

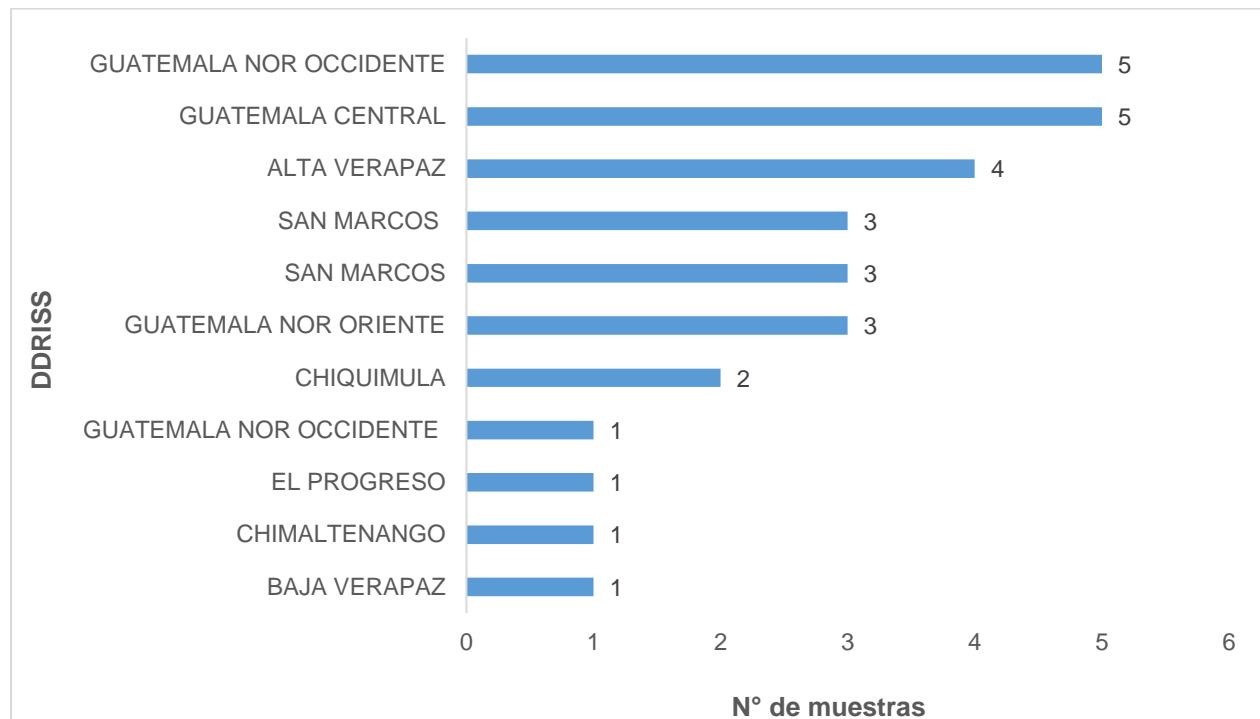
## INFORME VIGILANCIA GENÓMICA INFLUENZA 2024

VES-FLU-03-11-2024

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 **29** 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 11 de octubre al 07 de noviembre 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 11 de octubre al 07 de noviembre del 2024 (n=29).**



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

De las muestras ingresadas, todas cumplieron los criterios de inclusión para el proceso de secuenciación local (n=29). Se obtuvo la secuencia genómica efectiva de 27 muestras, de las cuales se identificaron los subtipos de influenza A y linajes de influenza B (Gráfica 2).

De acuerdo a la Iniciativa Global para Compartir Todos los Datos de Influenza (GISAID, por sus siglas en inglés), a nivel global circula principalmente el virus A/H1 y se ven en aumento los casos de influenza tipo B/Victoria. En menor proporción circulan influenza A/H3, así como la influenza aviar A/H5 que se debe continuar monitoreando.

