

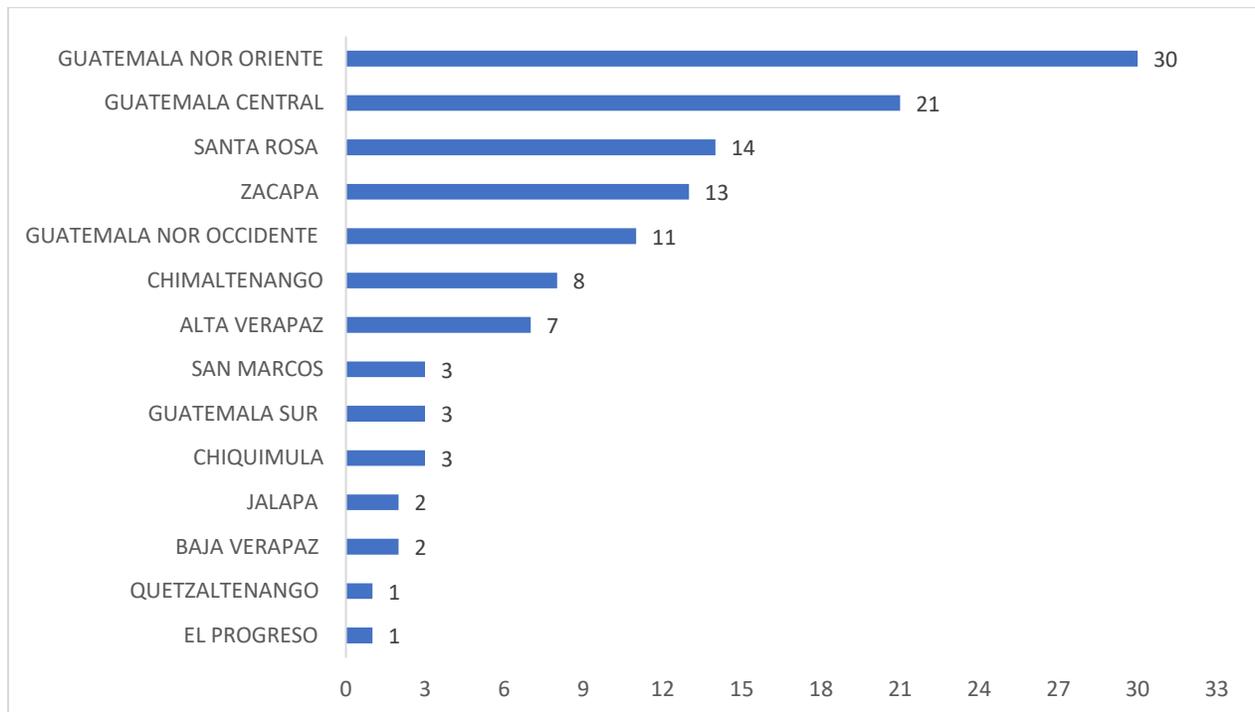


## INFORME VIGILANCIA GENÓMICA INFLUENZA VES-FLU-05-05-2025

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). La vigilancia genómica de influenza 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 **119** 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 17 de diciembre del 2024 al 8 de mayo del 2025. 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 17 de diciembre del 2024 al 8 de mayo del 2025 (n=119).**

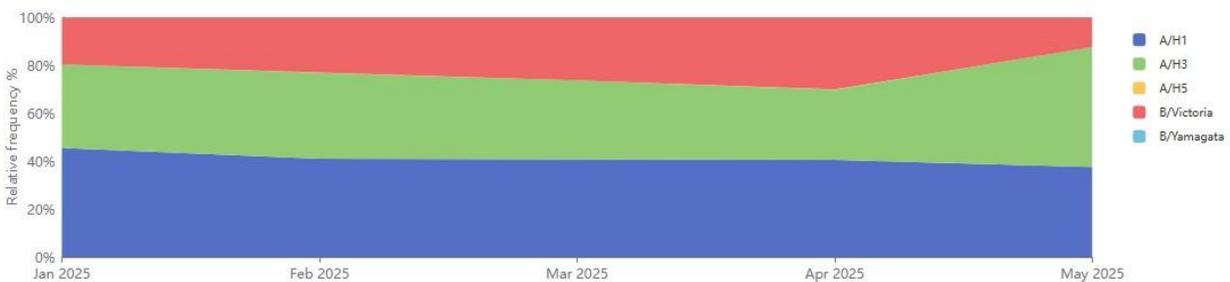


Fuente: Dirección del Laboratorio Nacional de Salud –DLNS–.

