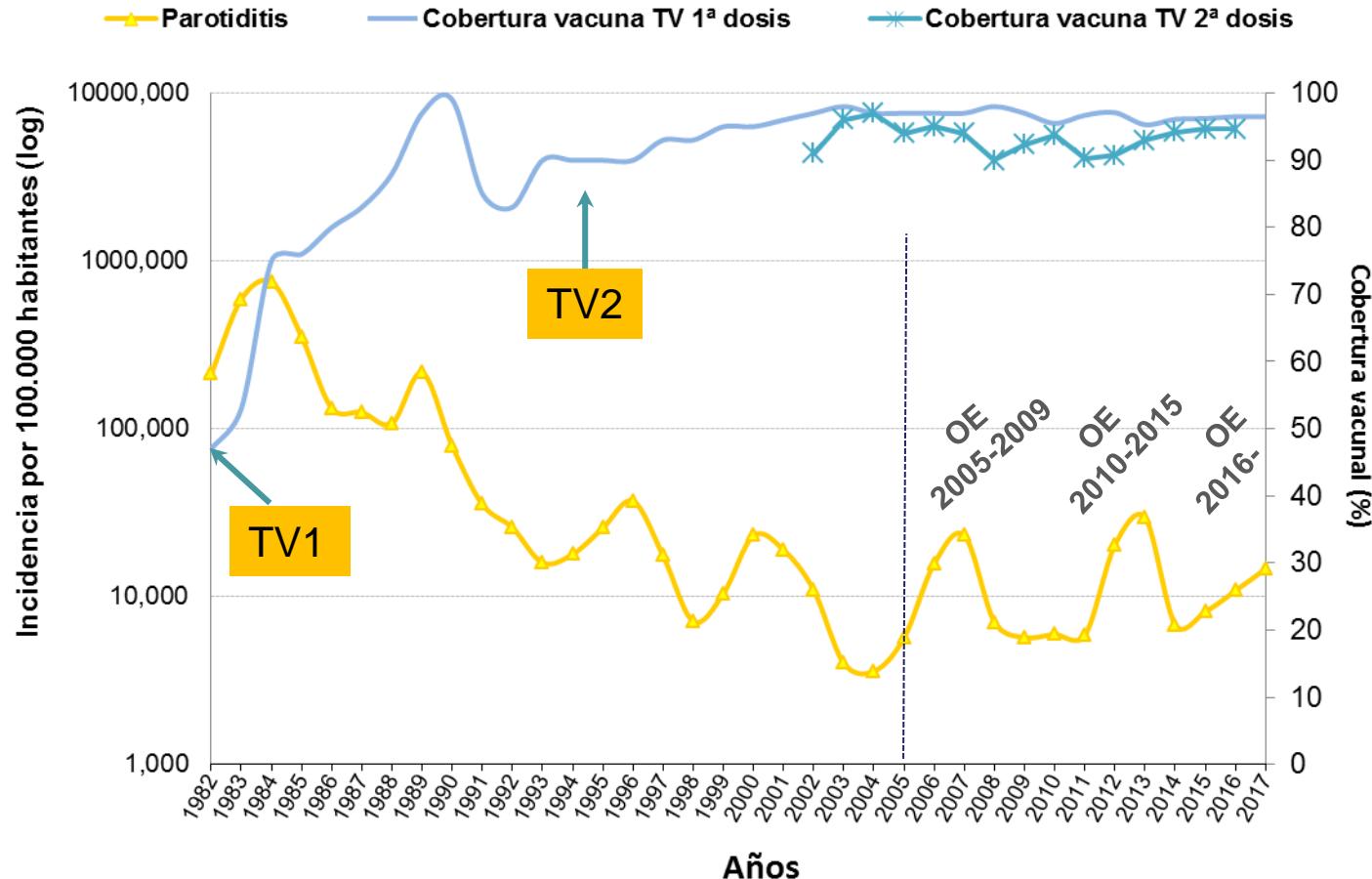


Epidemiología molecular del genotipo G del virus de la parotiditis en España, 2005-2017. Aumento de la variabilidad de las cepas circulantes.

Aurora Fernández-García^{1,4}, Ana Gavilán¹, Ana Castellanos^{1,4}, Juan Carlos Sanz^{2,4}, Angel Rueda¹, Fernando de Ory^{1,4}, Josefa Masa-Calles^{3,4}, Noemí López-Perea^{3,4}, María de Viarce Torres de Mier^{3,4}, Juan E. Echevarría^{1,4} y el Grupo de Investigación en TV

1. Centro Nacional de Microbiología, Instituto de Salud Carlos III.
2. Laboratorio Regional de Salud Pública de la Comunidad de Madrid.
3. Centro Nacional de Epidemiología, Instituto de Salud Carlos III.
4. PREVICET, CIBER de Epidemiología y Salud Pública.

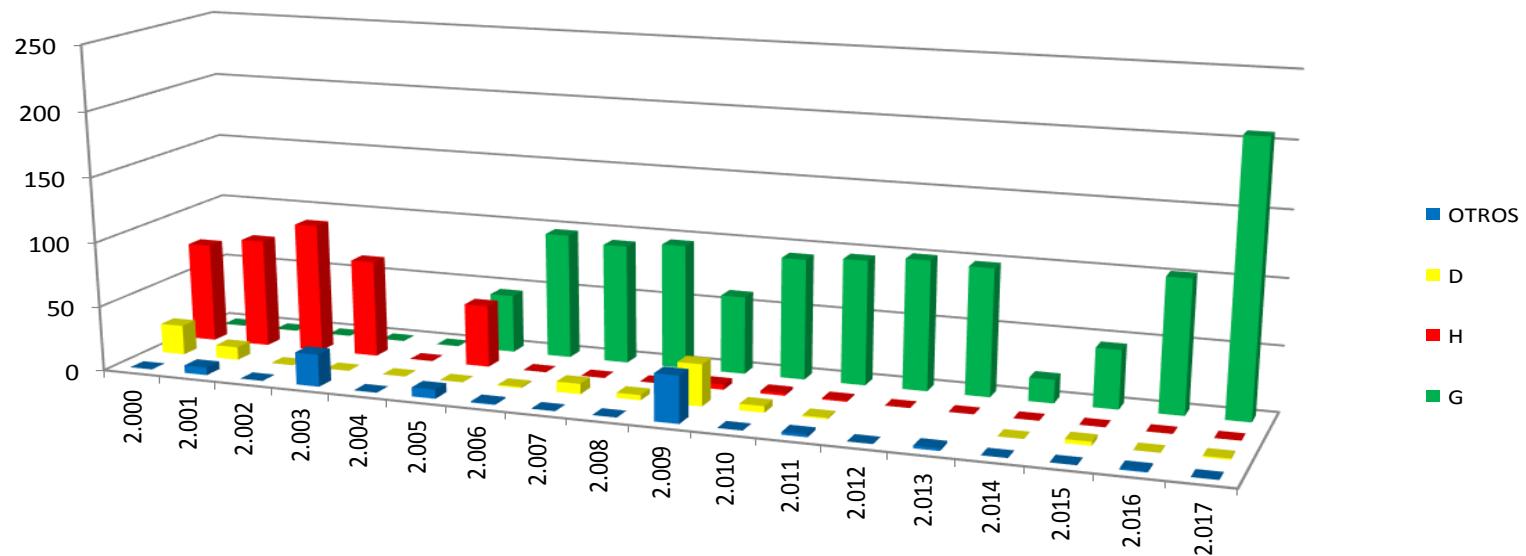
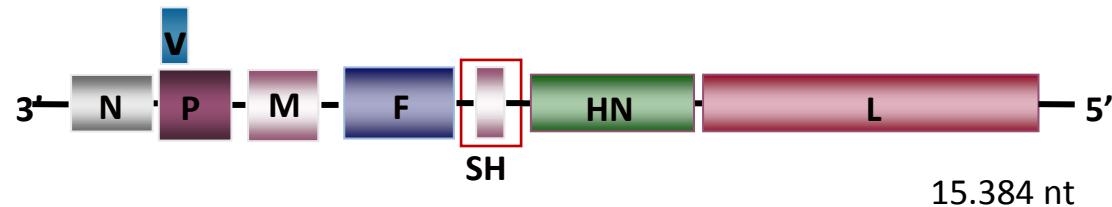
Introducción



