

Circulación diferencial de especies y genotipos/clados de Rinovirus en el periodo de pandemia de COVID-19 y el periodo postpandemia



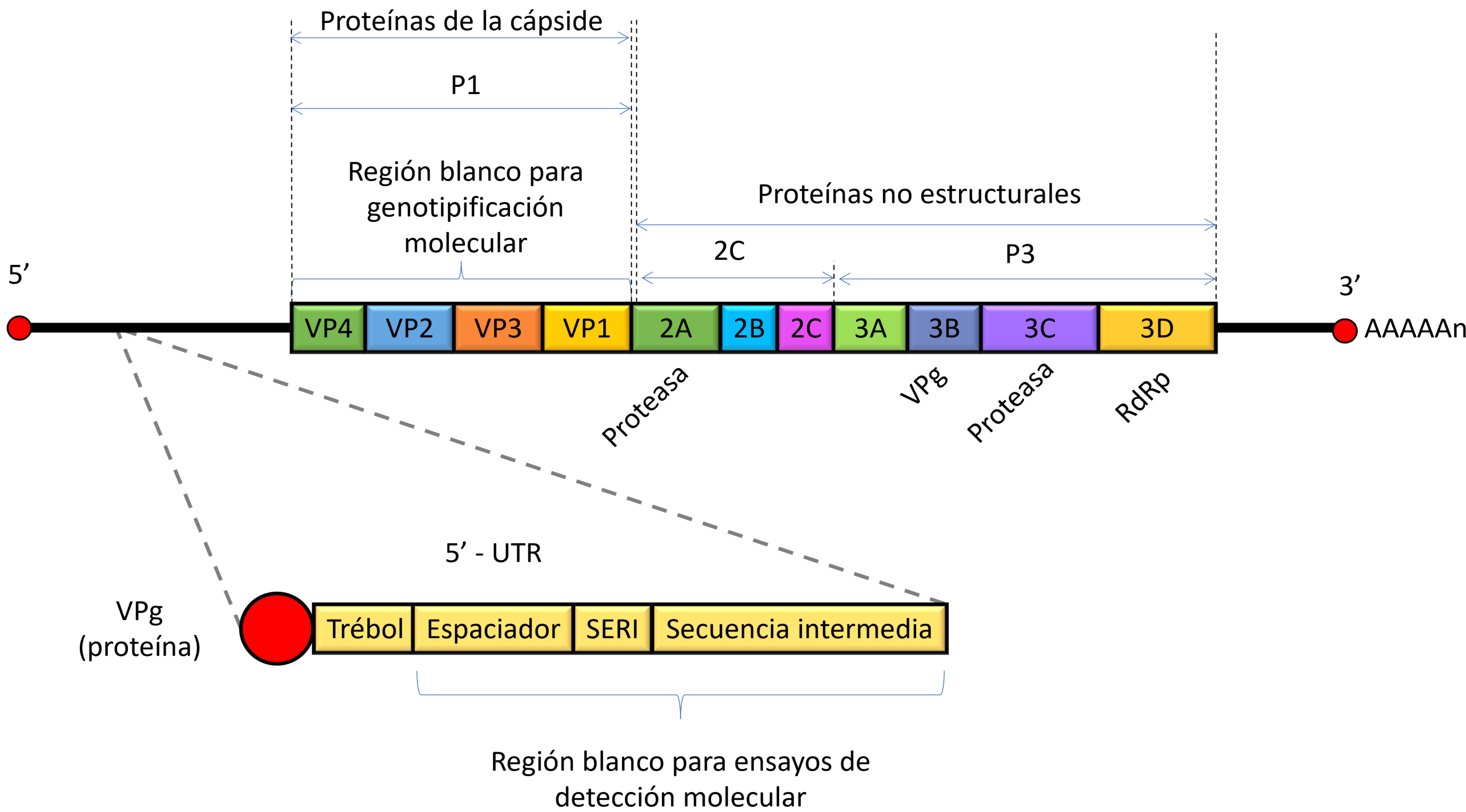
William F. Chaparro-Pico¹, Nathalia Bueno¹, Martha Lucía Díaz¹, Anyela Lozano-Parra², Jürg Niederbacher^{2,3}, Diana Niño², Víctor Herrera^{2,4}, Mayra Machuca¹, Luis Miguel Sosa Avila³

