



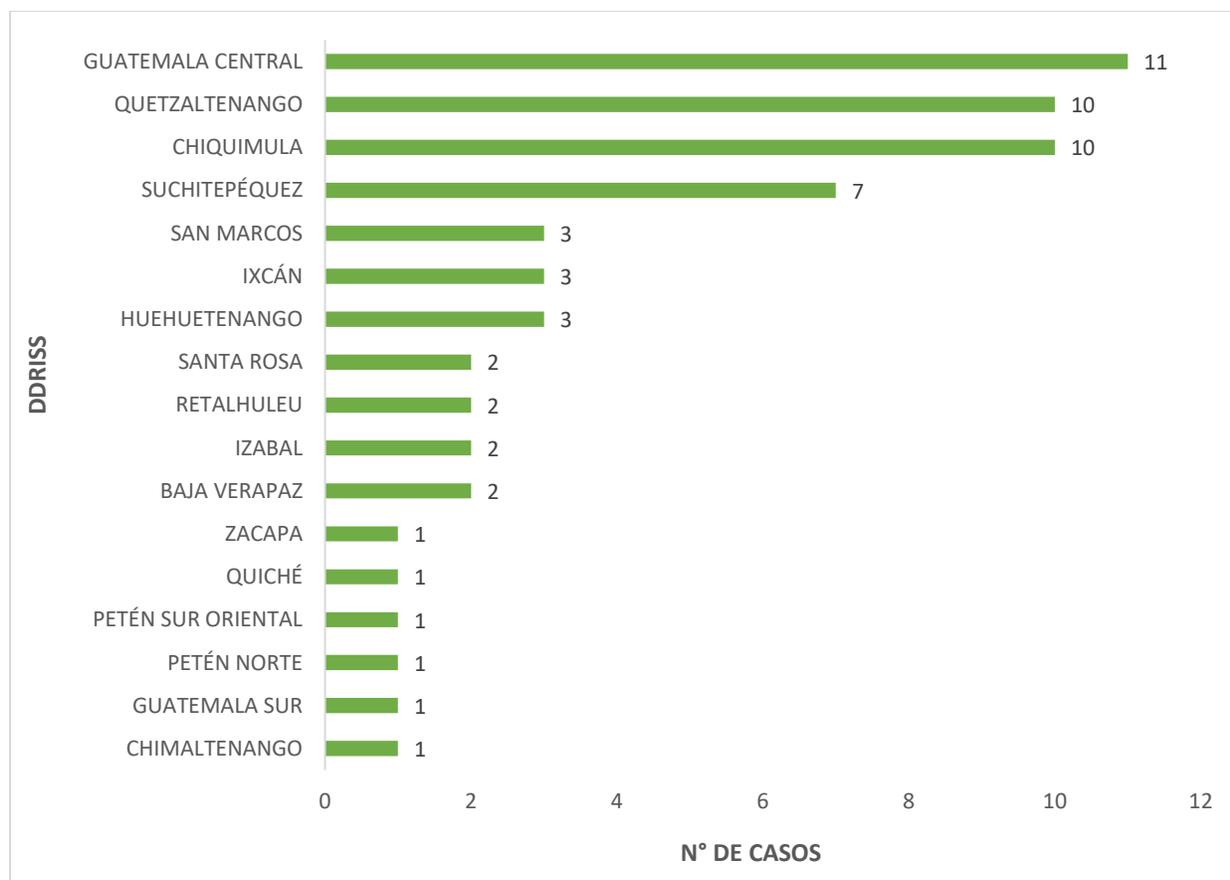
INFORME VIGILANCIA GENÓMICA DE DENGUE 2025

VES-DENV-004-04-2025

Este informe corresponde a la detección de genotipos y linajes del virus del dengue, de muestras que ingresaron a la Unidad de Arbovirosis (UA) 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 los serotipos y genotipos 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 61 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) del 29 de noviembre de 2024 al 06 de marzo de 2025. Las muestras presentadas en este informe reflejan aquellas priorizadas por la UA, las cuales incluyen casos de dengue con síntomas de alarma, dengue grave y que cumplan con los criterios de inclusión para el proceso de secuenciación.

