



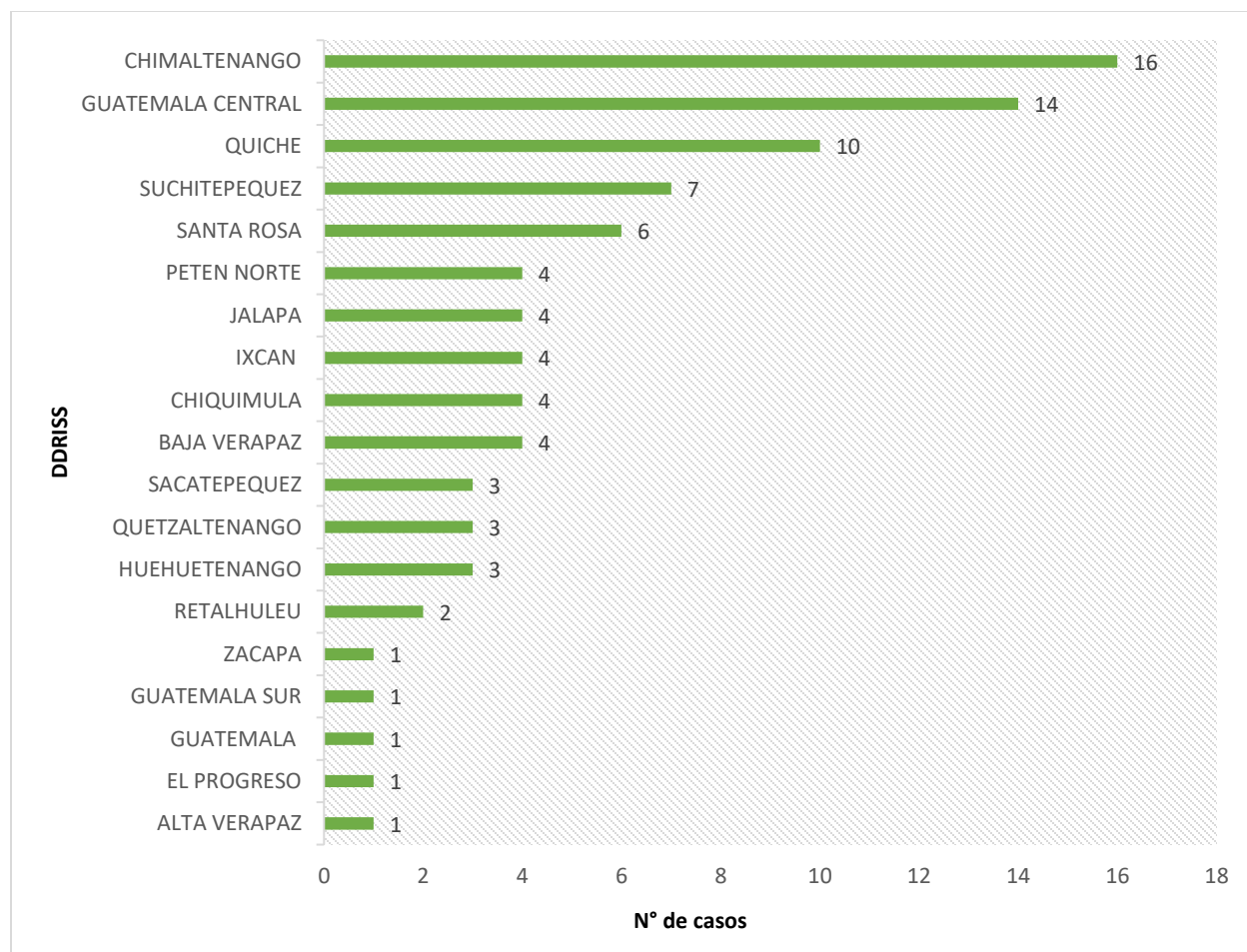
INFORME VIGILANCIA GENÓMICA DENGUE 2024

VES-DENV-03-12-2024

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.

