

/fuiTB

fundació uiTB
fundación uiTB
foundation uiTB

Barcelona,
10 y **11** de Junio de 2024

XIV Jornadas de **ENFERMEDADES EMERGENTES**

- West Nile Virus (WNV)
- Infecciones transmitidas por vectores
- Infecciones de Transmisión Sexual (ITS)
- Conferencia especial
- VRS, gripe y COVID
- Proyectos de investigación en curso sobre COVID
- COVID persistente
- Cambio climático, viajeros e infecciones

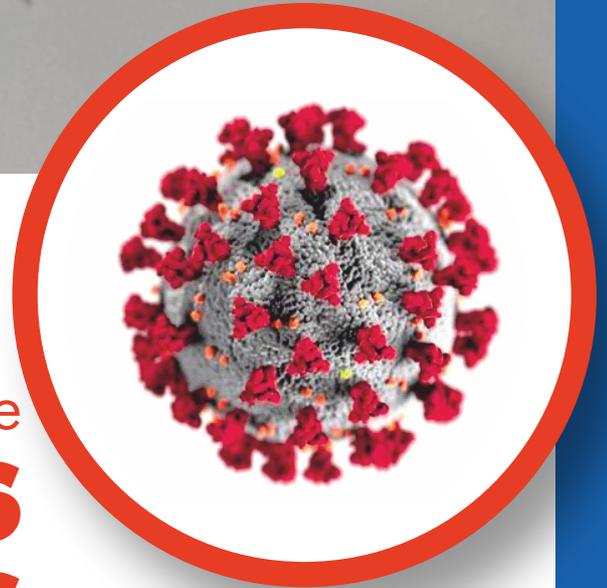
Lugar de realización:

COMB Centro de Congresos
Passeig de la Bonanova, 47, planta baja
08017-BARCELONA



Unidad de Investigación en Tuberculosis
de Barcelona

**INSCRIPCIÓN
GRATUITA**



PROGRAMA

Programa XIV Jornadas de Enfermedades Emergentes

10 Junio

09:00-11:00 h. **Mesa: West Nile Virus (WNV)**

Moderadores: *Natalia Rodríguez*
Tomás Montalvo

- Plan Nacional de Prevención, Vigilancia y Control de las Enfermedades Transmitidas por Vectores. *Lucía García San Miguel*
- Vigilancia del WNV en Cataluña con un enfoque de una sola salud. *Núria Busquets*
- WNV en Andalucía. La importancia de la vigilancia en mosquitos. *Jordi Figuerola*
- Estrategias de control vectorial para la reducción del riesgo de transmisión en casos de WNV. *Rubén Bueno*

11:00-11:30 h. Pausa

11:30-13:30 h. **Mesa: Infecciones transmitidas por vectores**

Moderadores: *Joan Pau Millet*
Elena Sulleiro

- Costes económicos de las infecciones transmitidas por vectores. *Elisa Sicuri*
- Diagnóstico por microscopía de malaria y otras infecciones a través de IA y robotización. *Daniel López*
- PaparrAlert. Notificación de picaduras de garrapata vía fotos de afectados en Castellón. *Juan C. Gascó y Juan B. Bellido*
- Vigilancia de garrapatas en Cataluña. *Oscar Cabezón*

13:30-14:30 h. **Mesa: Infecciones de Transmisión Sexual (ITS)**

Moderadores: *Irene Fuertes*
David Sánchez

- Impacto de la COVID-19 en las ITS. *Vicente Descalzo*
- Los brotes de MPOX en grandes ciudades: ¿una nueva epidemia? *Carles Pericas*

14:30-16:00 h. Comida

16:00-17:00 h. **Mesa: Infecciones de Transmisión Sexual (ITS)**

Moderadores: *Irene Fuertes*
David Sánchez

- Manifestaciones atípicas de la sífilis. *Gemma Martín*
- Sinergia contra las ITS: atención primaria y laboratorio de microbiología. Proyecto AProxima. *Manuel Linares*

17:00-18:00 h. **Conferencia especial**

Moderador: *Josep M. Miró*

- Las enfermedades infecciosas en la pintura. *Víctor Asensi*

11 Junio

09:00-11:00 h. **Mesa: VRS, gripe y COVID**

Moderadores: *Joaquín López-Contreras*
Àngels Orcau

- Infección por VRS: cambio de paradigma y momento histórico. *Antoni Soriano*
- La COVID-19 y el SARS-CoV-2 tras la alerta sanitaria internacional. *Fernando Simón*
- Gripe. *Cristina Rius*
- Situación actual de la gripe aviaria a nivel mundial. *Natalia Majó*

11:00-11:30 h. Pausa

11:30-13:30 h. **Mesa: Proyectos de investigación en curso sobre COVID**

Moderadores: *Andrés Marco*
Ángela Domínguez

- Estudio AES Cataluña-Navarra. La importancia de la vacunación de los casos índices. *Pere Godoy*
- Desarrollo de modelos de inteligencia artificial para evaluar los efectos de la medicación crónica en pacientes con SARS-CoV-2. *Adrián Sánchez-Montalvá*
- Identificación de factores predictores de mal pronóstico en el momento del diagnóstico de la COVID-19. *Joan Barrot*
- Breve historia y dinámica actual del SARS-CoV-2. *Antoni E. Bordoy*

13:30-14:30 h. **Mesa: COVID persistente**

Moderadores: *Robert Güerri*
Antonio Moreno

- COVID persistente: ¿qué sabemos? *Lourdes Mateu*
- ¿Puede tener una COVID persistente? El *backstage* en la atención primaria. *Gemma Torrell*

14:30-15:30 h. Comida

15:30-17:15 h. **Mesa: Cambio climático, viajeros e infecciones**

Moderadores: *Cristina Vilaplana*
Fernando Alcaide

- De cambio climático a emergencia climática. *Xavi Segura*
- Sistemas de alerta para enfermedades sensibles al clima. *Rachel Lowe*
- Evolución de la incidencia de las enfermedades de declaración obligatoria inmunoprevenibles y coberturas vacunales en Cataluña. *Jacobo Mendiatoroz*
- Viajeros, migrantes, salud global: una mirada desde la atención primaria. *Ethel Sequeira*

DIA 10. MESA I. West Nile Virus (WNV)

Moderadores: **Natalia Rodríguez.** *Epidemiólogo. Servicio de Epidemiología. Agència de Salut Pública de Barcelona, Servicios Clínicos. Barcelona. CIBER de Epidemiología y Salud Pública (CIBERESP). Madrid.*
Tomás Montalvo. *Jefe de sección de Salud Internacional. Servicio de Microbiología. Hospital Vall d'Hebron. Barcelona.*

La necesidad de un plan de prevención, vigilancia y control de las enfermedades transmitidas por vectores en España

Lucía García San Miguel

Centro de Coordinación de Alertas y Emergencias Sanitarias (CCAES). Ministerio de Sanidad. Madrid.

Correspondencia:

Lucía García San Miguel

E-mail: lgarciasanmiguel@sanidad.gob.es

El 27 de abril de 2023, la Comisión del Salud Pública del Consejo Interterritorial aprobó el Plan Nacional de Prevención, Vigilancia y Control de las enfermedades transmitidas por vectores, que se publicó días después en la página web del Ministerio de Sanidad. Con enfoque de "Una Sola Salud", se ha realizado con el esfuerzo conjunto de instituciones diversas y expertos en distintos campos e incluye a todos los sectores en relación con la salud (humana y animal) y el medio ambiente. Este Plan contiene objetivos y actividades que son comunes a otros planes y programas, como, por ejemplo, el Plan Estratégico de Salud y Medio Ambiente, aprobado el 24 de noviembre de 2021, que establece las actuaciones que deben realizarse para reducir el impacto sobre la salud de los principales factores ambientales y sus determinantes, o el Programa de Vigilancia de la Fiebre del Nilo occidental desarrollado por el Ministerio de Agricultura, Pesca y Alimentación y publicado en 2022.

El Plan publicado en 2023 contiene una parte común en la que se describen los objetivos generales y específicos, y los aspectos de coordinación a los distintos niveles. El resto del documento se estructuró en partes asociadas a las enfermedades transmitidas por distintos vectores. La primera parte, dedicada a las enfermedades transmitidas por mosquitos del género *Aedes*, fue publicada por primera vez en 2016 y se actualizó en la edición de 2023.

Esta primera parte está centrada, sobre todo, en *Ae. albopictus*, considerado legalmente una especie exótica invasora en España establecida en gran parte de la geografía española y es vector potencial de virus como el del dengue, Zika, Chikunguña y fiebre amarilla. La inclusión de *Ae. albopictus* en el Catálogo Español de Especies Exóticas Invasoras supone, según el artículo 10 del Real Decreto 630/2013, de 2 de agosto, que existe obligación legal para que las administraciones adopten, en su caso, medidas de gestión, control y posible erradicación frente a *Ae. albopictus*. En estas actuaciones, deben estar implicadas tanto la administración general del estado, como las CC.AA. y los municipios. Otras especies de *Aedes*, no presentes en nuestro país (*Ae. aegypti*) o con menor potencial de transmisión de enfermedades (*Ae. japonicus*), se tratan de forma más abreviada en esta primera parte del Plan. En cuanto a *Ae. aegypti*, se establecen medidas de contingencia ante una posible introducción en nuestro territorio, hecho que es considerado una alerta a nivel nacional e internacional. Durante 2024, ha sido necesario aplicar estas medidas en la isla de Gran Canaria, y activar el Comité Estatal de Coordinación de la respuesta.

La segunda parte del Plan está dedicada a las enfermedades transmitidas por mosquitos del género *Culex*, sobre todo centrada en la principal arbovirosis detectada en España, la fiebre del Nilo occidental. Además, esta segunda parte, incluye al virus Usutu,

menos conocido, pero también presente en nuestro país y que se considera importante tener en cuenta debido a su potencial zoonótico, para aumentar nuestro conocimiento y diseñar medidas específicas de control. Así mismo, se han incluido brevemente algunas primeras medidas de contingencia referidas al virus de la fiebre del Valle del Rift, en caso de que se introdujera en España, que complementan las establecidas frente a la salud animal en el "Programa Estatal de Vigilancia frente a la fiebre del Valle del Rift" desarrollado por el Ministerio de Agricultura, Alimentación y Pesca y publicado en febrero de 2022. Por último, se deja una puerta abierta al hallazgo de nuevas arbovirosis, con ciclos biológicos y manifestaciones clínicas similares a la fiebre del Nilo occidental y Usutu, que potencialmente podrían ser detectadas debido al incremento o mejora de las capacidades diagnósticas.

En este año 2024 se está elaborando una tercera parte dedicada a enfermedades transmitidas por garrapatas. El abordaje de las enfermedades transmitidas por garrapatas (ETG) en España resulta complejo por la gran variedad de patógenos capaces de producirlas, la diversidad de géneros y especies de garrapatas que pueden ser transmisoras en sus diferentes formas evolutivas, la complejidad de sus ciclos biológicos y la participación de huéspedes y/o reservorios con sus propias dinámicas en todo ese ciclo. La fiebre hemorrágica de Crimea-Congo es la ETG considerada emergente en España. Desde la primera detección del virus en garrapatas del género *Hyalomma* en 2010 y el primer caso humano en 2016, se ha detectado en garrapatas y animales en numerosas localizaciones, y han seguido detectándose casos humanos en algunas zonas del centro oeste del país. A diferencia de otras ETG consideradas endémicas, esta es causada por un virus, carece de tratamiento específico y su curso clínico puede llegar a ser muy grave, asociándose a una alta letalidad. Si bien se han realizado algunos estudios para cuantificar la extensión de la circulación del virus en garrapatas, animales y la población en riesgo de picaduras, que han permitido delimitar zonas donde el virus circula por encontrar un ambiente apropiado, es necesario continuar ampliando el conocimiento y estar alerta ante posibles nuevas zonas de riesgo. Otras ETG se consideran endémicas, ya que el agente patógeno circula de forma mantenida desde hace décadas y se detectan casos humanos en gran parte de la geografía española, que se transmiten principalmente por picadura de garrapata. Es el caso de la fiebre exantemática mediterránea, la fiebre recurrente por garrapatas, la borreliosis de Lyme y otras rickettsiosis transmitidas por garrapatas (TIBOLA/DEBONEL/SENLAT). Otros patógenos, como los agentes causantes de la tularemia o la fiebre Q, tienen otros mecanismos de transmisión más eficaces, aunque la transmisión mediante picadura de garrapata también se considera posible. De especial interés, entre

estas enfermedades consideradas endémicas, está la borreliosis de Lyme, con manifestaciones clínicas muy variadas y de aparición prolongada en el tiempo, que tiene una alta complejidad para su diagnóstico y tratamiento. Por último, hay enfermedades, como la encefalitis transmitida por garrapatas que, si bien no se encuentra presente en nuestro territorio, existen en España especies de garrapata que podrían actuar como vector potencial si el virus se llegara a introducir, a partir de otros países de Europa en los que sí está presente. Debemos ser capaces de detectar precozmente esas posibles introducciones para poder establecer medidas de contingencia ante la aparición de casos.

