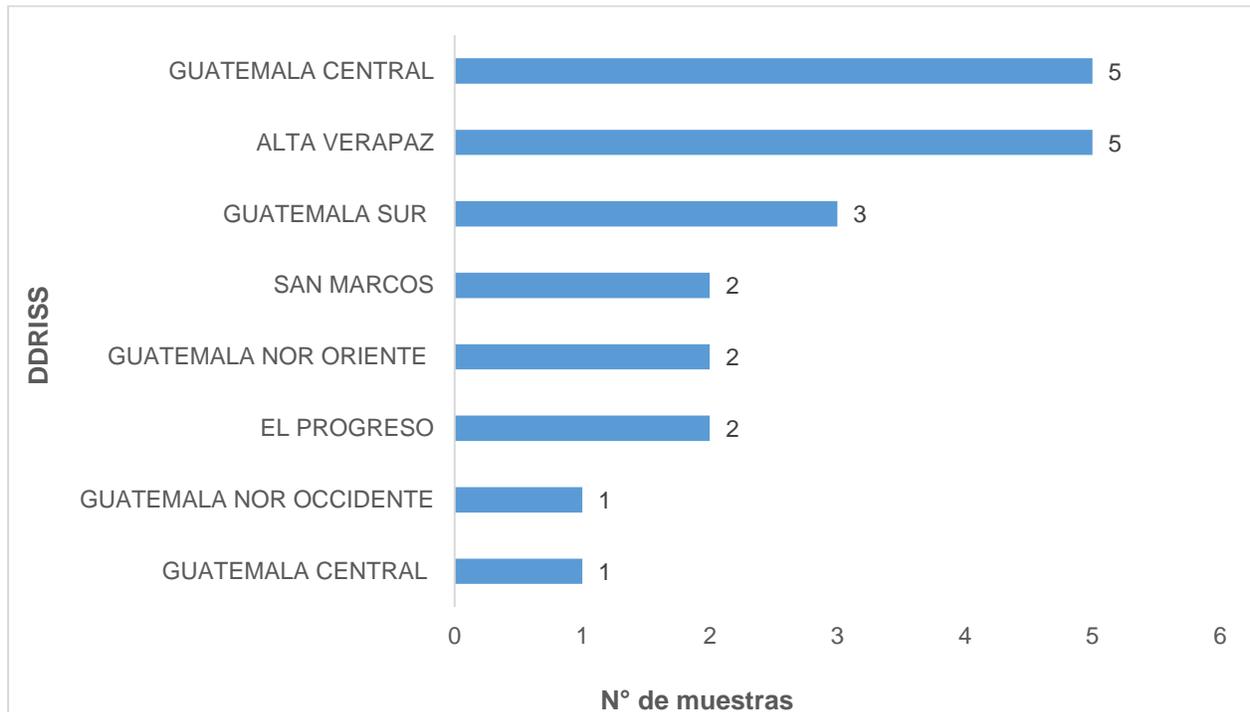


INFORME VIGILANCIA GENÓMICA INFLUENZA 2024 VES-FLU-04-12-2024

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 **21** 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 13 de noviembre al 16 de diciembre 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 13 de noviembre al 16 de diciembre del 2024 (n=21).

