

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

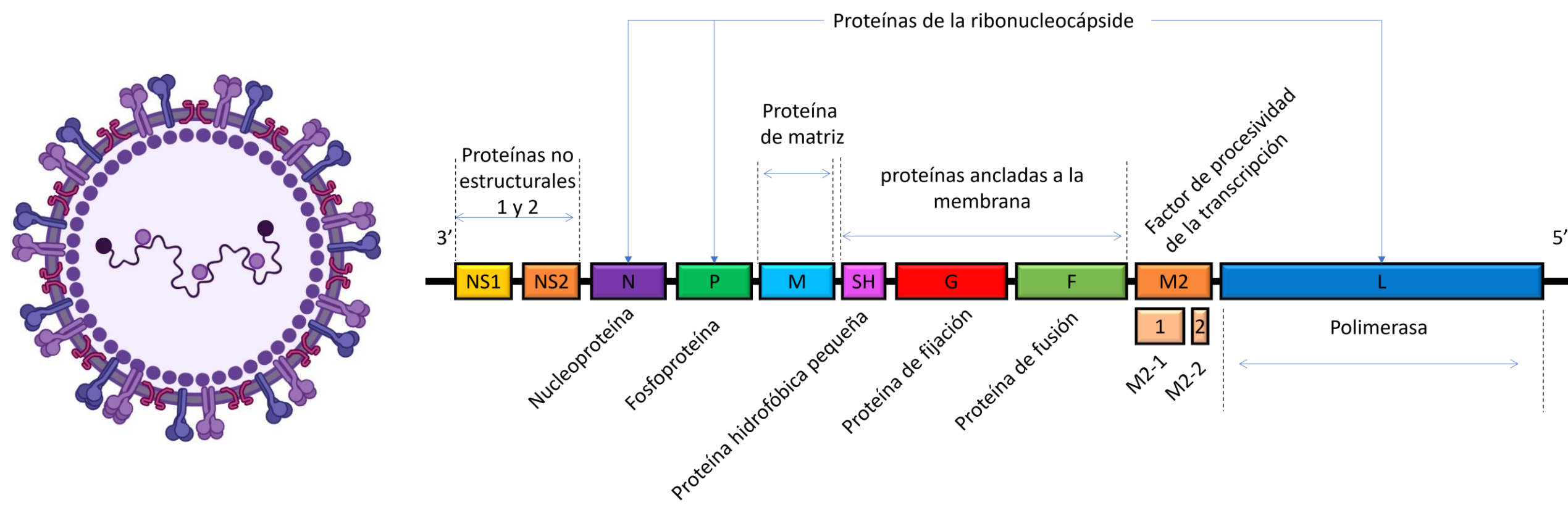
¹ Grupo Inmunología y Epidemiología Molecular (GIEM), Escuela de Microbiología, Universidad Industrial de Santander, Bucaramanga, Colombia.
² Grupo de Epidemiología Clínica (EPICLIN), Universidad Industrial de Santander, Bucaramanga, Colombia.
³ Grupo de Investigación de Pediatría (PAIDÓS), Departamento 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: williamfernandochaparro@gmail.com, wifchap@correo.uis.edu.co +573182719412, Bucaramanga, Colombia