El Plan sigue en construcción y están previstas más ediciones: una cuarta parte dedicada a las enfermedades transmitidas por flebotomos y una quinta dedicada al mosquito *Anopheles*.

Además, el Plan contiene varios anexos, algunos de los cuales también pueden ser consultados de forma independiente, con contenidos más técnicos acerca de la gestión integrada del vector, uso de biocidas y el manejo clínico de los casos.

Cada una de las partes contiene información sobre la epidemiología e historia natural de las enfermedades que se describen; características de los vectores; la vigilancia de la salud humana, animal (en las que existe un reservorio animal o implicaciones en la transmisión al ser humano) y entomológica; las medidas de prevención (protección individual y seguridad en las donaciones de sustancias de origen humano, control vectorial); los aspectos de coordinación y comunicación; y los elementos necesarios para hacer evaluaciones de riesgo. Se definen varios escenarios de riesgo para que las autoridades y los gestores, en función del nivel de riesgo de cada escenario, propongan para cada territorio los objetivos, actividades y responsables de las actuaciones de salud pública que sirvan para organizar la preparación y la respuesta.

Entre los objetivos del Plan está la inclusión de la gestión integrada del vector en las administraciones públicas. Las estrategias incluidas en la gestión integrada son la vigilancia entomológica, la gestión física del medio, los programas basados en la comunidad y el control biológico y/o químico del vector. Por otro lado, el Plan incorpora como elemento relevante, la ciencia ciudadana, que permite la participación de cualquier persona en la vigilancia y el control de los vectores con el respaldo de expertos para validar la información. Las guías de manejo clínico incluidas en el Plan contemplan la actividad del profesional sanitario, dando otra dimensión del acto médico, más allá de la salud individual a la salud de la colectividad.

La realización de este Plan Nacional de Prevención, Vigilancia y Control de las enfermedades transmitidas por vectores, con enfoque de "Una Sola Salud", viene a integrar todos los esfuerzos realizados durante los últimos años por las instituciones y por

muchos profesionales que han aportado su motivación y conocimientos. Pretende seguir impulsando las actuaciones necesarias para una mayor integración que garantice una respuesta coordinada frente al riesgo para la salud pública que suponen estas enfermedades. La organización y puesta en común por

parte de todos los implicados en un mismo plan favorecerá, sin duda, el mayor desarrollo de los sistemas existentes y la colaboración más eficiente en las tareas que se realizan desde distintos ámbitos.

Vigilancia del WNV en Cataluña con un enfoque de una sola salud

Núria Busquets^{1,2}, Eduard Jose-Cunilleras³, Alba Solé⁴, Maria José Salvador⁴, Elena Obón⁵, Rafael Molina-López⁵, Marc Esquiús⁵, Carles Aranda^{1,6}, Tomás Montalvo^{7,8}, Maria Pifarré⁹, Carlos Solano¹⁰, Irene Corbella¹¹, Marta Verdún^{1,2}, Núria Pujol^{1,2}, Raquel Rivas^{1,2}, Belén Martín¹², Lola Pailler-García^{1,2}, Sebastián Napp^{1,2}

¹IRTA. Centre de Recerca en Sanitat Animal (CReSA, IRTA-UAB). Campus de la Universitat Autònoma de Barcelona. Bellaterra. Barcelona. ²Unitat mixta d'Investigació IRTA-UAB en Sanitat Animal. Centre de Recerca en Sanitat Animal (CReSA). Campus de la Universitat Autònoma de Barcelona. Bellaterra. Barcelona. ³Departament Medicina i Cirurgia Animals. Universitat Autònoma de Barcelona. 08193 Bellaterra. Barcelona. Spain. ⁴Fundació Hospital Clínic Veterinari. FUAB. Bellaterra. Barcelona. ⁵Servei de Prevenció en Salut Animal. Departament d'Acció Climàtica, Alimentació i Agenda Rural. ⁶Centre de fauna de Torreferrussa. Forestal Catalana SA. Generalitat de Catalunya. Santa Perpètua de la Mogoda. ⁷Servei de Control de Mosquits del Consell Comarcal del Baix Llobregat. El Prat de Llobregat. Barcelona. ⁸Agència de Salut Pública de Barcelona. Barcelona. ⁹CIBER Epidemiologia y Salud Pública. Madrid. ¹⁰Centre de fauna dels Aiguamolls de l'Empordà. SA. Generalitat de Catalunya. Castelló d'Empúries. ¹¹Centre de fauna de Vallcalent. Forestal Catalana. SA. Generalitat de Catalunya. Lleida. ¹²Servei de Salut Ambiental. Secretaria de Salut Pública del Departament de Salut de la Generalitat de Catalunya. Barcelona. ¹³Laboratorio Central de Veterinaria de Algete. Madrid.

Correspondencia:

Núria Busquets Martí

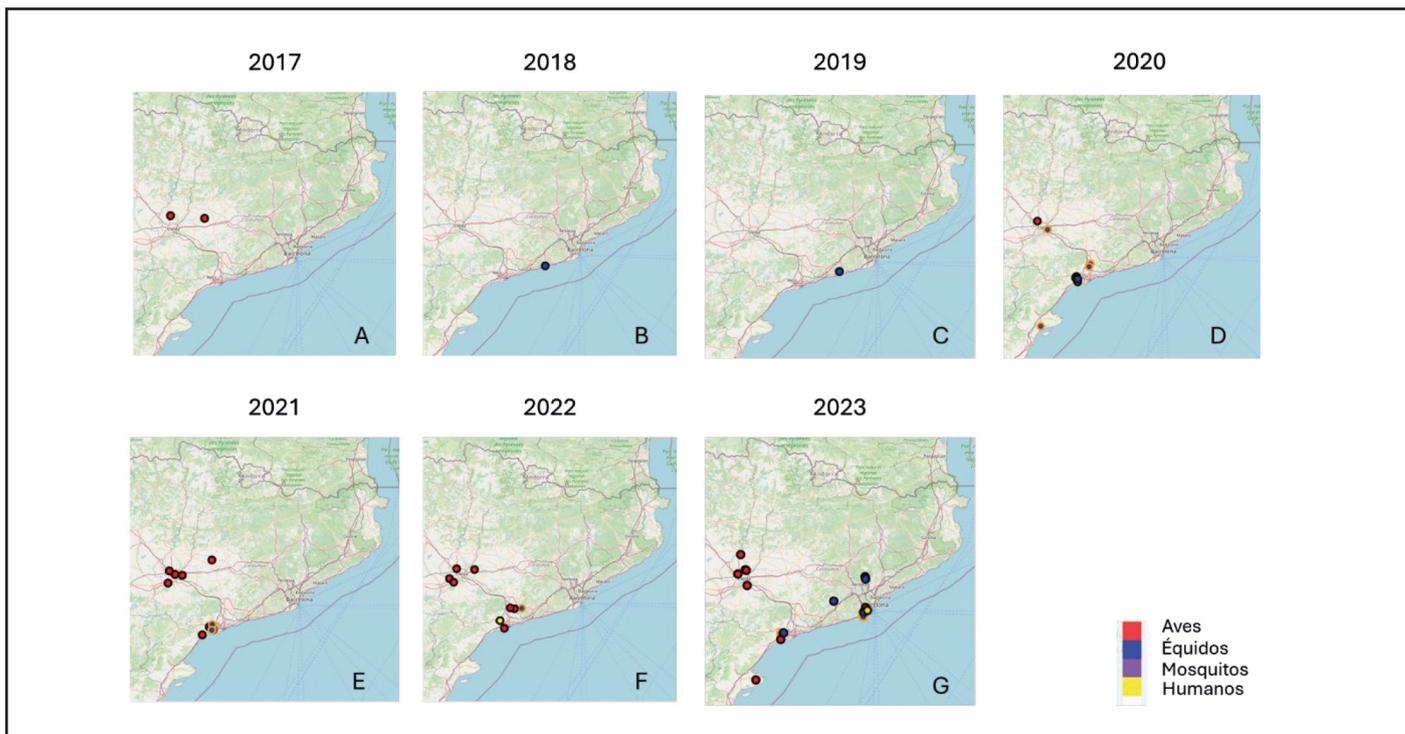
E-mail: nuria.busquets@irta.cat

El virus del Nilo Occidental (VNO) (*West Nile virus*, ahora *Orthoflavivirus nilense*) es un miembro del género *Orthoflavivirus* dentro de la familia *Flaviviridae*. El VNO se transmite principalmente a través de la picadura de mosquitos infectados, siendo *Culex* spp. el principal vector y las aves salvajes, los reservorios. Los mamíferos como los caballos y los humanos también pueden infectarse a través de las picaduras de mosquitos, pero se los considera huéspedes "cul de sac" y las infecciones suelen ser leves. De hecho, aunque la mayoría de las infecciones por VNO en caballos son subclínicas, pueden causar enfermedad neurológica con signos como ataxia, encefalopatía o fasciculaciones musculares. Y en personas mayores o inmunocomprometidas también pueden aparecer síntomas neurológicos graves, que pueden provocar encefalitis, meningitis o incluso la muerte.

Durante décadas el VNO circuló en Europa, y hasta 2004, todos los brotes habían sido causados por el linaje 1. Pero en 2004, el linaje 2 del VNO se detectó por primera vez fuera de África, en Hungría, en un azor (*Accipiter gentilis*) con síntomas neurológicos. Desde entonces, el linaje 2 del VNO se ha expandido a áreas más amplias de Europa. En 2010, en España, se informó sobre el VNO en caballos y humanos en Andalucía, donde el linaje 1 se ha vuelto endémico desde entonces.

En 2007 Cataluña inició un programa de vigilancia para la detección temprana del VNO en la región coordinado por el *Departament d'agricultura, ramaderia i pesca* (DARP, ahora *Departament d'acció climàtica i agenda Rural* [DACC]). Desde 2020, el programa de vigilancia contempla la vigilancia de aves, caballos y mosquitos. En aves, se realiza una vigilancia tanto activa en

Figura 1. Localización de la detección del VNO desde 2017 al 2023 en Cataluña.



aves silvestres (es decir, sin sospecha de VNO) como pasiva (es decir, animales con síntomas compatibles o encontrados muertos), que principalmente son recogidas por los Centros de Recuperación de Fauna Salvaje (CRFS) de Cataluña. Además, se realiza vigilancia activa en aves de corral, que incluye gallinas centinela en las proximidades de los CRFS y pollos de engorde y patos criados al aire libre en áreas de riesgo de VNO. En équidos, se realiza vigilancia activa (principalmente a través del Hospital Veterinario Clínico (HCV) y del DACC) así como pasiva (a través del HCV y de veterinarios de la asociación de veterinarios de équidos de Cataluña). En mosquitos, desde el 2020 se han monitoreado 2 trampas en localidades donde en años anteriores se había detectado el VNO, y en el 2023 el Departament de Salut reforzó dicha vigilancia con 15 trampas.

En 2017 se detectó por primera vez en España (en el noreste, en Cataluña) el linaje 2 del VNO en un azor con síntomas neurológicos (Busquets *et al.*, 2019) (Figura 1A). Posteriormente, el VNO ha podido persistir en esta región, gracias a su capacidad de invernar y resurgir en los años siguientes infectando aves silvestres y caballos mientras se propaga progresivamente a nuevas áreas (Napp *et al.*, 2021; Aguilera-Sepúlveda *et al.*, 2022) (Figuras 1 B-G). En septiembre de 2022 se detectaron por primera vez casos de transmisión autóctona del VNO en humanos en el sureste de

Cataluña (Reus) (García-Cervera *et al.*, 2023) (Figura 1F). Entre 2017 y 2022, la positividad del VNO se había reportado esencialmente en animales en explotaciones agrícolas y periurbanas de diferentes regiones de Cataluña (Napp *et al.*, 2021) (Figura 1 B-E), lo que muestra al azor como un buen indicador de la circulación del VNO y la vigilancia en animales como un sistema de alerta temprana para la salud humana.

En 2023 se detectó circulación del VNO en el Área Metropolitana de Barcelona (AMB) en animales y humanos (ECDC, 2023). El 21 de julio de 2023, un juvenil de gaviota patiamarilla que mostraba debilidad y cabeza y alas caídas en una zona urbana del municipio de Cornellà de Llobregat fue muestreado para la detección del VNO y posteriormente eutanasiado (Figura 1G). El 28 de julio, se confirmó que la gaviota dio positivo mediante rRT-PCR, lo que indicaba una infección inequívocamente activa por el VNO y se determinó que pertenecía al linaje 2. Cinco semanas después se confirmó el caso humano que había mostrado signos clínicos el 27 de julio en la misma zona (Figura 1G), mostrando de nuevo la eficacia de la vigilancia en animales, especialmente en aves salvajes. Posteriormente se reportó en la zona un caballo con sintomatología nerviosa que fue declarado como VNO.

Para evaluar la expansión del VNO, se seleccionaron caballos de la zona y se evaluaron por serología. Se obtuvieron resultados

positivos al ELISA de IgM, lo que reveló que habían sido infectados recientemente por el VNO y permitió determinar la zona de circulación del virus.

