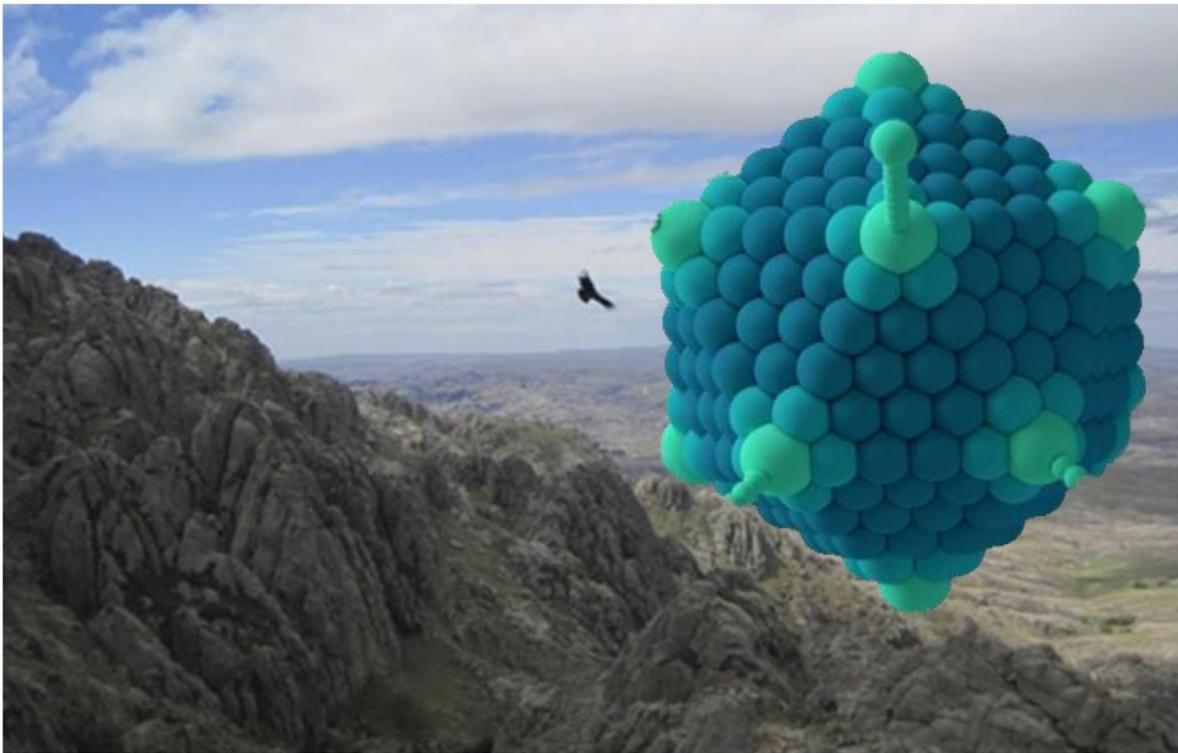


# **SOCIEDAD ARGENTINA DE VIROLOGÍA**

*División de la Asociación Argentina de Microbiología*

## **XLIII REUNIÓN CIENTÍFICA ANUAL 2023**

**LIBRO DE RESÚMENES**



**4 al 7 de diciembre de 2023  
Complejo Vaquerías, Valle Hermoso, Córdoba,  
Argentina**



División de la Asociación Argentina de  
Microbiología



Deán Funes 472 (C1214ADD) Ciudad Autónoma de Buenos Aires,  
Argentina. TEL (5411) 4932-8858/894

La **Comisión Directiva** de la Sociedad Argentina de Virología agradece la importante colaboración de las Jóvenes Virólogas, quienes han conformado la **Comisión Organizadora** de esta Reunión Científica.

## COMISIÓN ORGANIZADORA

Belén Pisano

Dolores Acuña

Giovanna Gallo

Jessica Mosmann

Lucía Ghietto

Lucía Martínez Cuesta

María Emilia Bravi

María Pineda

Nadia Fuentealba

Pamela Valva

Verónica Prez

Córdoba, Córdoba, Argentina. (2) Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET). (3) Instituto Nacional de Medicina Aeronáutica y Espacial - Facultad de la Fuerza Aérea - Universidad de la Defensa Nacional. (4) Centro de Investigación y Asistencia Técnica a la Industria (CIATI) Neuquén, Argentina.

