DIA 16. MESA I. Brote del West Nile Virus (WNV) de Andalucía

Moderadores: Natalia Rodríguez. *Medicina Tropical y Salud Internacional. Servicio de Salud Internacional, Hospital Clínic de Barcelona. Investigadora IS Global, UB. Barcelona.*

Tomás Montalvo. Biólogo. Servicio de Vigilancia y Control de Plagas. Agència de Salut Pública de Barcelona. Barcelona. CIBER Epidiemología y Salud Pública (CIBERSP). Madrid.

Características clínicas de los pacientes afectados en el brote de WNV

Cristina Roca

Infectóloga. Unidad Clínica de Enfermedades Infecciosas, Microbiología y Medicina Preventiva. Hospital Universitario Virgen del Rocío. Sevilla.

Correspondencia: Cristina Roca

E-mail: cristinaroca85@gmail.com

La enfermedad del Nilo Occidental es una arboviriasis zoonótica emergente causada por un virus RNA del género *Flavivirus*. Los mosquitos del género *Culex* son los vectores más importantes en la transmisión del virus en Europa y las aves a las que infectan el principal reservorio. Los equinos y los humanos son huéspedes accidentales, no reservorios, al tener una viremia muy transitoria.

El virus del Nilo Occidental (VNO) se identifica por primera vez en humanos en 1937 en el distrito de West Nile de Uganda, desde entonces se ha extendido por África, Europa (incluyendo zona de Balcanes y Rusia), el continente americano y el Caribe. Aun siendo una enfermedad emergente en Europa, la transmisión entre aves y mosquitos y la detección de casos en humanos se remonta a los años 50 aunque de forma infrecuente. Desde entonces la descripción de casos y brotes esporádicos en humanos es constante, aunque intermitente en el tiempo, habitualmente en zonas rurales, pero también en urbanas¹.

Desde el año 2010 se ha producido en Europa un drástico aumento de casos en equinos (centinelas de la enfermedad por los casos de meningoencefalitis) y humanos. Los picos de incidencia en humanos ocurrieron en los años 2012 (937 casos), 2013 (785 casos), 2016 (481 casos), 2018 (máximo histórico con 1.549 casos), y año 2019 (425 casos)². Grecia, Italia, Rumanía y Hungría son los países con mayor incidencia acumulada. En el año 2020 se declararon un total de 316 casos humanos de VNO a través del Sistema Europeo de Vigilancia (TESSy) con una

mortalidad notificada de 12%. Los países notificantes fueron Grecia (143 casos), España (77 casos), Italia (66 casos), Alemania (13 casos), Países Bajos (7 casos), Rumanía (6 casos), Hungría (3 casos) y Bulgaria (1 caso)³.

Los casos de infección por virus del Nilo Occidental en humanos suelen ser infecciones leves o asintomáticas, pero un pequeño porcentaje de casos (1%) pueden presentar clínica de meningoencefalitis potencialmente fatal. La definición de caso confirmado precisa al menos uno de los siguientes criterios de laboratorio: a) detección de ácido nucleico viral (PCR) en orina, sangre o LCR; b) detección IgM específica en LCR o c) IgM+ específica en suero junto con IgG+. Los casos probables incluyen la detección única de IgM+ suero⁴.

Brote en España en verano año 2020

El brote de VNO en España del año 2020 con 77 casos notificados ha sido el mayor detectado en nuestra región hasta la fecha, mientras que en los últimos 10 años apenas se habían notificado 5 casos en total. Los casos fueron detectados en el transcurso de 3 meses (agosto-octubre) en la provincia de Sevilla, Cádiz y un único caso en la provincia de Badajoz que supone la descripción del primer caso autóctono de VNO en esta zona³.

Las características clínicas, epidemiológicas, diagnósticas y pronósticas de este brote en la provincia de Sevilla, con 59 casos, se discutirá en detalle durante la XI Jornada de Enfermedades Emergentes.