La vigilancia en animales en Cataluña ha permitido detectar la circulación y la expansión del VNO antes que la vigilancia en personas, lo que demuestra su eficacia como sistema de detección precoz para salud pública. Dadas las tendencias de cambio climático y global, se espera que la circulación del VNO aumente en las próximas décadas. Esto subraya la necesidad de implementar enfoques de una sola salud para reducir el riesgo de futuros brotes de VNO en humanos.

Bibliografía recomendada

- Aguilera-Sepúlveda P, Napp S, Llorente F, Solano-Manrique C, Molina-López R, Obón E, *et al.* West Nile Virus Lineage 2 Spreads Westwards in Europe and Overwinters in North-Eastern Spain (2017-2020). *Viruses*. 2022 Mar 9;14(3):569. doi: 10.3390/v14030569.
- Busquets N, Laranjo-González M, Soler M, Nicolás O, Rivas R, Talavera S, *et al.* Detection of West Nile virus lineage 2 in North-Eastern Spain (Catalonia). *Transbound Emerg Dis*. 2019 Mar;66(2):617-21. doi: 10.1111/tbed.13086.
- ECDC, 2023. <https://www.ecdc.europa.eu/en/west-nile-fever/surveillance-and-disease-data/disease-data-ecdc>.
- García-Cervera C, Iftimie SM, Martínez MJ, Vázquez González A, Parra-Pérez S, Revuelta-López-Cordón L, *et al.* Report on the first two confirmed autochthonous cases of West Nile virus encephalitis in Catalonia, Spain. *Infect Dis (Lond)*. 2023 Nov;55(11):798-802. doi: 10.1080/23744235.2023.2236703.
- Napp S, Llorente F, Beck C, Jose-Cunilleras E, Soler M, Pailler-García L, *et al.* Widespread Circulation of Flaviviruses in Horses and Birds in Northeastern Spain (Catalonia) between 2010 and 2019. *Viruses*. 2021 Nov 30;13(12):2404. doi: 10.3390/v13122404.

El virus West Nile en Andalucía: la importancia de la vigilancia en mosquitos

Jordi Figuerola

Estación Biológica de Doñana. Sevilla.

Correspondencia:

Jordi Figuerola

E-mail: jordi@ebd.csic.es

El virus West Nile es un virus aviar que se transmite por mosquitos. Este virus puede llegar a infectar a humanos y caballos, que son considerados fondos de saco epidemiológicos porque el virus no replica lo suficiente en su sangre como para infectar a un mosquito que se alimentara de esa sangre. La transmisión a humanos solo es posible a través de un mosquito que se haya alimentado de un ave infectada o por trasplante de órganos o transfusión de sangre de una persona infectada.

En España se conoce la circulación del virus desde el año 2003, registrándose un caso clínico en humanos en 2004, dos en 2010 y tres en 2016. Esta situación cambió en 2020 cuando se registró un brote importante en Andalucía Occidental y Extremadura, con 77 casos graves y un total de 8 muertos (García San Miguel *et al.* 2021). Desde entonces se han venido registrando

casos de infección grave en humanos anualmente. Los estudios que venimos realizando desde el 2003 sobre la incidencia del virus West Nile en caballos (Magallanes *et al.* 2023) y fochas (Magallanes *et al.* 2024) de Doñana indican que la incidencia del virus es mucho mayor en los años en que las temperaturas mínimas son más elevadas. Es decir, cuando los inviernos son más suaves, la circulación del virus West Nile en la primavera-verano-otoño será más elevada. Los estudios de campo también sugirieron que una vigilancia virológica en los mosquitos podría proporcionar una herramienta útil para la vigilancia y control del riesgo de nuevos brotes del virus West Nile (Figuerola *et al.* 2022). El programa de vigilancia se basa en la captura de mosquitos semanalmente, su clasificación por sexo y especies y la preparación de lotes de hasta 50 hembras de la misma especie, capturadas en la misma

Figura 1. Colocación de una trampa BG-Sentinel para la captura de mosquitos y captura obtenida a las 24 horas. Estos mosquitos serán clasificados por sexo y especie y se realizarán los análisis moleculares para la detección del virus West Nile.



fecha y lugar (Figura 1). Estos lotes son analizados inmediatamente para determinar la presencia de ARN del virus West Nile. Los lotes positivos se mandan al Centro Nacional de Microbiología para su confirmación, aislamiento y secuenciación. Este sistema de alerta temprana ha permitido detectar de forma temprana la proliferación de las principales especies vectoras del virus West Nile en Andalucía (*Culex perexiguus* y *Culex pipiens*). También ha permitido detectar la circulación del virus con más de tres semanas de antelación a la detección de los primeros casos de infección en humanos. Esta información permite a las autoridades prevenir a la población y reforzar los programas de control de mosquitos. La aplicación del Programa de Vigilancia y Control Integral de vectores de la Fiebre del Nilo Occidental ha permitido reducir de manera muy significativa el número de casos en humanos en Andalucía. Desde el 2022, la Junta de Andalucía ha incorporado la vigilancia del virus West Nile a su programa de control del virus. Del mismo modo, la información obtenida de las poblaciones de mosquitos ha permitido mejorar nuestro conocimiento del proceso de amplificación del virus West Nile, incluyendo las redes de transmisión del virus. La secuenciación de los genomas de los

virus detectados ha permitido confirmar que el brote de 2020 fue producido por una variante del virus que al menos desde 2013 estaba circulando en Andalucía (Ruiz-López *et al.* 2023). En la actualidad tenemos dos variantes circulando en Andalucía, ambas pertenecientes al linaje 1 (Ruiz-López *et al.* 2023) y por lo tanto procedentes de introducciones independientes del virus West Nile que está circulando en Catalunya y que pertenece al linaje 2.

La vigilancia virológica en mosquitos es una herramienta muy eficaz para mejorar la vigilancia y control del virus West Nile en aquellas zonas donde se ha registrado su circulación en años anteriores. El análisis de los virus presentes en los mosquitos permite caracterizar las variantes del virus West Nile circulantes y la detección temprana de otros virus con potencial zoonótico y de interés en salud pública.

Bibliografía recomendada

- Figuerola J, Jiménez-Clavero MA, Ruiz-López MJ, Llorente F, Ruiz S, Hoefler A, *et al.* (2022) A One Health view of the West Nile virus outbreak in Andalusia (Spain) in 2020. *Emerging Microbes & Infections*, 11:1, 2570-2578. <https://doi.org/10.1080/22221751.2022.2134055>
- García San Miguel Rodríguez-Alarcón L, Fernández-Martínez B, Sierra Moros MJ, Vázquez A, Julián Pachés P, García Villacieros E, *et al.* (2021). Unprecedented increase of West Nile virus neuroinvasive disease, Spain, summer 2020. *Euro Surveill* 26(19):pii=2002010. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2021.26.19.2002010>
- Magallanes S, Llorente F, Ruiz-López MJ, Martínez-de la Puente J, Soriguer R, Calderon J, *et al.* (2023). Long-term serological surveillance for West Nile and Usutu virus in horses in south-West Spain. *One Health* 17, 100578. <https://doi.org/10.1016/j.onehlt.2023.100578>
- Magallanes S, Llorente F, Ruiz-López MJ, Martínez-de la Puente J, Ferraguti M, Gutiérrez-López, *et al.* (2024) Warm winters are associated to more intense West Nile virus circulation in southern Spain. *Emerging Microbes & Infections*, 13:1, 2348510. <https://doi.org/10.1080/22221751.2024.2348510>
- Ruiz-López MJ, Aguilera-Sepúlveda P, Cebrián-Camisón S, Figuerola J, Magallanes S, Varona S, *et al.* (2023). Re-Emergence of a West Nile Virus (WNV) Variant in South Spain with Rapid Spread Capacity. *Viruses*, 15, 2372. <https://doi.org/10.3390/v15122372>

Estrategias de control vectorial para la reducción del riesgo de transmisión en casos del virus West Nile

Rubén Bueno Marí

Departamento de Investigación y Desarrollo (I+D). Laboratorios Lokímica. Centro Europeo de Excelencia en Control Vectorial. Rentokil Initial. Grupo de Investigación Parásitos y Salud-ParaSalud. Departamento de Farmacia y Tecnología Farmacéutica y Parasitología. Universidad de Valencia. València.

Correspondencia:

Rubén Bueno

E-mail: rbeno@lokimica.es

Pese a ser un virus zoonótico de origen africano, hace años que el virus West Nile (WNV) está considerado también de circulación endémica en España entre poblaciones de aves y mosquitos. En los últimos 4 años se han diagnosticado más de 100 casos humanos de infección por WNV en España, mientras que en el resto de Europa las cifras superan con creces los 3000 casos humanos en el mismo periodo.

El control ambiental de las poblaciones de mosquitos se considera la principal acción preventiva para reducir los riesgos de transmisión a la población humana. Para la correcta y efectiva implantación de estos procedimientos de intervención vectorial, es necesario establecer protocolos de gestión que se basen en la biología de las especies diana a controlar, el modo de acción de las herramientas biocidas actualmente autorizadas en España, los datos de presencia del virus en las poblaciones humanas y/o animales, así como la colaboración ciudadana. De forma esquemática, y especialmente ante la evidencia de casos humanos diagnosticados en entornos urbanos y periurbanos, las fases de intervención a desarrollar incluirían:

- Identificación de las zonas de control y estima de la superficie: Se crearán unos cinturones de seguridad de 1-1,5 Km de radio alrededor de los núcleos poblacionales, de esta manera actuaremos sobre los vectores con tendencias más rurales, y contra aquellos que pueden ir avanzando en la colonización de hábitats susceptibles para la cría en la transición de ecosistemas desde el medio natural hasta el medio urbano. A su vez se debe actuar controlando los mosquitos que puedan existir dentro del núcleo urbano, por el riesgo probable de ciclos de transmisión urbana.
- Captura de adultos para la vigilancia viral, mediante la instalación de trampas de captura de adultos de tipo EVS, CDC

o BG-Sentinel. Sumado a esto se pueden realizar labores de aspirado en lugares de refugio de adultos (caballerizas, viviendas, vegetación, etc.) con el fin de capturar hembras alimentadas.

- Tratamientos insecticidas: enfocados sobre todos los focos larvarios de gran extensión que generalmente circundan a estos asentamientos humanos y comprendidos en la zona de actuación, a su vez, se debe incidir en los focos larvarios que existan dentro de las zonas urbanas, realizando tratamientos larvicidas de forma centrífuga. La estrategia larvicida se basa en el empleo de insecticidas que afectan a las formas preimaginales, priorizándose aquellos de origen biológico como por ejemplos los bacterianos entomopatógenos. En caso de una alta existencia de mosquitos adultos se deberán realizar los tratamientos adulticidas pertinentes, siempre focalizados en lugares concretos donde exista una alta presencia del vector y siempre manteniendo todas las condiciones de seguridad para los operarios de control y para la ciudadanía. Estos tratamientos adulticidas, debidamente justificados por un Diagnóstico de Situación previo, deberán ser también de obligada ejecución ante la notificación de brotes del virus en la población humana de una zona concreta.
- Análisis en laboratorio de los adultos capturados: búsqueda molecular del virus.
- Procedimiento de evaluación: se deberán revisar las labores de control realizadas.

En la presentación compartiremos algunos ejemplos prácticos y reales de la implementación de estos protocolos en España, así como novedosos sistemas de identificación de WNV en condiciones de campo en poblaciones salvajes de mosquitos en territorios endémicos de España.

MESA II. Infecciones transmitidas por vectores

Moderadores: **Joan Pau Millet.** *Servicio de Epidemiología. Agència de Salut Pública de Barcelona. Servicios Clínicos. Barcelona. CIBER de Epidemiología y Salud Pública (CIBERESP). Madrid.*
Elena Sulleiro. *Servicio de Microbiología. Hospital Universitari Vall d'Hebron. Barcelona.*

Costes económicos de las infecciones transmitidas por vectores

Elisa Sicuri

Instituto de Salud Global de Barcelona. España. LSE Health. London School of Economics. UK. Manhica Health Research Centre. Mozambique.

