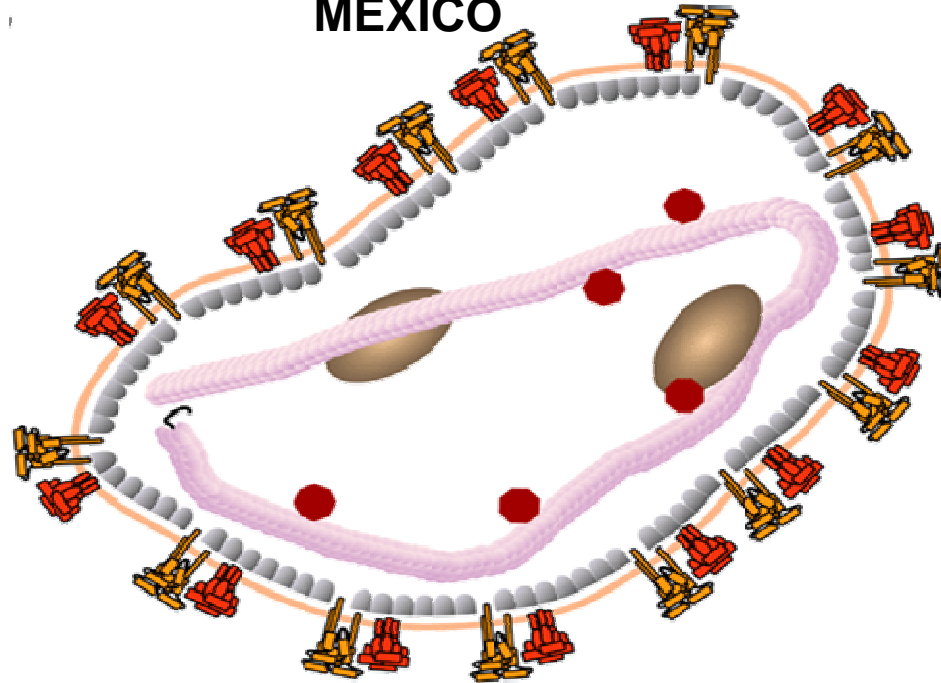




SALUD

SEROLOGIA Y VIGILANCIA VIROLOGICA DEL SARAMPION EN MEXICO



Dra. Celia Alpuche Aranda
INDRE, Departamento de Virología, Laboratorio de EFES

26 de Julio de 2011



SALUD

AGENDA

- ANTECEDENTES HISTORICOS
- ALGORITMOS DE LABORATORIO
- ¿Cómo HACEMOS LA VIGILANCIA VIROLOGICA?
- ESTUDIOS DE GENOTIPIFICACION
- ¿Cuál ES LA NUEVA PROPUESTA DEL ALGORITMO DE LABORATORIO ?
- ESTUDIOS DE SEROPREVALENCIA PARA SARAMPION
- NUEVOS ESTUDIOS



SALUD

AGENDA

- ANTECEDENTES HISTORICOS
- ALGORITMOS DE LABORATORIO
- ¿Cómo HACEMOS LA VIGILANCIA VIROLOGICA?
- ESTUDIOS DE GENOTIPIFICACION
- ¿Cuál ES LA NUEVA PROPUESTA DEL ALGORITMO DE LABORATORIO ?
- ESTUDIOS DE SEROPREVALENCIA PARA SARAMPION
- NUEVOS ESTUDIOS

ANTECEDENTES HISTORICOS



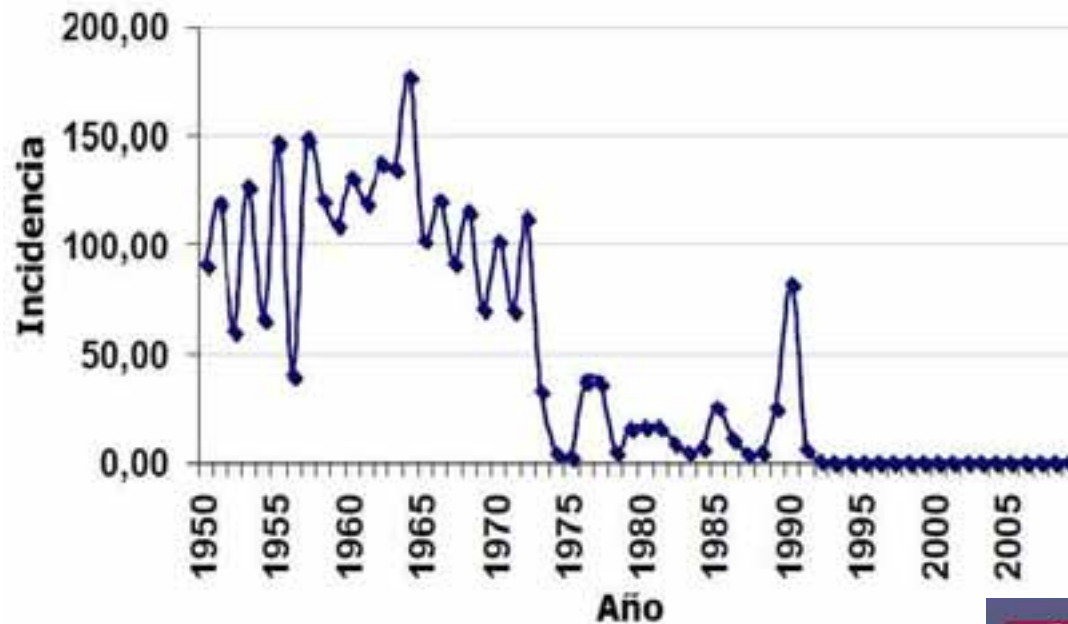
SALUD

- Décadas de los 50s´ principal causa de morbilidad y mortalidad, reportes 35,000 casos por año
- 1989 a 1990 epidemia nacional vinculada a una pandemia, 68,782 casos en México
- 1995 último reporte de una defunción por sarampión en México (femenina de 1 año en el DF)
- 1996 se reportaron 2 casos autóctonos (reporte epidemiológico), posteriormente 4 años sin casos
- 2000 se reintrodujo el virus de sarampión con casos importados, 30 casos en 4 entidades federativas
- 2001 se detectaron únicamente tres casos importados, el primero de ellos con antecedente de exposición al virus en Estado Unidos de un enfermo de origen Asiático.
- 2003 Se registraron dos brotes (en el Estado de México y el Distrito Federal). El primero de ellos entre abril y los primeros días de julio, con 22 casos, el segundo brote desde finales de julio, con 7 casos para el Estado de México.



Continua ANTECEDENTES HISTORICOS

Incidencia* anual de Sarampión en México 1950-2009,
y Distribución de casos de Sarampión 1990-2009.



Año	Casos confirmados de Sarampión en México
1990	68,782
1991	5,077
1992	846
1993	172
1994	128
1995	12
1996	2
1997-1999	0
2000	30
2001	3
2002	0
2003	44
2004	64
2005	6
2006	22
2007-2009	0

*Incidencia x 100mil habitantes Fuente: Secretaría de Salud de México / Sistema Nacional de Vigilancia Epidemiológica

- A finales del 2006 identificados 23 casos
Posteriormente 5 años sin la circulación
del virus en México

AÑO	No. muestras	Serología Positiva	RT-PCR diagnóstico	Aislamientos Positivos Confirmados
2003	1804	44	0	5
2004	5062	64	15	13
2005	1726	6	2	0
2006	291	20	1	5
Total	8883	134	16	23

Tabla 1. Resultados de serología, aislamiento viral y RT-PCR diagnóstico de sarampión durante 2003-2006



SALUD

•2011 identificación de un caso importado, positivo por serología y biología molecular

No. Muestra	2790
Fecha de Nacimiento	18/10/09
sexo	femenino
Edad	1 año 9 meses
Domicilio actual en Mexico	San Pedro de los Pinos, Delegación Álvaro Obregón
Lugar de Procedencia	Saint Antonine Sur de Francia
Antecedente vacunal para sarampión	No presenta
Fecha de inicio de exantema	11/07/11
Fecha de recepción de muestra al InDRE	18/07/11
Fecha de toma de la muestras Suero, exudado faríngeo, orina	15/07/11
Sintomatología	Fiebre 39°C, exantema maculo-papular en cara y tronco, tos, coriza, conjuntivitis, adenomegalias retroauriculares, ataque al estado general, diarrea

Diagnóstico	Resultados			
	IgM	Valor de Corte	IgG	Valor de Corte
Sarampión DADE BEHRING	0.682 positivo	Negativo < 0.100 Indeterminado 0.100-0.200 Positivo >0.200	0.07UI/ml Negativo	0.038UI/ml
Rubéola DADE BEHRING	0.076 Negativo	Negativo < 0.100 Indeterminado 0.100-0.200 Positivo >0.200	1.48UI/mL Negativo	6.36UI/mL
Parvovirus B-19 NOVAGNOST	1.787 U Negativo*	Negativo < 8.5U Indeterminado 8.5-11.5U Positivo >11.5U	4.51U Negativo*	Negativo < 8.5U Indeterminado 8.5-11.5U Positivo >11.5U
PCR tiempo real Exudado Faríngeo	21.5 CT Positivo	PCR tiempo real Orina	30.5 CT Positivo	



