

# Vigilancia integral de SARS-CoV-2 en la ciudad de Mar del Plata



TÍTULO

AUTORES

Andrea Lerman<sup>1</sup>, Carlos Cimmino<sup>1</sup>, Andrea Silva<sup>1</sup>, Gabriela Von Haften<sup>2</sup>, Ana Paula Comino<sup>2</sup>, Luciana Cigoy<sup>2</sup>, Marcelo Scagliola<sup>2</sup>, Verónica Poncet<sup>1</sup>, Gonzalo Caló<sup>3</sup>, Martín Justo Ricci<sup>1</sup>, Laura Sanchez<sup>1</sup>, Cristian Ballejo<sup>1</sup>, PAIS<sup>4</sup>, Malbrán-ANLIS<sup>5</sup>, Irene Pagano<sup>1</sup>, Osvaldo Uez<sup>1</sup>, Corina Berón<sup>3</sup>

1. ANLIS-Instituto Nacional de Epidemiología Instituto Nacional de Epidemiología "Dr. Juan H. Jara", Mar del Plata, Provincia de Buenos Aires, Argentina.
2. Obras Sanitarias Sociedad de Estado (OSSE), Mar del Plata, Provincia de Buenos Aires, Argentina.
3. Instituto de Investigaciones en Biodiversidad y Biotecnología (INBIOTEC) – CONICET, Mar del Plata, Provincia de Buenos Aires, Argentina.
4. Proyecto Argentino Interinstitucional de genómica de SARS-CoV-2, Ministerio de Ciencia, Tecnología e Innovación.
5. Plataforma de Genómica Instituto Nacional de Enfermedades Infecciosas, Administración Nacional de Laboratorios e Institutos de Salud "Dr. Carlos G. Malbrán".

## Introducción

La eliminación de SARS-CoV-2 en las excreciones humanas permite rastrear el patógeno en las comunidades conectadas a un sistema municipal de aguas residuales. Muchos centros urbanos, como es el caso de Mar del Plata, son atendidos solo por una empresa de tratamiento centralizadora, proporcionando una única señal integrada de hasta millones de personas en solo unas pocas muestras, pudiendo ser un poderoso indicador de la incidencia viral en cualquier momento.

## Objetivos

Monitorear la presencia del virus SARS-CoV-2 en aguas residuales desde el inicio de la pandemia en abril 2020, hasta septiembre de 2021, y comparar los resultados obtenidos con el número de casos registrados en SISA, así como la dinámica de propagación en el período estudiado.



SAV  
Sociedad Argentina de Virología

ID

270

MAIL CONTACTO

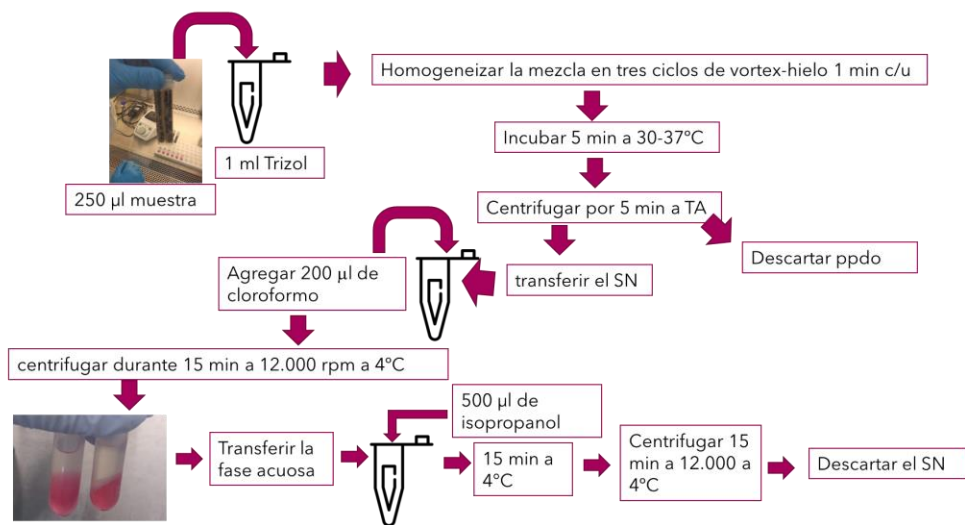
lermanandreas@gmail.com, carlosjcimm@gmail.com