Correspondencia:

Elisa Sicuri

E-mail: e.sicuri@lse.ac.uk

Las enfermedades transmitidas por vectores (ETV) constituyen un grupo heterogéneo de enfermedades infecciosas que incluye la malaria, el dengue, la leishmaniasis, la enfermedad de Chagas, el Zika, la esquistosomiasis, entre muchas otras. Muchas ETV son consideradas desatendidas debido a la escasa inversión, especialmente por el sector privado, en investigación para el desarrollo de innovaciones, como nuevos medicamentos y vacunas, que puedan reducir la relativa morbilidad. Por esta razón, la mayoría de las enfermedades desatendidas aún no son prevenibles mediante vacunas y, en algunos casos, carecen de herramientas diagnósticas y de tratamientos efectivos. Las ETV representan más del 17% de todas las enfermedades infecciosas en el mundo, causando más de 700,000 muertes anualmente según la Organización Mundial de la Salud. Aunque son endémicas en muchas áreas del planeta, la carga de morbilidad y mortalidad asociadas con las ETV está desproporcionadamente concentrada en países de ingresos bajos y medianos. Las ETV representan una amenaza significativa para los más desfavorecidos. Debido al cambio climático y a las migraciones, se espera que la carga de enfermedades asociadas con las ETV aumente en áreas endémicas y se expanda geográficamente hacia regiones actualmente no consideradas endémicas, incluyendo varias áreas de Europa. En áreas endémicas, la prevención de las ETV se basa en medidas farmacológicas como la quimioterapia preventiva, así como en

herramientas y estrategias de control que limitan la proliferación de vectores o evitan el contacto entre humanos y vectores (como mosquiteros, fumigación residual en interiores, mejoras en las viviendas, repelentes de insectos para la piel, manejo de aguas estancadas, entre otras). La transmisión de estas enfermedades no ocurre de persona a persona, especialmente no por vías aéreas (a diferencia, por ejemplo, de las enfermedades respiratorias como el SARS-CoV-2/COVID-19), lo cual caracteriza ampliamente el control de estas enfermedades. La necesidad de un vector para la transmisión del patógeno y de la infección, tiene aspectos tanto positivos como negativos para el control de las ETV. Entre los aspectos positivos se encuentra que la transmisión no se impide distanciando a las personas en la comunidad, sino evitando el contacto entre las personas y los vectores, lo cual mitiga las consecuencias económicas negativas que hemos experimentado recientemente con la pandemia de SARS-CoV-2. Por otro lado, los aspectos negativos incluyen la complejidad de entender el comportamiento y la capacidad de adaptación de los vectores, especialmente en la situación actual de cambio climático. Sin embargo, es importante destacar que estas enfermedades no solo se transmiten a través de vectores, sino también por contacto con sangre y tejidos infectados, y en algunos casos, de madre a hijo (transmisión vertical). Los costes asociados con las ETV se pueden primariamente distinguir en costes incurridos en países

endémicos y no endémicos. Además, se pueden hacer ulteriores distinciones entre costes de prevención y tratamiento, costes directos e indirectos, y costes que afectan al sector sanitario y otros sectores, entre otras distinciones. En países endémicos, los costes de prevención (por ejemplo, los costes de la fumigación residual de interiores y de las redes mosquiteras) y de tratamiento son elevados. En algunos países, los gobiernos sostienen parte o todos los costes de prevención; sin embargo, en muchos casos son las familias las que tienen que adquirir redes mosquiteras con medios financieros propio. Un estudio reciente ha probado que la falta de dinero disponible es una barrera para la posesión de redes mosquiteras¹. Es importante señalar que los costes de evitar cada infección (costes unitarios de prevención) son más elevados cuanto más se acerca la eliminación o interrupción de la transmisión. Esto se debe a causas como la dificultad de identificar focos aislados de transmisión y la baja percepción del riesgo con consiguiente escasa adherencia de las comunidades a las intervenciones preventivas. Por ejemplo, los costes unitarios asociados con la erradicación de la oncocercosis se proyectaron en un valor, por lo menos, dos veces más alto del coste unitario asociado con el control².

Dada la fragilidad de los sistemas de salud y de su financiación, los costes de tratamiento, en muchos casos, recaen en las familias. Las familias también pueden incurrir en elevados costes de transporte en la búsqueda de atención médica y de tratamiento, así como en costes indirectos como la pérdida de día de trabajo y las consecuentes pérdidas de ingresos. Se estima que en la Amazonas Brasileña el coste mediano, por el sistema de salud, de tratar un caso de malaria durante el embarazo en consulta externa es de más de 100 USD. Aunque el sistema de salud sea universal y gratuito en el país, a este valor hay que añadir costes no médicos incurridos por las mujeres de casi 50 USD. Además, los costes se estimaron por lo menos 3 veces más altos en caso de admisión³. Notablemente, aunque no estén cuantificados, se puede especular que los costes derivados de la falta de innovación en productos de salud, a la cual consiguen la ausencia de vacunas, la presencia de medicamentos con efectos adversos significativos y baja eficacia, entre otras, son muy elevados. Además de los costes asociados con el manejo de la fase aguda de la infección, muchas ETV implican la necesidad de atención y cuidado en el largo plazo, debido a la enfermedad crónica y presencia de séquelas. Un modelo matemático estimó el promedio global ponderado de tratamiento de la enfermedad de Chagas en 3,456 USD⁴. Los costes de largo plazo son tanto directos como indirectos y en muchos casos implican costes

potencialmente catastróficos para las familias. Otros costes, normalmente desatendidos, son los que recaen en sectores diferentes del sanitario. Muchas ETV constituyen una barrera al desarrollo económico de las zonas endémicas, tanto en el breve como en el largo plazo. Un estudio reciente ha estimado que una fuerte bajada de incidencia de malaria consecuente a un proyecto de eliminación en el Sur de Mozambique, conllevó a una reducción del absentismo escolar, en el breve plazo, del 28%; es decir, el coste de la malaria en esta área incluye una reducción de la asistencia escolar del 28% en comparación con áreas donde la incidencia de malaria roza cero⁵.

En países no endémicos, destacan los costes de la identificación (cribado y diagnóstico) y tratamiento de los casos importados. Además, los costes asociados con la gestión del riesgo de introducción de los patógenos cuando existe en el país un vector capaz de transmitir, son sustanciales: la prevención de la transmisión autóctona, implica costes relacionados con el monitoreo de la presencia y numerosidad de los vectores y con el estudio del comportamiento y adaptación de los mismos, así como los costes de prevención, por ejemplo la fumigación alrededor de los casos identificados, y la concienciación de la población para evitar acciones que favorezcan la reproducción de los vectores. Comunes a áreas endémicas y no endémicas, son los costes de verificación en bancos de sangre y órganos: mientras exista un riesgo, aunque sea mínimo, estas medidas no se pueden descuidar.

Bibliografía

1. Tarozzi A, Mahajan A, Blackburn B, Kopf D, Krishnan L, Yoong J. Micro-Loans, Insecticide-Treated Bednets, and Malaria: Evidence from a Randomized Controlled Trial in Orissa, India. *Am Econ Rev*. 2014;104(7):1909-41. doi: 10.1257/aer.104.7.1909
2. Kim YE, Sicuri E, Tediosi F. Financial and Economic Costs of the Elimination and Eradication of Onchocerciasis (River Blindness) in Africa. *PLoS Negl Trop Dis*. 2015;9(9):e0004056. doi:10.1371/journal.pntd.0004056
3. Bôtto-Menezes C, Bardají A, Dos Santos Campos G, Fernandes S, Hanson K, Martínez-Espinosa FE, et al. Costs Associated with Malaria in Pregnancy in the Brazilian Amazon, a Low Endemic Area Where *Plasmodium vivax* Predominates. *PLoS Negl Trop Dis*. 2016;31;10(3):e0004494. doi: 10.1371/journal.pntd.0004494
4. Lee BY, Bacon KM, Bottazzi ME, Hotez PJ. Global economic burden of Chagas disease: a computational simulation model. *Lancet Infect Dis*. 2013;13(4):342-8. doi: 10.1016/S1473-3099(13)70002-1
5. Cirera L, Castelló JV, Brew J, Saúte F, Sicuri E. The impact of a malaria elimination initiative on school outcomes: Evidence from Southern Mozambique. *Econ Hum Biol*. 2022;44:101100. doi: 10.1016/j.ehb.2021.101100

Diagnóstico microscópico de la malaria y esquistosomiasis a través de inteligencia artificial y robotización

Carles Rubio Maturana^{1,2}, Allisson Dantas de Oliveira³, Jordi Gómez i Prat⁴, Elena Sulleiro^{1,2}, Francesc Zarzuela¹, Joan Joseph-Munné¹, Clara Prats³, Daniel López-Codina³

¹Departamento de Microbiología. Centro de Enfermedades Transmisibles y Salud Internacional Drassanes-Vall d'Hebron. Hospital Universitario Vall d'Hebron. Barcelona. ²Departamento de Genética y Microbiología. Universidad Autónoma de Barcelona. Barcelona. ³Grupo de Investigación en Biología Computacional y Sistemas Complejos (BIOCOM-SC). Departamento de Física. Universidad Politécnica de Cataluña. Castelldefels. ⁴Departamento de Enfermedades Infecciosas. Salud Pública y Comunitaria (eSPIC). Centro de Enfermedades Transmisibles y Salud Internacional Drassanes-Vall d'Hebron. Hospital Universitario Vall d'Hebron. Barcelona.

Correspondencia:

Daniel López-Codina

E-mail: daniel.lopez-codina@upc.edu

Ver artículo sobre este tema en este mismo número de *Enf Emerg.* 2024;23(2):61-67

PaparrALERT. Notificación de picaduras de garrapata vía fotos de afectados en Castellón

Juan Carlos Gascó-Laborda¹, Noemí Meseguer-Ferrer¹, José Vicente Falcó-Garí², Lledó Lluch-Bacas¹, Viorica Rusen¹, Mariví Vidal-Cantero¹, Esther Silvestre-Silvestre¹, Jorge de la Torre-Edo³, María Barberá-Riera⁴, Juan B. Bellido-Blasco^{1,5}

¹Sección de Epidemiología. Centro de Salud Pública de Castellón: CSP-CS. ²Cátedra de control de Plagas. Universitat de València. ³Equipo de Atención Primaria Zona Básica de Salud Vall d'Alba. Castellón. ⁴Unidad de Sanidad Ambiental. CSP-CS. ⁵CIBERESP grupo 41.

Correspondencia:

Juan Carlos Gascó

E-mail: gasco_jua@gva.es

Antecedentes

Las enfermedades transmitidas por vectores han cobrado actualidad en los últimos años. En España, las garrapatas son vectores relevantes en salud pública^{1,2}. Hasta donde sabemos, hay pocos estudios sobre la incidencia de picaduras de garrapatas en pacientes ambulatorios asistidos en Atención Primaria.

A lo largo de los años 2018 y 2019, el Centro de Salud Pública de Castellón (CSP-CS) llevó a cabo un estudio sobre la incidencia de picaduras de garrapatas en 9 municipios de carácter rural, con 12.500 habitantes en conjunto³. El estudio comenzó tras la notificación del Equipo de Atención Primaria sobre la percepción de un aumento de picaduras atendidas. Se habilitó un sistema

de recogida y transporte semanal de garrapatas para su clasificación entomológica. Además, se confeccionó una encuesta epidemiológica para los casos. Los resultados de este estudio han sido presentados en reuniones científicas de la Sociedad Española de Epidemiología en Lisboa (2018), Oviedo (2019) y León (2021)³. Se estimó la incidencia, la estacionalidad, los lugares anatómicos de las picaduras, así como las especies de garrapatas identificadas. En 2018 hubo 118 pacientes y en 2019 hubo 119 de los que se extrajeron 226 garrapatas para clasificar. Las especies identificadas, por orden de mayor a menor frecuencia fueron: *Hyalomma lusitanicum* (86,3 %), *Rhipicephalus sanguineus* (8,8 %), *Dermacentor marginatus* (4,4 %) e *Ixodes ricinus* (0,4 %).

Estudio actual: PaparrALERT

La pandemia lo paró todo. No obstante, en junio de 2023, se planteó la posibilidad de implementar un proyecto piloto inspirado en otros de mayor entidad, como Mosquito-Alert⁴. De manera que el nuevo proyecto tuvo dos novedades: una, la ampliación del área de estudio a todos los municipios del área del CSP-CS; y dos, comprobar qué tal podía funcionar un sistema de identificación probable de las garrapatas a partir de las fotos remitidas, primero al CSP-CS y posteriormente a la Universitat de València (cátedra de control de plagas, JVFG). El procedimiento consistió en informar del proyecto a los coordinadores de me-

dicina y de enfermería de cada centro de salud, solicitando al mismo tiempo su participación voluntaria. El sistema permite mantener un contacto vía *whatsApp* o correo electrónico con los servicios de Atención Primaria para resolver dudas y ofrecer sugerencias diversas (Figura 1). La evolución clínica de cada paciente "picado" es seguida durante un mes en su historia clínica usando básicamente la misma encuesta epidemiológica que en el estudio previo de 2023-19.

Resultados

A fecha de mayo de 2024 se ha recibido información de 124 pacientes. Las fotos han sido de calidad variada. En un par de casos, con dos garrapatas de distinta especie ancladas en la misma persona. Dos pacientes de un mismo municipio han sido diagnosticados de fiebre exantemática mediterránea (FEM) por laboratorio (serología); pero las garrapatas desancladas en ambos casos fueron *Dermacentor marginatum* (en ambos casos, además de fotos, se dispuso de los ejemplares que habían guardado los pacientes en su domicilio). Ello plantea la posibilidad de en estos casos se trate de TIBOLA en lugar de FEM, como se ha sugerido en un caso similar⁵. En cuanto a la distribución geográfica, se dispone de información de 19 municipios de los que antes no se tenía ninguna garrapata recogida. De nuevo, la más frecuente ha sido *Hyalomma*, seguida de *Rhipicephalus* y un único ejemplar de posible *Ixodes*.

Figura 1. Cartel usado en el proyecto piloto PaparrALERT para colocar en lugar visible de los Centros de Atención Primaria. En él se esquematiza el procedimiento y el circuito de remisión de fotos de las garrapatas que han picado a los pacientes.