De las muestras ingresadas, 118 cumplieron los criterios de inclusión para el proceso de secuenciación local. Se obtuvo la secuencia genómica efectiva de 107 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, seguido de A/H3 y en menor proporción de casos influenza tipo B/Victoria.

**Imagen 1. Situación global del virus de la influenza de enero a mayo del 2025**



Fuente: GISAID (datos actualizados a mayo 2025).

De acuerdo con los datos disponibles de vigilancia de virus respiratorios reportados por los países a la Organización Mundial de la Salud (OMS) a inicios del 2025, se observó una positividad de influenza a nivel mundial de un 22,05% en la semana epidemiológica (SE) 1 del 2025, lo que representa un aumento de un 2,8% en la positividad en comparación con las últimas SE del 2024.

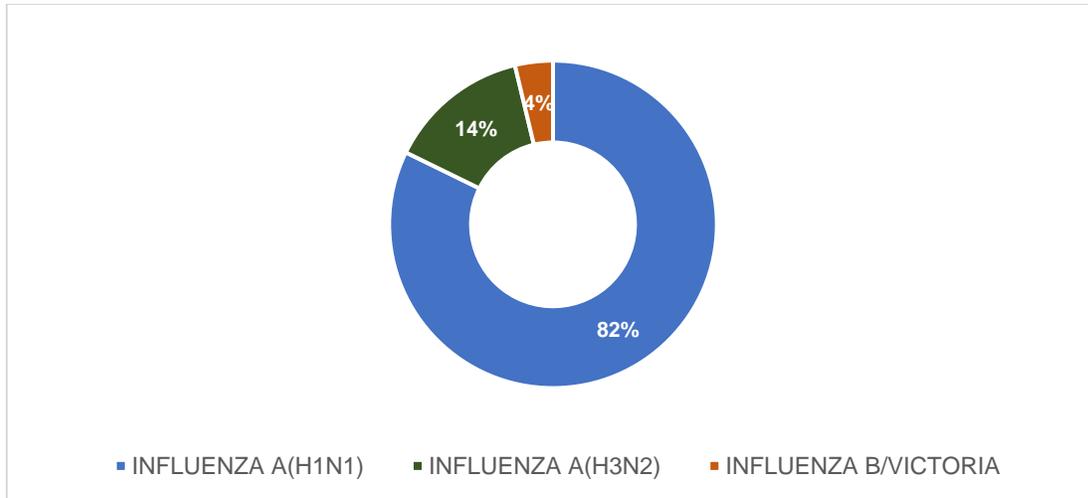
Según la información reportada de los países de la Región de las Américas hasta la SE 1 del 2025, las ETI e IRAG habían mostrado un aumento marcado en América del Norte, asociado con la circulación del virus influenza. Para la SE 6, en América Central, las ETI y las IRAG, mostraron un aumento, pero se mantuvieron por debajo de los umbrales epidémicos.

Según la Organización Panamericana de la Salud, para el mes de marzo y abril del presente año, en general, América del Norte y partes del Caribe mantuvieron un aumento de la actividad de influenza asociado a influenza A(H1N1)pmd09 e influenza A(H3N2). En América Central, la circulación de influenza A(H1N1)pmd09 mostró un cierto aumento.

En el mes de mayo, en América Central, la actividad de influenza A(H1N1)pmd09 como cepa predominante, presenta una tendencia a la disminución en comparación a las SE anteriores, representando una positividad del 18,4%.

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 A(H1N1) (n=88), seguido de influenza A(H3N2) (n=15) y por último influenza B/Victoria (n=4).