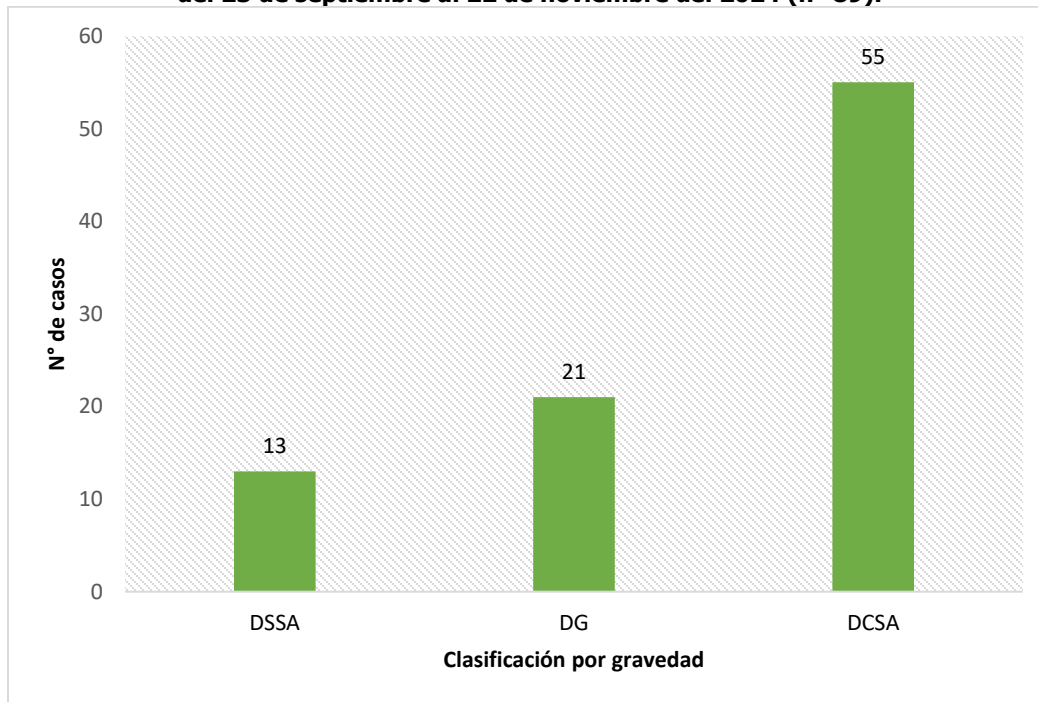
La Gráfica 1 corresponde al ingreso a la Sección de Secuenciación (VES) de 89 muestras, las cuales fueron seleccionadas por la Unidad de Arbovirosis (UA) de los envíos de las diferentes Direcciones Departamentales de Redes Integradas de Servicios de Salud (DDRIS), de la fecha del 23 de septiembre al 22 de noviembre 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 en la Gráfica 2.

Gráfica 1. Muestras ingresadas del virus del dengue para el proceso de secuenciación, por DDRIS, del 23 de septiembre al 22 de noviembre del 2024 (n=89).



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

Gráfica 2. Clasificación de casos según gravedad¹ de muestras ingresadas al proceso de secuenciación, del 23 de septiembre al 22 de noviembre del 2024 (n=89).



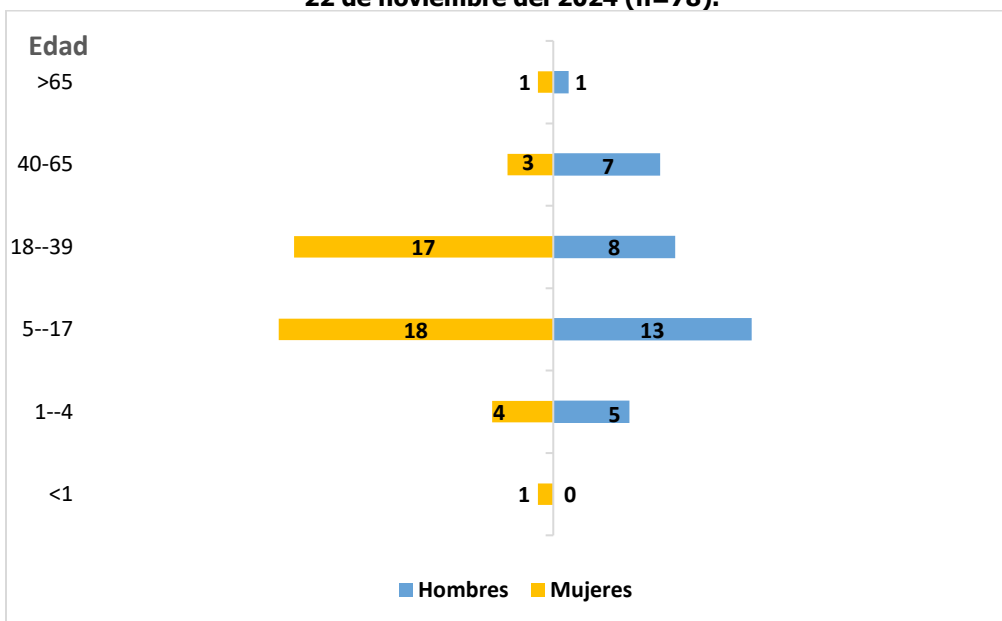
¹DCSA= dengue con signos de alarma, DSSA= dengue sin signos de alarma, DG= dengue grave.

