

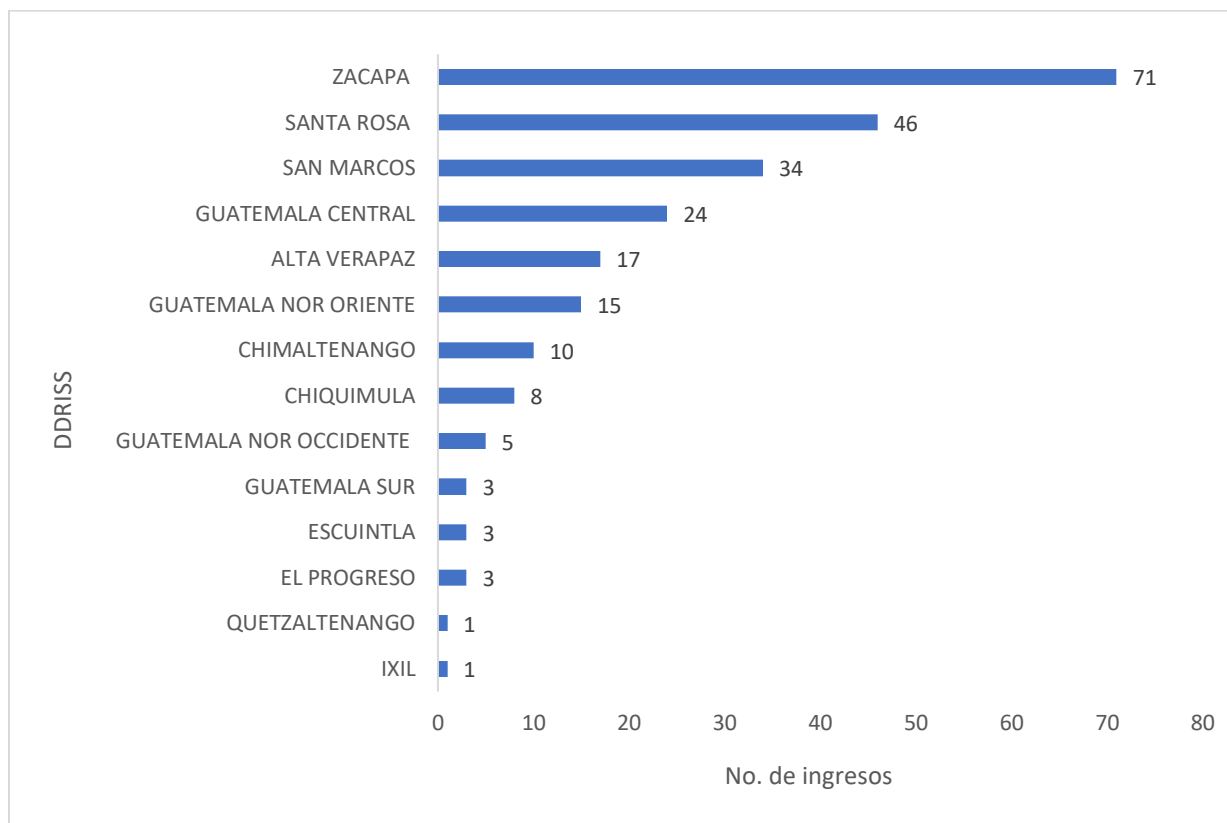
INFORME VIGILANCIA GENÓMICA INFLUENZA

VES-FLU-06-10-2025

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 **241** 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 09 de mayo al 25 de septiembre 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 09 de mayo al 25 de septiembre del 2025. (n=241)



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

Todas las muestras ingresadas cumplieron los criterios de inclusión para el proceso de secuenciación local. Se obtuvo la **secuencia genómica efectiva de 231 muestras**, de las cuales se identificaron los subtipos de influenza A y linajes de influenza B (Gráfica 2).