INTRODUCCIÓN

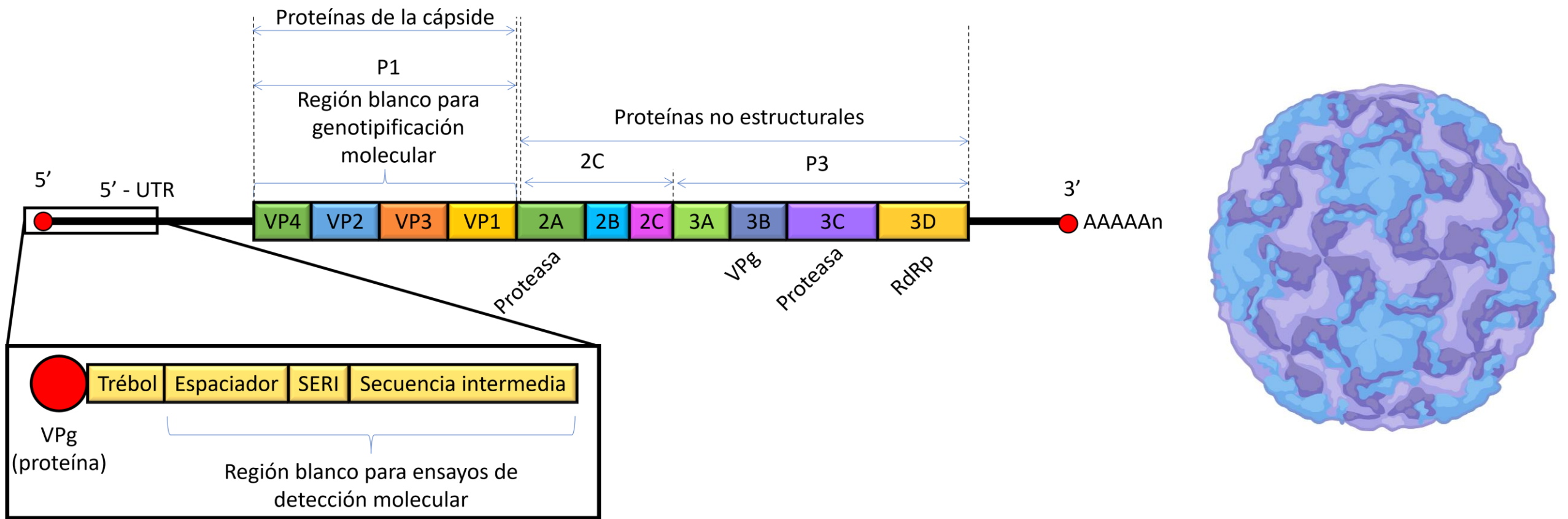
Las infecciones respiratorias agudas (IRA) se constituyen como una fuente extremadamente común e importante de morbilidad, mortalidad y conllevan una carga económica alta en términos de costos médicos, ausentismo escolar y pérdida de la capacidad laboral que afectan a población de todas las edades [1]. 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].

Virus Sincitial Respiratorio



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].

