

2025-05-27

2025-004

Vigilancia genómica de Virus Respiratorio Sincitial, 2024

(27 de mayo del 2025) Todos los años el país sufre un impacto significativo, tanto económico como al sistema de salud, debido a la cantidad de casos de enfermedad provocada por el Virus Respiratorio Sincitial Humano (HRSV). Como se observa en la figura 1, el incremento en la cantidad de casos se manifiesta de forma estacional a partir de los meses de junio y julio, y particularmente el 2024 se impone como uno de los años con mayor cantidad de casos en la población costarricense, con 1739 casos detectados a nivel nacional de acuerdo con los datos del Subárea de Vigilancia Epidemiológica de la Caja Costarricense del Seguro Social (CCSS). HRSV representa la causa más común de hospitalización respiratoria en los infantes (principalmente en menores de 5 años), y en adultos mayores en estado delicado causa deterioro de la salud respiratoria con alta mortalidad (Coultas, Smyth, & Openshaw, 2019). Inclusive, el impacto de HRSV sobre los casos de IRAG es comparable a los causados por influenza y COVID-19 (figura 2).

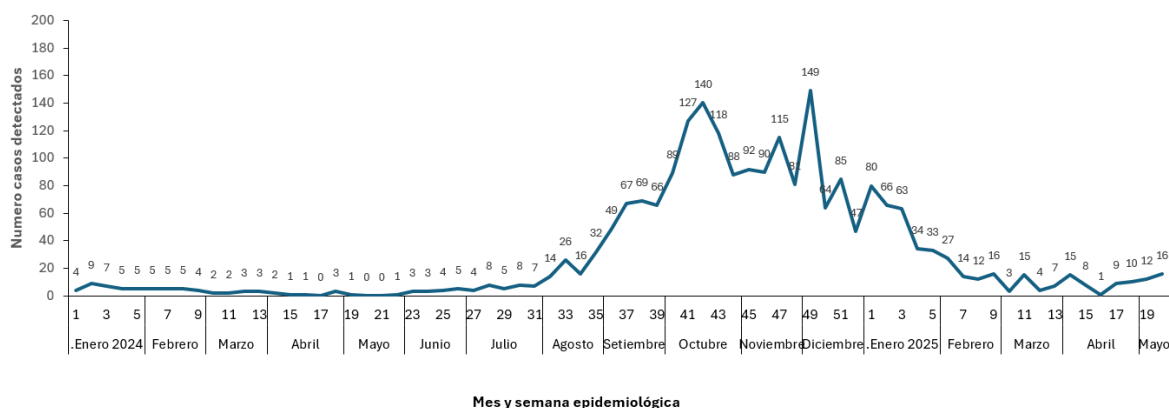


Figura 1. Curva epidémica de casos detectados de HRSV, 2024 a SE20 de 2025. Costa Rica.
Fuente: Subárea de Vigilancia Epidemiológica de la Caja Costarricense de Seguro Social (CCSS)

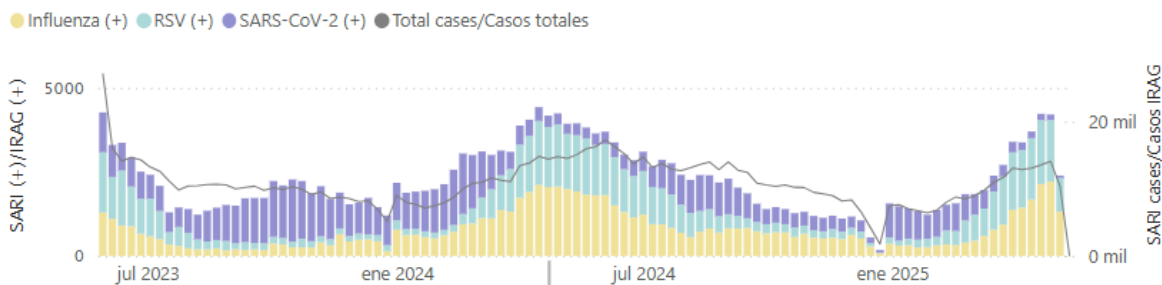


Figura 2. Nuevos casos de IRAG por agente etiológico según semana epidemiológica y año, 2023 a 2025. Región de las Américas.
Fuente: OPS, Reporte semanal de Virus Respiratorios (OPS, 2025)

En el 2023 la Administración de Alimentos y Medicamentos de los Estados Unidos de América (FDA por sus siglas en inglés) aprobó una vacuna contra HRSV en mayores de 60 años, en niños hasta 6 meses de edad y en mujeres embarazadas entre 32 y 36 semanas de gestación. Cuando la nueva vacuna se incorpore en los esquemas nacionales, además de reducir los fallecimientos por esta enfermedad, se espera que introduzca presión evolutiva adicional, lo que ocasionaría el surgimiento periódico de mutaciones en respuesta a ella.

