

8. Análisis filogenético de cepas de virus dengue circulantes en la frontera colombo-venezolana en el 2015-2019

Marlen Carrillo^{1,2}, Julián Ruíz-Saenz¹, Lucy Jaimes³, Sara Robledo²,
Marlen Martínez-Gutiérrez^{1*}

INTRODUCCIÓN

El Dengue es la infección viral transmitida por vectores más importante en países tropicales y subtropicales. De hecho, en lo corrido del año se ha informado que hay más de dos millones de casos reportados de dengue en América Latina. En Colombia, las mayores tasas de incidencia de dengue se presentan principalmente en seis regiones, siendo Norte de Santander una de ellas. Esta región del país tiene 10 municipios fronterizos con Venezuela, siendo el puente internacional Simón Bolívar en Villa del Rosario, el paso migratorio que mayor registra movimientos de entrada y salida de colombianos y venezolanos en el país. A la par, Venezuela es un país donde el dengue también constituye un problema de salud pública y ocurren epidemias frecuentes desde 2001.

OBJETIVO

Realizar un análisis filogenético a muestras positivas para Virus Dengue (DENV), recolectadas de pacientes del municipio de Villa del Rosario, Norte de Santander

METODOLOGÍA

Se procesaron 30 muestras de sueros positivas para DENV-1 y DENV-2, recolectadas entre agosto de 2015 a abril de 2016 y 7 muestras de sueros positivas para DENV-1, recolectadas entre abril a agosto de 2019. En algunas de estas muestras se logró amplificar y secuenciar el gen de la proteína de envoltura. Las secuencias obtenidas se editaron y ensamblaron usando SeqMan PRO, luego se alinearon utilizando CLUSTAL W con cepas previamente reportadas en el GenBank y se construyeron árboles filogenéticos usando el Software MEGA 7.

.....
¹ Grupo de Investigación en Ciencias Animales (GRICA), Universidad Cooperativa de Colombia, sede Bucaramanga, Colombia.

² Programa de estudio y Control de Enfermedades Tropicales- PECET, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia.

³ Laboratorio clínico, ESE Hospital Jorge Cristo Sahium, Norte de Santander, Colombia.

Correspondencia: Marlen Martínez-Gutiérrez; marlen.martinezg@campusucc.edu.co

DINAI 1882-2016

RESULTADO

El análisis filogenético con Maximum Likelihood (ML) de DENV-1 demostró que las secuencias pertenecen al genotipo V, Clado I. Adicionalmente, se observó que las secuencias formaron una agrupación parafilética, cuatro secuencias se encontraban agrupadas con cepas de Venezuela y Colombia, mientras dos secuencias con cepas de Ecuador y Panamá. Se encontró que las secuencias del actual brote epidemiológico de dengue corresponden a DENV-1 formando un clado diferente de las secuencias previamente diagnosticadas en 2016 en la misma región. Para el caso de DENV-2 con el árbol filogenético de ML, se evidenció que las secuencias pertenecen al genotipo asiático-americano y Clado IV, asimismo estas secuencias formaron una agrupación parafilética con secuencias de Venezuela y Colombia, previamente reportadas entre el 2008 al 2016.

DISCUSIÓN Y CONCLUSIÓN

Nuestros análisis de DENV-1 permitieron confirmar la presencia del genotipo V, característico en la mayor parte de las cepas de aisladas en Colombia y América. A su vez, nuestras secuencias se encontraron en el clado I que comprende secuencias de países de América reportadas entre 1977-2018. Para el caso de DENV-2, nuestras muestras corroboraron la presencia del genotipo asiático-americano, lo que concuerda con los reportes de los últimos años en la región. También las muestras se agruparon en el clado IV, el más difundido en América. Sin embargo, un hallazgo significativo fue que nuestras secuencias formaron agrupaciones parafiléticas, que evidencian que en esta región ocurren múltiples eventos epidemiológicos, lo cual indica que la proximidad geográfica está favoreciendo a la exportación e importación de diferentes cepas entre Colombia y Venezuela. Igualmente, demuestra la importancia de vigilar las arbovirosis en las regiones fronterizas donde el flujo migratorio favorece la alta transmisión de las enfermedades infecciosas.

BIBLIOGRAFÍA

1. Jiménez-Silva CL, Carreño MF, Ortiz-Baez AS, Rey LA, Villabona-Arenas CJ, Ocazonez RE. Evolutionary history and spatio-temporal dynamics of dengue virus serotypes in an endemic region of Colombia. *PLoS one*. 2018;13(8):e0203090.
2. Ocazonez-Jiménez RE, Ortiz-Báez AS, Gómez-Rangel SY, Miranda-Esquivel DR. Virus del dengue de

- serotipo 1 (DENV-1) de Colombia: su contribución a la presentación del dengue en el departamento de Santander. *Biomédica*. 2013;33(1):22-30.
3. Mendez JA, Usme-Ciro JA, Domingo C, Rey GJ, Sánchez JA, Tenorio A, et al. Phylogenetic history demonstrates two different lineages of dengue type 1 virus in Colombia. *Virology*. 2010;7(1):226.
 4. De Bruycker-Nogueira F, Mir D, dos Santos FB, Bello G. Evolutionary history and spatiotemporal dynamics of DENV-1 genotype V in the Americas. *Infect Genet Evol*. 2016;45:454-60.
 5. Méndez JA, Usme-Ciro JA, Domingo C, Rey GJ, Sánchez JA, Tenorio A, et al. Phylogenetic reconstruction of dengue virus type 2 in Colombia. *Virology*. 2012;9(1):64.
 6. Laiton-Donato K, Alvarez DA, Peláez-Carvajal D, Mercado M, Ajami NJ, Bosch I, et al. Molecular characterization of dengue virus reveals regional diversification of serotype 2 in Colombia. *Virology*. 2019;16(1):62.
 7. Mir D, Romero H, de Carvalho LMF, Bello G. Spatiotemporal dynamics of DENV-2 Asian-American genotype lineages in the Americas. *PLoS one*. 2014;9(6):e98519.