Incidencia de parotiditis y coberturas de vacunación. España, 1982-2017.
Centro Nacional de Epidemiología.

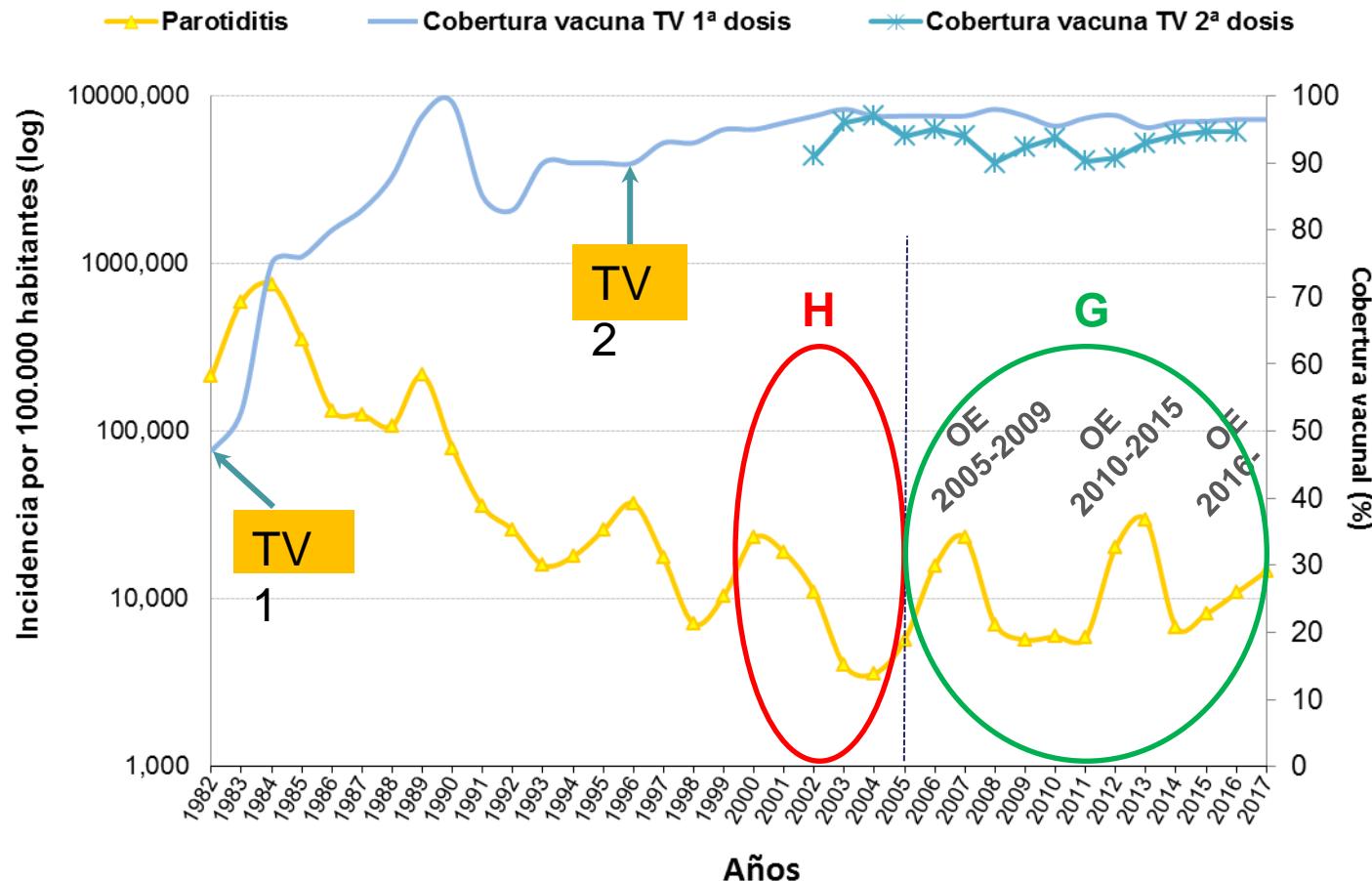
Introducción

Genotipado virus de la parotiditis (SH)



Distribución de genotipos del virus de la parotiditis en España, 2000-2017

Introducción



Incidencia de parotiditis y coberturas de vacunación. España, 1982-2017.
Centro Nacional de Epidemiología.