Por esta razón el Centro Nacional de Referencia de Virología (CNRV) junto con el Laboratorio de Genómica del Inciensa implementó la vigilancia genómica de este virus, con el fin de tipificarlo y monitorear el impacto en el país de los cambios genéticos que surjan, así como analizar sus implicaciones en la efectividad de la vacuna.

Para el año 2024 el CNRV procesó 144 muestras positivas por HRSV, procedentes de laboratorios de diagnóstico de la CCSS que respondieron al llamado hecho por Inciensa para envío de esas muestras con el propósito de implementar la vigilancia genómica de este evento en el país.

De las muestras positivas, 43 (30 %) resultaron ser HRSV subtipo A (HSRV-A) y 105 del subtipo B (HSRV-B, 73 %) de acuerdo con resultados obtenidos por RT-PCR tiempo real, las que, como lo muestra la figura 3, han sido enviadas en su mayoría por establecimientos de la CCSS que pertenecen a la región Central Sur. Tal y como lo muestra la figura 4, la mayoría de las muestras procesadas correspondieron a las SE42 y SE43, y principalmente de niños menores de 2 años (figura 5). Sin embargo, a diferencia de lo que se observa en el país, con un predominio claro del subtipo B de HRSV, la figura 6 muestra que la distribución de los subtipos A y B de HRSV se ha mantenido relativamente equitativa en el mundo durante el 2024, de acuerdo con las secuencias disponibles a nivel global para ese periodo en Nextstrain (Nextstrain, RSV phylogeny, 2025), a pesar de que en América del Sur sí predominó sustancialmente el subtipo B durante ese año (72 %).

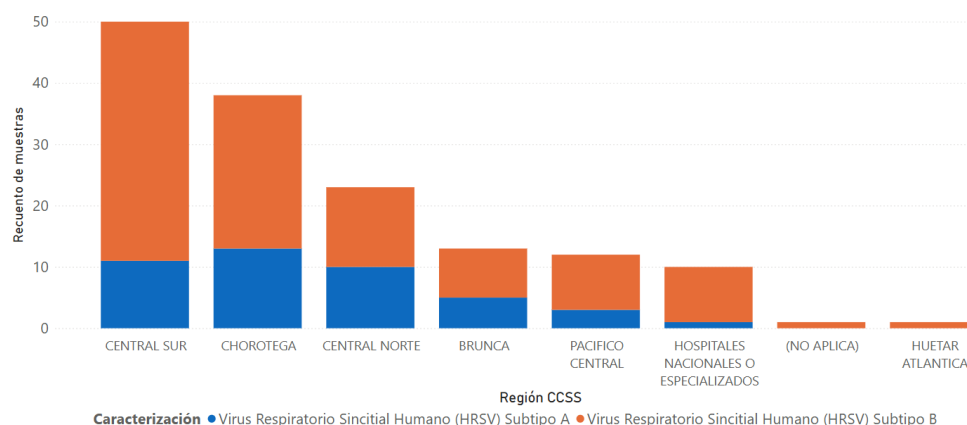


Figura 3. Distribución de subtipos de HRSV según región de la CCSS, Costa Rica, 2024.
Fuente: Inciensa SILAB-web

