

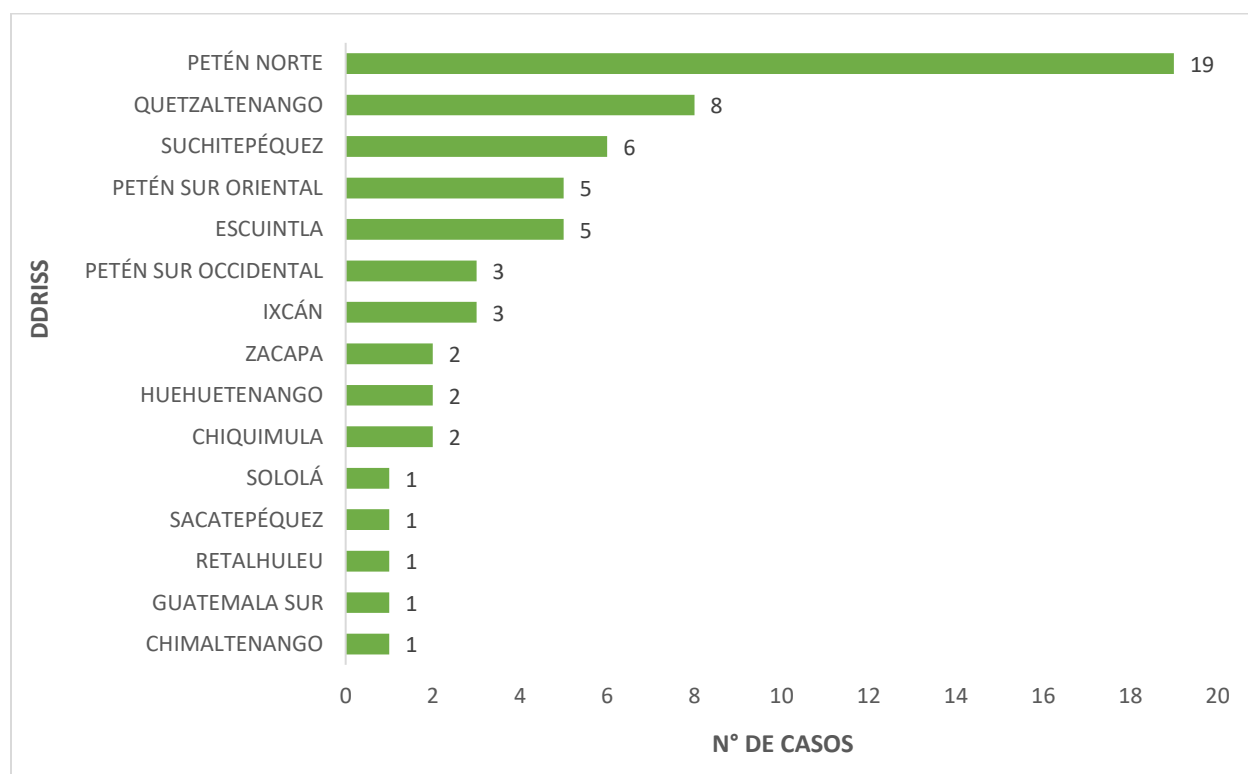
INFORME VIGILANCIA GENÓMICA DE DENGUE 2025

VES-DENV-006-012-2025

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 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 **60** 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 04 de septiembre al 27 de noviembre 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.

