

Póster: virología



**VIGILANCIA EPIDEMIOLÓGICA DEL DENGUE UTILIZANDO LOS ÍNDICES ENTOMOLÓGICOS EN UN BARRIO DE LA PERIFERIA DE CIUDAD BOLÍVAR, ESTADO BOLÍVAR, VENEZUELA**



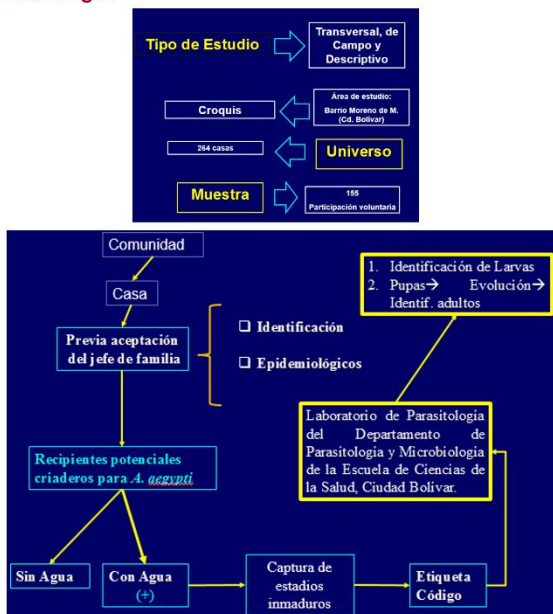
Luis Solorzano, Iván Amaya, Ytalia Blanco, Rodolfo Devera

Departamento de Parasitología y Microbiología, Escuela de Ciencias de la Salud, UDO-Bolívar. Ciudad Bolívar, estado Bolívar, Venezuela. 0416 6957537 [svmquayana@gmail.com](mailto:svmquayana@gmail.com)

**Introducción.** En Venezuela la mayoría de la información sobre vigilancia entomológica de dengue y esas otros arbovirosis es incompleta y antigua, además, las investigaciones entomológicas disponibles se refieren al dengue (Barrera *et al.*, 1995; González *et al.*, 1996; González *et al.*, 2002; Neus y Ochoa, 2002; Rojas *et al.*, 2003; Fuentes y Reyes, 2004; Caña y Cardenas, 2005; Bruzual, 2006; Rueda y Ruiz, 2006; Devera *et al.*, 2013), por lo que es necesario realizar una actualización al respecto.

**Objetivo.** Determinar los índices aédicos en el barrio “Moreno de Mendoza” de Ciudad Bolívar, municipio Angostura del Orinoco, del estado Bolívar, durante julio de 2023.

**Metodología:**



**Referencias.**  
Barrera R, Navarro JC, Mora Rodríguez JD, Domínguez D, González García JE. Deficiencias en servicios públicos y cría de *Aedes aegypti* en Venezuela. Bol Ofic Sanit Panam. 1995; 118:410-22.  
Devera R, Devera Z, Velásquez V. *Aedes aegypti* en el cementerio “Jobo Liso” de Ciudad Bolívar, estado Bolívar, Venezuela. Saber. 2013; 25(4):358-64.

**Resultados.** En julio de 2023 fueron evaluadas 155 viviendas de la comunidad y en todas se encontraron recipientes susceptibles de contener agua (potenciales criaderos de *Aedes*). Se identificaron en los alrededores de las casas un total de 272 recipientes susceptibles de actuar como criaderos. De ellos 170 (62,5%) contenían agua al momento de ser evaluados. Se encontró un total de 42 casas (27,1%) con recipientes con estadios inmaduros de culicidios. Un total de 47 recipientes resultaron positivos. Índices entomológicos: el índice de vivienda fue de 27,1%; el de recipientes de 27,6% y el de Breteau de 30,2% (Tabla 1). Los recipientes más comunes con larvas/pupas fueron: tanque de cemento (n=15; 31,9%), tanques plásticos (n=7; 14,9%) y los tobos/baldes/poncheras (n=6; 12,8%) (Tabla 2). Se capturaron un total de 269 estadios inmaduros de culicidae: 243 larvas y 26 pupas. De ellas, 262 eran del género *Aedes* (97,4%) (Fig. 1), cinco larvas pertenecían al género *Culex* (1,9%) y a la subfamilia Toxorhynchitinae (0,4%)1).

**TABLA 1. ÍNDICES AÉDICOS EN EL BARRIO BARRIO MORENO DE MENDOZA, PARROQUIA LA SABANITA, MUNICIPIO ANGOSTURA DEL ORINOCO, ESTADO BOLÍVAR. JULIO DE 2023**

Índice	n	%
Índice de Recipientes	47/170	27,6
Índice de Vivienda	42/155	27,1
Índice de Breteau	47/155	30,3

**TABLA 2. CRIADEROS DE *Aedes* spp. EN EL BARRIO MORENO DE MENDOZA, PARROQUIA LA SABANITA, MUNICIPIO ANGOSTURA DEL ORINOCO, ESTADO BOLÍVAR. JULIO DE 2023**

Criaderos	n	%
Tanque de cemento	15	31,9
Tanque plástico	7	14,9
Tobos/baldes/poncheras	6	12,8
Barril metálico	3	6,4
Barril plástico	3	6,4
Lata de pintura	3	6,4
Botella plástica (refresco)	2	4,2
Tanque de metal	2	4,2
Botella de vidrio	1	2,1
Caucho	1	2,1
Envase plástico (mantequilla)	1	2,1
Maceta de metal	1	2,1
Nevera vieja abandonada	1	2,1
Lavadora vieja abandonada	1	2,1
<b>Total</b>	<b>47</b>	<b>100,0</b>