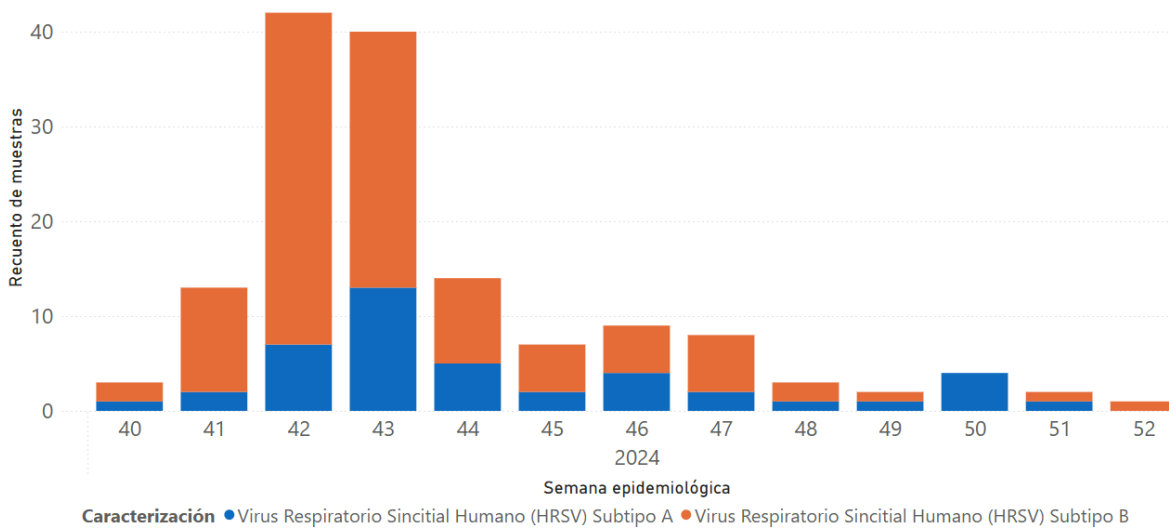


Figura 4. Distribución de subtipos de HRSV según semana epidemiológica, Costa Rica, 2024.
Fuente: Inciensa SILAB-web

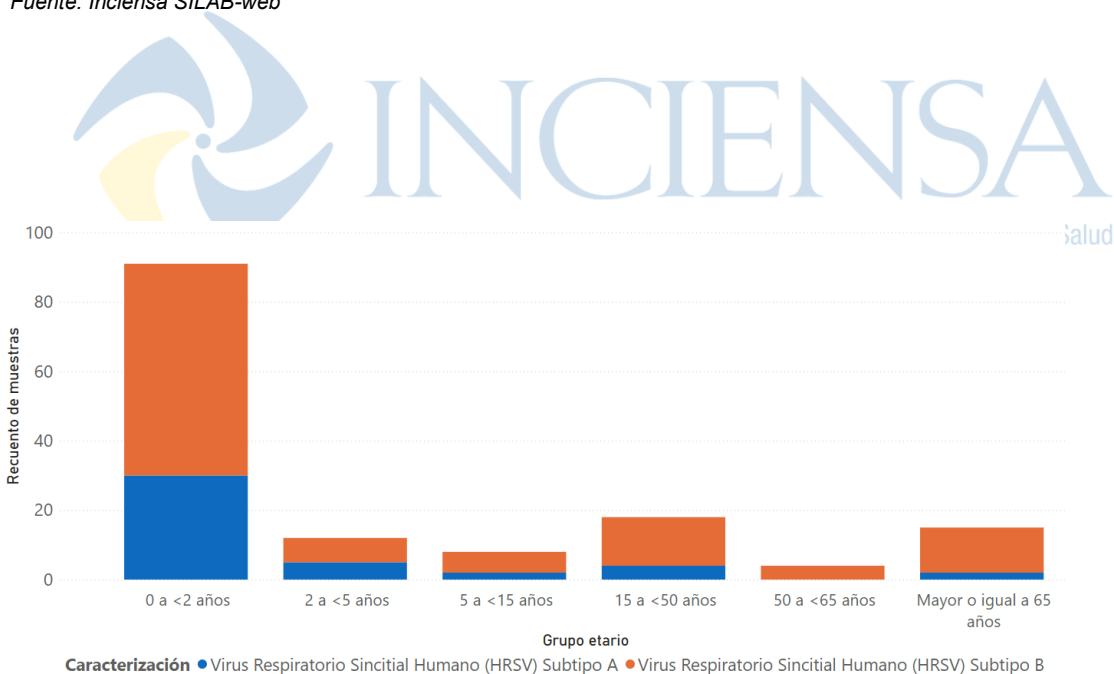


Figura 5. Distribución de subtipos de HRSV según grupo etario, Costa Rica, 2024.
Fuente: Inciensa SILAB-web

