



INFECCIÓN POR EL VIRUS DE CHIKUNGUNYA: PRIMERA DETECCIÓN DE CASOS IMPORTADOS EN PANAMÁ.

Brechla Moreno A¹, Yamilka Diaz¹⁺, Jean-Paul Carrera^{1,2+}, Ilka Guerra¹, Julio Cisneros¹, Ana Belén Arauz³, Vladimir Gonzalez⁴, Lourdes Moreno⁵ and Sandra López-Vergès¹.

¹Instituto Conmemorativo Gorgas de Estudios de la Salud, ²Columbus University, ³Hospital Santo Tomás, ⁴Policentro de Parque Lefevre;

⁵Epidemiología del Ministerio de Salud

+ Autores contribuyeron igualmente a este estudio

INTRODUCCIÓN

El virus de Chikungunya (CHIKV; *Alphavirus, Togaviridae*) es un patógeno transmitido por los vectores *Aedes aegypti* y *albopictus*. CHIKV era endémico sólo en África y Asia hasta el 2004, cuando luego de una epidemia en Kenya se extendió a las islas del Océano Índico y Europa. La transmisión autóctona de CHIKV en las Américas se comunicó en diciembre del 2013 en la isla francesa de San Martín, extendiéndose a otras islas del Caribe con epidemias en República Dominicana y Haití a principios de mayo 2014. La infección por CHIKV produce síntomas parecidos al Dengue, con dolores articulares más fuertes y una mortalidad más baja.

MATERIALES Y MÉTODOS

En mayo 13 y 14 del 2014, dos casos sospechosos de fiebre por Chikungunya fueron referidos al Instituto Conmemorativo Gorgas de Estudios de la Salud para su confirmación. El primer paciente, varón de 23 años con historial de viaje Brasil-Haití-Panamá-Brasil y el segundo paciente, mujer de 58 años de edad que viajaba de República Dominicana a Panamá.

A partir de muestras de sangre de ambos pacientes se realizó el intento de aislamiento de virus en células Vero, RT-PCR en tiempo real específico para detectar ARN viral de CHIKV y DENV (1,2), y ELISA IgM de captura para detección de infección por Dengue.

Amplicones obtenidos del RT-PCR fueron secuenciados utilizando el método automatizado ABI 3130xl genetic analyser. Las especies de CHIKV se determinaron con el algoritmo BLAST y el alineamiento múltiple se confeccionó adoptando el método de Clustal W con secuencias homólogas del GeneBank. El árbol filogenético Neighbor-Joining se obtuvo en MEGA versión 6.1.

RESULTADOS

Ambos pacientes resultaron positivos para RT-PCR de CHIKV y negativos para RT-PCR de DENV. Al segundo paciente se le detecta una IgM positiva para DENV.

De ambos sueros se aisló el virus y confirmados como infecciones por CHIKV por secuenciación. El análisis filogenético de los dos aislados indican que los virus pertenecen al linaje Asiático, relacionado con las cepas virales recientemente identificados en China, Filipinas e isla de San Martín

