



EL SARAMPIÓN Y LA NECESIDAD DE INTENSIFICAR SU VIGILANCIA

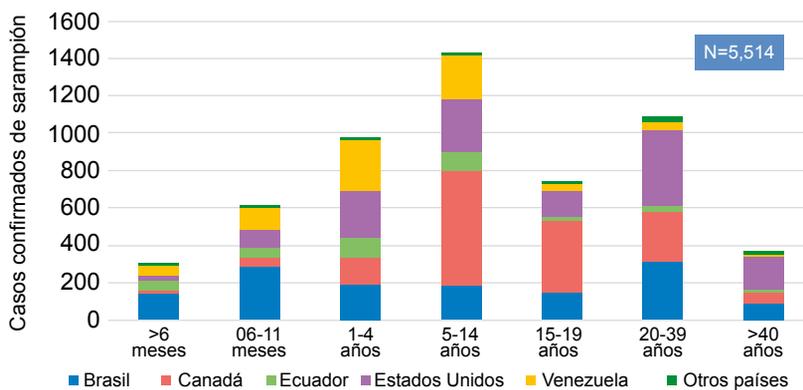
Fredy J. Condori-Yujra¹, Víctor A. Jimenez-Vasquez², Giancarlo W. Enríquez-Alva³, Néstor E. Cabezudo-Pillpe¹

El sarampión es una enfermedad causada por el virus de la familia de los Paramixovirus y al género Morbillivirus; su infección afecta las vías respiratorias, lo que hace que su infección se propague por la tos y estornudos, o el contacto directo con secreciones nasales o faríngeas de personas infectadas.

En el año 2016, luego de la declaración de la eliminación de la rubéola y el síndrome de rubéola congénita (SRC) en el 2015, el sarampión fue declarado como eliminado de las Américas, a pesar de que el 9 de febrero de 2015, la OPS y OMS emitieron una alerta epidemiológica sobre posibles brotes de sarampión. Es conocido que en el Perú el último caso autóctono de sarampión se presentó en el año 2000, en el asentamiento Humano Pachacutec (Ventanilla, Callao), sin embargo desde el último caso hasta el 2018 se presentaron siete casos relacionados a importación de sarampión correspondiente a los años 2008 (n=1), 2015 (n=4) y 2018 (n=2); por lo que el Ministerio de Salud, mantiene una vigilancia epidemiológica con participación del CDC-Perú, la estrategia de inmunizaciones para la vacunación continua de la población infantil y el Laboratorio de Referencia Nacional de Sarampión y Rubéola del Instituto Nacional de Salud para realizar el diagnóstico confirmatorio de casos.

De acuerdo al reporte emitido por OPS entre las semanas epidemiológicas (SE) 1 y 18 del 2018 fueron 11 los países que notificaron 1.115 casos confirmados de sarampión en la Región de las Américas: Antigua y Barbuda (1 caso), Argentina (3 casos), Brasil (104 casos), Canadá (9 casos), Colombia (21), Ecuador (3 casos), Estados Unidos de América (63 casos), Guatemala (1 caso), México (4 casos), Perú (2 casos) y la República Bolivariana de Venezuela (904 casos). Esta cifra es superior a lo registrado en el 2017 cuando cuatro países notificaron 895 casos confirmados de sarampión en todo el año: Argentina (3 casos), Canadá (45 casos), los Estados Unidos de América (120 casos) y Venezuela (727 casos).

Distribución de casos confirmados de sarampión por país. Las Américas 2011-2018*



Fuentes: Reportes de vigilancia enviados a la Unidad de Inmunizaciones de OPS/OMS

*Datos hasta la semana epidemiológica 18, 2018

¹ Laboratorio Nacional de Sarampión y Rubéola, Centro de Nacional de Salud Pública, Instituto Nacional de Salud. Lima, Perú

² Facultad de Ciencias Biológicas, Escuela Profesional de Biología, Universidad Nacional Mayor de San Marcos.

³ Facultad de Ciencias Naturales y Matemáticas, Escuela Profesional de Biología, Universidad Nacional Federico Villareal.

Citar como: Condori-Yujra F, Jimenez-Vasquez V, Enríquez-Alva G, Cabezudo-Pillpe N. El sarampión y la necesidad de intensificar su vigilancia. Bol Inst Nac Salud. 2018;24(5-6):66-9.

