

Vigilancia de virus entéricos en aguas superficiales en Arroyo Soto, Hurlingham

Vitali, Franco^{a,b}; Galeano, Solange^{a,b,c}; Frydman, Camila^{a,b,c}; Dus Santos, Maria Jose^{a,d}; Mozgovej, Marina^{a,b,c}

^a Instituto de Biotecnología, Universidad Nacional de Hurlingham, Tte. Origone 151, Villa Tesei, Hurlingham, Buenos Aires, B1688AXC, Argentina.

^b Instituto de Ciencia y Tecnología de Sistemas Alimentarios Sustentables, UEDD INTA CONICET, Hurlingham, Argentina

^c Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Instituto Tecnología de Alimentos, Hurlingham, Argentina

^d Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Instituto de Virología e Innovaciones Tecnológicas, Hurlingham, Argentina

Palabras Clave: Argentina, Epidemiología, Virología, Una Salud, Biología Molecular

Resumen

La vigilancia de virus entéricos en aguas superficiales puede proporcionar información sobre la circulación viral en una comunidad. El objetivo de este trabajo fue detectar Adenovirus (AdV), Rotavirus (RVA), Norovirus GI (NoV GI), Norovirus GII (NoV GII), Hepatitis A (HAV) y Hepatitis E (HEV) en aguas del Arroyo Soto, en el Municipio de Hurlingham, y caracterizar genéticamente las cepas detectadas. Se recolectaron un total de 55 muestras en cinco puntos del arroyo, en el periodo de enero a septiembre de 2023. Las muestras se analizaron mediante PCR y RT-PCR en tiempo real para la detección de los virus entéricos, luego de un paso de concentración previo. Los resultados demuestran que dicha vigilancia podría ayudar a identificar cepas circulantes en una población, complementando al sistema de salud para prevenir posibles brotes virales. Además, son una evidencia de la contaminación y el potencial riesgo para la comunidad que vive en las cercanías del arroyo.

Introducción

Las aguas ambientales pueden estar contaminadas con virus humanos provenientes de personas infectadas sintomáticas o asintomáticas. Los virus entéricos son resistentes en el ambiente y se transmiten por la vía fecal-oral, las personas infectadas excretan en sus heces los virus que se vuelcan a las aguas residuales, las cuales pueden ir mediante una red entubada a una planta central de tratamiento para luego ser reutilizadas o vertidas al mar, o también, pueden volcarse a un pozo ciego próximo al hogar o ser vertidos directamente a aguas ambientales, impactando y contaminando las mismas.

