

ESTUDIO DE BROTES DE HEPATITIS A (VHA) VINCULADOS A INMIGRANTES (CASTELLÓN, 2012-2013)

María Alma Bracho^{1,2}, Alberto Arnedo³, Francisco Pardo⁴, Fernando González-Candelas^{1,2}.

1. Unidad Mixta "Genómica y Salud" CSISP (FISABIO)-Universitat de València.
2. CIBER en Epidemiología y Salud Pública
3. Centro de Salud Pública de Castelló
4. Servicio de Microbiología, Hospital General de Castelló

ANTECEDENTES: Durante el último trimestre de 2012 y el primero de 2013, se han detectado en distintas localidades de la provincia de Castellón (Comunidad Valenciana) brotes de hepatitis A que comparten, además de la localización y temporalidad, la característica de que sus casos índice respectivos corresponden a personas inmigrantes que en el periodo de incubación habían realizado viajes a sus países de origen respectivos. En el momento actual, son más de 40 las personas afectadas en estos brotes y nuestra comunicación se centra en el análisis epidemiológico-molecular de las cepas virales responsables de los brotes.

MÉTODOS: Se obtuvieron muestras de suero IgM positivas para VHA de los pacientes afectados y se congelaron hasta su procesado. Para ello, se obtuvo RNA viral y, tras su purificación, se procedió a la amplificación por RT-PCR de una región de 1,057 nucleótidos (nt) que comprende partes de los genes VP1 (1005 nt) y VP3 (52 nt) de la cápsida viral. Tras obtener la secuencia de esta región, se compararon las secuencias obtenidas con la región homóloga de 61 secuencias control tomadas de bases de datos públicas y de otros estudios previos en nuestro laboratorio.

RESULTADOS: Los resultados obtenidos hasta el momento corresponden a 31 muestras procesadas, de las que se ha conseguido secuenciar 26. Los negativos corresponden a casos asintomáticos (3) o a muestras tomadas más de 30 días después del inicio de síntomas. Los análisis muestran que los aislados se disponen en 6 agrupaciones independientes, con buen soporte estadístico, y cuyos tamaños varían entre 2 y 11 individuos. Cuatro de ellas corresponden a pacientes de la misma localidad (Onda, Vila-Real y 2 de Vall d'Uixò) y el mayor de los grupos incluye afectados de 5 localidades diferentes. Los cuatro grupos de menor tamaño están conformados por individuos de origen inmigrante, mientras que los mayores incorporan tanto inmigrantes de distintos colectivos de inmigrantes (magrebíes y rumanos) como nacionales.

CONCLUSIONES: A falta de los análisis aún pendientes, este estudio demuestra cómo la aplicación de métodos de epidemiología molecular al estudio de personas o grupos de inmigrantes permite una evaluación precisa de los orígenes y vías de transmisión de patógenos infecciosos, revelando la existencia de vínculos no identificados mediante las encuestas epidemiológicas tradicionales y proponiendo la investigación de otras vías de contagio. Se demuestra, así, su interés como técnica complementaria en la vigilancia epidemiológica de enfermedades transmisibles y en poblaciones inmigrantes.