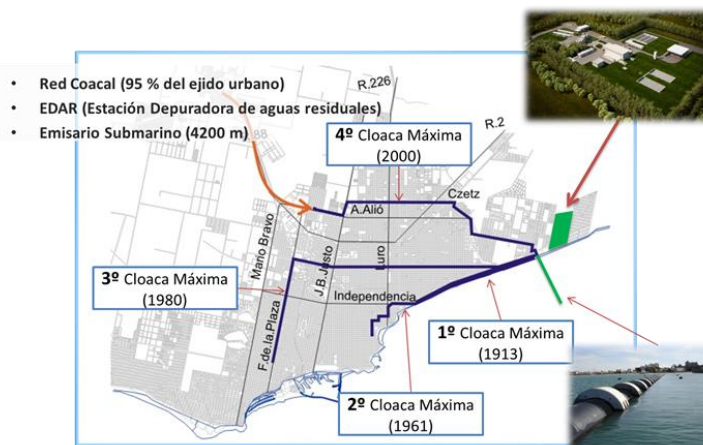
## Materiales y Métodos

A partir de abril del 2020 se colecta una muestra semanal de agua residual, se concentra y se extrae el RNA viral por medio del kit comercial. Se realiza la amplificación del RNA viral por PCR en tiempo real utilizando el Kit de RT-PCR DIAPLEXQ (SolGent Co, Ltd.).

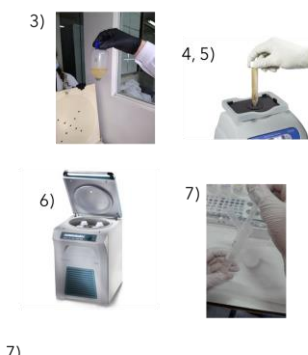
### 3- Purificación Trizol-Cloroformo-Isopropanol



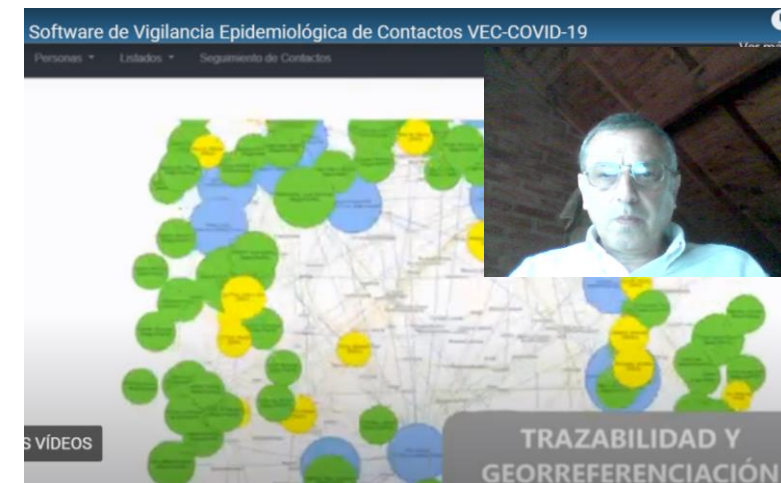
### Infraestructura de Saneamiento Obras Sanitarias Mar del Plata S.E. (OSSE)



1) Toma y 2) Concentración de Muestras (en laboratorio de OSSE desde marzo a la fecha)