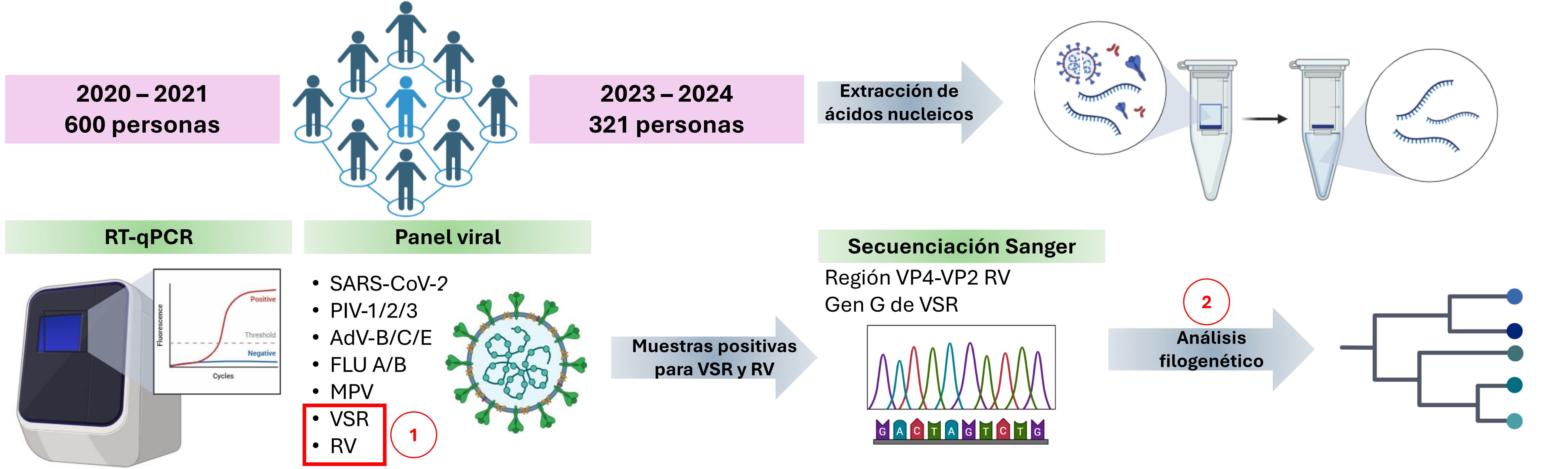
Rinovirus



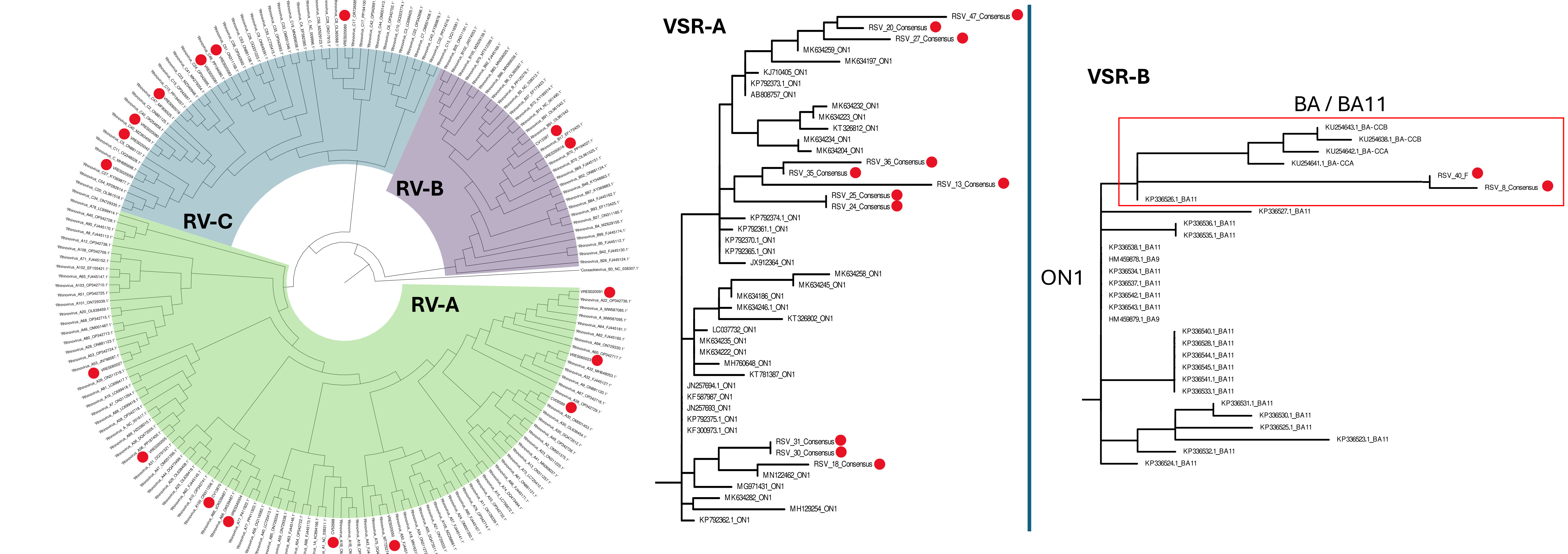
Causa infecciones leves de las vías respiratorias superiores, bronquiolitis, exacerbaciones del asma, crup y neumonía adquirida en la comunidad (11, 12, 13). RV se clasifica en tres especies (RV-A, RV-B y RV-C) dentro de las cuales hay diversos genotipos, en función de las secuencias VP4-VP2 [14].

MATERIALES Y MÉTODOS

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	-	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.