Las limitaciones son varias. En primer lugar, se trata de un muestreo voluntario, no universal, por tanto, sometido a los sesgos de participación consiguientes. No obstante, la información recibida es útil porque amplía el conocimiento que teníamos de nuestra área de trabajo, especialmente rural. En segundo lugar, la clasificación basada en imágenes viene limitada por la calidad de las mismas. Cada participante enviaba las fotos realizadas con su móvil y según su destreza; aunque se ha ido mejorando este aspecto a lo largo del proyecto. En tercer lugar, se trata de una iniciativa local, con escasos recursos y participación voluntaria del equipo de Salud Pública y entomología, lo que puede determinar su continuidad.

Conclusiones y perspectivas de futuro

Se ha ampliado el conocimiento de la presencia de estos artrópodos en la provincia de Castellón en relación con el estudio previo. Se ha establecido un canal de información en 'tiempo suficiente' (1-3 días) que permite responder a algunas dudas que se plantean desde los centros de atención primaria. Se ha identificado algunos aspectos de mejora para la toma de fotos. Quizá una propuesta de futuro sea la selección de "centros centinela", más motivados y con capacidad (y arte) para la toma de fotos de más calidad; motivados de alguna manera desde la Administración Sanitaria. Estos centros bien pudieran seleccionarse de forma aleatoria o dirigida, y su personal recibir una pequeña formación sobre enfermedades de transmisión vectorial y toma de fotos. Es obvio que se necesita un servicio de entomología dispuesto

a participar en este sistema. Y hay que informar regularmente a los participantes sobre los resultados.

Con todas sus limitaciones, este proyecto local ha sido una oportunidad de acercamiento entre los equipos participantes de atención primaria, de epidemiología, de sanidad ambiental y de entomología, en el contexto de Una Salud.

Agradecimientos

A todos los profesionales sanitarios de los centros de atención primaria que con su participación voluntaria contribuyen desinteresadamente en este proyecto piloto.

Bibliografía

1. Toledo A, Olmeda AS, Escudero R, Jado I, Valcárcel F, Casado-Nistal MA, *et al.* Tick-borne zoonotic bacteria in ticks collected from central Spain. *Am J Trop Med Hyg.* julio de 2009;81(1):67-74.
2. Moerbeck L, Domingos A, Antunes S. Tick-Borne Rickettsioses in the Iberian Peninsula. *Pathogens.* 18 de noviembre de 2022;11(11):1377.
3. Bellido Blasco JB, De la Torre J, Falcó-Garí JV, Safont Aduara L, Barberá-Riera M, Gascó-Laborda JC, *et al.* Picaduras por garrapatas en un medio rural de Castellón: incidencia y especie. Tercer estudio 2019. En León: XXXIX Reunión Anual de la sociedad Española de Epidemiología; 2021.
4. Mosquito alert: leveraging citizen science to create a GBIF mosquito occurrence dataset [Internet]. [citado 3 de mayo de 2024]. Disponible en: <https://gigabytejournal.com/articles/54>
5. Martínez-Castillón D, Doste-Larrull DI, Sanz-Cardiel A, Rodríguez-Mañas J. Rickettsiosis, un caso de TIBOLA. *Pediatr Aten Primaria.* 2016;18:157-60.

Vigilancia de garrapatas en Cataluña

Oscar Cabezón^{1,2}, Laura Carrera Faja¹, Maria Puig Ribas¹, Ignasi Marco¹, Jaime Martínez Urtaza³, Rafael Molina López⁴, Johan Espunyes^{5,2}, Xavier Fernández-Aguilar^{5,2}, Sebastián Napp^{5,2}

¹Wildlife Conservation Medicine Research Group (WildCoM). Departament de Medicina i Cirurgia Animals. Universitat Autònoma de Barcelona (UAB). Bellaterra.

²Unitat mixta d'Investigació IRTA-UAB en Sanitat Animal. Centre de Recerca en Sanitat Animal (CReSA). Campus de la Universitat Autònoma de Barcelona (UAB). Bellaterra. ³Departament de Genètica i Microbiologia. Universitat Autònoma de Barcelona. Bellaterra. ⁴Centro de Recuperación de Fauna Salvatge de Torreferrussa. Forestal Catalana SA. Generalitat de Catalunya. Santa Perpètua de la Mogoda. ⁵IRTA. Programa de Sanitat Animal. Centre de Recerca en Sanitat Animal (CReSA). Campus de la Universitat Autònoma de Barcelona (UAB). Bellaterra.

Correspondencia:

Oscar Cabezón

E-mail: oscar.cabezon@uab.cat

Resumen

Numerosas enfermedades transmitidas por garrapatas son consideradas emergentes en Europa por el Centro Europeo de Control de Enfermedades (ECDC, 2024). Además, diferentes estudios predicen una expansión y aumento de las diferentes especies de garrapatas como consecuencia del cambio climático. En este sentido, los ecosistemas mediterráneos, incluyendo sus comunidades de especies salvajes y sus parásitos, serán unos de los más alterados por dicho cambio climático. Paralelamente, en las últimas tres décadas, las poblaciones de fauna salvaje europeas (principalmente ungulados) han incrementado sensiblemente su tamaño, así como su interacción con los seres humanos, facilitando la interacción bi-direccional de las enfermedades infecciosas. Ante esta realidad, es evidente la necesidad de monitorizar las diferentes especies de garrapatas y los patógenos zoonóticos que son capaces de transmitir. Sin embargo, existe una falta de conocimiento en cuanto a la distribución de garrapatas y sus patógenos asociados en Catalunya (ECDC, 2024).

Desde hace cinco años, desde el grupo para el estudio de la salud de la fauna salvaje WildCoM (UAB) estamos desarrollando los primeros trabajos con el objetivo de dar respuesta a este vacío de información. Desde un punto de vista amplio del territorio de Catalunya, hemos descrito la presencia de diferentes especies de los géneros de garrapatas *Hyalomma* spp., *Ixodes* spp., *Rhipicephalus* spp., *Haemaphysalis* spp., *Dermacentor* spp. tanto en fauna salvaje (jabalí, cabra montesa, ciervo europeo, corzo, rebeco pirenaico, erizos, lagomorfos, roedores y aves migradoras africanas) como a nivel ambiental. Esta información creará el primer mapa de distribución de garrapatas y sus patógenos en Catalunya, así como sus factores de riesgo.

A nivel local, hemos descrito un foco de circulación de Virus de la Fiebre Hemorrágica de Crimea-Congo (CCHFV) en Tarragona (Espunyes *et al.*, 2021; Carrera-Faja *et al.*, 2022; 2023) y hemos estado evaluando el uso de herramientas de metagenómica para

la detección de bacterias zoonóticas transmitidas por garrapatas presentes en jabalíes urbanos (Barcelona).

En cuanto al foco de circulación de CCHFV, nuestro equipo ha demostrado la presencia del virus desde hace más de 10 años en el macizo montañoso de "Puertos de Tortosa i Beceite". En los diversos estudios realizados se detectó una elevada seroprevalencia de anticuerpos frente al CCHFV en la población de cabra montés (100%) y jabalí (21%). Además, se pudo determinar que la cabra montesa juega un papel principal en el mantenimiento del virus y/o de la garrapata vector.

En cuanto al uso de metagenómica en la vigilancia de bacterias zoonóticas presentes en garrapatas de jabalíes urbanos del área metropolitana de Barcelona, hemos probado con éxito el uso de la tecnología Nanopore (MinION). Con dicha tecnología hemos podido detectar la presencia de diferentes especies del género *Rickettsia*, *Anaplasma* o *Coxiella*.

A medio plazo, la información que se estamos generando tiene como objetivo alimentar modelos de distribución presentes de garrapatas y las zoonosis asociadas, así como definir la evolución de éstas en futuros escenarios de cambio climático y ecosistémico.

Bibliografía recomendada

- Carrera-Faja L, Espunyes J, Cardells J, Fernández Aguilar X, Pailler-García L, Napp S, *et al.* Dynamics of Crimean-Congo hemorrhagic fever virus in two wild ungulate hosts during a disease-induced population collapse. *One Health*. 2023;17:100622.
- Carrera-Faja L, Cardells J, Pailler-García L, Lizana V, Alfaro-Deval G, Espunyes J, *et al.* Evidence of Prolonged Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus Endemicity by Retrospective Serosurvey, Eastern Spain. *Emerg Infect Dis*. 2022;28:1031-4.
- ECDC. (2024). <https://www.ecdc.europa.eu/en>
- Espunyes J, Cabezón O, Pailler-García L, Dias-Alves A, Lobato-Bailón L, Marco I, *et al.* Hotspot of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus Seropositivity in Wildlife, Northeastern Spain. *Emerg Infect Dis*. 2021;27:2480-4.

MESA III. Infecciones de Transmisión Sexual (ITS)

Moderadores: **Irene Fuertes.** *Servicio de Dermatología. Hospital Clínic Barcelona. Barcelona.*
David Sánchez. *Servicio de Microbiología. Hospital Universitari de Bellvitge. L'Hospitalet de Llobregat.*

Impacto de la COVID-19 en las Infecciones de Transmisión Sexual

Vicente Descalzo

Servicio de Enfermedades Infecciosas. Hospital Universitari Vall d'Hebron. Barcelona.

Correspondencia:

Vicente Descalzo

E-mail: vicente.descalzo@vallhebron.cat

La situación de pandemia por virus SARS-CoV-2 en 2020 supuso una interrupción de los servicios de salud a diferentes niveles, incluyendo los destinados a la prevención, diagnóstico y manejo de las infecciones de transmisión sexual (ITS). Ya entonces algunos autores vaticinaban un repunte de ITS tras la pandemia como consecuencia del reinicio de la actividad sexual a pesar del distanciamiento social, en una situación de acceso a los servicios de salud sexual todavía limitado a causa de las restricciones¹. En este sentido, algunos estudios muestran que el cambio conductual durante el confinamiento no se tradujo en un cese de la actividad sexual ni en el abandono de ciertas situaciones de mayor riesgo para ITS como el chemsex².

Los datos sobre la tendencia en la incidencia de ITS en la era peri y postpandemia se pueden extraer de los últimos informes de vigilancia epidemiológica a nivel nacional. Estos informes muestran una reducción de los diagnósticos de gonorrea, clamidia y sífilis en el año 2020, probablemente atribuido al menor número de pruebas realizadas a causa de la pandemia, con un repunte posterior en los años siguientes, alcanzando en 2022 datos récord en España de casos notificados por 100.000 habitantes: 49 casos para gonorrea, 62,38 para clamidia y 17,1 para sífilis. En ese año la gran mayoría de casos de gonorrea y sífilis se dieron en hombres (79,9% y 89% respectivamente), mientras que la distribución de

los casos de clamidia fue prácticamente equivalente en ambos sexos (48,2% en mujeres)³.

En el caso del VIH la situación observada ha sido diferente porque, aunque se ha producido también un repunte de los casos notificados en 2022 respecto a 2020, la incidencia todavía se mantiene significativamente más baja respecto a los años previos a la pandemia. El acceso a la profilaxis preexposición, disponible desde 2020, juega un papel fundamental en el cambio de esta tendencia, sumado al hecho de que cada vez son más las personas que viven con VIH que están en tratamiento y con carga viral indetectable, lo que hace que el virus no pueda ser transmitido por la vía sexual⁴.

Más allá de la creciente incidencia de las ITS otra preocupación es la del desarrollo de resistencias lo que podría limitar las opciones terapéuticas en el futuro. El caso de la gonorrea ha sido ejemplo de una rápida progresión en el desarrollo de resistencias y se estimaba que para 2020 se podría llegar a una situación de gonorrea extremadamente resistente. Sin embargo, los últimos datos de vigilancia a nivel europeo muestran una mejoría en los perfiles de sensibilidad a las cefalosporinas, que son los tratamientos actuales, mientras que las tasas de resistencias a macrólidos y quinolonas se mantienen altas, lo que desestima su uso terapéutico⁵. En cambio, otro microorganismo que ciertamente

está mostrando perfiles de resistencia que llevan a situaciones preocupantes de limitación real de las opciones terapéuticas es el *Mycoplasma genitalium*. Se estima que el *M. genitalium* es la segunda causa de uretritis no gonocócica, y en los últimos años ha aumentado la proporción de cepas resistentes tanto a los macrólidos, utilizados como primera línea, como al moxifloxacino y otros antibióticos utilizados en segunda y posteriores líneas.

Además de las ITS clásicas, la epidemia reciente de monkeypox ha demostrado que en un mundo globalizado y con amplias y complejas redes sexuales, se puede llegar a una situación en la que un nuevo patógeno pueda pasar a ser sexualmente transmisible. Tras la explosión de casos en 2022 la transmisión de monkeypox se ha mantenido de manera residual con pequeños picos de casos, y aparentemente así continuará en el futuro. Además, otros patógenos ya presentes en nuestro medio, no catalogados inicialmente como ITS, tendrían que ser considerados como sexualmente transmisibles en algunas situaciones, a fin de mejorar su prevención y control. En este grupo entrarían entidades como el MRSA comunitario, la shigellosis y las micosis superficiales, cuya transmisión se encuentra aumentada recientemente en el colectivo de hombres que tienen sexo con hombres.