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 78 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 con secuencias genómicas efectivas, se observa que tanto el grupo masculino y femenino entre 5-17 años representan el 41% de los casos (n=31), seguido del grupo entre 18-39 años con un 33% de los casos (n=25).

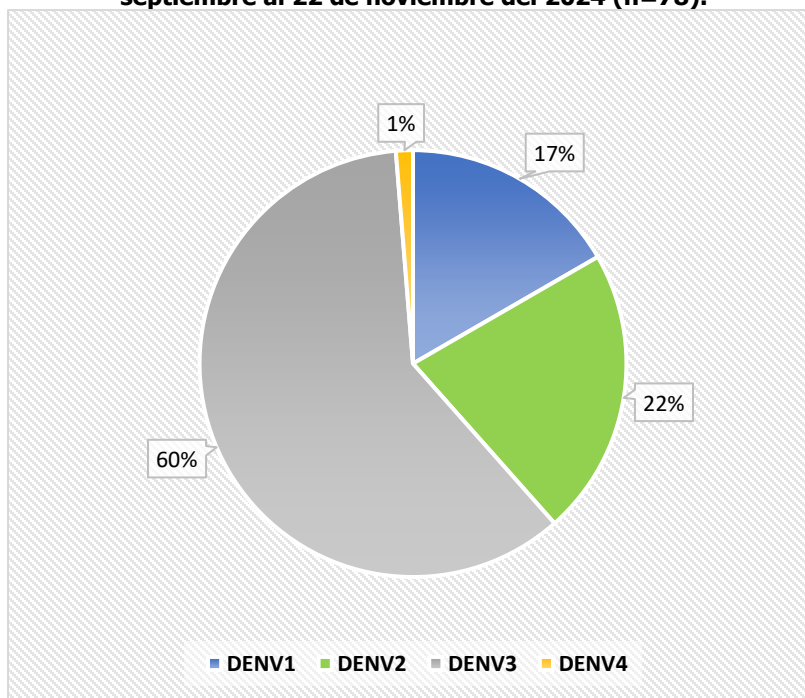
Gráfica 3. Casos por grupo etario y sexo de muestras secuenciadas localmente, del 23 de septiembre al 22 de noviembre del 2024 (n=78).



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

En el proceso de secuenciación se confirmó el serotipo de 78 muestras. En la Gráfica 4, se observa que actualmente continúan circulando simultáneamente los cuatro serotipos de dengue, de los cuales el 60% de casos corresponden a DENV 3 (n=47), el 22% a DENV 2 (n=17), el 17% DENV 1 (n=13) y el 1% DENV 4 (n=1).

