



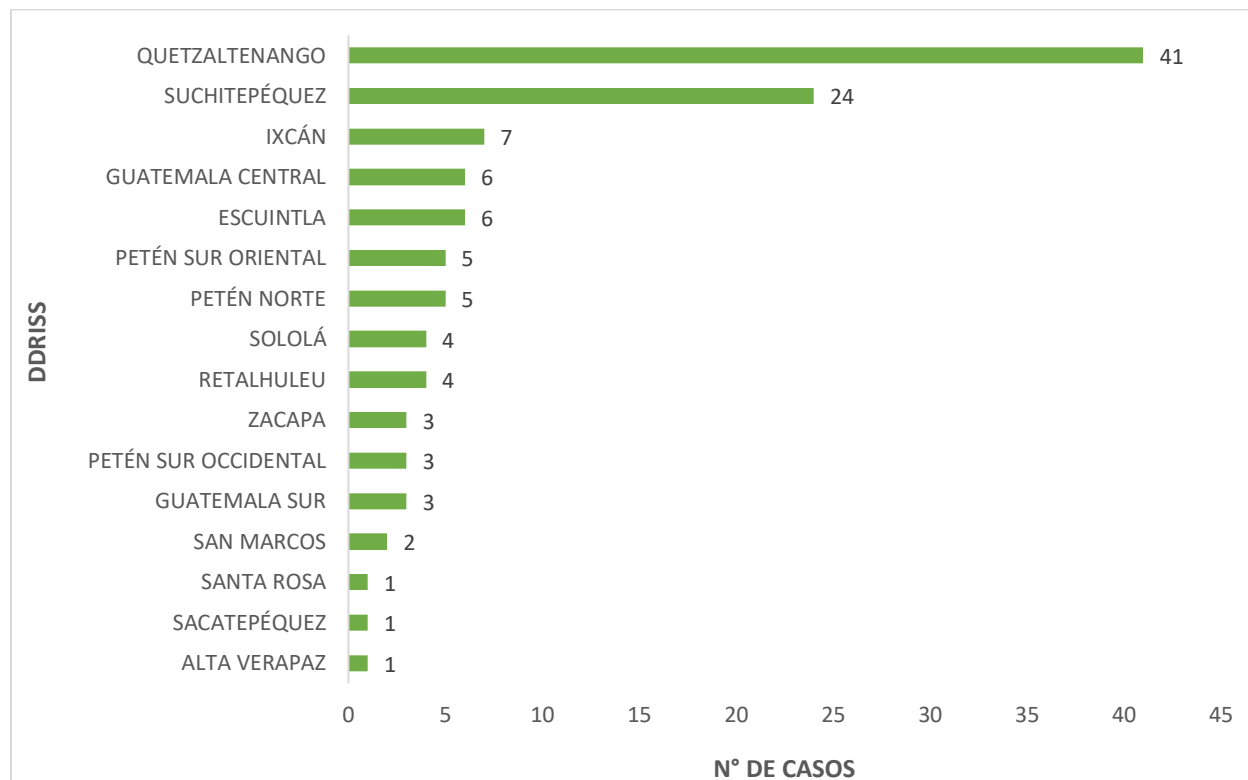
INFORME VIGILANCIA GENÓMICA DE DENGUE 2025

VES-DENV-005-10-2025

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 116 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 07 de marzo al 03 de septiembre del 2025. las muestras incluidas fueron 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.