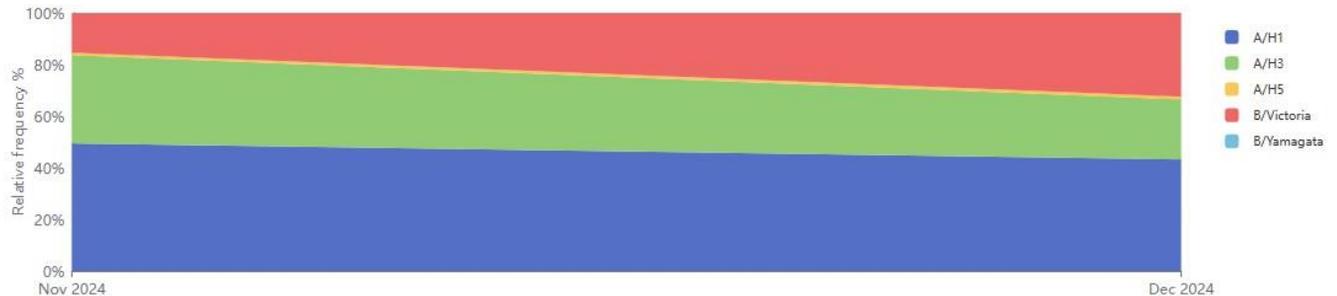


Fuente: Dirección del Laboratorio Nacional de Salud –DLNS–.

De las muestras ingresadas, todas cumplieron los criterios de inclusión para el proceso de secuenciación local (n=21). Se obtuvo la secuencia genómica efectiva de 11 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 el cual es importante continuar monitoreando.

Imagen 1. Situación global del virus de la influenza en el mes de noviembre y diciembre 2024.

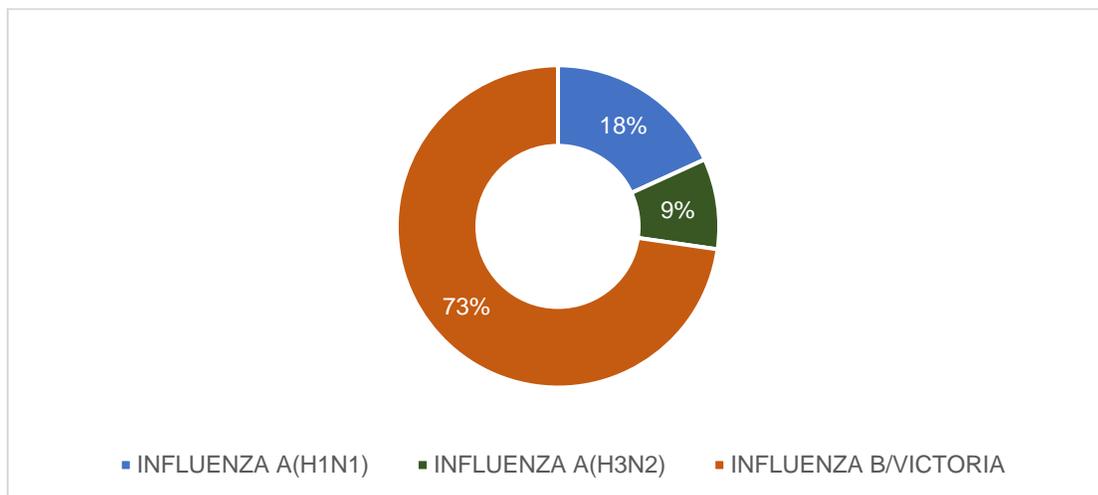


Fuente: GISAID (datos actualizados al 26 de diciembre 2024).

De acuerdo a la Organización Panamericana de la Salud (OPS), la actividad de Enfermedad Tipo Influenza (ETI) e Infección Respiratoria Aguda Grave (IRAG) ha mostrado una tendencia general a la baja en las últimas semanas, con excepción de América del Norte, donde se ha registrado un aumento de los casos ETI. Por su parte, la Influenza ha registrado un ligero aumento en algunos países de la subregión Andina, el Cono Sur, América del Norte y el Caribe. Durante las últimas semanas epidemiológicas (SE 48, 6 de diciembre 2024), los virus de influenza predominantes han sido influenza A (H1N1)pdm09, con circulación concurrente de influenza B/Victoria y, en menor medida, influenza 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 (n=8), seguido de influenza A(H1N1) (n=2) y solamente un caso de influenza A(H3N2) (n=1)