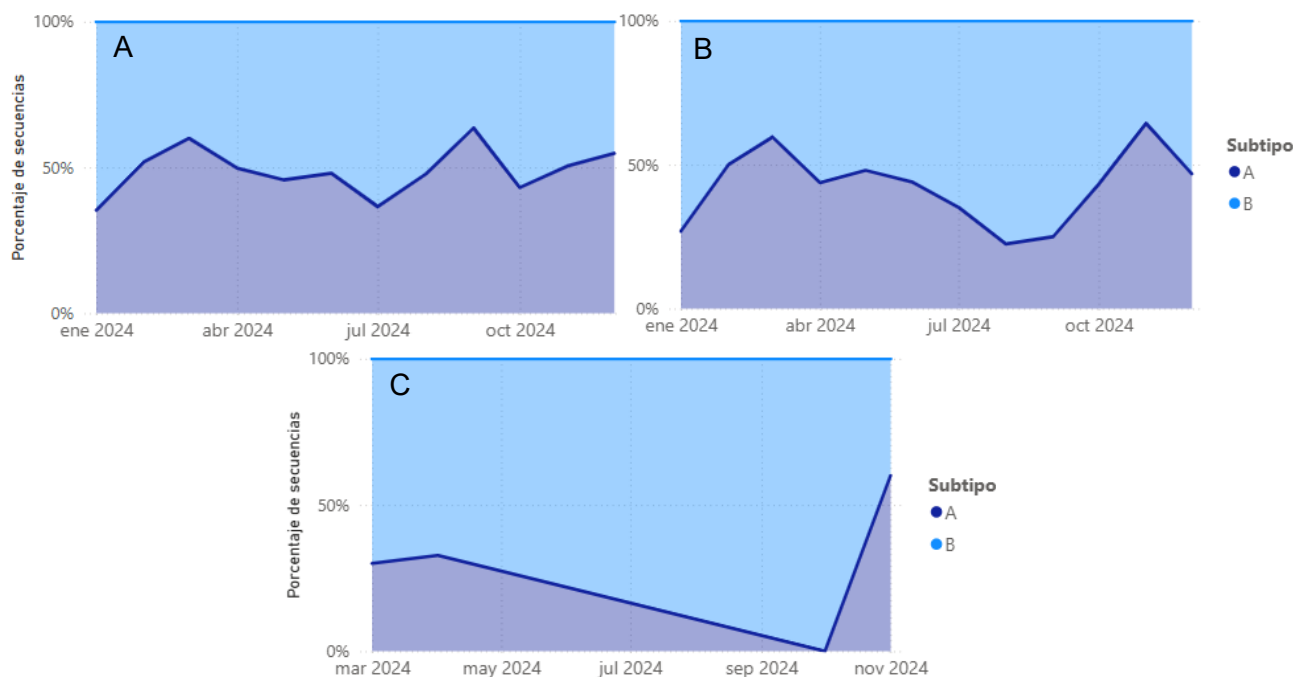


Figura 6. Frecuencia relativa de los subtipos de HRSV de acuerdo con los datos disponibles para todos los países (A), para América del Norte (B) y para América del Sur (C), 2024.
Fuente: Nextstrain, elaboración propia

Más allá de la RT-PCR, que logra identificar hasta un nivel de subtipos de VRS, la secuenciación genómica permite la identificación de clados, es decir, grupos de virus con una estructura genética similar. Durante el 2024 se obtuvieron secuencias que permitieron caracterizar el HRSV involucrado en 36 de las muestras recibidas para implementación de la vigilancia genómica de este virus. Al llevar a cabo la tipificación (Nextstrain, Nextclade, 2025) a partir de las secuencias genómicas obtenidas, se obtuvo tanto clados de HRSV subtipo A como del subtipo B, aunque predominaron los clados del subtipo B (78 %) en correspondencia con la distribución obtenida por RT-PCR para los dos subtipos. Los clados detectados para ambos subtipos de HRSV se muestran distribuidos por semana epidemiológica en la en la figura 7, con un predominio general del clado B.D.E.1.1 seguido de B.D.E.1, mientras que en la figura 8 se aprecia la distribución por grupo etario. Únicamente estas 36 muestras fueron secuenciadas debido a que fueron las que técnicamente se adaptaron mejor al proceso de secuenciación de nueva generación implementado en el Inciensa. A nivel global predominó en 2024 el clado B.D.E.1., representando un 43 % de los clados identificados para el subtipo B de HRSV, seguido de B.D.4.1.1 con un 33 %, según datos de Nextrain (Nextstrain, RSV phylogeny, 2025).