**Fig. 1. Extremo terminal de dos larvas de *Aedes* spp. Aumento 100X. El círculo muestra el detalle del sifón respiratorio corto y grueso.**

**Conclusiones.**

- Se demostró la presencia de *Aedes* spp. en recipientes de las viviendas del barrio “Moreno de Mendoza”, parroquia La Sabanita, Ciudad Bolívar, estado Bolívar.
- Los índices aédicos determinados fueron los siguientes: índice de recipientes 27,6%; índice de vivienda 27,1% e índice de Breteau 30,2%. De acuerdo a ello, la comunidad está en riesgo elevado para la transmisión de dengue.
- De los recipientes que actuaban como criaderos de *Aedes* spp., los más comunes fueron tanque de cemento (n=15; 31,9%), tanques plásticos (n=7; 14,9%) y los tobos/baldes/poncheras (n=6; 12,8%).

Póster: virología



**COSAVIRUS HUMANO EN NIÑOS EN EDAD ESCOLAR Y SU RELACIÓN CON LA GASTROENTERITIS AGUDA INFANTIL**

Vizzi Esmeralda (a,\*), Fernández Rixio (a), **Rosales Rita Elena (a,\*)**, Ramírez Viviana (a,b), Maldonado Antonio José (c), Zerpa José (d)

<sup>a</sup> Laboratorio de Biología de Virus, Centro de Microbiología y Biología Celular, Instituto Venezolano de Investigaciones Científicas (IVIC). Caracas. <sup>b</sup> Actual: Laboratorio de Organismos, Centro de Ecología, Instituto Venezolano de Investigaciones Científicas (IVIC). Caracas. <sup>c</sup> Hospital Universitario "Dr. Luis Razetti". Universidad de Oriente, Barcelona. Actual: Departamento de Pediatría y Puericultura, Universidad de Oriente, Núcleo de Anzoátegui, Barcelona, Edo. Anzoátegui. <sup>d</sup> Postgrado en Biología Aplicada, Universidad de Oriente, Núcleo de Sucre, Cumana, Edo. Sucre, Venezuela. Autor correspondiente: evizzi.ala@gmail.com Ponente: rosalesrita@gmail.com

**INTRODUCCIÓN**

La gastroenteritis aguda (GEA) es la segunda causa infecciosa de mortalidad a nivel mundial, después de las infecciones de las vías respiratorias inferiores, entre niños menores de 5 años. A pesar del progreso global en la reducción de la mortalidad infantil en las últimas décadas, ésta sigue siendo una gran amenaza para la salud pública<sup>1</sup>. En 2019 la diarrea causó aproximadamente 370.000 muertes entre niños menores de cinco años.

La GEA puede tener múltiples causas, siendo la infecciosa de origen viral, la primera durante la infancia. Los cosavirus humanos (HCoSV, por sus siglas en inglés, de *human common stool associated picornavirus*), de la familia Picornaviridae, poco conocidos y descritos en niños con parálisis flácida aguda en Asia<sup>2,3,4</sup>, han sido relacionados con la ocurrencia de GEA infantil en diferentes partes del mundo, aunque con variable prevalencia<sup>2,4,5,6,7</sup>. Se han descrito al menos 6 grupos genéticos, llamados especies (A - F) y más de 30 genotipos diferentes<sup>2,3,8</sup>. Los estudios enfatizan la necesidad de investigar la distribución, diversidad genética, y rol etiológico de estos agentes. En personas cuyo sistema inmunitario se encuentra debilitado, como en pacientes con VIH, emergen como patógenos oportunistas potenciales, como demuestra un estudio realizado en Venezuela, el cual reveló la presencia predominante de la especie D de HCoSV en las heces de pacientes con VIH con diarrea<sup>9</sup>; sin embargo, no existen datos sobre la prevalencia y diversidad genética en la población en general.

**MATERIALES Y MÉTODOS**

- Población estudiada:** 394 muestras de heces recolectadas de niños (199 muestras de niños con GEA y 195 muestras controles de niños sin síntomas gastrointestinales), menores de 12 años de tres ciudades diferentes de Venezuela, recolectadas entre los años 2011-2013 fueron retrospectivamente estudiadas (Figura 1).
- Ensayos moleculares para la detección de HCoSV:**



Figura 1: Flujograma de trabajo para el estudio de HCoSV en niños venezolanos

**RESULTADOS**

El estudio incluyó 394 niños de 3 diferentes regiones del país, de los cuales 17 con GEA y 19 controles resultaron positivos para HCoSV, la mayoría de los cuales (>88%) detectados en la ciudad de Barcelona (Edo Anzoátegui) (Figura 2).



Figura 2: Mapa de Venezuela donde se muestra la localización de los aislados de cosavirus humanos detectados. En rojo se indican las muestras de pacientes con gastroenteritis aguda (GEA) y en azul las muestras controles (sin síntomas de GEA) en las cuales se detectó el cosavirus humano.

La tasa de detección global de HCoSV fue muy similar entre los dos grupos (8,5% en niños con GEA y 9,7% en controles, p=0,68) (Figura 3), y el virus fue más común entre niños menores de 5 años del género masculino, aunque las diferencias no fueron estadísticamente significativas.