**Imagen 1. Situación global del virus de la influenza en las últimas 5 semanas epidemiológicas.**

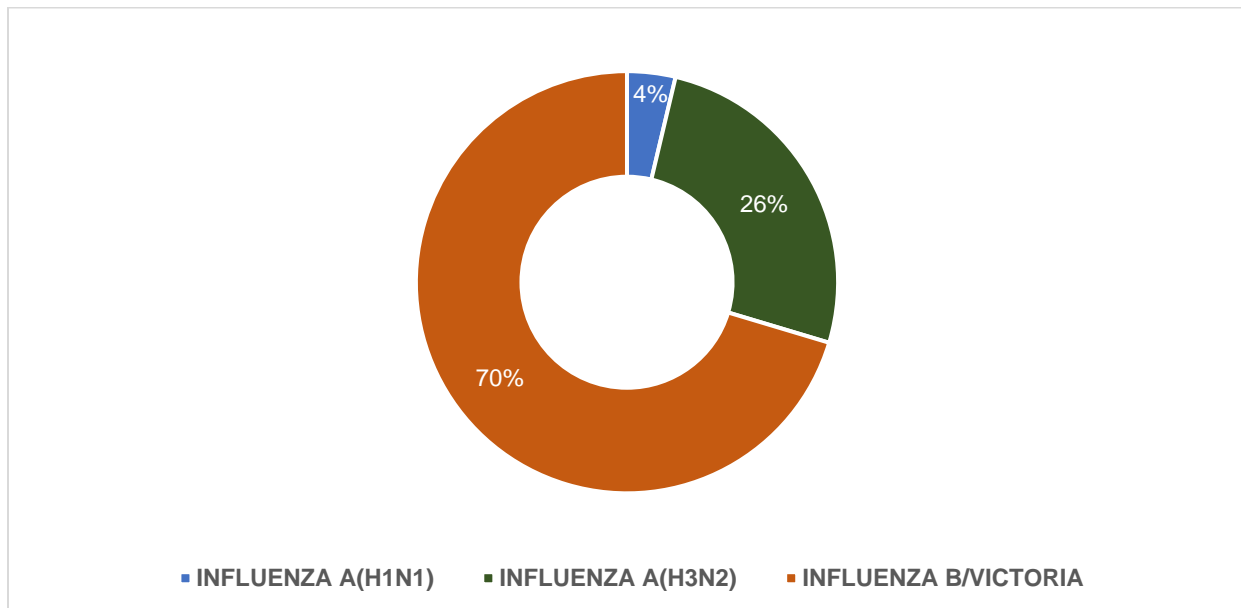


Fuente: GISAID (datos actualizados al 19 de noviembre 2024).

De acuerdo a la Organización Panamericana de la Salud (OPS), la situación regional la actividad de ETI e IRAG en las últimas 4 semanas epidemiológicas ha mostrado una tendencia general a la baja. En la subregión América Central la actividad de influenza se mantiene en niveles bajos, por debajo del umbral epidémico en la mayoría de países y la mayoría de casos se atribuyen al tipo B/Victoria.

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 (n=19), seguido de influenza A(H3N2) (n=7) y solamente un caso de influenza A(H1N1) (n=1).

