

**INFORME PRELIMINAR**

**Setmana 51 (18-24 de desembre de 2017) - Temporada 2017-2018**

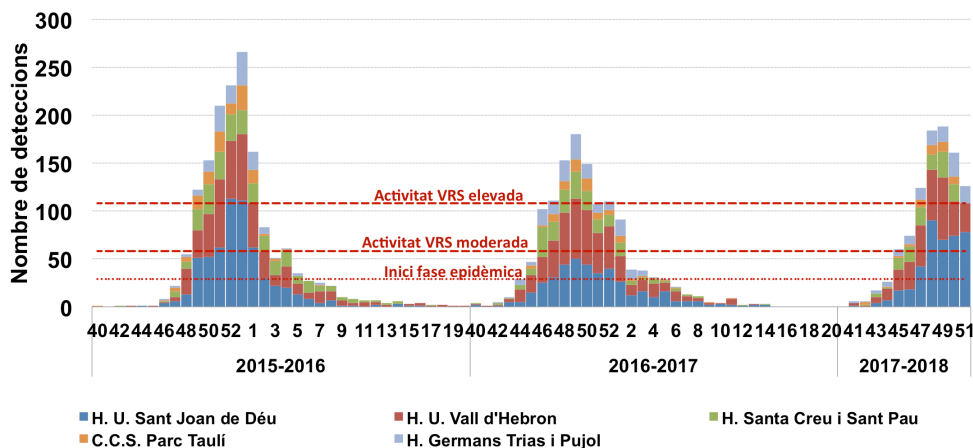
**Vigilància Hospitalària del Virus Respiratori Sincicial (VRS) a l'Àrea Metropolitana de Barcelona**

A partir de la temporada 2015-2016 s'inicià aquest projecte pilot de Xarxa de Vigilància Hospitalària del Virus Respiratori Sincicial (VRS) a l'Àrea Metropolitana de Barcelona. Durant aquesta temporada 2017-2018 actualment participen cinc hospitals pediàtrics de l'Àrea Metropolitana de Barcelona, l'Hospital Universitari Vall d'Hebron (**HUVH**) i l'Hospital de la Santa Creu i Sant Pau (**HSCSP**) de Barcelona, l'Hospital Universitari Sant Joan de Déu (**HSJD**) d'Esplugues de Llobregat, l'Hospital Universitari Germans Trias i Pujol (**HUGTiP**) de Badalona, i el Consorci Corporació Sanitària Parc Taulí (**Taulí**) de Sabadell.

Els principals objectius són disposar d'una informació setmanal actualitzada dels nivells de detecció del VRS en els pacients atesos en els nostres centres, complementària a la proporcionada pel pla d'informació de les infeccions respiratòries agudes a Catalunya (**PIDIRAC**) de l'Agència de Salut Pública de Catalunya; proporcionar de forma abreujada la informació clínico-epidemiològica relativa als casos detectats; i, descriure les característiques virològiques dels virus caracteritzats. Aquest sistema d'informació es mantindrà en actiu fins a la setmana 20 de 2018.

Durant la **setmana 51/2017** de les 277 mostres estudiades **s'han confirmat 126 casos de VRS (taxa positivitat: 45,5%)** en tres dels cinc hospitals participants (Figura 1), **lleugerament inferior al nombre de deteccions en la setmana anterior (135)** per aquests mateixos centres. En pròxims informes s'actualitzarà aquesta informació.

**Figura 1:** Nombre de deteccions de VRS des de la setmana 40/2015 fins a la 51/2017.



Segons el nombre de deteccions setmanals en temporades anteriors s'han considerat tres llindars d'activitat (inici de fase epidèmica: 29; moderada, 58; i, elevada, 108) com a indicadors de l'evolució de la corba epidèmica. **Durant la setmana 51/2017, el nombre setmanal de deteccions SUPERA el llindar d'activitat elevada, encara que amb una tendència a anar disminuint.**

En la següent taula es resumeixen les dades corresponents al total de casos detectats des de la setmana 40/2017 de la temporada 2017-2018:

<b>Nombre total de casos detectats</b>	<b>972</b>
<b>Hospitalitzats / No hospitalitzats</b>	<b>774 (80%) / 198 (20%)</b>
<b>Pacients hospitalitzats</b>	
<b>Gènere</b>	Homes: 437 (56%) Dones: 337 (44%)
<b>Edat Mitjana ± SD (anys)</b>	1.0 ± 1.6 anys
<b>Per rangs d'edat:</b>	
0 – 6 m	414 (53%)
6 mesos – 1 any	128 (17%)
1 any – 2 anys	136 (18%)
2 anys – 4 anys	79 (10%)
5 anys – 14 anys	17 (2%)
<b>Per hospitalització:</b>	
Observació / Hospitalització	658 (85%)
UCI Pediàtrica	116 (15%)


### Classificació i caracterització molecular

Segons la caracterització molecular dels 300 virus detectats en l'HUVH durant la present temporada, **65 (22%)** van ser **VRS-A**, **202 (67%) VRS-B**, **5 (2%) VRS-A/B en codetecció**, **4 (1%) no s'han pogut tipar**, i **24 (8%) estan pendents de resultat**. En base a l'anàlisi filogenètic de 59 seqüències parcials de la proteïna G viral tots els virus VRS-A (29) i VRS-B (30) caracteritzats van ser genotips **ON-1** i **BA9**, respectivament.

Durant la temporada 2016-2017 en l'HUVH dels 691 virus detectats, 272 (39%) van ser **VRS-A**, 356 (52%) **VRS-B**, 1 (<1%) en codetecció VRS-A/B, i 62 (9%) com a no tipables. Durant les anteriors temporades 2013-2014 i 2014-2015 es va observar una co-circulació de VRS-A i B, amb un clar predomini del VRS-B <sup>[1, 2]</sup>, mentre que en la temporada 2015-2016 hi va haver un canvi de tendència, amb una major detecció de VRS-A.

En base a l'anàlisi filogenètic de 152 seqüències parcials de la proteïna G viral tots els virus VRS-A (74) i VRS-B (78) caracteritzats durant la temporada 2016-2017 van ser genotips **ON-1** i **BA9**, respectivament. Aquests genotips (ON-1 y BA9) ja van circular durant les darreres temporades d'una forma predominant <sup>[1, 2]</sup>.

### Persones de contacte:

**Dr. Andrés Antón Pagarolas** ([aaanton@vhebron.net](mailto:aaanton@vhebron.net)) (  [@aaanton76](https://twitter.com/aaanton76) )  
Unitat de Virus Respiratoris, Servei de Microbiologia, HUVH

**Dra. Carmen Muñoz Almagro** ([cma@hsjdbcn.org](mailto:cma@hsjdbcn.org))  
Departament de Microbiologia Molecular, Servei de Microbiologia, HSJD

**Dra. Núria Rabella Garcia** ([nrabella@santpau.cat](mailto:nrabella@santpau.cat))  
Secció Virologia, Servei de Microbiologia, HSCSP

**Dra. Isabel Sanfeliu Sala** ([ISanfeliu@tauli.cat](mailto:ISanfeliu@tauli.cat))  
Servei de Microbiologia, Taulí

**Dra. Cristina Prat Aymerich** ([cprat.germanstrias@gencat.cat](mailto:cprat.germanstrias@gencat.cat))  
Servei de Microbiologia, HUGTiP

#### Referències:

1. Gimferrer et al. J Clin Virol 2015; 66:27-32. PMID: [25866332](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/25866332/)
2. Gimferrer et al. Clin Microbiol Infect 2016; 22(1):97.e5-8. PMID: [26408279](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/26408279/)