

## ANÁLISIS DE LA VULNERABILIDAD A INFECCIONES RESPIRATORIAS INTEGRANDO METODOLOGÍAS

**Coordinación honoraria:** Castello A, Universidad Nacional Arturo Jauretche (UNAJ). castelloaa@gmail.com

**Becarios/as:** Montali C, Hospital El Cruce Dr. Nestor Kirchner; Sancilio A, UNAJ; Rodríguez Perez A, Hospital Interzonal Dr. Alberto Eurnekian; García C, Hospital Evita Pueblo; Musto A, UNAJ; Hamilton G, UNAJ.

### RESUMEN

#### Introducción

Existen estudios que buscan determinantes clínicos, epidemiológicos y socio-sanitarios de la vulnerabilidad ante enfermedades respiratorias graves de la infancia y estudios de epidemiología molecular para caracterizar cepas circulantes del Virus Sincicial Respiratorio (VSR). Sin embargo, pocos trabajos intentan integrar ambos tipos de información sobre la misma población en estudio.

#### Objetivos

Establecer mapas de seguimiento espacio-temporal de cepas del VSR mediante secuencias específicas y relacionar su diseminación con aspectos de vulnerabilidad individual o del contexto epidemiológico o socio-sanitario.

#### Métodos

Se incorporan al estudio pacientes pediátricos internados con presentación compatible con IRAB en los cuatro centros de salud, se completa una encuesta que incluye más de 60 entradas recopilando datos clínicos, demográficos y socio-sanitarios. Se colectan muestras de aspirado nasofaríngeo para ser sometidas a un análisis rutinario de detección de patógenos virales y su posterior análisis de secuencia en caso de tratarse de VSR.

#### Resultados

Al momento de la última centralización de muestras se han colectado 1105 muestras de las cuales 248 fueron positivas para algún agente viral por IFI. De estas 200 (80,6%) han resultados positivas para VSR. Las tendencias analizadas como estacionalidad, edades, datos socio sanitarios fueron los típicos para los agentes involucrados y las muestras están siendo actualmente sometidas a los estudios moleculares propuestos.

#### Conclusiones

Las conclusiones finales integrando toda la información serán el resultado de análisis que comenzarán al finalizar la colección de muestras (10 de Julio de 2015), la carga de datos y las tareas de secuenciación para establecer marcadores moleculares de cepa (firmas moleculares). Los datos de firma molecular permitirán trazar orígenes y vías de diseminación, lo cual, integrado con datos clínicos, sanitarios y de hábitat permitirán señalar zonas y situaciones de vulnerabilidad.

#### Palabras clave

*Virus Sincicial Respiratorio; Infección Respiratoria Aguda Baja; Vulnerabilidad; Epidemiología Molecular; Genotipo*