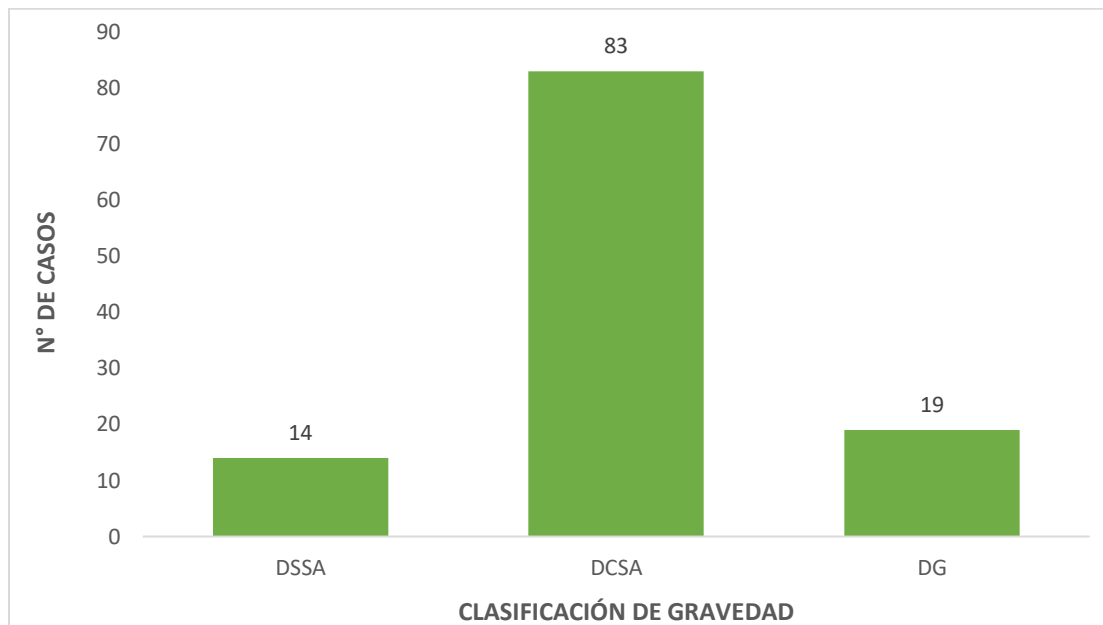
Gráfica 1. Muestras ingresadas para el proceso de secuenciación de dengue, por DDRIS, del 07 de marzo al 03 de septiembre del 2025 (n=116).



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

En la Gráfica 2 se representan la clasificación de los casos según su gravedad: DSSA= dengue sin signos de alarma, DCSA= dengue con signos de alarma, DG= dengue grave¹. El 71.55% de los casos presentan un DCSA (n=83), seguido de un 16.38% de casos con DG (n=19) y solo el 12.07% presentan DSSA (n=14).

Gráfica 2. Clasificación de casos según gravedad¹ de muestras ingresadas al proceso de secuenciación, del 07 de marzo al 03 de septiembre del 2025 (n=116).



