06-01-3: Caracterización molecular de Virus Sincitial Respiratorio y Rinovirus identificados a partir de muestras respiratorias de población de Santander durante el periodo 2020-2024







Chaparro-Pico, William F.^{1*}, Bueno Nathalia¹, Lozano-Parra, Anyela², Niederbacher, Jürg^{2,3}, Niño, Diana², Herrera Víctor^{2,4}, Sosa Ávila, Luis Miguel³, Díaz, Martha Lucía¹, Machuca Pérez, Mayra A.¹⁺

- ^{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.
- * Autor presentador: wifechap@correo.uis.edu.co , Bucaramanga, Colombia + Autor de correspondencia: maymaper@uis.edu.co

INTRODUCCIÓN

Las infecciones respiratorias agudas (IRA) se constituyen como una fuente extremadamente común e importante de morbilidad, mortalidad y conllevan una carga económica alta en términos de costos médicos, ausentismo escolar y pérdida de la capacidad laboral que afectan a población de todas las edades [1]. Los virus que afectan el tracto respiratorio representan una de las principales causas de IRA en pacientes de todas las edades [2], Virus Sincitial Respiratorio (VSR) y Rinovirus (RV) son dos de los patógenos más comunes que provocan casos de IRA [3] con síntomas que van desde leves hasta enfermedad grave [4].

Causa más frecuente de infecciones de las vías respiratorias inferiores en lactantes pequeños y mayores de 60 años [5]. VSR se clasifica en dos subtipos (VSR-A y VRS-B) y diversos genotipos en función de la secuencia de las proteínas G y F [6, 7, 8, 9, 10].

Proteínas de la cápside P1 Región blanco para genotipificación molecular 2C P3 3' VP4 VP2 VP3 VP1 ZA ZB ZC 3A 3B 3C 3D AAAAAA AAAAAA Trébol Espaciador SERI Secuencia intermedia

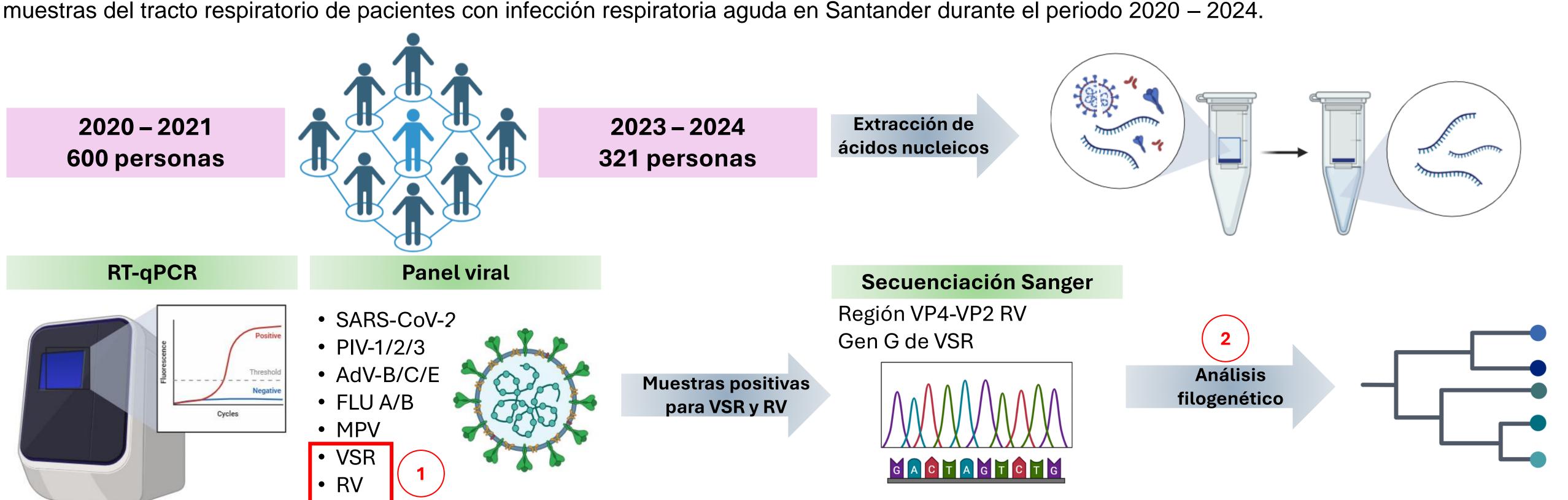
Causa infecciones leves de las vías respiratorias superiores, bronquiolitis, exacerbaciones del asma, crup y neumonía adquirida en la comunidad [11, 12, 13]. RV se clasifica en tres especies (RV-A, RV-B y RV-C) dentro de las cuales hay diversos genotipos, en función de las secuencias VP4-VP2 [14].

