

Estudio de Biovigilancia Genómica a través del Análisis Bioinformático de Secuencias de Monkeypox a Nivel Internacional

Landazabal Mariana¹, Ibarra Hayler², Martínez José Gregorio³
Grupo de estudio: Bioinformática y Biología evolutiva. Autor de correspondencia: jose.martinez@colmayor.edu.co

P15

- 1. Estudiante de Ingeniería Biotecnológica. Universidad Francisco de Paula Santander.
- 2. Biotecnólogo, estudiante de maestría en Biotecnología y Bioeconomía. I. U. Colegio Mayor de Antioquia.
- 3. Docente Facultad Ciencias de la Salud - Grupo Biociencias. Institución Universitaria Colegio Mayor de Antioquia.

INTRODUCCIÓN

La MPXV se detectó por primera vez en monos de laboratorio en 1958, y el primer caso humano fue descubierto por la OMS en 1970 en la República Democrática del Congo. La OMS ha declarado que la MPXV es la infección por *Orthopoxvirus* más importante en humanos desde la erradicación de la viruela

Existen dos clados de MPXV: el clado I (anteriormente el clado de la cuenca del Congo) causa una enfermedad más grave, con una tasa de letalidad potencial del 10%; mientras que el clado II (anteriormente el clado de África occidental), que incluye los subclados IIa y IIb, suele causar una enfermedad más leve.



Figura 1. *Orthopoxvirus monkeypox* (Singh et al., 2024)

OBJETIVO

Identificar las relaciones de ancestralidad de variantes del virus *Orthopoxvirus monkeypox* y sus patrones de diseminación en los 5 continentes

OBJETIVOS ESPECIFICOS

- 1. Reconocer molecularmente los clados filogenéticos en que se enmarcan las secuencias genómicas del MPXV de forma global.
- 2. Rastrear la propagación del virus a través de los continentes estableciendo sus relaciones filogenéticas precisas.



Figura 2. Imágenes de sintomatología parcial de MPXV. (Colombiano, 2022)

BIBLIOGRAFÍA

Colombiano, E. (2022, June 24). *Esto debe saber de la viruela del mono, que ya llegó a Medellín*. El Colombiano. <https://www.elcolombiano.com/tendencias/sintomas-de-la-viruela-del-mono-ya-haco-casos-en-colombia-HH17896133>

Desingu, P. A., Rubeni, T. P., Nagarajan, K., & Sundaresan, N. R. (2024). Molecular evolution of 2022 multi-country outbreak-causing monkeypox virus Clade IIb. *iScience*, 27(1), 108601. <https://doi.org/10.1016/j.isci.2023.108601>

Metcalfe, M., Garrison, M., & Stidham, R. (2024). *Characteristics of Mpox Cases Diagnosed in Military Health System Beneficiaries, May 2022–April 2024*. Nih.gov. <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC11488794/>

Shiao, F. C. (2022). *Viruela del mono*. Shaio.org. <https://www.shaio.org/viruela-del-mono>

Singh, P., Sridhar, S. B., Shareef, J., Talath, S., Mohapatra, P., Khatib, M. N., Ballal, S., Kaur, M., Nathiya, D., Sharma, S., Siva Prasad, G. V., Sinha, A., Varma, A., Bushi, G., Gaidhane, A. M., Satapathy, P., Shabil, M., Sah, R., Al-Tawfiq, J. A., ... Rodriguez-Morales, A. J. (2024). The resurgence of monkeypox: Epidemiology, clinical features, and public health implications in the post-smallpox eradication era. *New Microbes and New Infections*, 62(101487), 101487. <https://doi.org/10.1016/j.nmni.2024.101487>