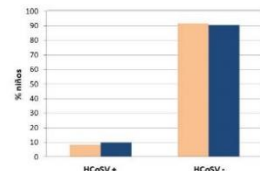
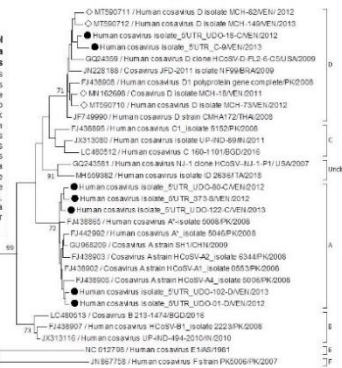


Figura 3. Tasa de detección de HCoSV en niños venezolanos, 2011-2013: heces de 199 niños con gastroenteritis aguda (GEA) y 195 niños controles de tres regiones de Venezuela, fueron analizadas por RT-PCR para detectar cosavirus humano.

El análisis filogenético de 7 aislados seleccionados aleatoriamente a partir de muestras positivas identificó cuatro cepas de HCoSV que se agrupaban junto con la especie A y dos junto con la especie D (Figura 4).

El porcentaje de similitud en la secuencia nucleotídica entre los cosavirus aislados de niños venezolanos osciló entre 79,3 y 97,1%, encontrando valores mayores a 95,7% cuando se asignaban a una misma especie, e inferiores a 83,7% cuando pertenecían a especies diferentes. Con respecto a las cepas de la especie D descritas con anterioridad en Venezuela, las dos muestras asignadas a la especie D de este estudio demostraron una similitud entre 92,8% y 95,2%, y con respecto a las D halladas en otros países entre 91,3% y 94,7%. Los cosavirus asignados a la especie A mostraron una similitud entre 93,3% y 97,1% con cepas de especie A descritas en otros continentes (Figura 4).

Figura 4. Árbol filogenético basado en el análisis de la región 5' UTR parcial del genoma de 7 aislados de HCoSV detectados en niños venezolanos, 2011-2013. Los genomas de los HCoSV venezolanos obtenidos de muestras aleatoriamente seleccionadas entre las tres regiones de Venezuela estudiadas, fueron marcadas con un punto (•) y comparados con genomas disponibles en GenBank descritos en otros países, y con otros descritos en el estudio previo realizado en Venezuela en pacientes adultos con VIH, indicados con un rombo (◊). Las especies de cosavirus A, F se marcan mediante líneas verticales. El árbol fue construido usando el método de la unión de vecindos y el método de dos parámetros de Kimura mediante la aplicación de MEGA 7 (10). Solo se muestran los valores de bootstrap superiores a 70%, estimados con 1000 pseudorreplicaciones. La barra de la escala indica el n.º de sustituciones de nucleótidos por sitio.



**CONCLUSIONES**

El estudio demuestra la moderada circulación de HCoSV en la población pediátrica venezolana. La tasa de detección global encontrada para HCoSV en los niños precedentes de tres diferentes áreas geográficas fue similar a la descrita en un estudio previo realizado en Caracas, en pacientes con VIH y diarrea<sup>9</sup>; dicha tasa fue ligeramente mayor a la descrita en niños en otros países de Asia, Europa y África<sup>4,11,12,13</sup>, pero inferior a la demostrada en comunidades brasileñas<sup>14</sup>. Los resultados indican que los cosavirus pueden estar presentes en la población pediátrica aun en ausencia de síntomas gastrointestinales, cuestionando su participación de la diarrea.

El análisis filogenético de algunos aislados de HCoSV demuestra que en Venezuela circulan dos especies, A y D, ésta última descrita anteriormente en adultos con VIH<sup>9</sup>. Estos aislados mostraron una elevada similitud genética con HCoSV descritos en otros continentes<sup>5,10,12</sup>, demostrando su carácter ubiquitario y diversidad genética.

Su presencia tanto en individuos con GEA como en niños que no muestran signos de diarrea, enfatiza la necesidad de continuar la vigilancia epidemiológica de estos virus para comprender su participación en afecciones humanas.

