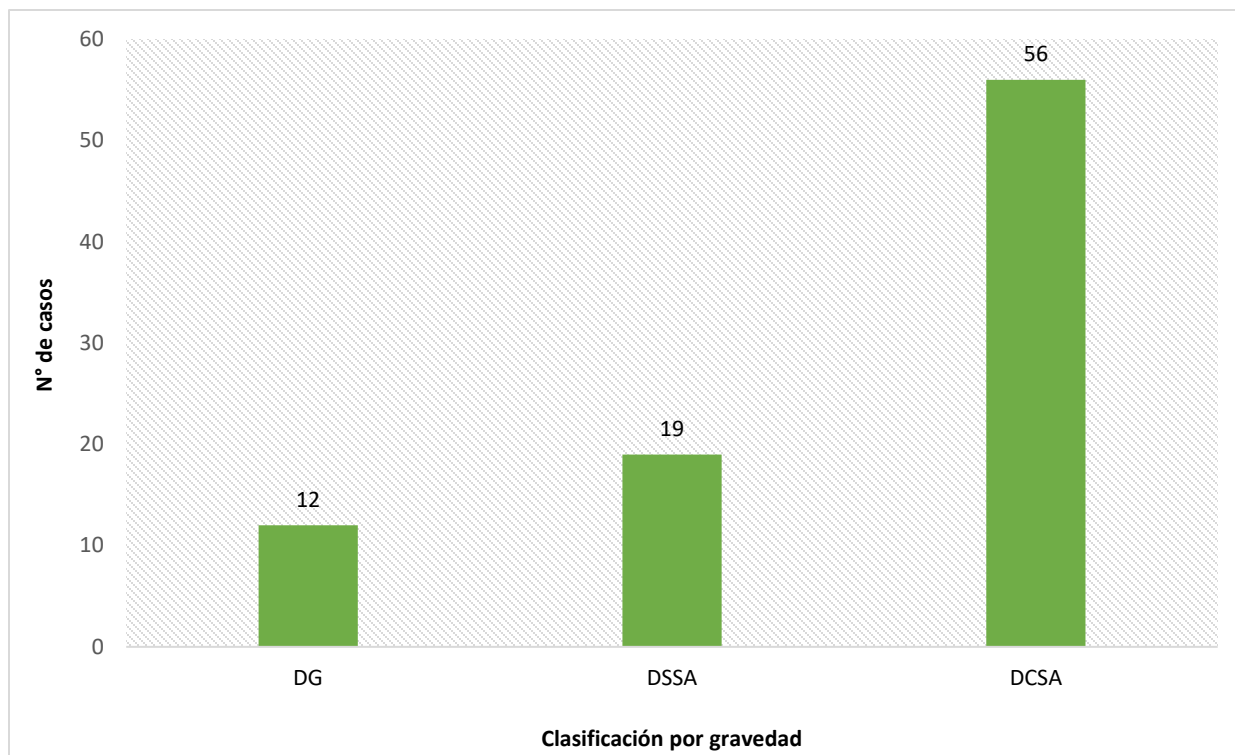
La Gráfica 1 corresponde al ingreso a la Sección de Secuenciación (VES) de 87 muestras, las cuales fueron seleccionadas por la Unidad de Arbovirosis (UA) de los envíos de las diferentes Direcciones Departamentales de Redes Integradas de Servicios de Salud (DDRIS), de la fecha del 19 de julio al 19 de septiembre 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 UA, los cuales incluyen casos de dengue con síntomas de alarma y dengue grave. Esto se ve representado como la clasificación de los casos se presenta en la Gráfica 2.

Gráfica 1. Muestras ingresadas del virus del dengue para el proceso de secuenciación, por DDRIS, del 19 de julio al 19 de septiembre del 2024 (n=87).



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

Gráfica 2. Clasificación de casos según gravedad¹ de muestras ingresadas al proceso de secuenciación, del 19 de julio al 19 de septiembre del 2024 (n=87).