Finalmente podemos concluir que tras la pandemia de COVID-19, nos encontramos ante un aumento sin precedentes de ITS, que es de origen multifactorial, y cuyo control se basa en el acceso a diferentes herramientas orientadas a la prevención, diagnóstico y tratamiento. En eventuales situaciones futuras de

afectación de los sistemas de salud, se deberían intensificar los esfuerzos para mantener un buen acceso a los servicios de salud sexual, con el fin de minimizar el impacto en el control de las ITS.

Bibliografía

1. Jenness SM, Guillou AL, Chandra C, Mann LM, Sanchez T, Westreich D, Marcus JL. Projected HIV and Bacterial STI Incidence Following COVID-Related Sexual Distancing and Clinical Service Interruption. medRxiv [Preprint]. 2020 Oct.
2. Howarth AR, Saunders J, Reid D, Kelly I, Wayal S, Weatherburn P, Hughes G, Mercer CH. 'Stay at home ...': exploring the impact of the COVID-19 public health response on sexual behaviour and health service use among men who have sex with men: findings from a large online survey in the UK. *Sex Transm Infect.* 2022;98(5):346-52.
3. Unidad de vigilancia de VIH, ITS y hepatitis B y C. Vigilancia epidemiológica de las infecciones de transmisión sexual, 2022. Centro Nacional de Epidemiología, Instituto de Salud Carlos III/División de Control de VIH, ITS, Hepatitis virales y Tuberculosis, Dirección General de Salud Pública; 2024.
4. Unidad de vigilancia de VIH, ITS y hepatitis. Vigilancia Epidemiológica del VIH y sida en España 2022: Sistema de Información sobre Nuevos Diagnósticos de VIH y Registro Nacional de Casos de Sida. Centro Nacional de Epidemiología. Instituto de Salud Carlos III/ División de control de VIH, ITS, Hepatitis virales y tuberculosis. Ministerio de Sanidad. Madrid; noviembre 2023.
5. European Centre for Disease Prevention and Control. Gonococcal antimicrobial susceptibility surveillance in the Europe Union/European Economic Area. Summary of results 2020. Stockholm: ECDC; 2022.

Los brotes de MPOX en grandes ciudades: ¿una nueva endemia?

Carles Pericas^{1,2,3}, David Palma^{1,4,5}, Guillermo Bosch^{1,6}, Marina García-Suárez^{1,6}, Marta Comerma^{1,2}, Lluïsa Forns^{1,2}, Cristina Domingo^{1,2}, Cristina Rius^{1,2,4}

¹Servei d'Epidemiologia. Agència de Salut Pública de Barcelona. ²Institut d'Investigació Biomèdica Sant Pau (IIB Sant Pau). ³Departament de Medicina. Universitat de Barcelona. ⁴CIBER Epidemiologia y Salud Pública (CIBERESP). ⁵International Health Department. Care and Public Health Research Institute (CAPHR). Maastricht University. ⁶Unitat Docent de Medicina Preventiva i Salut Pública HMar-UPF-ASPB (Hospital del Mar-Universitat Pompeu Fabra-Agència de Salut Pública de Barcelona).

Correspondencia:
Carles Pericas
E-mail: cpericas@aspb.cat

Antecedentes y situación actual del mpox

El mpox es causado por un *orthopoxvirus* de la familia *poxviridae* que, aun habiéndose descrito pocos casos de transmisión entre humanos, en 2018 ya fue identificado por la OMS como una enfermedad emergente prioritaria¹. En julio de 2022, ante el aumento sostenido de casos de mpox en múltiples países y la situación de brote global, la OMS declaró una Emergencia de Salud Pública de importancia internacional (ESPII)². A nivel global, desde el 1 de enero de 2022, se han confirmado 95.226 casos y 185 muertes por mpox. Si bien en las regiones de Europa y las Américas la mayoría de los casos se concentran en el brote de 2022, a partir de la segunda mitad de 2023, en ambas regiones se aprecia un aumento sustancial de los casos que podría deberse a una reintroducción del virus en contextos en los que la transmisión comunitaria había pasado a ser mínima. Las regiones de Asia Sudoriental y del Pacífico Occidental que presentaron una baja incidencia en 2022 tuvieron un aumento drástico de casos en 2023³.

La situación actual indica una circulación relevante de mpox a nivel comunitario, que ha aumentado de nuevo a partir del segundo semestre de 2023. En Europa, los focos de transmisión, como en 2022, se han concentrado en grandes ciudades, describiéndose brotes significativos en Lisboa y Berlín^{4,5}. Barcelona, que ya fue una de las ciudades con mayor incidencia de mpox en el brote inicial de 2022⁶, declaró un nuevo brote de menor magnitud en julio de 2023.

Es relevante describir la situación epidemiológica del mpox en Barcelona y comparar las características de los brotes de 2022 y 2023, pues puede aportar información sobre el comportamiento epidemiológico del mpox en entornos urbanos, así como informar potenciales futuras medidas de prevención y control.

Materiales y métodos

Se ha realizado un estudio descriptivo analítico en el que se comparan los brotes de mpox de 2022 y 2023 en la ciudad de Barcelona. Los datos utilizados son los del registro de epidemiología de la Agencia de Salut Pública de Barcelona, que recoge todos los casos de enfermedades de declaración obligatoria (EDO) y las características de éstos a través de la encuesta epidemiológica correspondiente. Se ha realizado la curva epidemiológica de ambos brotes, presentando los casos en tasas de incidencia y comparando la situación de ambos brotes según semanas transcurridas desde el primer caso confirmado. Así mismo, también se ha efectuado un análisis bivariado con comparación de medias y proporciones de características epidemiológicas y clínicas de los casos de cada brote.

Comparación de los brotes de 2022 y 2023 en la ciudad de Barcelona

El brote de 2023, con 74 casos confirmados tuvo una incidencia de 4,6 casos por 100.000 habitantes mientras que la del brote de 2022, con 1726 casos, fue de 105,9. El comportamiento epidemiológico del brote de 2023 presentó diferencias con el anterior, pues llegó a su máximo de casos diario la semana 18 desde la confirmación del primer caso, mientras que el de 2022 lo hizo la semana número 8 (Figura 1). La mitad de los casos del brote de 2023 se concentran en 69 días, en 2022 este período fue de 27 días. Desde la semana 29, el brote de 2023 presentó más casos semanales que el de 2022.

Todos los casos de 2023 se dieron en hombres, un 90,5% eran hombres gays bisexuales u otros hombres que tienen sexo con hombres (GBHSH) un 44,6% tenían entre 30 y 39 años, un 36,5% eran nacidos fuera de la UE y un 39,2% vivían con VIH. Se encontraron diferencias entre brotes (Tabla 1), teniendo el de 2023 una mayor proporción de casos vacunados (31,1% vs 1,3%; $p < 0,001$) y más días de separación entre el inicio de síntomas y la fecha de notificación (8,7 vs 6,7 días; $p = 0,009$). En 2023 también se inició el estudio de contactos (EC) en mayor proporción (31,8% vs 8,2%; $p < 0,001$). Actualmente, en Barcelona ha seguido habiendo un goteo de casos a lo largo de los primeros meses de 2024.

Figura 1. Evolución de los casos de mpox por semana en la ciudad de Barcelona según brote. 2022-2023.

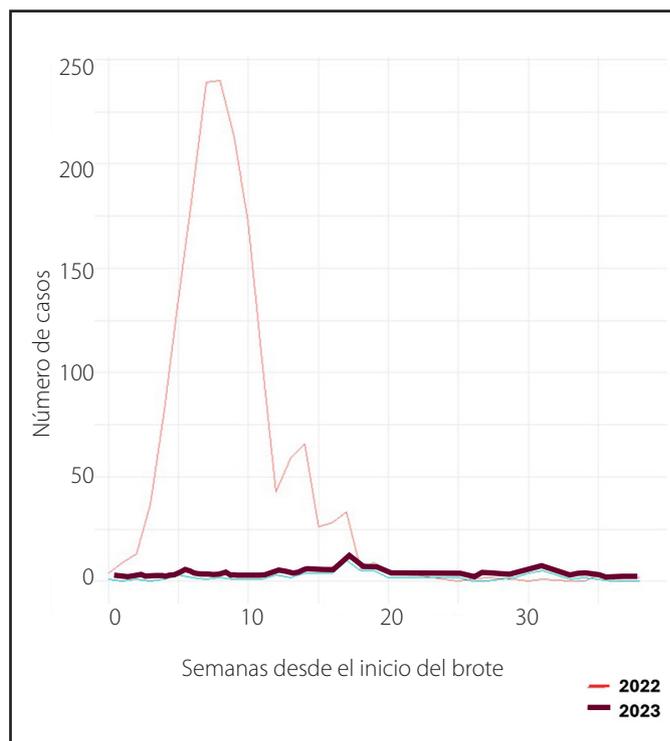


Tabla 1. Características de los casos de mpox en la ciudad de Barcelona según brote. 2022-2023.

	Brote 2022 (N=1726)	Brote 2023 (N=74)	p- valor
Sexo			0,420
Mujer	35 (2,0%)	0 (0%)	
Hombre	1691 (98,0%)	74 (100%)	
Edad			0,375
< 20	14 (0,8%)	0 (0%)	
20-29	337 (19,5%)	14 (18,9%)	
30-39	697 (40,4%)	33 (44,6%)	
40-49	501 (29,0%)	15 (20,3%)	
50-59	144 (8,3%)	9 (12,2%)	
60-69	27 (1,6%)	2 (2,7%)	
>70	6 (0,3%)	1 (1,4%)	
País de nacimiento			0,729
Comunitarios (UE)	242 (14,0%)	9 (12,2%)	
España	696 (40,3%)	35 (47,3%)	
Extracomunitarios	579 (33,5%)	27 (36,5%)	
Missing	209 (12,1%)	3 (4,1%)	
Mínimo una dosis de vacuna			<0,001
No	1703 (98,7%)	51 (68,9%)	
Sí	23 (1,3%)	23 (31,1%)	
VIH positivo			0,789
No	915 (53,0%)	41 (55,4%)	
Sí	587 (34,0%)	29 (39,2%)	
Missing	224 (12,9%)	4 (5,5%)	
Estudio de contactos iniciado			<0,001
No	1585 (91,8%)	50 (68,2%)	
Sí	141 (8,2%)	23 (31,8%)	
Tiempo síntomas – notificación			0,009
Media (SD)	6,73 (6,07)	8,73 (9,47)	
Mediana [Min, Max]	6,00 [0, 99,0]	6,00 [0, 62,0]	
Missing	161 (9,3%)	4 (5,4%)	

Discusión y conclusiones

El comportamiento epidemiológico del mpox en Europa desde el segundo semestre de 2023 nos confirma la recurrencia de casos y la aparición de nuevos brotes, particularmente en entornos urbanos. Si bien hay que considerar que el brote de 2023 es de una magnitud muy inferior al de 2022, la duración de

éste, la falta de un pico muy marcado de casos y una incidencia, aunque baja, sostenida en el tiempo plantean la posibilidad de que el mpox se haya consolidado como una infección endémica con transmisión comunitaria.

Las características de los casos del brote de 2023 en Barcelona son parecidas al anterior y se ajustan a las observadas en otros brotes en contextos urbanos (hombres jóvenes, GBHSH, con la vía de transmisión sexual siendo mayoritaria y un porcentaje importante de casos en personas que con VIH). Una mejora en la realización del estudio de contactos refleja una mayor capacidad del servicio de vigilancia epidemiológica de trabajar caso a caso, muy probablemente por la baja incidencia en comparación con 2022. El porcentaje elevado de personas vacunadas ha reducido el número de casos con sintomatología grave, ello puede haber conducido a un retraso en la notificación, al ser los signos y síntomas más leves y/o inespecíficos.

En conclusión, el mpox podría estar comportándose de forma endémica, con una incidencia basal más estable, afectando sobre todo a GBHSH. Es importante reforzar la vigilancia epidemiológica, promover la vacunación completa como medida preventiva (particularmente en personas viviendo con VIH) y actualizar protocolos teniendo en cuenta los posibles cambios en la epidemiología del mpox.

Bibliografía

1. World Health Organization. R&D blueprint: list of blueprint priority diseases. Geneva, Switzerland: World Health Organization; 2018. Disponible en línea: <http://www.who.int/blueprint/priority-diseases/en/F>
2. Taylor L. Monkeypox: WHO declares a public health emergency of international concern. *BMJ*. 2022 Jul 26;378: o1874. Doi: 10.1136/bmj.o1874.
3. 2022-24 Mpox Outbreak: Global Trends. Geneva: World Health Organization, 2024. Disponible en línea: https://worldhealthorg.shinyapps.io/mpx_global/
4. State office for health and social affairs. Information about Mpox in Berlin. Berlin, Germany; 2024. Disponible en línea: <https://www.berlin.de/lageso/gesundheit/infektionskrankheiten/monkeypox/>
5. Subdirección General de Sanidad Exterior. Ministerio de Sanidad. Alerta Sanitaria Internacional. Ref. 151/2023: Mpox en Portugal. Madrid, España: Ministerio de Sanidad; 2023.
6. Palma D, Guillaumes M, de Andrés A, Pericas C, Simón P, Rius C. Características del brote de Viruela del Mono en Barcelona (2022), y análisis de las estrategias de control llevadas a cabo por el equipo de vigilancia epidemiológica. XIII Jornadas de Enfermedades Emergentes. Barcelona, 15 y 16 de Maig de 2023.