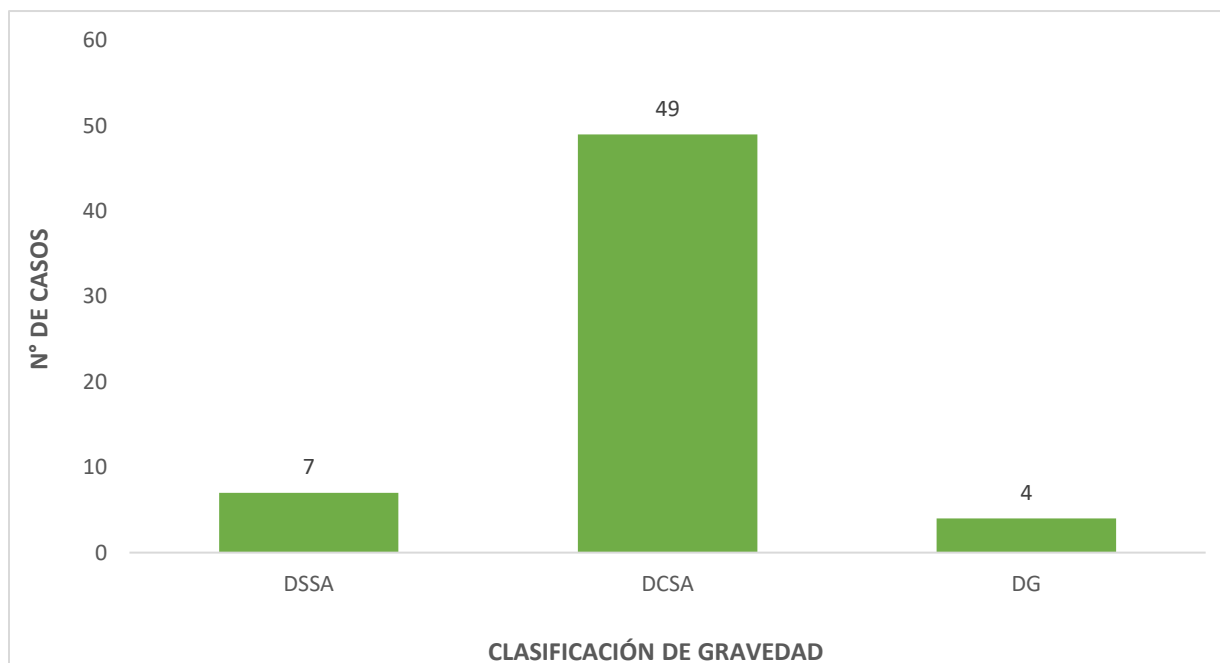
Gráfica 1. Muestras ingresadas para el proceso de secuenciación de dengue, por DDRIS, del 04 de septiembre al 27 de noviembre del 2025 (n=60).



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 81.67% de los casos presentan un DCSA (n=49), seguido de un 11.67% de casos de DSSA (n=7) y solo el 6.67% presentan DG (n=4).

Gráfica 2. Clasificación de casos según gravedad¹ de muestras ingresadas al proceso de secuenciación, del 04 de septiembre al 27 de noviembre del 2025 (n=60).