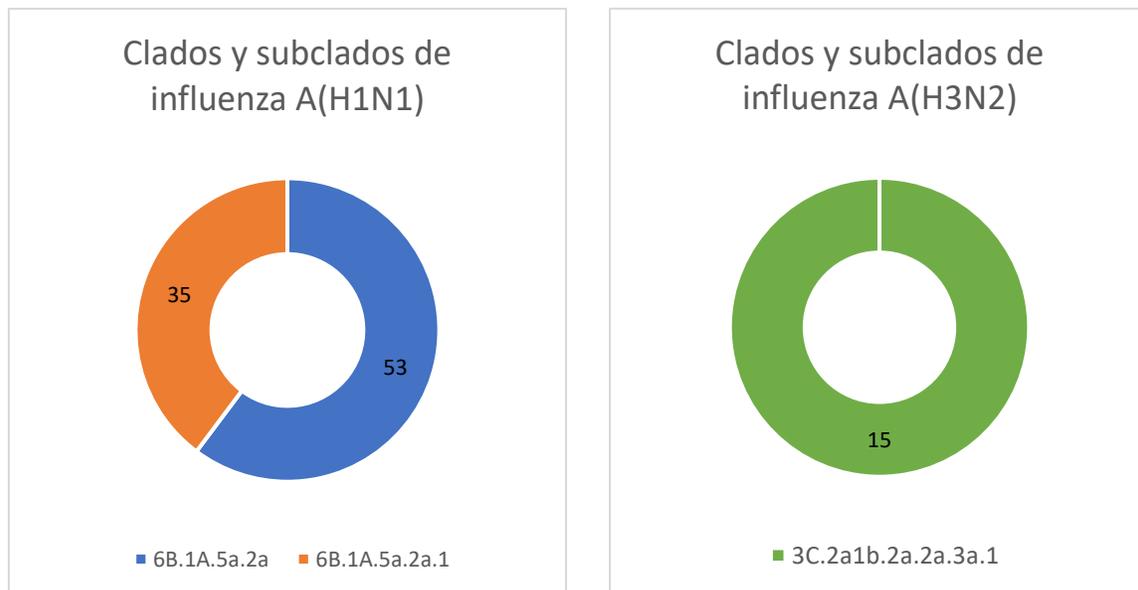
**Gráfica 2. Porcentaje de muestras por subtipos (influenza A) y linajes (influenza B) de influenza secuenciadas en la DLNS, del 17 de diciembre del 2024 al 8 de mayo del 2025 (n=107).**

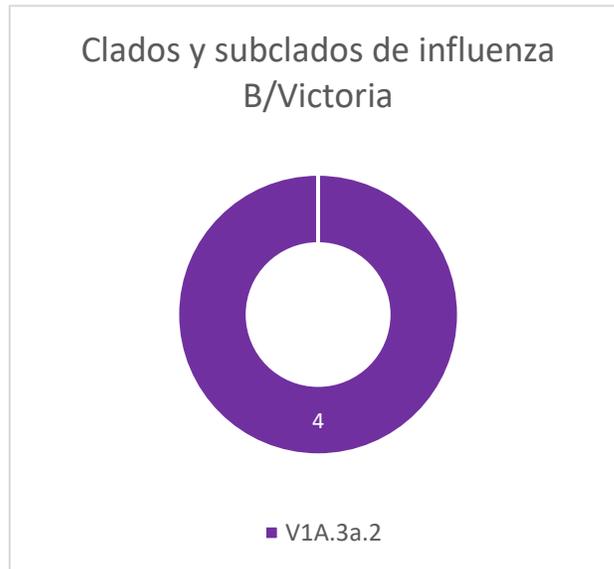


Fuente: Dirección del Laboratorio Nacional de Salud.

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=53) y el sub clado 6B.1A.5a.2a.1 (n=35); de influenza A(H3N2) circula el clado 3C.2a1b.2a.2a.3a.1 (n=15) y, por último, de influenza B/Victoria circula únicamente el clado V1A.3a.2 (n=4).

**Gráfica 3. Número de muestras de influenza según clados y sus respectivos subclados secuenciados en la DLNS, del 17 de diciembre del 2024 al 8 de mayo del 2025**