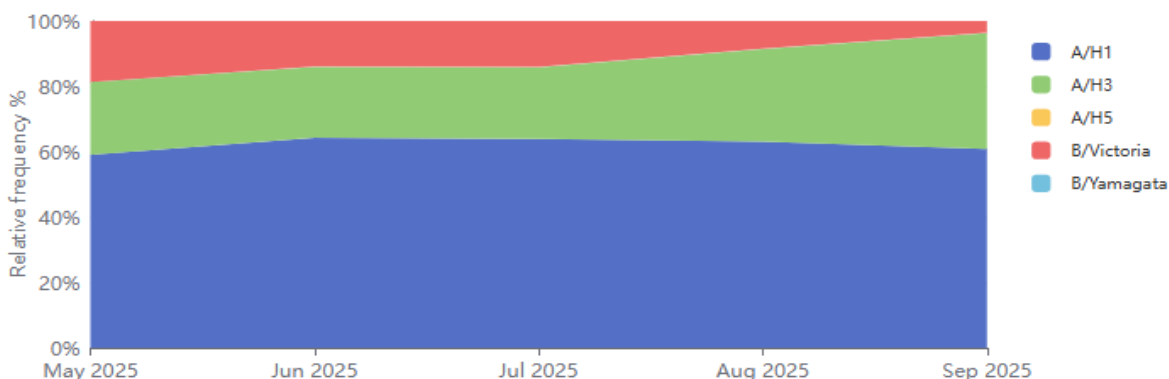
La actividad del virus de influenza, a partir de mayo de 2025, mostró algunos incrementos en los meses siguientes. Se observó un alza en junio, seguida de una disminución significativa en julio, para luego registrar un leve repunte en los meses de agosto y septiembre. A continuación, se presentan los datos más relevantes de este período, según la Organización Panamericana de la Salud (OPS/PAHO):

Durante el mes de mayo 2025, en América Central, la circulación de influenza A(H1N1)pmd09 registró un descenso en positividad de un 18,4% a un 16,8% en las Semanas Epidemiológicas (SE) 19 a 20.

En Centroamérica, para la primera semana del mes de junio (SE 23), la circulación de influenza se vio elevada con una tasa de positividad del 25.4%. Para la SE 24 la actividad de influenza se mantuvo elevada, aunque con una tendencia descendente en las últimas dos semanas, con una tasa de positividad del 18.7%, atribuida predominantemente a A(H1N1)pdm09.

En el mes de Julio, la actividad de ETI e IRAG se mantuvieron fluctuantes en niveles epidémicos en Centroamérica, con la mayoría de los casos positivos atribuibles a influenza, seguido de SARS-CoV-2 y VRS. La actividad de influenza presentó un ascenso durante las últimas cuatro SE (25 a 28), durante este periodo, los virus de influenza predominantes han sido de tipo A(H3N2), con circulación en menor medida de A(H1N1)pdm09. En Guatemala, se ha observado un incremento en la actividad de ETI por encima del umbral epidémico y en la actividad de IRAG por encima del umbral moderado.

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



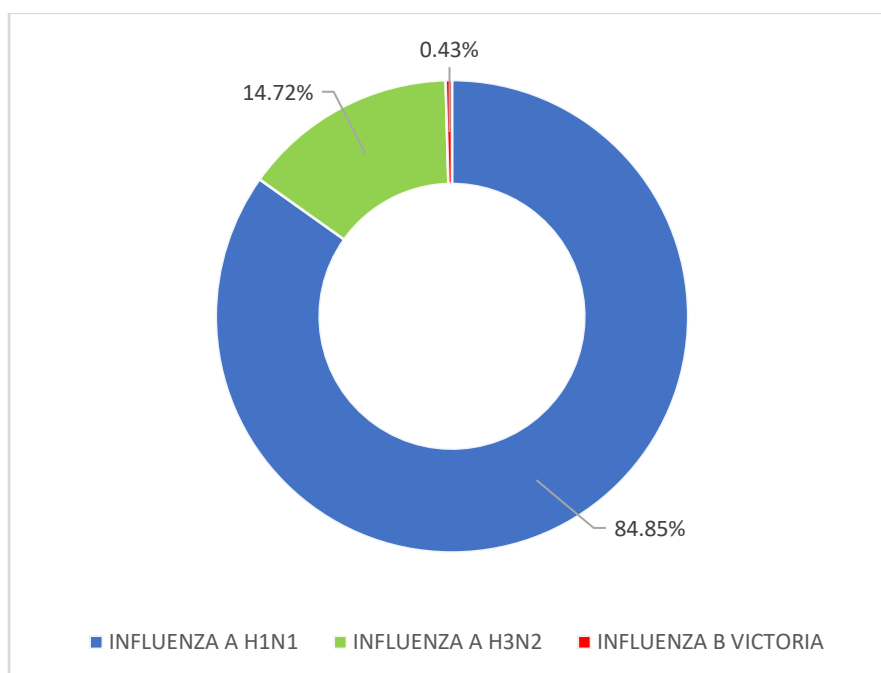
Fuente: GISAID (datos actualizados a septiembre 2025).