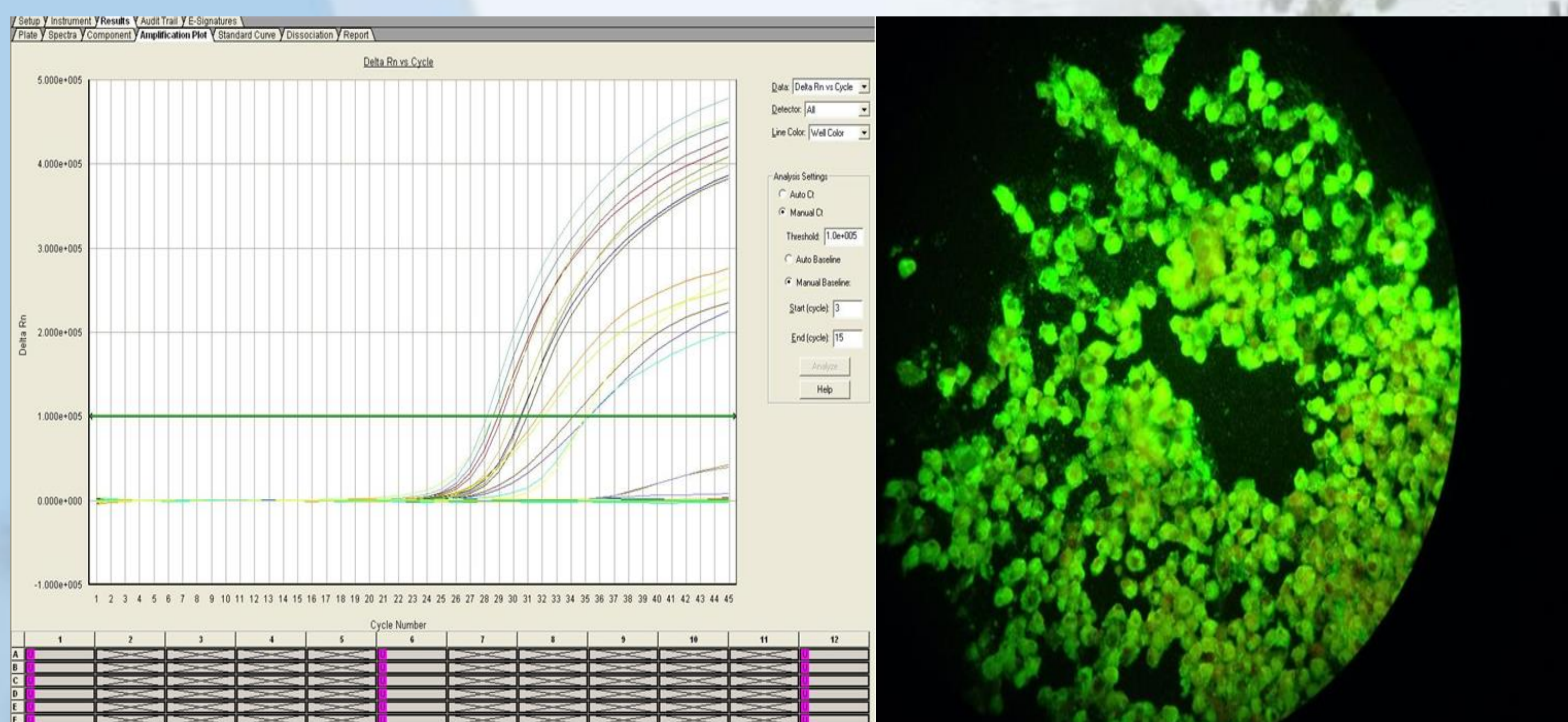


Figura 1. CHIKV RT-PCR tiempo real.