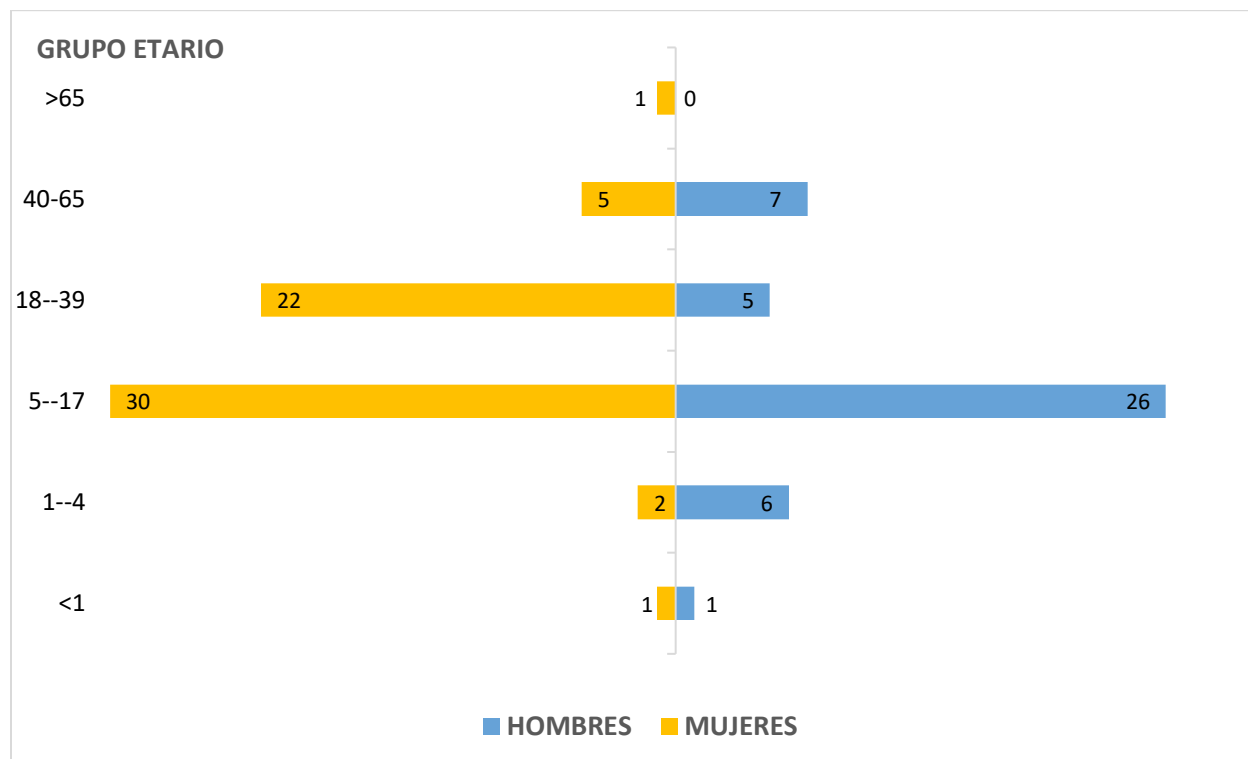
¹Esta clasificación está basada en los signos y síntomas reportados en la ficha epidemiológica y el manual "Dengue: guías para la atención de enfermos en la Región de las Américas". 2.ed. (2015).

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

De las 116 muestras que cumplieron los criterios de inclusión para el proceso de secuenciación, se obtuvo la secuencia genómica efectiva de 106 muestras (91.38%).