1. Grupo Inmunología y Epidemiología Molecular (GIEM), Escuela de Microbiología, Universidad Industrial de Santander, Bucaramanga, Colombia
2. Grupo de Epidemiología Clínica (EPICLIN), Universidad Industrial de Santander, Bucaramanga, Colombia
3. Grupo de Investigación de Pediatría (PAIDÓS), Departamento de Pediatría, Universidad Industrial de Santander, Bucaramanga, Colombia
4. Grupo de Investigación en Demografía, Salud Pública y Sistemas de Salud (GUINDESS), Universidad Industrial de Santander, Bucaramanga, Colombia

INTRODUCCIÓN

Rinovirus (RV) es la principal causa de infecciones respiratorias agudas graves (IRAG) y ha sido reconocido como el agente etiológico de los «resfriados comunes» (1). La infección por este virus provoca síntomas como rinorrea, congestión nasal, dolor de garganta, tos, cefalea, malestar general difuso. Actualmente, se ha vinculado este virus con casos severos de neumonía y exacerbaciones del asma (2,3). RV es un virus de ARN de cadena sencilla de polaridad positiva, no envuelto, clasificado dentro del género *Enterovirus* de la familia *Picornaviridae* (4). Este virus se caracteriza por su amplia diversidad genética. Hasta la fecha, existen tres especies, RV-A, RV-B y RV-C, que incluyen aproximadamente 169 genotipos diferentes (1).

Para la asignación de cada genotipo, uno de los métodos utilizados se basa en la secuenciación de la región VP4-VP2 del genoma viral (1). Durante la pandemia de COVID-19, diferentes virus respiratorios mostraron una circulación reducida, como es el caso de RV; sin embargo, tras la relajación de las medidas de bioseguridad, RV resurgió rápidamente y continuó siendo una de las principales causas de IRA (3). En Colombia, durante los dos primeros años de pandemia, uno de los virus más detectados, aparte de SARS-CoV-2, fue RV. Este virus fue responsable de un aumento exponencial de los casos de infección respiratoria con una alta proporción de infecciones (48,8%) y se asoció con una mayor tasa de hospitalización y requerimiento de UCI (5,6). Hasta la fecha no existen estudios sobre la diversidad del RV en Colombia. El objetivo de este estudio fue determinar los genotipos/clados de RV circulantes durante la pandemia de COVID-19 (2020-2021) y después (2023 - 2024) en una región de Colombia.



METODOLOGÍA

Población de estudio

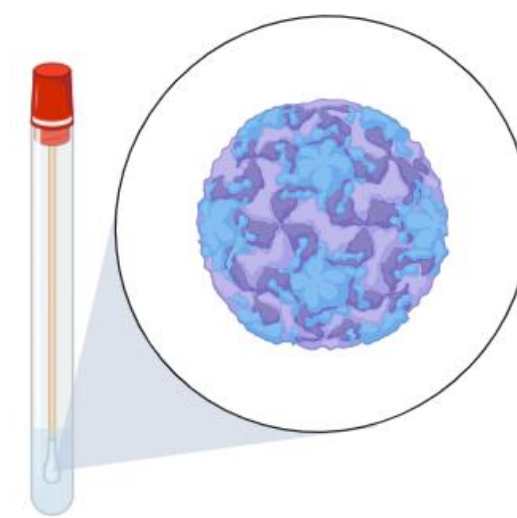


600 muestras → 2020-2021
321 muestras → 2023 - 2024

Detección Viral (RT-qPCR)