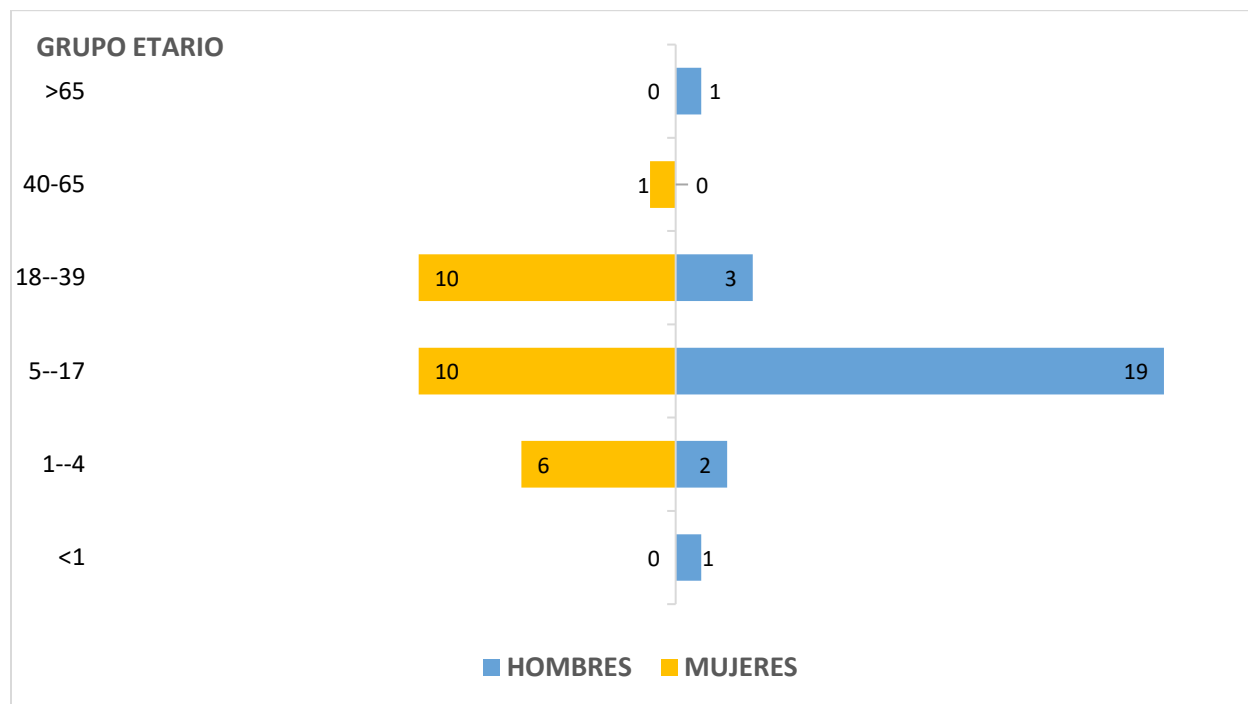
¹Esta clasificación está basada en los signos y síntomas reportados en la ficha epidemiológica y el manual "Dengue: guías para la atención de enfermos en la Región de las Américas". 2.ed. (2015).

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

De las 60 muestras que cumplieron los criterios de inclusión para el proceso de secuenciación, se obtuvo la secuencia genómica efectiva de 53 muestras (88.33%).

En la Gráfica 3 se presentan los casos según grupo etario y sexo. Se determinó que el 51% de las muestras corresponden a mujeres (n=27) y el 49% a hombres (n=26). Cabe destacar que en este período la mayoría de casos fueron detectados en el grupo entre 5 a 17 años (n=29), seguido del grupo de adultos entre 18 a 39 años (n=13).

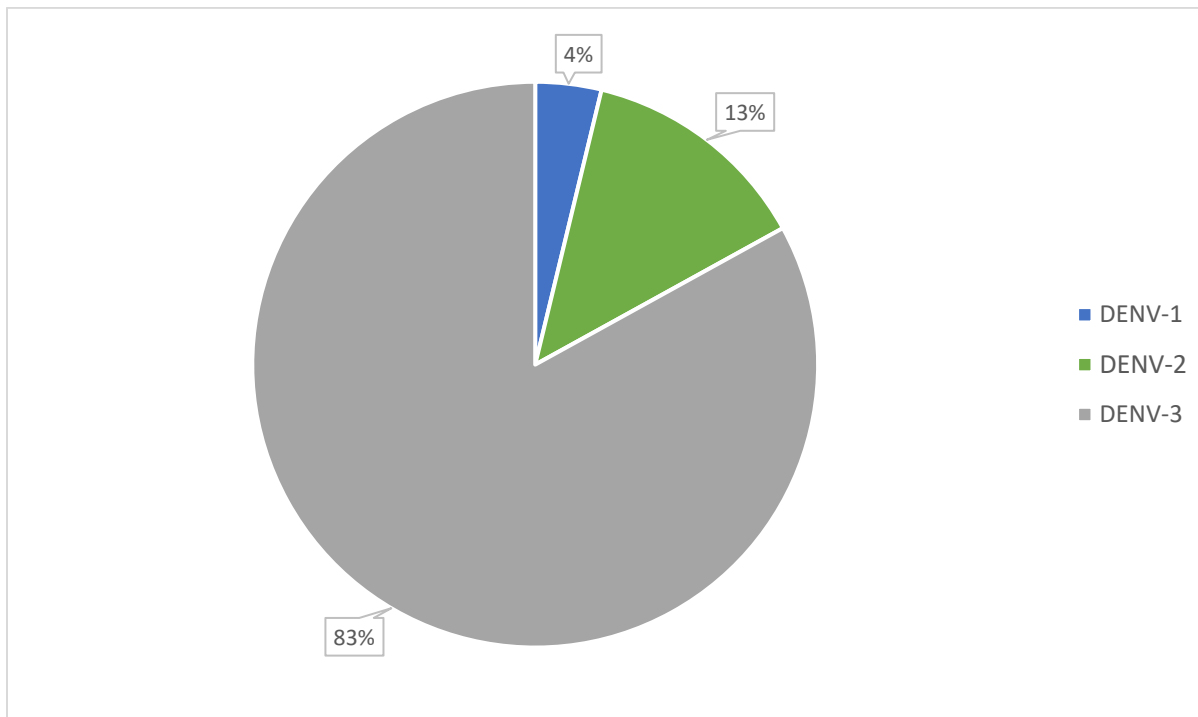
Gráfica 3. Casos por grupo etario y sexo de muestras secuenciadas localmente, del 04 de septiembre al 27 de noviembre del 2025 (n=53).



