

## La ampliación del estudio genómico del virus causante de la parotiditis puede mejorar su vigilancia microbiológica y epidemiológica

17/08/2023



*De izquierda a derecha: Ana M. Gavilán, Vanessa Recio, Jose M. Berciano, Cristina Millán, Aurora Fernández-García y Juan E. Echevarría, investigadores del Centro Nacional de Microbiología; y Noemí López-Perea y Josefa Masa, investigadoras del Centro Nacional de Epidemiología.*

Un equipo del Instituto de Salud Carlos III (ISCIII) ha publicado **un artículo en la revista *Frontiers in Microbiology*** en el que se analiza la circulación del virus de la parotiditis en España y Países Bajos, y se propone un análisis complementario de nuevas regiones genómicas para mejorar su caracterización, seguimiento y difusión. La investigación está liderada por investigadores del Centro Nacional de Microbiología y el Centro Nacional de Epidemiología del ISCIII, en colaboración con el Área de Epidemiología y Salud Pública (CIBERESP) del Centro de Investigación Biomédica en Red (CIBER), también dependiente del ISCIII, y cuenta con la participación del Instituto de Medio Ambiente y Salud Pública de Bilthoven, en Países Bajos.

### - [Consulta el artículo completo](#)

La parotiditis, también conocida como paperas, es producto de la infección por el virus de la parotiditis y se caracteriza principalmente por la inflamación de las glándulas parótidas, que están situadas a ambos lados de la cara, en la parte alta y lateral del cuello. Puede

afectar tanto a niños como a adultos, y existe una vacuna que se administra en edad infantil y que reduce de manera significativa las infecciones y su gravedad. Los programas de vacunación, muy extendidos, permiten un buen control de la enfermedad, aunque siguen notificándose casos de infecciones y brotes ocasionales en determinadas poblaciones.

La Organización Mundial de la Salud (OMS) recomienda mantener una vigilancia molecular de la parotiditis basada en la secuenciación de gen SH del virus que causa la enfermedad. Este análisis es una herramienta efectiva para la vigilancia y permite conocer los diferentes genotipos que circulan. Sin embargo, los datos son limitados, lo que en ocasiones dificulta conocer los patrones de propagación del virus. En este estudio, los autores proponen utilizar también otras regiones genómicas del virus para la vigilancia, concretamente regiones hipervariables no codificantes (RNC), que puedan servir como marcadores moleculares adicionales.

El análisis de los genotipos del virus y su vigilancia microbiológica y epidemiológica ha permitido tener conocimiento en los últimos años de una circulación variada de genotipos en diversos países europeos. Por ejemplo, entre 2010 y 2020 la literatura científica describió numerosos brotes de parotiditis causados por el genotipo G, pero estos estudios muestran limitaciones geográficas. La investigación ahora publicada analiza las secuencias genómicas obtenidas y los genotipos encontrados entre los años 2015 y 2020 en España y Países Bajos, lo que ha permitido ampliar mucho el marco de distribución geográfica y el conocimiento de cómo se comporta el virus.

### **Variantes localizadas**

El estudio de 1.121 secuencias del gen SH del virus permitió identificar 106 agrupaciones de secuencias genómicas idénticas, de las que siete de ellas mostraban una amplia circulación geográfica, por lo que se consideraron variantes estabilizadas del virus. Todas ellas se detectaron de forma coincidente en el tiempo en ambos países. La obtención de 262 secuencias de RNC permitió correlacionar a nivel más detallado los patrones comunes de circulación del virus. Todas las variantes compartidas se detectaron primero en España.

Los resultados sugieren la existencia de un flujo de transmisión del virus de la parotiditis entre España y Países Bajos, que probablemente es reflejo de los intensos movimientos de población entre ambos países. El sentido del flujo durante el período de estudio parece ser desde el sur hacia el norte. De hecho, la tasa de incidencia de

parotiditis en España es mayor que en Holanda a pesar de que la cobertura de inmunización es muy similar en ambos países, algo que podría estar asociado con un mayor riesgo de exportación del virus desde España a otras localizaciones.

En consecuencia, el estudio de la circulación de variantes de virus de la parotiditis mediante la aplicación de los protocolos recomendados por la OMS, más allá de las fronteras de un solo país y el uso adicional de nuevas herramientas moleculares basadas en el análisis de RNC, ha permitido localizar y definir los flujos de transmisión del virus entre ambos países y facilitará en el futuro un mejor estudio del virus y el seguimiento de posibles casos y brotes. Los autores señalan que se necesitan estudios similares más amplios, que incluyan otros países europeos, para proporcionar una visión más consolidada de los datos presentados en este estudio.

• **Referencia del artículo:** *Gavilán AM, van de Nes-Reijnen L, Castellanos A, Woudenberg T, López-Perea N, Masa-Calles J, Echevarría JE, Fernández-García A and Bodewes R (2023). Comparison of circulation patterns of mumps virus in the Netherlands and Spain (2015–2020). Front. Microbiol. 14:1207500. doi: 10.3389/fmicb.2023.1207500.*