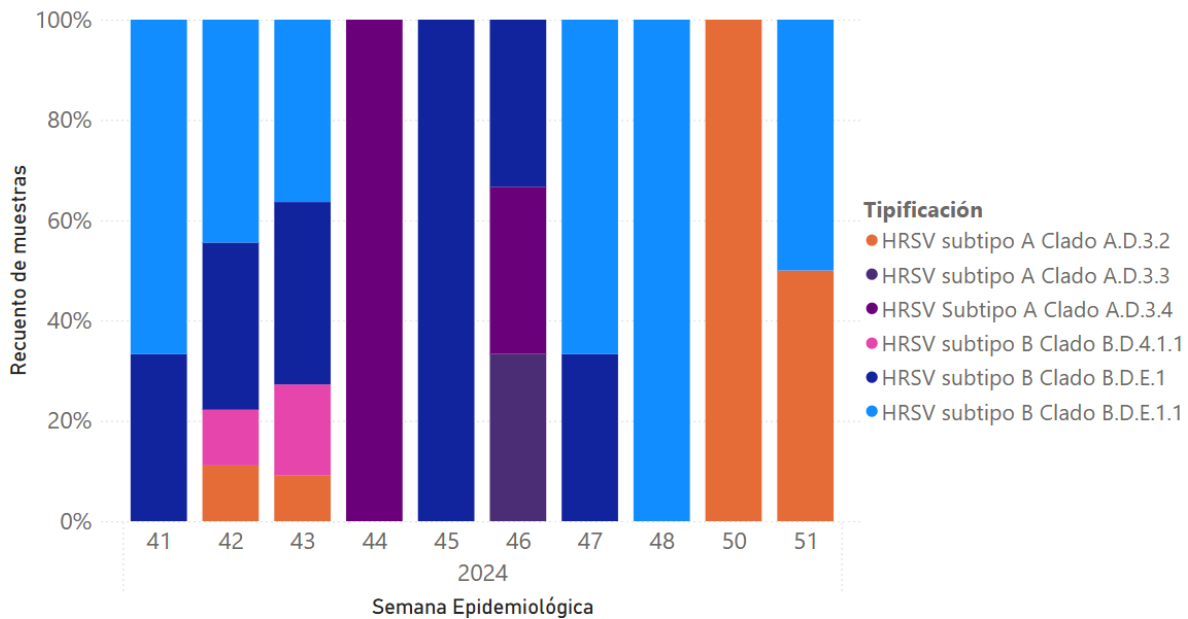


Figura 7. Distribución de los clados identificados de HRSV de acuerdo con la semana epidemiológica. Costa Rica. 2024.
Fuente: Inciensa SILAB-web

Según la provincia a la que pertenece el paciente, los clados identificados se distribuyen en Cartago (13), Alajuela (9), Puntarenas (8), Guanacaste (4), Heredia (1) y San José (1).

