

## EDITORIAL

### ¿Por qué esta gran epidemia de Chikungunya? ¿Qué paso del Dengue?

 Sequera, Guillermo<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>Universidad Nacional de Asunción, Facultad de Ciencias Médicas, Salud Pública. San Lorenzo, Paraguay.

<sup>2</sup>Ministerio de Salud Pública y Bienestar Social, Director General de Vigilancia de la Salud. Asunción, Paraguay.

Como referenciar este artículo | How to reference this article:

Ocampos Benedetti S. ¿Por qué esta gran epidemia de Chikungunya? ¿Qué paso del Dengue?. *An. Fac. Cienc. Méd. (Asunción)*, 2023; 56(1): 19-24

Dengue, aunque marginalmente, está circulando en todo el país en este verano 2022-2023. Según los datos de Vigilancia de la Salud, hasta la semana 12 del corriente año todos los Departamentos del país reportaron casos de DEN1 o DEN2 y en algunos co-circulan ambos serotipos, además del virus que esta vez predomina: Chikungunya (1). Pero recordemos que el Dengue viene causando epidemias importantes en Paraguay desde hace más de 20 años, hasta que finalmente fue declarado endémico en el 2009. Los 4 serotipos en varias oportunidades han circulado en simultáneo, pero cada uno de ellos ha predominado casi por turno en cada una de las grandes olas de epidemias significativas de las últimas décadas. Durante la gran epidemia del 2006-2007 fue el DEN3, en el 2011-2012 fue DEN2, durante el 2015-2016 DEN1 y en los años 2019-2020 fue el DEN4. Esto hace que hoy, haya pocas cohortes de poblaciones susceptibles a algunos de los cuatro serotipos. Infiriendo de esta manera, aunque circulen de forma permanente en todo el territorio nacional (como ocurre ahora) la próxima gran ola epidémica de dengue solo deberá darse cuando vuelva a reingresar al país un serotipo que hace un buen tiempo no circula de manera masiva, en este caso

sería cuando vuelva el DEN3. Si esto ocurre, deberá afectar a las cohortes más jóvenes que nacieron luego de esa gran epidemia del 2006-2007. Afortunadamente ninguno de los países vecinos está con una circulación importante de este serotipo, pero ante la gran movilidad global siempre hay que mantenerse en alerta.

Luego de la última gran epidemia de DEN4 a inicios del 2020, la cual se cortó de modo abrupto por el inicio de las cuarentenas ya que se iniciaba la pandemia del SARS-CoV2, no tuvimos brotes muy importantes en todo el país por ninguna arbovirosis, hasta que se inició la actual epidemia de Chikungunya. Esta epidemia de Chikungunya está entre las más grandes reportadas en las Américas, lo cual ha alertado a todos los países de la región (2).

Chikungunya fue descrito por primera vez circulando en Paraguay durante los años 2015 y 2016, en unos brotes concentrados en el Departamento Central y Asunción. En la secuenciación del ARN viral realizada por el Laboratorio Central de Salud Pública se describió como un linaje que pertenece al genotipo asiático, pero procedente del Brasil. En esos años también hubo co-circulación de otros arbovirus, como Zika y DEN1 de manera considerable. Durante el mes de abril del 2018

**Autor correspondiente:** Dr. Guillermo Sequera. Universidad Nacional de Asunción, Facultad de Ciencias Médicas, Cátedra de Salud Pública. San Lorenzo, Paraguay. E-mail: guillesequera@gmail.com

Fecha de recepción el 29 de marzo del 2023; aceptado el 31 de marzo del 2023.

se volvió a describir otro brote importante al norte del país, en Pedro Juan Caballero. En este brote se describió la presencia de otro genotipo también procedente del Brasil: el genotipo conocido como Este-Centro-Sur-África (ECSA). Este brote en nuestra ciudad fronteriza con la ciudad brasileña de Punta Porã nos mostró por primera vez con mayor claridad la gran diversidad y gravedad de manifestaciones clínicas de la enfermedad en sus diferentes fases: aguda, subaguda y crónica (3).

La actual epidemia de Chikungunya se inició como brote a mitad del 2022, entre las ciudades de Mariano Roque Alonso y Limpio del área metropolitana de Asunción.