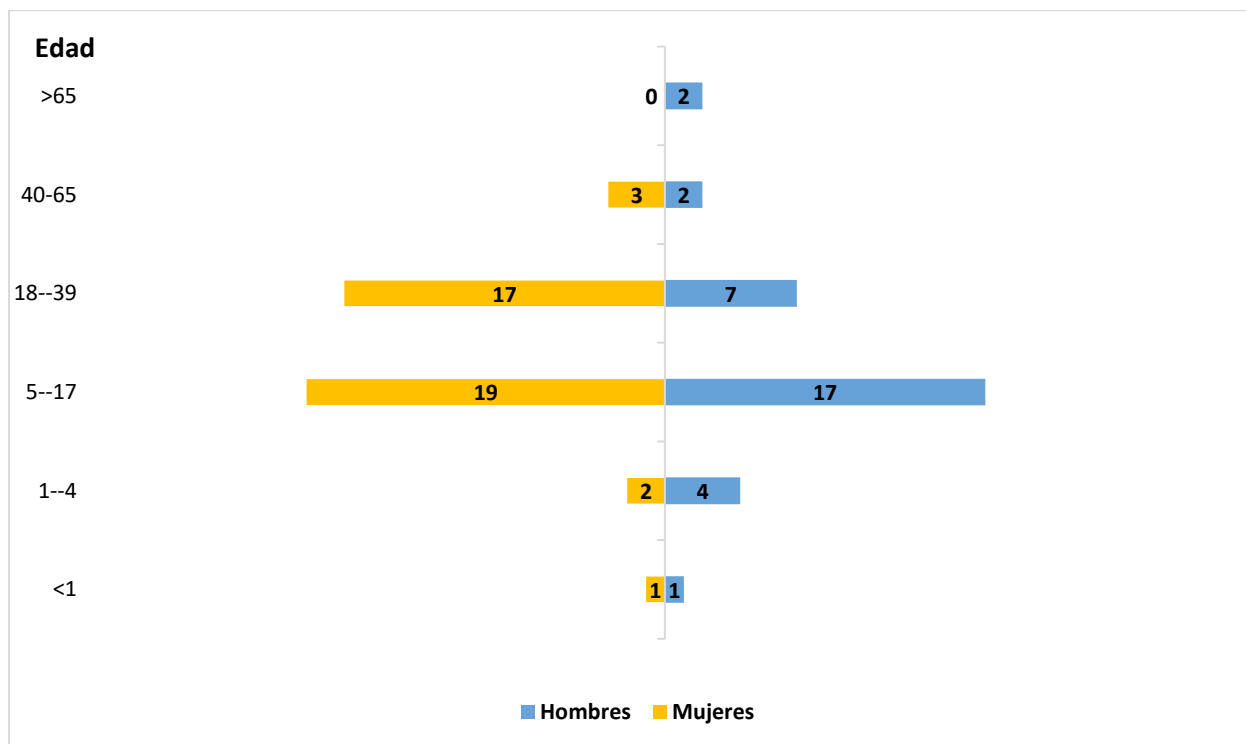


¹DCSA= dengue con signos de alarma, DSSA= dengue sin signos de alarma, DG= dengue grave.
Fuente: Dirección del Laboratorio Nacional de Salud –DLNS-.

De las muestras que cumplieron los criterios de inclusión para el proceso de secuenciación, se obtuvo la secuencia genómica efectiva de 75 muestras.

De estos resultados, se obtuvo la Gráfica 3 que 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 el 48% de los casos (n=36), seguido del grupo entre 18-39 años con un 32% de los casos (n=24).