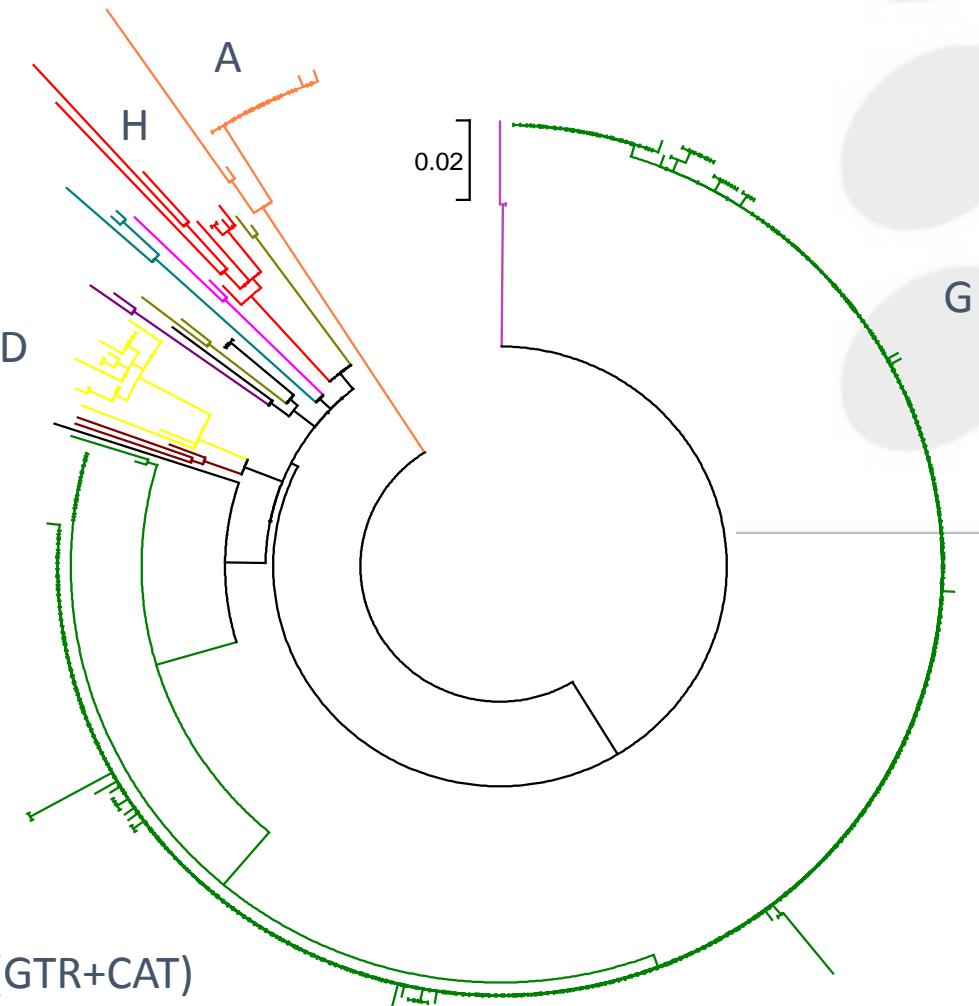
Introducción

Árbol filogenético de secuencias

SH del virus del parotiditis.

Programa de vigilancia
microbiológica, CNM (2000-2015)^D

- [G]
- [K]
- [D]
- [F] [C]
- [B] [H]
- [N] [L]
- [J] [A]



En situaciones de predominio de un solo genotipo es difícil distinguir patrones de circulación de las cepas

Objetivo

Revisar la epidemiología molecular
del genotipo G del virus de la
parotiditis, predominante en España
2005-2017

Material y métodos

Análisis de variantes de las secuencias SH de genotipo G obtenidas en el CNM:

1.1. identificación de variantes o grupos de secuencias idénticas (DNASP v5.10.01.)

1.2. búsqueda de secuencias idénticas en GenBank (Blast)

1.3. Asignación del nombre de la secuencia más antigua (MuVi/Sheffield.GBR/1.05/[G])

Resultados

666 secuencias SH de genotipo G (2005-2017)

Dos primeras OE (2005-2009 y 2010-2015):

357 secuencias y se identificaron 30 variantes

78,0% MuVi/Sheffield.GBR/1.05/[G]

Última OE (2016-2017):

309 secuencias y se identificaron 20 variantes

2,58% MuVi/Sheffield.GBR.1.05/[G]

59,9% MuVs/Ávila.ESP/11.16/[G]

17,1% MuVs/NewYork.USA/45.15/[G]

10,0% MuVs/Madrid.ESP/50.16/2[G]

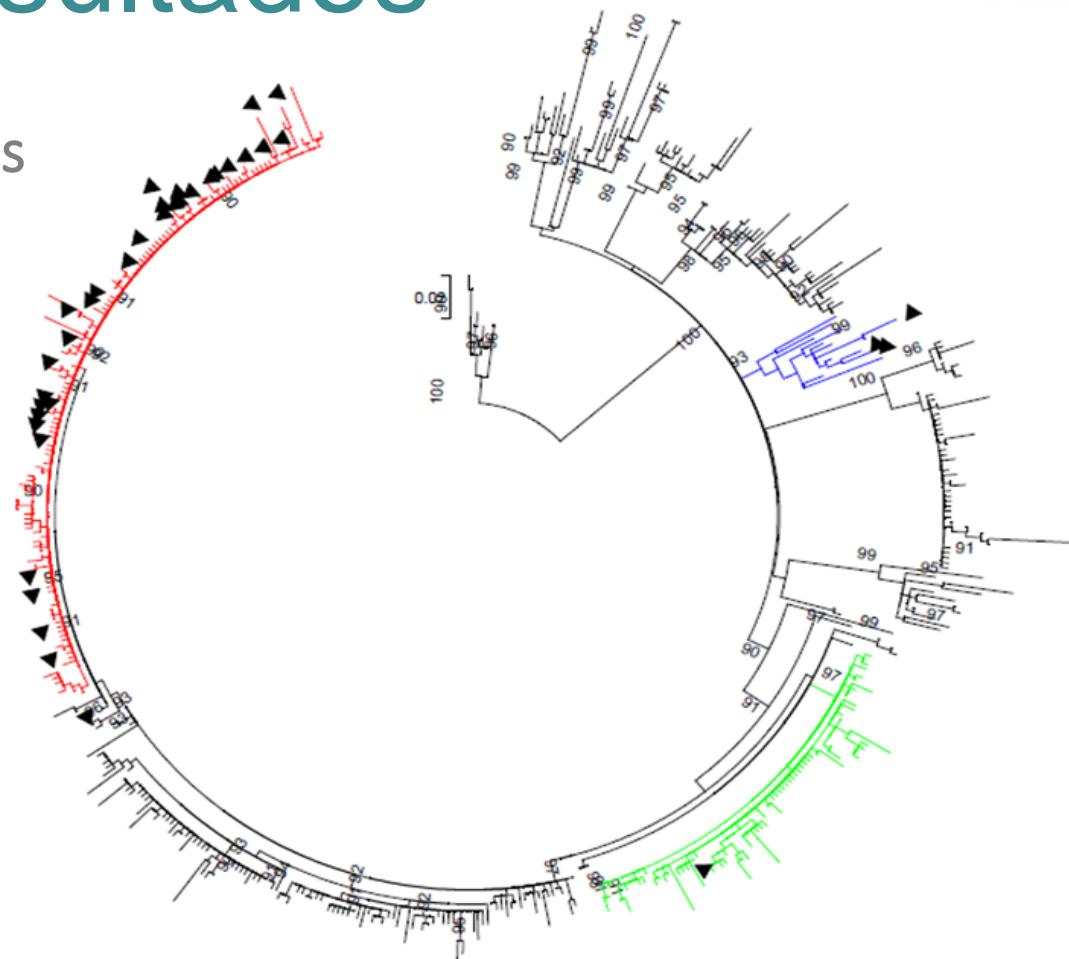
9,70% MuVs/Madrid.ESP/13.17/4[G]