MÉTODOS

Procesamiento de datos

NCBI Virus

NCBI Virus
Sequences for discovery

Obtención de secuencias crudas de diferentes países

MAFFT

MAFFT
TQAAAGTA-ACE
TCATGTACACT

Alineamiento de conjuntos de secuencias

NEXTSTRAIN

Nextclade

Asignación del clado de las variantes

RESULTADOS

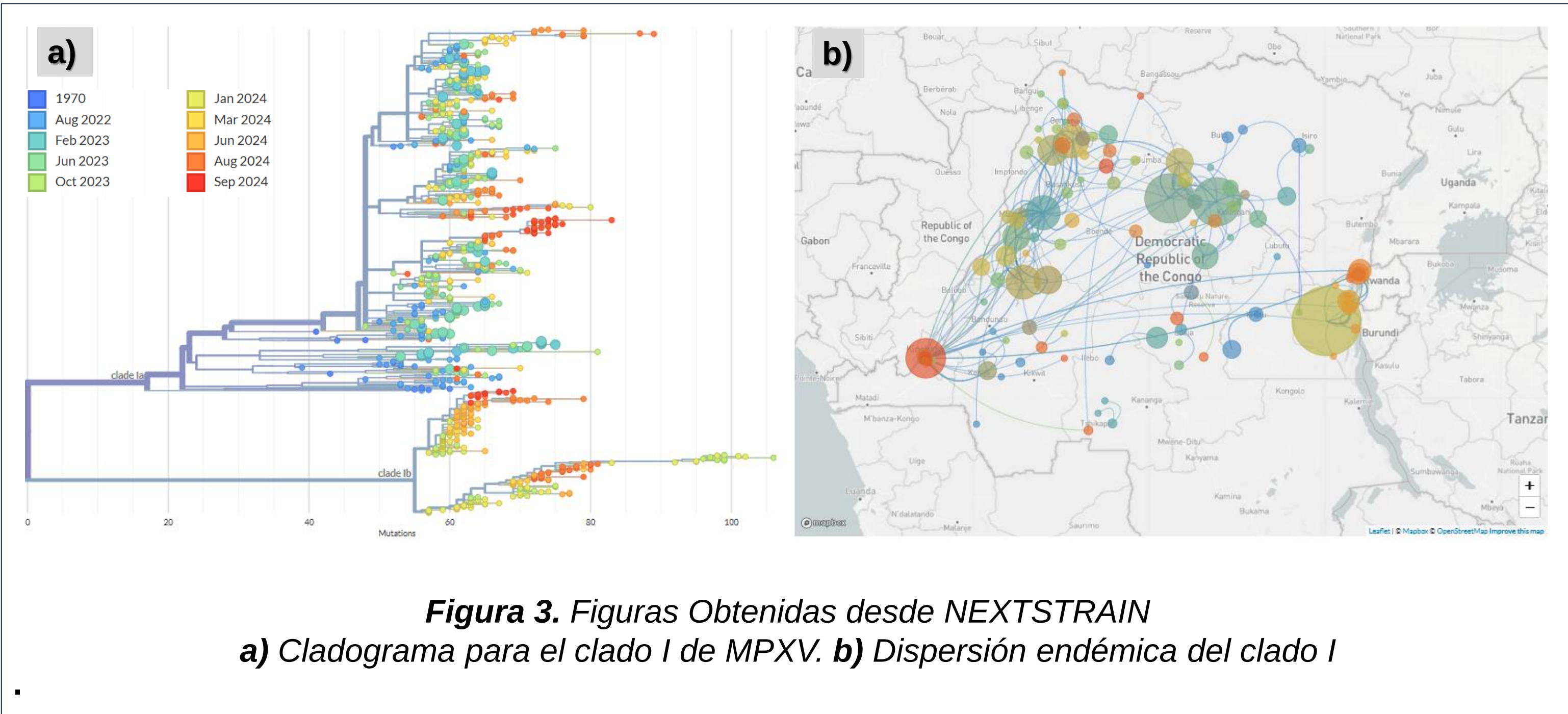


Figura 3. Figuras Obtenidas desde NEXTSTRAIN
a) Cladograma para el clado I de MPXV. b) Dispersión endémica del clado I