Cuando se iniciaron los períodos de lluvias (octubre noviembre) comenzó el aumento considerable de casos, superando masivamente al Dengue. Vuelve a ser el genotipo ECSA, también procedente de linajes del Brasil, pero esta vez diseminándose a una gran velocidad, empezando en el área metropolitana de Asunción, para expandirse luego a las diferentes áreas urbanas del país (1).

La gran epidemia de Chikungunya se explica por una parte por la introducción de un virus prácticamente nuevo en una población que ha sufrido de varios ciclos epidémicos de Dengue. Pero considero que esta vez se agregaron otros dos elementos relacionados más bien al vector que son muy importantes para que la mezcla sea finalmente explosiva. Primero, es el inicio del brote durante el periodo de inicio de las temporadas de lluvia. Esto facilita que la epidemia esté activa todos los meses que dure la temporada de lluvias, generalmente hasta antes del inicio del invierno del año siguiente. Lo segundo, es que el brote comience en el área metropolitana de Asunción, donde se reúnen aproximadamente 3 millones de habitantes. Equivalente al 40% de la población nacional. Es la región con mayor densidad poblacional del país, y por ende casi un “banquete servido” para el vector.

Según informes del SENEPA ningún distrito urbano del país está con índices de infestación aceptables durante al menos un mes del año. Esto se multiplica en las temporadas de lluvias (4). De esta manera la densidad de mosquitos prácticamente define el ritmo de la contagiosidad o el índice de transmisibilidad (Rt) de cualquier arbovirosis, y en este caso para Chikungunya, haciéndola totalmente explosiva si además se desarrolla en un mar de individuos totalmente susceptibles al virus.

La literatura es tajante en que la inmunidad por Chikungunya es prolongada y difícilmente se den reinfecciones (5). Se deberán hacer estudios de seroprevalencia para estimar correctamente la proporción de la población que ha pasado la enfermedad al menos en nuestras ciudades más importantes, porque esto nos dirá cómo será el próximo verano y cuál es la necesidad de adquirir o ser parte del desarrollo de alguna vacuna para Chikungunya. Pero es muy probable que luego de esta epidemia “respiraremos” de este virus por algún tiempo.

Esta experiencia debe ponernos en alerta de que estamos totalmente expuestos a una diversidad de virus transmitidos por el que es el real enemigo, el *Aedes Aegypti*. En su momento nos transmitía Dengue con sus diferentes serotipos, ahora es Chikungunya, también pueden ser Zika, el virus Mayaro, la Fiebre A marilla, entre otros. Es la hora de que antes de volver a enfrentarnos a cada enfermedad por turnos casi infinitos, marchemos a la raíz del problema, porque si controlamos al mosquito, controlamos una diversidad de enfermedades (6).

Además, debemos hacer algo diferente de lo que vinimos haciendo desde hace más de 20 años, y concentremos ahora los esfuerzos en políticas públicas que vayan más allá de lo que hace el Ministerio de Salud.

A los esfuerzos del SENEPA, de Vigilancia y de los Servicios de Salud que son los que finalmente salvan vidas, sumemos la educación a las soluciones de este mal en

todos los niveles, mejoremos la gestión de residuos de nuestras grandes ciudades, y trabajemos hacia un urbanismo saludable.