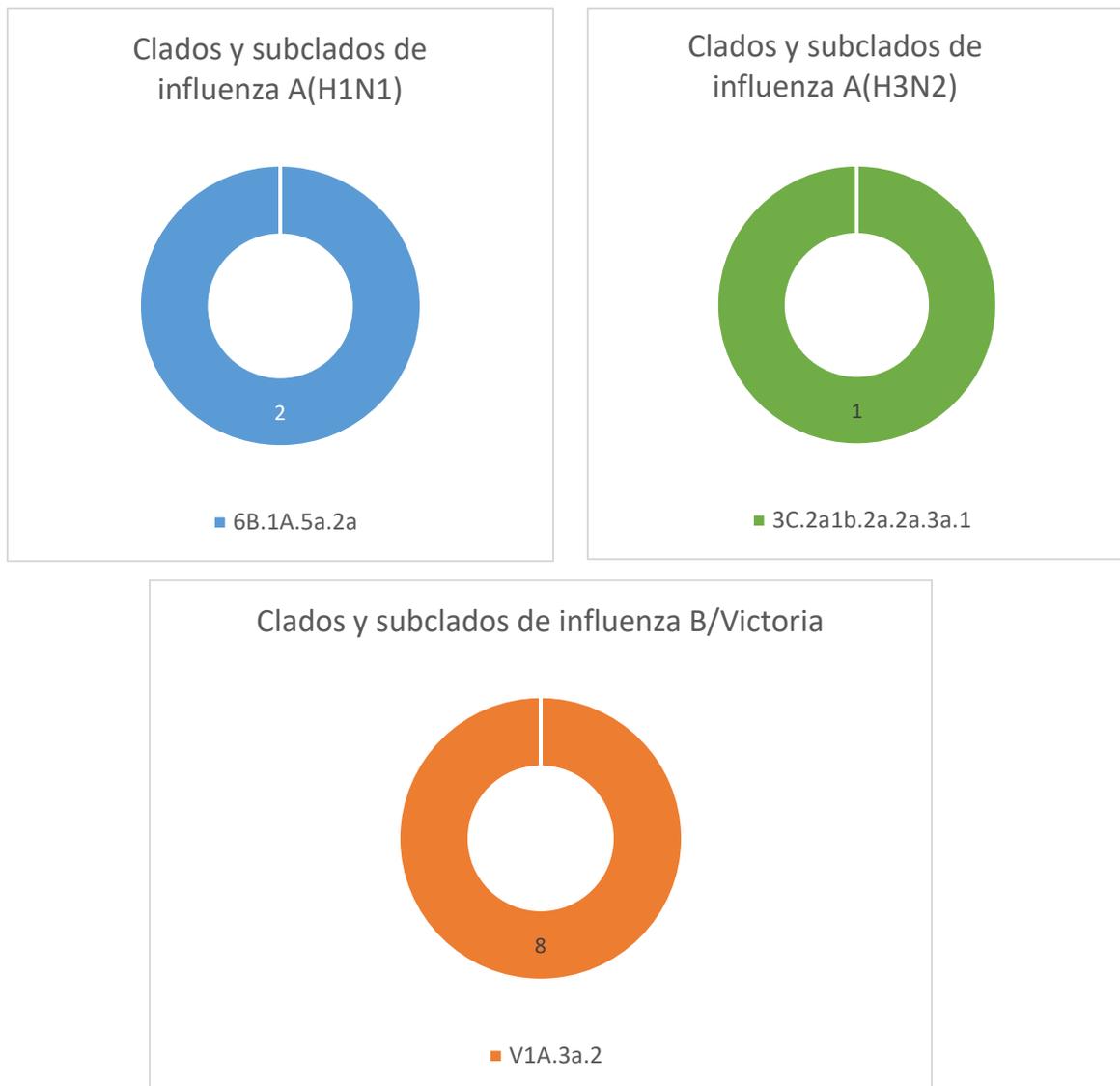
Gráfica 2. Porcentaje de muestras por subtipos (influenza A) y linajes (influenza B) de influenza secuenciadas en la DLNS, del 13 de noviembre al 16 de diciembre del 2024 (n=11).