SALUD

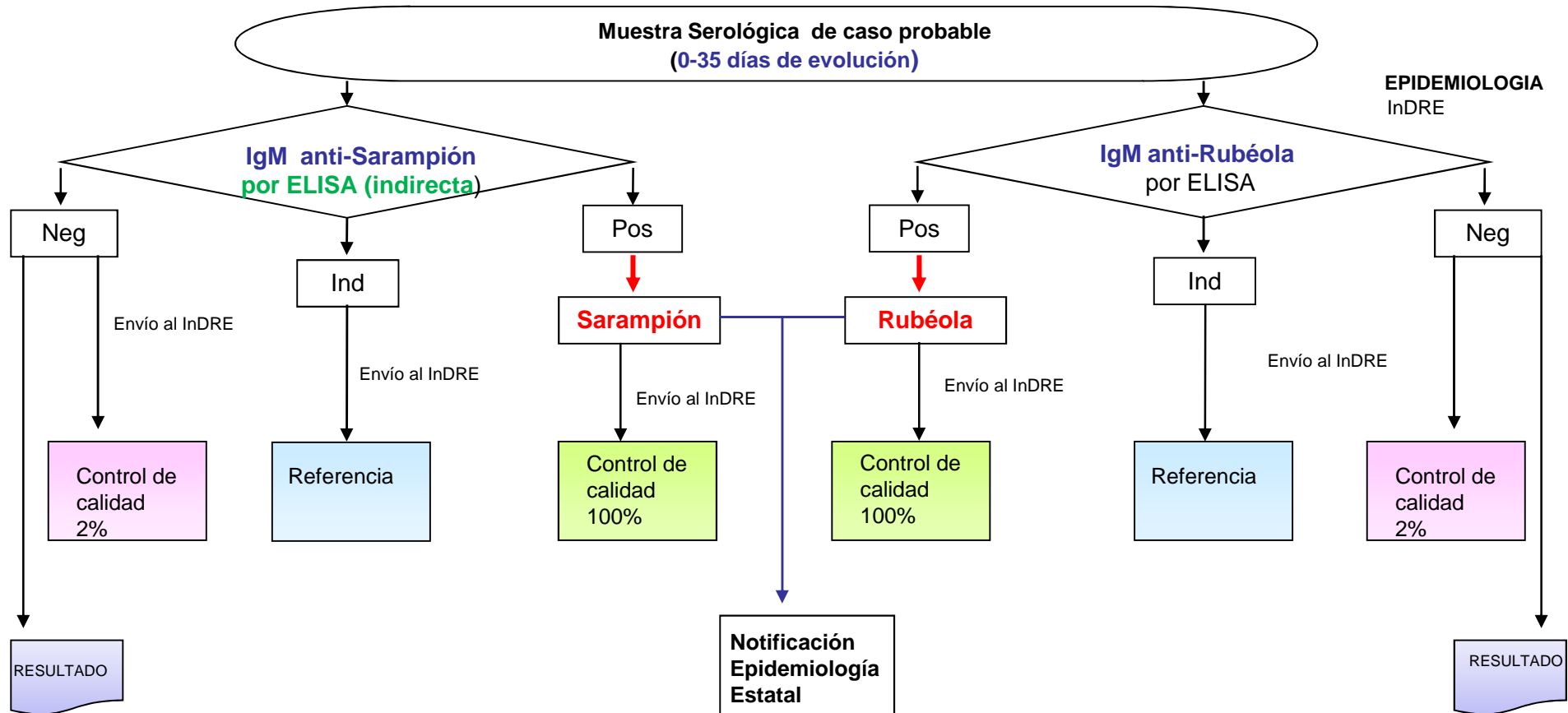
AGENDA

- ANTECEDENTES HISTORICOS
- ALGORITMOS DE LABORATORIO
- ¿Cómo HACEMOS LA VIGILANCIA VIROLOGICA?
- ESTUDIOS DE GENOTIPIFICACION
- ¿Cuál ES LA NUEVA PROPUESTA DEL ALGORITMO DE LABORATORIO ?
- ESTUDIOS DE SEROPREVALENCIA PARA SARAMPION
- NUEVOS ESTUDIOS

Algoritmo Laboratorios Estatales



SALUD



NORMATIVIDAD
NOM-017 PARA LA VIGILANCIA EPIDEMIOLOGICA
NOM-031 PARA ATENCION A LA SALUD DEL NIÑO

RESULTADOS 4 DIAS
DIAG. DIF. 7 DIAS

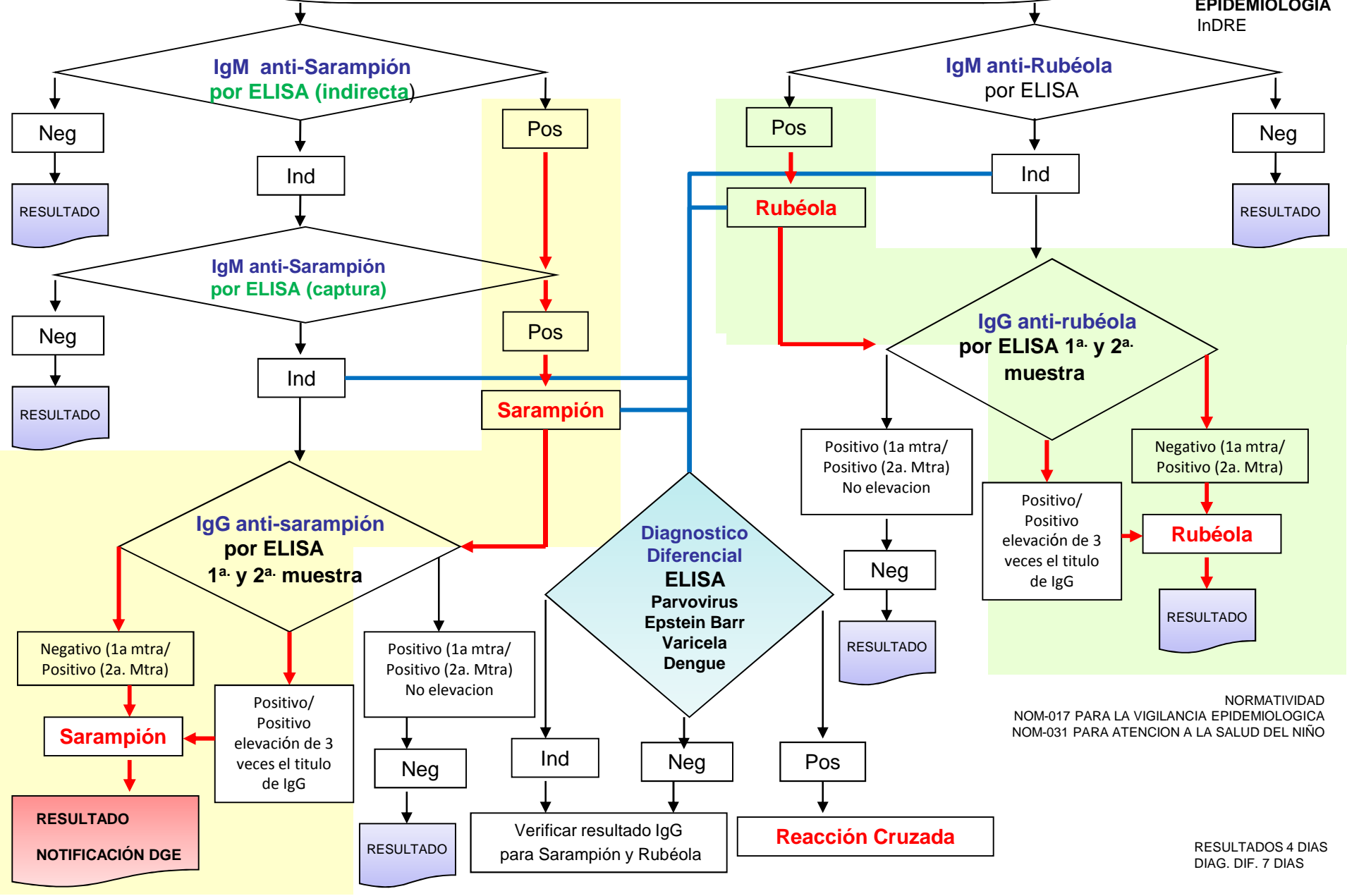
ALGORITMO PARA EL DIAGNOSTICO DE ENFERMEDAD FEBRIL EXANTEMATICA



SALUD

EPIDEMIOLOGIA
InDRE

Muestra Serológica de caso probable de EFE
(0-35 días de evolución)



