

# Norovirus en heces de pacientes con SARS-CoV-2, importancia clínica y social

## *Norovirus in stool of patients with SARS-CoV-2, clinical and social importance*

Carlos E. Cabrera-Pivaral

Departamento de Salud Pública, Centro Universitario de Ciencias de la Salud, Universidad de Guadalajara; Dirección Médica ME Piel, Centro Dermatológico. Guadalajara, Jalisco, México

Señor editor:

La diarrea es uno de los síntomas iniciales que se presentan en la infección por SARS-CoV-2 (en particular en los casos por los subtipos ómicron), tiene un curso clínico leve y puede durar de 1 a 3 días<sup>1</sup>. Sin embargo, existen otros virus que pueden ser causa de diarrea en los pacientes pediátricos, como es el caso del norovirus, que se caracteriza por una diarrea autolimitada acompañada de náuseas, vómitos y dolor abdominal, muy similar a la COVID-19<sup>2</sup>. Considerando que la infección por SARS-CoV-2 causa una desregulación del sistema inmunitario, esto da cabida a oportunistas de sumarse al proceso infeccioso, y los norovirus podrían ser uno de ellos, sobre todo en los pacientes pediátricos. En este sentido se estudiaron heces de 123 pacientes pediátricos de entre 2 meses y 5 años de edad con infección por ómicron linajes BA.1, BA.2, BA.4 y BA.5, de ancestría mestiza del occidente de México. Se extrajo RNA de las heces para realizar una prueba de reacción en cadena de la polimerasa con transcriptasa reversa en tiempo real (RT-PCR) para detectar norovirus con los iniciadores JV12Y-ATACCACTATGATGCAGAYTA, y JV13I-TCAT-CATCACCATAGAAIGAG para amplificar el gen de la RNA-polimerasa del norovirus y posterior secuenciación automatizada. Se encontraron positivos para los genotipos del grupo GI.1-8 (Norwalk/68/US, Toronto 24/91/CA, VABeach/01/US) y GI.1-17 (M7/03/US, Fayetteville/02/US) en el 70.73% de los casos (Tabla 1). Se comparó la distribución genotípica con la obtenida de controles que corresponde a muestras de heces de los familiares de los pacientes pediátricos

(n = 123), con RT-PCR negativa para COVID-19. En los controles fueron positivos los diferentes genotipos de norovirus en el 16.26% (n = 20). Tanto en los casos como en los controles que resultaron positivos para norovirus no se detectaron genotipos diferentes en la muestra de la misma persona. Esta distribución indica una asociación positiva, con  $X^2 = 30.3$ ,  $p < 0.0000001$ , razón de momios de 1.6, intervalo de confianza de 1.3-1.8, fracción etiológica en la población del 15.9% y fracción etiológica en los expuestos del 38.5%. Hubo transmisión intrafamiliar en el 16.26% de los casos (Tabla 1), con una concordancia en los casos con ómicron BA.2 del 33.3% para el agente Norwalk/68/US y del 100% para el genotipo Toronto 24/91/CA. En los casos BA.4, la concordancia con los familiares fue del 100%. En los casos BA.5, la concordancia familiar fue del 100% para el genotipo Fayetteville/02/US, del 50% para M7/03/US, del 75% para Toronto 24/91/CA y del 60% para VABeach/01/US.

Los datos anteriores sugieren que la infección por SARS-CoV-2 aumenta el riesgo de diarrea por norovirus en pacientes pediátricos. Independientemente del genotipo, lo cual es muy importante, desde el punto de vista clínico y social, ya que una de las primeras causas de consulta médica en los pacientes pediátricos es la diarrea asociada con gastroenteritis, su transmisión es fecal-oral, por agua o por alimentos contaminados, y debe considerarse para el manejo de los pacientes pediátricos que tienen COVID-19 ya que están inmunosuprimidos, así como en los casos infección persistente y también en pacientes oncológicos y adultos inmunosuprimidos<sup>2</sup>.

### Correspondencia:

Carlos E. Cabrera-Pivaral

E-mail: carlos.pivaral@academicos.udg.mx.

0009-7411/© 2022 Academia Mexicana de Cirugía. Publicado por Permayer. Este es un artículo *open access* bajo la licencia CC BY-NC-ND (<http://creativecommons.org/licenses/by-nc-nd/4.0/>).

Fecha de recepción: 13-08-2022

Fecha de aceptación: 28-09-2022

DOI: 10.24875/CIRU.22000406

Cir Cir. 2023;91(6):860-861

Contents available at PubMed

[www.cirurgiaycirujanos.com](http://www.cirurgiaycirujanos.com)

**Tabla 1. Distribución de norovirus en pacientes pediátricos con ancestría mestiza e infección por SARS-CoV-2 ómicron**

Subtipo de SARS-CoV-2 ómicron	Genotipo de norovirus	Número de sujetos positivos	Concordancia de genotipos con familiares
BA.1	Norwalk/68/US	0	0
	Toronto 24/91/CA	3	0
	VABeach/01/US	8	0
	M7/03/US	9	0
	Fayetteville/02/US	11	0
BA.2	Norwalk/68/US	6	2
	Toronto 24/91/CA	1	1
	VABeach/01/US	1	0
	M7/03/US	1	0
	Fayetteville/02/US	6	0
BA.4	Norwalk/68/US	1	0
	Toronto 24/91/CA	2	0
	VABeach/01/US	1	0
	M7/03/US	1	0
	Fayetteville/02/US	5	5
BA.5	Norwalk/68/US	13	0
	Toronto 24/91/CA	4	3
	VABeach/01/US	10	6
	M7/03/US	2	1
	Fayetteville/02/US	2	2
<i>Familiares de los pacientes con SARS-CoV-2 ómicron</i>	Norwalk/68/US	2	
	Toronto 24/91/CA	5	
	VABeach/01/US	6	
	M7/03/US	1	
	Fayetteville/02/US	6	

## Agradecimientos

A CB-Xpert Laboratorio de Patología Clínica, Miahuatlán de Porfirio Díaz, Oaxaca, por su apoyo en la realización del trabajo.

## Financiación

Fundación Mexicana de Enfermedades Genéticas y Medicina Genómica A. C.

## Conflicto de intereses

El autor declara no tener ningún conflicto de intereses.

## Responsabilidades éticas

**Protección de personas y animales.** Los autores declaran que los procedimientos seguidos se

conformaron a las normas éticas del comité de experimentación humana responsable y de acuerdo con la Asociación Médica Mundial y la Declaración de Helsinki.

**Confidencialidad de los datos.** Los autores declaran que han seguido los protocolos de su centro de trabajo sobre la publicación de datos de pacientes.

**Derecho a la privacidad y consentimiento informado.** Los autores han obtenido la aprobación del Comité de Ética para el análisis y publicación de datos clínicos obtenidos de forma rutinaria. El consentimiento informado de los pacientes no fue requerido por tratarse de un estudio observacional retrospectivo.

## Bibliografía

1. Cedro TA, Gómez RL, de Anda-Jauregui G, Garnica LD, Alfaro MY, Sánchez XS, et al. Early genomic, epidemiological, and clinical description of the SARS-CoV-2 omicron variant in Mexico City. *Viruses*. 2022;14:545.
2. Fernández JM, Gómez JB. Norovirus infections. *Enferm Infecc Microbiol Clin*. 2010;28(Supl 1):51-5.