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) circula el clado 6B.1A.5a.2a (n=2); de influenza A(H3N2) el clado 3C.2a1b.2a.2a.3a.1 (n=1) y, por último, de influenza B/Victoria circula únicamente el clado V1A.3a.2 (n=8).

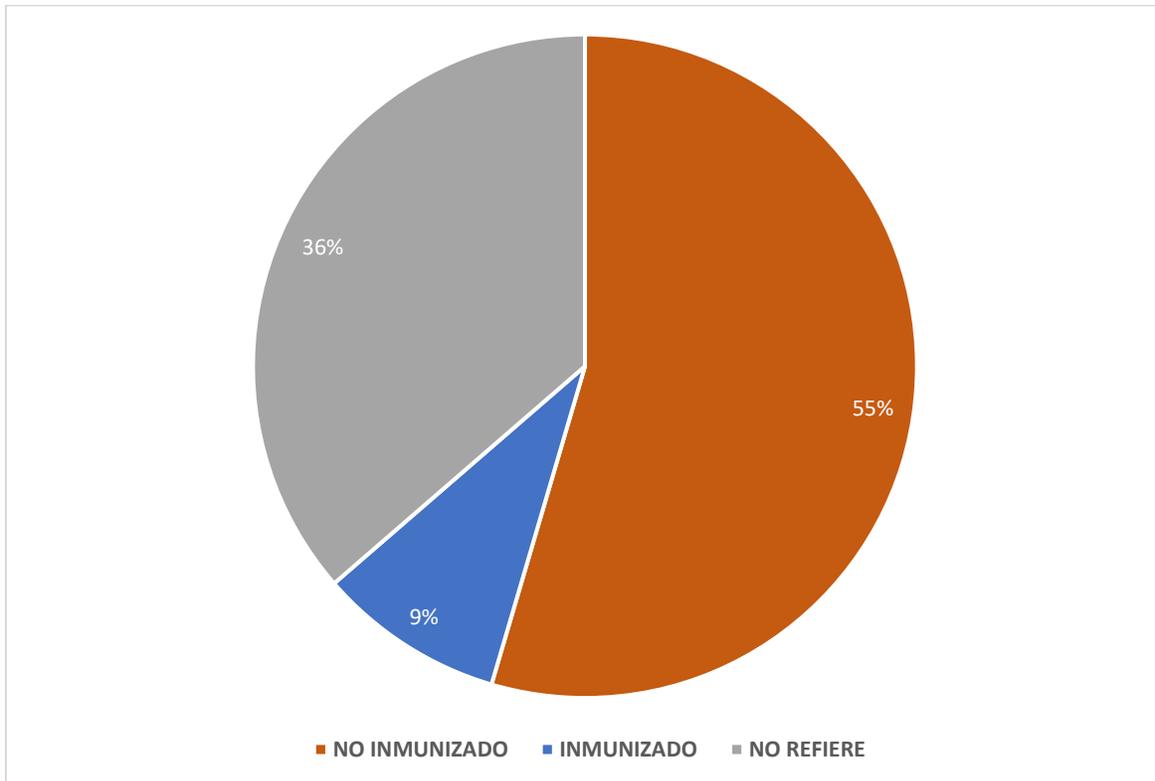
Gráfica 3. Número de muestras de influenza según clados y sus respectivos subclados secuenciados en la DLNS, del 13 de noviembre al 16 de diciembre del 2024.



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 55% (n=6) de las personas no están inmunizadas, y únicamente el 9% (n=1) de las personas refieren antecedentes de vacunación contra la influenza. Sin embargo, 36% de los casos no cuenta con este dato (n=4).