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 por secuenciación. En la Gráfica 4, se observa que en el periodo del 04 de septiembre al 27 de noviembre del 2025 circularon tres de los cuatro serotipos existentes de dengue. El 83% de casos corresponden a DENV-3 (n=44), el 13% a DENV-2 (n=7), y el 4% a DENV-1 (n=2).

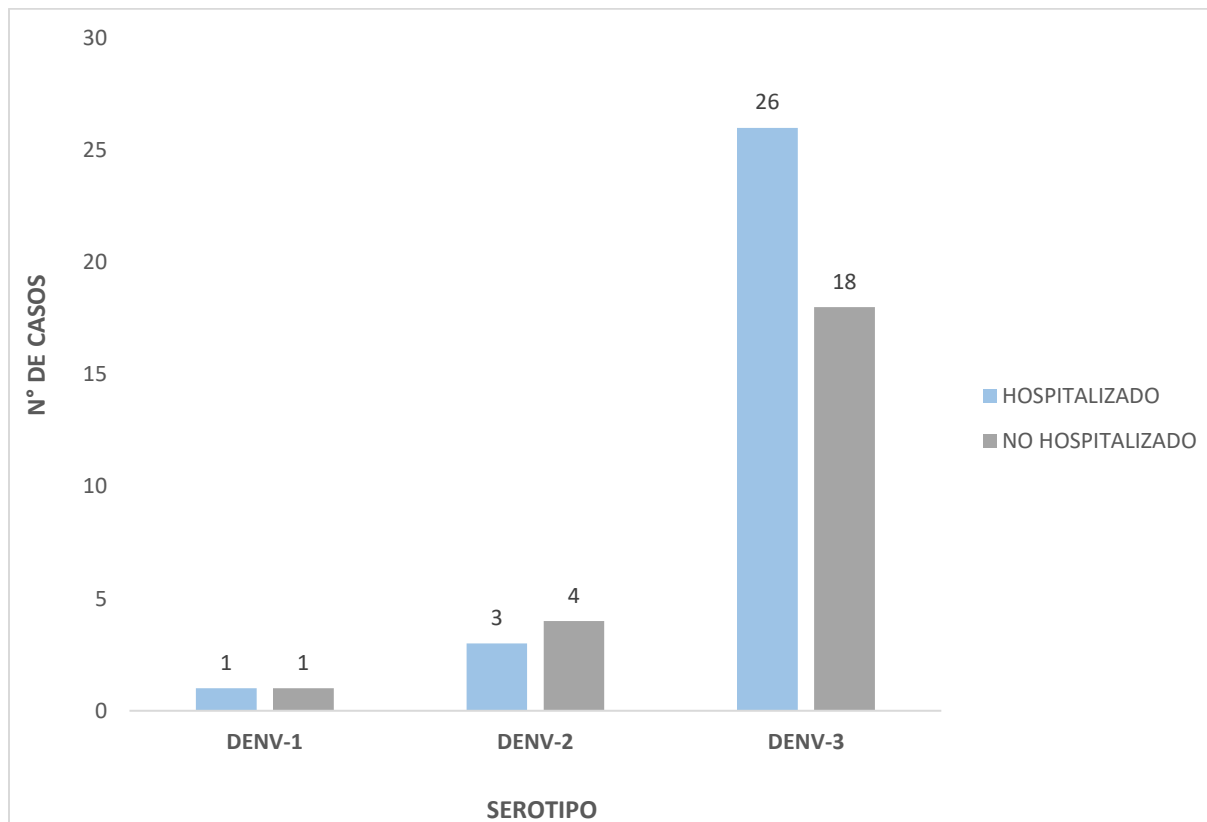
Gráfica 4. Porcentaje de muestras por serotipo de dengue secuenciadas localmente, del 04 de septiembre al 27 de noviembre del 2025 (n=53).