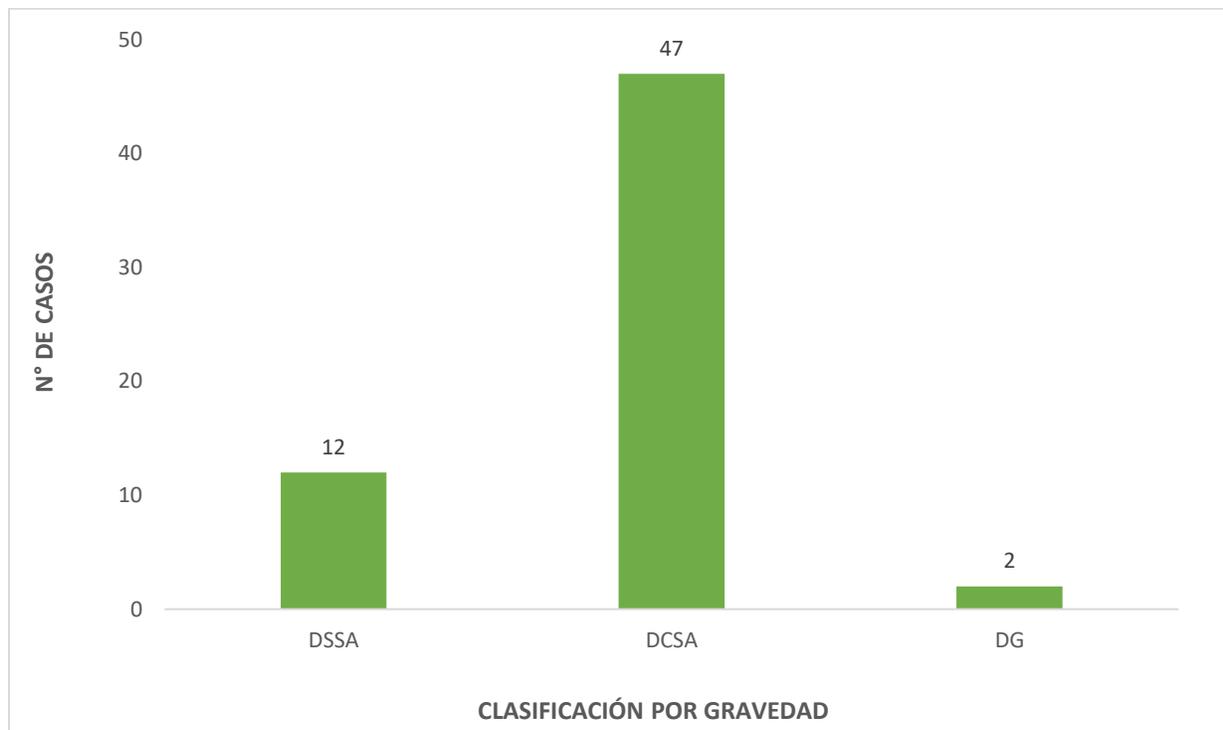
Gráfica 1. Muestras ingresadas para el proceso de secuenciación de dengue, por DDRIS, del 29 de noviembre del 2024 al 06 de marzo del 2025 (n=61).



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

En la Gráfica 2 se representan la clasificación de los casos según su gravedad: dengue con signos de alarma, dengue grave o dengue sin signos de alarma.

Gráfica 2. Clasificación de casos según gravedad¹ de muestras ingresadas al proceso de secuenciación, del 29 de noviembre del 2024 al 06 de marzo del 2025 (n=61).



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

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

De las 61 muestras que cumplieron los criterios de inclusión para el proceso de secuenciación, se obtuvo la secuencia genómica efectiva de **58** muestras.

