South American Publishing

SAP Multidisciplinary Open. 2025; 3:57
doi: 10.62486/mo202557

ORIGINAL

Distribution of Dengue Serotypes in Argentina in the Last 2 Years

Distribución de los Serotipos de Dengue en la Argentina en los 2 últimos años

Mercedes Pablo Araujo[1], Susana Carnovale[1]

[1]Facultad de Medicina y Ciencias de la Salud, Universidad Abierta Interamericana. Argentina.

Cite as
Araujo MP, Carnovale S. Distribution of Dengue Serotypes in Argentina in the Last 2 Years. SAP Multidisciplinary Open. 2025; 3:57. https://doi.org/10.62486/mo202557

Publication History
Submitted: 18-03-2024
Revised: 10-06-2024
Accepted: 01-10-2024
Published: 01-01-2025

Corresponding Author
Mercedes Pablo Araujo

ABSTRACT

Introduction: dengue virus is transmitted mainly by the Aedes aegypti mosquito, and represents a public health problem worldwide, especially in tropical and subtropical regions.
Objective: to determine the dengue serotypes circulating in Argentina.
Method: epidemiological reports were evaluated retrospectively. Dengue surveillance data from the National Ministry of Health of the Argentine Republic during the period 2022 to 2024 were used for this purpose.
Results: the serotypes circulating in Argentina during 2022-2023 were DenV-1 and DenV-2; during the 2024 outbreak, the DenV-3 serotype was introduced, with DenV-2 accounting for 57,41 %, DenV-1 for 42,40 % and DenV-3 for 0,19 %.
Conclusion: the predominance of serotypes DENV-1 and DENV-2, and the introduction of serotype DENV-3 in 2024, increase the risk of sequential infections and severe forms of the disease, which emphasizes the need to implement effective strategies, between endemic and epidemic years, for vector control and to promote community awareness.

Keywords: Dengue; Dengue Virus; Aedes; Argentina; Disease Vector Control.

RESUMEN

Introducción: el virus del dengue se transmite principalmente a través del mosquito Aedes aegypti, y representa un problema para la salud pública en todo el mundo; especialmente en regiones tropicales y subtropicales.
Objetivo: determinar los serotipos de dengue circulantes en Argentina.
Método: se evaluaron los informes epidemiológicos en forma retrospectiva. Para ello, se utilizaron los datos de vigilancia del dengue por el Ministerio de Salud de la Nación de la República Argentina durante el periodo de 2022 al 2024.
Resultados: los serotipos circulantes en Argentina durante el 2022-2023 fueron DenV-1 y DenV-2, durante el brote del 2024 se introduce el serotipo DenV-3; siendo un 57,41 % el DenV-2, un 42,40 % el DenV-1 y 0,19 % el DenV-3.
Conclusión: la predominancia de los serotipos DENV-1 y DENV-2, y la introducción del serotipo DENV-3 en 2024, aumentan el riesgo de infecciones secuenciales y formas graves de la enfermedad, lo que enfatiza la necesidad de implementar estrategias efectivas, entre los años endémicos y años epidémicos, de control vectorial y promover la concientización de la comunidad.

Palabras clave: Dengue; Virus del Dengue; Aedes; Argentina; Control de Vectores de las Enfermedades.

© 2025; The Authors. This Open access article is distributed under the Creative Commons Attribution 4.0 license (https://creativecommons.org/licenses/by/4.0), which permits unrestricted use, distribution, and reproduction in any medium, provided the original work is properly cited.

INTRODUCCIÓN

El virus del dengue se transmite principalmente a través del mosquito Aedes aegypti, y representa un problema para la salud pública en todo el mundo; especialmente en regiones tropicales y subtropicales.[1] La forma en que se distribuyen los diferentes tipos del virus del dengue juega un papel crucial en cómo se propaga la enfermedad y cuantas personas se ven afectadas.[1,2] En los últimos años, ha habido un aumento significativo en los casos de dengue en diferentes partes del país. Para abordar eficazmente este problema es fundamental comprender como se distribuyen los diferentes tipos del virus y los factores de riesgo y prevención.[3]

El dengue ha sido un problema recurrente en Argentina especialmente durante los meses de verano, cuando las condiciones climáticas favorecen la reproducción de los mosquitos que transmiten la enfermedad.[5] La movilidad de la población y el rápido crecimiento de las *áreas* urbanas han contribuido a la propagación del virus en diferentes partes del país, lo que ha causado una carga significativa en el sistema de salud.[6]

