doi: 10.5123/S2176-6223202602120

Seção Temática 90 anos do IEC

Emergência de múltiplas linhagens do DENV-2 cosmopolita associadas ao recente surto no Brasil

Emergence of multiple lineages of the cosmopolitan DENV-2 associated with the recent outbreak in Brazil

Murilo Tavares Amorim[1,2], Fábio Silva da Silva[2], Leonardo Henrique Almeida Hernández[2], Maria Clara Valente de Freitas[2], Ana Cecília Ribeiro Cruz[2]

[1] *Universidade Federal do Pará, Belém, Pará, Brasil*
[2] *Instituto Evandro Chagas, Ananindeua, Pará, Brasil*

INTRODUÇÃO

O genótipo Cosmopolita do vírus dengue sorotipo 2 (DENV-2-GII) possui ampla distribuição e diversidade genética, o que favorece sua disseminação em diferentes regiões. No Brasil, múltiplas introduções e a circulação simultânea de linhagens evidenciam sua complexidade e ressaltam a importância da vigilância genômica. Nesse contexto, este estudo investigou a dinâmica evolutiva, as rotas de introdução e os padrões de dispersão do DENV-2-GII nas Américas, com ênfase no Brasil[1].

METODOLOGIA

Foram analisadas 53 sequências brasileiras, obtidas entre 2017 e 2024, integradas a 1.069 sequências globais do *GenBank*. A região codificadora completa foi alinhada por MAFFT e analisada no IQ-TREE (GTR+F+R6). O sinal temporal foi avaliado no TempEst, e a dinâmica espaço-temporal, no BEAST, com relógio molecular relaxado, Bayesian Skyline e modelo discreto de localização[2].

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Identificou-se um clado sul-americano monofilético, com forte sinal temporal ($r=0,9135$; $R^2=0,8345$) e taxa evolutiva de $1,0643 \times 10^{-3}$ substituições/sítio/ano. A filogeografia indicou introdução de Bangladesh para o Peru entre 2017 e 2018, seguida de estabelecimento em Madre de Dios. No Brasil, foram inferidos pelo menos três eventos independentes: via Acre, em novembro de 2019, com ampla disseminação nacional; via Sudeste/Sul, seguida de dispersão para o Norte; e via Amazonas, relacionada a uma linhagem com vínculos filogenéticos com a Colômbia. Esses achados reforçam a ocorrência de múltiplas introduções e a circulação simultânea de linhagens[3,4].

CONSIDERAÇÕES FINAIS

A disseminação do DENV-2-GII no Brasil resultou de introduções independentes, fluxos transfronteiriços e mobilidade interna. A circulação simultânea de linhagens reforça a necessidade de vigilância genômica contínua e integrada para o monitoramento da dinâmica evolutiva do DENV-2.

FINANCIAMENTO

Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES).

Palavras-chave: Arbovírus; Vírus da Dengue Sorotipo 2; Genótipo Cosmopolita.

Eixo Temático: Arbovirologia e Febres Hemorrágicas.

Correspondência / Correspondence:
Murilo Tavares Amorim
Instituto Evandro Chagas/SVSA/MS
Rodovia BR-316 km 7, s/n. Bairro: Levilândia – CEP: 67030-000 – Ananindeua, Pará, Brasil
E-mail: murilotavares35@gmail.com

REFERÊNCIAS

1 Yenamandra SP, Koo C, Chiang S, Lim HSJ, Yeo ZY, Ng LC, et al. Evolution, heterogeneity and global dispersal of cosmopolitan genotype of Dengue virus type 2. Sci Rep. 2021 Jun;11:13496.

2 Gräf T, Ferreira CDN, Lima GB, Lima RE, Machado LC, Campos TL, et al. Multiple introductions and country-wide spread of DENV-2 genotype II (Cosmopolitan) in Brazil. Virus Evol. 2023 Sep;9(2):vead059.

3 Amorim MT, Naveca FG, Hernández LHA, Paz TYB, Oliveira CCS, Santos ACM, et al. Detection of a multiple circulation event of dengue virus 2 strains in the Northern Region of Brazil. Trop Med Infect Dis. 2024 Jan;9(1):17.

4 Ribeiro JR, Roca TP, Cartonilho GDS, Passos-Silva AM, Moreira HM, Teixeira KS, et al. DENV-2 outbreak associated with cosmopolitan genotype emergence in Western Brazilian Amazon. Bioinform Biol Insights. 2024 May;18:11779322241251581.