Manifestaciones atípicas de la sífilis

Gemma Martín Ezquerro

Servicio de Dermatología. Hospital del Mar. Representante española en la IUSTI-Europe.

Correspondencia:

Gemma Martín

E-mail: gmartin@psmar.cat

La tasa global de sífilis se ha incrementado un 18,4% en los últimos 10 años en Cataluña, pasando de los 7,9 casos por 100.000 habitantes en 2012 a los 25,7 casos por 100.000 en 2021, El 88,5% de los casos son hombres. La media de edad de los casos registrados es de 39 años, y un 10,2% de los casos registrados son menores de 25 años. El 76,7% de los casos registrados en Cataluña son hombres que tienen sexo con hombres. En España la incidencia es de 17,1 casos por 100.000 habitantes en 2022, con las mismas características epidemiológicas que las descritas en Cataluña.

En Europa, en 2022 se notificaron 35.391 casos confirmados de sífilis en 29 estados miembros de la UE, con una tasa bruta de notificación de 8,5 casos por 100 000 habitantes, lo que representa un aumento del 34% en la tasa bruta de notificación en comparación con 2021, y un 41% aumento respecto a 2018. Las tasas de sífilis notificadas fueron ocho veces mayores en hombres que en mujeres y más altas en hombres de 25 a 34 años (40 casos por 100.000 habitantes). La mayoría (74%) de los casos de sífilis con información sobre la categoría de transmisión fueron reportados en hombres que tienen sexo con hombres (HSH). Sin embargo, 2022 marca el primer año de los últimos diez con aumentos notables de sífilis entre hombres y mujeres heterosexuales.

En Estados Unidos en 2022, se notificaron 207.255 casos de sífilis, que es el mayor número de casos notificados desde 1950 y representa un aumento del 17,3% desde 2021. Las tasas de sífilis primaria y secundaria aumentaron tanto entre hombres como mujeres, en todos los grupos de edad. Durante los años 2021 y 2022, la tasa de sífilis primaria y secundaria entre mujeres aumentó un 19,2%. Estos aumentos entre las mujeres son concurrentes

con aumentos en los casos entre hombres que tienen sexo solo con mujeres, lo que refleja un aumento llamativo de sífilis en población heterosexual en los Estados Unidos. Además, los HSH continúan viéndose afectados de manera desproporcionada por la sífilis, representando casi la mitad (45,1%) de todos los casos masculinos en 2022. En 2022, se notificaron 3.755 casos de sífilis congénita lo que representa un aumento del 30,6% en relación con 2021 y es la tasa más alta reportada desde 1991. Estos aumentos en la sífilis congénita reflejan los aumentos en la sífilis entre las mujeres en edad reproductiva.

Las manifestaciones clínicas de la sífilis primaria y secundaria son bien conocidas. *Treponema pallidum* penetra a través de las mucosas donde se desarrolla el chancro, al cabo de 3-4 semanas después del contagio. El chancro se manifiesta como una úlcera superficial, de bordes indurados, tacto cartilaginoso, limpia, típicamente no dolorosa y que asocia una adenopatía regional que suele ser indolora. Fórmulas atípicas de chancro incluyen los chancros extragenitales y la balanitis de Follmann.

La infección se extiende rápidamente por el sistema linfático y hematológico y se convierte en sistémica, manifestándose la fase secundaria de la infección, 1-2 meses después de la aparición del chancro, que puede coincidir con éste hasta en el 25% de los casos. La manifestación más típica de la sífilis secundaria es la roséola sifilítica con afectación palmoplantar. Son muy características las lesiones palmoplantares en forma de placas de descamación periférica llamada "Collarete de Biet", y los condiloma lata en áreas seboreicas o genitales. Describiremos casos atípicos de pacientes que se manifiestan en esta fase con lesiones de sífilis maligna, con lesiones exclusivas en mucosa oral o con alopecia apolillada.

Sinergia contra las Infecciones de Transmisión Sexual: Atención Primaria y Laboratorio de Microbiología. Proyecto AProxima

Manuel Linares-Rufo^{1,2}, Pilar Galicia-García de Yébenes³, Carlos García-Bertolín¹, Harold Bermúdez-Marval¹, Lara Martínez-Celdrán¹, Ángel Miguel Benito⁴, Teresa Arroyo-Serrano¹, Adriana Rojas-Díaz¹, Fernando Huguet Vivas⁴, Alicia Herrero-de Dios⁵, Juan Antonio Cuadros-González¹

¹Servicio de Microbiología Clínica. Hospital Universitario Príncipe de Asturias. Madrid. ²Grupo IMVAP de SEMERGEN. ³Centro de Salud Segovia. Madrid. ⁴Dirección General de Salud Pública. Comunidad de Madrid. ⁵Centro de Salud Juan de Austria. Madrid. ⁶Centro de Salud Miguel de Cervantes. Madrid.

Correspondencia:

Manuel Linares-Rufo

E-mail: manuel.linares@salud.madrid.org

Ver artículo sobre este tema en este mismo número de *Enf Emerg* 2024;23(2):74-80

Conferencia especial

Moderador: **Josep M. Miró.** *Servicio de Enfermedades Infecciosas. Hospital Clínic Barcelona – IDIBAPS. Universitat de Barcelona. Barcelona.*

COVID-19 and other emergent infectious diseases in the Art

Lucía Suárez, Víctor Asensi

Infectious Diseases-HIV Unit. Internal Medicine. Hospital Universitario Central de Asturias (HUCA). Oviedo University. Oviedo.

Correspondencia:

Víctor Asensi

E-mail: vasensia@gmail.com

Art has been influenced by world pandemics throughout History, especially by the Medieval plague and the 1918 Spanish influenza. Therefore, it is not unusual that COVID-19 be represented in multiple and sophisticated ways in Art. Certainly the approach to this viral disease and the graphic techniques used for its representation are different to those used before. Death is not the main idea behind COVID-19 artistic representation. There are other human worries represented instead. Fear, isolation, enforced change of daily activities and lifestyle, and mainly lack of freedom are the main ideas behind COVID-19 graphic representations. Graphic techniques switched from the traditional oil, watercolor and engravings to Pop-Art techniques using acrylic, photocompositions and even graffiti¹⁻⁴.

On the other hand, world museums remained closed boosting the need of offering their masterpieces online to people forced to remain secluded during months in their own homes, many times small apartments, along with their complete families. There were some laudable initiatives to offer free Art online promoted by the New York MOMA, the UNESCO's Museum "#share culture" program or in Spain by the Museo del Prado Instagram videos, Barcelona's MACBA "Diary of confinement" or Madrid's La Casa encendida "#MeQuedoenCasa".

Several were the themes related to the COVID-19 pandemic favored in Art that we will briefly describe. Firstly, the home confinement.

The own house was considered a safe and pleasant place but also a prison. Several authors followed this line of thought in their works (Goikoetxea, Simoes, Mildner and even the famous graffiti artist Banksy). Windows, though, were the only link with the outside work (Burguiño, Naves, Tordjman, Bianchini, Murillo) along with internet, used not only for fun but for teleworking that received a decisive push by COVID-19 (Monreal, Yilmaz, Dekel, Crespo). The emptiness of public places and the social isolation were other ideas frequently represented in Art regarding the COVID-19 pandemic (Yurhack, Seoane, Farinha). Following the same idea was the "Pandemiarte" project from the Spanish David Bokeh. In Pandemiarte several classical Art masterworks that their human figures deleted with Photoshop illustrating the loneliness that the COVID-19 pandemic brought. The own SARS-COV-2 that its own representation in Art as a magical or awesome figure (Guanyu, Szalay, Jaen, Zanni). Protection measures including personal protective equipment (PPE) with face-shields, face masks, gowns and gloves used against COVID-19 and PCR swabs for its diagnosis had been well depicted (AOS art, Mokshini, @anindianminiaturist, Muñoz Montejano, Ocho Diz, Rus, Amann, and even by the famous El País cartoonist El Roto). Finally, it must be mentioned the hero role of the health workers including doctors and nurses in and outside hospital in the fight against the COVID-19 pandemic. This risky and braver work of the health

workers was well depicted in the works of Pakdel, Grainca, Baksy, Lee, and even in a 2020 New Yorkers cover by Ware.

However, COVID-19 was not the only emergent disease portrayed in Art. Several arbovirus including Zika, dengue, Ebola are well depicted. Black a microbiologist and a graphic artist conceived artistic images of Zika virus. Hirsch, an artist from Israel created several truly original works on dengue, a viral disease he contracted while visiting the Dominican Republic. Seemel portrayed a threatening image of the mosquito as dengue-vector. Other artists (Mansaray, Carrett) portrayed Ebola, cause of an African pandemic breaking out between 2024-16. Sexually transmitted diseases (STD) are well represented in ART⁶⁻⁸. The most recent, HIV infection, is well represented, emphasizing the risk of unprotected sex (Lida), its family spread through heterosexual sex and vertical transmission especially in low. Income African and South American countries (Wesley, Lacend). Even famous illustrator such as Keith Haring, himself a gay artist living with HIV and a son of Pop-Art. Haring created many works on HIV infection emphasizing the need of showing affect, friendship and open acceptance by the general population with those infected with this retrovirus. Haring made these works in years when there was no effective therapy and many of the HIV transmission mechanisms were unknown. Lucien Freud, the noted British painter, that had many friends among the homosexual population produced some moving masterworks on AIDS- stricken patients as well. Even monkeypox one of the most recent pandemic among men who had sex with men (MSM) has its own graphic representation (Melnik).

Other STD such as syphilis have been broadly depicted in Art emphasizing the deadly consequences of illegitimate sex linked to prostitution (Hogarth, Toulouse-Lautrec, Gorrive, Cooper, Rops) or the consequences of syphilis vertical transmission in the hapless descendence (Rembrandt, Munch)⁹.

Among other emergent infectious diseases the 1918 Spanish influenza has its own representation in artists that suffered themselves this deadly pandemic such as Much and Schiele,

Malaria (Hebert, Sartorio) and Chagas disease (Favre-Mosier) are well represented in Art as well¹⁰.

In summary, Art is a depiction of life and is the mirror in which the human population sees itself. Pandemics damage or pose a risk for human health and always disturb daily activities enhancing isolation and confinement. Therefore, pandemics are well represented in the Art history, especially the most recent such as those due to HIV and COVID-19.

Bibliography

1. Del Río-Almagro A, Moreno-Montoro M^ª. (2023). Arte y Covid-19. Enfoques temáticos e imágenes predominantes de la pandemia. *Arte, Individuo y Sociedad*, 35:1101-1121. Downloaded at <https://dx.doi.org/10.5209/aris.86292>.
2. Song Y. Arte nacido durante la pandemia de COVID-19: Una reflexión con perspectiva histórica desde la globalización actual. *ANIAV. Rev Investig Artes Vis.* 2021;1. Available at: <http://dx.doi.org/10.4995/aniv.2021.14867>
3. CAM The Covid Art Museum [@covidartmuseum]. (s.f). Posts [Instagram profile]. Instagram. Downloaded on March 5th, 2024, at <https://www.instagram.com/covidartmuseum/>
4. Downloaded at <https://www.macba.cat/es/arte-artistas/artistas/haring-keith/todos-juntos-podemos-parar-sida>
5. Downloaded at <https://historia-arte.com/artistas/keith-haring>
6. Barragán A. (2020). El arte y la enfermedad, un retrato a lo largo del tiempo. Downloaded at https://verne.elpais.com/verne/2020/06/11/mexico/1591837762_215182.html
7. Muñoz A, Santos Y, Seoane R. (2017). *Infecta-Arte. La infección en el arte.* Santiago de Compostela: Andavira
8. Sierra Valenti X. Un dermatólogo en el museo. Downloaded on March 11th, at <http://xsierrav.blogspot.com>
9. Ortiz, A. Marriage à la mode (I part) of William Hogarth. Downloaded on February 27th, 2019 at <https://old.com.fundacionio.es/2019/02/27/marriage-a-la-mode-i-parte-de-william-hogarth/>
10. Ortiz, A. Arte e infección. Malaria de Antoine Auguste Ernest Hebert. Downloaded on May 15th, 2023 at <https://fundacionio.com/arte-e-infeccion-malaria-de-antoine-auguste-ernest-hebert/>

DIA 11. MESA I. VRS, gripe y COVID

Moderadores: **Joaquín López-Contreras.** *Servicio de Enfermedades Infecciosas. Hospital de la Santa Creu i Sant Pau. Barcelona*
Àngels Orcau. *Epidemióloga. Fundación de la Unidad de Investigación en Tuberculosis de Barcelona. Barcelona.*

Infeción por VRS: cambio de paradigma y momento histórico

Antoni Soriano Arandes

Unidad de Patología Infecciosa e Inmunodeficiencias Pediátricas. Hospital Universitari Vall d'Hebron. Infeción e Inmunidad en el paciente pediátrico. Vall d'Hebron Institut de Recerca.

