



## Genotipificación muestras Virus Respiratorio Sincicial Departamento Laboratorio Biomédico Nacional y de Referencia

### Genotipificación muestras Virus Respiratorio Sincicial Departamento Laboratorio Biomédico Nacional y de Referencia

Subdepartamento Genética Molecular

Sección Virus Respiratorios y Exantemáticos, Subdepartamento Enfermedades Virales.

#### Introducción

El Virus Respiratorio Sincicial (VRS) está clasificado en los grupo A y B basado en la variabilidad de la glicoproteína G. En el grupo A se han identificado varios genotipos, GA1 a GA7; SAA1 (Sudáfrica); NA1 y NA2. En el grupo B se han identificado los genotipos GB1 a GB4; SAB1 a SAB3 y los genotipos BA1 A BA10. Los genotipos BA fueron identificados en Buenos Aires, Argentina en 1999, y se caracterizan por tener una duplicación de 60 nucleótidos en una región de la proteína G. Estas cepas se han diseminado por todo el mundo, encontrándose diversos genotipos en este grupo.

La genotipificación de VRS permite definir cuál o cuáles de los genotipos descritos son los causantes de brotes, o identificar nuevos genotipos.

#### Metodología

En el Instituto de Salud Pública se analizaron, durante los años 2021-2023, 366 muestras de aspirado nasofaríngeo de pacientes de las regiones de Tarapacá, Metropolitana y Los Lagos, positivas para VRS a nivel local por Inmunofluorescencia o RT-PCR.

En un primer paso, mediante la PCR de VRS *“Real-Time RT-PCR Assay Panel for Detection and Subgroup Identification of Human Respiratory Syncytial Virus”* del Centro del Centros de Control y Prevención de Enfermedades (CDC, por sus siglas en Inglés), con el cual podemos diferenciar entre los subtipos VRS A y VRS B.

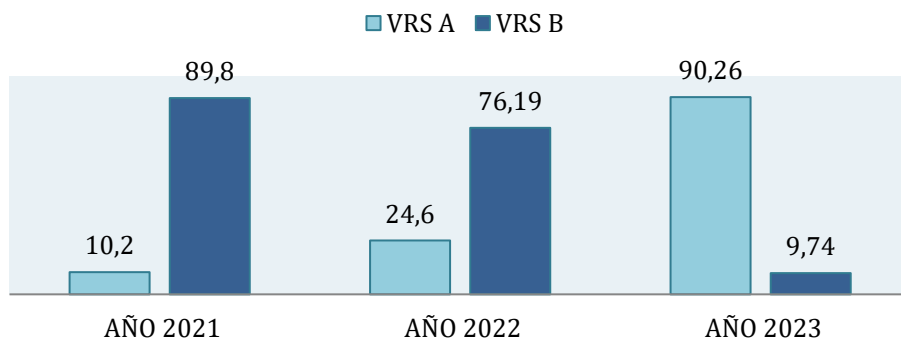
Posteriormente, a un subconjunto de muestras seleccionadas, se les amplificó mediante RT-PCR una región de 700 pares de bases del gen que codifica para la glicoproteína G. El producto de PCR obtenido fue purificado y secuenciado en un equipo ABIS 3500 de Applied biosystem 3130. El método de Sanger y análisis bioinformático se realizó con secuencias de la base de datos de Genbank. El análisis bioinformático de las secuencias se realizó con los programas MEGA 6.06.

#### Resultados

Por medio del PCR de detección de subgrupos de VRS, se demostró que, en las muestras analizadas, la circulación de los subgrupos de VRS A y B ocurren en simultáneo, aunque en

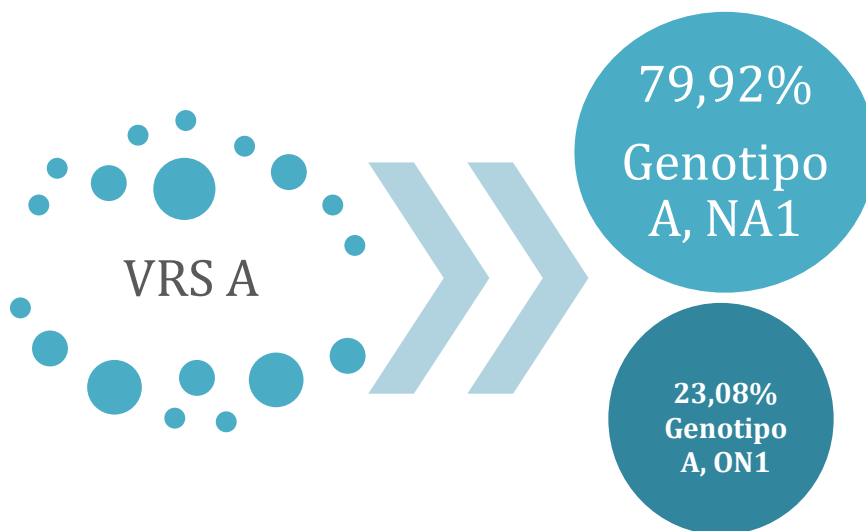
diferente proporción. Durante el año 2021-2022 el subgrupo más detectado fue VRS B, en cambio en el año 2023 ha circulado mayoritariamente el subgrupo VRS A.