En la Gráfica 3 se presentan los casos según grupo etario y sexo. Se determinó que el 57.5% de las muestras corresponden a mujeres (n=61) y el 42.5% a hombres (n=45). Cabe destacar que más del 50% de muestras representan al grupo de personas entre 5 y 17 años (n=56), seguido del grupo de adultos entre 18 y 39 años (n=27).

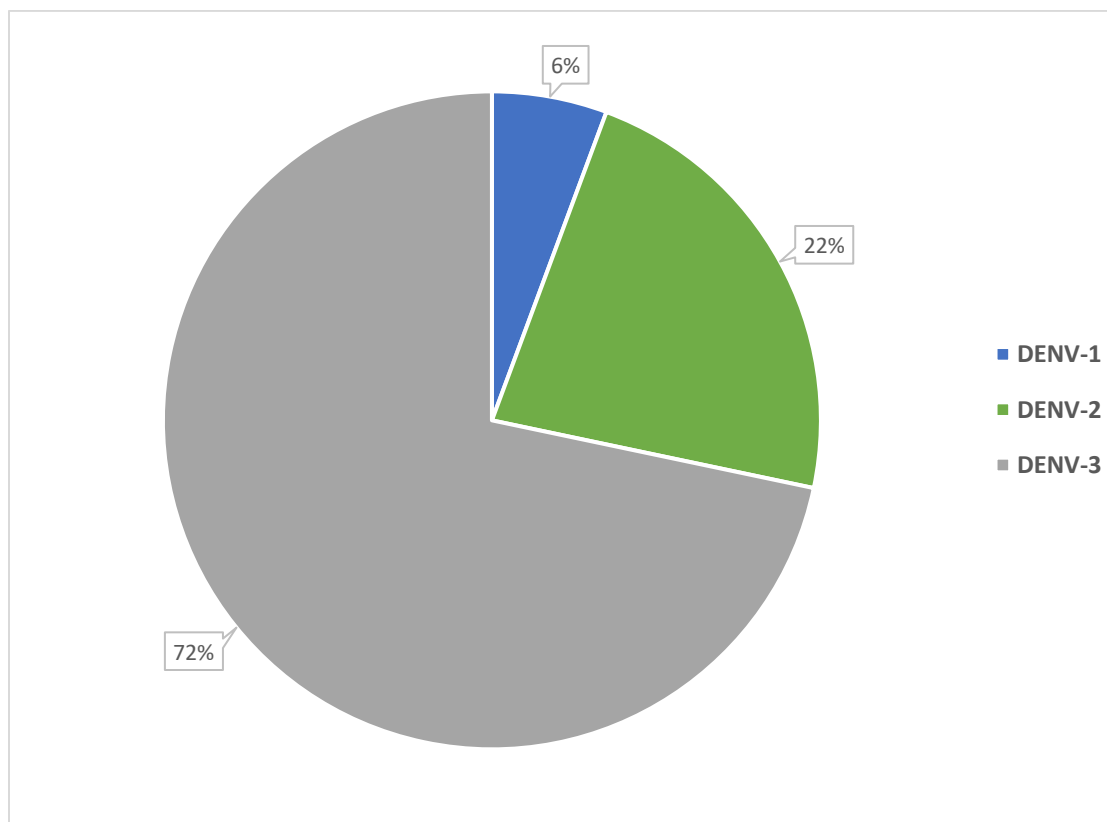
Gráfica 3. Casos por grupo etario y sexo de muestras secuenciadas localmente, del 07 de marzo al 03 de septiembre del 2025 (n=106).