Se conocen 4 serotipos del virus del dengue DENV-1, DENV-2, DENV-3 y DENV-4.[7] En Argentina los tipos más comunes son el DENV-1 y el DENV- 4, que han sido identificados por múltiples brotes en diferentes provincias.[8] Estos tipos han mostrado la capacidad de circular de manera sostenida y se han asociado tanto con casos de dengue leve como con formas más grave de la enfermedad. Es de suma importancia llevar a cabo una vigilancia epidemiológica del dengue para detectar la presencia de los diferentes tipos del virus en diferentes partes del país.[1,7] Esto nos permite monitorear cómo evolucionan los brotes, identificar las áreas de mayor riesgo y orientar las medidas de control y prevención.[8,9] En Argentina, se han establecido sistemas de vigilancia que permiten la detección temprana de casos y una respuesta rápida de los brotes.[10] Varios factores pueden influir en cómo se distribuyen los diferentes tipos del virus del dengue. Estos incluyen la movilidad de la población, la cantidad de mosquitos que transmite la enfermedad, las condiciones ambientales y la inmunidad de la población a los diferentes tipos del virus.[11]

Comprender estos factores es crucial para predecir como se propagará el dengue y diseñar estrategias efectivas de prevención y control. A pesar de los esfuerzos, el dengue sigue siendo un problema importante de salud pública en Argentina. La identificación de los tipos más comunes y su distribución geográfica en los últimos dos años proporcionará información valiosa para orientar las intervenciones futuras y mejorar la capacidad de respuesta del sistema de salud ante los brotes de dengue.[10,12]

MÉTODO

El presente estudio es una revisión sistemática retrospectiva de los informes epidemiológicos del ministerio de salud argentino que abarca los 2 últimos años desde enero del 2022 hasta el boletín de la semana 10 del año 2024. La muestra seleccionada fueron los casos autóctonos confirmados por pruebas moleculares o por anticuerpos y que posteriormente se le realizó una prueba genotípica para determinar el serotipo especifico de dengue y su distribución en la región en la que vive. Se hizo uso de los siguientes criterios de inclusión:

- Casos confirmados de infección por el virus del dengue en Argentina durante los últimos dos años
- Pacientes con diagnósticos diagnostico confirmado de dengue mediante pruebas serológicas o moleculares.
- Reportes oficiales con datos epidemiológicos y de vigilancia que incluyan información sobre la distribución geográfica de los serotipos del virus del dengue.

Los criterios de exclusión utilizados fueron:

- Casos NO confirmados de infección por el virus del dengue en Argentina durante los últimos dos años.
- Pacientes con resultados indeterminados o no concluyentes en las pruebas de diagnóstico del dengue.
- Datos epidemiológicos incompletos o insuficientes para determinar la distribución de los serotipos del virus del dengue.
- Información no actualizada o no verificada sobre la presencia de serotipos específicos del virus del dengue en Argentina.

Los datos obtenidos de los boletines epidemiológicos de la página de epidemiología de Argentina y del ministerio de salud. Cada dato obtenido de las páginas del estado se fue anotado en la base de datos y procesada. Las variables por analizar van a ser cuantitativas cada una de ellas será extraída de los boletines epidemiológicos de argentina. De los datos obtenidos se armó una base de datos para trabajar cada uno de los datos obtenidos.

RESULTADOS

Panorama General

Para establecer un panorama general de la distribución de los serotipos de dengue en argentina durante los últimos 2 años, tal como se muestra en el figura 1 que clarifica a grandes rasgos la distribución de los serotipos que circularon y circulan en la actualidad en la república de Argentina.

Número de Casos por periodo y año

Teniendo en cuenta que cada año es distinto respecto al siguiente en términos de número de casos lo que conlleva una distribución de serotipos diferenciada si es un año de brote o si es un año endémico cuyos serotipos permanecen sin cambios o en su defecto se agrega un serotipo distinto al circulante. En la siguiente figura 2 se muestra el número de casos en los 2 últimos años durante las semanas 52 del año anterior hasta la semana 10.