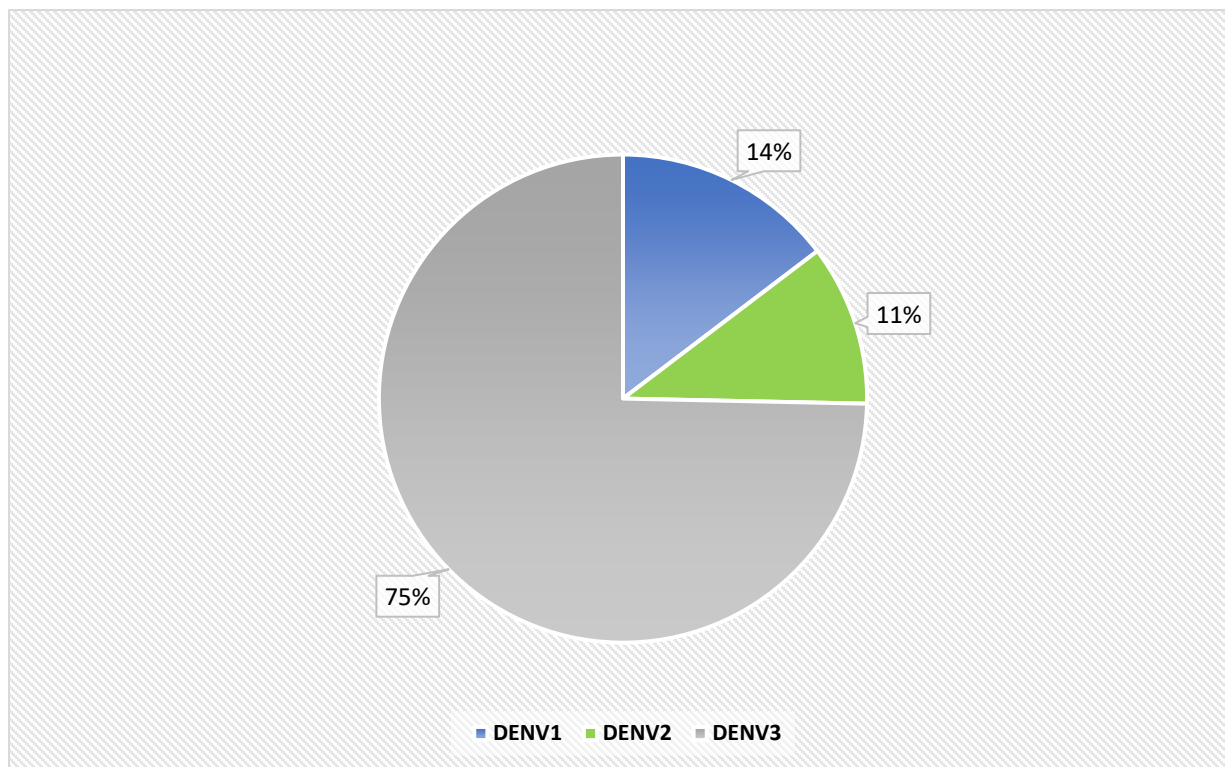
Gráfica 3. Casos por grupo etario y sexo de muestras secuenciadas localmente, del 19 de julio al 19 de septiembre del 2024 (n=75).



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

En el proceso de secuenciación se confirmó el serotipo de 75 muestras. En la Gráfica 4, se observa que continúan circulando simultáneamente tres serotipos de dengue, de los cuales el 75% de casos corresponden a DENV 3 (n=56), el 14% a DENV 1 (n=11) y el 11% DENV 2 (n=8). Cabe señalar que en este proceso de secuenciación no fueron incluidas muestras correspondientes al serotipo DENV 4, ya que las muestras no cumplían con los criterios de selección previamente mencionados.