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

La secuenciación permitió confirmar el serotipo en el 100 % de las muestras con secuencias de calidad, sin discrepancias entre los datos moleculares y la tipificación esperada. En la Gráfica 4, se observa que en el periodo del 18 de marzo al 03 de septiembre del 2025 circularon tres de los cuatro serotipos existentes de dengue, de los cuales el 72% de casos corresponden a DENV-3 (n=76), el 22% a DENV-2 (n=24), y el 6% a DENV-1 (n=6).

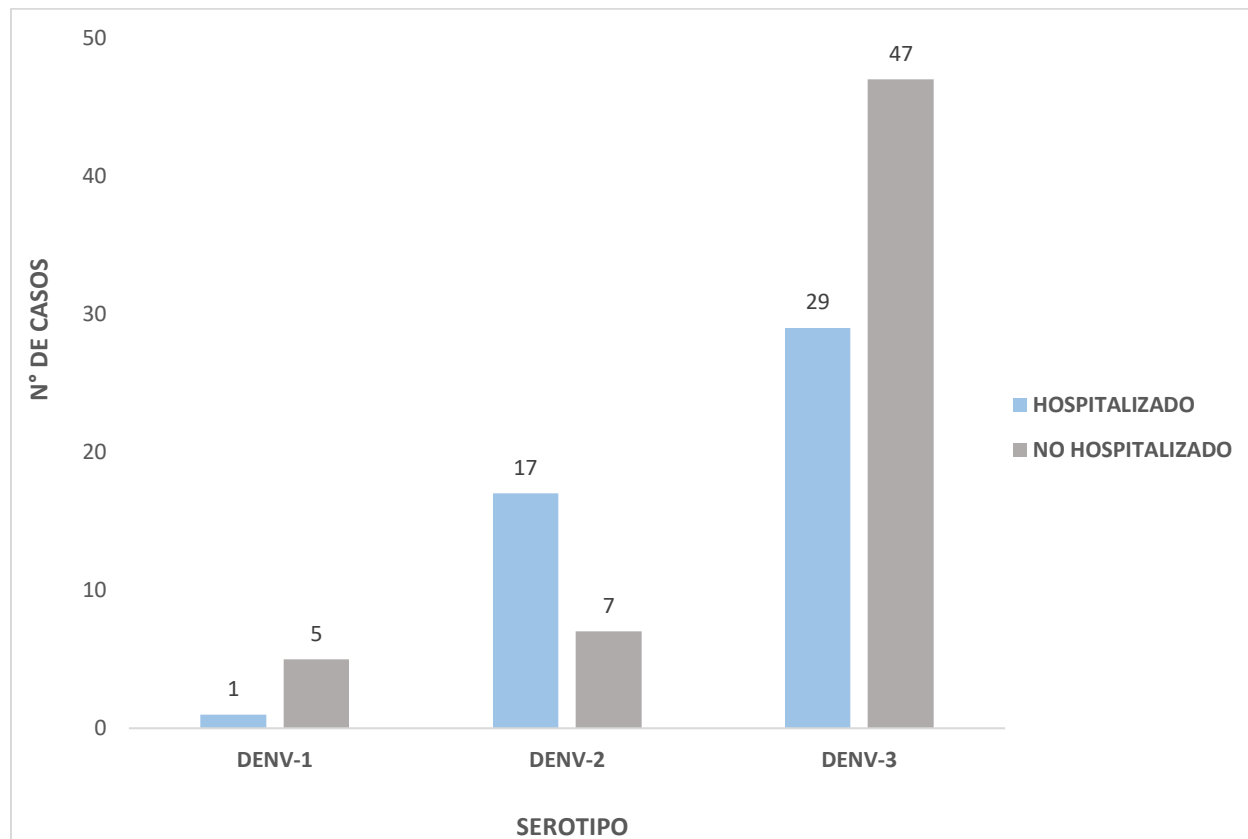
Gráfica 4. Porcentaje de muestras por serotipo de dengue secuenciadas localmente, del 07 de marzo al 03 de septiembre del 2025 (n=106).