Materiales y Métodos



Resultados

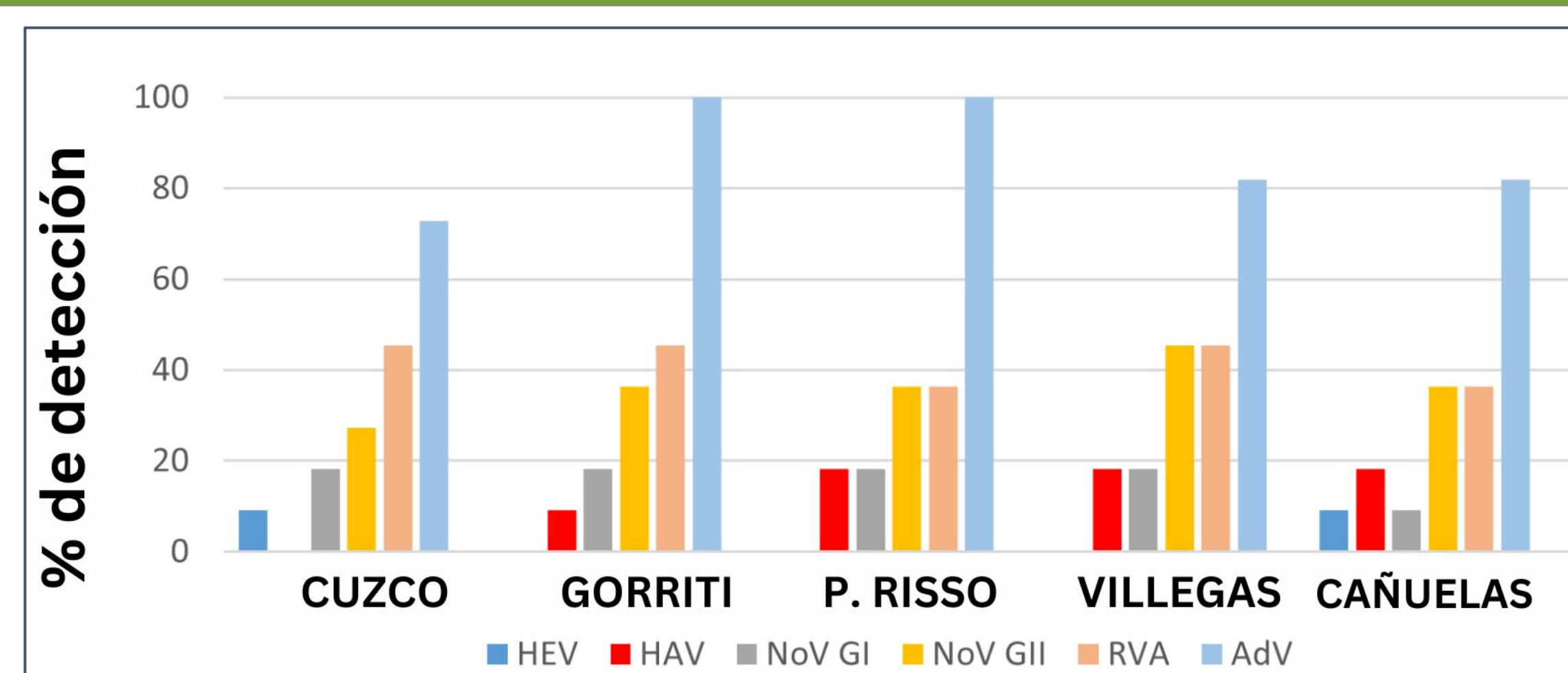


Fig. 1. Porcentaje de detección de los virus detectados en cada zona en los 11 muestreos realizados. Durante todo el periodo, AdV fué el virus con mayor detección en todos los puntos, con un 100% de detección en Gorríti y P. Risso. También en todos los puntos se detectaron al menos 5 virus en cada uno, siendo Cañuelas el único en tener detección de los 6 virus objetivo.