MATERIALES Y MÉTODOS

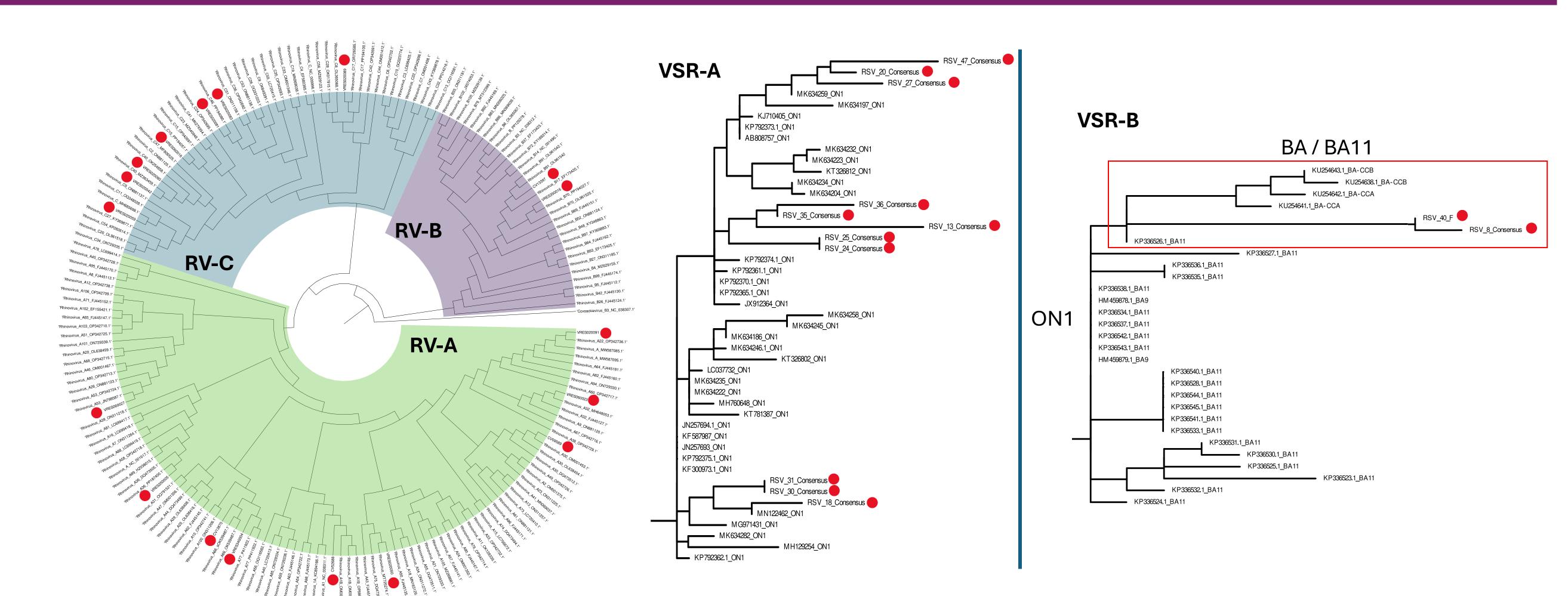
(proteína)

Región blanco para ensayos de detección molecular

Objetivo general: Caracterizar a nivel molecular los genotipos o clados predominantes de Virus Sincitial Respiratorio y Rinovirus identificados a partir de muestras del tracto respiratorio de pacientes con infección respiratoria aguda en Santander durante el periodo 2020 – 2024



MATERIALES Y MÉTODOS



	RV			VSR		
Periodo	RV-A	RV-B	RV-C	VSR-A	VSR-B	
2020 - 2021	A30, A66, A1B	B91	_	N	No detectado	
2023 - 2024	A22, A32, A36, A53, A75, A77	B70	C11, C15, C17, C40, C46	ON1	BA11	

CONCLUSIONES

BIBLIOGRAFÍA

- Se observó un incremento notable en la detección de RV y VSR entre los periodos 2020-2021 y 2023-2024.
- Se identificaron genotipos de las tres especies de RV, varios de los cuales no habían sido reportados previamente en Colombia.
- Aunque no se detectó entre 2020-2021, en 2023-2024 VSR estuvo presente en el 10.9% de las muestras, destacando los genotipos RSV-A-ON1 y RSV-B-BA11
- Los resultados sugieren una modificación en los patrones de circulación de VSR en la región entre ambos periodos.
- Estos hallazgos enfatizan la importancia de un monitoreo continuo y detallado de los virus respiratorios, especialmente en contextos locales como Colombia.