Durante los meses de agosto y septiembre, se observa que en Centroamérica la actividad de influenza se mantiene elevada en la subregión. Impulsada principalmente por A(H1N1)pdm09, que representa la mayoría de los casos notificados. Sin embargo, la tendencia descendente continúa desde hace varias semanas, con una positividad actual del 8.9%.

En Guatemala durante el mes de agosto, la actividad de influenza, impulsada principalmente por A(H1N1)pdm09, mantiene su tendencia a la disminución con una positividad de 15.2%, y en el mes de septiembre disminuyó la positividad a un 4.5%.

De acuerdo a la Gráfica 2, en Guatemala se observa una distribución similar a la tendencia regional, presentando una mayor proporción de casos de influenza A(H1N1) (n=196), seguido de influenza A(H3N2) (n=34) y por último influenza B/Victoria (n=1).

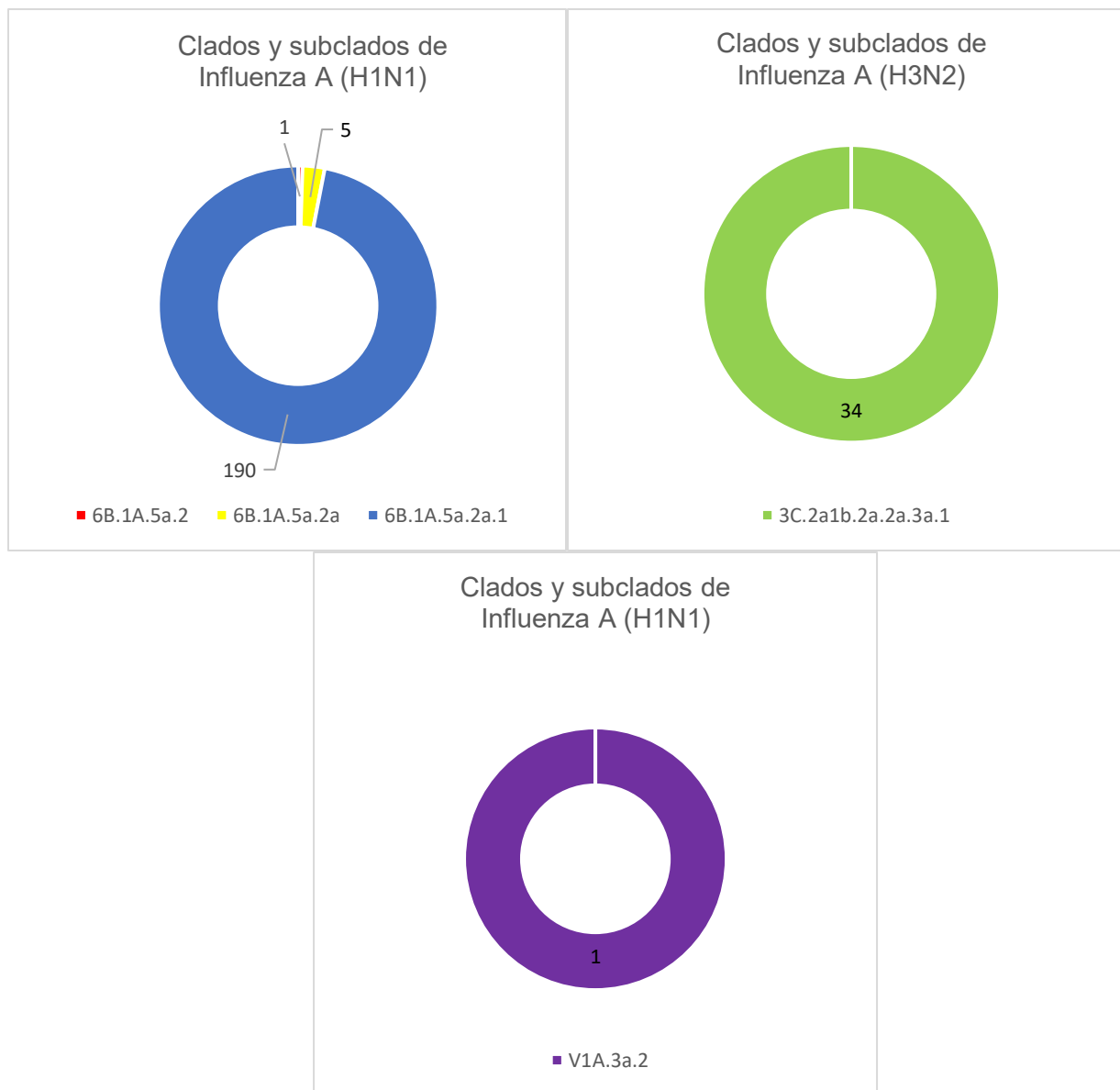
Gráfica 2. Porcentaje de muestras por subtipos (influenza A) y linajes (influenza B) de influenza secuenciadas en la DLNS, del 09 de mayo al 25 de septiembre del 2025. (n=231).