2,50% MuVs/Madrid.ESP/46.16/[G]

Resultados

Árbol filogenético de variantes
del genotipo G del virus de la
parotiditis 2005-2015

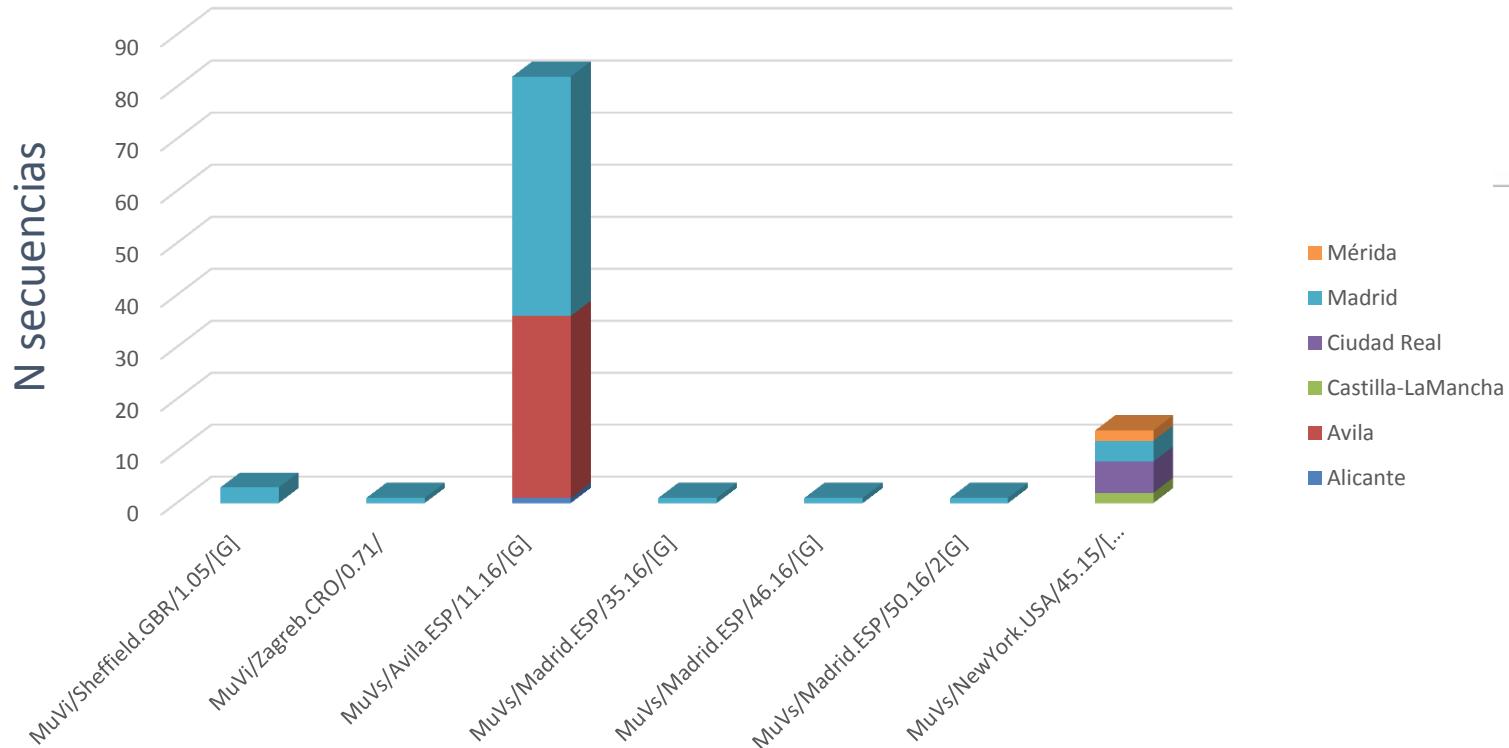
357 SH CNM
1535 SH GenBank



Máxima Verosimilitud en PhYML (GTR+G, α LRT SH-like). Secuencias SH de genotipo G españolas (triángulos negros) y todas las existentes en GenBank. Sólo se muestran los valores de α LRT SH-like >90 . Los clados que incluyen secuencias españolas se muestran en color. En rojo el clado en el que agrupa la MuVi/Sheffield.GBR /1.05 [G]-variant y variantes relacionadas.

