

Un modelo predice que la tuberculosis aumentará en el futuro

La incidencia de tuberculosis en el mundo se incrementará en las próximas décadas, según el modelo de propagación de la enfermedad desarrollado por investigadores de la Universidad de Zaragoza. Como novedad, el modelo considera los efectos del envejecimiento de la población y patrones de contacto entre distintos grupos de edad.

SINC

23/3/2018 11:00 CEST



La Universidad de Zaragoza, con Carlos Martín a la cabeza, trabaja en una nueva vacuna candidata a sustituir a la actual. / Unizar

Científicos de la Universidad de Zaragoza han diseñado un novedoso modelo epidemiológico de transmisión de la tuberculosis (TB), el más completo existente hasta la fecha, que incluye los efectos reales del envejecimiento de la población y de los patrones de contacto en la dinámica de transmisión de la enfermedad. El trabajo se acaba de publicar en la revista *Proceedings of the National Academy of Sciences (PNAS)*.

Este estudio, cuya publicación coincide con la conmemoración del Día Mundial de la Lucha contra la Tuberculosis este sábado 24 de marzo, tendrá aplicaciones importantes para el diseño óptimo de campañas de vacunación y mejoras en el control. Según los autores, será decisivo ante los datos de la

OMS que estiman que esta enfermedad infecciosa ha sido la responsable, solo durante el transcurso del año 2016, de más de 1,5 millones de muertes a nivel mundial, la mayor parte en los países subdesarrollados. Estas dramáticas cifras sitúan a la TB, junto con el SIDA y la malaria, en el pódium de las enfermedades infecciosas más mortíferas existentes en la actualidad.

Al considerar el envejecimiento poblacional, el modelo predice un ascenso en la incidencia de tuberculosis con respecto a los pronósticos sobre poblaciones que no envejecen

Uno de los principales resultados del trabajo es que la incidencia de la TB a nivel mundial podría aumentar en las próximas décadas si no se tienen en cuenta aspectos claves como el envejecimiento poblacional. Este factor tiene un efecto inesperado en la modelación de esta enfermedad, pues su introducción en los modelos predice un ascenso en los niveles de incidencia de la enfermedad con respecto a los pronósticos producidos en poblaciones que no envejecen.

Este resultado podría implicar que el descenso en la incidencia observado desde inicios de este siglo en todo el mundo podría frenarse, o incluso revertirse en algunas áreas (especialmente aquellas cuyas poblaciones van a envejecer más pronunciadamente en las próximas décadas), y dar lugar a un nuevo incremento de la prevalencia de la enfermedad a nivel mundial.

Por otro lado, los investigadores incorporan en su formalismo datos recientes basados en encuestas sobre patrones de contacto entre grupos de edad, introduciendo por primera vez en el estudio de propagación de la TB lo que ya se había implementado con éxito en la modelación de otras enfermedades respiratorias transmisibles como la gripe.

La dificultad de la investigación realizada radica en que los modelos matemáticos de propagación de enfermedades infecciosas deben integrar datos geodemográficos, epidemiológicos y sociológicos para simular la dinámica de transmisión del patógeno entre individuos.

Dejar atrás viejos modelos

Los modelos con los que se contaba antes de este estudio tenían limitaciones a la hora de describir de manera precisa la relación entre demografía y transmisión de la TB. Específicamente, estos modelos que se usaban para pronosticar el nivel de incidencia de la enfermedad a escalas supranacionales, operaban bajo el supuesto de estructuras demográficas estáticas y asumían que las interacciones entre individuos que transmiten el patógeno ocurren homogéneamente entre todos los grupos de edad.

El estudio tendrá aplicaciones importantes para el diseño óptimo de campañas de vacunación y mejoras en el control de la enfermedad

Los investigadores han logrado cuantificar cómo cambia la distribución de contagios entre grupos de edad cuando se abandona la hipótesis de que éstos son homogéneos, tal y como se asumía hasta ahora. De esta manera, también permite obtener estimaciones precisas del número de afectados, por la enfermedad, en cada grupo de edad.

Una vez que han desarrollado este nuevo modelo, los autores plantean aplicarlo a la optimización de campañas de vacunación, la evaluación y comparación de diferentes candidatos a vacunas y finalmente, para mejorar el diseño y resultados de ensayos clínicos con las nuevas vacunas.

En este contexto, la combinación de disciplinas tan dispares como la Inmunología, la Microbiología, la Epidemiología y las Ciencias de la Complejidad es clave para desarrollar nuevos modelos capaces de hacer pronósticos fiables sobre el impacto de la enfermedad y para evaluar la relación coste-beneficio de las intervenciones epidemiológicas en cauce.

Este estudio ha sido llevado a cabo por investigadores del Grupo de Redes y Sistemas Complejos (COSNET) del Instituto de Biocomputación y Física de Sistemas Complejos (BIFI) (Sergio Arregui, Yamir Moreno), en colaboración con el Grupo de Genética de Micobacterias de la Universidad de Zaragoza, perteneciente al CIBERES y al IIS Aragón (María José Iglesias, Sofía Samper,

Dessislava Marinova, y Carlos Martín) y el Hospital Sainte Justine de la Universidad de Montreal (Joaquín Sanz).

Referencia bibliográfica:

Sergio Arregui, María José Iglesias, Sofía Samper, Dessislava Marinova, Carlos Martin, Joaquín Sanz and Yamir Moreno. "Data-driven model for the assessment of Mycobacterium tuberculosis transmission in evolving demographic structures". [Proceeding of the National Academy of Sciences](#) (PNAS), 2018.

Derechos: **Creative Commons**

TAGS

TUBERCULOSIS | PROPAGACIÓN | MODELO | VACUNAS |

Creative Commons 4.0

Puedes copiar, difundir y transformar los contenidos de SINC. [Lee las condiciones de nuestra licencia](#)