Fuente: 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 que el 44.33 % fueron hospitalizados (n=47), el serotipo DENV-3 representa el 61.7% (n=29) de pacientes hospitalizados, seguido del serotipo DENV-2 con el 36% (n=17), mientras que el serotipo DENV-1 representa solamente el 2.1% (n=1).

Grafica 5. Resolución de casos, según serotipo de dengue, de muestras secuenciadas del 07 de marzo al 03 de septiembre del 2025 (n=106).

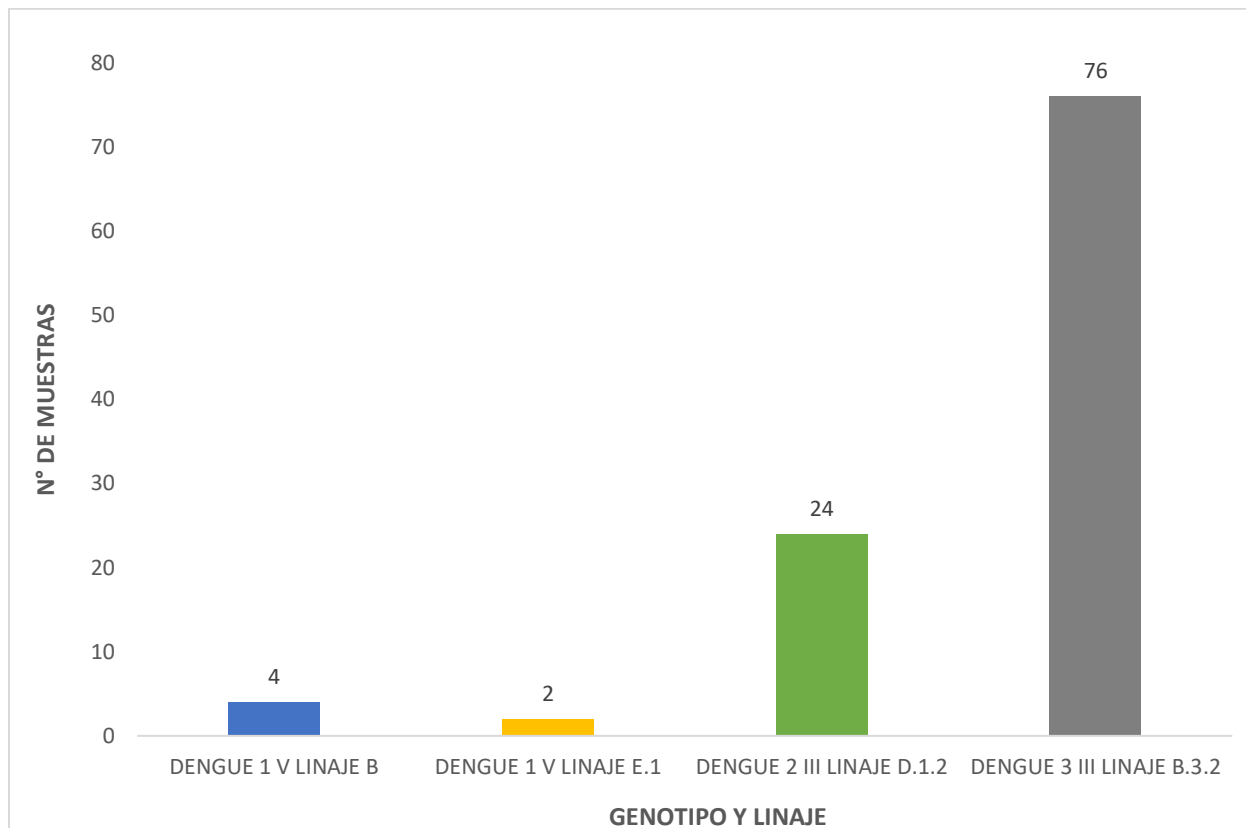


Fuente: Dirección del Laboratorio Nacional de Salud –DLNS–.

En este proceso de secuenciación, se detectó para el serotipo DENV-3 el genotipo III linaje B.3.2, el cual continúa siendo predominante con un 71.70% de los casos (n=76). Se detectó para el serotipo DENV-2 el genotipo III linaje D.1.2, que representa el 22.64% de las muestras (n=24). En relación al serotipo DENV-1 se identificó el genotipo V linaje B, que constituye el 3.77% de los casos (n=4).

Adicionalmente, se detectaron dos (2) casos de DENV-1 del genotipo V linaje E.1. Según información extraída de la ficha epidemiológica el primer caso (2025-VES-DENV-095) fue detectado en mayo 2025, de una persona de sexo masculino con nacionalidad francesa que reportó antecedentes de viaje a la Polinesia Francesa. Por lo tanto, se clasifica como un caso importado. El segundo caso (2025-VES-DENV-174) fue detectado en agosto del mismo año, de una persona de sexo femenino originaria de Petén sin antecedentes de viaje. Dada la detección de un caso sin nexo epidemiológico aparente con zonas endémicas, se recomienda mantener una vigilancia genómica activa que permita determinar si este linaje ha comenzado a circular de forma local en Guatemala.

Gráfica 6. Número de muestras por genotipo de dengue secuenciadas localmente, del 07 de marzo al 03 de septiembre del 2025 (n=106).



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

A continuación, se presenta una descripción del árbol filogenético de DENV-1 linaje V (Imagen 1). El análisis filogenético incluyó tres muestras secuenciadas localmente, mientras que las demás secuencias de referencia fueron obtenidas de la plataforma GISAID. En esta base de datos, únicamente se identificaron dos secuencias de la Polinesia Francesa de 1988 correspondientes al linaje 1V, lo que evidencia la escasez de información histórica disponible para esta región.