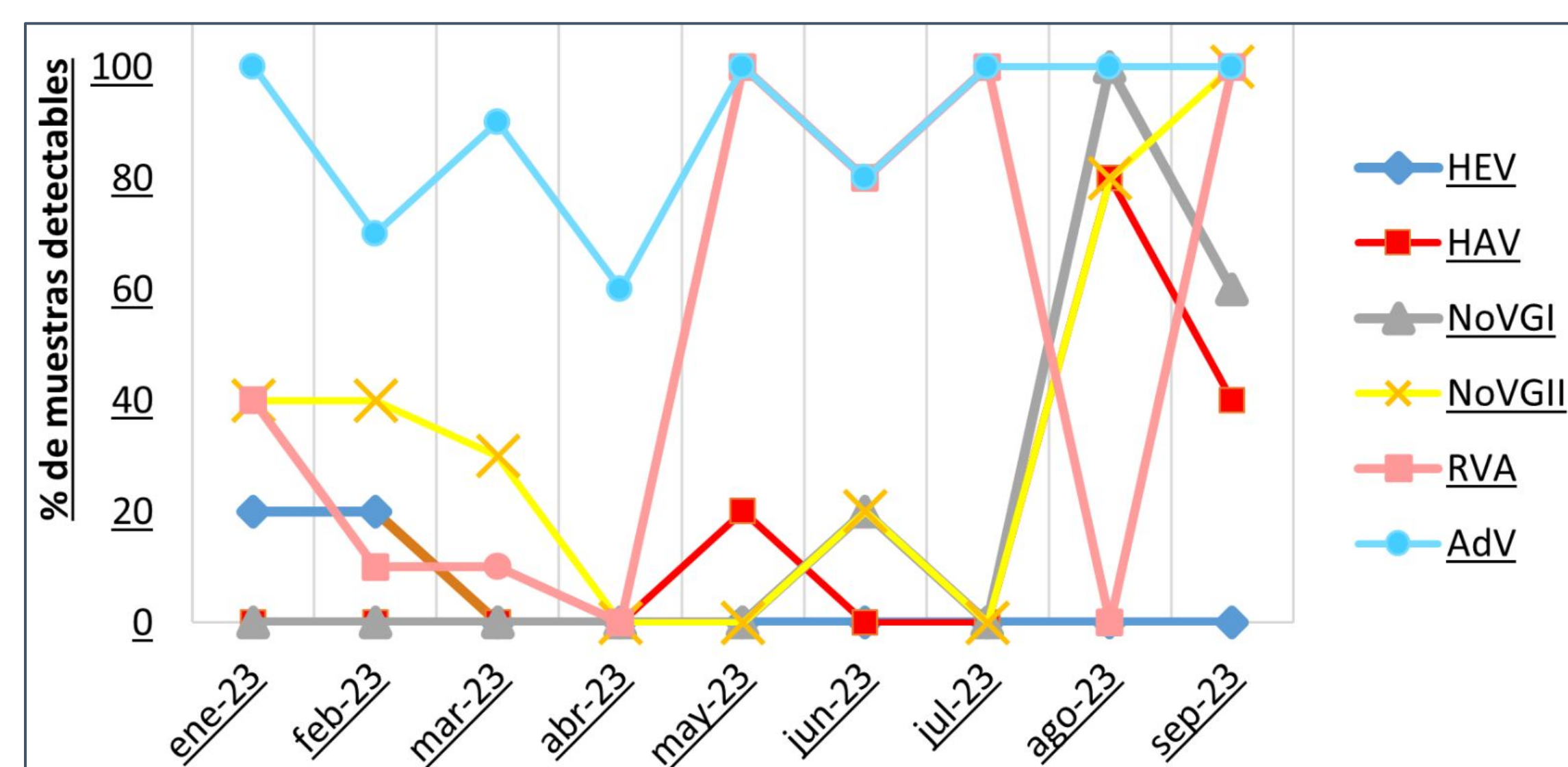


Fig. 3. Frecuencia de detección de los virus durante el periodo de enero a septiembre de 2023. AdV tuvo el mayor porcentaje de detección durante todo el periodo quedando estable en un 100% de detección de julio a septiembre. RVA presentó picos de detección entre mayo y julio. HAV, NoV GI y NoV GII tuvieron un pico en agosto y en septiembre el mismo decayó pero se mantuvo su detección.