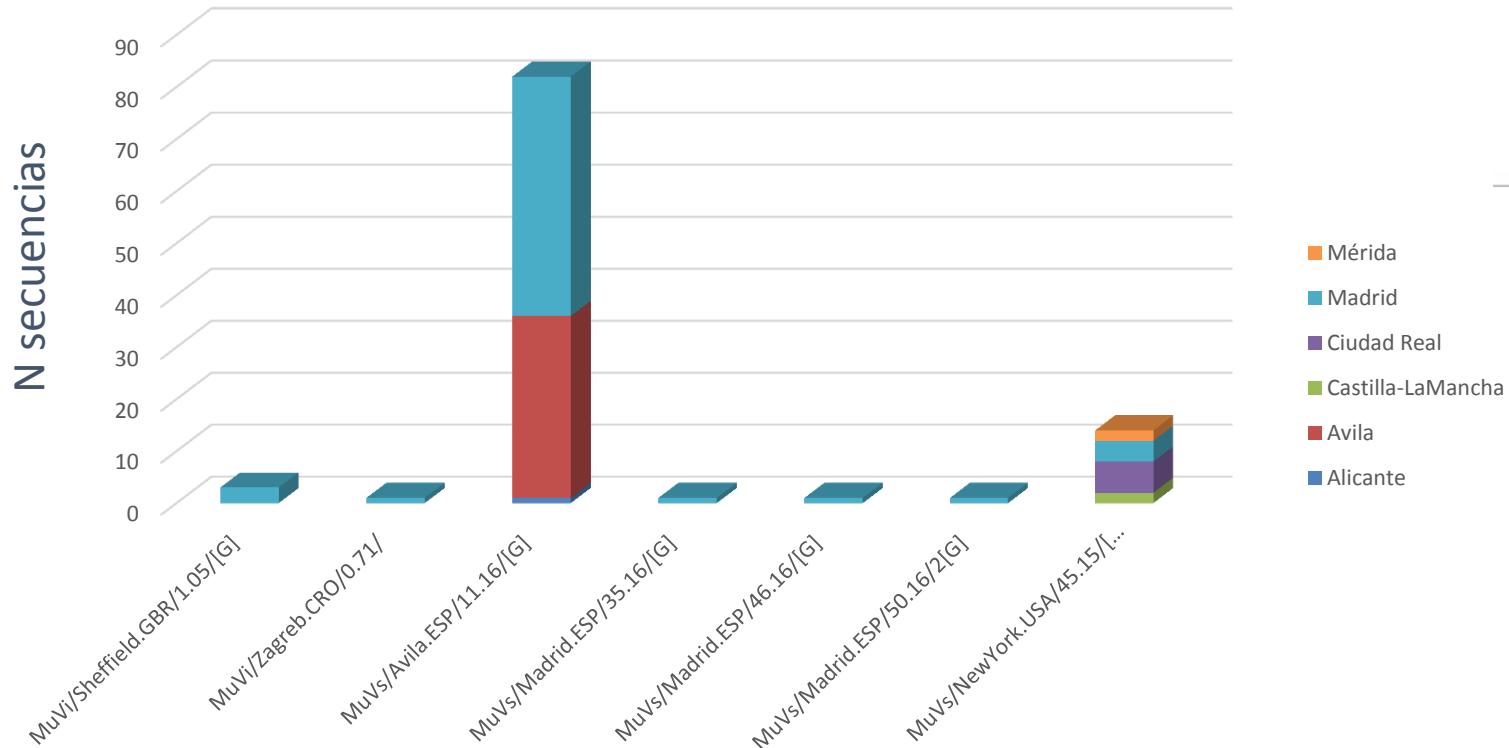
Resultados

Variantes de VP, genotipo G, 2016



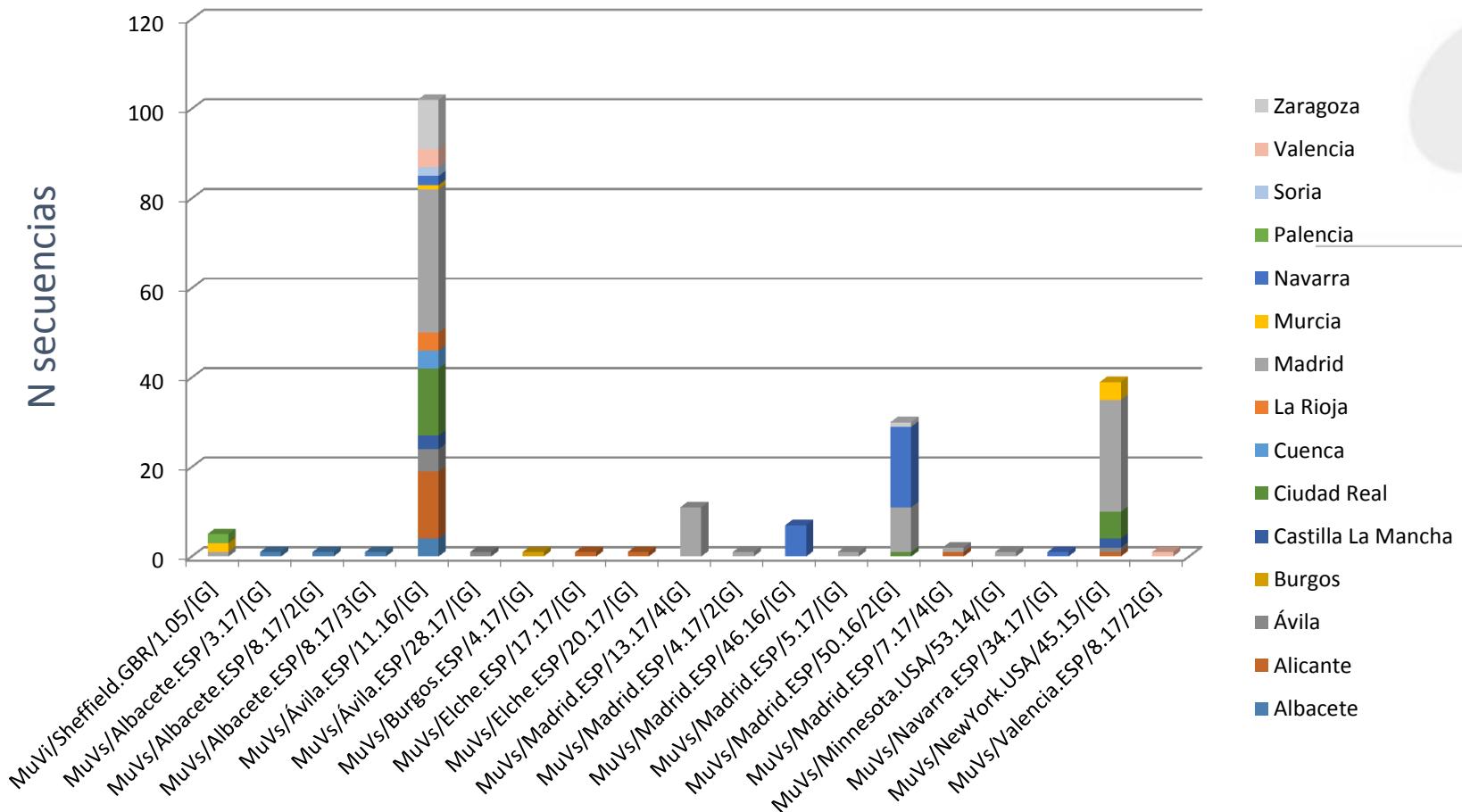
Resultados

Variantes de VP, genotipo G, 2016

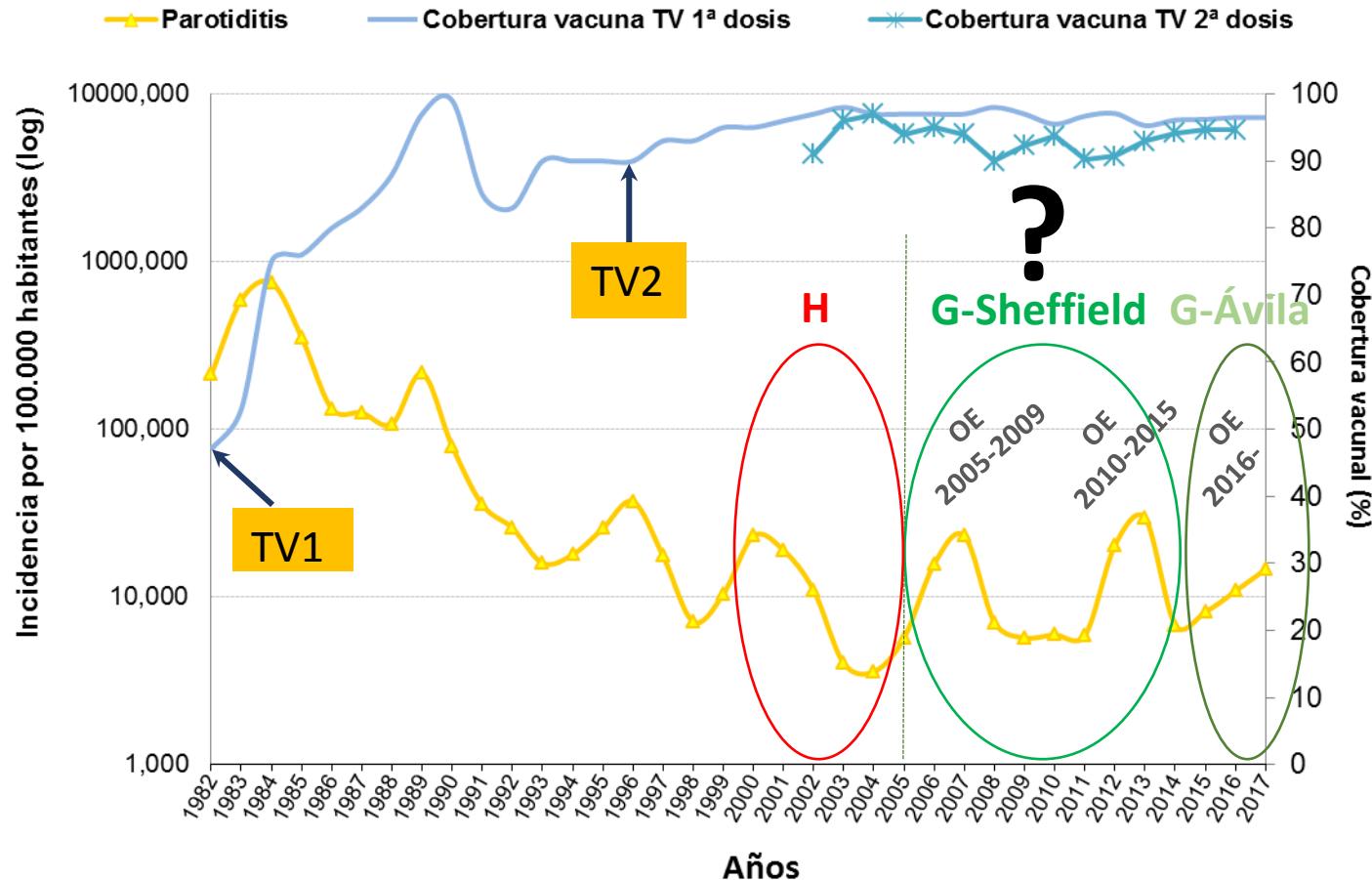


Resultados

Variantes de VP, genotipo G, 2017



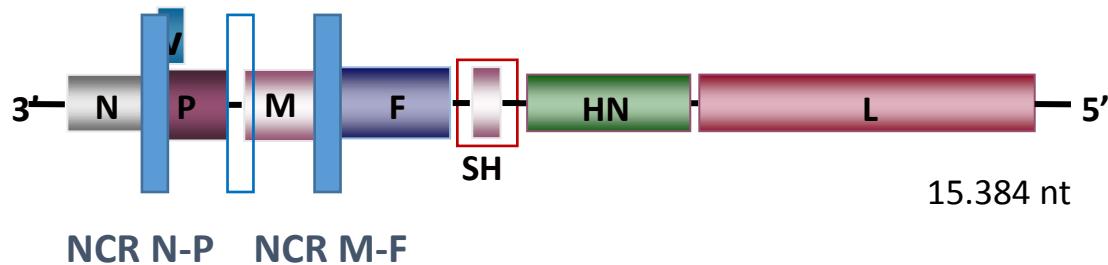
Resultados



Incidencia de parotiditis y coberturas de vacunación. España, 1982-2017.
Centro Nacional de Epidemiología.

Material y métodos

2. Amplificación y secuenciación de las regiones variables no codificantes (NCRs) N-P y M-F del genoma del VP.



3. Análisis filogenético de las secuencias mediante máxima verosimilitud (PhyML) seleccionando el mejor modelo evolutivo (JmodelTest), usando “bootstrap” para el análisis estadístico.