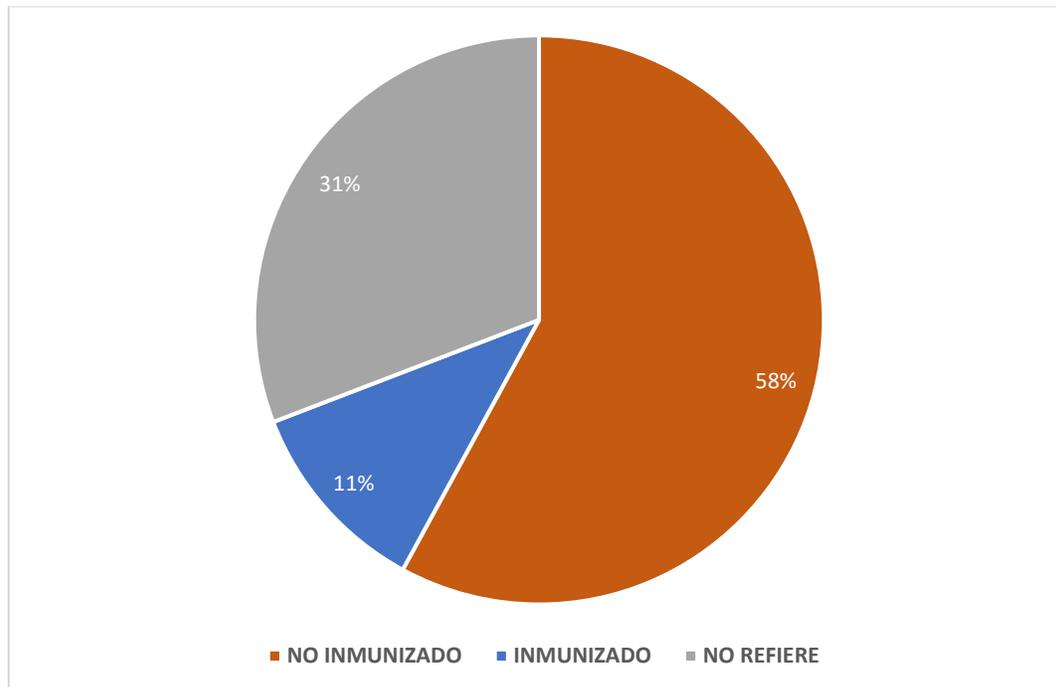




Fuente: Dirección del Laboratorio Nacional de Salud.

En la Gráfica 4 se observan los antecedentes de vacunación contra la influenza de las muestras secuenciadas efectivamente. Aproximadamente 58% (n=62) de las personas no están inmunizadas, y únicamente el 11% (n=12) de las personas refieren antecedentes de vacunación contra la influenza. Sin embargo, 31% de los casos no cuenta con este dato (n=33).

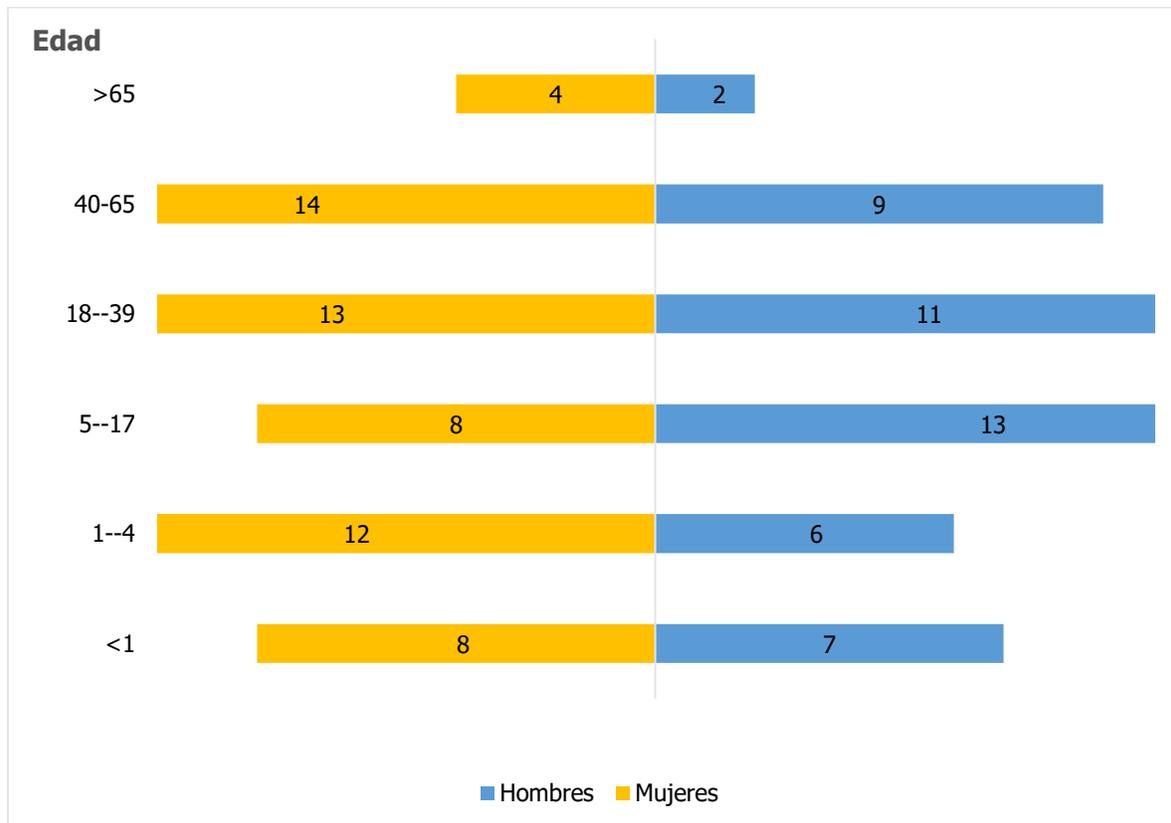
**Gráfica 4. Antecedentes de vacunación de casos de muestras ingresadas al proceso de secuenciación en la DLNS, del 17 de diciembre del 2024 al 8 de mayo del 2025 (n=107).**



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 los 18 a 65 años.