Figura 2. Inmunofluorescencia de aislado de CHIKV

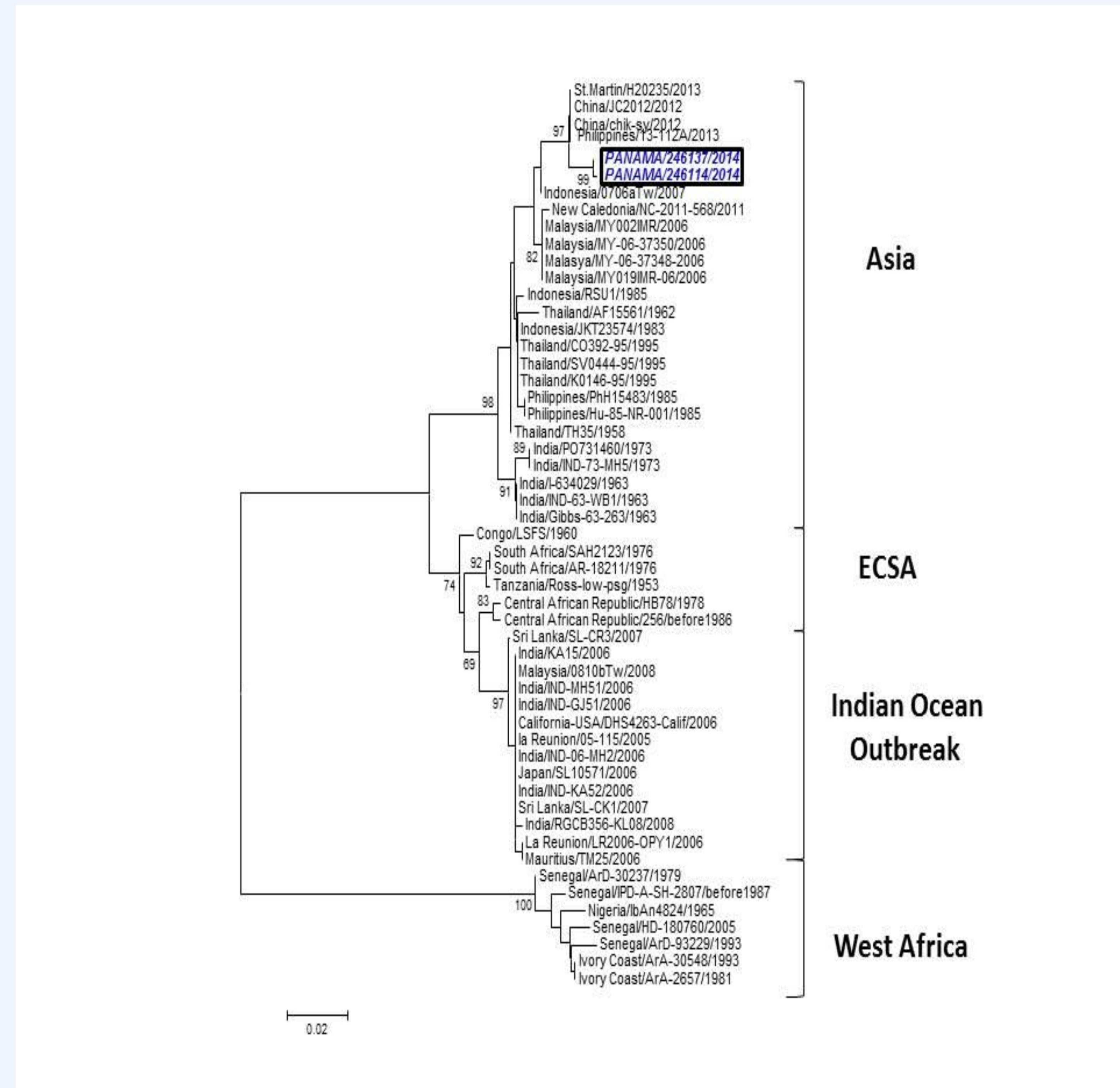


Figura 3. Arbol filogenético de CHIKV, los valores bootstrap se observan en las ramas principales.

CONCLUSIONES

Aunque los linajes que circulan en Haití y República Dominicana aún no han sido descritos, nuestros resultados sugieren que al igual que en Panamá, la cepa asiática está circulando en estos países.

La importación continua de CHIKV después de estos dos primeros casos permitió que se presentaran casos autóctonos en el país, a partir de 2014. Actualmente se han confirmado 13 casos autóctonos y 21 casos importados sumando un total de 34 casos confirmados al 10 de octubre del año en curso, todos en la ciudad de Panamá. Aún así, el control de vectores y la vigilancia activa alrededor de los casos confirmados y sospechosos ha permitido mantener controlado hasta el momento el número de casos.

Estos dos componentes son necesarios para reducir al máximo el número de casos de infección por Dengue y Chikungunya.

BIBLIOGRAFÍA

- Emerg Infect Dis, 2007. 13(5):764-7
- PLoS Negl Trop Dis, 2013. 7(7):23.
- PAHO, 2014. www.paho.org.
- J Virol Methods, 2001. 95:153-61

FINANCIAMIENTO

Fondos de funcionamiento del Departamento de Virología del Instituto Conmemorativo Gorgas de Estudios de la Salud