**REFERENCIAS**

- WHO (2021) <https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/diarrhoeal-disease>
- Wang Y, Wang X, Zhou Y, et al. (2019) *Human common stool associated picornavirus* (HCoSV) in South Asian children. *PLoS One* 14(12): e0213847. doi:10.1371/journal.pone.0213847
- Wang Y, Wang X, Zhou Y, et al. (2020) *Human common stool associated picornavirus* (HCoSV) in South Asian children. *PLoS One* 15(12): e0241847. doi:10.1371/journal.pone.0241847
- De Lencastre E, Wang X, Zhou Y, et al. (2021) *Human common stool associated picornavirus* (HCoSV) in South Asian children. *PLoS One* 16(12): e0251847. doi:10.1371/journal.pone.0251847
- Wang X, Zhou Y, Wang Y, et al. (2022) *Human common stool associated picornavirus* (HCoSV) in South Asian children. *PLoS One* 17(12): e0261847. doi:10.1371/journal.pone.0261847
- Wang X, Zhou Y, Wang Y, et al. (2023) *Human common stool associated picornavirus* (HCoSV) in South Asian children. *PLoS One* 18(12): e0281847. doi:10.1371/journal.pone.0281847
- Wang X, Zhou Y, Wang Y, et al. (2024) *Human common stool associated picornavirus* (HCoSV) in South Asian children. *PLoS One* 19(12): e0301847. doi:10.1371/journal.pone.0301847
- Wang X, Zhou Y, Wang Y, et al. (2025) *Human common stool associated picornavirus* (HCoSV) in South Asian children. *PLoS One* 20(12): e0321847. doi:10.1371/journal.pone.0321847
- Wang X, Zhou Y, Wang Y, et al. (2026) *Human common stool associated picornavirus* (HCoSV) in South Asian children. *PLoS One* 21(12): e0341847. doi:10.1371/journal.pone.0341847
- Wang X, Zhou Y, Wang Y, et al. (2027) *Human common stool associated picornavirus* (HCoSV) in South Asian children. *PLoS One* 22(12): e0361847. doi:10.1371/journal.pone.0361847
- Wang X, Zhou Y, Wang Y, et al. (2028) *Human common stool associated picornavirus* (HCoSV) in South Asian children. *PLoS One* 23(12): e0381847. doi:10.1371/journal.pone.0381847
- Wang X, Zhou Y, Wang Y, et al. (2029) *Human common stool associated picornavirus* (HCoSV) in South Asian children. *PLoS One* 24(12): e0401847. doi:10.1371/journal.pone.0401847
- Wang X, Zhou Y, Wang Y, et al. (2030) *Human common stool associated picornavirus* (HCoSV) in South Asian children. *PLoS One* 25(12): e0421847. doi:10.1371/journal.pone.0421847
- Wang X, Zhou Y, Wang Y, et al. (2031) *Human common stool associated picornavirus* (HCoSV) in South Asian children. *PLoS One* 26(12): e0441847. doi:10.1371/journal.pone.0441847
- Wang X, Zhou Y, Wang Y, et al. (2032) *Human common stool associated picornavirus* (HCoSV) in South Asian children. *PLoS One* 27(12): e0461847. doi:10.1371/journal.pone.0461847

La edad mediana de los niños estudiados con GEA fue significativamente inferior a la de los controles (11 vs 19, p<0,0001), así como hubo más niños menores de 5 años entre los casos de GEA que entre los controles (respectivamente 98,5% vs 91,8%, p=0,002).

Póster: virología

## EPIDEMIOLOGÍA DE AGUAS RESIDUALES APLICADA A LA VIGILANCIA DEL VIRUS SARS-CoV-2 EN CARACAS

Marjorie del Carmen Bastardo Méndez<sup>a</sup>, Héctor Rafael Rangel<sup>b</sup>, Flor Helene Pujol<sup>b</sup>, Nora Felipa Malaver<sup>a</sup>, María del Pino Rodríguez<sup>a</sup>, Alba Elisabet Fariás Maza<sup>a</sup>, Alejandra Carolina Zamora Figueroa<sup>a,b</sup>

<sup>a</sup>Laboratorio de Ecología de Microorganismos, Centro de Ecología Aplicada. Instituto de Zoología y Ecología Tropical, UCV.  
<sup>b</sup>Laboratorio de Virología Molecular, Centro de Microbiología y Biología Celular, IVIC.

**INTRODUCCIÓN**

La epidemiología basada en aguas residuales es una herramienta económica y útil que ofrece información sobre la propagación e incidencia de enfermedades. En el caso del SARS-CoV-2, el virus responsable de la COVID-19, utiliza la enzima convertidora de angiotensina-2 (ECA-2) como receptor celular, el cual se expresa abundantemente en el intestino delgado. Esto facilita la replicación del virus en el tracto gastrointestinal y su excreción en las heces de las personas infectadas, tanto sintomáticas como asintomáticas, haciendo posible la detección del ARN viral en aguas residuales. A través de la vigilancia ambiental, es posible comprender la dinámica de la enfermedad y su impacto en las comunidades.

**OBJETIVO**

Detectar la presencia del ARN de SARS-CoV-2 en muestras de aguas residuales del sistema de alcantarillado de la Ciudad de Caracas, con el fin de evaluar la prevalencia del virus en el tiempo.

**METODOLOGÍA**

Durante el período del 6 de septiembre de 2021 al 11 de julio de 2023, se recolectaron muestras directamente del sistema de alcantarillado en nueve (9) puntos de la ciudad de Caracas: San Bernardino, Caricuao, Catia, Propatria, Coche, Los Chaguaramos, Petare, Chacao, El Valle. En noviembre de 2022, el punto de muestreo de Propatria fue cambiado por uno ubicado en Chacaito. Se realizó un muestreo manual y sistemático de agua en envases de vidrio estériles, recogiendo alrededor de 1 litro por sitio. Las muestras se mantuvieron frías hasta llegar al laboratorio, donde fueron pasteurizadas a 60 °C por 60 minutos y concentradas mediante precipitación con polietilenglicol (PEG) de acuerdo al protocolo previamente descrito (Trujillo *et al.* 2021). Se extrajo el ARN viral con un kit comercial de IBI Scientific (IB47403) siguiendo las instrucciones del fabricante, y se cuantificó mediante RT-qPCR de los genes N1 y ORF1ab del genoma viral.



Figura 1. Porcentaje de muestras positivas para SARS-CoV-2.

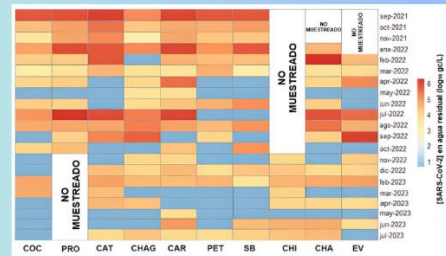


Figura 2. Heat map que muestra el cambio en la concentración de SARS-CoV-2 (expresada en log<sub>10</sub> gc/L) en las fechas de muestreo, en cada sitio muestreado. COC = Coche, PRO = Propatria, CAT = Catia, CHAG = Chaguaramos, CAR = Caricuao, PET = Petare, SB = San Bernardino, CHI = Chacaito, CHA = Chacao, EV = El Valle. Los colores más cálidos indican una mayor concentración viral, mientras que el azul representa muestras negativas.