PIV 1, 2, 3
AdV B, C y E
INF A y B
RSV-A, B
RV-A, B, C
MPV
SARS-CoV-2

Muestras positivas para RV



- CT < 25
- RT-PCR for VP4/VP2 amplification

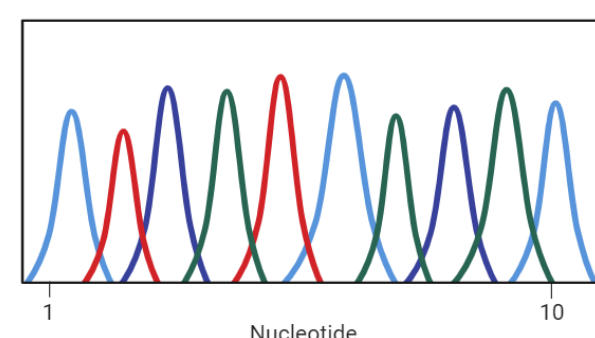
Secuencias de referencia

- RV-A = 178
- RV-B = 52
- RV-C = 79



Bootstrap de 1000 replicas

Análisis filogenético



MAFFT

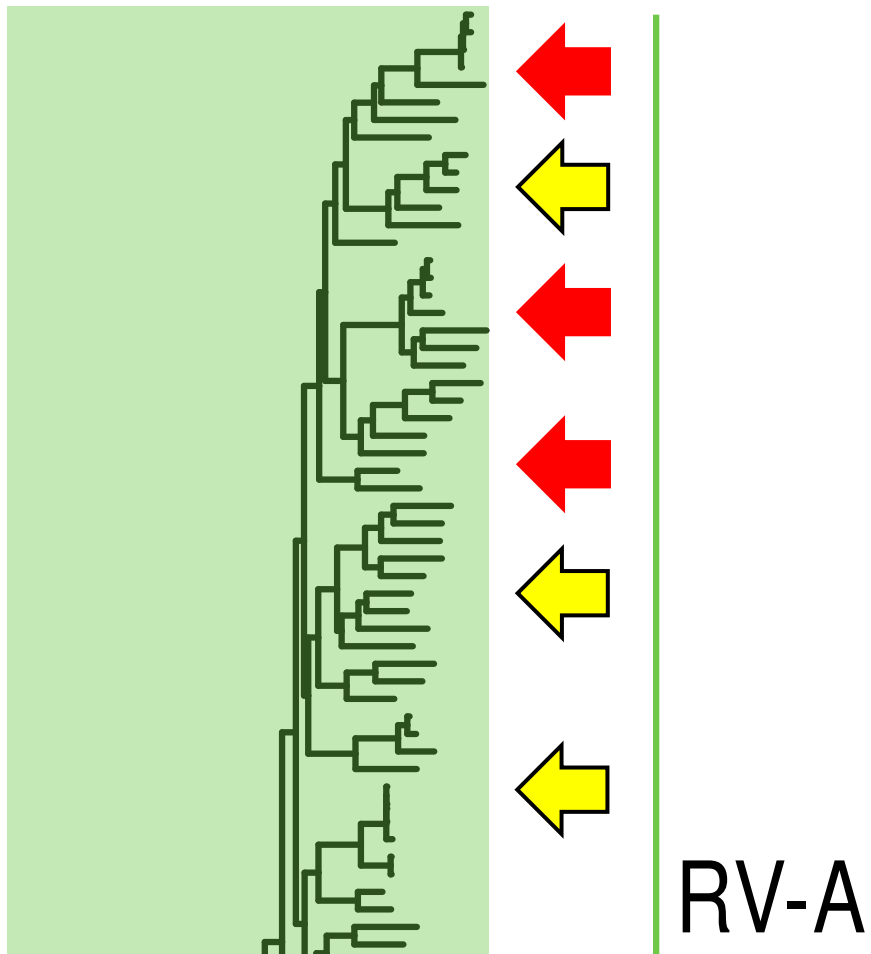
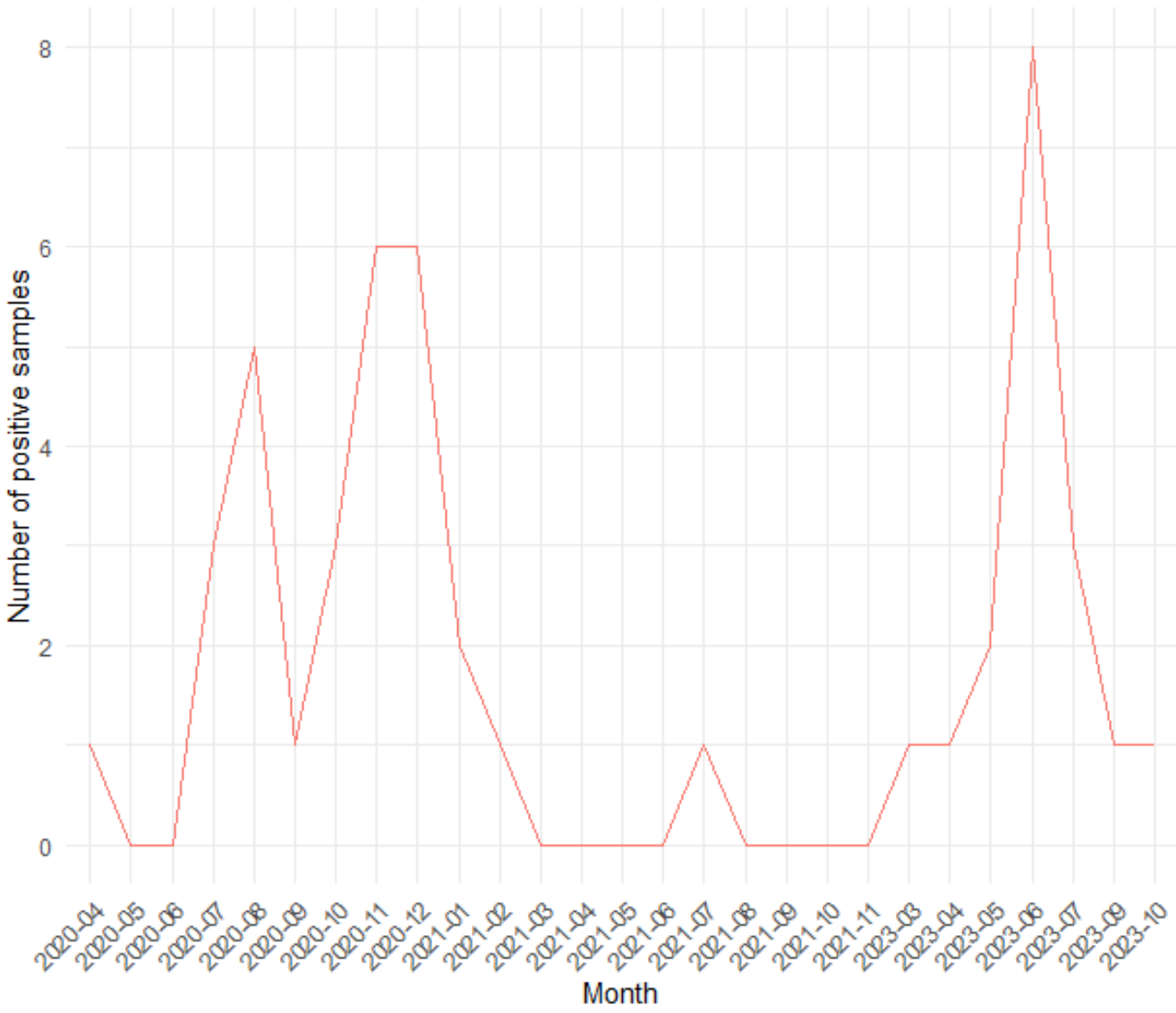