Bibliografía

- Bakonyi Tam.s, Haussig Joana M. West Nile virus keeps on moving up in Europe. Euro Surveill. 2020;25(46):pii=2001938. https://doi. org/10.2807/1560-7917.
- European Centre for Disease Prevention and Control. West Nile virus infection. In: ECDC. Annual epidemiological report for 2019. Consultado 21 mayo 2021. Disponible en: https://www.ecdc.europa. eu/sites/default/files/documents/AER-WNV-infection-2019.pdf
- European Centre for Disease Prevention and Control. Epidemiological update: West Nile virus transmission season in Europe, 2020 (16 Feb 2021). Consultado 21 mayo 2021. https://www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/west-nile-virus-infections-2020-transmission-season.
- 4. Protocolo para la vigilancia epidemiológica da la fiebre del Nilo occidental. Centro Nacional de Epidemiología. Instituto de Salud Carlos III. Protocolos de la Red Nacional de Vigilancia Epidemiológica. Madrid. 2020.

Presencia del WNV en vectores y reservorios durante el brote del 2020 en Andalucía

Jordi Figuerola

Estación Biológica de Doñana, Avda. Américo Vespucio 26, 41092 Sevilla; CIBER Epidemiologia y Salud Publica. Madrid.

Correspondencia: Jordi Figuerola E-mail: jordi@ebd.csic.es

El virus West Nile es un flavivirus transmitido entre las aves por distintas especies de mosquitos. Los humanos, al igual que la mayoría de especies de mamíferos constituyen fondos de saco epidemiológicos, es decir, aunque se pueden infectar por el virus West Nile, no son hospedadores competentes de este virus. Esto es debido a que las viremias en sangre no son lo suficiente elevadas para que un mosquito se infecte al alimentarse sobre humanos o caballos infectados. Tanto en humanos como en caballos la mayoría de infecciones son asintomáticas, pero en menos del 1% de los casos se puede producir una enfermedad grave causando encefalitis, meningoencefalitis y/o parálisis flácida, pudiendo producirse la muerte (Petersen et al. 2013). En las ultimas décadas se han sucedido distintos brotes del virus West Nile en Europa, al principio asociadas al Linaje I del virus. Sin embargo, en 2004 se detecta por primera vez el linaje 2 en Europa y desde entonces este linaje se ha ido expandiendo desde el este hacia el oeste de Europa (Rizzoli et al. 2015). En España, en 2004 se registra el primer caso documentado de enfermedad asociada al virus West Nile, produciéndose dos casos mas en 2010 y 3 en el 2016 (García San Miguel et al. 2021). Los estudios realizados por nuestro equipo en Andalucía vienen registrando la circulación anual del virus West Nile desde el 2003, detectándose serología positiva en aves residentes, caballos y la presencia del virus en

mosquitos (Rizzoli et al. 2015). Desde el 2010 la Junta de Andalucía viene comunicando brotes de muy variable intensidad en explotaciones de caballos en Andalucía occidental. Los estudios de la ecología de los mosquitos en Andalucía identificaron a Culex perexiquus y Culex pipiens como los principales transmisores del virus en la zona, con una menor contribución de Culex modestus (Muñoz et al. 2012; Ferraguti et al. 2021). Durante agosto del 2020 se produjo un importante brote del virus con 77 casos de infección grave en humanos y más de 130 explotaciones de caballos afectadas en las provincias de Sevilla, Huelva, Cádiz y Badajoz. Los casos en humanos se han concentrado principalmente en el Bajo Guadalquivir, una zona con extensivos cultivos de arroz. Al igual que en todos los años anteriores, el virus causante del brote pertenece al linaje I del virus. Desde antes del inicio del brote estábamos estudiando las poblaciones de mosquitos de la zona, lo que nos ha permitido constatar un importante aumento de la población de Culex perexiguus en la zona y un importante aumento en la intensidad de infección del virus West Nile en esta especie de mosquitos. También se detecto la presencia del virus en Culex pipiens (García San Miguel et al. 2021). Como parte de las actividades de seguimiento asociadas al brote hemos estudiado la prevalencia de anticuerpos frente al virus West Nile en distintas especies de aves tanto en zonas naturales como áreas urbanas.