## Distribución (%) de los subgrupos de VRS en los centros pilotos durante los años 2021-2023



El análisis filogenético demostró que el 100% (n=30) de las muestras analizadas del subgrupo VRS A corresponde a genotipo A, NA1. De la misma manera el 100% (n=7) de las muestras secuenciadas del subgrupo VRS B, corresponde al genotipo B, BA-CC.

**Imagen 1.** Resultados de la secuenciación de VRS en centros pilotos, año 2021.



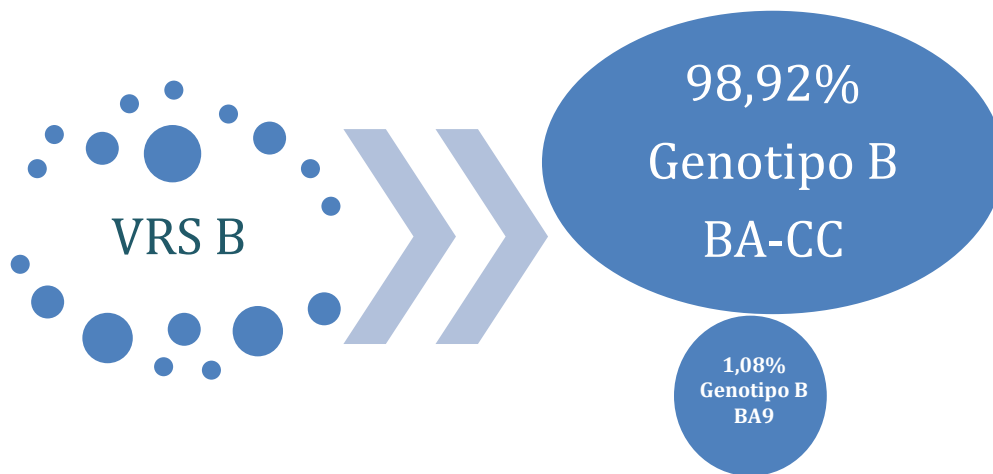
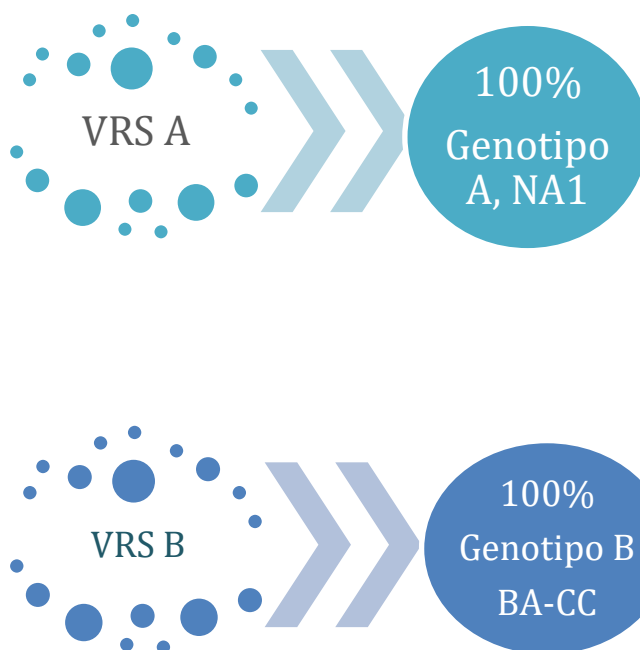


Imagen 2. Resultados de la secuenciación de VRS en centros pilotos, año 2023.



## Conclusiones

Los subgrupos de VRS A y VRS B circulan periódicamente, alternándose las proporciones entre ambos, como podemos ver en la tabla 1. De todos los posibles genotipos, pudimos observar que en Chile, en el año 2021, hubo una co-circulación de genotipos, tanto para el grupo A (NA1 y ON1), como para el grupo B (BA-CC y BA9). Los genotipos que presentaron mayor frecuencia, es decir NA1 y BA-CC, son los que en el año 2023 vemos que circulan de manera exclusiva para cada grupo, observando el desplazamiento de los otros dos mencionados.