Rol de laboratorio en la caracterización de los brotes de sarampión en Argentina en 2024

Avaro, M(1); Benedetti, E(1); Machicado, E(1); Russo, M(1); Dattero, ME(1); Chamorro, A(1); Pardón, F(1); López Yunes, M(2); Elbert, G(2); Pontoriero, A(1).

(1) Laboratorio Nacional de Referencia de Sarampión y Rubéola, Servicio Virosis Respiratorias, Dpto. Virología, INEI - ANLIS "Dr. Carlos G. Malbrán"; (2) Dirección de Control de Enfermedades Inmunoprevenibles (DiCEI) - Ministerio de Salud de la Nación.

Contacto: *mavaro@anlis.gob.ar*

Introducción: El sarampión es una enfermedad infecciosa altamente contagiosa, de fácil propagación de persona a persona por vía respiratoria que puede provocar una enfermedad grave, complicaciones o la muerte. En 2016, la OMS declara su eliminación en la región de las Américas. Desde el último caso endémico en Argentina (año 2000), se registraron importaciones y brotes limitados. Hasta la semana epidemiológica (SE) 21 de 2024, en las Américas se confirmaron 233 casos de sarampión por laboratorio y uno por nexo epidemiológico, distribuidos en siete países. El riesgo de reintroducción del virus en Argentina es elevado debido a movimientos migratorios y turísticos, lo que podría comprometer el estatus como país libre de sarampión. Objetivo: Determinar el origen, los genotipos y los linajes de los casos confirmados de sarampión en Argentina durante 2024. Materiales y Métodos: En el marco de la Vigilancia Nacional, se llevó a cabo el estudio de los casos sospechosos de Enfermedad Febril Exantemática (EFE) enviados por la Red Nacional de Laboratorios al Laboratorio Nacional de Referencia (LNR). Se realizaron pruebas serológicas y virológicas siguiendo protocolos establecidos: en los casos sospechosos que presentaron IgM específica para Sarampión se realizó la búsqueda de genoma viral por RT-PCR en tiempo real en muestras de orina e hisopados nasofaríngeos, utilizando la metodología de referencia provista por el CDC. En las muestras positivas se secuenció el gen de la nucleoproteína viral (450 nt) mediante el método de Sanger. El análisis filogenético se realizó utilizando DNASTAR y MEGA 5. Las secuencias obtenidas fueron depositadas en MeaNS2. Resultados: Entre las SE1 y 37 de 2024, se notificaron 486 casos sospechosos de EFE al Sistema Nacional de Vigilancia, de los cuales 93 fueron remitidos al LNR; se confirmaron 4 casos de Sarampión: 1 caso vacunal detectado en Salta en la SE 31 y 3 casos salvajes, uno en Salta (SE 1) y dos en la Ciudad Autónoma de Buenos Aires (SE 5 y 7). Los casos de Sarampión salvaje se distribuyeron en dos brotes. El primero correspondió a un niño de 19 meses no vacunado, Sin antecedente de viaje, en quien se detectó el genotipo D8, linaje MVs/Patán.IND/16.19, sin identificarse la fuente de infección. El segundo brote : caso importado de niño de 6 años no vacunado, residente en España. Durante el seguimiento de los contactos, se confirmó un segundo caso asociado en su hermano de 13 meses. En ambos casos se identificó el genotipo B3, linaje MVs/Manchester.GBR/44.23. Conclusión: Los casos caracterizados

correspondieron a dos cadenas de transmisión independientes en las que se detectaron los genotipos D8 y B3 circulantes actualmente en países de Europa. Para sostener la eliminación es fundamental garantizar altas coberturas de vacunación, una vigilancia epidemiológica sensible, medidas de control oportunas y que el laboratorio disponga de herramientas necesarias para identificar los casos, su origen y las cadenas de transmisión.