

ÁREA TEMÁTICA: Evolución viral.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.001.708>

ACV-2025-014

Identificación de genotipos y linajes de los serotipos del virus dengue en Cartagena (Colombia) durante 2018-2022

EDER CANO-PÉREZ^{1,2}, DORIS GÓMEZ-CAMARGO^{1,2}, DACIA MALAMBO-GARCÍA¹

¹ Grupo de Investigación UNIMOL, Facultad de Medicina, Universidad de Cartagena, Cartagena (Colombia).

² Doctorado en Medicina Tropical, Facultad de Medicina, Universidad de Cartagena, Cartagena (Colombia).

Correspondencia: Dacia Malambo-García. dmalambog@unicartagena.edu.co

RESUMEN

Introducción: Los serotipos y genotipos del virus del dengue (DENV) son determinantes significativos de la gravedad clínica y del potencial epidémico de la enfermedad. Este estudio tuvo como objetivo genotipificar los serotipos circulantes de DENV en Cartagena (Colombia).

Métodos: Se analizaron muestras positivas para DENV-1, DENV-2 y DENV-3, recolectadas entre 2017 y 2022, como parte de un estudio de vigilancia. Se eligieron aquellas con valores de $Ct \leq 25$ para la secuenciación del genoma completo utilizando el sistema MinION de Oxford Nanopore mediante el enriquecimiento del genoma viral por amplificación. Para cada serotipo se construyeron conjuntos de datos filogenéticos que incluyeron únicamente secuencias >8000 pb con información completa de año y origen. Las secuencias se alinearon con MAFFT y se analizaron filogenéticamente con IQ-TREE, evaluando la robustez con SH-aLRT y 1000 réplicas de “bootstrap”.

Resultados: En total se obtuvieron 25 secuencias genómicas de DENV, de las cuales 23 fueron completas o casi completas (>8000 pb): nueve correspondientes a DENV-1, nueve a DENV-2 y cinco a DENV-3. El valor promedio de Ct fue 23,1 para DENV-1, 25,0 para DENV-2 y 26,2 para DENV-3. Los genomas presentaron una cobertura media del 89,9 % y una profundidad promedio de 355X. Las secuencias de DENV-1 (2018-2020) pertenecieron al genotipo V (siete al linaje D.1 y dos al linaje D.2); las de DENV-2 (2019-2022), al linaje D.2 del genotipo III; y las de DENV-3 (2018-2019), al linaje C.2 del genotipo III. Todas las secuencias obtenidas se agruparon filogenéticamente con cepas circulantes previamente reportadas en Colombia y otros países de la región.

Conclusiones: La detección de múltiples linajes y genotipos de DENV en Cartagena revela una dinámica viral activa que exige vigilancia genómica sostenida, esencial para detectar cambios evolutivos a tiempo y optimizar las estrategias de control y prevención en zonas endémicas.

Palabras clave: dengue, serotipos, genotipos, vigilancia genómica.