NORMATIVIDAD
NOM-017 PARA LA VIGILANCIA EPIDEMIOLOGICA
NOM-031 PARA ATENCION A LA SALUD DEL NIÑO

RESULTADOS 4 DIAS
DIAG. DIF. 7 DIAS

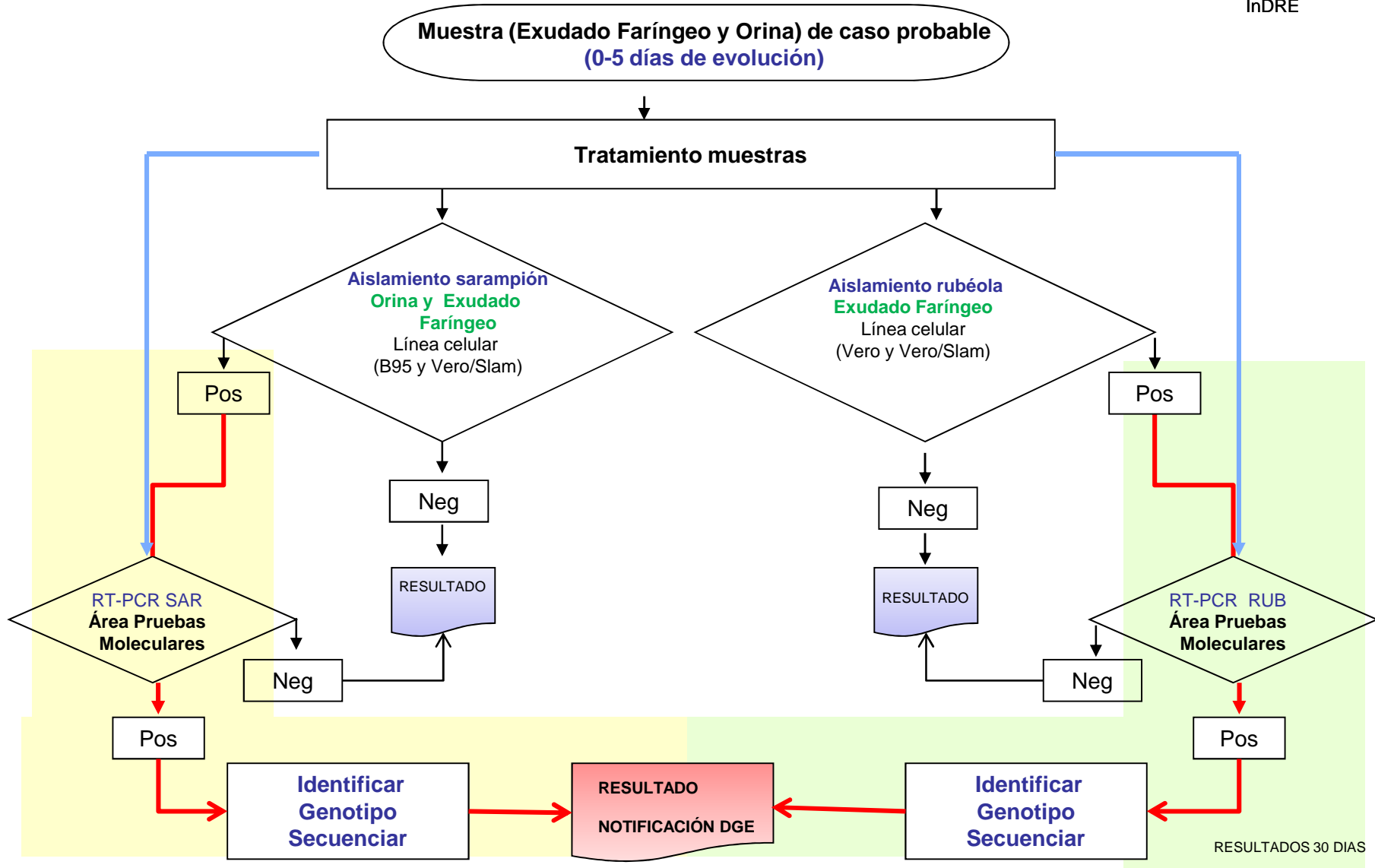
Departamento de Virología Laboratorio de EFES



SALUD

EPIDEMIOLOGIA
InDRE

Algoritmo de Aislamiento viral para sarampión y rubéola (Referencia)





SALUD

AGENDA

- ANTECEDENTES HISTORICOS
- ALGORITMOS DE LABORATORIO
- ¿Cómo HACEMOS LA VIGILANCIA VIROLOGICA?
- ESTUDIOS DE GENOTIPIFICACION
- ¿Cuál ES LA NUEVA PROPUESTA DEL ALGORITMO DE LABORATORIO ?
- ESTUDIOS DE SEROPREVALENCIA PARA SARAMPION
- NUEVOS ESTUDIOS



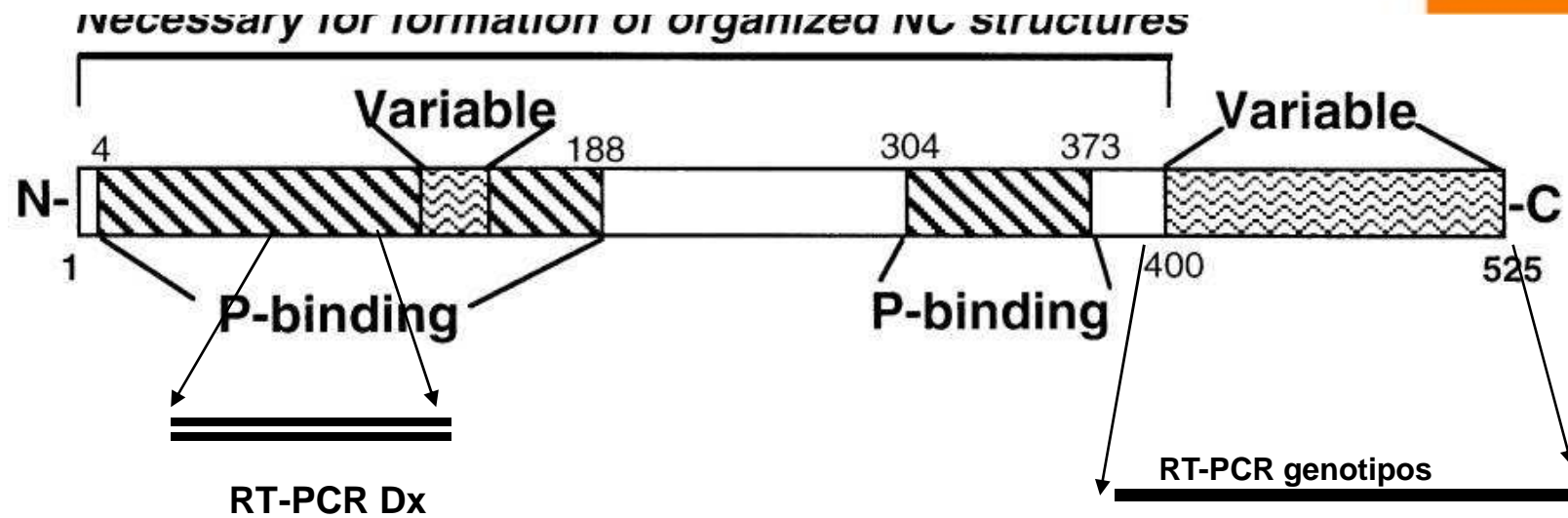
SALUD

- Identificación de Anticuerpos IgM, IgG (Se solicita segunda muestra en caso de positivos e indeterminados)
- Diagnostico para otras EFES (para descartar o confirmar casos de sarampión)
- Aislamiento viral (Muestras exudados faríngeos y Orinas)
- RT-PCR en punto final
- Genotipificación
- Envío de muestras positivas al CDC como parte del control de calidad (se envían muestras negativas, positivas e indeterminadas total 20 muestras para cada diagnostico) y se reciben paneles de eficiencia para serología.
- Elaboración de paneles de eficiencia por parte de lab. De EFES (sólo serología) para la red nacional de LESP (31 estados).
- Cursos de entrenamiento en las técnicas serologicas e información para el proceso de eliminación del sarampión en el continente americano (LESP y laboratorios de apoyo al SINAVE)

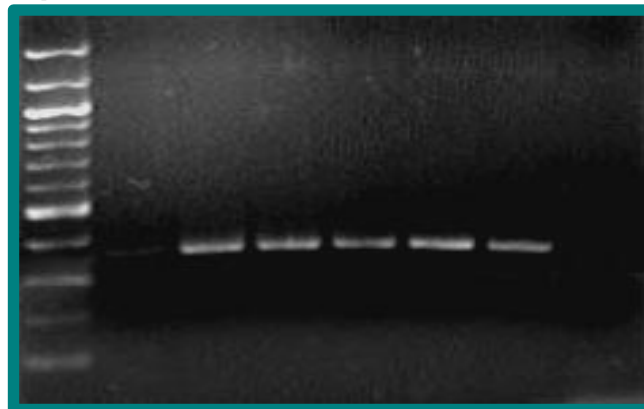




SALUD



Mpm 1 2 3 4 5 C+ C-



348pb gen N





Sarampión

Serología

Año	No. Muestras procesadas	Positivas	Negativas
2008	2988	0	2988
2009	1572	0	1572
2010	1416	0	1416
2011	1055	1	1054