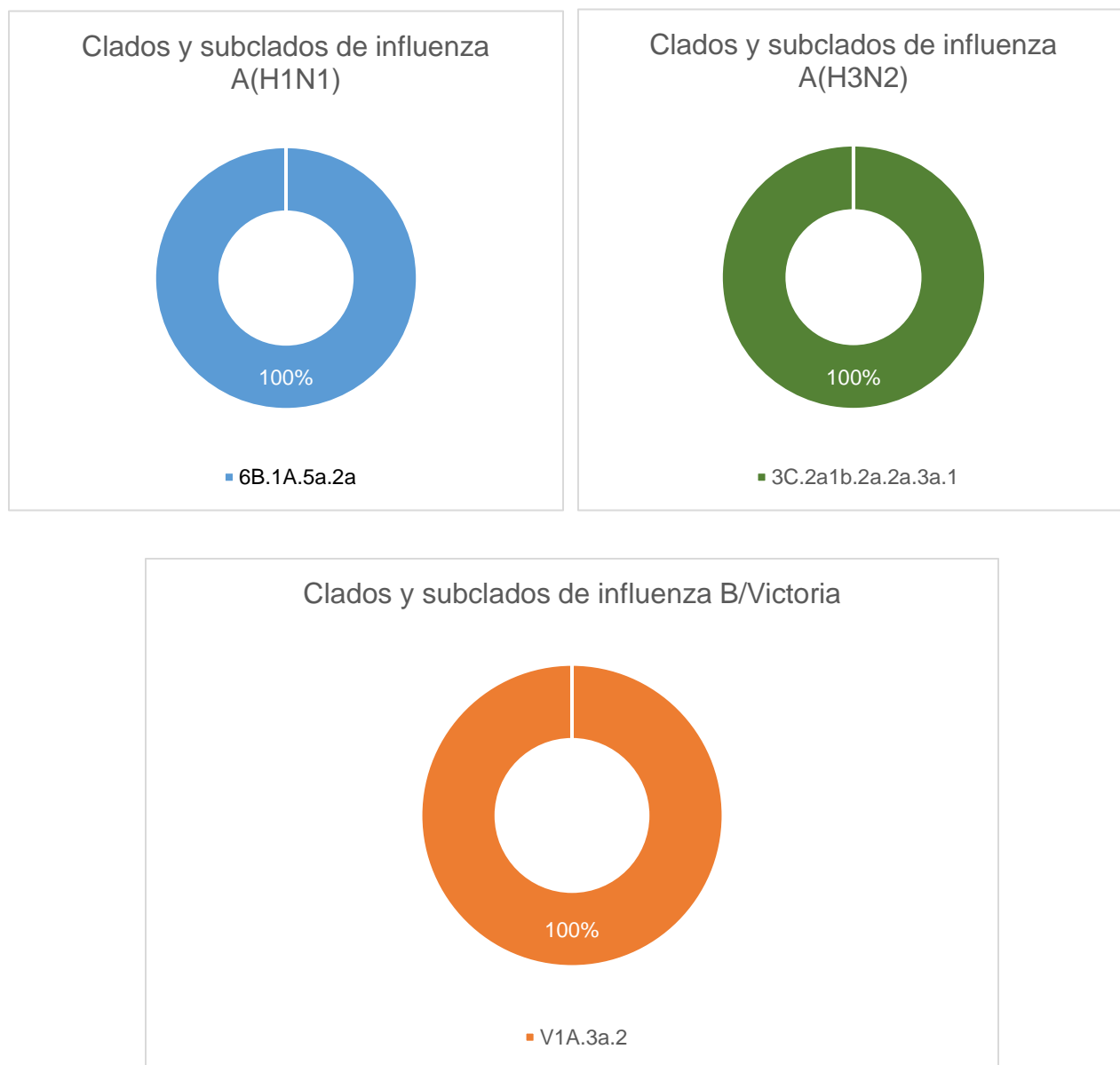
**Gráfica 2. Porcentaje de muestras por subtipos (influenza A) y linajes (influenza B) de influenza secuenciadas la DLNS, del 11 de octubre al 07 de noviembre del 2024 (n=27).**



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(H1N1) el clado 6B.1A.5a.2a es el que circula (n=1); de influenza A(H3N2) el clado 3C.2a1b.2a.2a.3a.1 es el que circula en este período (n=7); por último, de influenza B/Victoria circula únicamente el clado V1A.3a.2 (n=19).