Figura 1. Distribución de los serotipos de dengue en Argentina, 2022 - 2024

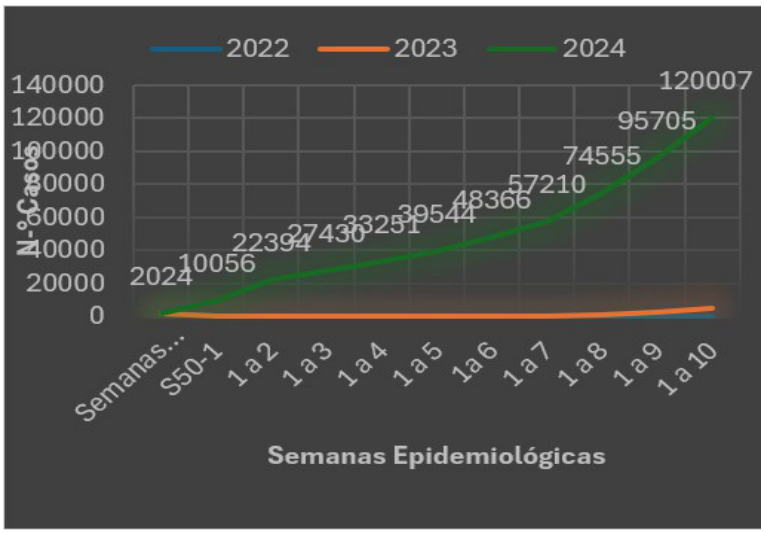

Figura 2. Número de casos desde la semana epidemiológica 52-10, 2022-2024

Situación actual: Epidemia de dengue (2024)

En el transcurso del año 2024 se han realizado 8985 pruebas genéticas de las cuales 3810 arrojaron como resultado el serotipo Den-1 representando el 42,40 %, 5158 pruebas acreditaron el serotipo Den-2 representando el 57,41 % y únicamente 17 pruebas dieron como resultado el serotipo Den-3 con un 0,19 % del total de los casos estudiados con pruebas genéticas, tal como lo muestra la figura 3.

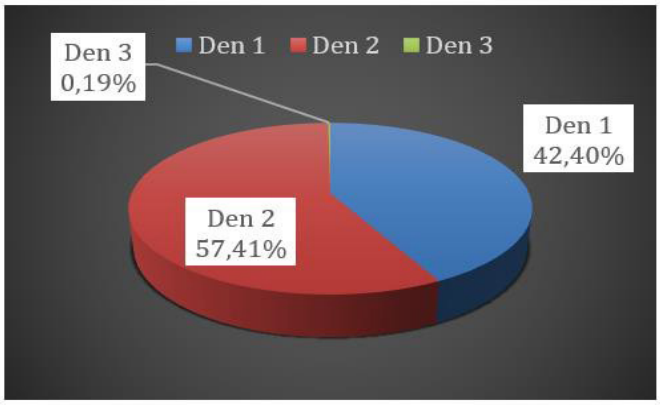

Figura 3. Distribución de los Serotipos de dengue 2024

Distribución durante años sin brote (2022-2023)

El año 2022 presento durante la semana epidemiológica 1 hasta la 52 se documentaron 750 casos de dengue con únicamente 3 casos autóctonos registrados en CABA y el resto distribuidos por la región Noe y Nea haciendo un total de 26 casos autóctonos en todo el país finales de la semana epidemiológica 50. La circulación de los serotipos habituales fue Den-1 y Den-2. Durante el transcurso del año 2023, los casos de dengue documentados aumentan respecto al año anterior, siendo un total de 3992 casos autóctonos a final de la semana 52 con una circulación de los serotipos Den-1 y Den-2 alrededor de todo el país, como lo muestra la figura 4.

Figura 4. Casos Autóctonos en Argentina (2022-2023)

DISCUSIÓN

Los resultados obtenidos permiten establecer un panorama general sobre la distribución de los serotipos del virus del dengue en Argentina durante los *últimos* dos años. Se observó que los serotipos DENV-1 y DENV-2 han sido los predominantes, mientras que el serotipo DENV-3 ha tenido una presencia mínima.

Es importante destacar que el número de casos varía considerablemente de un año a otro, como se muestra en el Figura 2. Esto se debe a que algunos años presentan brotes epidémicos, mientras que otros son considerados endémicos, lo que influye en la distribución de los serotipos circulantes.

En la situación actual, correspondiente al año 2024, se evidencia una epidemia de dengue con una alta circulación de los serotipos DENV-1 (42,40 %) y DENV-2 (57,41 %). Este hallazgo concuerda con estudios previos que han demostrado que estos dos serotipos son los más frecuentes en la región y pueden coexistir durante un mismo brote epidémico. Por otro lado, los años 2022 y 2023 se caracterizaron por ser años sin brotes significativos, con una circulación endémica de los serotipos DENV-1 y DENV-2 en diferentes regiones del país.