En el Perú desde el año 2006 a la SE 26 del 2018, se han reportado a través del sistema de información NETLAB del INS, un total de 15904 pacientes con pruebas diagnósticas para sarampión, de los cuales se detectaron siete casos positivos, todos relacionados a importación.

El Laboratorio de Referencia Nacional de Sarampión y Rubeola del INS, cuenta con la tecnología para realizar las pruebas serológicas mediante ELISA, aislamiento viral en líneas celulares y la capacidad instalada para pruebas moleculares mediante PCR en tiempo Real, así como el secuenciamiento para determinar los genotipos y elaborar el árbol filogenético de las cepas circulantes. Entre el año 2016 hasta SE 26 del 2018, se han realizado pruebas diagnósticas en un total de 1196 pacientes, de ellos 1194 negativos y 02 positivos, los mismos que fueron detectados en la SE 8 y 10 del presente año.

El Laboratorio de Referencia Nacional de Sarampión y Rubeola del INS, realizó el secuenciamiento genético de los dos casos positivos reportados el 2015, el análisis fue del fragmento parcial de Nucleoproteína viral, las secuencias *forward* y *reverse* de cada amplicón fueron ensambladas con el software SeqTrace y contrastadas con secuencias de nucleoproteína de sarampión depositadas en la base de datos Gene Bank. Para el análisis de comparación de las secuencias y filogenia se utilizó el software Mega 6. El análisis filogenético se realizó con el método de Neighbor-Joining (NJ), con la opción de pairwise deletion y 10 000 repeticiones bootstrap, con la finalidad de obtener soportes estadísticos de los nodos del árbol.

El árbol filogenético del virus de Sarampión 2015



Figura 1. El árbol filogenético Neighbor Joining (NJ) de la región parcial del gen Nucleoproteína (N) del virus de sarampión corresponde a la línea D8. Los números sobre cada nodo corresponden a los soportes bootstrap realizado con 10000 pseudoréplicas. Las muestras procedentes de Alemania y Croacia las muestras secuenciadas por el INS se insertan entre las secuencias alemanas.

