

#63

Diversidad molecular de Coxsackievirus A6 en epidemias de la enfermedad manos-pies-boca en Paysandú (2019-2024)

Andrés Lizasoain¹; Carla De Mora¹; Nataly Rodríguez²; Catalina Canziani³; Sergio Venturino³; Mercedes Reyes³; Claudia Venturino⁴; Adriana Mata⁴; Silvia Gibara⁴; Greisy Arregín⁴; Inés Núñez⁵; Natalia Martínez^{4,6}; Rodney Colina¹

¹Laboratorio de Virología. Departamento de Ciencias Biológicas. Centro Universitario Regional Litoral Norte. Universidad de la República

²Dirección Departamental de Salud de Paysandú. Ministerio de Salud Pública

³Clínica Pediátrica A. Departamento de Pediatría y Neonatología. Hospital Escuela del Litoral, Paysandú. Facultad de Medicina. Universidad de la República. Administración de Servicios de Salud del Estado

⁴Corporación Médica de Paysandú (COMPEA) IAMPP

⁵Servicio Integral de Emergencia y Traslado (SIET), Paysandú

⁶Unidad Coronaria y de Emergencia Móvil (UCEM), Paysandú

Contacto: andres.lizasoain.cuelho@gmail.com

La enfermedad de manos-pies-boca, HFMD por sus siglas en inglés (Hand-Foot-and-Mouth Disease), es una infección exantemática frecuente en la infancia, causada por enterovirus de la especie A, clásicamente Enterovirus A71 y Coxsackievirus A16. Se transmite por vía fecal-oral, oral-oral, y por contacto con gotas respiratorias, favoreciendo brotes en centros educativos y de cuidado infantil. Aunque suele ser autolimitada, en raros casos puede complicarse por afectación neurológica o cardiopulmonar. En los últimos quince años, Coxsackievirus A6 emergió como agente principal de HFMD, desplazando a los virus clásicos y asociándose a presentaciones atípicas. En Uruguay se han registrado epidemias recurrentes de la enfermedad, pero faltaban descripciones genéticas de los virus implicados. Este estudio analizó enterovirus vinculados a brotes de HFMD ocurridos en Paysandú entre 2019 y 2024. Se recolectaron unas 200 muestras (hisopados faríngeos, de lesiones y materia fecal) de niños menores de 5 años con diagnóstico clínico realizado en COMPEA, Hospital Escuela del Litoral (ASSE) y en servicios privados de emergencia móvil. La caracterización de los enterovirus se realizó mediante RT-PCR, secuenciación y análisis filogenético de una región codificante de la proteína de cápside VP1. Coxsackievirus A6 fue identificado como el virus predominante, asociado a la circulación de cepas del clado global mayoritario (D3), dentro del cual se detectaron diversos subclados. Algunas cepas estuvieron estrechamente relacionadas con cepas reportadas en Argentina y Brasil, sugiriendo intercambios virales regionales. Además, se identificó similitud entre cepas de este estudio y cepas previamente detectadas en muestras ambientales por nuestro grupo en el litoral noroeste del país. Coxsackievirus A6 se confirmó como el principal agente de HFMD en Paysandú durante 2019-2024, responsable tanto de casos comunitarios como de brotes en instituciones. Su caracterización genética revela una circulación dinámica y vinculada al contexto regional, lo que refuerza la importancia de la vigilancia virológica en la primera infancia.

Este estudio cuenta con aprobación del Comité de Ética para la Investigación Institucional del Centro Universitario Regional Litoral Norte, Universidad de la República (EXP. 311170-001310-19). Financiamiento: Proyecto María Viñas FMV_3_2022_1_172634. Agencia Nacional de Investigación e Innovación.

Key-words: HFMD; Coxsackievirus; Epidemias; Pediatría; Infancia