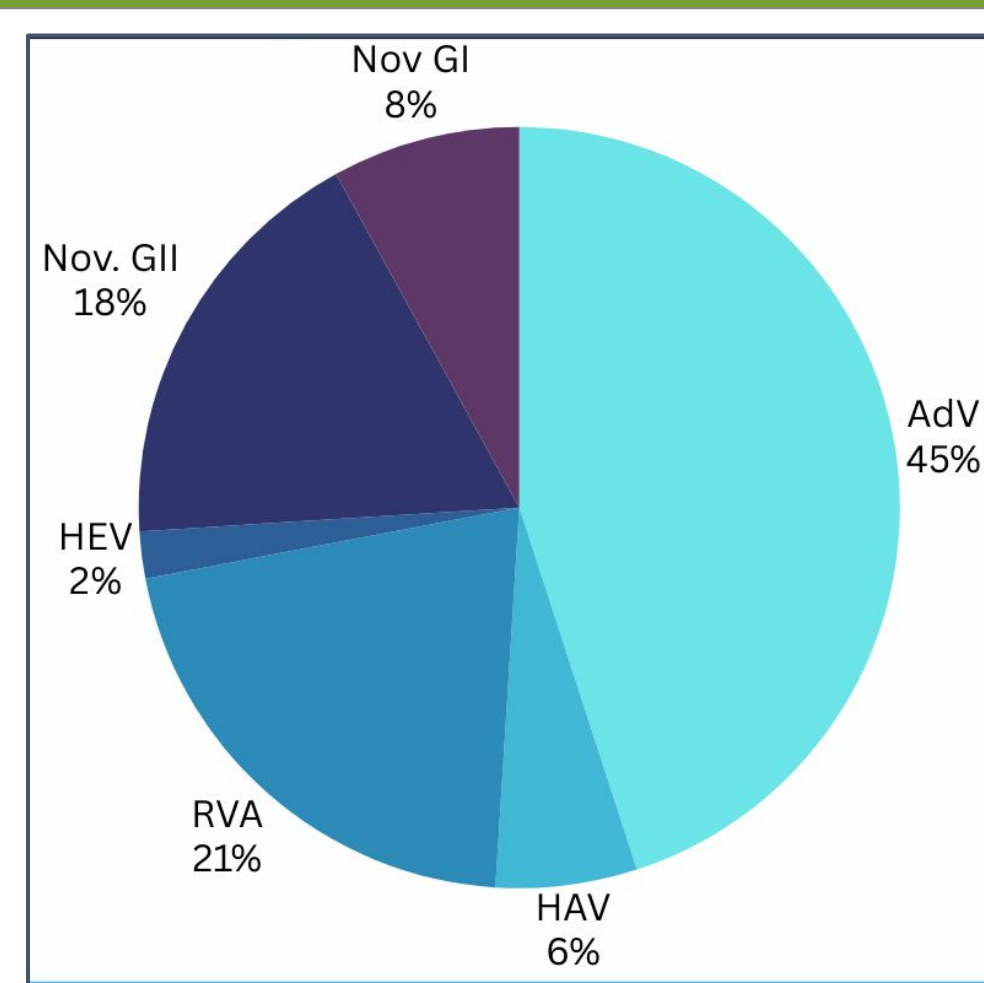


Fig. 2. Porcentaje de virus detectados en las 55 muestras tomadas. 109 es el total de positivos.