IQ-Tree

RESULTADOS

Genotipos/Clados detectados de RV

Circulación de RV 2023 - 2024



RV-A

RV-C

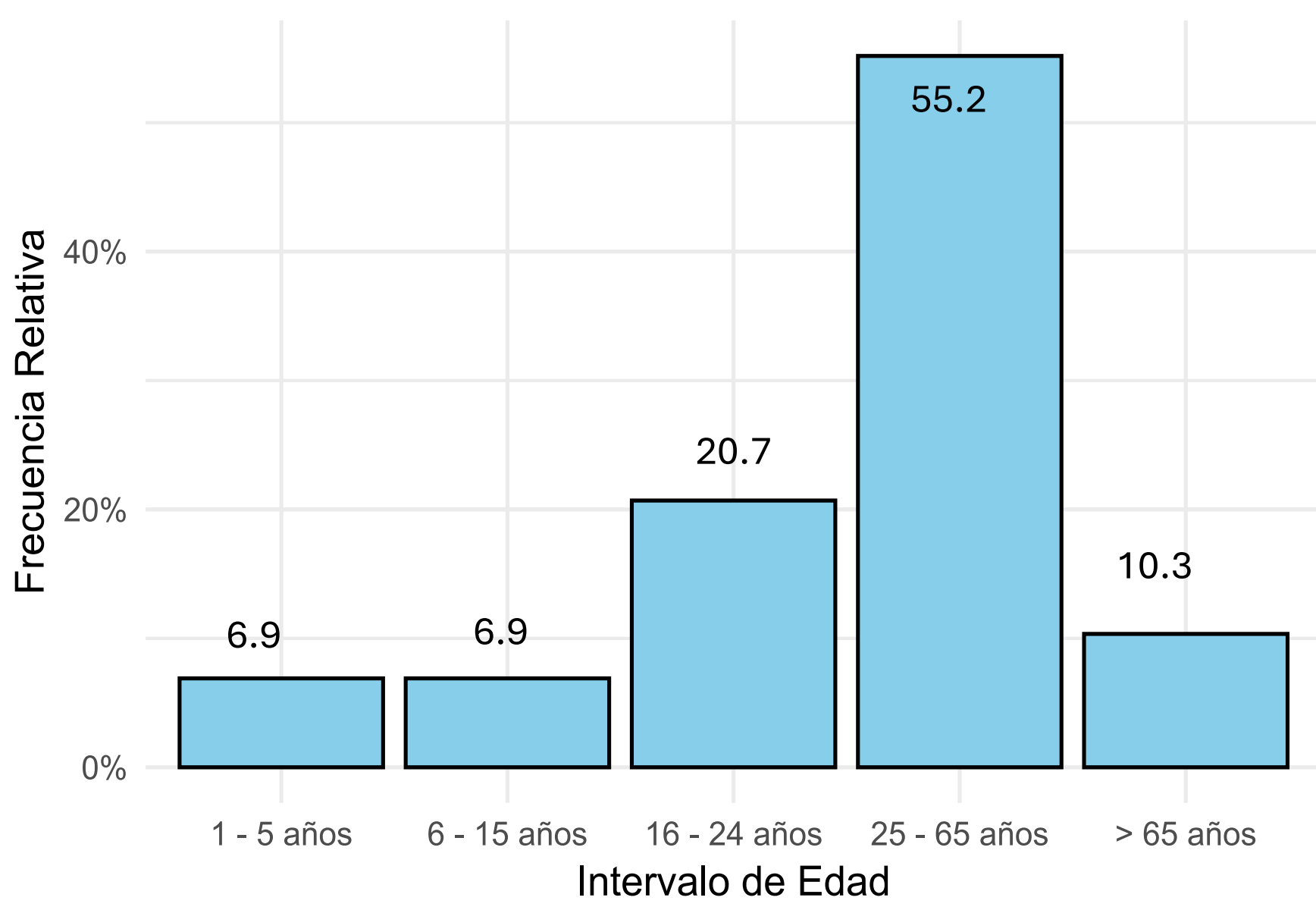
RV-B

Árbol filogenético construido con las secuencias de referencia obtenidas de GenBank y con las secuencias de este estudio. En rojo se señalan las especies y genotipos detectados durante el periodo 2020 – 2021 y en amarillo los detectados en el periodo 2023 - 2024

