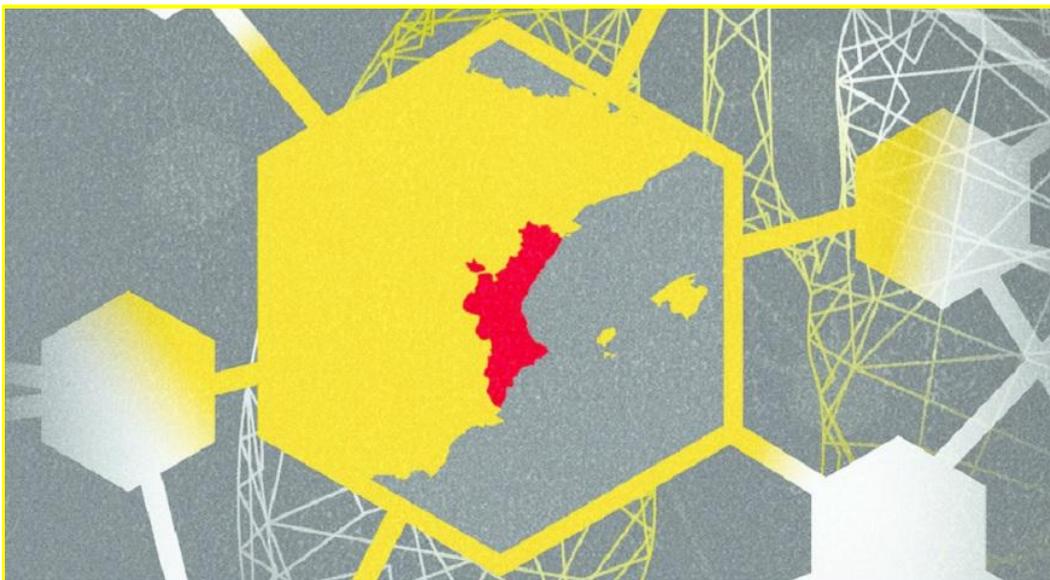




Valencia, miércoles 27 de julio de 2022

Un estudio del CSIC identifica diferencias inesperadas entre países en la transmisión de la tuberculosis

- A pesar de la baja incidencia de esta enfermedad infecciosa en la Comunitat Valenciana, la mayor parte de los contagios se da por transmisión entre población de origen local
- No se han identificado factores de riesgo asociados a la alta transmisión local en la Comunitat Valenciana, pero el estudio permitirá complementar la vigilancia para detectar contagios
- Compara la situación con otros países y pone de manifiesto la necesidad de adaptar a cada país las medidas para avanzar en el control global de la tuberculosis



El estudio ha analizado más de un millar de casos diagnosticados en la Comunitat Valenciana. / IBV

La Comunitat Valenciana presenta una alta tasa de transmisión de la tuberculosis, significativamente mayor entre la población local, al contrario de lo que ocurre en países como Reino Unido o Países Bajos. Así lo revela un estudio

liderado por el Instituto de Biomedicina de Valencia (IBV), del Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC), en el que participan gran parte de los hospitales de la Comunitat Valenciana y la Dirección General de Salud Pública. En el estudio, que publica la revista [eLife](#), se analizó el genoma de una amplia muestra de los 1.388 casos de tuberculosis declarados en la Comunitat durante el periodo 2014-2016. El trabajo identifica casos no detectados por el estudio convencional de contactos, contribuyendo así a complementar los esfuerzos para el control local de la transmisión.

La tuberculosis es una enfermedad infecciosa causada por micobacterias del complejo *Mycobacterium tuberculosis*. En 2020 murieron de tuberculosis un total de 1,5 millones de personas, siendo la decimotercera causa de muerte y la enfermedad infecciosa más mortífera por detrás de la covid-19, según datos de la Organización Mundial de la Salud. Se trata de una enfermedad de declaración obligatoria, es decir, los hospitales deben informar a las autoridades sanitarias de los nuevos casos diagnosticados. En la Comunitat Valenciana la incidencia de la enfermedad se considera baja (8,4 casos por cada 100.000 habitantes), pero más del 60% de los contagios se da entre población de origen local, según el estudio publicado en eLife.

Este estudio forma parte de un proyecto desarrollado por la Unidad de Genómica de la Tuberculosis del Instituto de Biomedicina de Valencia, en colaboración con la Dirección General de Salud Pública (DGSP) de la Conselleria de Sanitat Universal i Salut Pública y los servicios de microbiología clínica de los hospitales de la Comunitat Valenciana; como parte del sistema de vigilancia de la tuberculosis. En él se analizaron 785 muestras del genoma de las micobacterias causantes de los 1.388 casos de tuberculosis en la Comunitat Valenciana entre 2014 y 2016, 1.092 con cultivo positivo.