Aislamiento viral

Año	Muestras procesadas Sarampión
2008	1652
2009	1272
2010	1435
2011	1018

Departamento de Virología Laboratorio de EFES

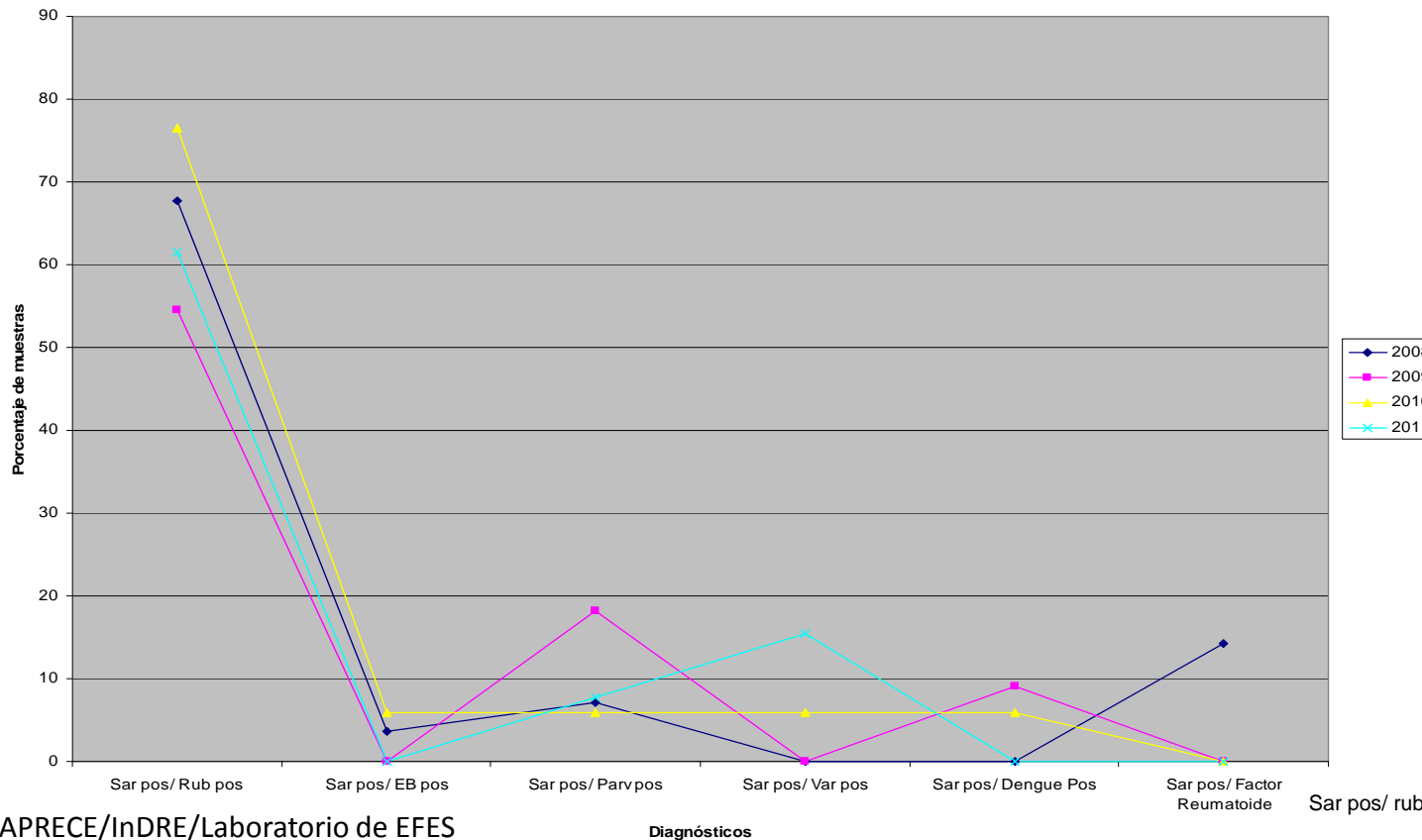


SALUD

EPIDEMIOLOGIA
InDRE

La prevalencia baja de la enfermedad induce pérdida de valor predictivo del diagnóstico serológico aún con especificidad > 90%

Reacciones cruzadas durante 2008-2011



Sar pos/ rub pos= postvacunal

Fuente: SS/CENAPRECE/InDRE/Laboratorio de EFES



SALUD

AGENDA

- ANTECEDENTES HISTORICOS
- ALGORITMOS DE LABORATORIO
- ¿Cómo HACEMOS LA VIGILANCIA VIROLOGICA?
- **ESTUDIOS DE GENOTIPIFICACION**
- ¿Cuál ES LA NUEVA PROPUESTA DEL ALGORITMO DE LABORATORIO ?
- ESTUDIOS DE SEROPREVALENCIA PARA SARAMPION
- NUEVOS ESTUDIOS



- Los estudios de Epidemiología molecular son el componente clave en la verificación para a eliminación de sarampión
- **Un criterio par la verificación de la eliminación es la ausencia de genotipos endemicos por año.**
- Los datos genéticos en combinación con la información epidemiológica se puede utilizar para rastrear los patrones de transmisión e identificar las fuentes de infección

¿Qué datos de vigilancia virológica nos hablan acerca de los patrones de transmisión del sarampión



SALUD

La transmisión endémica del sarampión: la variación en la secuencia de nucleótidos (no idénticos; linajes distintos) se observan en el genotipo endémico

- Eliminación del sarampión:
 - Son pocos los casos
 - No hay un patrón geográfico o temporal de casos esporádicos
 - Varios genotipos importados sin el genotipo endémico
- Reintroducción interrupción de la transmisión de los siguientes: propagación rápida del virus del sarampión idénticos o casi idénticos (difieren en aproximadamente 1 de nucleótidos, gen N)



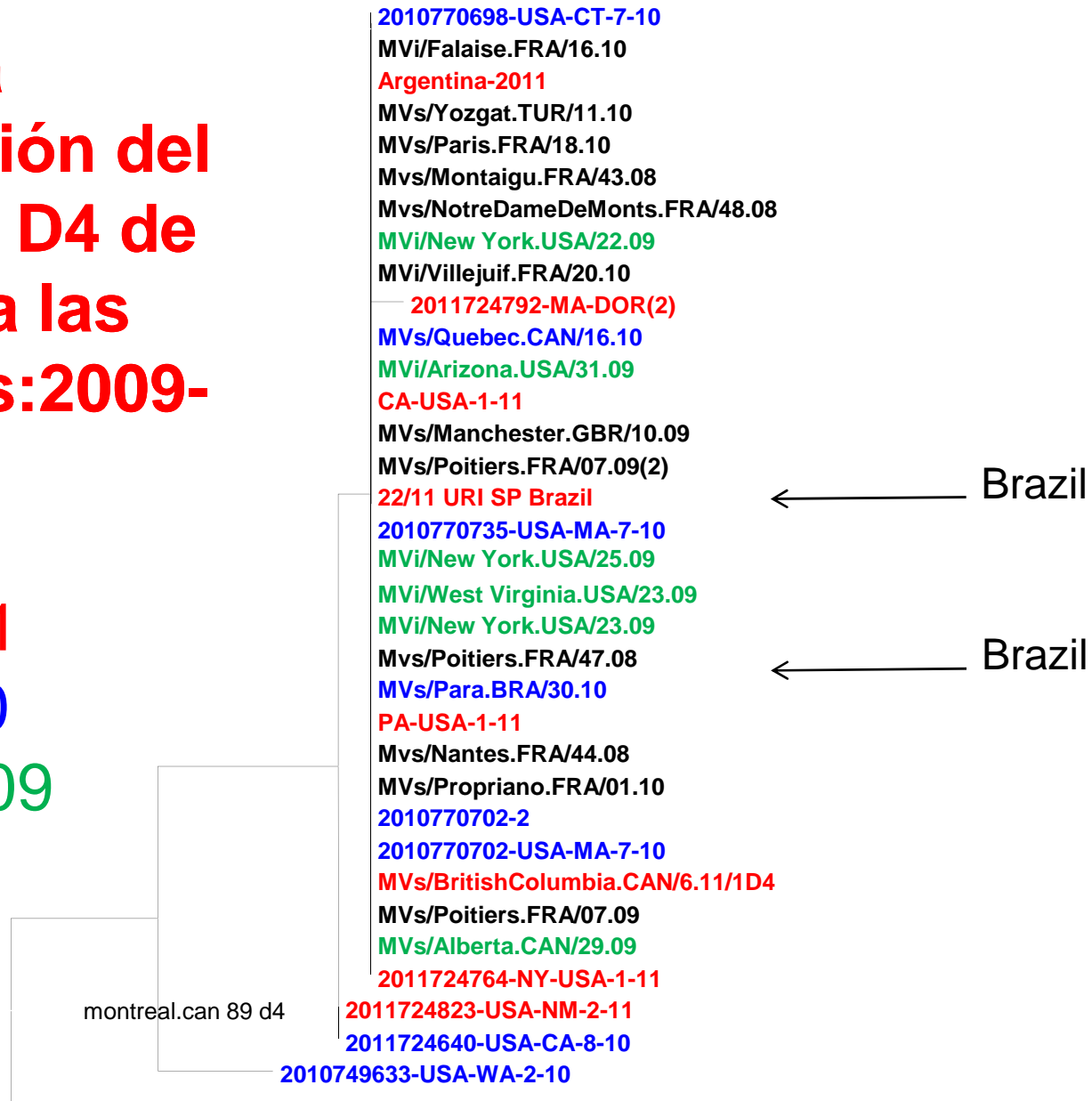
SALUD

Breve Resumen: América

- El último brote endémico ocurrió en 2001 en Venezuela con el genotipo D9.
- Los datos moleculares apoyan la evidencia de que la fuente era fuera del continente americano.
- Genotipo D9 es endémico en algunos países del sudeste asiático.
- Existen datos epidemiológicos recopilados entre 2001 y 2010 que documentan la ausencia de un genotipo endémico en el continente Americano.