**Dr. Guillermo Sequera**  
**Universidad Nacional de Asunción**  
**Facultad de Ciencias Médicas**

## REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

1. DGVS. MSPyBS. Arbovirosis. Situación Epidemiológica. 2023. Descarga [https://dgvs.mspps.gov.py/sala\\_situaciones\\_arbovirosis\\_v2/](https://dgvs.mspps.gov.py/sala_situaciones_arbovirosis_v2/)
2. PAHO. Alerta Epidemiológica: Aumento de casos y defunciones por chikunguña en la Región de las Américas. 2023. Descarga: <https://www.paho.org/es/documentos/alerta-epidemiologica-aumento-chikunguna-region-americas>
3. Gräf T, Vazquez C, Giovanetti M, de Bruycker-Nogueira F, Fonseca V, Claro IM, et al. Epidemiologic History and Genetic Diversity Origins of Chikungunya and Dengue Viruses, Paraguay. *Emerg Infect Dis.* 2021 May;27(5):1393–404.
4. SENEPA. MSPyBS. Índice de Breteau por Ciudades. 2023. Descarga: <https://senepa.gov.py/indice-de-breteau-por-localidades/>
5. Auerswald H, Boussioux C, In S, Mao S, Ong S, Huy R, et al. Broad and long-lasting immune protection against various Chikungunya genotypes demonstrated by participants in a cross-sectional study in a Cambodian rural community. *Emerg Microbes Infect.* 2018 Dec 1;7(1):1–13.
6. Powell JR. Mosquito-Borne Human Viral Diseases: Why *Aedes aegypti*? *Am J Trop Med Hyg.* 2018 Jun 6;98(6):1563–5.

## EDITORIAL

### ¿Why this Chikungunya epidemic? ¿What happened to Dengue?

 Sequera, Guillermo<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidad Nacional de Asunción, Facultad de Ciencias Médicas, Salud Pública. San Lorenzo, Paraguay.

<sup>2</sup>Ministerio de Salud Pública y Bienestar Social, Director General de Vigilancia de la Salud. Asunción, Paraguay.

Como referenciar éste artículo | How to reference this article:

Ocampos Benedetti S. ¿Por qué esta gran epidemia de Chikungunya? ¿Qué paso del Dengue?. *An. Fac. Cienc. Méd. (Asunción)*, 2023; 56(1): 19-24

Dengue, although marginally, is circulating throughout the country in this summer of 2022-2023. According to Health Surveillance data, until week 12 of the current year, all the country's Departments reported cases of DEN1 or DEN2. In some, both serotypes co-circulate, in addition to the virus that this time predominates: Chikungunya (1). But let's remember that Dengue has been causing major epidemics in Paraguay for over 20 years until it was finally declared endemic in 2009. The four serotypes in various opportunities have circulated simultaneously. However, each has dominated almost in turn in the great waves of significant epidemics of the last decades. During the great epidemic from 2006-2007 it was DEN3, in 2011-2012 it was DEN2, during 2015-2016 DEN1 and in the years 2019-2020, it was the DEN4. This means few cohorts of populations are susceptible to some of the four serotypes today. Inferring from this way, even if they circulate permanently throughout the national territory (as it is now), the next great epidemic wave of Dengue should only occur when a serotype that makes good weather does not circulate massively. In this case, it would be when the DEN3 returns. If this occurs, it should affect the younger cohorts born after that great epidemic of 2006-2007.

Fortunately, none of the neighboring countries has a significant circulation of this serotype, but given the great global mobility, you always have to stay alert.

After the last major DEN4 epidemic at the beginning of 2020, the quarantines of coronavirus abruptly cut off this previous epidemic. Due to the start of the quarantines as the coronavirus pandemic began SARS-CoV2 did not have significant outbreaks in the country because of no arboviruses until the Chikungunya epidemic began. This The Chikungunya epidemic is among the largest reported in the Americas, which has alerted all the region's countries (2).

The first record of Chikungunya circulation in Paraguay was between 2015 and 2016, in outbreaks concentrated in the Central Department and Asuncion. The sequencing of the viral RNA carried out by the Central Laboratory of Public Health was described as a lineage belonging to the Asian genotype but from Brazil.

In those years, to a considerable extent, there was also co-circulation of other arboviruses, such as Zika and DEN1. During the month of April In 2018, another critical outbreak was

**Autor correspondiente:** Dr. Guillermo Sequera. Universidad Nacional de Asunción, Facultad de Ciencias Médicas, Cátedra de Salud Pública. San Lorenzo, Paraguay. E-mail: guillesequera@gmail.com

Fecha de recepción el 29 de marzo del 2023; aceptado el 31 de marzo del 2023.

described again in the north of the country, in the city of Pedro Juan Caballero. In this outbreak, the presence of another genotype was also described from Brazil: the genotype known as East-Central-South-Africa (ECSA). This outbreak in our border city with the Brazilian city of Punta Porã showed us for the first time more clearly the great diversity and severity of clinical manifestations of the disease in its different phases: acute, subacute, and chronic (3).

