

Resumen #1839

Detección de bocavirus humanos entéricos en aguas residuales de Córdoba, Argentina, 2020-2021.

¹Olivera NL, ²Sicilia P, ²Castro G, ¹Cachi A, ¹Marinzalda MA, ¹Ré V, ¹Masachessi G, ¹Adamo MP

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

Resumen:



Los bocavirus humanos

Persona que presenta: Olivera NL, nicolas.lionel.olivera@gmail.com **Área:** Epidemiológica / Salud Pública
Disciplina: Otra (HBoV1-4) fueron identificados en 2005-2010 en muestras respiratorias y entéricas de niños. El HBoV1 es responsable de infecciones agudas del tracto respiratorio superior e inferior, principalmente en lactantes, mientras que el rol de HBoV2, 3 y 4 como patógenos gastroentéricos está en estudio. Todos los HBoV han sido detectados en heces y en muestras ambientales, por lo que su análisis en aguas residuales puede contribuir a dilucidar la historia natural de la infección y evaluar su relevancia para la vigilancia ambiental y clínica. El objetivo de este trabajo fue determinar la presencia de HBoV en aguas residuales de Córdoba, Argentina.

Diseño retrospectivo, observacional, descriptivo. Se analizaron muestras semanales de aguas residuales de la red central de tuberías que ingresa a la planta principal de tratamiento de aguas residuales de Córdoba, que recibe el 51% de las aguas residuales de la ciudad, durante 2020 y 2021. A partir de las muestras concentradas según la recomendación de la OMS para vigilancia ambiental de poliovirus se extrajeron los ácidos nucleicos y se amplificó una región del genoma correspondiente a proteínas de la cápside viral con primers para los 4 genotipos. Los fragmentos amplificados se purificaron y secuenciaron mediante la técnica de Sanger. Las secuencias se alinearon en ClustalW y el análisis filogenético se realizó utilizando MEGA v.11 e IQ-TREE v.1.6.10 con el método de máxima verosimilitud.

Se detectó ADN de HBoV en 37 (44%) de las 84 semanas representadas, 23 (69,7%) del año 2020 y 14 (27,4%) del 2021, con una tendencia de concentración en invierno y primavera. Se secuenciaron 26 muestras positivas: 14 aislamientos agruparon en el cluster del genotipo HBoV2 y 12 resultaron HBoV3.

Este es el primer reporte de detección de los genotipos 2 y 3 de HBoV en Argentina, identificados en muestras de aguas cloacales no tratadas. Los hallazgos sugieren una amplia circulación de estos virus en la comunidad, destacando la importancia de profundizar las investigaciones futuras para ampliar la identificación de los genotipos de HBoV en muestras ambientales y estudiar su presencia en heces tanto de niños como de adultos.

Palabras Clave: parvovirus, Bocavirus Humano, heces, vigilancia sanitaria ambiental  [Versión para impresión](#) |  [PDF version](#)

Abstract #1839

Detection of enteric human bocaviruses in wastewater from Córdoba, Argentina, 2020-2021.

¹Olivera NL, ²Sicilia P, ²Castro G, ¹Cachi A, ¹Marinzalda MA, ¹Ré V, ¹Masachessi G, ¹Adamo MP

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

Abstract:

Human bocaviruses (HBoV1-4)

Persona que presenta: Olivera NL, nicolas.lionel.olivera@gmail.com were identified in 2005-2010 in respiratory and enteric samples from children. HBoV1 is responsible for acute upper and lower respiratory tract infections, mainly in infants, while the role of HBoV2, 3 and 4 as gastrointestinal pathogens is under study. All HBoVs have been detected in feces and environmental samples, so their analysis in wastewater can help elucidate the natural history of the infection and assess its relevance for environmental and clinical surveillance. The aim of this study was to determine the presence of HBoV in wastewater from Córdoba, Argentina.

Retrospective, observational, descriptive design. Weekly wastewater (WW) samples were obtained during 2020 and 2021 from the central pipe network entering the main wastewater treatment plant in Córdoba, which receives 51% of the city's wastewater. Nucleic acids were extracted from the samples concentrated according to the WHO recommendation for environmental surveillance of poliovirus. A common genomic region corresponding to viral capsid proteins of HBoVs was amplified with pan-HBoV primers, targeting all 4 human genotypes. The amplified

fragments were purified and sequenced using the Sanger technique. The sequences were aligned in ClustalW and phylogenetic analysis was performed using MEGA v.11 and IQ-TREE v.1.6.10 with the maximum likelihood method.

HBoV DNA was detected in 37 (44%) of the 84 weeks represented, 23 (69.7%) in 2020 and 14 (27.4%) in 2021, with a tendency to concentrate in winter and spring. Twenty-six positive samples were sequenced: 14 isolates were grouped in the HBoV2 genotype cluster and 12 were HBoV3.

This is the first report of detection of HBoV genotypes 2 and 3 in Argentina, identified in untreated sewage samples. The findings suggest a wide community circulation of human bocaviruses in Córdoba, highlighting the importance of furthering future research to expand the identification of HBoV genotypes in environmental samples and to study their presence in feces of both children and adults.

Keywords: parvovirus, Human Bocavirus, feces, environmental health surveillance