Estos estudios de serología nos permitirán determinar en que áreas y especies fue mas intensa la circulación del virus *West Nile* en la zona. Los resultados de los estudios realizados en los últimos años confirman que el virus *West Nile* es endémico en Andalucía occidental lo que hace necesario reforzar los programas de vigilancia y control en la zona. Es importante implementar programas de control de vectores que eviten la proliferación de mosquitos en los núcleos habitados debido al riesgo de que se produzcan nuevos casos de infección por el virus *West Nile*, y otras zoonosis transmitidas por vectores, en estas áreas.

Referencias

 Ferraguti M, Heesterbeek H, Martínez de la Puente J, Jiménez-Clavero MA, Vázquez A, Ruiz S, Llorente F, Roiz D, Vernooij H, Soriguer R, Figuerola J. The role of different Culex mosquito species in the transmission of West Nile virus and avian malaria parasites in

- Mediterranean areas. *Transboundary and Emerging Diseases* 2021:68: 920-30.
- García San Miguel L, Fernández-Martínez B, Sierra MJ, Vázquez A, Julián P, García E, Gómez MB, Figuerola J, Lorusso N, Ramos JM, Moro E, de Celis A, Oyonarte S, Mahillo B, Romero L, Sánchez-Seco MP, Suárez B, Ameyugo U, Ruiz S, Pérez-Olmeda M, Simón F. Unprecedented increase of West Nile meningoencephalitis incidence in Spain. 2021. Eurosurveillance, en prensa.
- Muñoz J, Ruiz S, Soriguer R, Alcaide M, Viana DS, Roiz D, Vázquez A, Figuerola J. Feeding patterns of potential West Nile virus vectors in south-west Spain. *Plos One* 2012;7:e39549.
- Petersen LR, Brault AC, Nasci RS. West Nile virus: a review of the literature. *JAMA*. 2013;310:308-15.
- Rizzoli A, Jiménez-Clavero MA, Barzon J, Cordioli P, Figuerola J, Koraka P, Martina B, Pardigon N, Sanders N, Ulbert S, Tenorio A. The challenge of West Nile virus in Europe: knowledge gaps and research priorities. *Eurosurveillance*. 2015;20:21135.

Actuaciones de control vectorial frente al Virus West Nile (VWN) en el brote de Andalucía

Rubén Bueno Marí^{1,2}

¹Departamento de Investigación y Desarrollo (I+D), Laboratorios Lokímica, Paterna (Valencia), España. ²Área de Parasitología, Departamento de Farmacia y Tecnología Farmacéutica y Parasitología, Universitat de València. Burjassot (Valencia), España.

Correspondencia: Rubén Bueno Marí E-mail: rbueno@lokimica.es

El Virus West Nile (VWN), causante de la Fiebre del Nilo Occidental (FNO), es un flavivirus zoonótico cuyo ciclo primario de transmisión se mantiene entre aves y mosquitos esencialmente del género *Culex*. De forma ocasional puede darse un desbordamiento de dicho ciclo enzoótico habitual, produciéndose el fenómeno conocido como "spillover" en el cual otros hospedadores accidentales pueden verse envueltos en los ciclos de transmisión, como es el caso por ejemplo de humanos y caballos. Estos mamíferos actuarían como hospedadores de "fondo de saco", puesto que la viremia en ellos es muy baja y no pueden ser por tanto fuentes de infección ante nuevas picadas de mosquitos ni actuar en consecuencia como hospedadores amplificadores de la enfermedad¹.

Este arbovirus de origen africano, aislado por primera vez en 1937 en el distrito West Nile (Noroeste de Uganda), lleva desde finales del siglo XX manifestándose en el continente europeo, provocando episodios de mortandad en aves, caballos y humanos en diferentes países. En España, su presencia también es bien conocida desde finales del siglo XXI (Tabla 1).