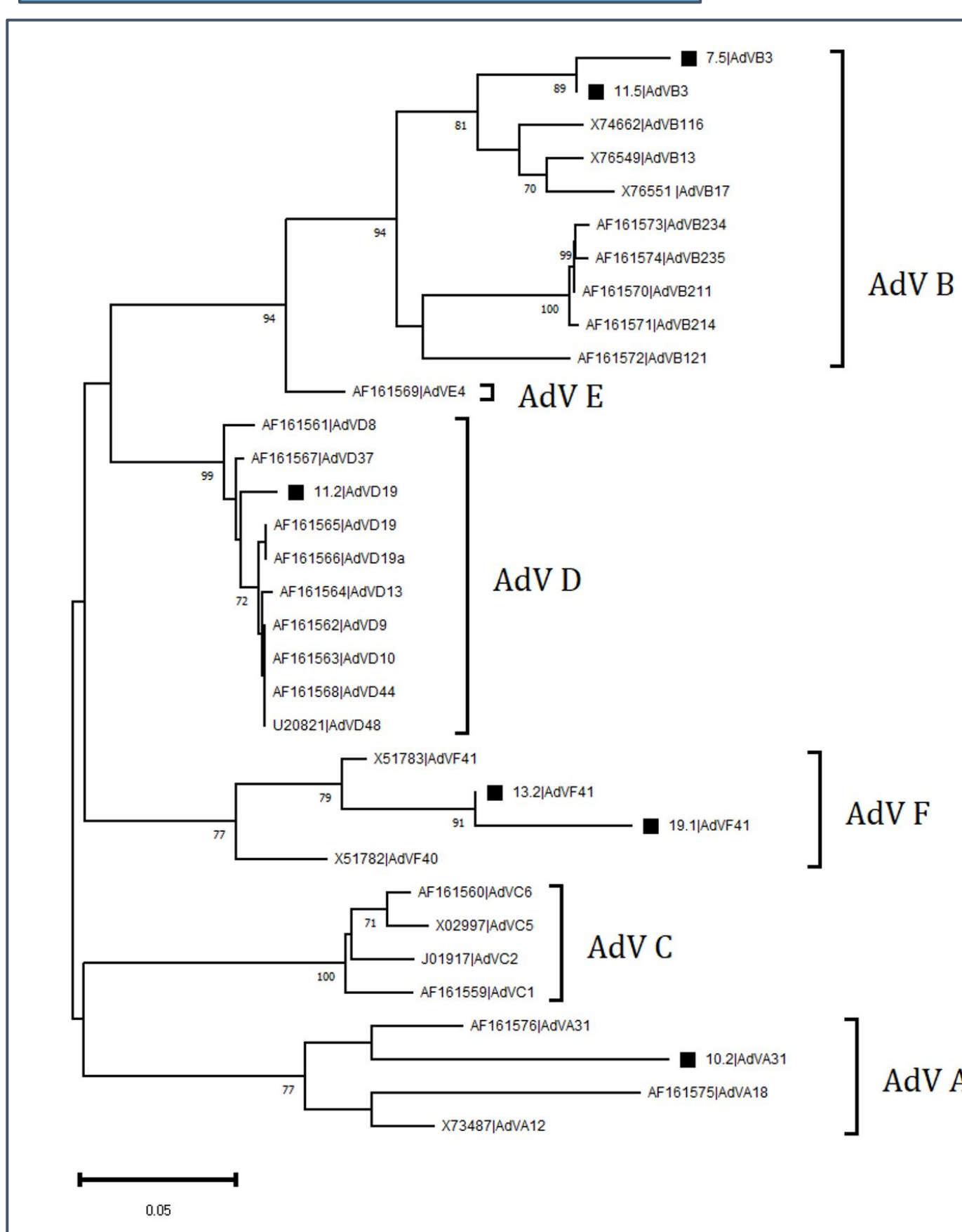


Fig. 4. Árbol filogenético de las cepas detectadas de AdV, basado en la secuencia nucleotídica correspondiente a la región del hexón. Se lograron amplificar y secuenciar 6 de 48 muestras positivas.

