

## Investigadoras del ISCIII proponen un nuevo método para la vigilancia del sarampión en países que han eliminado la enfermedad

12/06/2023



*En la imagen de la izquierda: Ana María Gavilán, Juan Emilio Echevarría, Aurora Fernández-García y Camille Jacqueline, científicos del Centro Nacional de Microbiología del ISCIII. A la derecha, Noemí López-Perea y Josefa Masa, investigadoras del Centro Nacional de Epidemiología.*

Un equipo del Instituto de Salud Carlos III (ISCIII) ha publicado un estudio cuyos resultados sugieren una alternativa complementaria para el método actual de vigilancia del sarampión en países en los que, como España, esta enfermedad se considera eliminada. Este nuevo método analiza una región diferente del genoma del virus del sarampión que mejora la identificación del origen de los casos, de las cadenas de transmisión en los brotes y de los eventos de importación. La integración de la vigilancia epidemiológica y molecular del sarampión es clave en los países que estén en fase de post eliminación, como España.

El trabajo, [que se publica en la revista \*Frontiers in Microbiology\*](#), está liderado por investigadoras del [Centro Nacional de Microbiología](#) y del [Centro Nacional de Epidemiología](#) del ISCIII. Entre las firmantes están **Camille Jacqueline (programa EUPHEM,**

**ECDC), Ana María Gavilán, Noemí López-Perea, Josefa Masa-Calles, Juan E. Echevarría y Aurora Fernández-García**, que también pertenecen al Área de Epidemiología y Salud Pública ([CIBERESP](#)) del Centro de Investigación Biomédica en Red (CIBER) del Instituto.

Hasta el momento el método utilizado para la vigilancia molecular del virus del sarampión es el estudio de sus variantes genéticas mediante la secuenciación de 450 nucleótidos del gen N (N450), pero este método no siempre permite discriminar ni rastrear las cadenas de transmisión. Las autoras recuerdan que entre 2017 y 2020 la mayoría de las secuencias del virus del sarampión pertenecían a solo dos variantes de N450, por lo que su trabajo propone y evalúa el uso adicional de una región no codificante (MF-NCR) del genoma del virus, como herramienta para mejorar la resolución e inferir el origen de los casos, las cadenas de transmisión y la caracterización de los brotes.

### Identificación de cadenas de transmisión en brotes

Para confirmar las posibilidades de este método, las investigadoras han trabajado con 115 secuencias MF-NCR de virus del sarampión, obtenidas entre 2017 y 2020 de pacientes infectados con dos tipos de variantes del virus. La realización de los análisis epidemiológicos y moleculares, incluyendo el análisis filogenético y filodinámico, junto con la aplicación de un modelo matemático para determinar la relación entre los clados identificados, ha permitido valorar de manera positiva el uso de esta alternativa de vigilancia genómica. Los clados son grupos filogenéticos que definen la evolución biológica de un organismo, que explican cómo actúa y se comporta, y en ellos se pueden observar diferencias genéticas de virus circulantes.

Concretamente, la aplicación de este modelo ha permitido identificar las cadenas de transmisión dentro de los brotes, así como diferentes introducciones del virus que habían pasado desapercibidas con los datos epidemiológicos y moleculares disponibles anteriormente. Las autoras explican que los resultados obtenidos "demuestran la capacidad de esta alternativa para mejorar la identificación de casos importados de sarampión en una zona geográfica determinada". Según explican, la identificación de más cadenas de transmisión indica que el tamaño de los brotes relacionados con los casos importados estudiados entre 2017 y 2020 fue menor que el definido previamente con el estudio epidemiológico y los datos de N450, "lo que apoya que la transmisión endémica del sarampión estuvo ausente en España entre 2017 y 2020".

Como conclusión, las investigadoras proponen que las futuras

recomendaciones de la Organización Mundial de la Salud (OMS) consideren la utilización de la región MF-NCR del virus, junto con el estudio de las variantes N450, para la vigilancia del sarampión en países en situación de eliminación como el nuestro.

• **Referencia del artículo:** *Jacqueline C, Gavilán AM, López-Perea N, Penedos AR, Masa-Calles J, Echevarría JE, Fernández-García A and on behalf of the MMR Study Group (2023) Utility of MF-non coding region for measles molecular surveillance during post-elimination phase, Spain, 2017–2020. Front. Microbiol. 14:1143933. doi: 10.3389/fmicb.2023.1143933.*