Remitir laboratorios del INE

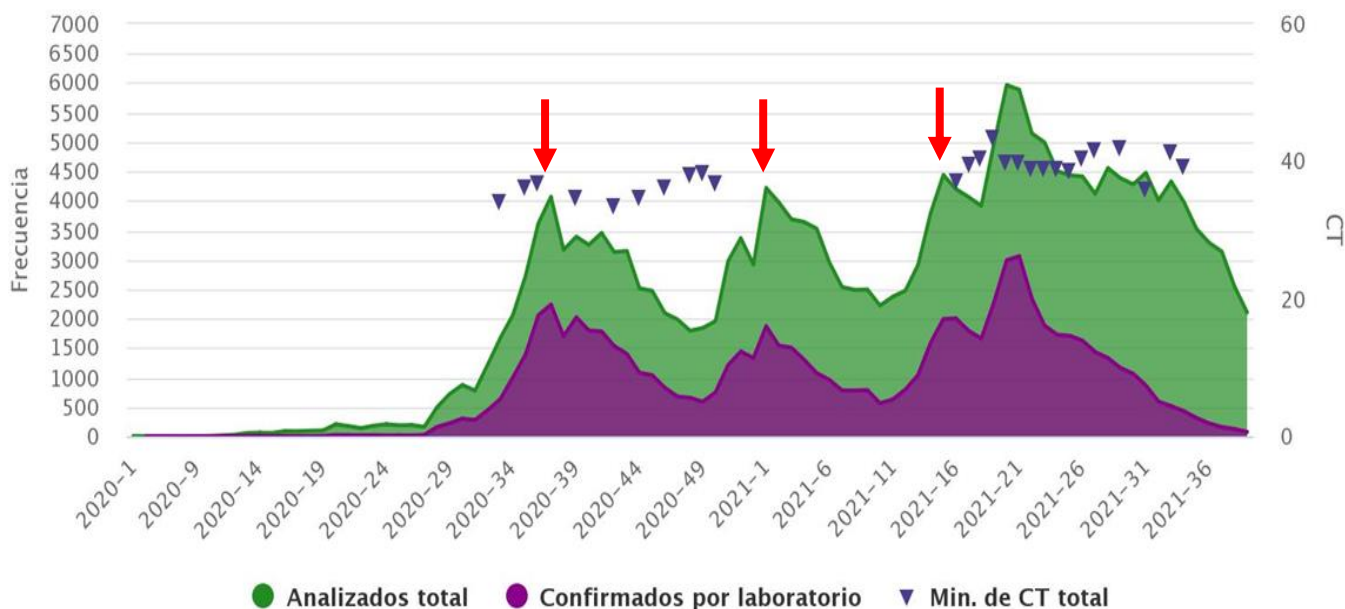




## RESULTADOS

## Variación de CT en el Efluente desde inicio de la PANDEMIA

General Pueyrredon



Los sistemas de detección de SARS-CoV-2 en muestras de HNF permitieron la detección del virus en las muestras de efluentes urbanos.

En la SE 33 del 2020, se detecta la presencia del virus en el efluente por primera vez, al tiempo que se confirmaban 631 casos por diagnóstico de laboratorio, a partir de 1668 casos SOSPECHOSOS de COVID-19. El Ct de la muestra de agua residual arrojó un valor de 34, equivalente a unas 4500 copias virales por mililitro de efluente.

A finales del 2020 y principio del 2021, se generaron picos de casos confirmados por laboratorio en las SE 52 2020 y 14 2021 que no fueron detectados en el efluente. En la SE 16 del 2021 se detecta nuevamente presencia viral en el agua residual anticipando el pico de casos de HNF confirmados por RT-PCR en la SE 21 del 2021.