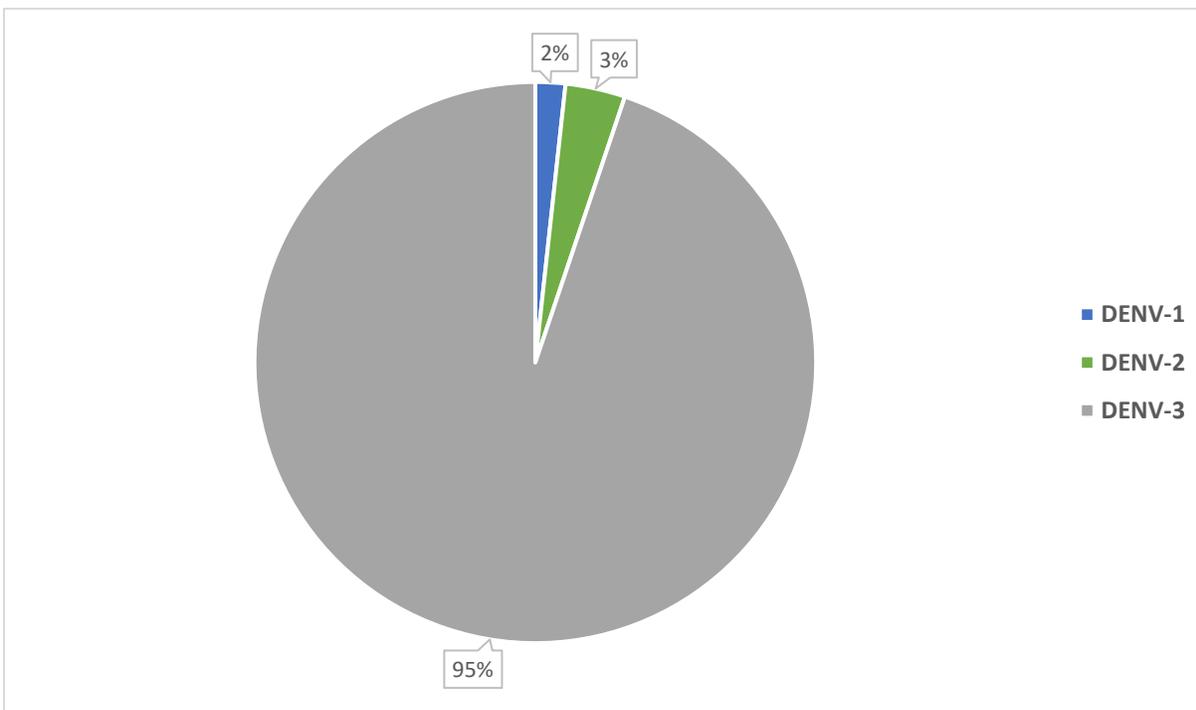
Gráfica 3. Casos por grupo etario y sexo de muestras secuenciadas localmente, del 29 de noviembre del 2024 al 06 de marzo del 2025 (n=58).



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

En el proceso de secuenciación se confirmó el serotipo de 58 muestras. En la Gráfica 4, se observa que en el periodo del 29 de noviembre del 2024 al 06 de marzo del 2025 circularon tres serotipos de dengue, de los cuales el 95% de casos corresponden a DENV-3 (n=55), el 3% a DENV-2 (n=2), y el 2% a DENV-1 (n=1).