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.2 (n=1) y los sub clados 6B.1A.5a.2a (n=5) y 6B.1A.5a.2a.1 (n=190); de influenza A(H3N2) circula el clado 3C.2a1b.2a.2a.3a.1 (n=34) y, por último, de influenza B/Victoria circula únicamente el clado V1A.3a.2 (n=1).

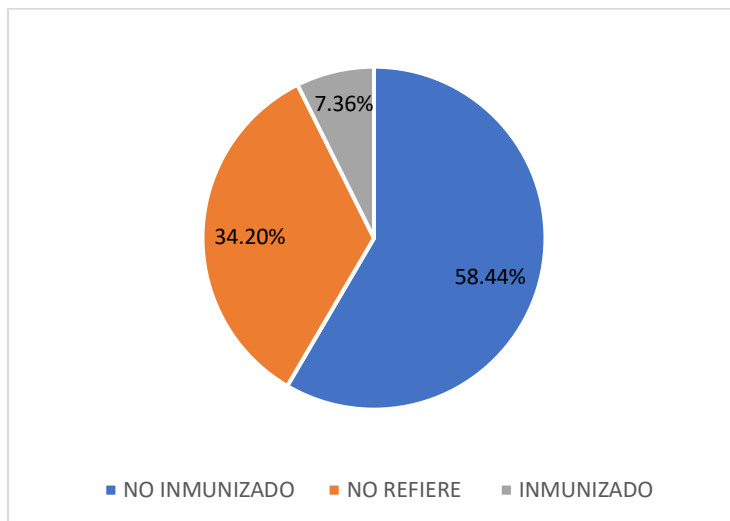
Grafica 3. Número de muestras de influenza según clados y sus respectivos subclados secuenciados en la DLNS, del 09 de mayo al 25 de septiembre del 2025. (n=231).



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 58.4% (n=135) de las personas no están inmunizadas, y únicamente el 7.3% (n=17) de las personas refieren antecedentes de vacunación contra la influenza. Sin embargo, 34.2% de los casos no cuenta con este dato (n=79).