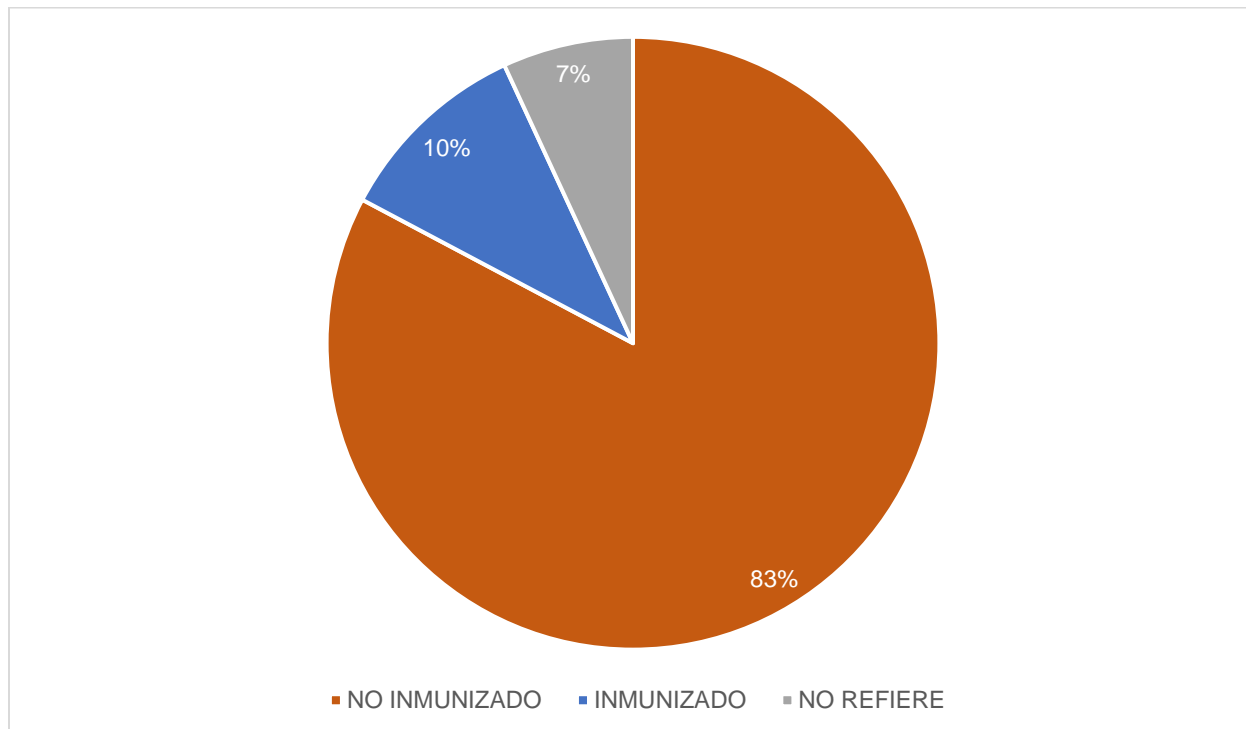
**Gráfica 3. Número de muestras de influenza según clados y sus respectivos subclados secuenciadas en la DLNS, del 11 de octubre al 07 de noviembre del 2024.**



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 83% (n=24) de las personas no están inmunizadas, y únicamente el 10% (n=3) de las personas refieren antecedentes de vacunación contra la influenza. Sin embargo, 7% de los casos no cuenta con este dato (n=2).

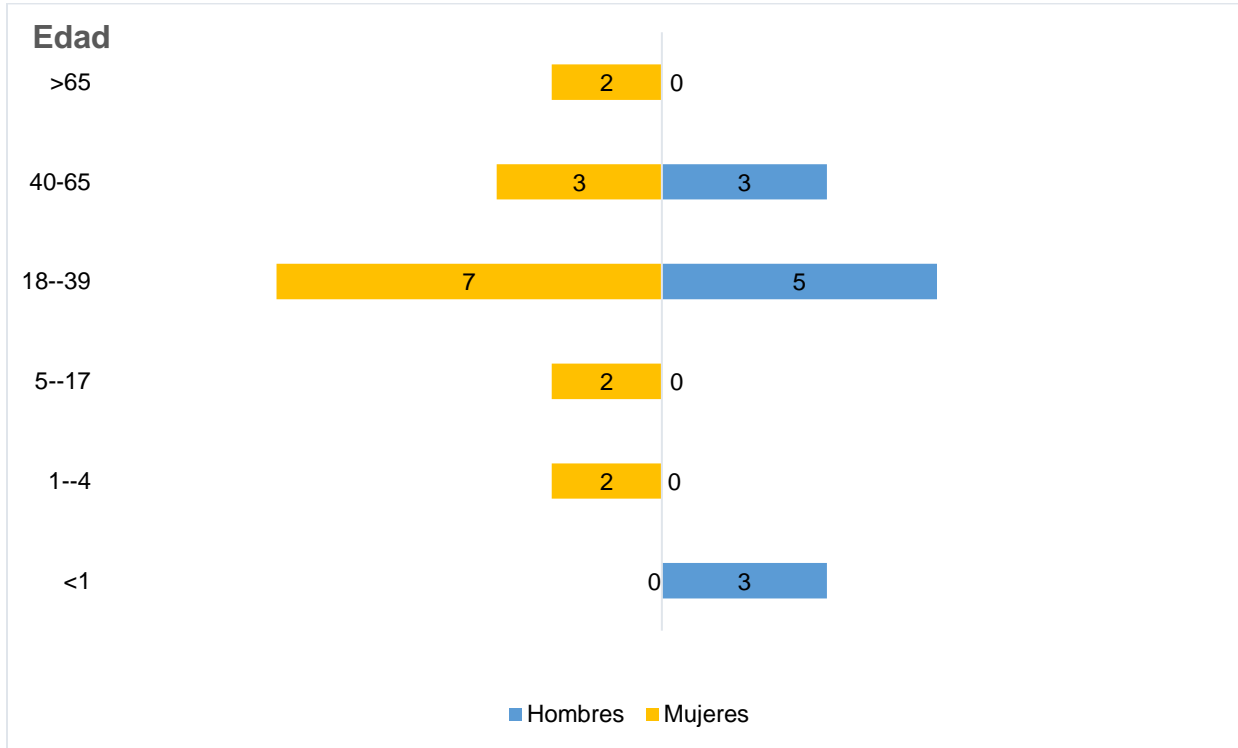
**Gráfica 4. Antecedentes de vacunación de casos de muestras ingresadas al proceso de secuenciación en la DLNS, del 11 de octubre al 07 de noviembre del 2024 (n=27).**