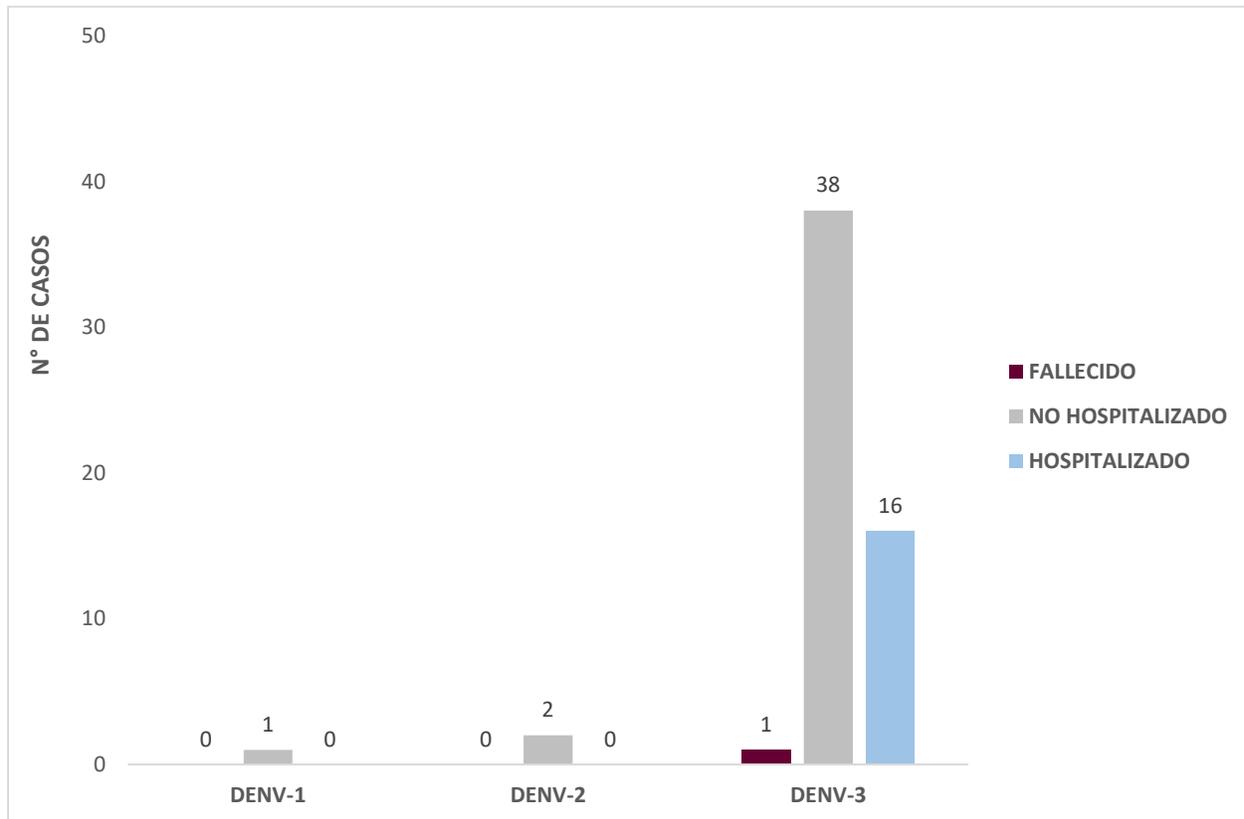
Gráfica 4. Porcentaje de muestras por serotipo de dengue secuenciadas localmente, del 29 de noviembre del 2024 al 06 de marzo del 2025 (n=58).



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

En la Gráfica 5, se muestra la resolución de los casos (fallecido, hospitalizado o no hospitalizado) por serotipo de dengue. Se observa hay un único paciente fallecido, masculino, de 3 años de edad, originario de Suchitepéquez y se identificó que tuvo un resultado positivo para el serotipo DENV-3. Cabe resaltar que los pacientes hospitalizados (n=16) también tuvieron un resultado positivo para DENV-3. Por último, la mayoría de pacientes no fueron hospitalizados (n=41).