El árbol filogenético del virus de Sarampión 2018

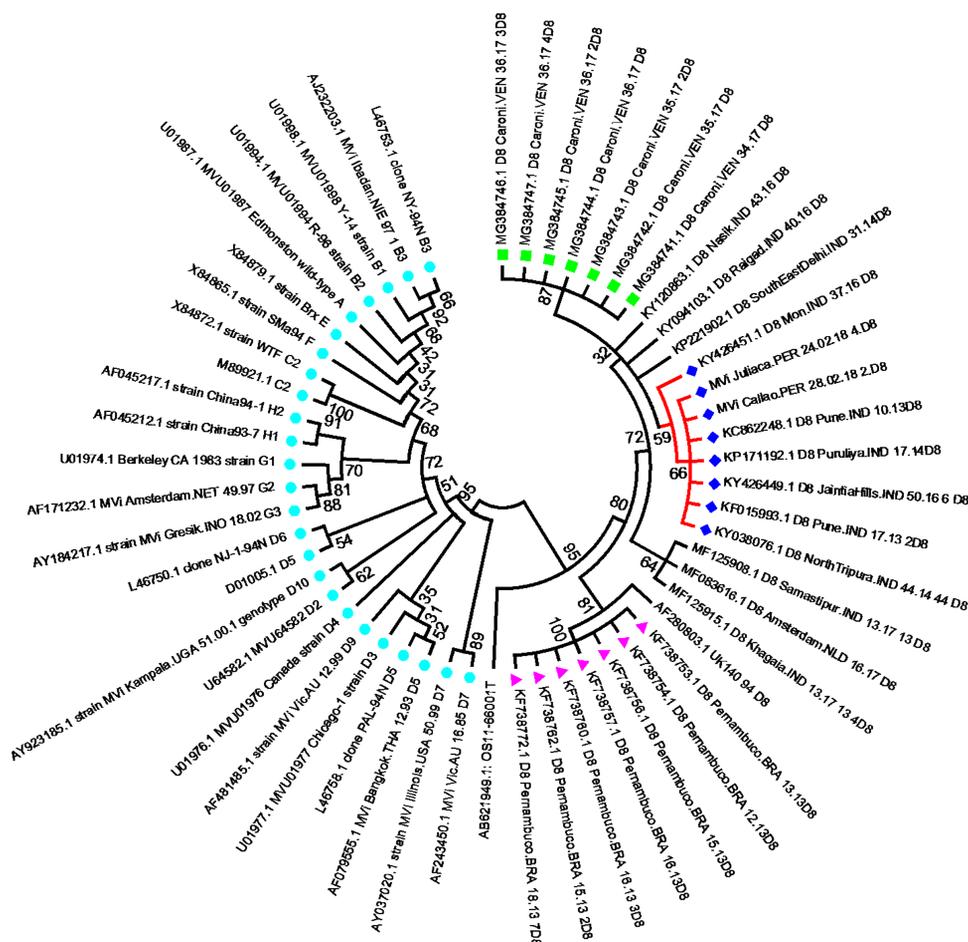


Figura 2. Árbol filogenético Neighbor Joining de una región parcial del gen Nucleoproteína fragmento de 450 pb del virus de sarampión. Los números sobre cada nodo corresponden a los soportes bootstrap realizado con 10000 pseudoréplicas. Las muestras del Callao y Juliaca se resaltan con flechas rojas. Los círculos celestes corresponden al grupo externo conformado por todos los genotipos de referencia conocidos (excepto D8), los triángulos magentas corresponden a muestras de Brasil, los cuadrados verdes corresponden a muestras de Venezuela, los diamantes azules corresponden a muestras de la India.

Conclusiones

El árbol filogenético del virus de Sarampión 2015, el resultado obtenido del gen parcial de nucleoproteína, fragmento de 634 pares de bases y la región completa es de 1688 pb nucleoproteína, las secuencias de aislamiento viral corresponde al linaje D8 que está procedentes de Alemania y Croacia en casos de sarampión confirmados en el Perú.

El árbol filogenético del virus de Sarampión 2018, los resultados concluyen, que el árbol inicial obtenido con la metodología de máxima verosimilitud logró agrupar a las muestras peruanas en un lado del genotipo D8 vinculada con brotes de la India y los grupos externos relacionados con las muestras de Brasil y Venezuela. Sin embargo, en las secuencias de los virus de sarampión, se observan variaciones en una base nucleotídica, que define un cambio importante entre un determinado linaje a otro, lo que sugiere un análisis a nivel de genomas completos del Virus.

En los dos casos del 2018 la información preliminar corresponde al genotipo D8 agrupado a secuencias de la India.

Tras los hallazgos encontrados de casos importados o casos relacionados a importación, se debe mantener la vigilancia intensificada en nuestro país, de manera articulada.

Referencias bibliográficas

1. Organización Panamericana de la Salud. Organización Mundial de la Salud. *Boletín Semanal de Sarampión/Rubéola*. OPS/OMS [Internet]. 4 Mar 2018; 24(9). Disponible en: <http://bit.ly/2HeaPZt>
2. World Health Organization: *Standardization of the nomenclature for describing the genetic characteristics of wild-type measles viruses*. Wkly Epi Rec [Internet]. 28 Ago 1998; 73:265-269. Disponible en: <http://www.who.int/docstore/wer/pdf/1998/wer7335.pdf>
3. Regional Office for Europe [Internet]. Copenhagen: World Health Organization. Press Release: Europe observes a 4-fold increase in measles cases in 2017 compared to previous year; 19 febrero 2018; Disponible en inglés en: <http://bit.ly/2ETCTnd>
4. GeneBank [Internet]. Bethesda (MD): EE.UU. Centro Nacional de Información Biotecnológica (NCBI). Disponible en <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>
5. Centros para el Control y la Prevención de Enfermedades CDC [Internet]. Atlanta: EEUU. Casos y Brotes de Sarampión. Disponible en: <https://www.cdc.gov/measles/cases-outbreaks-sp.html>
6. Condori-Yujra F, Jimenez-Vasquez V, Enríquez-Alva G, Gordillo-Vilchez S, Cabezudo-Pillpe N. *Genotipificación molecular de las cepas del virus de sarampión en el Perú*. An Fac Med. 2018; 79(1):94-95. Disponible en: <http://dx.doi.org/10.15381/anales.v79i1.14599>