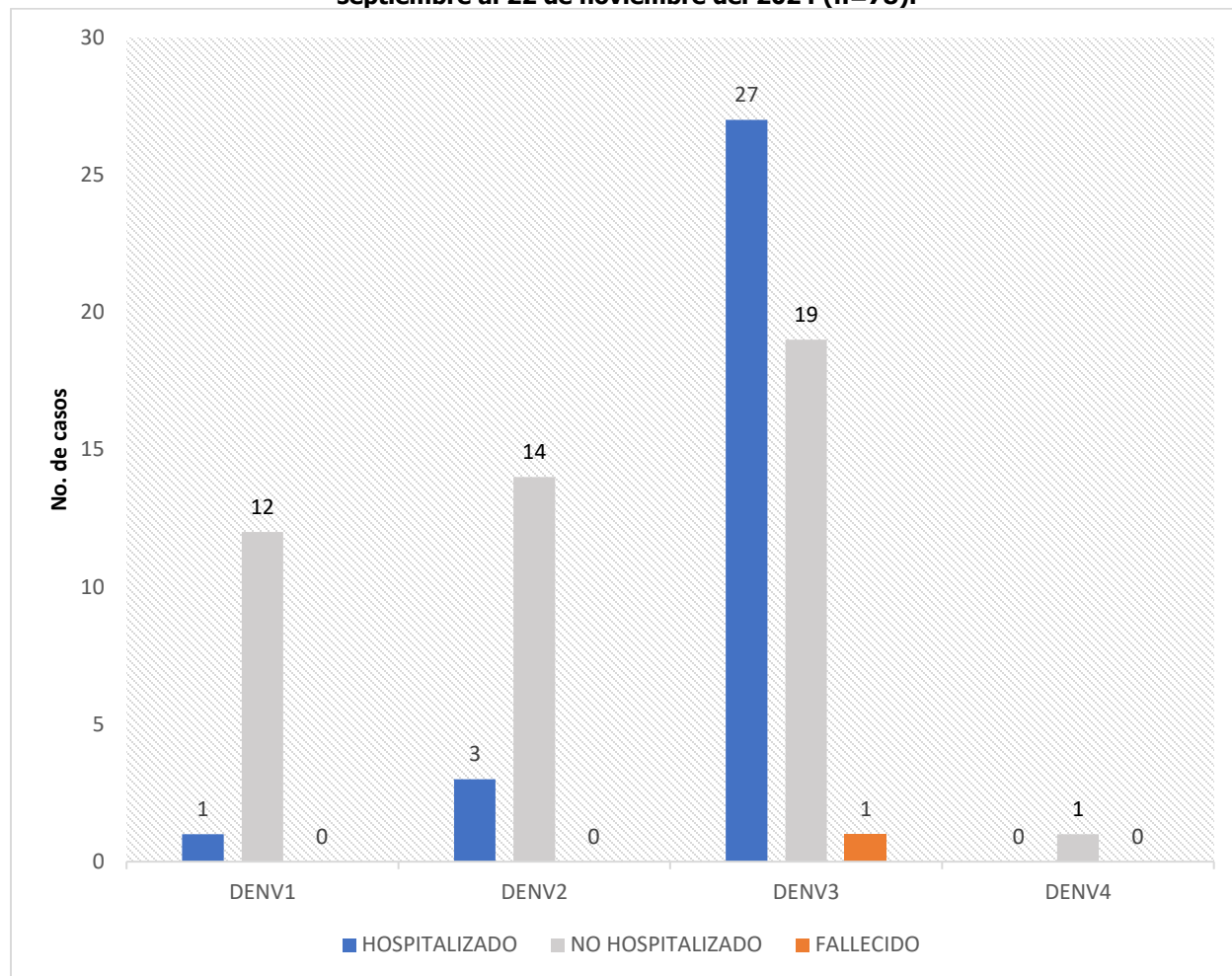
Gráfica 4. Porcentaje de muestras por serotipo de dengue secuenciadas localmente, del 23 de septiembre al 22 de noviembre del 2024 (n=78).



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 número de pacientes no hospitalizados (n=45) es mayor que los que sí fueron hospitalizados (n=31). Se observa que la mayor cantidad de hospitalizados corresponden a pacientes con infección por DENV 3 (n=27). Por último, se resalta que en este proceso de secuenciación se identificó un paciente fallecido para el serotipo DENV 3.

Gráfica 5. Resolución de casos según serotipo de dengue secuenciadas localmente, del 23 de septiembre al 22 de noviembre del 2024 (n=78).