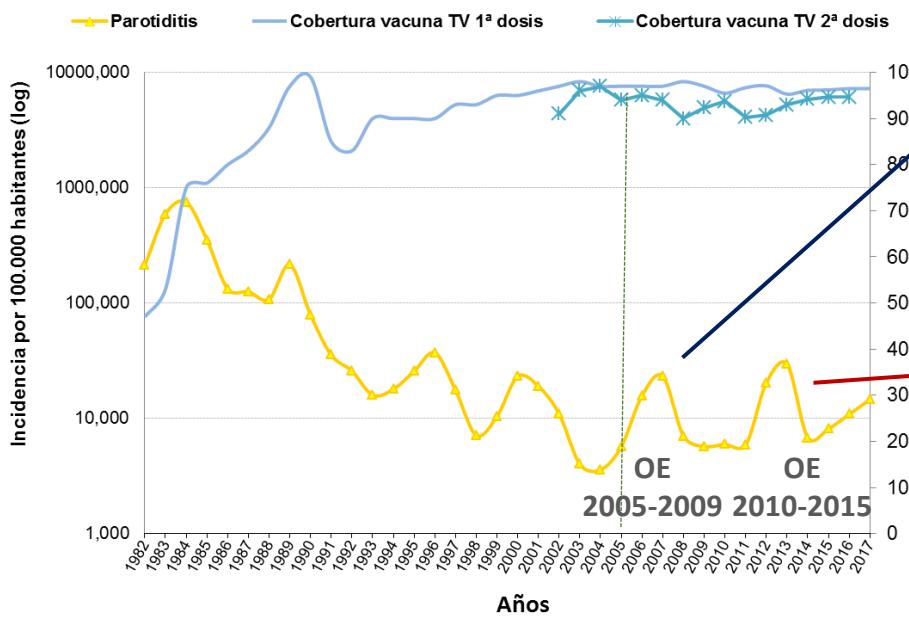
Resultados

NCRs N-P y M-F concatenadas para discriminar sub-variantes

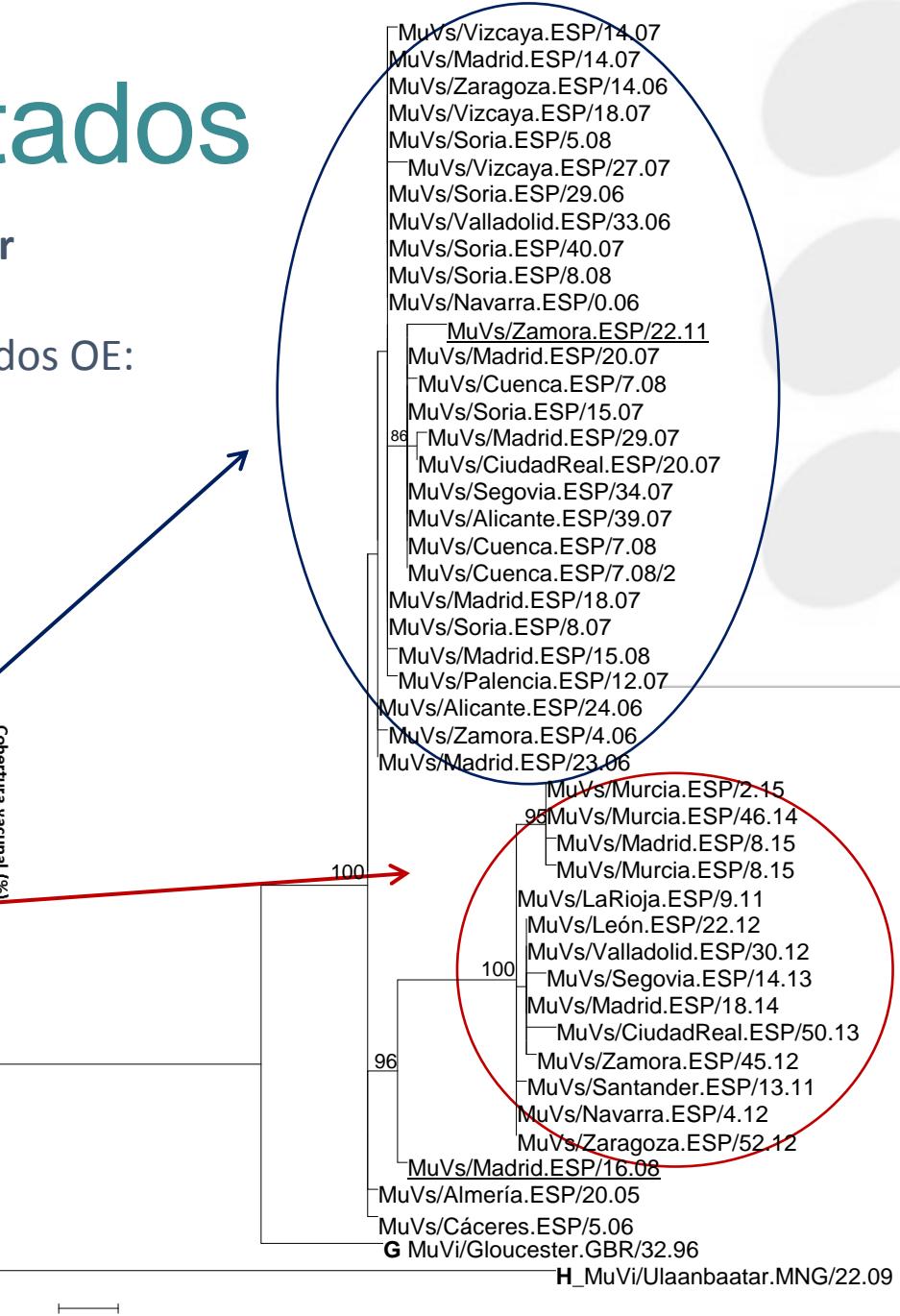
45 muestras de MuVi/Sheffield.GBR.1.05/[G] dos OE:

30 muestras 2005-2009

15 muestras 2010-2015



Árbol filogenético de las secuencias N-P and M-F concatenadas. ML usando PhyML (HKY) y bootstrap para el análisis estadístico. Una secuencia de genotipo H se uso como outgroup. Solo se muestran valores de bootstrap values >70.



Resultados



The screenshot shows the Eurosurveillance website interface. At the top, there are navigation icons (back, forward, refresh, home) and a URL bar indicating a secure connection (<https://www.eurosurveillance.org/content/10.2807/1560-7917.ES.2018.23.15.17-00349>). Below the URL bar is a dark header bar with network names: ECDC, European Antibiotic Awareness Day, ESCAIDE - Scientific conference, and Eurosurveillance journal. The main title "Eurosurveillance" is displayed with three yellow stars above it, followed by the subtitle "Europe's journal on infectious disease surveillance, epidemiology and prevention". A blue navigation bar below the title includes links for Home, Current, Archives, Print Editions, Collections, About Us, and Editorial Policy. The main content area shows the article details: "Research article" status, "Open Access" (with a lock icon), 0 likes, and a download button. The article title is "Genomic non-coding regions reveal hidden patterns of mumps virus circulation in Spain, 2005 to 2015" (with a comment icon). The authors listed are Ana M Gavilán¹, Aurora Fernández-García^{1,3}, Angel Rueda¹, Ana Castellanos^{1,3}, Josefa Masa-Calles^{2,3}, Noemí López-Perea^{2,3}, María V Torres de Mier^{2,3}, Fernando de Ory^{1,3}, Juan E Echevarría^{1,3}. Below the title, there is a "Hide Affiliations" link and a list of affiliations: ¹ Centro Nacional de Microbiología, Instituto de Salud Carlos III, Majadahonda, Madrid, Spain; ² Centro Nacional de Epidemiología, Instituto de Salud Carlos III, Madrid, Spain; ³ CIBER de Epidemiología y Salud Pública (CIBERESP), Madrid, Spain. Correspondence is addressed to Aurora Fernández-García (email icon).