**RESULTADOS**

Se recolectaron un total de 310 muestras de las cuales 217 resultaron positivas para al menos uno de los genes analizados, representando un índice de positividad del 70% (Figura 1). En la Figura 2 se puede observar el patrón espaciotemporal en la detección del SARS-CoV-2, donde Catia (CAT) y Caricuao (CAR) resaltan como focos calientes de infección, presentando las mayores concentraciones virales en las muestras captadas. Las muestras de San Bernardino (SB) y Petare (PET) tuvieron las menores concentraciones virales. Por otra parte, también se pudo notar la variación en la concentración viral determinada en las muestras a través del tiempo. Las mayores concentraciones fueron registradas en septiembre de 2021, con una tendencia a decrecer hasta el final de noviembre. En enero y febrero de 2022 hubo un aumento, que luego decreció hasta mayo de ese año. Este aumento y disminución en la concentración fue también reportado en otras fechas durante 2022 y 2023 (Figura 3).

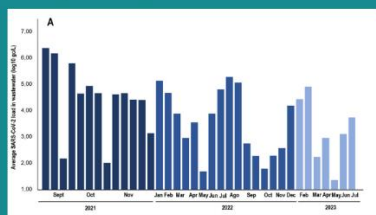


Figura 3. Concentración promedio de SARS-CoV-2 en aguas residuales durante las diferentes campañas de muestreo.

**CONCLUSIÓN**

La epidemiología de aguas residuales ha demostrado ser eficiente en la detección del SARS-CoV-2 en muestras de aguas residuales provenientes de distintos sectores de la Ciudad de Caracas. Particularmente en los sectores Catia y Caricuao la concentración viral fue mayor (focos calientes), siendo éstas dos zonas populares de alta densidad poblacional, alto volumen comercial. También, se pudo notar que la concentración viral presenta un patrón espacio-temporal.

**REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS**

- Trujillo M, Cheung K, Gao A, Hoxie J, Kannoly S, Kubota N, et al. Protocol for safe, affordable, and reproducible isolation and quantitation of SARS-CoV-2 RNA from wastewater. PLoS One. 2021 Sep 23;16(9):e0257454. doi: 10.1371/journal.pone.0257454.



**FINANCIAMIENTO**

Este proyecto fue financiado por el Fondo Nacional de Ciencia, Tecnología e Innovación (FONACIT), y administrado por la Corporación para el Desarrollo Científico Tecnológico, CODECYT S.A., entes adscritos al Ministerio del Poder Popular para Ciencia y Tecnología, Proyecto N° 20220PGP62, "Detección de SARS-CoV-2 en aguas servidas".

Póster: virología

**EVALUACIÓN MOLECULAR DE LA FRECUENCIA DEL VIRUS PAPILOMA HUMANO EN DISTINTAS REGIONES DE VENEZUELA Y SU IMPACTO EN LA PREVENCIÓN DEL CÁNCER DE CUELLO UTERINO**

María Cavazza (a,b) , María Correnti (c), Maira Avila (c) ,Dayahindara Veitía( b,c) ,Diana Ortiz (a,b) y Andreína Fernández (c ),Ey-Ling Plata (d )

**a** Instituto de Biomedicina Dr. Jacinto Convit.MPPS.-UCV. **b** Escuela José María Vargas.Facultad de Medicina.UCV.

**c** Instituto de Oncología y Hematología. MPPS.Caracas,Venezuela. **d** CFP-202200001-FONACIT



**INTRODUCCIÓN**

En 2013 la OMS identificó al cáncer cervical (CC) como una intervención prioritaria en su *Global Action Plan for the Prevention and Control*. Esta malignidad tiene como agente etiológico a la infección persistente por los denominados genotipos de alto riesgo del Virus Papiloma Humano (VPH-AR), especialmente los genotipos 16 y 18. El riesgo de contraer la infección generalmente predomina en mujeres jóvenes menores de 25 años de edad, alcanzando este grupo etario aproximadamente el 30% de las infectadas. Diversos estudios han colaborado en que existen también otros factores de riesgo asociados al desarrollo de la enfermedad como por ejemplo la edad en la que se produjo la primera relación sexual, el número de hijos, los antecedentes sexuales de la pareja, el número de compañeros sexuales, no utilizar preservativo, y la falta de recursos para no realizarse tamizajes .

A pesar de los conocimientos actuales de la relación entre la infección por VPH y el desarrollo de CC, en Venezuela no se dispone de datos estadísticos actualizados de tamizaje de VPH ni tampoco de alguna de las vacunas en el sistema público nacional de vacunación, por lo que este estudio tiene como objetivo contribuir con la data nacional, mediante del tamizaje de VPH a través de pruebas de biología molecular de alto rendimiento

**POBLACIÓN DE ESTUDIO Y METODOS**

**Población de estudio**

Se evaluaron de forma prospectiva a mujeres que asistieron a distintos centros de salud que tuviesen disponibilidad de consultorios ginecológicos

Las pacientes fueron invitadas a participar de forma voluntaria en el estudio, previamente se les suministró información sobre el diseño del estudio y se les invitó a firmar el consentimiento informado, el cual fue aprobado por el Comité de Bioética del Servicio Autónomo Instituto de Biomedicina Dr. Jacinto Convit (BIOE-0003-022010). Se incluyeron pacientes entre 18 y 60 años, que hubiesen comenzado actividad sexual, sin distinción de su orientación sexual, se excluyeron mujeres positivas para el Virus de Inmunodeficiencia Humana (VIH), con histerectomía previa, embarazadas, que hubiesen cumplido tratamiento vaginal o tenido relaciones sexuales en las 48 horas previas a la toma de la muestra.