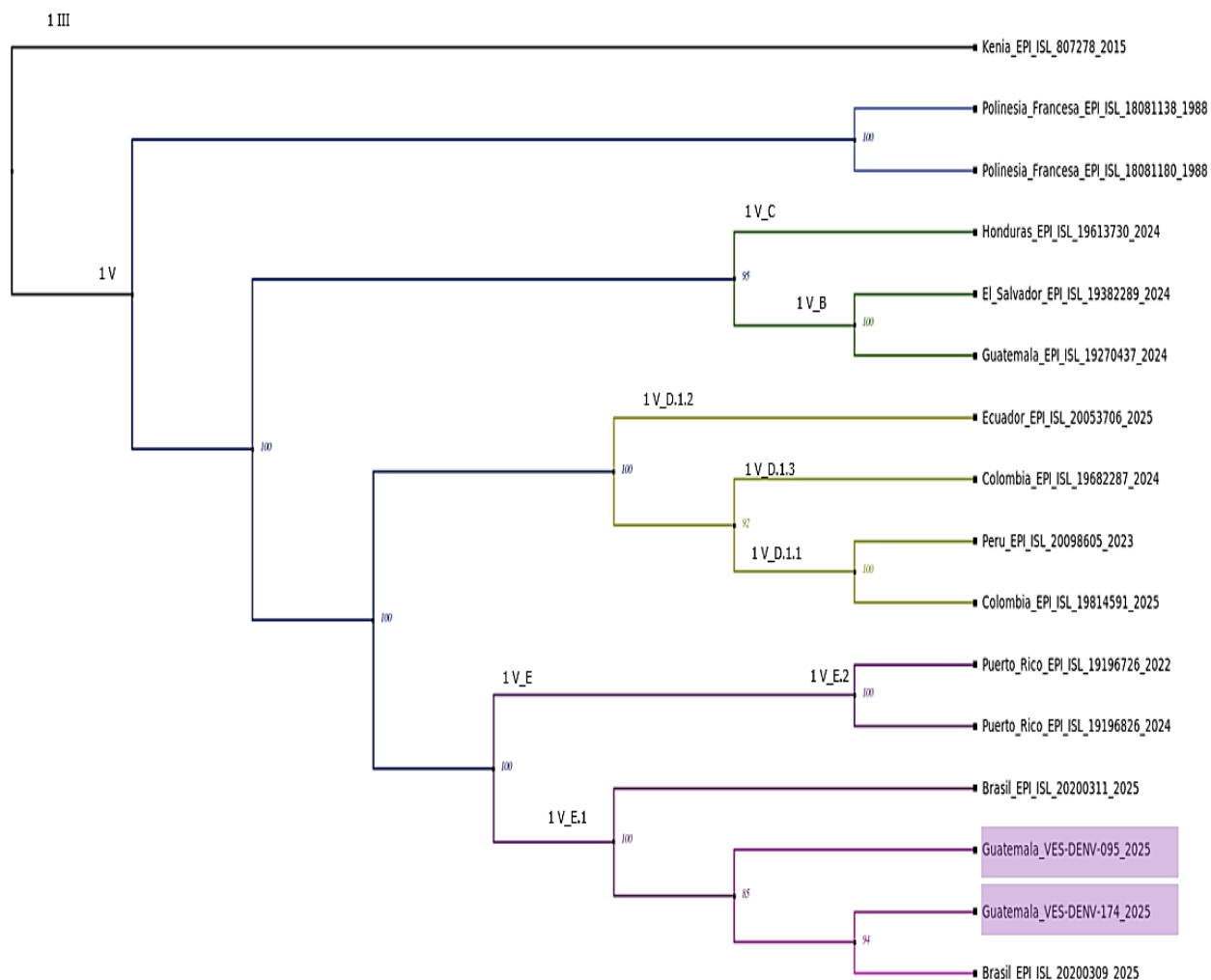
En el árbol se observa que los casos de Dengue 1 genotipo V linaje E.1. (2025-VES-DENV-095 y 2025-VES-DENV-174), se agrupan junto con secuencias reportadas en Brasil. Este clado comparte un linaje común con secuencias de Puerto Rico (1V_E), lo que sugiere un vínculo epidemiológico entre América del Sur y el Caribe.

Guatemala y El Salvador comparten el linaje 1V_B, lo que indica una posible transmisión regional o introducción común en la subregión centroamericana. Honduras, en contraste, presenta un linaje diferenciado (1V_C), lo cual refleja diversidad genética del DENV-1 linaje V en Centroamérica.

La mayoría de las ramas presentan altos valores de soporte (*bootstrap*), lo que refuerza la robustez de las agrupaciones observadas y la confiabilidad en la asignación de linajes y sublinajes.

En conjunto, este análisis evidencia la coexistencia de diferentes sublinajes del DENV-1 linaje V en la región, resaltando la importancia de mantener una vigilancia genómica activa para comprender las dinámicas de transmisión y posibles introducciones múltiples del virus en Centroamérica y Guatemala.

