

ÁREA TEMÁTICA: Epidemiología molecular y genómica.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.813.445>

ACV-2025-119

Epidemiología genómica del dengue 2 y 3: introducciones y exportaciones de linajes en Colombia

JORGE MIRANDA¹, RICARDO RIVERO^{1,2,12}, VANEZA TIQUE-SALLEG^{1,3,9}, DANIEL ECHEVERRI-DE LA HOZ^{1,4,9}, LAMBODHAR DAMODARAN⁴, DANIELA PATERNINA¹, MAURICIO SANTOS-VEGA⁶, DANIELA TORRES⁷, DIANA DAVALOS⁷, EDUARDO LOPEZ-MEDINA⁷, MALLERY I. BREBAN⁸, GERMAN ARRIETA^{1,9}, VERITY HILL⁸, NATHAN D. GRUBAUGH⁸, SALIM MATTAR¹

¹ Universidad de Córdoba, Instituto de Investigaciones Biológicas del Trópico, Montería (Colombia).

² Paul G. Allen School for Global Health, Washington State University, Pullman, 99164 Washington (United States of America).

³ Hospital San Jerónimo, Montería (Colombia).

⁴ Universidad de Santander, Facultad de Ciencias Médicas y de la Salud, Programa de Bacteriología y Laboratorio Clínico, Valledupar (Colombia).

⁵ Department of Pathobiology, School of Veterinary Medicine, University of Pennsylvania, Philadelphia, 19104, Pennsylvania (United States of America).

⁶ Grupo de Biología Matemática y Computacional (BIOMAC), Universidad de los Andes, Bogotá, 10587 (Colombia).

⁷ Centro de Estudios en Infectología Pediátrica CEIP, Cali (Colombia).

⁸ Department of Epidemiology of Microbial Diseases, Yale School of Public Health, New Haven, 610101, Connecticut (United States of America).

⁹ Clínica Salud Social, Sincelejo, Sucre (Colombia).

Correspondencia: Salim Mattar. smattar@correo.unicordoba.edu.co

RESUMEN

Introducción: La dinámica espaciotemporal de los linajes del virus del dengue (DENV) en Colombia es un reto; la identificación de patrones de introducción, exportación y reemplazo de linajes, y su relación con la dinámica antigénica, es importante en las enfermedades transmisibles. El objetivo de este trabajo fue analizar la epidemiología genómica de DENV-2 y DENV-3 en Colombia y las Américas.

Métodos: Se realizó RT-qPCR y secuenciación mediante el protocolo DengueSeq en la plataforma MinION (Oxford Nanopore Technologies). Los sueros fueron recolectados entre 2023-2024 en Córdoba y Sucre. El análisis bioinformático y filogenético se realizó con iVar, Nextclade, IQ-tree, BEAST y Treetime. Se aplicó un modelo estadístico GLM Poisson para evaluar patrones de migración viral (Markov jumps) y el *software* MVSE para estimar la idoneidad vectorial a partir de datos meteorológicos. Se realizó la secuenciación de genomas de dengue y se integraron datos clínicos, climáticos y epidemiológicos para identificar linajes, rutas de transmisión y condiciones que favorecen la propagación del virus. La visualización genética se realizó mediante t-SNE, representando distancias entre secuencias en dos dimensiones.

Resultados: Se analizaron 11 443 secuencias completas del genoma de Colombia y las Américas para estudiar la epidemiología genómica de DENV-2 y DENV-3. La reconstrucción filogeográfica reveló múltiples introducciones y exportaciones independientes de los linajes cosmopolita y asiático-americano de DENV-2, así como del linaje DENV-3 III C.2.

Conclusiones: Resalta el papel fundamental de Colombia como fuente y parada del tráfico viral dentro de las Américas. El perfil antigénico demostró una agrupación distinta de linajes emergentes en el espacio antigénico, consistente con el recambio impulsado por el escape inmunológico. Los resultados evidencian la necesidad de una vigilancia genómica sistemática y de alta resolución para guiar las intervenciones de salud pública específicas y mitigar la transmisión del dengue en toda la región.

Palabras clave: salud pública, epidemiología genómica, filogeografía, escape antigénico, arbovirus, enfermedades transmitidas por vectores.