Población: 723 mujeres con edad promedio de 32.5 años.

Gran capital (270); Yaracuy (133);Barinas (90); Sucre (47); La Guaira (119); Amazonas población Pto Ayacucho criolla (65); Amazonas población Pto Ayacucho indígena Jivi(22).

**Toma de la muestra**

Las pacientes fueron sometidas a un examen ginecológico, inicialmente se tomó la muestra exo-endocervical con hisopo de rayón estéril (Puritan Medical®); las muestras se almacenaron en un tubo estéril con 1 mL de solución fisiológica, para el diagnóstico molecular de VPH. Las muestras empleadas en el estudio citológico fueron tomadas empleando con una espátula de Ayre, las células exo-endocervicales fueron extendidas en una lámina de vidrio y fijadas al momento, las mismas fueron procesadas mediante la coloración de Papanicolaou y evaluadas en un mismo centro, según el sistema Bethesda del 2014 (8)

**Extracción del material genético**

El aislamiento del material genético se realizó empleando el estuche comercial Wizard Genomic DNA Purification Kit (Promega®), siguiendo las especificaciones de la casa comercial.

**Detección y tipificación VPH**

La detección del genoma viral se realizó empleando el estuche comercial Seeplex HPV4A ACE (Seegene, Corea), el cual está diseñado para la detección de VPH 16 y/o VPH 18, detección de 16 tipos de VPH HR (es decir, 26, 31, 33, 35, 39, 45, 51, 52, 53, 56, 58, 59, 66, 68, 73 y 82).

**RESULTADOS Y CONCLUSIONES**

La distribución de la frecuencia de VPH en las distintas regiones fue la siguiente: BARINAS-53.33%; YARACUY-27.78%;SUCRE-11.90%; GRAN CAPITAL-46%; LA GUAIRA-30%; AMAZONAS POBLACION CRIOLLA-27% y AMAZONAS POBLACION INDIGENA JIVI-59%. Existen variaciones en los genotipos de Alto Riesgo Oncogénico en las distintas regiones ( Tabla 1) . Las frecuencias de aparición de los genotipos 16 y 18 son distintas entre los estados estudiados.

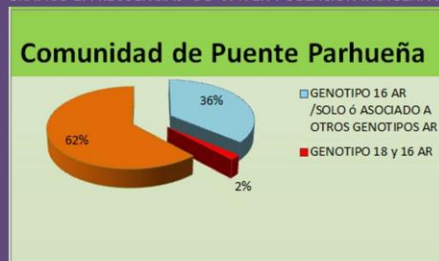
En el estado Barinas el VPH51 fue frecuente y en el estado Sucre fue el VPH59. En Amazonas se observó que en población criolla la mayor frecuencia fue el VPH 18 y el 58 a diferencia de la población indígena Jivi se presentaron los VPH 16 y 18.

**TABLA 1. FRECUENCIAS DE VPH EN DISTINTAS REGIONES DE VENEZUELA**

REGIONES	FRECUENCIA DE VPH	GENOTIPOS DE AR MAS FRECUENTES	LESIONES EPITELIALES MAYORMENTE ASOCIADAS	No de pacientes
AMAZONAS POBLACION PTO AYACUCHO CRIOLLA	27%	18,58,51,16	LIEBG	65
AMAZONAS POBLACION PTO AYACUCHO INDIGENA JIVI	59%	16, 18	LIEBG	22
BARINAS	53.33%	51,58,56	LIEBG	90
YARACUY	27.78%	16, 18	LIEBG	133
SUCRE	11.90%	59,33	LIEBG	47
GRAN CAPITAL	46%	16,51	LIEBG	247
LA GUAIRA	30%	16	LIEBG	119

Una de las observaciones mas importantes del estudio fue la detección del genotipo VPH16 en la población amazónica de Parhueña , asentamiento comunitario de la Etnia Jivi . En el grupo de mujeres que participaron se observó que el genotipo VPH 16 aparecía como único , con mayor frecuencia en relación a los demás genotipos de AR. Gráfico 1 . Esta población fue atendida ginecológicamente para sus tratamientos e indicaciones médicas preventivas aunque tuviesen Lesiones epiteliales de Bajo Grado

**GRÁFICO 1. FRECUENCIAS DE VPH EN POBLACIÓN INDIGENA JIVI**



**FINANCIAMIENTO Y DECLARACIÓN DE CONFLICTO DE INTERES**

Se declara que ninguno de los miembros del grupo de investigación tiene conflictos de intereses con las instituciones ni casas comerciales.

