

Análisis epidemiológico de los virus SARS-CoV-2 e Influenza en pacientes adultos internados en un hospital de La Plata durante el año 2024

Uria, R(1); Nadalich, MV(1,2); Fernández, A(1); Botta, DA(1); Acuña, D(1,3); Angeletti, AE(1); Ayala, G(2); Cordero, AI(1); De la Rubia, E(2); Ghiglione, C(2); Molina, N(2); Padín, S(2); Toro, R(1,2); Viegas, M(1,3).

(1) Laboratorio de Salud Pública, Área de Genómica y Diagnóstico Molecular. Facultad de Ciencias Exactas, UNLP (2) Hospital Interzonal General de Agudos, San Roque, Gonnet, La Plata (3) Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas, CONICET.

Contacto: rominauria@hotmail.com

Introducción: Las infecciones respiratorias agudas (IRA) son una importante causa de morbimortalidad en niños 5 años, adultos >65 y personas con enfermedades de base, causadas principalmente por virus y bacterias. Los virus más comúnmente detectados en IRAs son: adenovirus, virus influenza A (FLUA) y B (FLUB), rinovirus, virus parainfluenza humano 1-3, enterovirus respiratorios, virus sincicial respiratorio, SARS-CoV-2 y metapneumovirus. En la provincia de Buenos Aires, el ministerio de salud propuso realizar vigilancia de SARS-CoV-2 y FLU en adultos internados durante el 2024. **Objetivo:** Describir la incidencia de SARS-CoV-2, FLUA y B en pacientes adultos internados en un hospital de La Plata, en el 2024. Comparar los datos epidemiológicos con el año 2023. **Metodología:** Se derivaron muestras de hisopados nasofaríngeos de pacientes adultos internados por IRA en el HIGA "San Roque" durante el año 2024 al Laboratorio de Salud Pública, área genómica y diagnóstico molecular de la Facultad de Ciencias Exactas de la UNLP para el estudio por RT-qPCR de virus SARS-CoV-2, FLUA y B. La extracción de ácidos nucleicos se realizó por columnas comerciales. **Resultados:** Entre la semana epidemiológica (SE) 1 y 38 del año 2024, se estudiaron 202 pacientes adultos entre 15 y 98 años, de los cuales en un 7.4% (15/202) se detectó SARS-CoV-2, en 26.9% (52/193) FLUA y en 3.0% (4/133) FLUB. En comparación al mismo periodo del año 2023 se observó una disminución de casos para SARS-CoV-2 (28.2 al 7.4%), aumento para FLUA (9.4 al 26.9%) y de 0 a 3.0% para FLUB. Con respecto a los pacientes con FLUA, el mayor número de detecciones se registró entre las SE 21 y 24, el rango de edad fue de 15 a 95 años (mediana 62), los grupos etarios más afectados fueron 45 a 64 años y >65. El 71% de los casos presentaban temperatura >38°C, el 48% dificultad respiratoria y 27% neumonía. Como consecuencia del aumento de los casos de FLUA se decidió optimizar una metodología de secuenciación genómica para este virus. Utilizando el ARN ya obtenido, se amplificó ADNc de los 8 segmentos correspondientes al genoma de FLUA utilizando 3 cebadores (Zhou y col 2009) y se secuenció por tecnología de nanoporos. Se logró amplificar y secuenciar el genoma completo de un caso de FLUA, obteniendo 132717 lecturas de buena calidad. Mediante análisis bioinformáticos se obtuvo el genoma consenso con una cobertura de 100% de

cada segmento y una profundidad promedio de 6224X. Con el programa "Nextclade v3.8.2" se asignó el subtipo H3N2, clado: 3C.2a1b.2a.2a.3a.1. Conclusión: La circulación de los virus respiratorios SARS-CoV-2 y FLUA en pacientes internados en el HIGA "San Roque", siguió la distribución informada por el boletín epidemiológico nacional para el periodo en estudio, donde se comunicó un descenso de la incidencia del 23.06% para SARS-CoV-2 y un ascenso del 89.75% para FLU, en comparación con el año 2023. Se logro optimizar la secuenciación genómica de FLUA que permitirá seguir caracterizando los virus del brote 2024.