

Estudios epidemiológicos y evolutivos de cepas G3 equinas de Rotavirus del grupo A circulantes en Buenos Aires en el año 2022.

Mandile, MA(1,2); Diaz, RV(3); Gigliello, MA(1); Peri Ibáñez, ES(1,2); Tomás Fariña, J(1,2); Carzoglio, MC(1,4); Silvestre, D(1;2); Temprana CF(1,2); Argüelles, MH(1); Castello AA(1,3).

(1) Laboratorio de Inmunología y Virología, Departamento de Ciencia y Tecnología, Universidad Nacional de Quilmes; (2) Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas; (3) Instituto de Ciencias de la Salud, Universidad Nacional Arturo Jauretche; (4) Agencia Nacional de Promoción de la Investigación, el Desarrollo Tecnológico y la Innovación.

Contacto: *mgmandile@gmail.com*

Las gastroenteritis agudas son una de las enfermedades de interés sanitario más importantes, causando alrededor del 10% de las muertes de niños menores de 5 años a nivel mundial, principalmente en países de bajos y medianos ingresos. De los agentes etiológicos de esta enfermedad, los rotavirus del grupo A (RVA) son los principales. A pesar del significativo descenso en la carga de enfermedad y las muertes debido a la introducción de vacunas contra este patógeno, hacia el 2016 los RVA aún eran responsables de aproximadamente 128.500 muertes anuales a nivel global en niños pequeños. Sobre la base de este conocimiento se comprende la importancia de establecer sistemas de vigilancia de enfermedad por RVA y monitoreo de cepas para evaluar el impacto de la vacuna monovalente que se aplica masivamente en nuestro país desde 2015. En nuestro laboratorio se trabaja en epidemiología de RVA desde hace casi 30 años con muestras brindadas por hospitales de CABA y GBA, donde principalmente asisten personas de esas zonas. El objetivo del presente trabajo es el estudio de una cepa G3 equina encontrada en pacientes que concurren al Hospital de Niños Ricardo Gutiérrez de CABA en el año 2022. Para esto, se trabajó con muestras de materia fecal, a partir de las cuales se extrajo el ARN viral y se llevaron a cabo amplificaciones por RT-PCR con primers específicos de los genes de RVA. Luego, se secuenciaron estos amplicones con el método de Sanger. A partir de los datos de secuencias nucleotídicas obtenidas, se realizaron comparaciones con la herramienta online BLASTn del NIH para estudiar el genotipo de cada segmento genómico. Finalmente, se elaboraron árboles filogenéticos con el software MEGA X para estudiar las relaciones con cepas reportadas circulantes en nuestra región y en el resto del mundo. A partir de los estudios realizados pudimos determinar que la cepa encontrada corresponde al genotipo G3 equino, asociado con P[8]. Además, gracias a la comparación del resto de los segmentos genómicos con la herramienta BLASTn logramos precisar que corresponden al genogrupo 2, o DS-1-like (I2-R2-C2-M2-A2-N2-T2-E2-H2). Luego de profundizar el estudio mediante análisis filogenéticos, logramos observar que la cepa encontrada se relaciona principalmente con cepas G3 equinas encontradas en Rusia desde el año 2019, pero también con cepas brasileras reportadas en los años 2015 y 2016. En

conclusión, debido a la continua vigilancia epidemiológica de los RVA circulantes en Buenos Aires logramos detectar cepas G3 equinas, pudimos inferir sus relaciones filogenéticas y gracias al análisis de los distintos segmentos genómicos hemos precisado que esta genotipo esta contenido dentro de un esqueleto genómico DS-1-like. Como perspectivas, seguiremos estudiando estas cepas G3 equinas para intentar responder si la emergencia de estas cepas está relacionada con la inmunización con la vacuna Rotarix, y cuándo y desde dónde se dio su ingreso a nuestro país.