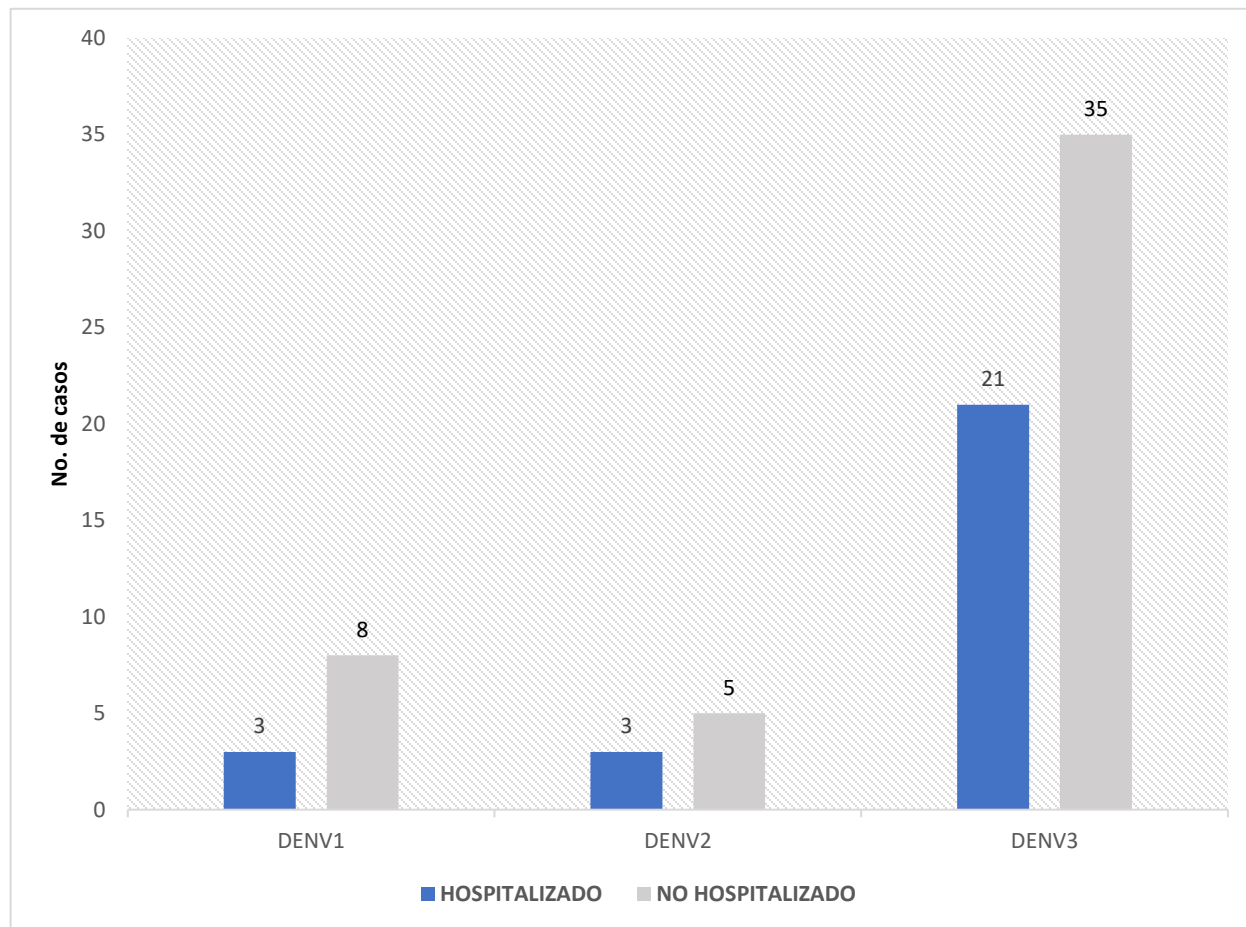
Gráfica 4. Número de muestras por serotipo de dengue secuenciadas localmente, del 19 de julio al 19 de septiembre del 2024 (n=75).



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. Se observa que el 36 % (n=27) de los casos fueron hospitalizados, en este proceso de secuenciación no se identificaron pacientes fallecidos para ninguno de los serotipos de dengue.

Grafica 5. Resolución de casos según serotipo de dengue secuenciadas localmente, del 19 de julio al 19 de septiembre del 2024 (n=75).