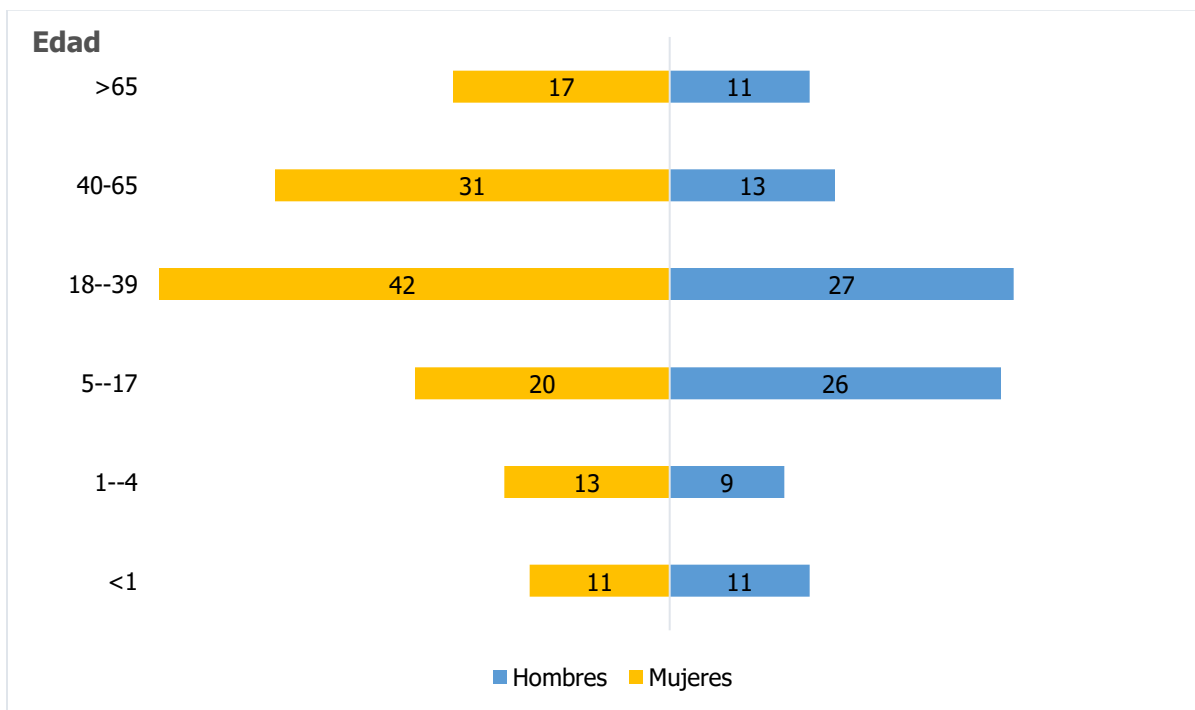
Gráfica 4. Antecedentes de vacunación de casos de muestras ingresadas al proceso de secuenciación en la DLNS, del 09 de mayo al 25 de septiembre del 2025. (n=231).



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.