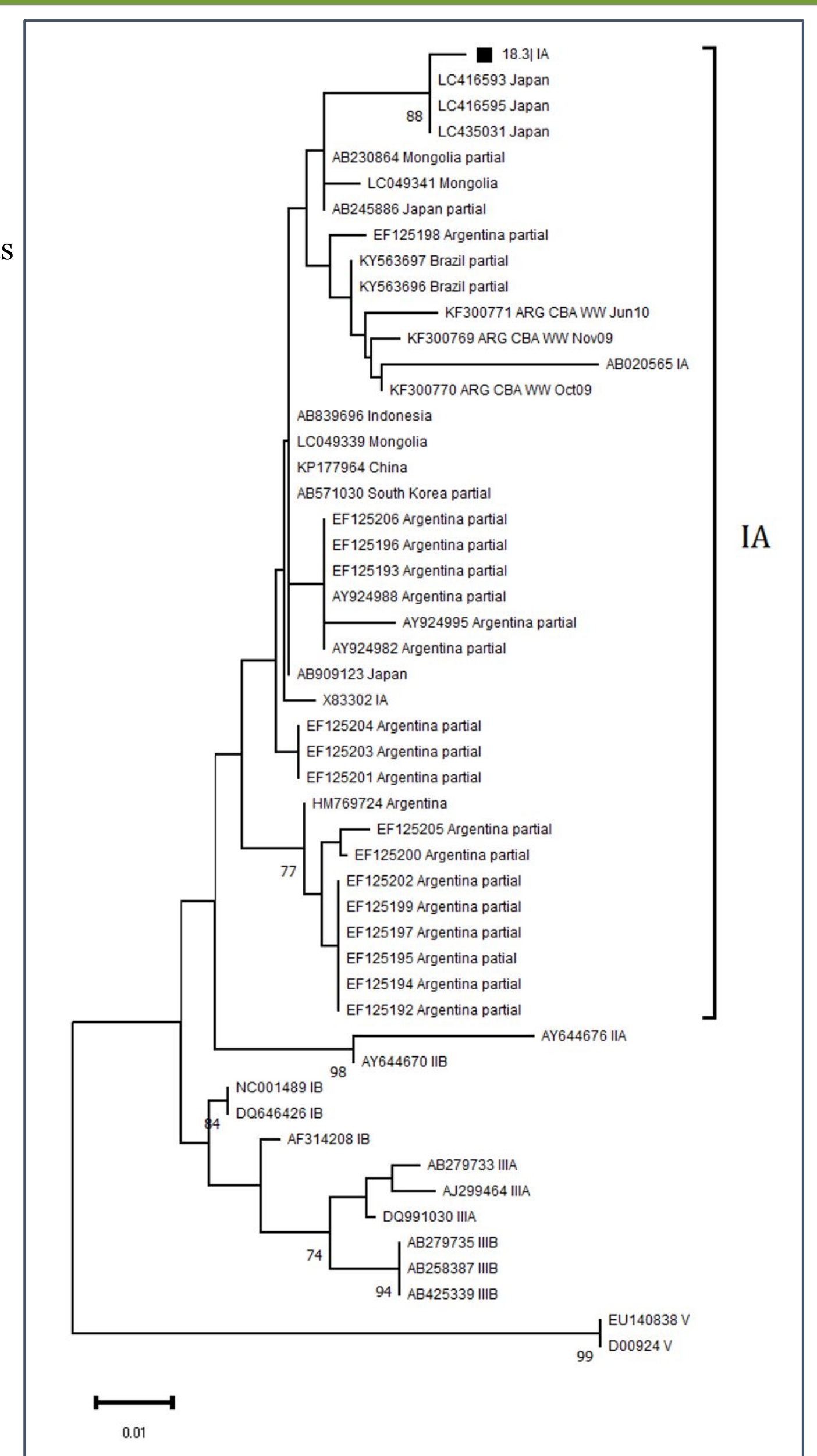


Fig. 5. Árbol filogenético basado en la secuencia nucleotídica del gen 5' UTR de HAV. Se logró amplificar y secuenciar 1 de 7 muestras positivas.

Conclusiones

Se concluye que durante todo el periodo se detectaron todos los virus entéricos en todos los puntos de muestreos, también que AdV fue el virus más detectado, seguido de RVA y NoV GII. En cuanto a la caracterización de las cepas, se pudo determinar que la única muestra secuenciada de HAV era de Genotipo IA, la más común en los brotes de dicho virus. De las 6 muestras secuenciadas de AdV se encontraron las cepas, entre paréntesis sus vías de infección y/o causas: B3 (respiratoria), D19 (queratoconjuntivitis), A31 (gastrointestinal y respiratoria) y F41 (gastrointestinal). Por último, este estudio permite la detección temprana de cepas circulantes asociadas con infecciones sintomáticas y asintomáticas en una población, dicha información puede contribuir con el sistema de salud para la prevención de posibles brotes.

Referencias

1- Masachessi G, Pisano MB, Prez VE, Martínez LC, Michelena JF, Martínez-Wassaf M, Giordano MO, Isa MB, Pavan JV, Welter A, Nates SV, Ré V. Enteric Viruses in Surface Waters from Argentina: Molecular and Viable-Virus Detection. Appl Environ Microbiol. 2018 Feb 14;84(5):e02327-17. doi: 10.1128/AEM.02327-17. PMID: 29269500; PMCID: PMC5812940.
2- Allard A, Albinsson B, Wadell G. Rapid typing of human adenoviruses by a general PCR combined with restriction endonuclease analysis. J Clin Microbiol. 2001 Feb;39(2):498-505. doi: 10.1128/JCM.39.2.498-505.2001. PMID: 11158096; PMCID: PMC87765.