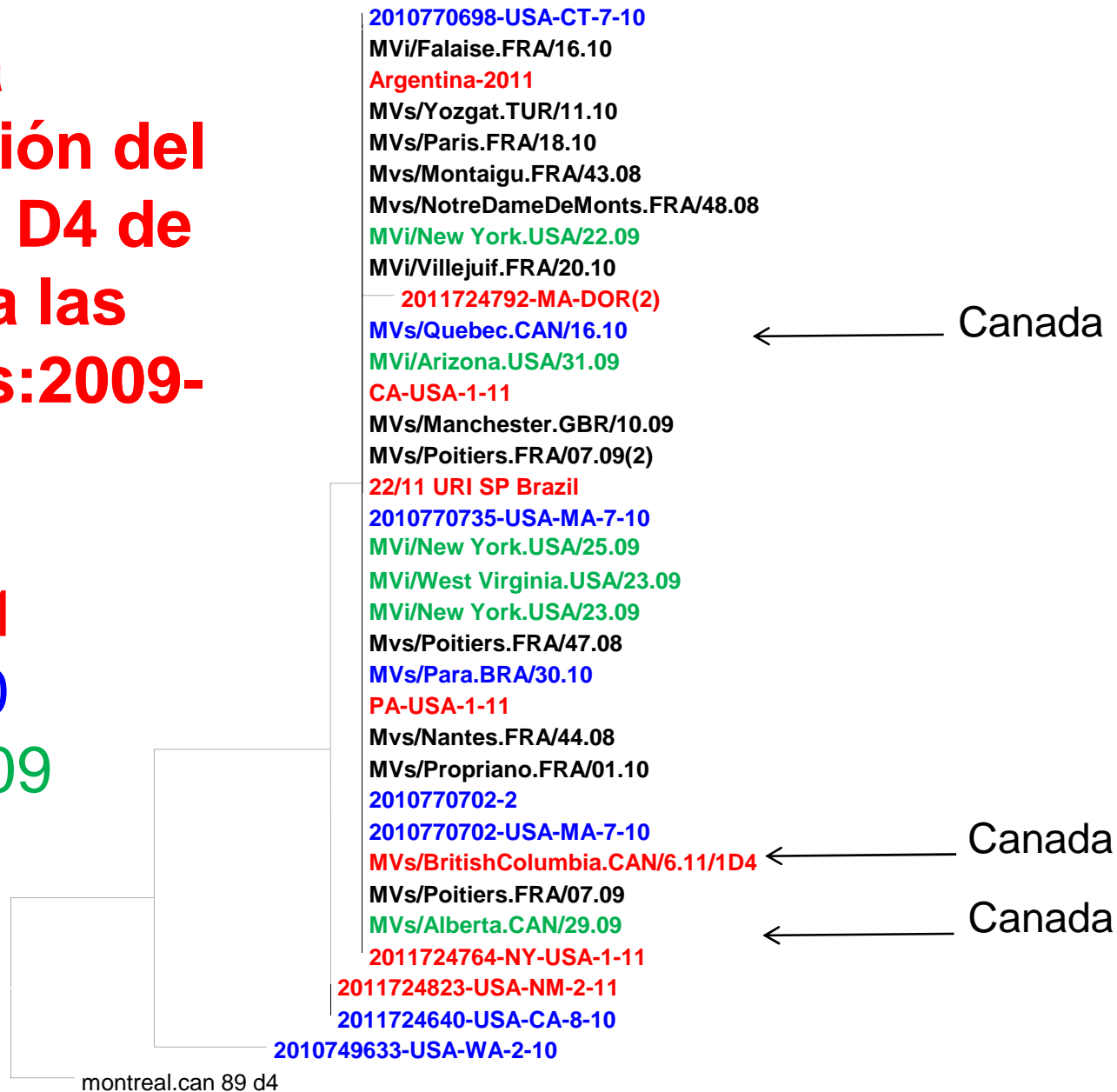
Continua Importación del genotipo D4 de Europa a las Americas:2009- 2011