La introducción de una vacuna en una comunidad implica modificar las fuerzas que rigen la dinámica natural de circulación del virus en la naturaleza. En Argentina, se introdujo la vacuna anti-rotavirus (Rotarix, de composición G1P[8]) al Calendario Nacional de Inmunizaciones en enero del 2015. Estudios previos en aguas residuales de la ciudad de Córdoba revelaron que la incorporación de la vacuna produjo una disminución en la circulación de los genotipos convencionales G1, G2 y G4 y un aumento significativo en la circulación de genotipos no convencionales G8, G5, G11 y G12. El objetivo del presente trabajo fue comparar, en la era post vacunal, el perfil y la dinámica de circulación de G-tipos de rotavirus grupo A (RV) a nivel poblacional respecto a los involucrados en la etiología de la diarrea por RV. En los años 2015, 2018 y 2019 se analizaron un total de 34 muestras de aguas residuales y 41 muestras de materias fecales de niños con gastroenteritis por RV (positivos por kit de detección rápido) asistidos en la Clínica Universitaria Reina Fabiola. Se realizó la concentración de las partículas virales presentes en las aguas residuales mediante centrifugación y precipitación con polietilenglicol. Posteriormente a ambos tipos de muestras se realizó la extracción de ácidos nucleicos con kit comercial y se aplicó RT-heminested PCR para la determinación de G-tipos y la detección de NSP2 para diferenciar G1 salvaje de vacunal. El análisis global de resultados indicó que los G-tipos que circulan a nivel poblacional son los que se identifican en la clínica de RV. Sin embargo, en una distribución proporcional de G-tipos a nivel poblacional se identifica una menor circulación de los convencionales (G1, G2, G3, G4 y G9) respecto a los no convencionales (G5, G8, G11 y G12)  $p < 0,05$ ; este patrón es contrario al perfil de G-tipos de la clínica de RV en la que 82% de las diarreas son de etiología convencionales versus 18% no convencionales  $p < 0,05$ . En la clínica el G1 (homólogo a la fórmula vacunal) fue el genotipo predominante, mostrando un aumento significativo a lo largo del período estudiado (2015 25%, 2019 56%); G2 y G9 fueron desapareciendo en casos clínicos (G2: 2015 19%, G9 2015 13%, 2019 0% para

ambos) y G4 y G3 se mantuvieron estables contribuyendo entre un 11% y un 22% en la etiología de la diarrea. La totalidad de los G1 en casos clínicos fueron identificados como salvajes. En adición el monitoreo de aguas residuales resalta la circulación uniforme de rotavirus durante todo el periodo estudiado y la identificación del genotipo G11 que circula en la comunidad (2015 20%, 2018 8% y 2019 21%) y no identificado en la clínica. En conclusión, la vigilancia ambiental complementa a la vigilancia clínica identificando un perfil completo de G-tipos que circulan en una comunidad mientras que la clínica identifica aquellos G-tipos involucrados en casos clínicos de diarrea por rotavirus.

## **20 Nebulización de una formulación basada en anticuerpos específicos para su potencial aplicación en el control de la infección con virus Influenza H1N1. Caracterización aerodinámica y funcional**

Tapia, C (1); Ceschan, N (2); Barbieri, E (4); Parreño, V (3); Wigdorovitz, A (3); Ramírez-Rigo, MV (2); Puntel, M (1).

(1) INIBIBB-UNS-CONICET; (2) PLAPIQUI-UNS-CONICET; (3) IncuINTA-CONICET; (4) CENPAT-CONICET.

Las infecciones del tracto respiratorio inferior (LRTI) son una de las principales causas de morbilidad y mortalidad en todo el mundo, especialmente en niños pequeños y adultos mayores. El virus influenza es el responsable del 11,5% de los casos con mayor incidencia en los grupos mayores de 70 años. La inmunización pasiva utilizada en el tratamiento de infecciones respiratorias, es capaz de reducir significativamente la mortalidad y los requisitos de ventilación mecánica sin presentar efectos adversos graves en pacientes con infecciones virales respiratorias agudas. La administración local de anticuerpos específicos por inhalación, permite el acceso directo al tracto respiratorio reduciendo los efectos secundarios sistémicos a dosis menores. Nuestro grupo demostró el efecto profiláctico contra el virus influenza H1N1, ejercido por la inmunoterapia de anticuerpos específicos (plasma/nanoanticuerpos) administrados por la vía intranasal en el modelo ratón. Anteriormente, demostramos que la técnica ELISA de hemaglutinina viral (HA) resultaba apropiada para evaluar la estabilidad de los anticuerpos recuperados luego de la nebulización de plasma inmune por