En 2018 hubo un punto de inflexión en el impacto e interés por esta arbovirosis en el continente europeo, ya que se diagnosticaron 1.503 casos humanos en 11 países de la Unión Europea, provocando 181 fallecimientos. Sorprendentemente, ningún caso humano fue diagnosticado en España en dicho año, a pesar de que en años anteriores si había evidencia de la circulación del virus entre la población humana del sur de la Península Ibérica.

Tabla 1. Información y datos acerca de diferentes indicadores de la presencia del VWN en España durante el siglo XXI.

Evidencias de la circulación del VWN en España (2001-2020)

2001: Seroprevalencia en humanos en Sevilla (0.6%) y Delta del Ebro (0.2%).

2000-2005: Alta seroprevalencia en rapaces de Castilla-La Mancha. Detección del genoma vírico.

2003-2006: Seroprevalencia significativa en determinadas especies de aves en el bajo Guadalquivir.

2005-2007: Seroprevalencia significativa en caballos en libertad en Doñana.

2004: Primer caso clínico en humanos (Badajoz).

2004-2008: Genoma vírico en mosquitos de Huelva y Doñana.

2007: Primer aislamiento del WNV en España, aves silvestres (áquila real) de Castilla-La Mancha.

2010: Cádiz, primeros casos clínicos en caballos. Dos casos clínicos en humanos.

2010-2016 (caballos afectados en Andalucía): 40 + 12 + 4 + 40 + 6 + 19 + 63 = 184.

2016: 3 casos humanos en Sevilla

2020: "gran brote", 77 casos humanos (71 Andalucía y 6 en Extremadura). 7 fallecidos

Sin embargo, la alerta surgió en España en agosto de 2020, cuando se notificaron inicialmente 18 casos de meningoencefalitis vírica asociada al VWN en un par de municipios colindantes entre sí, de la región del Bajo Guadalquivir en la provincia de Sevilla. En la misma zona se sabía ya de la ocurrencia de 3 casos humanos en 2016, así como de la infección vírica de las poblaciones de mosquitos en áreas rurales de dicha área de influencia gracias a estudios de monitorización entomovirológica.

Esta situación epidemiológica provocó que desde el gobierno regional de la Junta de Andalucía se declarase a través de resolución urgente como Zona de Especial Intervención el área de las marismas del Bajo Guadalquivir de la provincia de Sevilla. Dicha resolución pudo establecer distintos escenarios de riesgo para planificar las intervenciones ambientales de control vectorial a implementar, dando soporte desde la administración supramunicipal a los municipios afectados por el brote en tareas de vigilancia y control de mosquitos, especialmente en zonas periurbanas y del medio natural dentro de sus términos municipales.

El primer paso clave a implementar en el marco de dichas intervenciones extraordinarias de control vectorial por el brote de VWN, fue la confección de un detallado Diagnóstico de Situación (DS) de las poblaciones de mosquitos en los términos municipales afectados. Sin un conocimiento preciso de los principales

criaderos larvarios y refugios habituales de mosquitos adultos, es imposible planificar actuaciones eficientes de control. Más allá de los criaderos urbanos de los mosquitos *Culex* (imbornales, fuentes ornamentales, etc.), cabe mencionar que las zonas afectadas destacan por presentar gran variedad de hábitats como arrozales, acequias de riego, marismas, áreas pantanosas, sistemas lagunares y terrenos de frecuente inundación fluvial, altamente propicios a la proliferación de estos dípteros de tanta trascendencia sanitaria.

Este DS tenía además que centrarse en la identificación de puntos críticos de control, no solo de las poblaciones en general de mosquitos culícidos, sino también en particular de las especies clave o focales de *Culex* que estaban participando en los ciclos de transmisión. La reducción de la especie o especies diana que facilitan las cadenas de infección es esencial para reducir el impacto del brote. En este sentido, estudios llevados a cabo en años anteriores en la zona apuntaban a *Culex pipiens y Culex perexiguus*, como las 2 especies más relevantes desde el punto de vista de la ecología del VWN^{2,3}. En consecuencia la determinación de los principales focos de cría y refugio de estas 2 especies, fue la gran prioridad del programa de control vectorial instaurado.