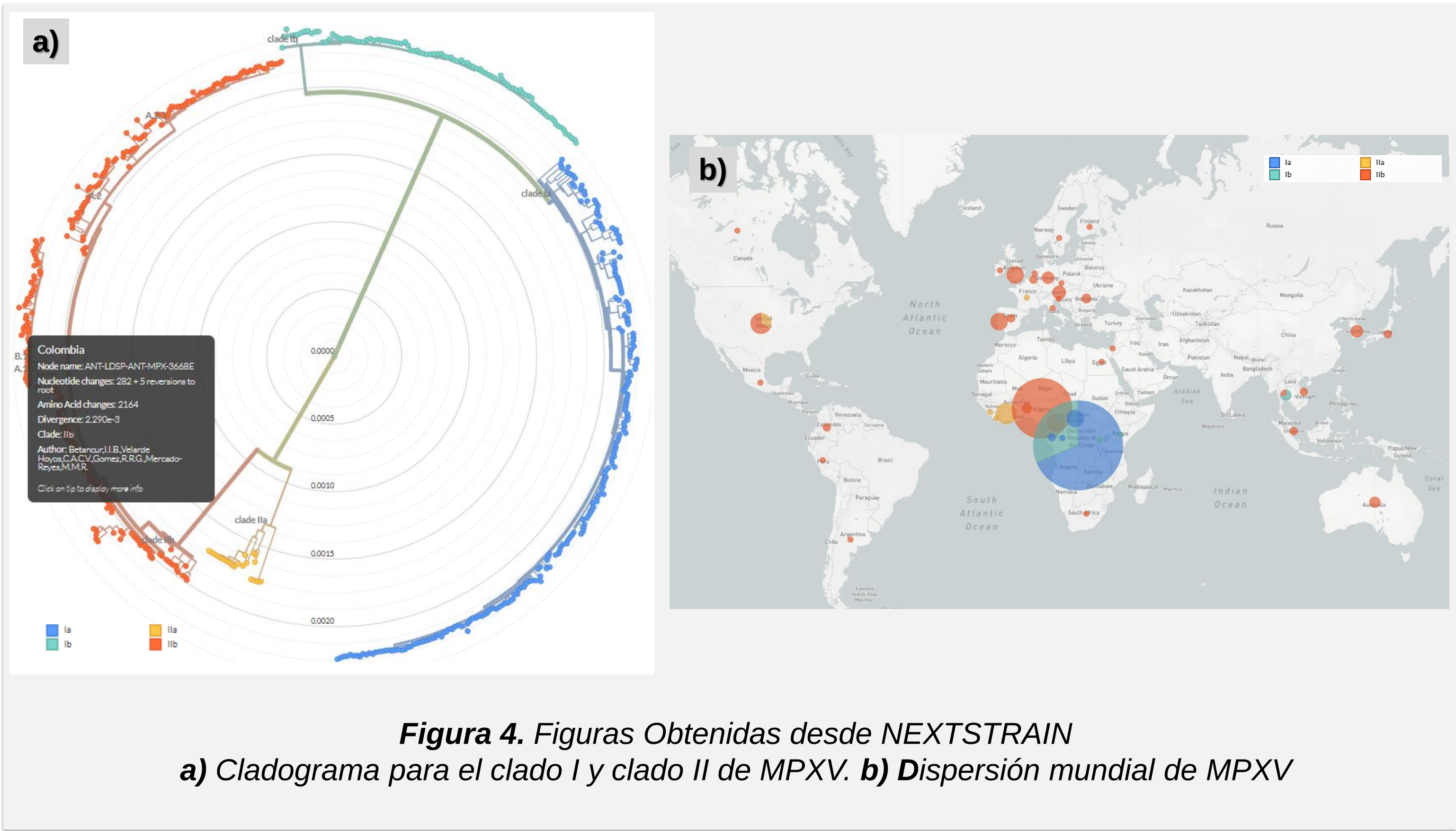


Figura 4. Figuras Obtenidas desde NEXTSTRAIN
a) Cladograma para el clado I y clado II de MPXV. b) Dispersión mundial de MPXV

CONCLUSIONES

- 1. Se reconocieron molecularmente cuatro clados para *Orthopoxvirus monkeypox* y sus respectivas variantes a nivel mundial: Ia, Ib, IIa y IIb (estando Colombia localizado en este último).
- 2. Se confirma el origen de *Orthopoxvirus monkeypox* en la República del Congo con el linaje Ia y Ib, dispersándose hacia Nigeria y Ghana, donde se desarrolla el linaje IIa y IIb, siendo este último el que más se dispersa a nivel mundial, incluyendo Europa y América.