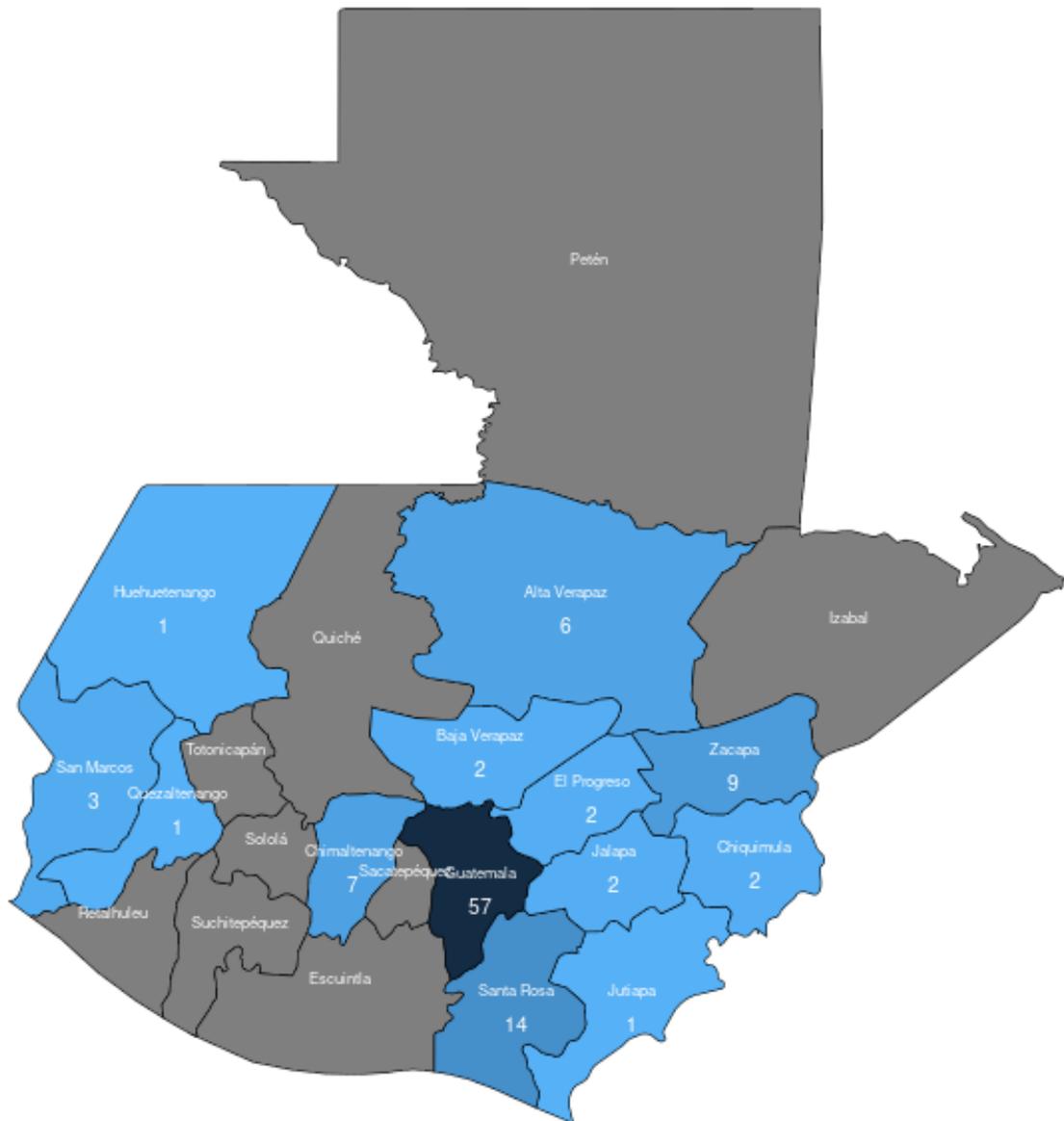
**Gráfica 5. Casos por grupo etario y sexo de muestras secuenciadas localmente, del 17 de diciembre del 2024 al 8 de mayo del 2025 (n=107).**



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=57), Santa Rosa (n=14) y Zacapa (n=9)

**Imagen 2. Distribución de casos de influenza secuenciados en la DLNS por departamento, del 17 de diciembre del 2024 al 8 de mayo del 2025 (n=107).**



Fuente: Dirección del Laboratorio Nacional de Salud.