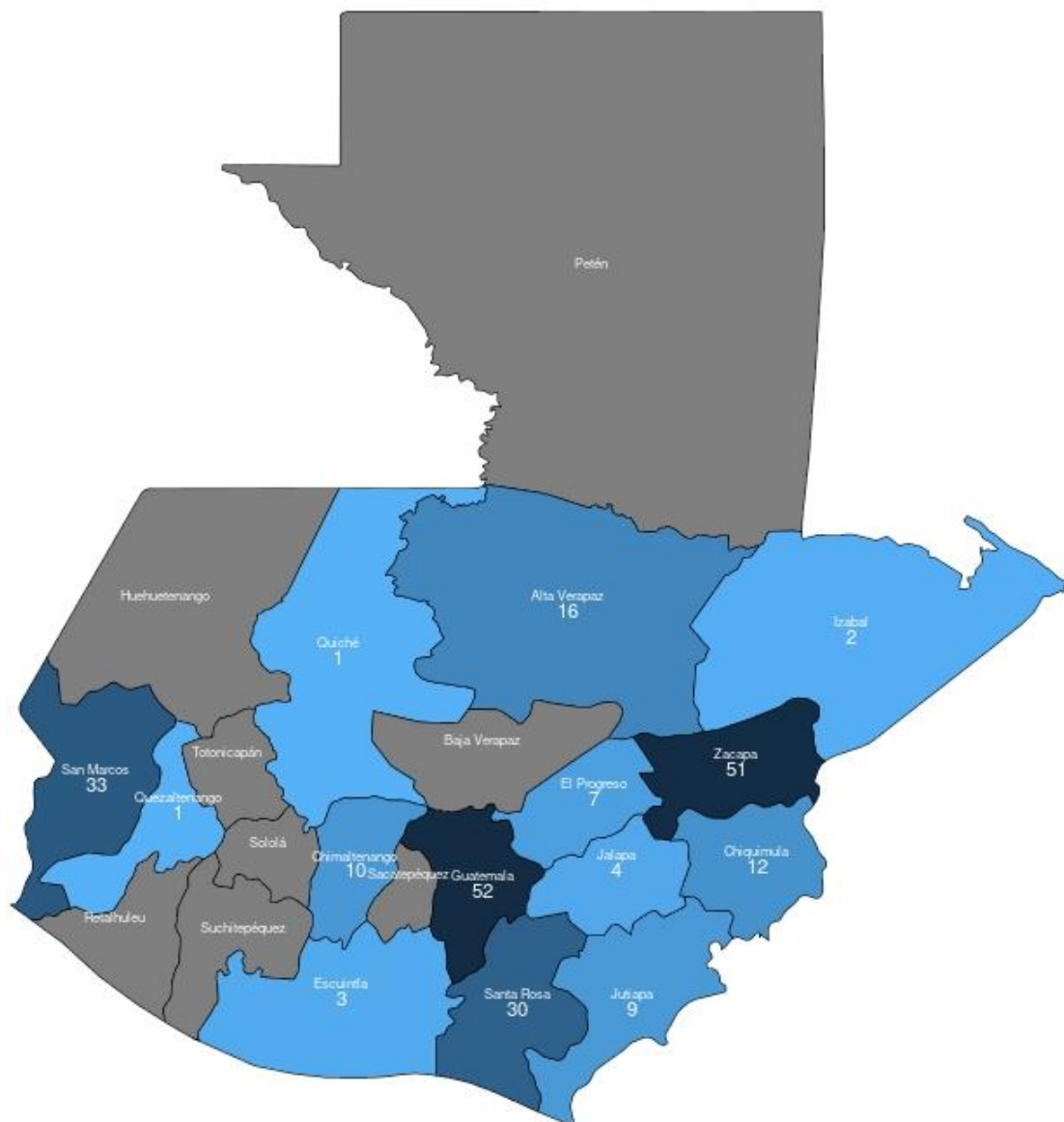
Gráfica 5. Casos por grupo etario y sexo de muestras secuenciadas localmente, del 09 de mayo al 25 de septiembre del 2025. (n=231).



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=52), Zacapa (n=51) y San Marcos (n=33)