Las muestras clínicas para el diagnóstico de la tuberculosis son procesadas en los hospitales de la Comunitat Valenciana. Los aislados de aquellas que presentan crecimiento micobacteriano son enviados al Laboratorio de Bioseguridad de la Fundación para el Fomento de la Investigación Sanitaria y Biomédica de la Comunitat Valenciana (FISABIO), donde se extrae el ADN de las micobacterias y se envía el IBV-CSIC para ser secuenciado. Esta información permite comparar los genomas de las distintas micobacterias y establecer similitudes entre ellos.

“Cuando las micobacterias tomadas de distintos pacientes tienen genomas idénticos o muy parecidos, hay una alta posibilidad de que exista un vínculo de transmisión o contagio entre ambos pacientes. De esta manera podemos medir la tasa de transmisión que hay en el área de estudio”, explica **Mariana Gabriela López**, investigadora del IBV-CSIC participante en el estudio. Además, mediante las avanzadas técnicas de epidemiología genómica empleadas pueden conocer los linajes de micobacterias que causan la tuberculosis en la Comunitat Valenciana, estudiar si existen resistencias a los antibióticos que se utilizan en el tratamiento, evaluar la tasa de transmisión y saber si hay factores de riesgo asociados a la transmisión, entre otras cuestiones.

La epidemiología genómica combina la epidemiología clásica con la secuenciación de genomas completos. Estas técnicas cobraron especial relevancia durante la pandemia de covid-19, donde el equipo del IBV-CSIC liderado por **Iñaki Comas** realizó los primeros estudios epidemiológicos del virus SARS-CoV-2 en España. La epidemiología genómica se puede aplicar tanto para el diagnóstico como para la vigilancia de enfermedades infecciosas con resultados que complementan las aproximaciones convencionales, permitiendo identificar vías de transmisión con mayor precisión. La pandemia de covid-19 es fundamental para definir estrategias de salud pública dirigidas a controlar y reducir la transmisión del virus.

Décadas de tuberculosis en la Comunitat Valenciana

Entre los principales resultados que arroja el estudio está la alta tasa de transmisión de tuberculosis que presenta la Comunitat Valenciana, significativamente mayor entre la población local y comparable con la observada en países de alta incidencia de la enfermedad como India, China, Indonesia o Filipinas. “Además, no encontramos factores de riesgo asociados a la transmisión, es decir, no hemos encontrado ningún hábito o enfermedad que explique la elevada tasa de transmisión observada”, revela Mariana Gabriela López.

Por otra parte, sus datos permiten detectar un gran número de casos de transmisión adicionales a los detectados por el sistema de rastreo de contactos de la Comunitat Valenciana. El equipo de investigación cree que esta información permitirá mejorar los sistemas de vigilancia y control de la tuberculosis. De hecho, la combinación de la vigilancia convencional con la información genómica ya ha sido usada para resolver brotes de especial dificultad. Por último, el estudio confirma décadas de transmisión ininterrumpida de la tuberculosis en la Comunitat Valenciana, reflejando las altas tasas de incidencia que tuvo la enfermedad en el pasado y los problemas para identificar dónde se produce la transmisión en el presente.

Control global de la tuberculosis adaptado a cada país

El estudio también compara el perfil de la tuberculosis en la Comunitat Valenciana con un país de baja incidencia (Reino Unido) y otro de alta (Malawi). La transmisión en la Comunitat se sitúa a medio camino entre los dos países. Esto indica que la naturaleza de la epidemia puede ser muy diferente incluso entre países con una tasa similar de casos. Como indica el investigador del IBV-CSIC Iñaki Comas, “para mejorar el control global de la tuberculosis debemos transitar desde una situación que trata por igual a todos los países a una en la que se caracterice en detalle la naturaleza de la epidemia en cada país para poder adaptar las herramientas de control. Con este estudio, la Comunitat Valenciana es una de las pocas zonas del mundo con una caracterización tan detallada”, asegura Comas que también es coordinador de la [Plataforma de Salud Global del CSIC](#).

Irving Cancino-Muñoz, Mariana G. López, Manuela Torres-Puente, Luis M. Villamayor, Rafael Borrás, María Borrás-Mañez, Montserrat Bosque, Juan J. Camarena, Caroline Colijn, Ester Colomer-Roig, Javier Colomina,

Isabel Escribano, Oscar Esparcia-Rodríguez, Francisco García-García, Ana Gil-Brusola, Concepción Gimeno, Adelina Gimeno-Gascón, Bárbara Gomila-Sard, Daminana González-Granda, Nieves Gonzalo-Jiménez, María Remedio Guna-Serrano, José Luis López-Hontangas, Coral Martín-González, Rosario Moreno-Muñoz, David Navarro, María Navarro, Nieves Orta, Elvira Pérez, Josep Prat, Juan Carlos Rodríguez, Ma. Montserrat Ruiz-García, Hermelinda Vanaclocha, Valencia Region Tuberculosis Working Group, Iñaki Comas. **Population-based sequencing of *Mycobacterium tuberculosis* reveals how current population dynamics are shaped by past epidemics.** *eLife*. DOI: <https://elifesciences.org/articles/76605>

Comunidad Valenciana / CSIC Comunicación