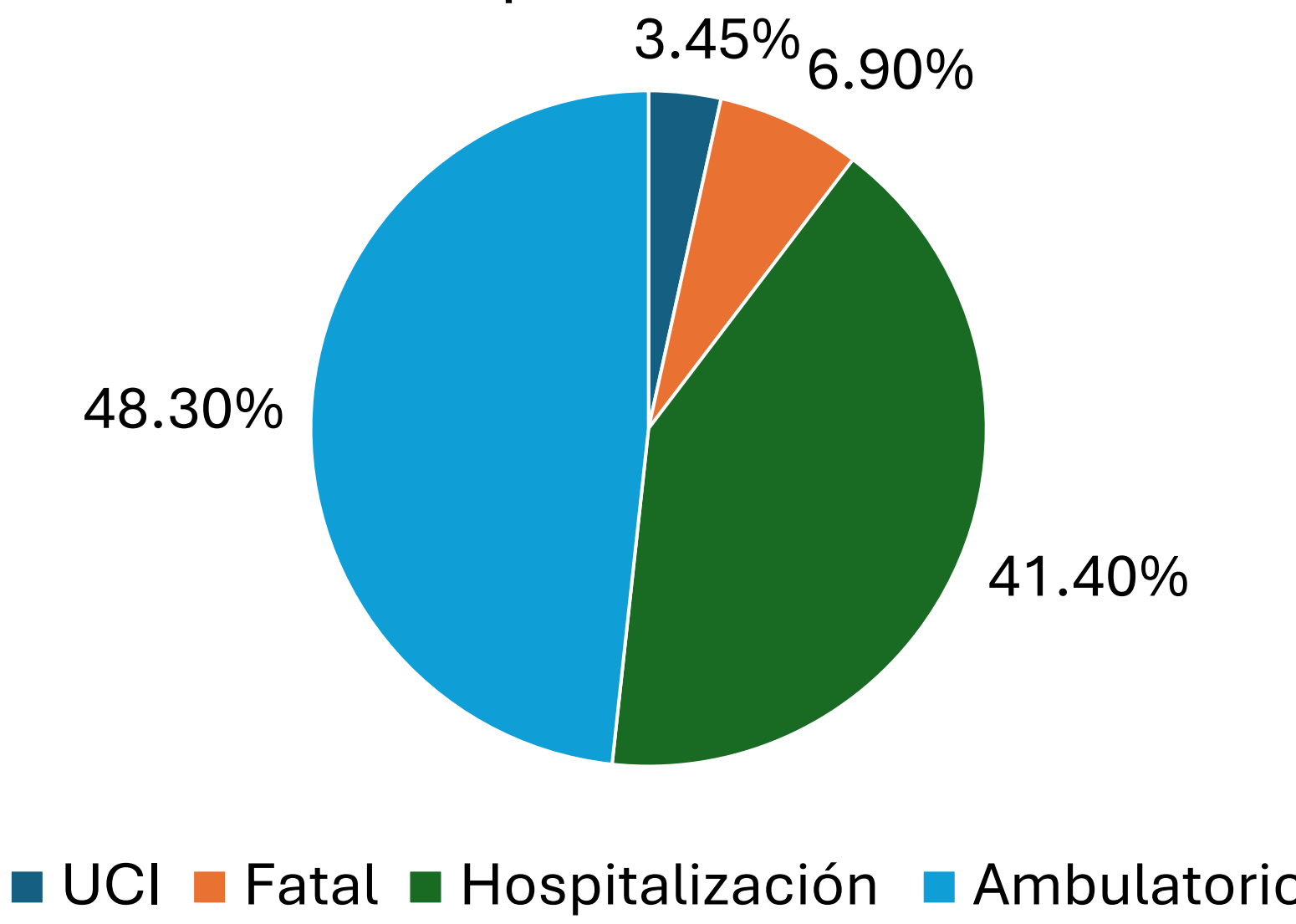
Periodo	RV-A	RV-B	RV-C
2020 - 2021	A30 A66 A1B	B91	-
2023 - 2024	A22, A32, A36, A53, A75, A77	B70	C11, C15, C17, C40, C46