Este patrón es común en áreas donde el dengue es endémico, y los serotipos pueden permanecer sin cambios o introducirse nuevos serotipos en temporadas posteriores. Es importante mencionar que la presencia del serotipo DENV-3, aunque mínima en el período analizado, no debe ser subestimada, ya que su introducción en una población susceptible podría desencadenar brotes futuros. Además, la co-circulación de múltiples serotipos aumenta el riesgo de infecciones secuenciales, lo que puede conducir a formas más graves de la enfermedad. Los patrones observados en la distribución de los serotipos de dengue en Argentina reflejan la dinámica epidemiológica de esta enfermedad y resaltan la importancia de mantener una vigilancia continua y fortalecer las estrategias de prevención y control, especialmente en las regiones más afectadas.

FINANCIACIÓN

Los autores no recibieron financiación para el desarrollo de la presente investigación.

CONFLICTO DE INTERESES

Los autores declaran que no existe conflicto de intereses

CONTRIBUCIÓN DE AUTORÍA

Conceptualización: Mercedes Pablo Araujo, Susana Carnovale.
Curación de datos: Mercedes Pablo Araujo, Susana Carnovale.
Análisis formal: Mercedes Pablo Araujo, Susana Carnovale.
Investigación: Mercedes Pablo Araujo, Susana Carnovale.
Metodología: Mercedes Pablo Araujo, Susana Carnovale.
Administración del proyecto: Mercedes Pablo Araujo, Susana Carnovale.
Redacción – borrador original: Mercedes Pablo Araujo, Susana Carnovale.
Redacción – revisión y edición: Mercedes Pablo Araujo, Susana Carnovale.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

1. Viegas M, et al. Dengue Virus 1 Outbreak in Buenos Aires, Argentina, 2016. Emerg Infect Dis. octubre de 2017;23(10):1684-5.

2. Carbajo AE, Schweigmann N, Curto SI, De Garín A, Bejarán R. Dengue transmission risk maps of Argentina. Trop Med Int Health. marzo de 2001;6(3):170-83.

3. Barrero PR, Mistchenko AS. Genetic analysis of Dengue virus type 3 isolated in Buenos Aires, Argentina. Virus Res. julio de 2008;135(1):83-8.

4. Wilder-Smith A, Murray, Quam M. Epidemiology of dengue: past, present and future prospects. Clin Epidemiol. agosto de 2013;299.

5. Boletin epidemio Argentina.pdf.

6. Vezzani D, Carbajo AE. Aedes aegypti, Aedes albopictus, and dengue in Argentina: current knowledge and future directions. Mem Inst Oswaldo Cruz. 31 de enero de 2008;103(1):66-74.

7. Dengue: guías para la atención de enfermos en la región de las Américas. Segunda edición. Washington, USA.: Organización Panamericana de la Salud, Oficina Sanitaria Panamericana : Oficina Regional de la Organización Mundial de la Salud; 2016.

8. Shepard DS, Undurraga EA, Halasa YA, Stanaway JD. The global economic burden of dengue: a systematic analysis. Lancet Infect Dis. agosto de 2016;16(8):935-41.

9. Byrne AB, Gutierrez GF, Bruno A, Córdoba MT, Bono MM, Polack FP, et al. Age-associated differences in clinical manifestations and laboratory parameters during a dengue virus type 4 outbreak in Argentina. J Med Virol. febrero de 2018;90(2):197-203.

10. Porcasi X, Rotela CH, Introini MV, Frutos N, Lanfri S, Peralta G, et al. An operative dengue risk stratification system in Argentina based on geospatial technology. Geospatial Health. 1 de septiembre de 2012;6(3):31.

11. Katzelnick LC, Gresh L, Halloran ME, Mercado JC, Kuan G, Gordon A, et al. Antibody-dependent enhancement of severe dengue disease in humans. Science. 17 de noviembre de 2017;358(6365):929-32.

12. Wilder-Smith A, Ooi EE, Vasudevan SG, Gubler DJ. Update on Dengue: Epidemiology, Virus Evolution, Antiviral Drugs, and Vaccine Development. Curr Infect Dis Rep. mayo de 2010;12(3):157-64.