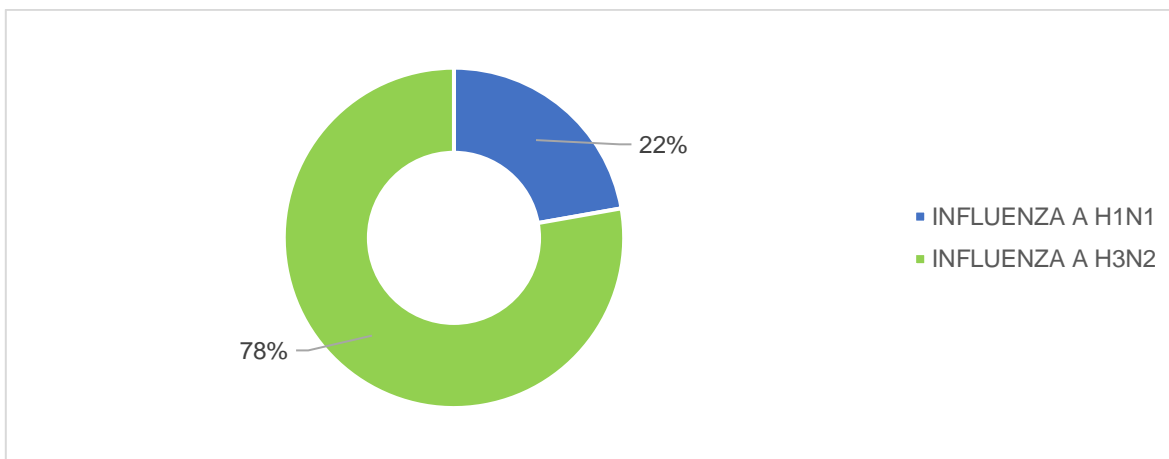


INFORME VIGILANCIA GENÓMICA INFLUENZA

VES-FLU-08-12-2025

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 que están circulando en Guatemala.

Ingresaron 09 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 03 al 16 de diciembre del 2025. Todas las muestras ingresadas cumplieron los criterios de inclusión para el proceso de secuenciación local. Se obtuvo la secuencia genómica efectiva del total de las muestras recibidas y se identificaron los subtipos, clado y subclado de influenza A.



Fuente: Dirección del Laboratorio Nacional de Salud

El 22% de las muestras secuenciadas corresponde al subtipo H1N1 y el 78% corresponde al subtipo H3N2. A continuación se detallan los clados y subclados detectados en cada uno:

<i>Subtipo</i>	<i>Clado</i>	<i>Subclado</i>	<i>Número de muestras</i>
H1N1	6B.1A.5a.2a.1	D.3.1	02
H3N2	3C.2a1b.2a.2a.3a.1	J.2	02
		J.2.3	01
		J.2.4	03
		K	01



En este proceso se detectó por primera vez influenza H3N2 clado 3C.2a1b.2a.2a.3a.1 y **subclado K** (J.2.4.1).

El 04 de diciembre de 2025 la Organización Panamericana de la Salud (OPS) y Organización Mundial de la Salud (OMS) informaron a través de su alerta epidemiológica que en los últimos meses la circulación del virus H3N2 subclado K (J.2.4.1) ha aumentado rápidamente en Europa y el este de Asia. Es importante mencionar que no se han documentado cambios significativos en la gravedad clínica de la enfermedad. La evolución genética observada en el subclado K forma parte del proceso natural de variación del virus estacional, ya que este se derivó del clado J.2.4 que ha circulado anteriormente.

La OPS para la Región de las Américas, refuerza la importancia de vigilar estrechamente la evolución del virus, a través de la vigilancia genómica, mantener una alta cobertura de vacunación, tratar oportunamente los casos y asegurar la preparación ante una posible actividad más temprana o intensa.