Características de la población

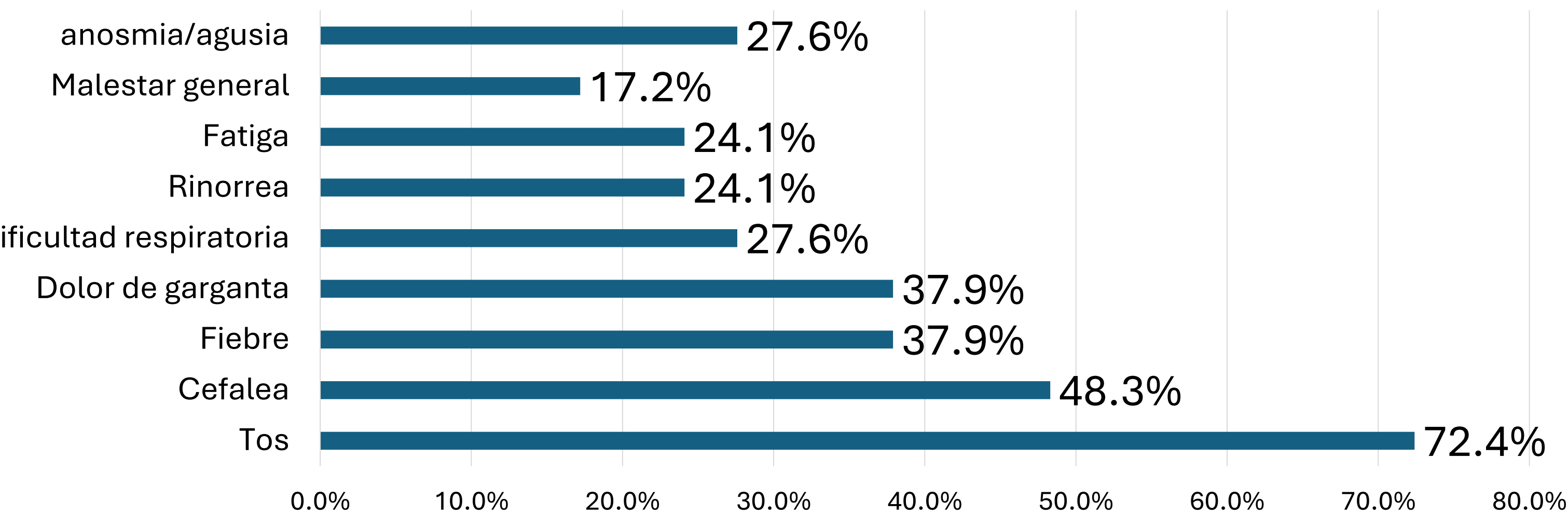
Distribución de Edades (RV 2020-2021)



Tipo de caso



Síntomas



CONCLUSIONES

Nuestro análisis permitió determinar los genotipos/clados de RV pertenecientes a cada especie del virus en casos de IRA en el periodo pandémico y post-pandémico.

Este trabajo es el primer reporte en Colombia sobre la detección de genotipos de RV durante el periodo 2020 – 2021 (introducción del SARS-CoV-2) y post pandemia. Estos hallazgos destacan la importancia de la vigilancia molecular continua y detallada de patógenos virales causantes de IRA para comprender su relación con otras patologías respiratorias crónicas, su dinámica y evolución, especialmente en contextos locales como Colombia.



REFERENCIAS