

Dengue fever is a vector-borne disease for which the pathogen agent is the dengue virus (DENV) transmitted to human through a bite of *Aedes* mosquitos. Dengue can be either asymptomatic, moderate or severe and life-threatening. DENV is endemic in Thailand and many severe cases have been reported in the South of the country. We conducted a molecular characterization study of circulating DENV serotype 2 and 4 in three southern regions, to identify their genotypes and study their phylogeny.

Sera were collected from laboratory-confirmed DENV infected patients: six sera DENV-2 infected and four sera DENV-4 infected. Viral genomes were directly extracted from serum, reverse-transcribed and amplified in order to perform sequencing to obtain the full-length sequences of the envelope gene.

Phylogenetic analysis revealed two DENV-2 identical E gene sequences and grouped them in the Cosmopolitan Genotype. The four others DENV-2 strains are related and grouped in Asian Genotype I. The four strains of DENV-4 are all grouped in the Genotype I and are also closely related to each other.

Both Cosmopolitan and Asian I genotype are circulating in a same city (Hat Yai). Seven out of nine genotyped strains might be related to outbreaks: one in Singapore and Southern Malaysia from 2013 to 2014, and another one in Myanmar and Yunnan province (China) in 2015.

For further work, genotyping should be done on more DENV-2 and DENV-4 in order to investigate a possible genotype prevalence transition and to provide DENV molecular data that will be useful to understand the dynamic of dengue disease and contribute to its management in Southern Thailand.

Key words

Dengue ; DENV-2 ; DENV-4 ; genotyping ; phylogeny ; Thailand

Résumé

La dengue est une maladie à transmission vectorielle pour laquelle l'agent pathogène est le virus de la dengue (DENV) transmis à l'homme par une piqûre de moustiques du genre *Aedes*. La dengue peut être asymptomatique, modérée ou sévère et potentiellement mortelle. DENV est endémique en Thaïlande et de nombreux cas graves ont été signalés dans le sud du pays. Nous avons mené une étude de caractérisation moléculaire des sérotypes 2 et 4 circulant dans trois régions du sud de la Thaïlande, afin d'identifier leurs génotypes et d'étudier leur phylogénie.

Des sérums ont été prélevés sur des patients dont l'infection par DENV a été en laboratoire: six sérums infectés par DENV-2 et quatre sérums infectés par DENV-4. Les génomes viraux ont été directement extraits du sérum, rétro-transcrits et amplifiés afin d'effectuer le séquençage pour obtenir les séquences complètes du gène de l'enveloppe.

L'analyse phylogénétique a révélé que deux séquences du gène E du DENV-2 sont identiques et les a regroupées dans le génotype cosmopolite. Les quatre autres souches de DENV-2 sont apparentées et regroupées dans le génotype asiatique I. Les quatre souches de DENV-4 sont toutes regroupées dans le génotype I et sont également étroitement apparentées les unes aux autres.

Les deux génotypes cosmopolite et asiatique circulent dans une même ville (Hat Yai). Sept des neuf souches génotypées pourraient être liées à des épidémies: une à Singapour et au sud de la Malaisie de 2013 à 2014, et une autre au Myanmar et dans la province du Yunnan (en Chine) en 2015.

Afin de poursuivre cette étude, le génotypage devrait être effectué sur plusieurs DENV-2 et DENV-4 afin d'étudier une possible transition de prévalence génotypique et de fournir des données moléculaires du DENV qui seront utiles pour comprendre la dynamique de la dengue et contribuer à sa gestion dans le sud de la Thaïlande.

Mots-clés

Dengue ; DENV-2 ; DENV-4 ; génotypage ; phylogénie ; Thaïlande