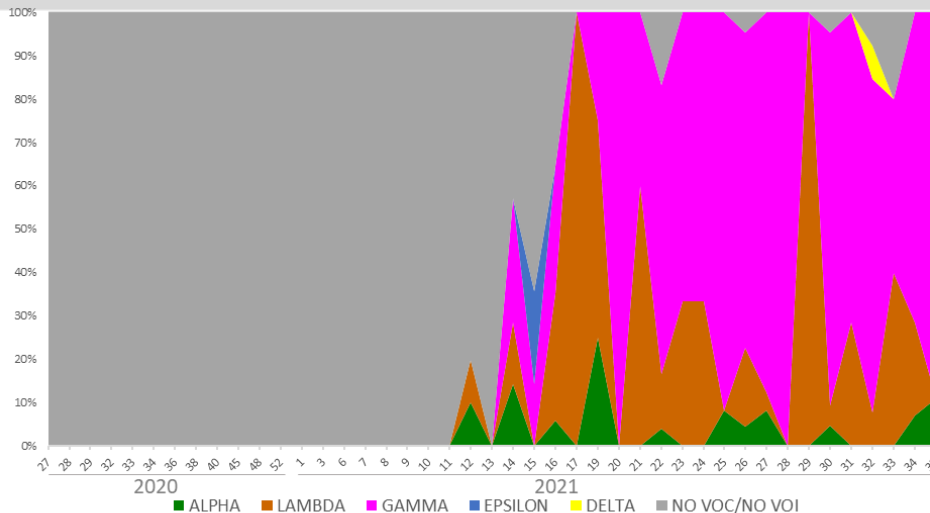




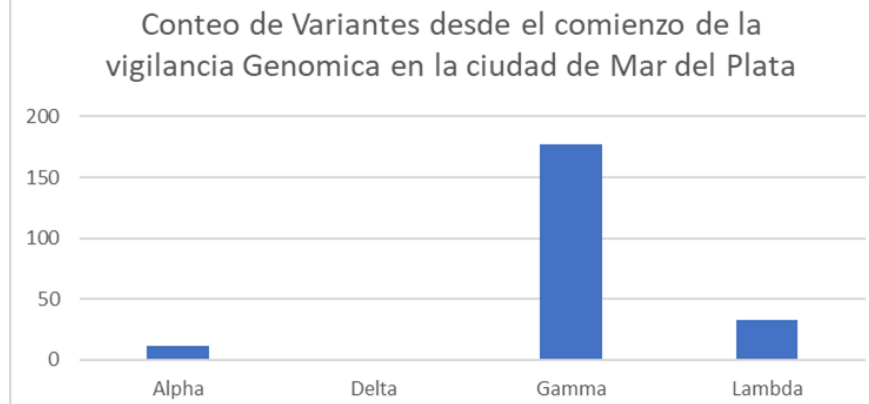


Andrea Lerman<sup>1</sup>, Carlos Cimmino<sup>1</sup>, Andrea Silva<sup>1</sup>, Gabriela Von Haften<sup>2</sup>, Ana Paula Comino<sup>2</sup>, Luciana Cigoy<sup>2</sup>, Marcelo Scagliola<sup>2</sup>, Verónica Poncet<sup>1</sup>, Gonzalo Caló<sup>3</sup>, Martín Justo Ricci<sup>1</sup>, Laura Sanchez<sup>1</sup>, Cristian Ballejo<sup>1</sup>, PAIS<sup>4</sup>, Malbrán-ANLIS<sup>5</sup>, Irene Pagano<sup>1</sup>, Osvaldo Uez<sup>1</sup>, Corina Berón<sup>3</sup>

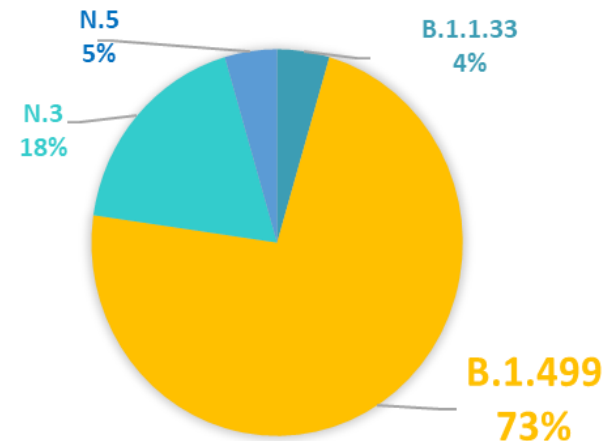
Casos de Covid 19 confirmados



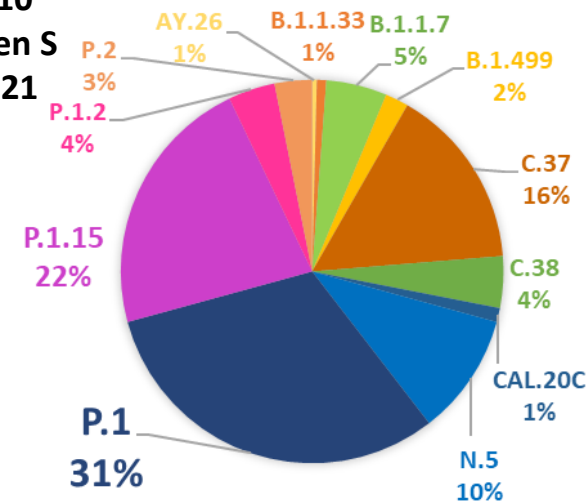
Frecuencia de variantes de SARS-CoV-2 y secuencias con o sin mutaciones de interés por semana epidemiológica 2020-2021



27 genomas analizados en 2020



147 genomas +110 secuencias del gen S analizados en 2021



Uez et. al



SAV Sociedad Argentina de Virología



## Conclusiones

El muestreo y el **sistema de concentración** aplicado resultó apropiado para la detección de la presencia del genoma de SARS-CoV-2.

En nuestro trabajo de vigilancia pudimos sentir el aumento de la carga viral a lo largo del aumento de casos de CoViD-19 en la ciudad.

En agosto del 2020 pudimos detectar **anticipadamente** presencia viral correspondiente al primer pico de casos en la ciudad, esto se repitió en abril del 2021.

**La sensibilidad en la detección del genoma viral fue cambiando a lo largo del tiempo, influenciado por el tipo de residuos volcados al sistema, dependiente tanto de la actividad humana como de la industrial.**

**En la situación epidemiológica actual de la ciudad, el genoma viral en el efluente se detecta por encima de los 2000 casos confirmados de HNF.**

La distribución mayoritaria de casos de pacientes con CoViD-19 confirmados están en dos áreas bien definidas, implicaría que el muestreo del efluente en esas zonas permitiría tener una resolución mejor de la presencia de SARS-CoV2 en el efluente, evitando la mezcla de residuos industriales.

A lo largo del período analizado la proporción de variantes identificadas en los HNF fue cambiando.