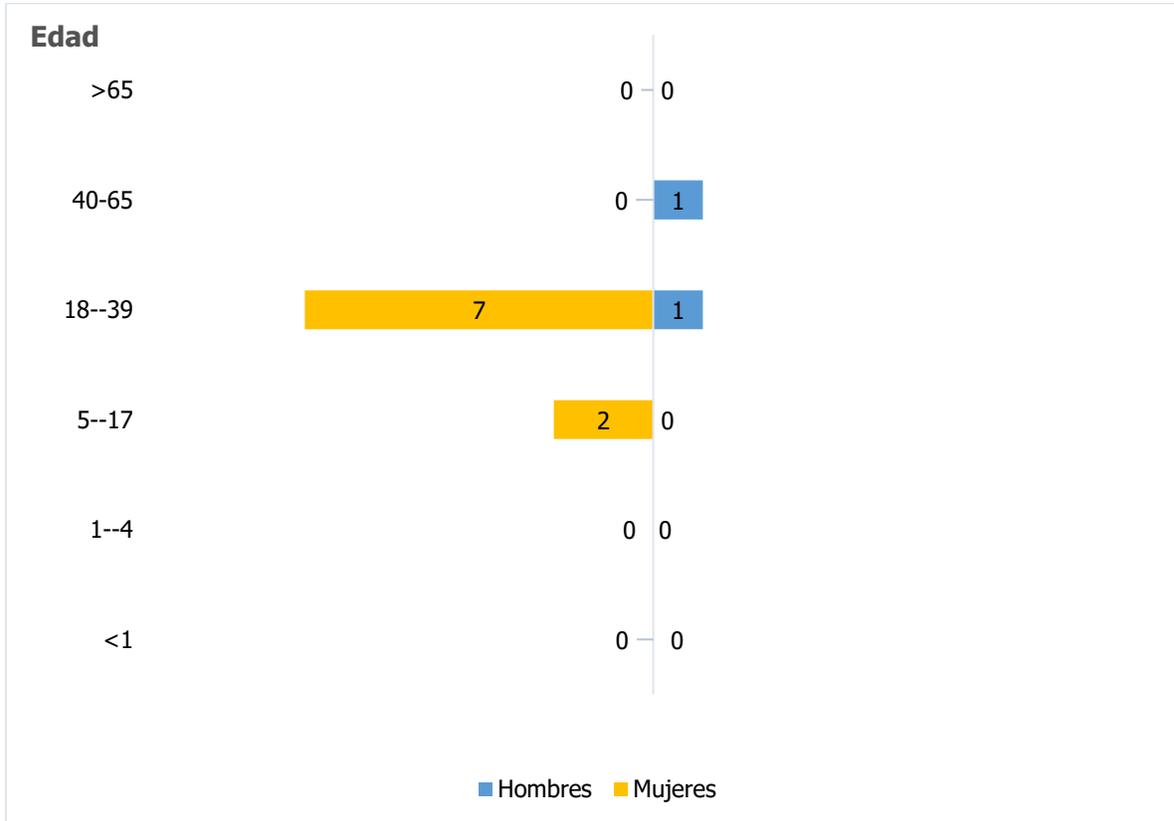
Gráfica 4. Antecedentes de vacunación de casos de muestras ingresadas al proceso de secuenciación en la DLNS, del 13 de noviembre al 16 de diciembre del 2024 (n=11).



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.