Rojo-2011
azul-2010
verde-2009



Continua Importación del genotipo D4 de Europa a las Americas:2009- 2011

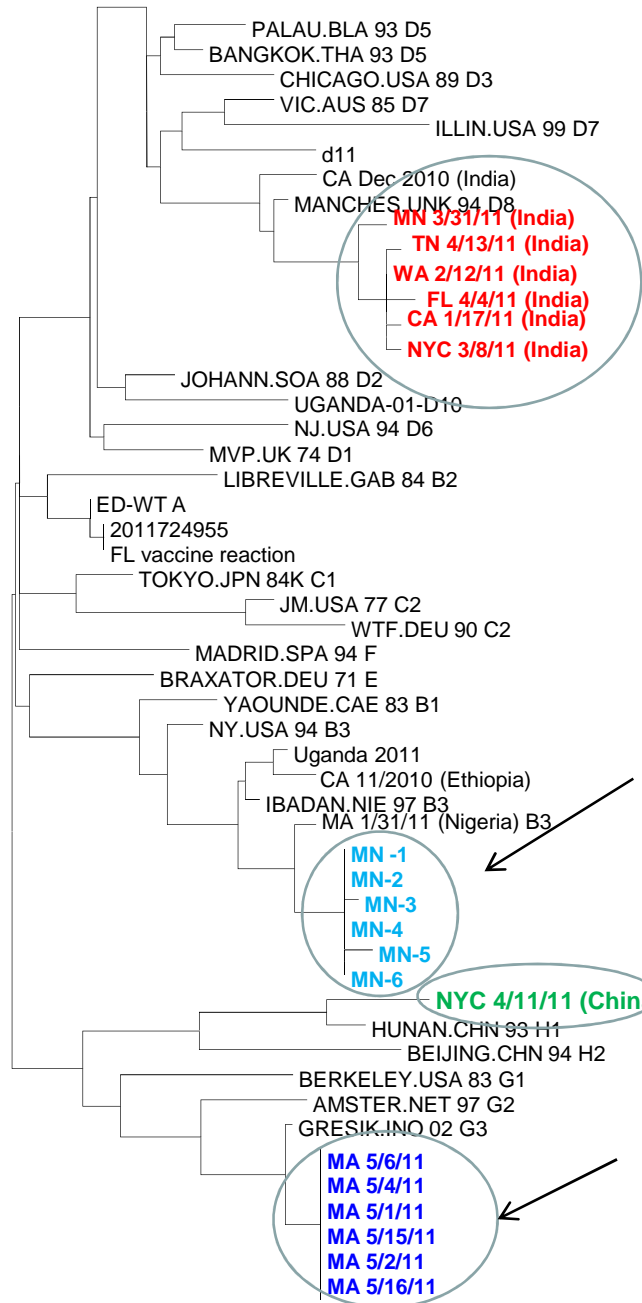
Rojo-2011
azul-2010
verde-2009



Continua Importación del genotipo D4 de Europa a las Americas:2009- 2011

Rojo-2011
azul-2010
verde-2009





D8 de India

Brote en Minnesota, Feb-Abr, B3, de Kenya

1 importado de China en NYC, H1

6 casos en Massachusetts in May, 2011
La fuente es desconocida, G3

Genotipos D8, B3, H1 y G3 fueron también detectados en EU en 2011



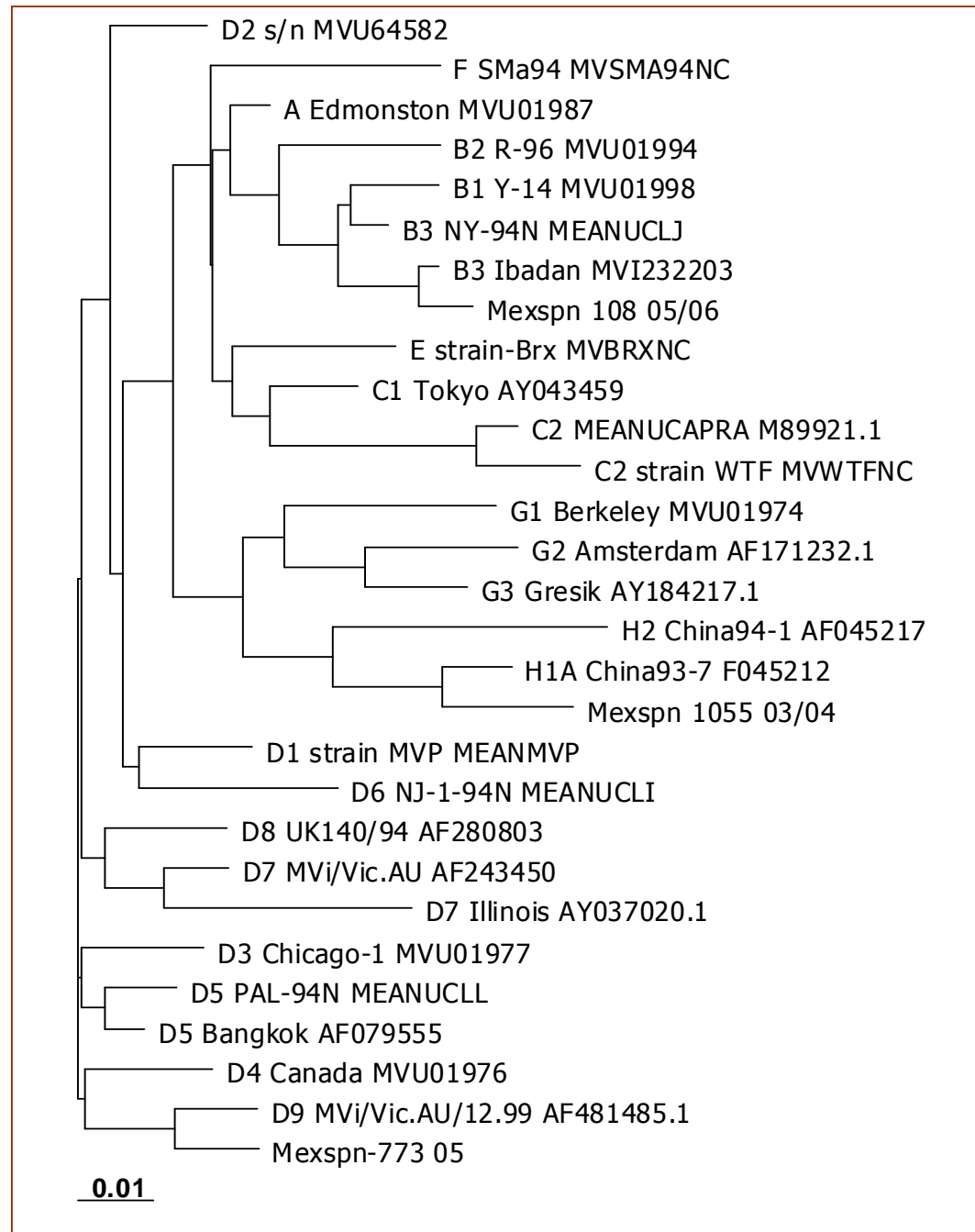
Genotipos circulante de Sarampión en México 2000-2011

Año	2000	2001	2002	2003	2004	2005	2006	2007	2008	2009	2010	2011
Casos	30	3	0	44	64	6	23	0	0	0	0	1
Genotipo	* D6	----	----	H1	H1	D9 y B3	B3	---	---	---	---	D4

Fuente: SS/Cenaprece/DGE/InDRE/Laboratorio de EFES/Laboratorio de Genoma de patogenos

*Identificado en CDC de Atlanta

Relación filogenética entre las cepas de sarampión circulantes en 2003-2006 y las cepas de referencia establecidas por la OMS: El árbol filogenético esta basado en la región 3' del gen N.





SALUD

Identical Genotype B3 Sequences from Measles Patients in 4 Countries, 2005

Jennifer Rota,* Luis Lowe,* Paul Rota,* William Bellini,* Susan Redd,* Gustavo Dayan,* Rob van Binnendijk,† Susan Hahné,† Graham Tipples,‡ Jeannette Macey,§ Rita Espinoza,¶ Drew Posey,* Andrew Plummer,* John Bateman,* José Gudino,# Edith Cruz-Ramirez,# Irma Lopez-Martinez,# Luis Anaya-Lopez,** Teneg Holy Akwar,†† Scott Giffin,†† Verónica Carrión,†† Ana María Bispo de Filippis,‡‡ Andrea Vicari,‡‡ Christina Tan,§§ Bruce Wolf,§§ Katherine Wytovich,§§ Peter Borus,¶¶ Francis Mbugua,¶¶ Paul Chege,¶¶ Janeth Kombich,¶¶ Chantal Akoua-Koffi,## Shellagh Senit,*** Henry Bukonya,††† Josephine Owogi,††† Frederick Ndhoga Baliraine,††† Jacques Kramer,††† Claude Müller,††† and Sabine Santibanez§§§

Surveillance of measles virus detected an epidemiologic link between a refugee from Kenya and a Dutch tourist in New Jersey, USA. Identical genotype B3 sequences from patients with contemporaneous cases in the United States, Canada, and Mexico in November and December 2005 indicate that Kenya was likely to have been the common source of virus.

Identification of measles virus genotypes is a valuable tool for epidemiologic investigations and evaluation of control activities in countries that have eliminated indige-

nous measles. Many of the 23 recognized genotypes of measles are associated with countries or regions with endemic measles (7). Measles genotypes in clade B (genotypes B1, B2, B3) are associated with endemic circulation of measles in various countries in sub-Saharan Africa (7). The prototype clade B viruses were isolated in 1983 in Cameroon (B1) and in 1984 in Gabon (B2). Hanas et al. (7) proposed a new genotype, B3, after characterization of several viruses collected in 1997 and 1998 in Ghana and Nigeria. Sequencing studies of additional viruses from Africa demonstrated that the proposed subdivision of the B3 viruses into subgroups B3.1 and B3.2 was epidemiologically useful for describing 2 distinct clusters of contemporary B3 viruses (4,5).

Because measles is highly infectious, international travel originating from measles-endemic areas can result in sporadic cases of measles in countries that have eliminated indigenous transmission. International visitors may infect other travelers while moving through transportation hubs or tourist areas; such cases would not be detected unless the traveler sought medical attention or additional cases were detected. Thus, in many of these instances, the source of virus is unknown. We describe the contribution of global surveillance for measles virus genotypes in identifying a common source of virus among contemporaneous cases identified in the United States, Canada, Mexico, and the Netherlands.

The Study

On November 9, 2005, a 17-year-old man who arrived at the airport in Newark, New Jersey, United States, had symptoms consistent with measles. The man was part of a group of 148 refugees from the Eastleigh community in Nairobi, Kenya, who arrived in the United States from November 3 through 15. Genotype B3 (subgroup B3.1) was identified from virus samples from this patient; the sequence was identical to sequences from measles viruses collected in Nairobi and Machakos, Kenya, in October 2005 (Figure). All but 1 of the 6 viruses collected from Nairobi (Figure, MVN/Nairobi KEN xx.05) were from patients from the Eastleigh area of Nairobi, where an outbreak of measles had been reported in the Somali and Ethiopian communities (6).

Also in November 2005, a single case of measles was reported in the Netherlands. This patient had visited New York City, returned to the Netherlands on November 15, noted a rash on November 23, and was hospitalized with pneumonia and fever on November 24. The initial investigation focused on potential settings where exposure may have occurred in New York City. The source of infection was traced to an unrecognized exposure to the patient in New Jersey only after analysis of the Netherlands viral sequence demonstrated complete identity with the New



Epidemiología Molecular del Sarampión en México 2003-2006

José Ernesto Ramírez González, Elizabeth González Durán, Edith Cruz Ramírez, Claudia Wong Arámbula, Norma Beatriz Mejías, Belén Torres Laraque, Abel Puentes Silva, César Herrera Bautista, Irma López Martínez, Ignacio F Villaseñor Ruiz y José Carmen Guadalupe Rosales. Laboratorio de Genética de Patógenos y Departamento de Virología, Instituto de Diagnóstico y Referencia Epidemiológicos (IDIRE) - Secretaría de Salud.

INTRODUCCIÓN

El sarampión es una enfermedad muy contagiosa producida por el parvovirus. La infección suele cursar con fiebre, erupción y complicaciones como neumonía, otitis, meningitis y/o muerte. Para el ser humano existen durante los primeros meses de vida, cuando comienza a ser un grupo de anticuerpos, principalmente inmunes de 1 año de edad y adultos mayores, que mantienen la capacidad de luchar en la infección. La epidemia de sarampión en México tiene como característica importante el desarrollo de brotes recurrentes de casos, así como de epidemias recurrentes para la identificación y caracterización genética de los virus circulantes. El presente trabajo muestra los hallazgos de sarampión durante los meses de vigilancia epidemiológica en México, 2003-2006.

OBJETIVO

Estimar el desarrollo y caracterización de virus de sarampión en los meses comprendidos en México durante el periodo 2003-2006.

MÉTODOS

Se aislaron muestras de casos, se realizaron pruebas y se efectuaron los análisis moleculares de los virus.

Como resultado, se detectó un brote de sarampión en el mes de agosto en México durante 2005. Desde entonces se reportaron brotes recurrentes en la zona.