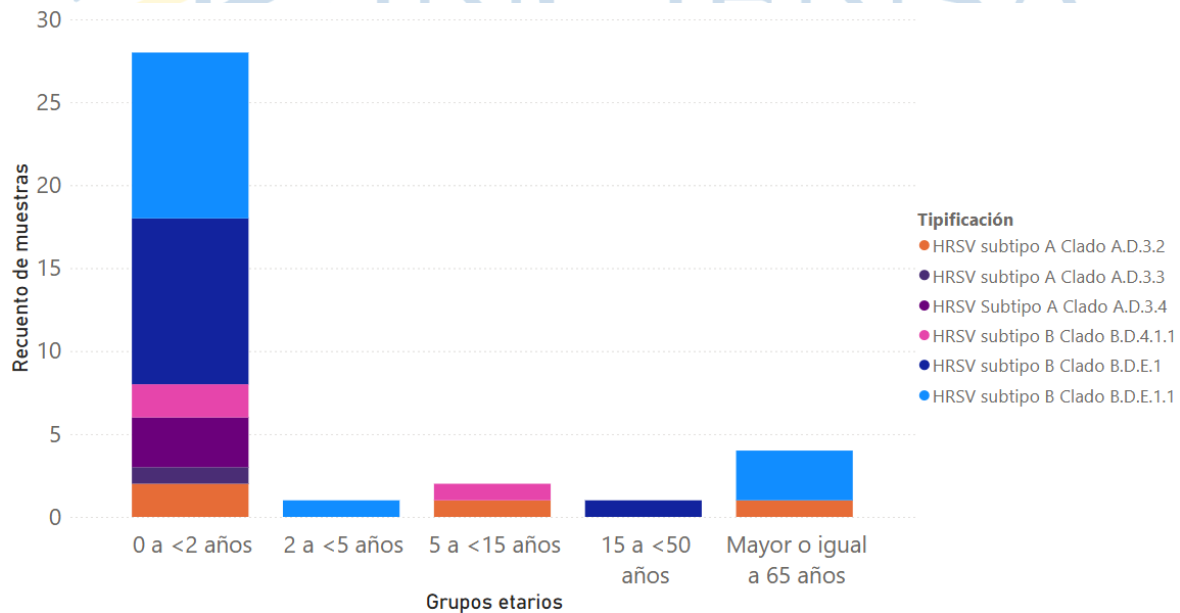


Figura 8. Distribución de los clados identificados de HRSV de acuerdo con el grupo etario al que pertenece el paciente. Costa Rica. 2024.
Fuente: Inciensa SILAB-web

La figura 9 permite ilustrar que los datos obtenidos en Costa Rica para HSRV-A se distancian de los obtenidos a nivel regional, puesto que para 2024, el clado de A predominante en América del Norte fue A.D.5.2 con 27 %, seguido de A.D.1 con 18 % y mucho más abajo A.D.3.4 con solamente 0.8 %, mientras que en América del Sur el clado predominante fue A.D.1 con 52 %. Sin embargo, estos hallazgos deben de interpretarse a la luz de la limitada cantidad de secuencias generadas hasta ahora. En cuanto a HRSV-B pareciera que sí hay más similitud con lo encontrado en Costa Rica puesto que para América del Norte el clado de HSRV-B que se detectó con mayor prevalencia fue B.D.E.1 (78 %), mientras que en América del Sur B.D.E.1 aparece en el tercer puesto de prevalencia para 2024 (16 %), antecedido por B.D.E.1.1 (31 %) y B.D.4.1.1 (51 %).