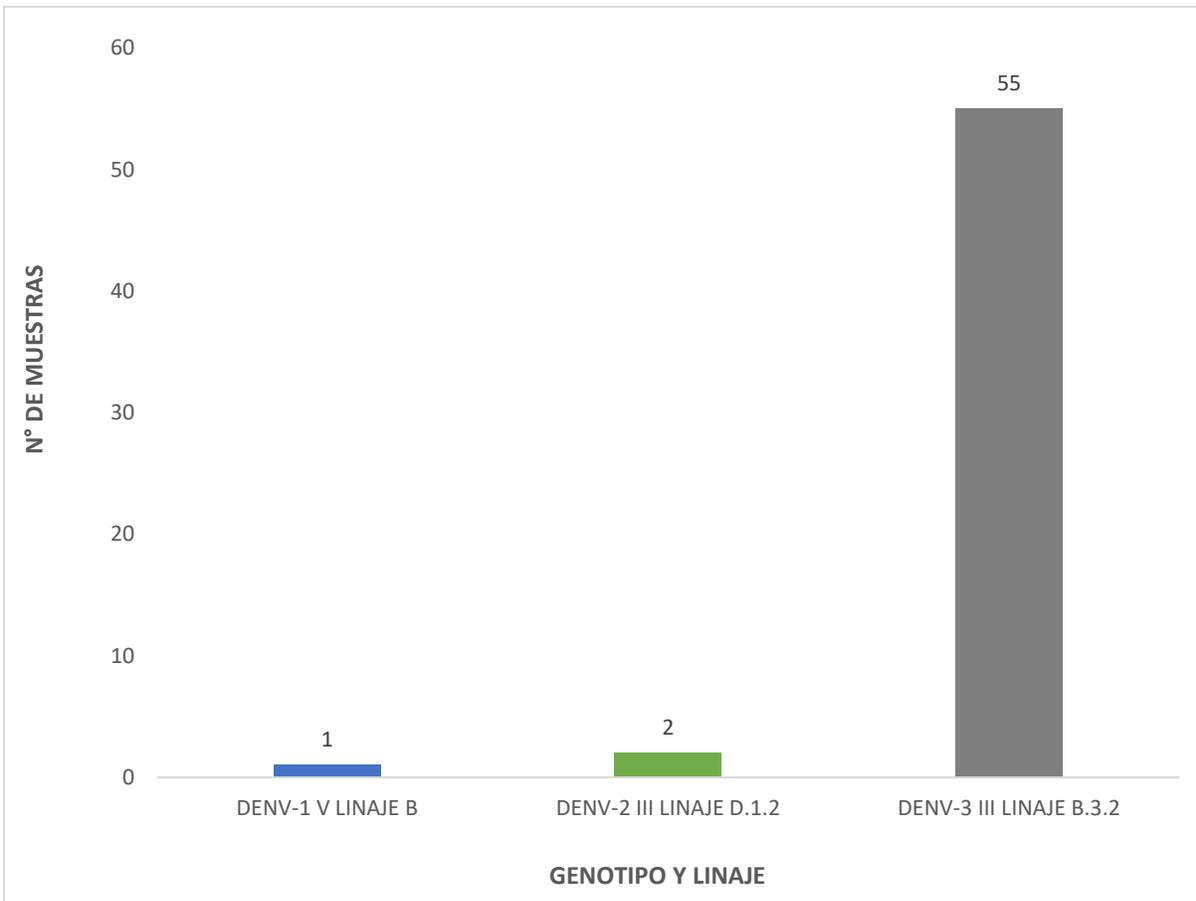
Grafica 5. Resolución de casos, según serotipo de dengue, de muestras secuenciadas localmente del 29 de noviembre del 2024 al 06 de marzo del 2025 (n=58).



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

Para el serotipo DENV-3, se detectó el genotipo III linaje B.3.2, el cual continúa siendo predominante con un 95% de los casos (n=55). Se detectó para DENV-2 el genotipo III linaje D.1.2, que incluye el 3% de muestras (n=2). En relación al serotipo DENV-1 se identificó el genotipo V linaje B, que constituye el 2% de los casos (n=1). Finalmente, cabe resaltar que en este periodo no se detectó ningún caso de DENV-4.