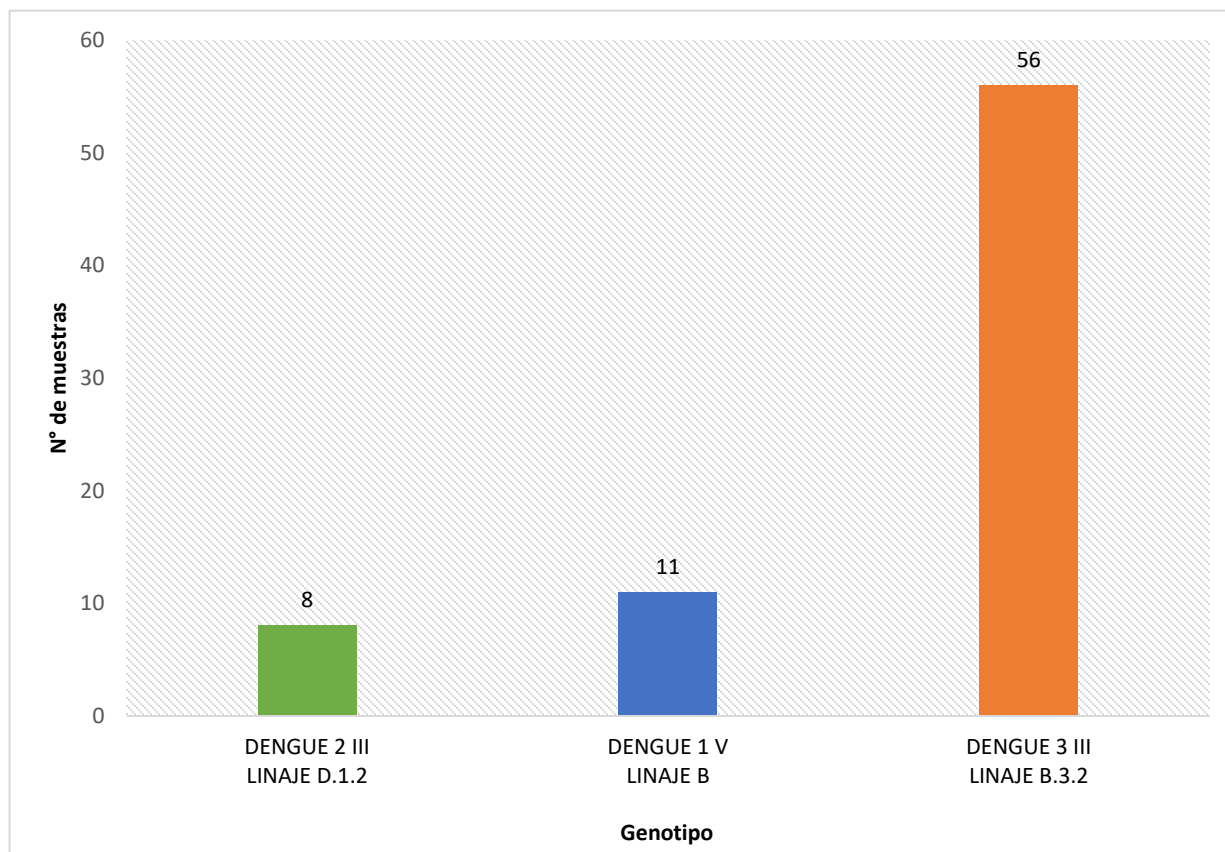


Fuente: Dirección del Laboratorio Nacional de Salud –DLNS–.

En la Gráfica 6 se presentan los resultados de la secuenciación de dengue por genotipos y linajes. En este informe, es importante mencionar que se utilizó una nueva herramienta para la asignación de linajes, por lo cual se observa que hay un cambio en la nomenclatura específicamente para el caso de DENV 3. Sin embargo, esto no implica que sea un nuevo linaje, sino que el cambio obedece a una actualización de linajes más específicos.

Para DENV 3, se detectó el genotipo III linaje B.3.2, el cual continúa siendo predominante con un 75% de los casos (n=56). A continuación, se detectó para DENV 1 el genotipo V linaje B, que constituye el 15% de los casos (n=11). Finalmente, para DENV 2 se identificó el genotipo III linaje D.1.2, que abarca el 11% (n=8) de los casos secuenciados.

Gráfica 6. Número de muestras por genotipo de dengue secuenciadas localmente, del 19 de julio al 19 de septiembre del 2024 (n=75).