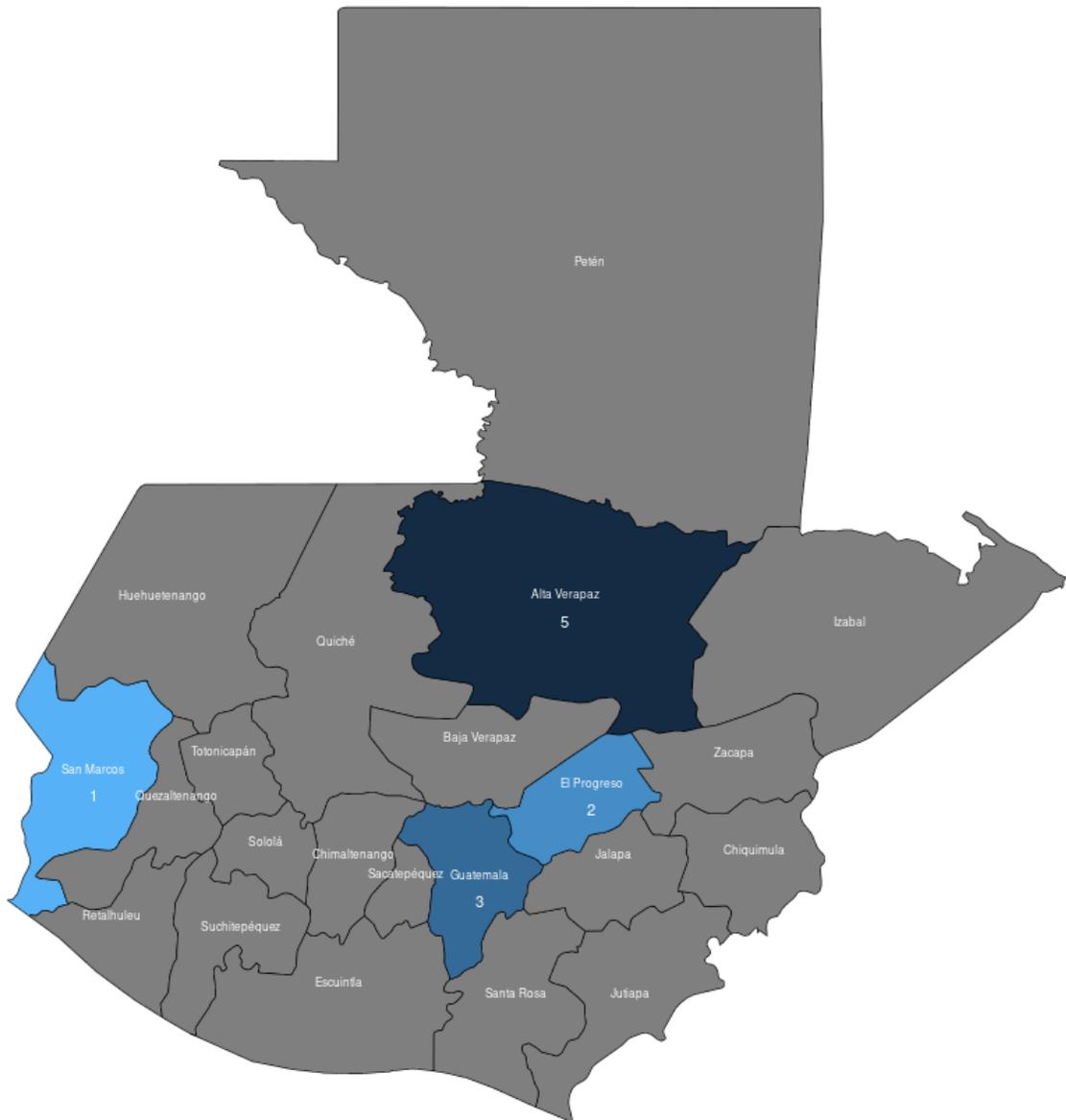
Gráfica 5. Casos por grupo etario y sexo de muestras secuenciadas localmente, del 13 de noviembre al 16 de diciembre del 2024 (n=11).



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 Alta Verapaz (n=5), Guatemala (n=3) y El Progreso (n=2)

Imagen 2. Distribución de casos de influenza secuenciados en la DLNS por departamento, del 13 de noviembre al 16 de diciembre del 2024 (n=11).



Fuente: Dirección del Laboratorio Nacional de Salud.