Los resultados preliminares señalaron una notable abundancia de *Cx. pipiens* en gran variedad de biotopos, tanto del medio natural como del ámbito urbano (incluyendo numerosos criaderos domésticos artificiales). Pero la situación más destacable fue la relativa a *Cx. perexiguus* (excelente vector enzoótico de la enfermedad), que se presentó como una especie dominante en términos de abundancia en hábitats muy extensos en la zona como los arrozales (tanto en tablas como en canales).

El control intensivo de los puntos de proliferación de ambos vectores, a través del empleo de biocidas debidamente registrados por el Ministerio de Sanidad para su uso en dichos contextos de intervención y ámbitos de aplicación, y priorizando en todo momento los criterios de decisión que abogaran por la selección del insecticida y técnica de aplicación más efectiva y de menor impacto medioambiental en cada caso, permitió una significativa reducción de las poblaciones de mosquitos en apenas unas semanas. Cabe indicar que, debido a que la situación epidemiológica se reprodujo también de forma similar posteriormente en diferentes municipios de la provincia de Cádiz, se procedió a aplicar la misma metodología de vigilancia y control vectorial allí para reducir el impacto de la arbovirosis, con resultados similares gracias al conocimiento de las áreas de vulnerabilidad del territorio desde el punto de vista de la proliferación de mosquitos, y las rápidas y eficaces medidas de lucha antivectorial implementadas.

El brote de 2020 en España se cerró con 77 casos humanos (71 en Andalucía y 6 en Extremadura) y 7 fallecidos⁴. A principios

Figura 1. A) Larva de Cx. pipiens (Fuente MosKeyTool, Medilab Secure), B) Larva de Cx. perexiguus (Fuente MosKeyTool, Medilab Secure), C) Tratamiento larvicida con mochila en humedal, D) Tratamiento larvicida con mochila en imbornal urbano, E) Pulverización larvicida en encharcamientos a través de atomizadores equipados en vehículo de intervención, F) Monitorización larvaria de mosquitos, G) Tratamiento adulticida por termonebulización, H) Aplicación adulticida a Ultra Bajo Volúmen.



de 2021, la Junta de Andalucía publicó su Programa de Vigilancia y Control Integrado de Vectores de la FNO, que pretende sentar las bases de los programas preventivos para el manejo ambiental de dicha arbovirosis en la Comunidad Autónoma en los próximos años⁵.

Bibliografía

- Bueno Marí R. & Jiménez Peydró R. Situación actual en España y eco-epidemiología de las arbovirosis transmitidas por mosquitos culícidos (diptera: culicidae). Rev Esp Salud Publica. 2010;84 (3):255-69. http://scielo.isciii.es/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1135-57272010000300004&Ing=es&nrm=iso
- 2. Muñoz J., Ruiz S, Soriguer R, et al. Feeding Patterns of Potential West Nile Virus Vectors in South-West Spain. *PLOS ONE* 2012:7(6): e39549. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0039549

- 3. Martínez-de la Puente J, Ferraguti M, Ruiz S. *et al.* Mosquito community influences West Nile virus seroprevalence in wild birds: implications for the risk of spillover into human populations. *Sci Rep* 2018;8:2599. https://doi.org/10.1038/s41598-018-20825-z
- 4. García San Miguel Rodríguez-Alarcón L, Fernández-Martínez B, Sierra Moros MJ, et al. Unprecedented increase of West Nile virus neuroinvasive disease, Spain, summer 2020. Euro Surveill. 2021;26(19):pii=2002010 https://doi.org/10.2807/1560-7917. ES.2021.26.19.2002010
- Programa de Vigilancia y Control Integral de Vectores de la Fiebre del Nilo Occidental (FNO). Boletín Oficial de la Junta de Andalucía, 48, 12 de marzo de 2021;92-149. https://www.juntadeandalucia.es/ boja/2021/48/BOJA21-048-00061-4156-01_00188057.pdf