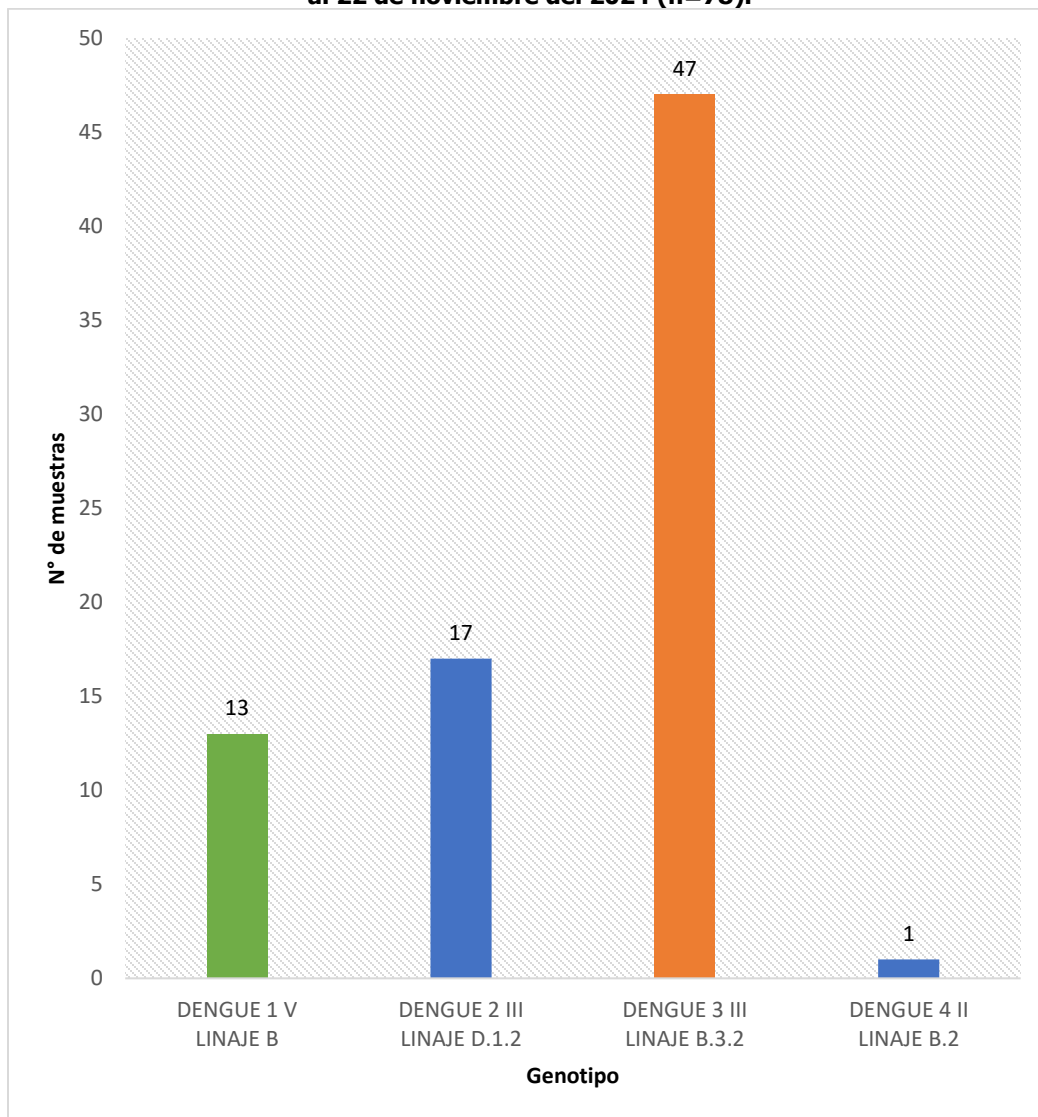


Fuente: Dirección del Laboratorio Nacional de Salud –DLNS-.



Para DENV 3, se detectó el genotipo III linaje B.3.2, el cual continúa siendo predominante con un 60% de los casos (n=47). Se detectó para DENV 2 el genotipo III linaje D.1.2, que abarca el 22% (n=17), para DENV 1 se identificó el genotipo V linaje B, que constituye el 17% de los casos (n=13). Finalmente para DENV 4 se identificó el genotipo II Linaje B.2 representando el 1% (n=1) de los casos secuenciados.

