

[Volver al índice de resúmenes](#)

Area: Epidemiología | Nro de orden: 48

Vigilancia de hepatitis A en Córdoba: disminución de casos en hombres que tienen sexo con hombres

Fantilli, A(1, 2); Mariojoules, J(3); Pisano, MB(1, 2); Castro, G(3); Di Cola, G(1, 2); Canna, F(3); Barbás, G(3); Ré, V(1, 2)

(1) Instituto de Virología "Dr. J. M. Vanella", Facultad de Ciencias Médicas, Universidad Nacional de Córdoba, Córdoba, Argentina; (2) Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Buenos Aires, Argentina; (3) Laboratorio Central, Ministerio de Salud de la Provincia de Córdoba, Argentina.

Contacto: anabellafantilli@gmail.com

Desde 2016 a 2019, se registraron brotes de Hepatitis A (HA) en varios países del mundo, especialmente descritos en hombres que tienen sexo con hombres (HSH), principalmente adultos jóvenes. Se identificaron tres cepas europeas responsables: VRD_521_2016, RIVM-HAV16-090 y V16-25801. En este contexto, desde julio de 2017 a abril 2018, se registró en la ciudad de Córdoba un aumento de casos de HA (32 casos notificados). De acuerdo a un estudio realizado por nuestro grupo, muchos de estos casos fueron identificados filogenéticamente con la cepa VRD_521_2016, afectando mayoritariamente a HSH [de los 32 casos notificados en ese período, el 69,6% eran HSH (edad media: 31,9 años)]. A modo de comparación, en el mismo período de julio de 2014 a abril de 2015, de julio de 2015 a abril de 2016 y de julio de 2016 a abril de 2017, se informaron 3, 7 y 5 casos de HA, respectivamente. Entre estos, ninguno fue identificado como HSH. El propósito de este estudio fue continuar con la vigilancia epidemiológica molecular de HAV en Córdoba, a partir de muestras obtenidas durante un período posterior (noviembre 2018-septiembre 2019) al del inicio del brote de HA analizado previamente por nuestro grupo (Julio 2017-abril 2018). Para esto, se analizaron 23 casos confirmados de HA (IgM anti-HAV positivos) recolectados entre noviembre 2018 y septiembre 2019. Se detectó RNA-HAV en las muestras de suero y/o materia fecal mediante RT-Nested-PCR de la región genómica de VP1 / 2A (360 pb). Posteriormente, fueron secuenciadas y sometidas a análisis filogenéticos. De los 23 casos analizados (19 hombres y 4 mujeres; edad media: 30 años; rango: 4-63 años), 15 (65%) fueron positivas para la detección del RNA, y 14 fueron secuenciadas. Los análisis filogenéticos mostraron que todas las secuencias amplificadas pertenecieron al genotipo IA y 12 agruparon dentro de un clado monofilético con la cepa VDR521-2016 y con las secuencias del primer período del brote analizado (julio 2017- abril 2018). Cinco casos de este grupo (5/12) se identificaron como HSH, mientras que para el resto no se contaba con este dato. De las 23 muestras analizadas, 20 fueron recolectadas entre noviembre 2018 a abril 2019, obteniéndose solo tres muestras adicionales desde abril de 2019 a septiembre 2019, las cuales pertenecían a pacientes de género femenino del interior de Córdoba. Estos resultados muestran que el virus continuó circulando en la población de HSH hasta abril de 2019, con una disminución abrupta y ausencia de notificación de casos en HSH a partir de esa fecha, lo que evidencia la finalización del brote de HAV en ese grupo de riesgo. Los resultados invitan a continuar con la vigilancia del HAV, evaluar el manejo del brote y el impacto de la intervención durante el mismo, estimular al personal médico a estudiar la inmunidad de los pacientes adultos frente al virus y reforzar la vacunación en los mismos, principalmente en aquellos de mayor riesgo, como HSH, inmigrantes y viajeros a zonas endémicas.

 **QuímicaViva**

ISSN 1666-7948

Revista **QuímicaViva**

Número 1, año 19, Abril 2020

quimicaviva@qb.fcen.uba.ar

www.quimicaviva.qb.fcen.uba.ar