Este proyecto fue financiado por el proyecto CFP No.202200001.FONACIT. Ministerio del Poder Popular para la Ciencia y la Tecnología. Venezuela



Póster: virología



## NIVELES DE ESTRADIOL Y COMPLICACIONES DE LA INFECCIÓN POR SARS-CoV-2 EN MUJERES ADULTAS. CIUDAD BOLÍVAR ESTADO-BOLÍVAR. NOVIEMBRE, 2020 – AGOSTO, 2021

**Cruz González<sup>1,2</sup>, Paolys Jaspe<sup>1,2</sup>, Iván Amaya<sup>1,2</sup>**

<sup>1</sup>Departamento de Parasitología y Microbiología, Escuela de Ciencias de la Salud, UDO-Bolívar.  
<sup>2</sup>Laboratorio 42 Centro Especializado de Investigación Clínica. Ciudad Bolívar, estado Bolívar, Venezuela.  
iamaya@udo.edu.ve



### Introducción

Los estrógenos son hormonas feminizantes esteroideas con naturaleza no polar. Existen tres tipos de estrógenos: estradiol, estrona y estriol. El estradiol es un potente antiinflamatorio y con efectos de inmunomodulación tanto en humanos como en animales.

### Objetivo

Relacionar los niveles de Estradiol sérico y las complicaciones clínicas de la infección por SARS-CoV-2 en mujeres adultas, Ciudad Bolívar-Estado Bolívar. Noviembre, 2020 – Agosto, 2021.

### Metodología

Estudio de tipo descriptivo, correlacional y transversal. La muestra estuvo conformada por 78 pacientes femeninas con diagnóstico de COVID-19 hospitalizadas en el área de aislamiento COVID-19 y que cumplieron los criterios de inclusión. Los niveles de estradiol medidos, se clasificaron normal y/o bajos en función a la correlación con los datos del momento del ciclo menstrual en el que se encontraban las pacientes.

### Resultados

De los 78 pacientes, el mayor porcentaje 32,05% estaba conformado por mujeres entre 40 a 49 años. En los valores de estradiol de las pacientes estudiadas se evidenció que 60,26 % presentaron niveles de <150 pg/ml de esta hormona. Las pacientes que superaban los 50 años de edad tenían bajos valores de estradiol.

El 23,08% presentaron complicaciones, siendo la insuficiencia respiratoria severa (IRS) la más frecuente y de acuerdo a la evolución clínica, el 88,89% egresaron vivos y 11,11% fallecieron.

### Conclusiones

Los niveles de estradiol estuvieron predominantemente elevados en todas las pacientes jóvenes y en la mayoría que no presentaron complicaciones por la COVID-19, destacando su efecto protector potencial contra la infección y permitiendo reducir la severidad y mortalidad causada por este virus.

**VALORES DE ESTRADIOL SEGÚN PRESENCIA DE COMPLICACIONES EN PACIENTES FEMENINAS ESTUDIADAS AL INGRESO A LA UNIDAD COVID-19 COMPLEJO HOSPITALARIO UNIVERSITARIO "RUIZ Y PAEZ", NOVIEMBRE, 2020 – AGOSTO, 2021**

Niveles Estradiol	COMPLICACIONES				TOTAL (N=78)		P
	SI (N=18)		NO (N=60)		nº	%	
	nº	%	nº	%	nº	%	
Bajos	14	77,78	7	11,67	21	26,92	<0,05
Normales	4	22,22	53	88,33	43	55,13	
<b>TOTAL</b>	<b>18</b>	<b>28,13</b>	<b>60</b>	<b>93,75</b>	<b>64</b>	<b>100,00</b>	

**VALORES DE ESTRADIOL SEGÚN TIPO DE COMPLICACIONES EN PACIENTES FEMENINAS COMPLICADAS ESTUDIADAS AL INGRESO A LA UNIDAD COVID-19 COMPLEJO HOSPITALARIO UNIVERSITARIO "RUIZ Y PAEZ", NOVIEMBRE, 2020 – AGOSTO, 2021**

Niveles Estradiol	COMPLICACIONES (N=18)								P
	INSUFICIENCIA RESPIRATORIA SEVERA		SEPTICEMIA		CARDIOPATIA		NEUROPATIA		
	nº	%	nº	%	nº	%	nº	%	
Bajos	7	87,50	3	100,00	4	80,00	2	100,00	<0,05
Normales	1	14,29	0	0,00	1	20,00	0	0,00	
<b>TOTAL</b>	<b>8</b>	<b>7,14</b>	<b>3</b>	<b>2,68</b>	<b>5</b>	<b>4,46</b>	<b>2</b>	<b>1,79</b>	

**VALORES DE ESTRADIOL SEGÚN EVOLUCIÓN EN PACIENTES FEMENINAS COMPLICADAS ESTUDIADAS AL INGRESO A LA UNIDAD COVID-19 COMPLEJO HOSPITALARIO UNIVERSITARIO "RUIZ Y PAEZ", NOVIEMBRE, 2020 – AGOSTO, 2021**


Niveles Estradiol	EVOLUCIÓN CLÍNICA (N=18)				TOTAL (N=18)		P
	EGRESADO VIVO (N=16)		FALLECIDO (N=2)		nº	%	
	nº	%	nº	%	nº	%	
Bajos	12	66,67	2	11,11	14	77,78	S
Normales	4	22,22	0	0,00	4	22,22	
<b>TOTAL</b>	<b>16</b>	<b>88,89</b>	<b>2</b>	<b>11,11</b>	<b>18</b>	<b>100,00</b>	






LABORATORIO 42  
Haciendo Medicina de laboratorio

Póster: virología



## VIGILANCIA AMBIENTAL DE SARS-CoV-2 COMO SISTEMA DE ALERTA TEMPRANA A BROTES DE COVID-19 EN CARACAS



Alejandra Carolina Zamora Figueroa<sup>a,b</sup>, Marjorie del Carmen Bastardo Méndez<sup>a</sup>, Héctor Rafael Rangel<sup>b</sup>, Flor Helene Pujol<sup>b</sup>, Nora Felipa Malaver<sup>a</sup>, María del Pino Rodríguez<sup>a</sup>, Alba Elisabet Farias Maza<sup>a</sup>

<sup>a</sup>Laboratorio de Ecología de Microorganismos, Centro de Ecología Aplicada. Instituto de Zoología y Ecología Tropical, UCV.  
<sup>b</sup>Laboratorio de Virología Molecular, Centro de Microbiología y Biología Celular, MIC.