NT-PCR. Se aislaron virus de sarampión en el laboratorio de sarampión de la Secretaría de Salud. Los virus se analizaron por RT-PCR utilizando los primers de la literatura (14). Mediante un análisis de 148 secuencias de 148 casos de sarampión en México durante el periodo 2003-2006 se detectó un brote de sarampión en el mes de agosto en México durante 2005 y se reportaron brotes recurrentes en la zona.

Conclusiones. Los brotes de sarampión en México durante el periodo 2003-2006 se caracterizaron por ser recurrentes y por ser de tipo B3.1. Los brotes de sarampión en México durante el periodo 2003-2006 se caracterizaron por ser recurrentes y por ser de tipo B3.1.

Desarrollo. La OMS recomienda implementar la vacuna de DTP de 18 meses y de 3 años. En México se implementó la vacuna de DTP de 18 meses y de 3 años en 2003. La vacunación de DTP de 18 meses y de 3 años en México se implementó en 2003. La vacunación de DTP de 18 meses y de 3 años en México se implementó en 2003.

CONCLUSIONES

Entre 2003-2006 se presentaron 124 brotes de sarampión por sarampión en México. Los brotes de sarampión en México durante el periodo 2003-2006 se caracterizaron por ser recurrentes y por ser de tipo B3.1.



Figura 1. RT-PCR de los fragmentos de ADN de los virus de sarampión en México durante el periodo 2003-2006. Se muestra el producto de PCR de 148 secuencias de 148 casos de sarampión en México durante el periodo 2003-2006.

Año	No. de casos	Subgrupo B3.1	Subgrupo B3.2	Subgrupo B3.3
2003	124	100	24	0
2004	124	100	24	0
2005	124	100	24	0
2006	124	100	24	0

Tabla 1. Resultados de sarampión en México durante el periodo 2003-2006.

Se realizó la secuenciación de 148 muestras de los virus de sarampión en México durante el periodo 2003-2006. Se realizó la secuenciación de 148 muestras de los virus de sarampión en México durante el periodo 2003-2006.

Al comparar una secuencia representativa de los diferentes brotes ocurridos con las secuencias de referencia recomendadas por la OMS para la identificación de genotipos, se identificó la presencia de los genotipos B3.1 y B3.2 durante el periodo de estudio. Los brotes de sarampión en México durante el periodo 2003-2006 se caracterizaron por ser recurrentes y por ser de tipo B3.1.



Figura 2. Filogenia de las secuencias de los virus de sarampión en México durante el periodo 2003-2006. Se muestra el producto de PCR de 148 secuencias de 148 casos de sarampión en México durante el periodo 2003-2006.

Conclusiones. Los brotes de sarampión en México durante el periodo 2003-2006 se caracterizaron por ser recurrentes y por ser de tipo B3.1. Los brotes de sarampión en México durante el periodo 2003-2006 se caracterizaron por ser recurrentes y por ser de tipo B3.1.

Correspondencia: Dr. José Ernesto Ramírez González, Laboratorio de Genética de Patógenos y Departamento de Virología, Instituto de Diagnóstico y Referencia Epidemiológicos (IDIRE) - Secretaría de Salud, Av. Cuernavaca 380, Cuernavaca, Morelos, México. Correo electrónico: jeramirez@idire.salud.gob.mx

Análisis de Identidad en el NCBI

Nucleotide sequence (634 letters)

Query ID: 0112887
 Description: Para
 Molecular type: nucleic acid
 Query length: 634

Database Name: F7
 Description: All GenBank+EMBL+DDBJ+PDB sequences (but no EST, STS, UDS, unsequenced samples or phase 4, 1 to 2 HTGS sequences)
 Program: BLASTN 2.2.30+ (rCG200)