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.

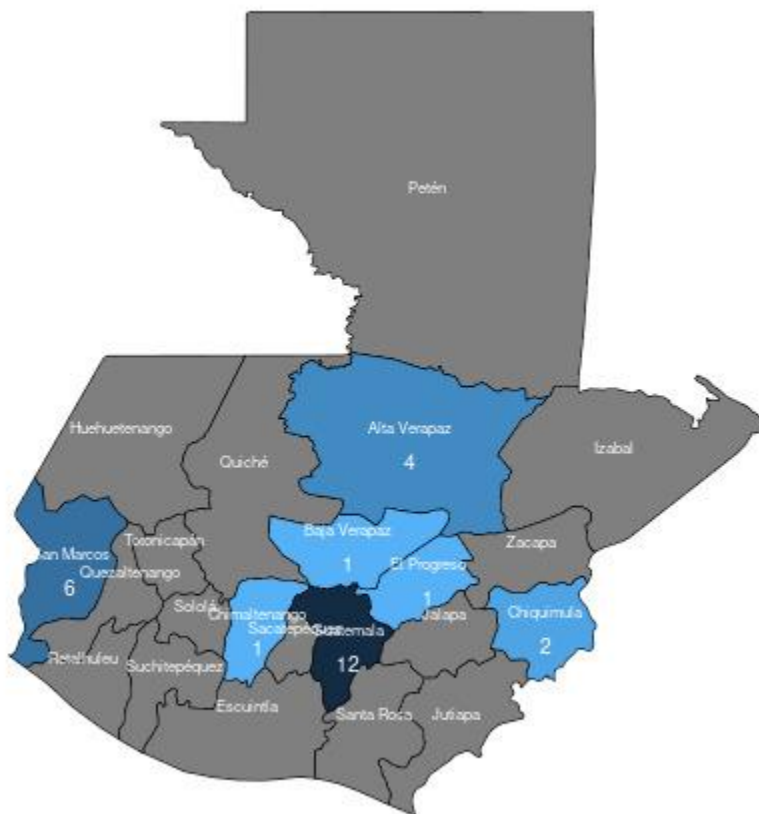
**Gráfica 5. Casos por grupo etario y sexo de muestras secuenciadas localmente, del 11 de octubre al 07 de noviembre del 2024 (n=27).**



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 Guatemala (n=12), San Marcos (n=6) y Alta Verapaz (n=4).

**Imagen 2. Distribución de casos de influenza secuenciados en la DLNS por departamento, del 11 de octubre al 07 de noviembre del 2024 (n=27).**



Fuente: Dirección del Laboratorio Nacional de Salud.