### INTRODUCCIÓN

La vigilancia ambiental es un enfoque sistemático para el seguimiento y análisis de aguas residuales y muestras ambientales para detectar la presencia de patógenos o sustancias químicas indicadoras de salud pública. Este método implica el análisis de muestras ambientales de fuentes comunitarias en un área geográfica determinada seguido de la detección en laboratorio de marcadores moleculares. Durante la pandemia, esta metodología se utilizó para detectar el ARN del SARS-CoV-2 en aguas residuales de diferentes países. En Venezuela, comenzó a aplicarse en septiembre de 2021 como parte del proyecto "Detección de SARS-CoV-2 en aguas residuales", liderado por el Laboratorio de Ecología de Microorganismos del IZET-UCV.

### OBJETIVO

Detectar el ARN viral en las muestras de aguas residuales de la Ciudad de Caracas y establecer una correlación con los casos de COVID-19 reportados por las autoridades de salud pública.

### METODOLOGÍA

**Muestreo**

**Análisis**

1 L Agua residual directo del sistema de alcantarillado

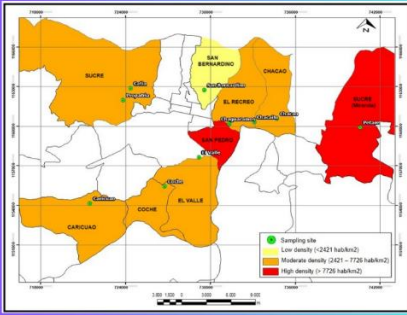
Pasteurización 60 min a 70 °C

Precipitación viral con PEG/NaCl (Trujillo et al. 2021)

Extracción de ARN viral Kit comercial (IBI Scientific)

Cuantificación de genes N1 y ORF1ab a través de RT-qPCR

Correlaciones con casos diarios de COVID-19 en las diferentes localidades muestreadas (2021 - 2022)



**Figura 1.** Sitios de muestreo en diferentes distintos sectores de Caracas y Miranda (Venezuela). La leyenda indica la densidad poblacional del área de estudio.

### RESULTADOS

Se obtuvo correlación significativa hasta con 6 días de anticipación ( $p = 0,81$ ;  $p = 0,0012$ ), indicando que se puede predecir un brote de la enfermedad casi una semana antes de que ocurra.

Al correlacionar la carga viral con los casos activos de COVID-19, la tendencia de los casos de COVID-19, ya sea decreciente o creciente, es similar a la concentración de SARS-CoV-2 detectada en las muestras de aguas residuales.

Se detectó ARN de SARS-CoV-2 en las aguas residuales cuando los casos de COVID-19 eran bajos o no fueron reportados. La vigilancia ambiental proporciona información de la circulación del virus incluyendo casos asintomáticos o levemente sintomáticos

### CONCLUSIÓN

Se confirmó la correlación entre los casos notificados de COVID-19 y la concentración de SARS-CoV-2 en las aguas residuales, probando la hipótesis de que la concentración del virus en las aguas residuales refleja el número de individuos infectados en la comunidad. Esta correlación fue mayor entre 6 y 4 días después del muestreo, sugiriendo que el virus puede detectarse en las aguas residuales antes de la notificación de casos. La vigilancia ambiental puede fortalecer y complementar al sistema de salud pública al identificar la presencia de patógenos y servir de alerta temprana a brotes de infección.

### REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

• Trujillo M, Cheung K, Gao A, Howie I, Kannoly S, Kubota N, et al. Protocol for safe, affordable, and reproducible isolation and quantitation of SARS-CoV-2 RNA from wastewater. PLoS One. 2021 Sep 23;16(9):e0257454. doi: 10.1371/journal.pone.0257454.

### FINANCIAMIENTO

Este proyecto fue financiado por el Fondo Nacional de Ciencia, Tecnología e Innovación (FONACIT), administrado por la Corporación para el Desarrollo Científico, Tecnológico, CODECYT S.A., antes adscritos al Ministerio del Poder Popular para Ciencia y Tecnología, Proyecto N° 20220PGP62, "Detección de SARS-CoV-2 en aguas servidas".



Previous days	p (rho)	p
6 d	0.81	0.0012
5 d	0.78	0.0026
4 d	0.83	0.006
3 d	0.68	0.0129
2 d	0.68	0.0139

**Figura 2.** Diagramas de dispersión para 6, 5, 4, 3 y 2 días posteriores al muestreo. Evaluar la correlación entre la carga viral en el agua y el número promedio de casos notificados de COVID-19 en todos los sectores muestreados.



**Figura 3.** Casos promedio de COVID-19 y carga de SARS-CoV-2 en aguas residuales durante el estudio. La correlación entre los dos parámetros fue positiva ( $p$  (rho) = 0,573;  $p$  = 0,0215). Los reportes oficiales de casos de COVID-19 estuvieron disponibles hasta abril de 2022

