



Investigadores del CIBERES proponen una nueva estrategia transnacional para el control de los eventos de tuberculosis de alto riesgo

- **El proyecto TRAS-TB-TRANS se basa en la articulación de una red supranacional de vigilancia de la transmisión de cepas de *Mycobacterium tuberculosis* (MTB) de alto riesgo en diferentes nodos europeos (Francia, Italia y España) y latinoamericanos (Panamá, Argentina y Perú)**

28 de julio de 2017.- Investigadores de la Línea de Tuberculosis del Centro de Investigación Biomédica en Red de Enfermedades Respiratorias (CIBERES) presentaron en la XI Jornadas Científicas CIBERES, celebradas en Madrid el pasado mes, el proyecto TRAS-TB-TRANS, una nueva estrategia transnacional para el control de los eventos de transmisión de tuberculosis de alto riesgo.

El proyecto TRAS-TB-TRANS se basa en la articulación de una red supranacional de vigilancia de la transmisión de cepas de *Mycobacterium tuberculosis* (MTB) de alto riesgo en diferentes nodos europeos (Francia, Italia y España) y latinoamericanos (Panamá, Argentina y Perú).

Genotipado selectivo de las cepas más problemáticas

Las estrategias de vigilancia en tuberculosis están basadas en programas de epidemiología molecular apoyados en el genotipado del total de cepas de MTB circulantes en una población. En este proyecto, que presentará el Dr. Darío García de Viedma, del grupo CIBERES liderado por el Dr. Emilio Bouza en el Hospital Gregorio Marañón, los investigadores del CIBERES proponen un nuevo enfoque en esta vigilancia, priorizando el seguimiento de las cepas de MTB que resulten más problemáticas en cada nodo poblacional. “Así nos enfocamos en cepas multirresistentes, de alta transmisibilidad, y/o implicadas en eventos de transmisión en población vulnerable (inmigrantes, población marginal o penitenciaria)”, explica el Dr. García de Viedma.

“Para ello, hemos desarrollado una nueva estrategia metodológica basada en el diseño a la carta de PCRs (reacción en cadena de la polimerasa) específicas que se dirigen a SNPs (polimorfismos de nucleótido único) marcadores de cada cepa a vigilar, que son identificados a partir de los datos de secuenciación de genoma completo. Una vez optimizadas estas PCRs se transfieren a cada nodo



colaborador, con el fin de que la vigilancia de la transmisión de la tuberculosis descansa en un nuevo modelo de trabajo, multinodal y descentralizado, adaptado a las necesidades específicas de cada población”, aclara el investigador.