Other reports: Search Summary (Taxonomy reports) | Download links of results



Accession	Description	Max score	Total score	Query coverage	E value	Max ident	Links
HM196167.1	Measles virus strain MVs/Yozgat.TUR/11.10/04 nucleoprotein gene, parts	1083	1083	92%	0.0	99%	
U012146.1	Measles virus nucleocapsid protein (N) gene, partial cds	1080	1080	91%	0.0	99%	
U012120.1	Measles virus strain MVs/Pyrgos.GRC/9.10[04] nucleocapsid protein gene	1080	1080	91%	0.0	99%	
AF148725.1	Measles virus partial gene for Nucleocapsid protein, isolate 240709331, ge	1080	1080	91%	0.0	99%	
U012105.1	Measles virus strain MVs/Thess.GRC/4.10 nucleoprotein (N) gene, partial s	1064	1064	91%	0.0	99%	
U012110.1	Measles virus strain MVs/Pyrgos.GRC/19.10[04] nucleocapsid protein gen	1062	1062	91%	0.0	99%	
U012133.1	Measles virus strain MVs/Crete.GRC/17.10[04] nucleocapsid protein gene	1062	1062	91%	0.0	99%	
U012124.1	Measles virus strain MVs/Pyrgos.GRC/13.10/2[04] nucleocapsid protein g	1062	1062	91%	0.0	99%	
U012123.1	Measles virus strain MVs/Pyrgos.GRC/13.10/1[04] nucleocapsid protein g	1062	1062	91%	0.0	99%	
U012122.1	Measles virus strain MVs/Pyrgos.GRC/13.10/3[04] nucleocapsid protein g	1062	1062	91%	0.0	99%	
U012121.1	Measles virus strain MVs/Amakada.GRC/12.10[04] nucleocapsid protein g	1062	1062	91%	0.0	99%	
U012107.1	Measles virus strain MVs/Istanbul.TUR/20.10/04 nucleoprotein gene, part	1059	1059	91%	0.0	99%	
U012128.1	Measles virus strain MVs/Athens.GRC/23.10/3[04] nucleocapsid protein g	1057	1057	91%	0.0	99%	
U012129.1	Measles virus strain MVs/Athens.GRC/23.10/2[04] nucleocapsid protein g	1057	1057	91%	0.0	99%	
U012127.1	Measles virus strain MVs/Athens.GRC/23.10[04] nucleocapsid protein gen	1057	1057	91%	0.0	99%	
AF481086.1	Measles virus genome: RNA, complete genome, strain: Y11va-23	1038	1038	100%	0.0	99%	
AF481087.1	Measles virus genome: RNA, complete genome, strain: Y11va6	1038	1038	100%	0.0	99%	
AF481088.1	Measles virus genome: RNA, complete sequence of Ichinose-Vero strain, v	1038	1038	100%	0.0	99%	
U012108.1	Measles virus strain MVs/Thess.GRC/1.10 nucleoprotein (N) gene, partial s	1033	1033	91%	0.0	99%	
U012132.1	Measles virus isolate D-VII, complete genome	1027	1027	100%	0.0	99%	
U012131.1	Measles virus isolate D-VI, complete genome	1027	1027	100%	0.0	99%	
U012130.1	Measles virus isolate David87, complete genome	1027	1027	100%	0.0	99%	
U012129.1	Measles virus isolate D-CEP, complete genome	1027	1027	100%	0.0	99%	
U012128.1	Measles virus isolate D-V/S, complete genome	1027	1027	100%	0.0	99%	
U01216.1	Measles virus Canada strain, nucleoprotein gene, complete cds	1027	1027	99%	0.0	99%	
U012143.1	Measles virus strain MVs/Pera.RNA/30.10 nucleoprotein (N) mRNA, partial	1024	1024	87%	0.0	100%	
U012097.1	Measles virus mRNA for nucleoprotein (partial MVs/Phnomhara 001/01-00)	1009	1009	81%	0.0	97%	
U012102.1	Measles virus strain MVs/Abdis Arabia.ETH/23.03 nucleocapsid protein gen	1008	1008	87%	0.0	99%	

```
>|qb|HM196167.1| Measles virus strain MVs/Yozgat.TUR/11.10/D4 nucleoprotein gene,
partial cds
Length=591
Score = 1083 bits (586), Expect = 0.0
Identities = 588/589 (99%), Gaps = 0/589 (0%)
Strand=Plus/Plus

Query 5      GCTATGCCATGGGAGTAGGAGTGGAACTTGAAAACTCCATGGGAGGTTTGAACCTTTGGTC 64
            |||
Sbjct 3      GCTATGCTATGGGAGTAGGAGTGGAACTTGAAAACTCCATGGGAGGTTTGAACCTTTGGTC 62

Query 65     GATCTTACTTTGATCCAGCATATTTAGATTAGGGCAAGAGATGGTGAGGAGGTCAGCTG 124
            |||
Sbjct 63     GATCTTACTTTGATCCAGCATATTTAGATTAGGGCAAGAGATGGTGAGGAGGTCAGCTG 122

Query 125    GAAAGGTCAGTTCACATTGGCATCTGAACTCGGTATCACTGCCGAGGATGCAAGGCTTG 184
            |||
Sbjct 123    GAAAGGTCAGTTCACATTGGCATCTGAACTCGGTATCACTGCCGAGGATGCAAGGCTTG 182

Query 185    TTTCAGAGATTGCAATGCATACTACTGAGGACAGGATCAGTAGAGCGGTTGGACCCAGAC 244
            |||
Sbjct 183    TTTCAGAGATTGCAATGCATACTACTGAGGACAGGATCAGTAGAGCGGTTGGACCCAGAC 242

Query 245    AAGCCCAAGTGTCAATTTATACACGGTGTCAAAGTGAAAATGAGCTACCAGGATTGGGGG 304
            |||
Sbjct 243    AAGCCCAAGTGTCAATTTATACACGGTGTCAAAGTGAAAATGAGCTACCAGGATTGGGGG 302

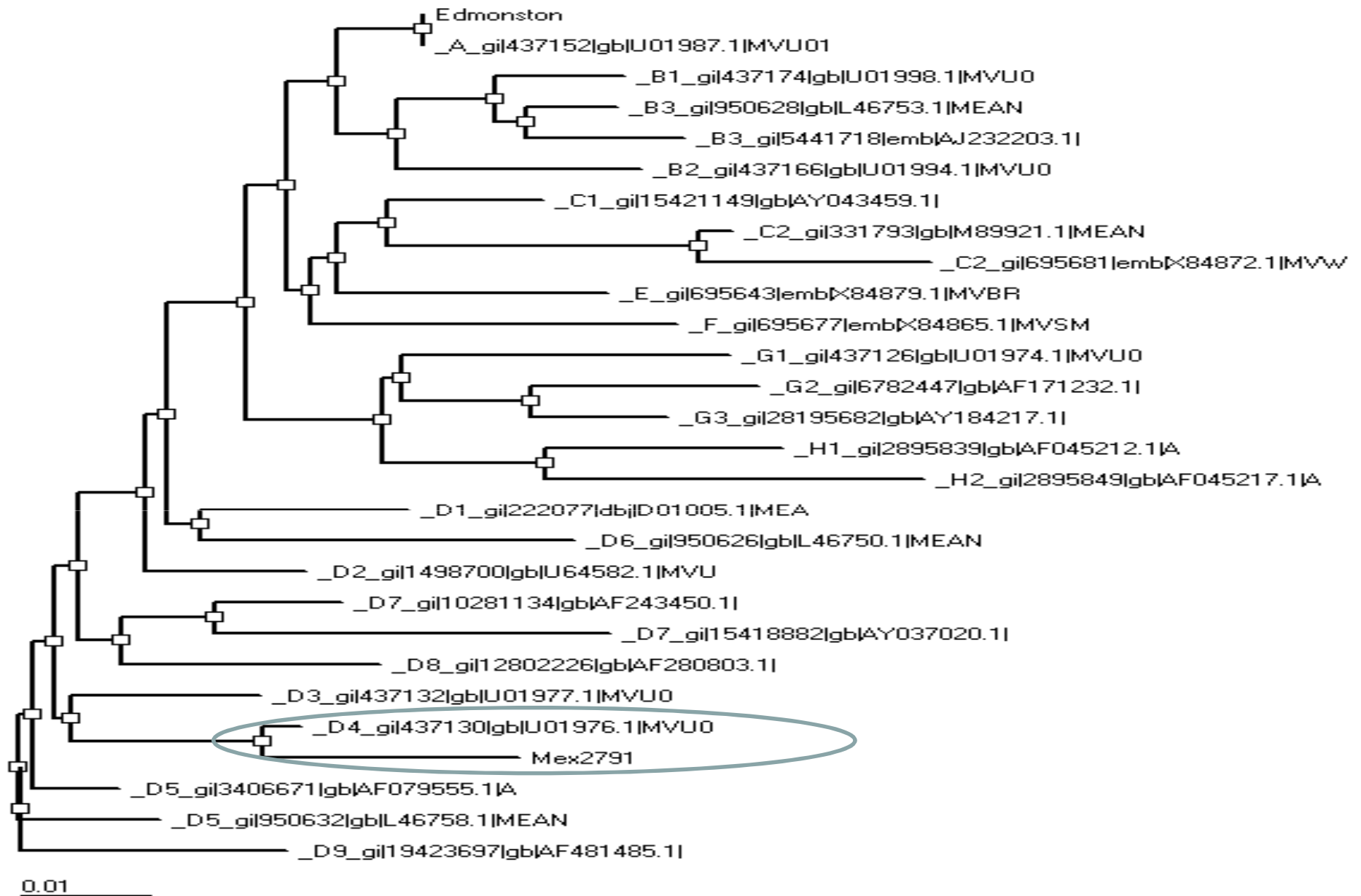
Query 305    GCAAGGAAGATAGGAGGGTCAAACAGGGTCCGGGGGAAGCCAGGGAGAGCTACAGAGAAA 364
            |||
Sbjct 303    GCAAGGAAGATAGGAGGGTCAAACAGGGTCCGGGGGAAGCCAGGGAGAGCTACAGAGAAA 362

Query 365    CCGGATCCAGTAGAGCAAGTGATGTGAGAGCTGCCCATCTTCCAATCAGCACTCCCCTAG 424
            |||
Sbjct 363    CCGGATCCAGTAGAGCAAGTGATGTGAGAGCTGCCCATCTTCCAATCAGCACTCCCCTAG 422

Query 425    ACGTTGACACTGCATCAGAGTCAGGCCAAGATCCGCAGGACAGTCGAAGGTCAGCTGACG 484
            |||
Sbjct 423    ACGTTGACACTGCATCAGAGTCAGGCCAAGATCCGCAGGACAGTCGAAGGTCAGCTGACG 482

Query 485    CCCTGCTCAGGTTGCAGGCCATGGCAGGAATCTTGGAAAGAACAAGGCTCAGATACAGACA 544
            |||
Sbjct 483    CCCTGCTCAGGTTGCAGGCCATGGCAGGAATCTTGGAAAGAACAAGGCTCAGATACAGACA 542

Query 545    TCTCTCGGGTGTACAATGACAAAGATCTTCTAGACTAGGTGCGGAGAGGC 593
            |||
Sbjct 543    TCTCTCGGGTGTACAATGACAAAGATCTTCTAGACTAGGTGCGGAGAGGC 591
```



Análisis Filogenético con las cepas de Referencia de la OMS. Se señala la secuencia Mex2791 la cual se agrupa al genotipo D4



SALUD

AGENDA

- ANTECEDENTES HISTORICOS
- ALGORITMOS DE LABORATORIO
- ¿Cómo HACEMOS LA VIGILANCIA VIROLOGICA?
- ESTUDIOS DE GENOTIPIFICACION
- **¿Cuál ES LA NUEVA PROPUESTA DEL ALGORITMO DE LABORATORIO ?**
- ESTUDIOS DE SEROPREVALENCIA PARA SARAMPION



SALUD

InDRE/RLESP

- Diagnóstico serológico completo EFES, pero al mismo tiempo realización de RT-PCR en tiempo real
- Utilización de pruebas de avidéz (sarampión/rubeola IgG)
- Pruebas de microneutralización
- Secuenciación (Genotipificación) RED
- Diagnóstico serológico IgM tanto para sarampión como para rubeola
- RT-PCR en tiempo real



SALUD

AGENDA

- ANTECEDENTES HISTORICOS
- ALGORITMOS DE LABORATORIO
- ¿Cómo HACEMOS LA VIGILANCIA VIROLOGICA?
- ESTUDIOS DE GENOTIPIFICACION
- ¿Cuál ES LA NUEVA PROPUESTA DEL ALGORITMO DE LABORATORIO ?
- ESTUDIOS DE SEROPREVALENCIA PARA SARAMPION



SALUD

Una de las estrategias para la eliminación del sarampión y la rubeola es realizar estudios de seroprevalencia que muestren la susceptibilidad de la población mexicana a la infección, así como el impacto de las campañas de vacunación.

el objetivo principal de este estudio es conocer la seroprevalencia de Sarampión y Rubéola en población mexicana de 2 a 60 años durante el año 2011. Para ello el estudio contempla: 2474 muestras

1. La determinación de los niveles de seroprotección contra el virus de sarampión utilizando la prueba de Neutralización por Reducción de Placas (NRP) en población vacunada contra Sarampión y
2. La determinar niveles de seroprotección contra el virus de Rubéola utilizando la prueba de ELISA en población vacunada contra Rubéola.



SALUD

Conclusiones:

•La vigilancia virológica-epidemiológica del virus del sarampión y la Epidemiología molecular

Permite la verificación de la eliminación en región de América

Mejora de la vigilancia virológica, la presentación oportuna de la información del genotipo

La incorporación de nuevas técnicas son fundamentales para la identificación del sarampión

Fortalecer los esfuerzos para obtener muestras virológicas tempranamente, incluyendo el uso de tipos de muestras recientemente validadas por los centros de colaboración de la OMS (manchas de sangre seca, saliva)

Estudios de seroprevalencia que apoyen de los programas de vacunación contra la rubéola/sarampión



SALUD

GRACIAS



- Laboratorio de EFES, Departamento de Virología
- Laboratorio de Pruebas moleculares, Departamento de Virología
- Laboratorio de genoma de patógenos, Departamento de Biología Molecular y Validación de técnicas.
- Red de Epidemiólogos del País
- Red de Laboratorios de Salud Pública del País