

## **Detección de virus de Hepatitis A y E en afluentes cloacales del Área Metropolitana de Buenos Aires.**

Vazquez, P(1); Miranda Arias, Y(1); Altabert, N(1); Mayon, P(2); Coronel, L(2); Arzeno, C(2); Soto, S(1); Brajterman, L(1); Zelaya, V(1); Otegui, L(1); Gomes, K(3); Stupka, J(3); Vladimirovsky, S(1); Cisterna, D(1); Minassian, ML(1).

(1) Laboratorio Nacional de Referencia para Hepatitis Virales, INEI-ANLIS "Dr. Carlos G. Malbrán" CABA, Argentina; (2) Laboratorio Central, Área Biología, Sector Biología Molecular, AYSA. CABA, Argentina; (3) Laboratorio de gastroenteritis virales, INEI-ANLIS "Dr. Carlos G. Malbrán" CABA, Argentina.  
*Contacto: paula.alejandra.vazquez@gmail.com*

Los virus de hepatitis A (HAV) y E (HEV) son importantes agentes causantes de hepatitis aguda. La implementación de la vacuna contra HAV en Argentina redujo drásticamente los casos clínicos y los trasplantes hepáticos, pero continúa siendo un riesgo para los individuos susceptibles no vacunados. En nuestro país circula el genotipo (G) 3 del HEV de transmisión zoonótica, aunque se desconoce su verdadera prevalencia por ser un agente poco estudiado. El monitoreo de aguas residuales es una estrategia de vigilancia de estos patógenos que provee de información epidemiológica relevante en salud pública. Objetivos: Evaluar la presencia de HAV y HEV en afluentes cloacales (AC) del AMBA. Caracterizar las variantes virales mediante análisis filogenéticos. Se analizaron 180 AC recolectados entre 10/2022 - 07/2024 en plantas depuradoras de la empresa AySA del AMBA: Norte (N; n=40), Sudoeste 1 (SO1; n=44), Sudoeste 2 (SO2; n=46), Berazategui (BZ; n=42), Hurlingham (H; n=5) y Jaguel (J; n=3). Las partículas virales se concentraron (100x) por precipitación con PEG 6000. El ARN viral se extrajo con perlas magnéticas (KingFisher/AppliedBiosystems). Detección viral: 1) HEV por Real time PCR (RT-qPCR; 70 pb región ORF3) y Nested PCR (145 pb región ORF2); 2) HAV por RT-qPCR (173 pb región 5'UTR). Las muestras HAV+ fueron luego amplificadas por Nested PCR (393 pb región VP1/2A). Los fragmentos genómicos obtenidos fueron secuenciados (Sanger) para estudios filogenéticos. Se detectó HEV en 56% de AC (101/180): 31/180 (17,2%) por RT-qPCR; 17/180 (9,4%) por Nested PCR y 53/180 (29,4%) por ambas técnicas. El porcentaje de positividad (%P) por planta fue: BZ 69%; N 65%; SO1 43,2%; SO2 47,8%; H 60% y J 66,7%. Se detectó HEV en todos los meses analizados con un aumento del %P a partir del 4º trimestre (Tr) 2023 [%P 2023 por Tr: 36%, 42%, 39%, 74%] [%P 2024 por Tr: 68%, 82%]. Se lograron secuenciar 61 muestras todas correspondientes al G3. Se detectó HAV en 10% de AC (18/180) por RT-qPCR. El %P por planta fue: BZ 9,5%; N 2,5%, SO1 11,4%; SO2 17,4%. La detección de HAV no fue continua en todos los meses analizados. Se vió un franco aumento del %P a partir del 1º Tr 2024 [%P 2023 por Tr: 7%, 4%, 7%, 5%] [%P 2024 por Tr: 26%, 24%]. El análisis de 5 secuencias obtenidas demostró que pertenecen al GIA. Conclusiones: Se detectaron HAV (GIA) y con mayor frecuencia HEV (G3) en AC del AMBA. Los G encontrados coinciden con datos

previos de nuestro país. Para ambos virus se vió un aumento progresivo del %P en 2024. En el caso de HAV este aumento es coincidente con el aumento de casos clínicos reportados en SISA en AMBA (27 casos 2023 vs 30 casos hasta julio 2024). Para HEV no fue posible evidenciar asociación por los escasos reportes, lo que infiere el subdiagnóstico de este agente. Nuestros resultados revelan que la vigilancia ambiental de HAV y HEV proporciona información epidemiológica de relevancia para el control y prevención de estas infecciones en nuestro país.