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. El 56.60% de los casos reportan hospitalización, mientras que el 43.40% no fueron hospitalizados. Se observa que, sobre el total de los pacientes hospitalizados, los que presentan el serotipo DENV-3 representan el 49.06% (n=26), seguido del serotipo DENV-2 con el 5.66% (n=3), mientras que el serotipo DENV-1 representa solamente el 1.89% (n=1). En este período no se reportó ningún caso fallecido.

Grafica 5. Resolución de casos, según serotipo de dengue, de muestras secuenciadas, del 04 de septiembre al 27 de noviembre del 2025 (n=53).



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

En el presente proceso de secuenciación genómica se logró determinar el genotipo y linaje en 53 muestras. Para el serotipo DENV-3 se identificó el genotipo III, linaje B.3.2, el cual fue el predominante, representando el 83.02 % de los casos (n = 44). En relación con el serotipo DENV-1, se detectó el genotipo V, linaje B, que correspondió al 3.77 % de las muestras (n = 2). Para el serotipo DENV-2, se identificaron dos genotipos distintos: el genotipo III, linaje D.1.2, que representó el 11.32 % de los casos (n = 6), y el genotipo II, linaje F.1.1, que constituyó el 1.89 % de las muestras analizadas (n = 1).

Cabe destacar que esta es la primera detección en Guatemala del serotipo DENV-2, Genotipo II (Cosmopolita), linaje mayor F y linaje menor 1.1 (DENV-2 II_F.1.1). El linaje mayor F presenta una distribución global, mientras que el linaje menor 1.1 circula predominantemente en Asia y el Caribe.