Virus West Nile: Diagnóstico y caracterización viral

Ana Vazquez^{1,2}, Mayte Pérez-Olmeda¹, M^a Paz Sánchez-Seco¹

¹Laboratorio de Referencia e Investigación en Serología y Arbovirus. Centro Nacional de Microbiología. Instituto de Salud Carlos III. ²CIBER Epidemiología y Salud Publica. Madrid.

Correspondencia: Ana Vazquez E-mail: A.VAZOUEZ@isciii.es

El virus West Nile (VWN) es un arbovirus perteneciente a la familia Flaviviridae, género Flavivirus y se incluye en el serocomplejo del virus de la encefalitis japonesa, al cual pertenecen importantes virus productores de cuadros neurológicos como el virus de la encefalitis transmitida por garrapatas (en Europa), el virus de la encefalitis de San Luis (en América) o virus de la encefalitis de Murray Valley (en Australia). Fue descrito por pri¬mera vez en el distrito West Nile de Uganda en 1937 y en la actualidad es de distribución mundial. El virus se mantiene en la naturaleza en un ciclo selvático o rural en el que circula entre aves y mosquitos (principalmente del género Culex) siendo los humanos y caballos hospedadores accidentales del virus, ya que pueden infectarse, pero los niveles de viremia que se alcanzan en ellos no son suficientes como para infectar a un nuevo mosquito. Tras la picadura, el periodo de incubación de la infección es de 2-14 días. El 80% de las infecciones en humanos son asintomáticas y un 20% desarrollan un cuadro clínico, generalmente leve y autolimitado, que cursa como un síndrome gripal con síntomas inespecíficos. La forma neuroinvasiva de la enfermedad se presenta en menos del 1% de los infectados, siendo los síndromes asociados más frecuentes la encefalitis, meningitis y parálisis flácida, con alguna otra presentación descrita como cerebelitis, polineuropatía, radiculopatía, coriorretinitis y neuritis óptica. Otras complicaciones son pancreatitis, hepatitis y miocarditis¹.

Hasta la fecha se han descrito diferentes linajes del virus, siendo los linajes 1 y 2 los que producen patogenicidad en el hombre. El virus es emergente en Europa desde los años 90 y se introdujo por primera vez en América en 1999 produciendo una gran epidemia en Nueva York. Desde entonces, el virus se ha diseminado a través de diversos países de Europa y América. El linaje 1 presenta una distribución a nivel mundial y el linaje 2 en África Subsahariana, Madagascar y a partir del 2004, aparece en Europa (Hungría, Rusia, Rumania, Grecia) ocasionando grandes brotes con numerosos casos de enfermedad neurológica. En

Europa el virus se ha ido expandiendo y en el año 2018 se registró el mayor número de casos autóctonos de infección hasta la fecha detectándose hasta en 11 países europeos².

En España el virus se detecta por primera vez en 2003 en aves. En el año 2004 se describe retrospectivamente el primer caso humano en Badajoz, y posteriormente, se han notificado dos casos en 2010 en Cádiz y 3 casos en 2016 en Sevilla, coincidiendo con brotes de enfermedad en caballos, los cuales se registran en Andalucía todos los años desde el 2010. En el año 2020 se describe el mayor brote por VWN en humanos en España, con 77 casos registrados, de los cuales 72 casos (93,5%) cursaron con clínica neurológica. 71 son de Andalucía (57 corresponden a la provincia de Sevilla y 14 a la de Cádiz) y 6 casos de Extremadura (Badajoz), con un total de 8 muertes (10,4%)³.

