

ESTUDIO DE DETECCIÓN DE BOCAVIRUS HUMANO EN LA POBLACIÓN INFANTIL DE TUCUMÁN Y SANTA FE: Rol etiológico en la Infección respiratoria aguda y su significancia clínica.

VERA GARATE MV; RUDI JM; G KUSZNIERZ; A GOMEZ; F MOLINA; PIERINI J; LOPEZ, MARIA SUSANA; ORTELLAO L; N SIOLI; R COCIGLIO; ANA MARIA ZAMORA; CARLOS GUSTAVO RUIZ DE HUIDOBRO; COSTAS DARDO ESTEBAN; LEVA ROSANA; SARA DEL VALLE GALLARDO; GRACIELA NOEMI RODRIGUEZ; STELLA MARIS SANCHEZ.

Las infecciones respiratorias agudas (IRAs) constituyen uno de los problemas de salud pública más importantes para la población infantil y están dentro de las primeras 5 causas de mortalidad. El porcentaje de infecciones respiratorias en las cuales no se logra identificar el agente etiológico es aún significativo y nuevos patógenos están continuamente siendo considerados. El bocavirus humano (HBoV) ha sido identificado como un nuevo miembro de la familia Parvoviridae, se ha detectado en muestras respiratorias, usualmente junto a otros patógenos, lo que dificulta evaluar su rol etiológico. El objetivo de este trabajo fue estudiar el rol del bocavirus humano, su frecuencia y estacionalidad en una población de niños hospitalizados con IRA de las ciudades de Santa Fe y Tucumán, durante el año 2013, para lo cual se optimizó una técnica de PCR de punto final para detectar el ADN del virus. Además se completó una ficha clinico-epidemiológica de los pacientes con resultados positivos. Se estudiaron niños menores de 5 años internados en hospitales de Santa Fe y Tucumán que presentaban un cuadro de IRA. De dichos pacientes se obtuvieron aspirados nasofaríngeos a los cuales se les realizó la detección de antígenos por inmunofluorescencia para los siguientes virus respiratorios: virus sincicial respiratorio (VSR), adenovirus (ADV), metapneumovirus (MPVh), parainfluenza e influenza A y B. La detección de influenza A y B se realizó, además, por RT-PCR real time. La detección de HBoV se realizó mediante una PCR de tiempo final que amplifica la región N terminal del gen de la proteína no estructural NP1, la región más conservada del genoma del virus y cuyo producto es en un amplicon de 354 pb. Se procesaron un total de 1109 muestras respiratorias, de las cuales 504 (45,4%) procedían de pacientes internados en hospitales de la ciudad de Santa Fe, y 605 (54,6%) de la ciudad de Tucumán. Del total de muestras analizadas, 79 (7%) resultaron positivas para este virus. La positividad para la provincia de Santa Fe fue del 8,5% y para la provincia de Tucumán fue del 6%. El HBoV se observó durante todos los meses del año, con un leve aumento en la circulación en los meses de primavera y verano. Los porcentajes de circulación variaron entre 1,4% y 63,6% para la provincia de Santa Fe; y entre 1,8% y 14,3% para Tucumán. En el 28,2% de los casos confirmados se observaron coinfecciones con otros virus respiratorios, siendo el VSR y el parainfluenza III los más frecuentes. La distribución de los casos confirmados en los diferentes grupos etarios fue la siguiente: menores de 1 mes, 10,6%; 1-6 meses, 57,6%; 6-12 meses, 6,1%, 1-2 años, 15,2%; 2-5 años, 10,6%. El bocavirus humano se detectó en el 7% de una población de niños hospitalizados por IRA, en los cuales se observaron coinfecciones en más del 28% de los casos. Su circulación fue más frecuente durante la temporada de primavera y verano. El 68% de los casos confirmados fueron pacientes menores de 6 meses de edad.