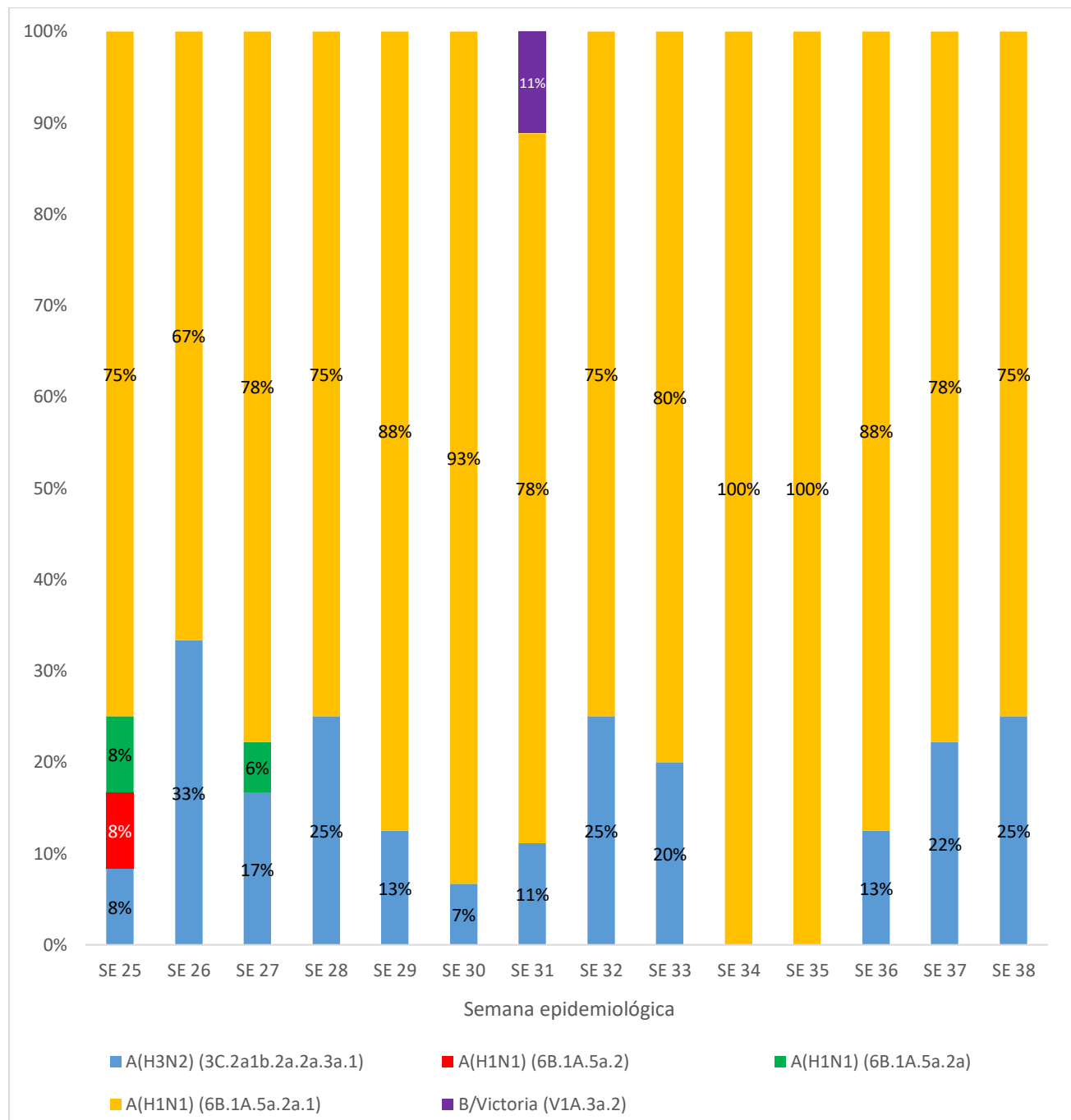
Imagen 2. Distribución de casos de influenza secuenciados en la DLNS por departamento, del 09 de mayo al 25 de septiembre del 2025. (n=231).



Fuente: Dirección del Laboratorio Nacional de Salud.

En la Gráfica 6 se observa el comportamiento de los subtipos y clados de Influenza de las semanas epidemiológicas (SE) 25 a la 38 del año 2025. Se observó que en la SE 25 se encontraron en circulación los tres clados de Influenza A(H1N1), y al mismo tiempo la presencia de Influenza A(H3N2). Así mismo en la SE 30 se observa la aparición de Influenza B/Victoria. En todas las SE se observa la circulación de A(H1N1) clado 6B.1a.5a.2a.1

Gráfica 6. Proporción de subtipos y clados de muestras secuenciadas localmente, de las semanas epidemiológicas (SE) 25 a la 38 del 2025.



Fuente: Dirección del Laboratorio Nacional de Salud.