

# Predicted strain coverage of a new meningococcal multicomponent vaccine (4CMenB) in Spain: analysis of the differences with other European countries

04/07/2016

*Abad R, Medina V, Stella M, Boccadifuoco G, Comanducci M, Bambini S, Muzzi A et al. PLOS ONE 2016;11:30150721*

Análisis descriptivo de 300 cepas de *N meningitidis* aisladas en enfermedad invasora en España entre 2009 y 2010, en cuanto al MLST (multilocus sequence typing), a la expresión de PorA y en cuanto a cobertura por MATS (meningococcal antigen typing system). Los resultados muestran una cobertura por MATS del 68.67% con cepa cubiertas por un, dos o tres antígenos vacunales del 51.33%, 15.33% y 2%, respectivamente. A título individual, la predicción de coberturas en las cepas es del 42%, 36.33%, 8.33% y del 1.33% para NHBA, fHbp, PorA y NadA, respectivamente. Por complejos clonales, las coberturas de los más frecuentes en los aislamientos son del 70.37%, 30.19% y 95.83% para los cc 269, 213 (20% de los aislamientos españoles en 2010) y 32, respectivamente. Los autores llaman la atención sobre los diferentes complejos clonales que circulan por Europa, lo que puede contribuir a las diferencias del MATS por países. Por otra parte, con el tiempo también puede variar la distribución de los mismos lo que a su vez puede acarrear cambios en la cobertura. Es por tanto, extremadamente importante la continua vigilancia y la monitorización de la expresión antigénica en aquellos países que tengan previsto la introducción de la vacuna antimeningocócica multicomponente

(4CMenB). En España concretamente, más importante si cabe ya que la mayoría de las cepas solo expresan un antígeno vacunal con el consiguiente riesgo de la aparición de mutantes de escape si son altas las coberturas de vacunación. Merece especial atención el seguimiento del complejo clonal cc213 por su incremento en los últimos años y la baja predicción de cobertura vacunal, aunque hay que tener en cuenta que los complejos clonales, per se, no pueden utilizarse para predecir la cobertura vacunal, ya que hay cepas que pertenecen al mismo cc con distinto perfil antigénico y cepas con el mismo perfil pero que pertenecen a distintos complejos clonales.

[\[más información\]](#)