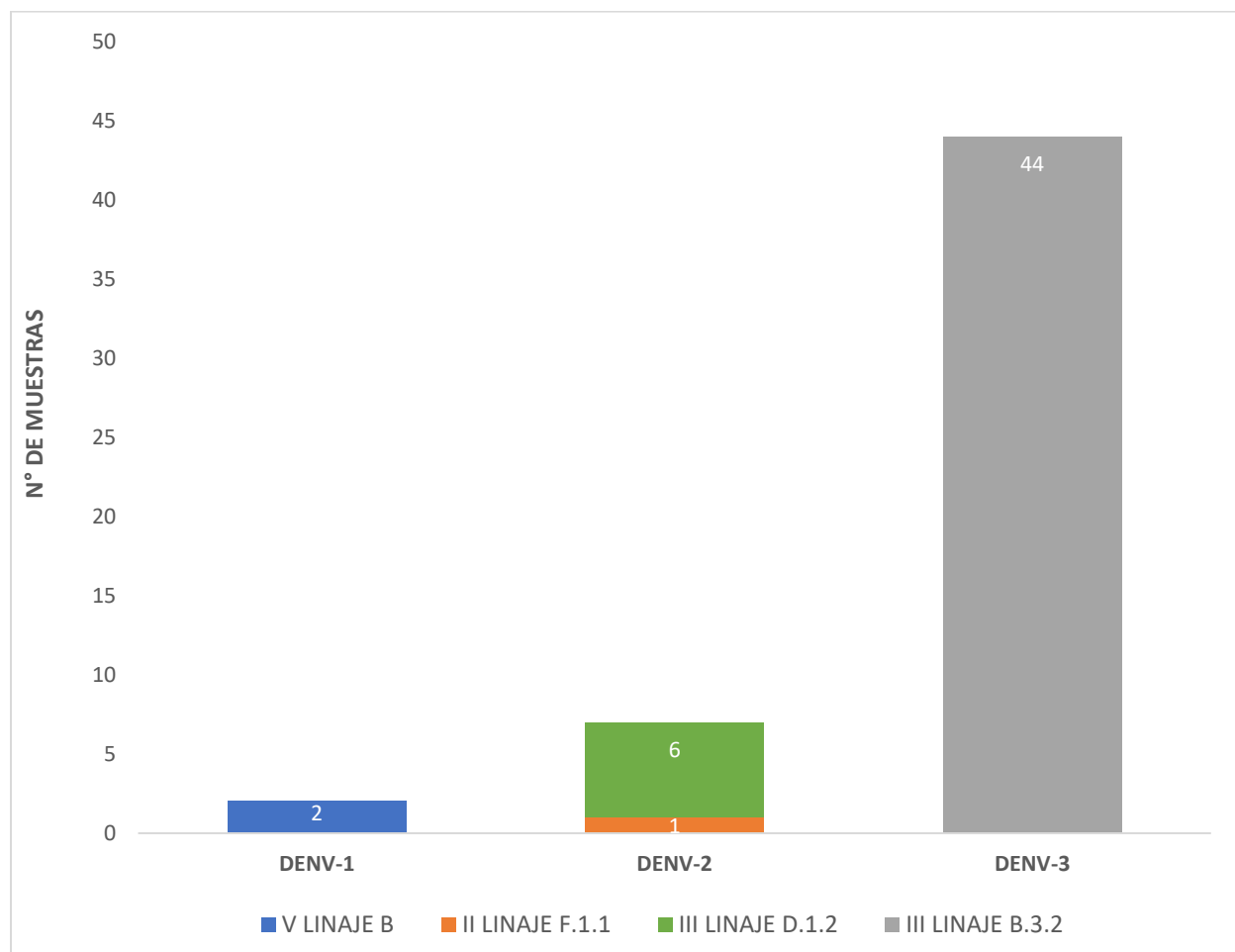
De acuerdo con la información consignada en la ficha epidemiológica, el primer caso asociado a este linaje fue identificado en octubre de 2025, correspondiente a una persona de sexo femenino de 31 años, de nacionalidad guatemalteca, procedente del departamento de Huehuetenango, sin antecedentes de viaje reportados. El cuadro clínico incluyó dolor retro-orbitario, anorexia, sudoración, artralgias y dolor abdominal, por lo que el caso fue clasificado como dengue con signos de alarma (DCSA).

El serotipo DENV-2 comprende cinco genotipos reconocidos (excluyendo los linajes selváticos): Americano (Genotipo I), Asiático (Genotipo IV), Asiático/Americano (Genotipo III) y Cosmopolita (Genotipo II), siendo este último el genotipo con mayor distribución a nivel mundial.

En la región de las Américas, históricamente se había documentado la circulación exclusiva del Genotipo III; sin embargo, esta situación cambió con la introducción del Genotipo II (Cosmopolita) en Perú durante un brote registrado en 2019. Posteriormente, se notificaron detecciones en Brasil en noviembre de 2021, Colombia en 2023 y Costa Rica en 2024, lo que evidencia un rápido establecimiento y una dinámica de dispersión regional sostenida.