Imagen 1. Árbol filogenético de dengue serotipo 1 (DENV-1) de secuencias relacionadas al genotipo 1V.



²Árbol filogenético basado en genomas completos y construido utilizando el software IQ-TREE, el método de máxima verosimilitud (ML) y 1000 réplicas de *bootstrap*. El código de las secuencias incluye *País_número de acceso GISAID_año*.

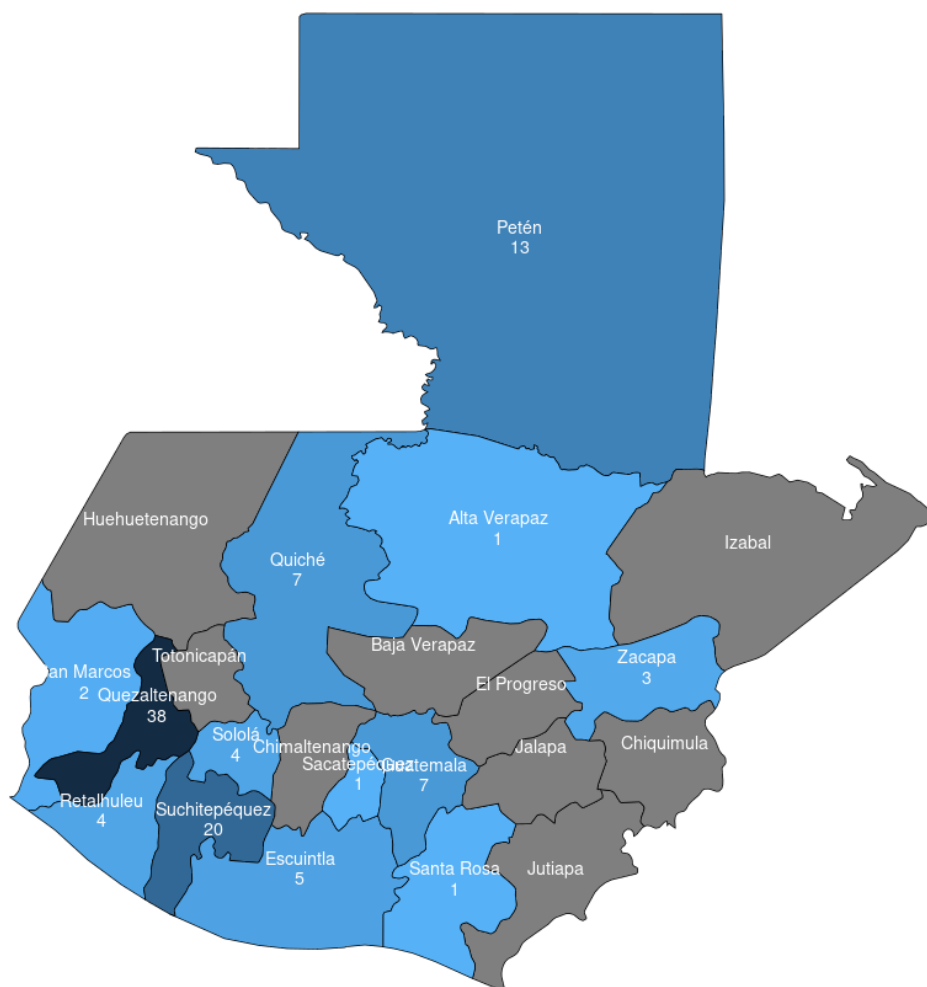
³ Global Initiative on Sharing All Influenza Data (GISAID, por sus siglas en inglés).

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

A continuación, la Imagen 2 muestra la distribución espacial, por departamento, de las secuencias genómicas obtenidas en el proceso de secuenciación local. Los tres departamentos con mayor número de secuencias reportadas son Quetzaltenango ($n=38$), Suchitepéquez ($n=20$) y El Petén ($n=13$).

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 2. Distribución de casos de dengue secuenciados localmente por departamento, del 07 de marzo al 03 de septiembre del 2025 ($n=106$).



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