

Un equipo del ISCIII desarrolla un nuevo método para secuenciar el virus respiratorio sincitial (VRS) y mejorar su vigilancia

11/12/2023



Noelia Reyes, Sonia Vázquez, Francisco Pozo, Vanesa Montero, Albert Campoy, Inmaculada Casas, Vicente Mas, María Iglesias, Sara Camarero y Silvia Moreno, en el Laboratorio de Virus Respiratorios del Centro Nacional de Microbiología (CNM) del ISCIII. Iglesias, Camarero y Casas, responsable del Laboratorio junto a Pozo, son las autoras principales del trabajo. (Imagen: Rubén de la Higuera / ISCIII).

Un equipo del Instituto de Salud Carlos III (ISCIII) ha diseñado un método de secuenciación para el virus respiratorio sincitial (VRS) que puede facilitar mejoras en la vigilancia de este virus, ya que acorta los tiempos de secuenciación, abarata el proceso y aporta una gran especificidad. La descripción, desarrollo y aplicación de este nuevo método de secuenciación masiva [se ha publicado en Eurosurveillance](#), la revista científica del Centro Europeo para la Prevención y el Control de las Enfermedades (ECDC).

El virus respiratorio sincitial humano produce una infección respiratoria generalmente leve en adultos, pero que puede derivar en complicaciones graves como bronquiolitis y neumonía, especialmente

en bebés y niños pequeños, mayores de 65 años y personas inmunodeprimidas y con enfermedades crónicas. Su influencia suele ser mayor entre otoño e invierno. Junto a las infecciones por VRS generadas en comunidad, este virus es también un patógeno nosocomial, ya que genera infecciones que se producen en hospitales y otros centros del ámbito sanitario.

El nuevo sistema de secuenciación masiva propuesto por el equipo del ISCIII supone la combinación de dos herramientas complementarias basadas en la tecnología de PCR. Una de ellas secuencia todo el genoma del virus, empleando los mismos primers -secuencias cortas de ácidos nucleicos utilizados en la PCR para amplificar el material genético- para los dos subtipos conocidos y mejorando los protocolos previos, que eran más lentos y más caros. La segunda herramienta añade una secuenciación específica de los dos principales antígenos virales, denominados G y F, que permite complementar la secuenciación en casos con poca carga viral.

El artículo también describe análisis filogenéticos de los dos subtipos del virus, realizados a partir de diferentes secuencias de los antígenos G y F del virus, concretamente de 2.314 secuencias del VRS tipo A y 2.875 secuencias del VRS tipo B, que se suman a las 34 secuencias completas de los antígenos G y F también obtenidas en este trabajo.

Herramienta de referencia en una época de posibles vacunas y nuevas terapias

El uso de ambos métodos permite monitorizar la diversidad genética del VRS de forma independiente, mejorar la comprensión de la epidemiología molecular del virus, analizar la eficacia de las vacunas que se están desarrollando para combatirlo y facilitar posibles nuevas estrategias terapéuticas. Las autoras del trabajo señalan que la publicación del artículo contribuirá a reforzar y estandarizar la vigilancia del VRS en la nueva era de vacunas que se está abriendo en torno a este virus, para cuya infección también se están desarrollando terapias basadas en anticuerpos monoclonales.

El estudio está liderado por el Laboratorio de Virus Respiratorios del Centro Nacional de Microbiología del ISCIII. Las autoras principales son **María Iglesias, Sara Camarero e Inmaculada Casas**, las dos primeras investigadoras, y la última responsable del Laboratorio junto a **Francisco Pozo**, también firmante del trabajo. En la investigación también participan, además de más profesionales de este Laboratorio,

investigadores de la Unidad de Bioinformática del ISCIII, las Áreas de Enfermedades Infecciosas (**CIBERINFEC**) y de Epidemiología y Salud Pública (**CIBERESP**) del CIBER-ISCIII, y los hospitales La Paz y Severo Ochoa, en Madrid, y Santa María Nai, de Orense.

Junto al artículo, liderado desde el laboratorio de Virus Respiratorios del Centro Nacional de Microbiología del ISCIII, se publica **un comentario editorial** firmado por Eeva K. Broberg y Hanna Nohynek, investigadoras del ECDC y del Instituto de Salud de Finlandia, respectivamente, y expertas de referencia en este campo. Este texto repasa avances en vigilancia genómica del VRS como el que acaba de desarrollar el equipo del ISCIII, que se postula como un método de referencia para la secuenciación genómica del VRS en un momento en el que se están desarrollando diversas vacunas y nuevos tratamientos contra la infección, como fármacos basados en anticuerpos monoclonales.

• **Referencia del artículo:** *Iglesias-Caballero María, Camarero-Serrano Sara, Varona Sarai, Mas Vicente, Calvo Cristina, García María Luz, García-Costa Juan, Vázquez-Morón Sonia, Monzón Sara, Campoy Albert, Cuesta Isabel, Pozo Francisco, Casas Inmaculada. Genomic characterisation of respiratory syncytial virus: a novel system for whole genome sequencing and full-length G and F gene sequences. Euro Surveill. 2023;28(49):pii=2300637. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2023.28.49.2300637>.*