El diagnóstico de laboratorio de la infección por VWN se basa en la sospecha clínica (síndromes febriles y cuadros neurológicos) y en la confirmación por pruebas diagnósticas de laboratorio. Las pruebas de detección viral ofrecen un diagnóstico de confirmación mientras que las pruebas de detección de anticuerpos deben interpretarse con cautela, debido a la posible reacción cruzada con anticuerpos contra otros flavivirus. En la fase aguda de la enfermedad (7 primeros días tras el inicio de síntomas) las muestras recomendadas para el diagnóstico son suero, orina y LCR (en caso de afectación neurológica). En estas muestras se llevará a cabo la detección del ARN viral mediante RT-PCR, siendo la RT-PCR en tiempo real la más utilizada por su rapidez y sensibilidad. Una RT-PCR negativa en el LCR no excluye la infección, al igual que ocurre en el suero, ya que la viremia es baja y de corta duración. Además, en esta fase de la enfermedad, en las muestras de suero y LCR se determinará la presencia de anticuerpos IgM e IgG. La detección de IgM en LCR determina también un caso confirmado. En muestras convalecientes, se analizará por métodos serológicos la detección de IgM e IgG, siendo la detección de estos anticuerpos confirmada mediante la técnica de neutralización viral, la cual debe realizarse en laboratorios de bioseguridad de clase 3. Durante la primera semana de la enfermedad es posible detectar IgM, mientras que a partir del octavo día del inicio de síntomas se puede detectar IgG contra el virus. Existen unos criterios de laboratorio establecidos para la clasificación de casos confirmados y probables, los cuales están reflejados en el Protocolo para la Vigilancia de la Fiebre del Nilo Occidental de la Red Nacional de Vigilancia Epidemiológica (RENAVE)⁴.

El laboratorio de Serología y Arbovirus del CNM, es laboratorio de referencia e investigación en estas enfermedades actuando en el diagnóstico, caracterización y confirmación de las mismas. En el brote del 2020, el laboratorio ha llevado a cabo el diagnóstico primario de los casos humanos de Extremadura, la confirmación y caracterización de los casos de Andalucía y el análisis virológico de los mosquitos capturados en Andalucía. Para ello se han utilizado técnicas moleculares y serológicas en el diagnóstico, confirmación y caracterización de los casos. Además, se han llevado a cabo estudios de aislamiento viral y secuenciación del genoma del virus para la caracterización molecular del mismo lo que permitió identificar que el virus responsable pertenecía al linaje 1 del virus, siendo diferente a la secuencia de los virus detectados hasta el momento en España en aves (2007), mosquitos (2008)

y caballos (2010). Se están llevando a cabo estudios virológicos para caracterizar el virus causante de este brote.

Bibliografía

- 1. West Nile Virus: An Update on Pathobiology, Epidemiology, Diagnostics, Control and "One Health" Implications. Gervais Habarugira, Willy W Suen, Jody Hobson-Peters, Roy A Hall, Helle Bielefeldt-Ohmann. *Pathogens*. 2020;9(7):589. doi: 10.3390/pathogens9070589.
- 2. European Commission. Commission implementing decision (EU) 2018/945 of 22 June 2018 on the communicable diseases and related special health issues to be covered by epidemiological surveillance as well as relevant case definitions. Official Journal of the European Union. Luxembourg: Publications Office of the European Union. 6.7.2018: L170/1. Available from: https://eur-lex.europa.eu/eli/dec_impl/2018/945/oj
- 3. Ministerio de Sanidad. Meningoencefalitis por el virus del Nilo occidental en España (2a actualización-cierre de temporada). 3 Dec 2020. https://www.mscbs.gob.es/profesionales/saludPublica/ccayes/alertasActual/docs/20201203_ERR_Nilo_Occidental.pdf
- 4. Protocolo para la vigilancia de la fiebre del Nilo Occidental de la Red Nacional de Vigilancia Epidemiológica. https://www.isciii.es/ QueHacemos/Servicios/VigilanciaSaludPublicaRENAVE/EnfermedadesTransmisibles/Documents/PROTOCOLOS/Protocolo%20 vigilancia%20fiebre%20Nilo%20occidental_RENAVE.pdf