The current Chikungunya epidemic began as an outbreak in mid-2022 between the cities of Mariano Roque Alonso and Limpio in the metropolitan area of Asunción. When the rainy season began (October-November) began the considerable increase in cases, massively surpassing Dengue. It's the ECSA genotype again, too, coming from lineages of Brazil, but this time disseminating to a great speed, beginning in the metropolitan area of Asunción, to later expanding to the different urban areas of the country (1).

The great epidemic of Chikungunya is the result, on the one hand, of introducing a practically new virus in a population that has suffered several cycles of dengue epidemics. But this time, two more related elements were added to the vector, which is very important for the mixture to be finally explosive. First is the start of the outbreak during the beginning of the rainy season. This makes it easier for the epidemic to be active every month during the season of rains, generally until before the onset of winter of the year following. The second is that the outbreak begins in the metropolitan area of Asunción, where approximately 3 million inhabitants gather.

Equivalent to 40% of the national population. It is the region with the highest density of people of the country, and therefore with the highest risk of an epidemic.

According to SENEPA reports, no urban district in the country has rates of acceptable infestation for at least one month of the year. The rainy seasons multiplied by the rates

of infestation (4). In this way, the density of mosquitoes practically defines the rate of contagiousness or rate of transmissibility (RT) of any arbovirosis, and in this case for Chikungunya, making it explosive if it also develops in a sea of individuals fully susceptible to the virus.

According to the literature, the Chikungunya virus has prolonged immunity, and reinfections are unlikely (5). Seroprevalence studies should be carried out to correctly estimate the proportion of the population that has passed the disease, at least in our most important cities, because this will tell us what next summer will be like and what is the need to acquire or be part of the development of a vaccine for Chikungunya. But we will likely have a break of this virus for some time after this epidemic. This experience should alert us that we are exposed to a diversity of viruses transmitted by the real enemy, the *Aedes Aegypti*. In At the time, Dengue was transmitted to us with its different serotypes, now it is Chikungunya can also be Zika, the Mayaro virus, and Yellow Fever. It is time that before we face each disease in turns again almost infinite, let's go to the root of the problem because if we control the mosquito, we contain a variety of diseases (6). In addition, we must do something different from what we have been doing for more than 20 years, and let us now concentrate our efforts on public policies that go beyond what the Ministry of Health does.

The efforts of SENEPA, Surveillance, and Health Services, which are the that ultimately save lives; let us add education to the solutions to this evil in all levels, let us improve waste management in our large cities, and let's work towards healthy urbanism.

**Dr. Guillermo Sequera**  
**Universidad Nacional de Asunción**  
**Facultad de Ciencias Médicas**

## BIBLIOGRAPHIC REFERENCES

1. DGVS. MSPyBS. Arbovirosis. Situación Epidemiológica. 2023. Descarga [https://dgvs.mspbs.gov.py/sala\\_situaciones\\_arbovirosis\\_v2/](https://dgvs.mspbs.gov.py/sala_situaciones_arbovirosis_v2/)
2. PAHO. Alerta Epidemiológica: Aumento de casos y defunciones por chikunguña en la Región de las Américas. 2023. Descarga: <https://www.paho.org/es/documentos/alerta-epidemiologica-aumento-chikunguna-region-americas>
3. Gräf T, Vazquez C, Giovanetti M, de Bruycker-Nogueira F, Fonseca V, Claro IM, et al. Epidemiologic History and Genetic Diversity Origins of Chikungunya and Dengue Viruses, Paraguay. *Emerg Infect Dis.* 2021 May;27(5):1393–404.
4. SENEPA. MSPyBS. Índice de Breteau por Ciudades. 2023. Descarga: <https://senepa.gov.py/indice-de-breteau-por-localidades/>
5. Auerswald H, Boussioux C, In S, Mao S, Ong S, Huy R, et al. Broad and long-lasting immune protection against various Chikungunya genotypes demonstrated by participants in a cross-sectional study in a Cambodian rural community. *Emerg Microbes Infect.* 2018 Dec 1;7(1):1–13.
6. Powell JR. Mosquito-Borne Human Viral Diseases: Why *Aedes aegypti*? *Am J Trop Med Hyg.* 2018 Jun 6;98(6):1563–5.