En países como Colombia y Costa Rica, se identificó específicamente el Genotipo II, linaje F.1.1.2, el cual desplazó progresivamente al Genotipo III previamente circulante. No obstante, pese a este recambio genotípico, hasta la fecha no se ha demostrado una asociación con incrementos en la severidad clínica ni en la mortalidad de los casos, de acuerdo con la evidencia epidemiológica disponible.

Gráfica 6. Número de muestras por genotipo de dengue secuenciadas localmente, del 04 de septiembre al 27 de noviembre del 2025 (n=53).

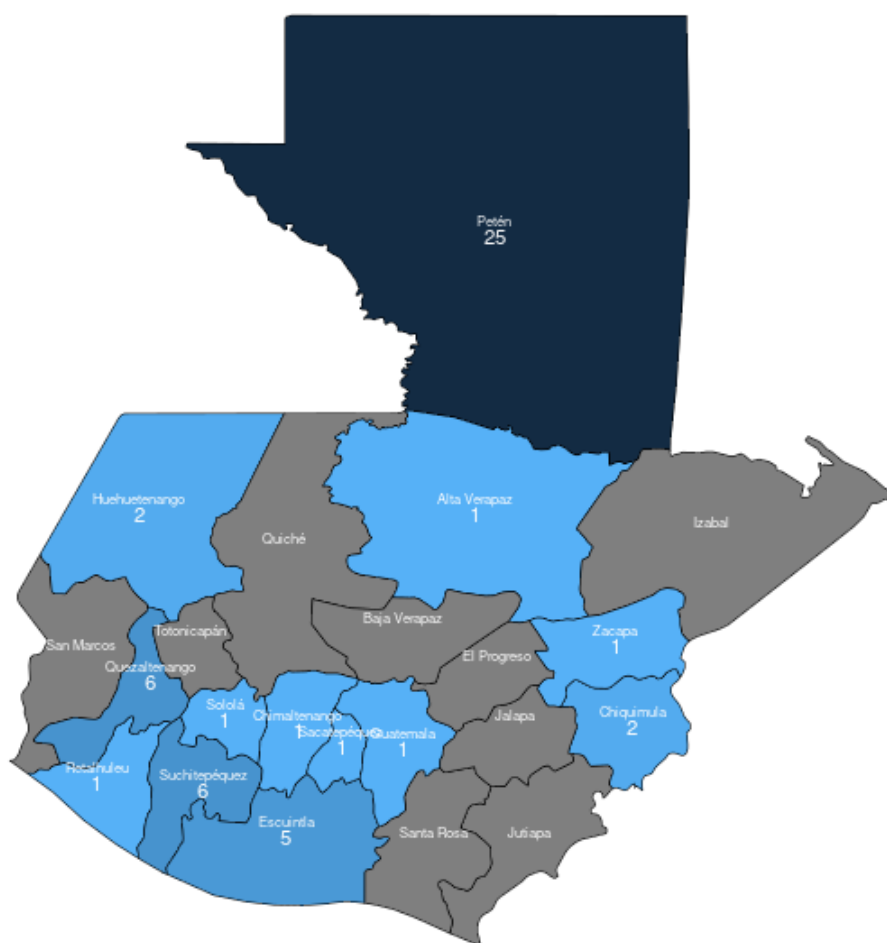


Fuente: Sección de Secuenciación, Dirección del Laboratorio Nacional de Salud –DLNS–.

A continuación, la Imagen 1 muestra la distribución espacial, por departamento, de las secuencias genómicas obtenidas en el proceso de secuenciación local. Los tres departamentos con mayor número de secuencias reportadas son El Petén (n=25), Suchitepéquez (n=6), Quetzaltenango (n=6), y Escuintla (n=5).

Finalmente, se resalta la importancia de continuar con el envío de muestras a la DLNS para mantener la vigilancia genómica, monitorear los posibles desplazamientos de genotipos de dengue en Guatemala y así contribuir oportunamente a la toma de decisiones en salud.

Imagen 1. Distribución de casos de dengue secuenciados localmente por departamento, del 04 de septiembre al 27 de noviembre del 2025 (n=53).



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