Home / Eurosurveillance / Volume 23, Issue 15, 12/Apr/2018 / Article

Research article

 Open Access

Genomic non-coding regions reveal hidden patterns of mumps virus circulation in Spain, 2005 to 2015 |

Ana M Gavilán¹, Aurora Fernández-García^{1,3}, Angel Rueda¹, Ana Castellanos^{1,3}, Josefa Masa-Calles^{2,3}, Noemí López-Perea^{2,3}, María V Torres de Mier^{2,3}, Fernando de Ory^{1,3}, Juan E Echevarría^{1,3}

 Hide Affiliations

Affiliations:

¹ Centro Nacional de Microbiología, Instituto de Salud Carlos III, Majadahonda, Madrid, Spain

² Centro Nacional de Epidemiología, Instituto de Salud Carlos III, Madrid, Spain

³ CIBER de Epidemiología y Salud Pública (CIBERESP), Madrid, Spain

 Like 0

 Download

Correspondence: Aurora Fernández-García 

Conclusiones

Los resultados sugieren un aumento de la variabilidad de las cepas circulantes del VP en España, desde la introducción del genotipo G en el año 2005.

El uso de nuevas herramientas moleculares basadas en el análisis de NCRs del genoma del VP, permitió identificar un reemplazo de cepas entre dos ondas epidémicas oculto previamente mediante el genotipado basado en la secuencia SH.

Las características biológicas de las cepas del VP circulantes deben ser estudiadas en el futuro para conocer su posible relación con la evasión de la respuesta inmune inducida por vacuna TV.

Gracias por su atención



Variantes VP, genotipo G, 2016-2017

MuV haplotipos	procedencia						Total	%
	2016	Alicante	Avila	Castilla La Mancha	Ciudad Real	Madrid	Mérida	
MuVi/Sheffield.GBR/1.05/[G]						3	3	2,9
MuVs/Avila.ESP/11.16/[G]		1	35			46	82	80,4
MuVs/Madrid.ESP/35.16/[G]						1	1	1,0
MuVs/Madrid.ESP/46.16/[G]						1	1	1,0
MuVs/Madrid.ESP/50.16/2[G]						1	1	1,0
MuVs/NewYork.USA/45.15/[G]				2	6	4	14	13,7
Total		1	35	2	6	57	2	102

MuV variantes	Procedencia													Total	%		
	2017	Albacete	Alicante	Ávila	Burgos	Castilla La Mancha	Ciudad Real	Cuenca	La Rioja	Madrid	Murcia	Navarra	Palencia	Soria	Valencia	Zaragoza	
MuVi/Sheffield.GBR/1.05/[G]									1	2		2				5	2,42
MuVs/Albacete.ESP/3.17/[G]		1														1	0,48
MuVs/Albacete.ESP/8.17/2[G]		1														1	0,48
MuVs/Albacete.ESP/8.17/3[G]		1														1	0,48
MuVs/Ávila.ESP/11.16/[G]	4	15	5		3	15	4	4	32	1	2	2	2	4	11	102	49,3
MuVs/Ávila.ESP/28.17/[G]			1													1	0,48
MuVs/Burgos.ESP/4.17/[G]				1												1	0,48
MuVs/Elche.ESP/17.17/[G]			1													1	0,48
MuVs/Elche.ESP/20.17/[G]			1													1	0,48
MuVs/Madrid.ESP/13.17/4[G]								11								11	5,31
MuVs/Madrid.ESP/4.17/2[G]								1								1	0,48
MuVs/Madrid.ESP/46.16/[G]											7					7	3,38
MuVs/Madrid.ESP/5.17/[G]									1							1	0,48
MuVs/Madrid.ESP/50.16/2[G]						1			10	18					1	30	14,5
MuVs/Madrid.ESP/7.17/4[G]		1							1							2	0,97
MuVs/Minnesota.USA/53.14/[G]									1							1	0,48
MuVs/Navarra.ESP/34.17/[G]											1					1	0,48
MuVs/NewYork.USA/45.15/[G]	1	1		2	6			25	4							39	18,8
MuVs/Valencia.ESP/8.17/2[G]												1				1	0,48
Total	7	19	6	1	5	22	4	4	83	8	28	2	2	5	12	207	

Variantes de VP, genotipo G, 2005-2015

Variante	N sec	Provincia/as	Años de circulación
MuVi/Sheffield.GBR/1.05/[G]	278	Almería, Ávila, Burgos, Ciudad Real, La Coruña, León, Logroño, Madrid, Mallorca, Murcia, Navarra, Palencia, Pontevedra, Valladolid, Santander, Soria, Segovia, Salamanca, Zamora, Zaragoza	2005-2015
MuVs/MADRID.ESP /26.07 [G]	1	Madrid	2007
MuVs/VIZCAYA.ESP /4.09 [G]	2	Vizcaya	2009
MuVs/VALLADOLID.ESP /8.09 [G]	1	Valladolid	2009
MuVs/MADRID.ESP /16.09 [G]	1	Madrid	2009
MuVs/IslasBaleares.ESP /15.10 [G]	6	Baleares	2010
MuVs/SEGOVIA.ESP /23.10 [G]	4	Burgos, Segovia	2010, 2011
MuVs/MADRID.ESP /25.10 [G]	1	Madrid	2010
MuVs/MADRID.ESP /33.10 [G]	1	Madrid	2010
MuVs/ALICANTE.ESP /46.10 [G]	3	Alicante, Madrid	2010, 2013
MuVs/MADRID.ESP /15.11 [G]	1	Madrid	2011
MuVs/MADRID.ESP /22.11 [G]	1	Madrid	2011
MuVs/SEGOVIA.ESP /27.11 [G]	1	Segovia	2011
MuVs/MADRID.ESP /39.11 [G]	22	Ávila, Madrid, Navarra, Valladolid, Zamora	2011, 2012
MuVs/MADRID.ESP /40.11 [G]	1	Madrid	2011
MuVs/MADRID.ESP /41.11 [G]	1	Madrid	2011
MuVs/MADRID.ESP /3.13 [G]	3	Madrid	2013
MuVs/MADRID.ESP /6.13 [G]	5	Madrid	2013
MuVs/VALLADOLID.ESP /15.13 [G]	1	Valladolid	2013
MuVs/AVILA.ESP /15.13 [G]	12	Ávila, Madrid	2013
MuVs/TERUEL.ESP /21.13 [G]	2	Teruel	2013
MuVs/MADRID.ESP /27.13 [G]	1	Madrid	2013
MuVs/MADRID.ESP /28.13 [G]	1	Madrid	2013
MuVs/MADRID.ESP /34.13 [G]	1	Madrid	2013
MuVs/MADRID.ESP /39.13 [G]	1	Madrid	2013
MuVs/MADRID.ESP /50.13 [G]	1	Madrid	2013
MuVs/MADRID.ESP /9.14 [G]	1	Madrid	2014
MuVs/MURCIA.ESP /3.15 [G]	1	Murcia	2015
MuVs/LEON.ESP /4.15 [G]	2	León	2015