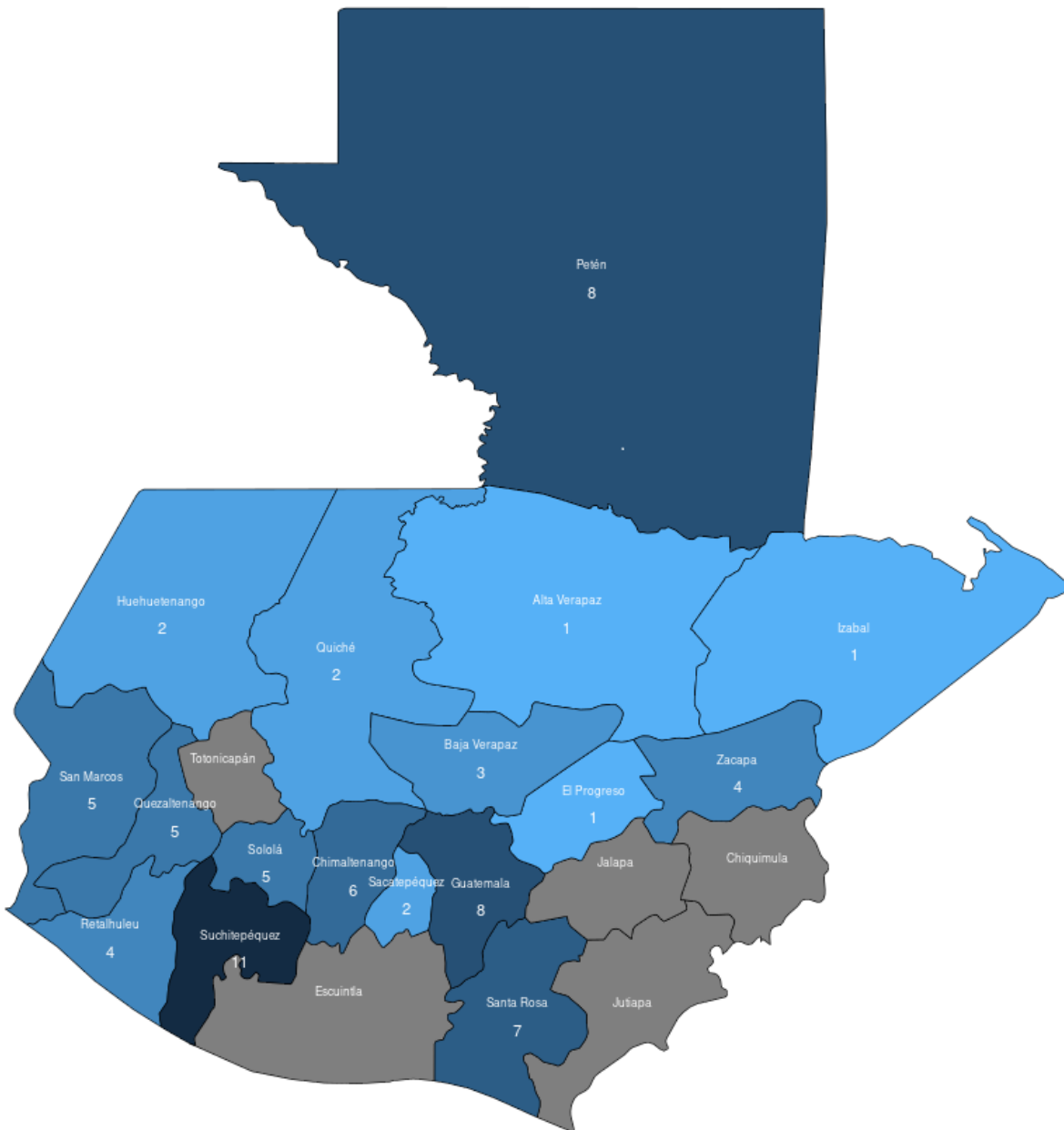


Fuente: Dirección del Laboratorio Nacional de Salud –DLNS–.

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 Suchitepéquez con 11, Guatemala y Petén con 8 cada uno. Cabe resaltar que, en este informe se presenta la primera secuencia genómica efectiva de Izabal. Finalmente, se resalta la importancia de continuar la vigilancia genómica de dengue en Guatemala y contribuir a la toma de decisiones en salud.



Imagen 1 Casos de dengue secuenciados localmente por departamento, del 19 de julio al 19 de septiembre del 2024 (n=75).



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