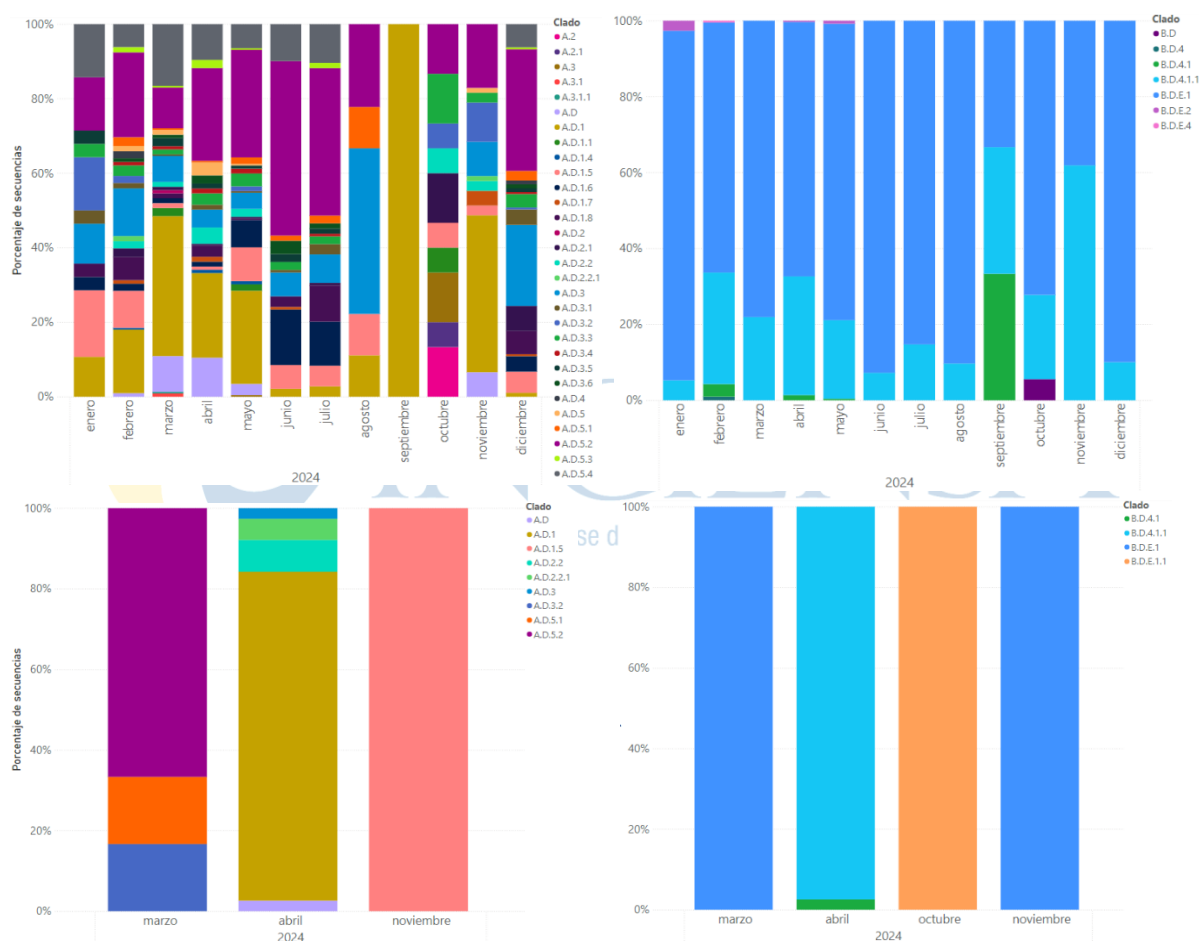


Figura 9. Frecuencia relativa de clados detectados para HRSV-A (izquierda) y HRSV-B (derecha) en América del Norte (arriba) y América del Sur (abajo), 2024.
Fuente: Nextstrain, elaboración propia.

La vigilancia genómica de HSRV permitirá profundizar en la caracterización de este virus, determinar su relación con lo que sucede en otros países y con la severidad de los casos observados en el país, además de identificar oportunamente los cambios evolutivos que

	Comunicado Institucional UGIC-PL17	
	Versión 2	Página 7 de 7

pudieran tener algún impacto sobre las medidas de prevención y control, tales como la vacuna.

Agradecemos el envío de muestras por parte de la red nacional de laboratorios públicos y privados, así como el apoyo de la Organización Panamericana de la Salud, de la Red Regional de Vigilancia Genómica de Virus Respiratorios (RESVIGEN) y del Centro Colaborador de la Organización Mundial de la Salud en Melbourne, Australia.

Para mayor información: <https://www.inciensa.sa.cr> / Dr. Hebleen Brenes, Microbiólogo, Responsable de Laboratorio de Virus Respiratorios del Centro Nacional de Referencia de Virología - 2279-9911 ext. 561 - hbrenes@inciensa.sa.cr / Dr. Francisco Duarte Martínez – Responsable del Laboratorio de Genómica y Biología Molecular - 2279-9911 ext. 202 / 611 – fduarte@inciensa.sa.cr / Dr. Jorge Sequeira Soto, Coordinador del Centro Nacional de Referencia de Virología - 2279-9911 ext. 561 – jsequeira@inciensa.sa.cr

Referencias

Coultas, J. A., Smyth, R., & Openshaw, P. J. (2019). Respiratory syncytial virus (RSV): a scourge from infancy to old age. *Thorax*(74), 986-993. doi:10.1136/thoraxjnl-2018-212212

GISAID. (2025). *GISAID*. Retrieved from <https://gisaid.org/>

Nextstrain. (2025). *Nextclade*. Retrieved from <https://clades.nextstrain.org/>

Nextstrain. (2025). *RSV phylogeny*. Retrieved from <https://nextstrain.org/rsv/a/genome/6y>

OPS. (2025). *Situación de Influenza, SARS CoV-2, VRS y otros virus respiratorios - Región de las Américas*. Retrieved from <https://www.paho.org/es/informe-situacion-influenza>