

Diferentes modelos de epidemiología genómica en tuberculosis: de las muestras de conveniencia al análisis integrado multinacional

Darío García de Viedma

Servicio de Microbiología. Hospital Gregorio Marañón. Instituto de Investigación Sanitaria Gregorio Marañón. Madrid.

Correspondencia:

Darío García de Viedma

E-mail: dgriedma2@gmail.com

Enf Emerg 2026;25(3):179
doi: 10.18176/enfemerg.0053

La epidemiología genómica ha demostrado ofrecer un nivel de resolución sin precedentes para identificar con precisión las cadenas de transmisión en tuberculosis (TB). Sin embargo, esta superioridad analítica debe de ir acompañada de una estrategia que garantice la aplicación de secuenciación de genoma completo de modo sistemático, universal, a todos los casos diagnosticados en una población¹. Solo así es posible minimizar la pérdida de casos implicados en los clusters más relevantes en cada contexto.

Además de aportarnos un análisis esencial para la comprensión de los entornos de transmisión activa, la epidemiología genómica con base poblacional nos ha permitido detectar eventos de transmisión, tanto en el entorno nosocomial como comunitario que muy difícilmente hubieran podido ser identificados sin su ayuda. Esto es posible gracias a la comparación agnóstica de las secuencias procedentes de las cepas de *M. tuberculosis* aisladas de todos los casos de la población, que desvela a pacientes que comparten una misma cepa sin que haya entre ellos un vínculo epidemiológico obvio.

Al margen de las poblaciones que gozan en nuestro país de una sistemática de análisis genómico universal de los casos de TB, debemos de ocuparnos asimismo de encontrar alternativas analíticas para los entornos en los que únicamente podemos disponer de datos genómicos más fraccionados, derivados del análisis de muestras de conveniencia. A partir de estos estudios parciales también podemos obtener resultados de interés que, al menos, nos permitan identificar parte de las cadenas de transmisión de una población o prestar especial atención a la caracterización de determinadas cepas resistentes relevantes. Una vez identificadas estas cadenas de transmisión incompletas, derivadas del estudio de muestras de conveniencia, hemos desarrollado atajos analíticos para poder rastrear, entre los casos no secuenciados, los eslabones que faltan en esas cadenas de transmisión². Esta estrategia descansa en la aplicación de PCRs dirigidas a SNPs marcadores de las cepas que hemos identificado implicadas en estos clusters incompletos, derivados del estudio de muestras de conveniencia sin carácter poblacional.

Pero volviendo, al estudio de poblaciones completas, ¿es suficiente con asegurar la secuenciación de todas las cepas de una población? Nuestro escenario epidemiológico actual se caracteriza por la movilidad de individuos entre territorios, y por tanto es el momento de ir más allá del estudio independiente de poblaciones. Si perseguimos no perder la identificación de una parte de las transmisiones de la TB, debemos de integrar, dentro de un mismo país, los análisis genómicos de diferentes poblaciones². Y continuando con esta misma línea de pensamiento, si entendemos que debemos de borrar los límites geográficos entre poblaciones de un mismo país para pasar a la integración de datos genómicos de diferentes territorios, ¿no deberíamos asimismo no detenernos en las fronteras nacionales y dar un salto definitivo al análisis integrado internacional? En estos momentos, contamos con redes de colaboración que nos van a permitir no solo abordar un análisis integrado de las poblaciones de nuestro país que ya cuentan con datos genómicos sistemáticos, sino entre países vinculados epidemiológicamente por pertenecer a un mismo eje migratorio, tanto en EU como en Latinoamérica. Demos los primeros pasos de lo que será la última revolución en el modo en el que abordamos la vigilancia de la transmisión de la TB: el análisis global de la transmisión de una enfermedad que es, definitivamente, global.

Bibliografía

1. Rodríguez-Grande C, Vallejo-Godoy S, Martínez-Lirola M, Saleeb SM, Herranz M, Buenestado-Serrano S, *et al.* Long-term refined genomic analysis of tuberculosis clusters to distinguish between ongoing transmission, reactivations or diagnostic delays, Almería, Spain, 2003 to 2024. *Euro Surveill.* 2026 Mar;31(11):2500301. doi: 10.2807/1560-7917.ES.2026.31.11.2500301.
2. Sheri M. Saleeb, Silvia Vallejo-Godoy, Andrea Marcos Abellán, Pilar Barroso-García, Marta López-Llaria, Miguel Martínez-Lirola, *et al.* Tuberculosis enhanced transmission due to interterritorial mobility and prolonged diagnostic delay: A call for an integrated genomic analysis. *International Journal of Infectious Diseases.* 2026. ISSN 1201-9712. doi: 10.1016/j.ijid.2026.109061.