tecnología JET. En este trabajo, investigamos si la administración local, permite lograr una distribución homogénea de anticuerpos específicos en el tracto respiratorio, comparando el rendimiento de dos tecnologías de nebulización JET y MESH. En primer lugar, se analizó el comportamiento aerodinámico de una formulación de plasma inmune en buffer fosfato pH 7.4 (relación 1:3). Se realizaron nebulizaciones por triplicado para ambas tecnologías y mediante un sistema de impacto en cascada (NGI-Copley), se clasificaron las gotas de la dosis emitida según su diámetro aerodinámico. De especial interés resultaban las gotas con diámetros menores a 5 µm, dado que éstas son las que componen la fracción inhalable capaz de alcanzar el tracto respiratorio inferior. Los valores de los parámetros aerodinámicos mostraron una correcta aerosolización y deposición de las partículas nebulizadas para ambas tecnologías. Entre ellos la fracción fina de partículas (FFP) o el porcentaje de gotas con rango de diámetro aerodinámico entre 5 y 1 µm resultó más favorable con la tecnología JET que para MESH (52.3 para JET vs 36.2 para MESH). Además, se observó un mayor porcentaje de recuperación proteica (3%) con la tecnología JET. Posteriormente, el estudio de funcionalidad mediante un ELISA de HA, arrojó para ambas tecnologías, una detección efectiva de anticuerpos señalando la estabilidad del plasma luego de la nebulización. En conjunto, estos resultados indican que la formulación de plasma inmune pudo ser nebulizada con alto rendimiento permitiendo que los anticuerpos conserven su actividad específica. Es más, el uso de la tecnología JET alcanzó un mejor rendimiento, en cuanto al comportamiento aerodinámico y la cantidad de proteínas totales colectadas.

#### **21 Primer reporte del genoma completo y análisis filogenético de Aichivirus en aguas residuales de la ciudad de Córdoba, Argentina, utilizando un panel de vigilancia viral por NGS**

Castro, G (1,2); Mallou, F (4); Cachi, A (2,3); Marinzalda, MA (2,3); Sicilia, P (1); Poklepovich, T (4); Masachessi, G (2); Nates, S (2).

(1) Departamento Laboratorio Central - Ministerio de Salud de la Provincia de Córdoba. (2) Instituto de Virología Dr. J. M. Vanella, Facultad de Ciencias Médicas, Universidad Nacional de Córdoba, Córdoba,

5000, Argentina. (3) Instituto Nacional de Medicina Aeronáutica y Espacial, FAA. Facultad de la Fuerza Aérea, Universidad de la Defensa Nacional. (4) Unidad Operativa Red Federal de Genómica y Bioinformática, ANLIS - Malbrán.

Introducción: Los Aichivirus (AiV) pertenecen a la familia *Picornaviridae*, género *Kobuvirus*. Al presente se han descrito 3 genotipos de AiV-humano: A, B y C. Al igual que en otras regiones de América, en Argentina solo se ha reportado circulación del genotipo B. Estos virus son transmitidos por vía fecal-oral, y se los considera como agentes emergentes de gastroenteritis aguda (GEA). Objetivo: determinar la identidad nucleotídica del genoma completo y genotipos de AiV que circulan en la ciudad de Córdoba con respecto a otras regiones del mundo. MyM. Se analizaron pools de aguas residuales (AR) correspondientes al verano (diciembre, enero, febrero y marzo) de 2019 y 2020. Las AR fueron concentradas por elusión y precipitación con PEG-6000 y analizadas utilizando un panel para vigilancia viral (Illumina®) por NGS que utiliza un flujo de trabajo de enriquecimiento de secuencias virales target por captura híbrida y permite la identificación de 66 genomas virales, incluido AiV. A partir de las secuencias obtenidas se realizaron análisis filogenéticos. Resultados. Se obtuvo la secuencia genómica de AiV en los pools de 2019 y 2020 con coberturas del 94.4% y 95.3%, respectivamente. La identidad nucleotídica entre ellas fue del 92.5% y entre el 92% y el 97.4% con secuencias de distintas regiones del mundo. El análisis filogenético mostró que agrupan en un mismo cluster con secuencias genómicas de referencias que circulan en Alemania, Taiwán y Japón. El análisis de la región 3CD mostró que la cepa secuenciada en el año 2019 pertenece al genotipo B y la del 2020 al genotipo A. Conclusiones. Estos datos son los primeros para Argentina y es el primer reporte de la circulación de AiV genotipo A en América. Disponer de la secuencia nucleotídica de genomas completos de AiV permitirá profundizar el estudio de las proteínas estructurales del virus, sus potenciales variaciones antigénicas y la implicancia de las mismas en casos de GEA.

#### **22 Evaluación de eficacia y seguridad de formulaciones de un nuevo antiviral contra el virus chikungunya**