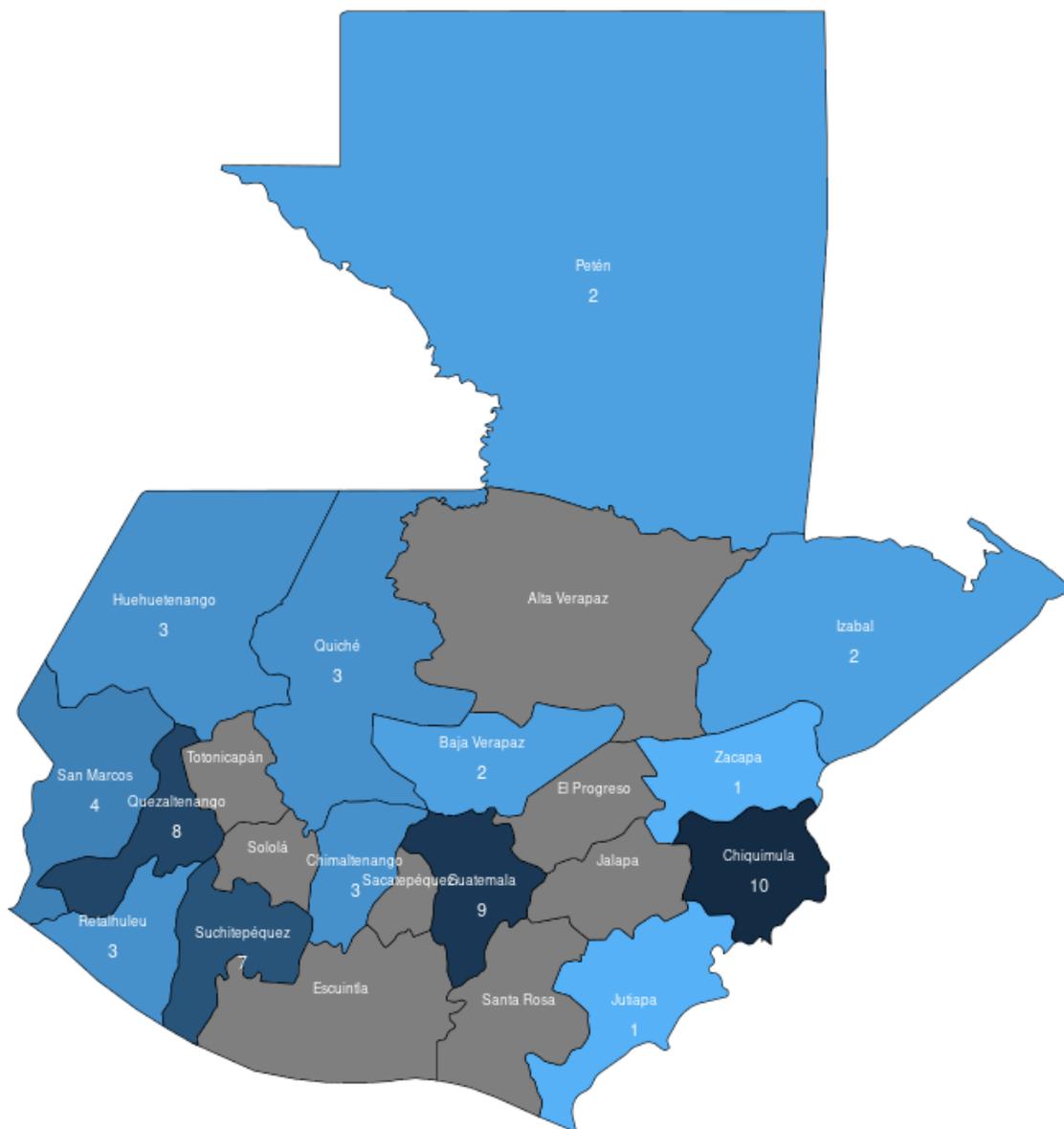
Gráfica 6. Número de muestras por genotipo de dengue secuenciadas localmente, del 29 de noviembre del 2024 al 06 de marzo del 2025 (n=58).



Fuente: Sección de Secuenciación, 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 Chiquimula (n=10), Guatemala (n=9) y Quetzaltenango (n=8). Finalmente, se resalta la importancia de continuar con el envío de muestras a la DLNS para mantener la vigilancia genómica de dengue en Guatemala y así contribuir a la toma de decisiones en salud.

Imagen 1. Distribución de casos de dengue secuenciados localmente por departamento, del 29 de noviembre del 2024 al 06 de marzo del 2025 (n=58).



Fuente: Sección de Secuenciación, Dirección del Laboratorio Nacional de Salud -DLNS-.