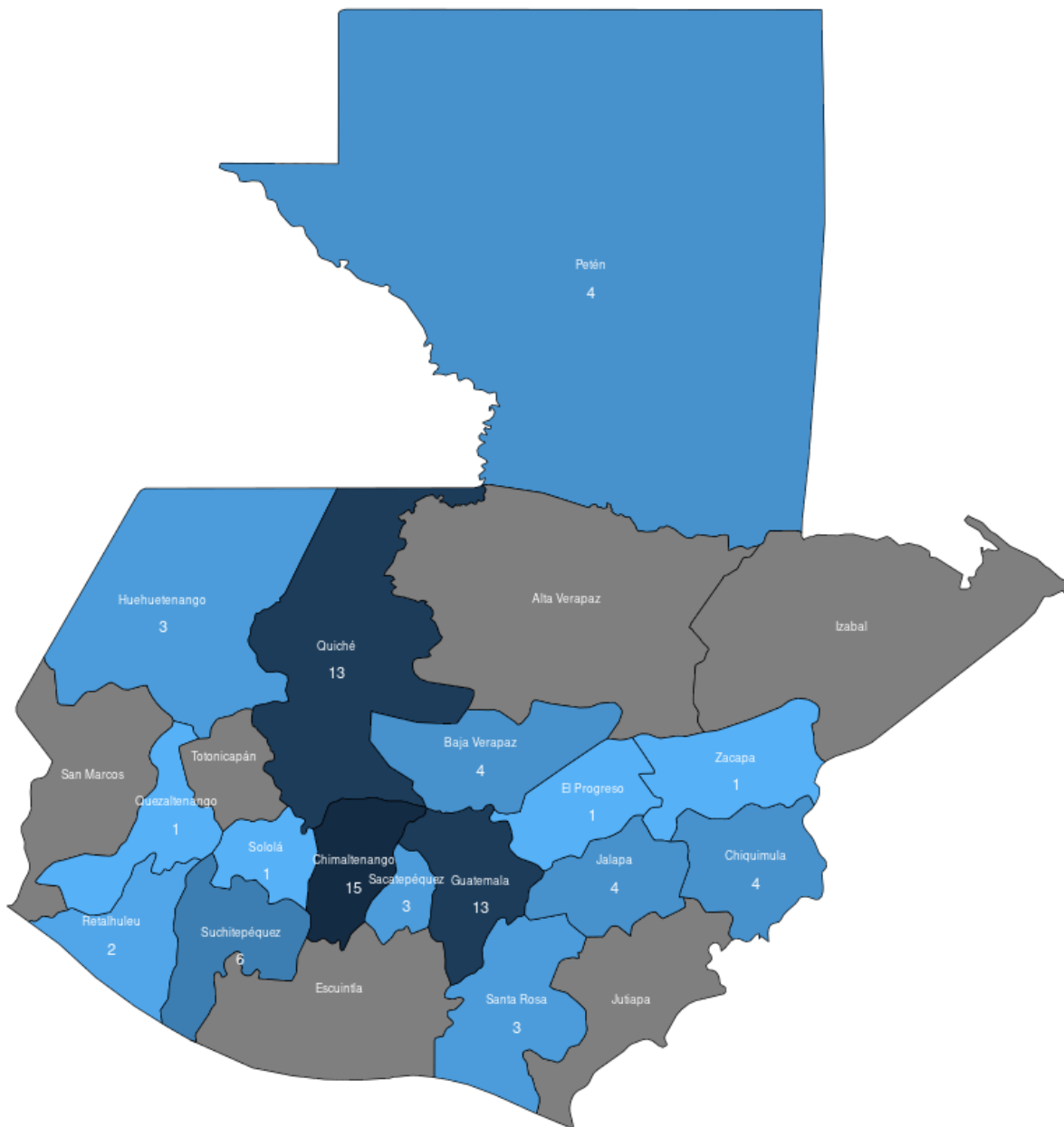
Gráfica 6. Número de muestras por genotipo de dengue secuenciadas localmente, del 23 de septiembre al 22 de noviembre del 2024 (n=78).



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 Chimaltenango con 15 casos, Guatemala y Quiché con 13 casos cada uno. 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. Distribución de casos de dengue secuenciados localmente por departamento, del 23 de septiembre al 22 de noviembre del 2024



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