Correspondencia:

Antoni Soriano

E-mail: tsorianoarandes@gmail.com

La introducción de nirsevimab¹, un nuevo anticuerpo monoclonal de vida media prolongada recomendado para prevenir las manifestaciones clínicas graves asociadas a la infección por el virus respiratorio sincitial (VRS), ha representado un cambio de paradigma para los pediatras y otros profesionales sanitarios que año tras año se enfrentaban a la epidemia producida por este virus respiratorio, el más prevalente en la población infantil menor de doce meses en los meses de otoño-invierno. Cambio de paradigma es, según el filósofo Thomas Kuhn, aquel cambio de pensamiento sobre un ámbito en específico, con esquemas, reglas y normas totalmente nuevas. Además, no sólo se produce una alteración de los modelos teóricos que generan consenso científico, sino también un cambio en la visión global acerca de una determinada disciplina o ciencia. Parece que el resultado de la implementación de este anticuerpo monoclonal responde perfectamente a estas definiciones, una vez ha finalizado la temporada 2023-2024 en el Hemisferio Norte.

La administración de nirsevimab fue recomendada a nivel poblacional en cuatro países a escala mundial (España, Estados Unidos, Francia y Luxemburgo) durante la temporada 2023-2024. A fecha de hoy, ya se han podido realizar estimaciones de su efectividad e impacto en condiciones reales de uso, a partir de estudios observacionales. Hay resultados disponibles en Espa-

ña, Estados Unidos y Luxemburgo, la mayoría centrados en la efectividad e impacto frente a la enfermedad grave por VRS, el objetivo fundamental de la inmunización según la autorización de la Agencia Europea del Medicamento (EMA)¹. Algunos estudios han podido estimar también la efectividad e impacto frente a los casos de VRS que precisan atención médica en atención primaria (AP), que representan anualmente una importante carga de morbilidad, además de costes sanitarios para los centros de salud, pero también sociales para las familias que tienen algún caso de bronquiolitis por VRS. En un estudio de cohortes retrospectivo basado en registros electrónicos, realizado en Cataluña, para el período de 1 de octubre de 2023 al 31 de enero de 2024, se incluyó a todos los bebés nacidos entre abril y septiembre de 2023 (nacidos antes de la temporada estacional para VRS). Se incluyeron dos cohortes, en función de si habían recibido o no nirsevimab, con un total de 26.525 bebés, de los cuáles 23.127 (87,2%) habían sido inmunizados. Se observó que una dosis de nirsevimab se asoció a una reducción significativa en bronquiolitis (48,1%; IC 95%: 42,4-53,3%), infecciones por VRS (68,9%; IC 95%: 51,7-80,0%) y neumonía viral (60,7%; IC 95%: 24,2-79,7%) atendidas en AP².

No obstante, la mayor parte de los estudios observacionales disponibles han estimado el efecto del nirsevimab en la reduc-

Tabla 1. Efectividad de la administración de nirsevimab para diferentes diagnósticos asociados a la infección por VRS en estudios publicados en España (AP: Atención Primaria; VRS: Virus respiratorio sincitial; UCI: unidad de cuidados intensivos).

Diagnóstico/resultado	Efectividad (IC 95%)			
	Cataluña ²	Comunidad Valenciana, Región de Murcia y Castilla-León ³	Navarra ⁴	Galicia ⁵
Infección por VRS en AP	68,9% (51,7%-80%)			
Bronquiolitis atendida en AP	48,1% (42,4%-53,3%)			
Neumonía viral en AP	60,7% (24,2%-79,7%)			
Visitas a urgencias hospitalarias	55,4% (48,4%-61,5%)		87,9% (70,3%-95,1%)	
Ingresos hospitalarios	87,6% (82,1%-91,4%)	70,2% (38,3%-88,5%) mediante el diseño de test-negativo 84,4% (76,8%-90,0%) mediante el diseño de cribado	88,7% (69,6%-95,8%)	82,0% (65,6%-90,2%)
Ingresos en UCI	90,1% (76,3%-95,9%)		85,9% (13,2%-97,7%)	86,9% (69,1%-94,2%) Para casos graves que requieren O ₂ suplementario

ción de hospitalización y de los casos graves de infección por VRS, así como su impacto en cuanto a casos graves prevenidos y fracción prevenida a nivel poblacional. Estudios realizados en Castilla y León³, Cataluña², Comunidad Foral de Navarra⁴, Comunidad Valenciana³, Galicia⁵ y Región de Murcia³, han estimado la efectividad de esta medida preventiva en diferentes poblaciones (Tabla 1). A nivel nacional, se estima que la administración de nirsevimab habría evitado entre 9.364 y 9.875 hospitalizaciones en menores de doce meses y una reducción del 74-75% respecto a las que se habrían producido en ausencia de la estrategia de inmunización comparando las temporadas 2022-2023 y 2023-2024 (desde la semana 40/2023 hasta la semana 8/2024) (datos no publicados en revisión). Otros países como Luxemburgo y Estados Unidos también han estimado el impacto y la efectividad respectivamente.

Bibliografía

1. European Medicines Agency (EMA). Beyfortus (nirsevimab) [Internet]. 2023. Disponible en: <https://www.ema.europa.eu/en/medicines/human/EPAR/beyfortus>
2. Coma E, Martínez-Marcos M, Hermosilla E, *et al.* Effectiveness of Nirsevimab Immunoprophylaxis Against Respiratory Syncytial Virus-Related Outcomes in Hospital and Primary Care Settings: A Retrospective Cohort Study in Infants in Catalonia (Spain). Available at SSRN: <https://ssrn.com/abstract=4749763> or <http://dx.doi.org/10.2139/ssrn.4749763>.
3. López-Lacort M, Muñoz-Quiles C, Mira-Iglesias A, *et al.* Early estimates of nirsevimab immunoprophylaxis effectiveness against hospital admission for respiratory syncytial virus lower respiratory tract infections in infants, Spain, October 2023 to January 2024. *Eurosurveillance*. 2024;29(6):2400046.
4. Ezpeleta G, Navascués A, Viguria N, Herranz-Aguirre M, Juan Belloc SE, Gimeno Ballester J, *et al.* Effectiveness of Nirsevimab Immunoprophylaxis Administered at Birth to Prevent Infant Hospitalisation for Respiratory Syncytial Virus Infection: A Population-Based Cohort Study. *Vaccines*. abril de 2024;12(4):383.
5. Ares-Gomez S, Mallah N, Santiago-Pérez MI, *et al.* Effectiveness and impact of universal prophylaxis with nirsevimab in infants against hospitalisation for respiratory syncytial virus in Galicia, Spain: initial results of a population-based longitudinal study. *Lancet Infect Dis*. 2024 Apr 30:S1473-3099(24)00215-9. doi: 10.1016/S1473-3099(24)00215-9.

La gripe

Cristina Rius Gibert

Servei d'Epidemiologia. Agència de Salut Pública de Barcelona.

Correspondencia:

Cristina Rius

E-mail: crius@aspb.cat

La gripe es una infección respiratoria aguda causada por virus de la Familia *Orthomyxoviridae*. La enfermedad cursa con inicio súbito de fiebre, tos, odinofagia, artromialgias y astenia. La mayoría de las personas se recuperan por sí solas rápidamente. Las medidas higiénicas y la vacunación son la mejor manera de prevenir la enfermedad, siendo la vacunación una herramienta muy eficaz para prevenir casos graves y muertes.

En el mundo, cada año se producen unos mil millones de casos de gripe estacional; de ellos, entre tres y cinco millones son graves. La enfermedad causa entre 290 000 y 650 000 muertes respiratorias al año.

El virus de la gripe es un virus ARN del que existen 4 tipos designados como A, B, C y D. Los tipos A y B son los responsables de las epidemias estacionales de cada invierno y hasta ahora, solo los virus de tipo A han causado pandemias globales. De la gripe A, actualmente circulan entre los seres humanos los subtipos H1N1 y H3N2.

Los virus gripales presentan una elevada tasa de mutación genómica que ocasiona la aparición de nuevas variantes antigénicas. Los dos cambios antigénicos fundamentales son: Deriva antigénica (*antigenic drift*) por la acumulación de mutaciones puntuales; y Cambios antigénicos (*antigenic shift*) cambios mayores que dan lugar a nuevos virus con potencial pandémico.

La aparición de virus con potencial pandémico ha ocurrido en varias ocasiones a lo largo del siglo XX.

La primera gran pandemia del siglo XX es la llamada Gripe Española. El conocimiento exacto de su inicio, su magnitud y su impacto es incierto ya que en ese momento el mundo se encontraba en la fase terminal y más aguda de la Primera Guerra Mundial por lo que todos los países ocultaban el estado de afectación de sus tropas y de la población como una herramienta de desinformación. La epidemia se extendió por el mundo en 3 ondas de distinta intensidad des de mayo de 1918 hasta junio de 1919. La gripe afectó mayoritariamente a adultos jóvenes, de 20

a 40 años, que experimentaron también una elevada mortalidad. De manera global hay diversas estimaciones que abarcan des de los 50 millones hasta los 100 millones de muertes.

En febrero 1957 apareció un nuevo virus de la gripe A, el H2N2, procedente de Asia que dio lugar a una nueva pandemia, la llamada gripe asiática. La epidemia afectó principalmente a niños, escolares, adolescentes y adultos jóvenes, coincidiendo con el inicio escolar tras el verano, registrándose uno de los picos más pronunciados en octubre de 1957. La cantidad estimada de muertes fue de alrededor de un millón cien mil personas a nivel mundial. El impacto fue menor de lo esperado debido a la disponibilidad de antibióticos y al conocimiento que ya tenía del virus por lo que se dispuso de una vacuna en muy poco tiempo.

En el año 1968 fue aislado un nuevo virus de la gripe A, el H3N2, en Hong Kong en el curso de una epidemia de una enfermedad respiratoria aguda. La nueva pandemia se llamó gripe de Hong Kong. La distribución de esta pandemia fue parecida a la anterior. La pandemia registró 4 ondas en 4 años, desde 1968 a 1971. La mortalidad asociada a la pandemia fue alta en Estados Unidos mientras que en Europa se consideró baja.

Ya en el siglo XXI, en abril de 2009 se registró el primer caso de infección humana por un virus A (H1N1) de origen porcino. Esta fue la última pandemia registrada, la gripe porcina o gripe nueva. En poco menos de 2 meses el virus se estaba propagando por todo el mundo. El pico máximo se alcanzó en otoño junto con el inicio de la vacunación. En Julio de 2010 la OMS anunció el fin de la pandemia de gripe H1N1 2009. La pandemia afectó principalmente a niños y a adultos jóvenes, aunque la mayor tasa de ingresos hospitalarios se registró en mayores de 65 años. La mayor tasa de mortalidad se produjo en adultos de 20 a 50 años, sin embargo, la mayor letalidad se registró en mayores de 50 años.

Así pues, del estudio de las pandemias pasadas podemos llegar a diversas conclusiones que son similares en todas ellas y que las diferencian de la gripe estacional: diseminación en

primavera-verano en el hemisferio norte; rápida diseminación por todo el mundo; morbimortalidad elevada mayoritariamente de adultos jóvenes; introducción de cambios en la circulación de los virus de gripe estacional.

No podemos predecir cuándo habrá una pandemia en el futuro y mucho menos cómo y dónde aparecerá. Lo que sí sabemos es que una pandemia de gripe se producirá cuando surja un virus de gripe con la capacidad de causar una transmisión humana sostenida, y con una población humana con poca o ninguna inmunidad frente al virus. Desconocemos si los virus de la gripe que circulan actualmente, humanos, porcinos o aviares, darán lugar la siguiente pandemia. Sin embargo, la diversidad de virus zoonóticos de la gripe que han causado infecciones hu-

manas requiere una vigilancia reforzada tanto en las poblaciones animales como en las humanas, una investigación exhaustiva de cada infección zoonótica y una planificación de la preparación de la pandemia.

Bibliografía recomendada

- Fineberg HV. Pandemic Preparedness and Response. Lessons from the H1N1 Influenza of 2009D. *N Engl J Med.* 2014;370;14.
- Reid AH, Taubenberger JK, Fanning T. The 1918 Spanish influenza: integrating history and biology. *Microbes Infect.* 2001;3:81-7.
- World Health Organization. Evolution of a pandemic: A(H1N1) 2009, April 2009 – August 2010 2nd ed. Geneva 2013.

Situación actual de la gripe aviar a nivel mundial

Natàlia Majó Masferrer

Profesora titular del Departamento de Sanidad y Anatomía Animales de la Universitat Autònoma de Barcelona. Directora del Centre de Recerca en Sanitat Animal (CRESA) del Instituto de Recerca i Tecnologia Agroalimentàries (IRTA).

Correspondencia:

Natalia Majó

E-mail: natalia.majo@irta.cat

La influenza aviar (IA) o “gripe aviar” es una enfermedad viral aguda que afecta a las aves de corral y está causada por virus de la influenza A. Las aves silvestres, como las de los órdenes anseriformes (patos, gansos, etc.) y charadriiformes (gaviotas, charranes, etc.) pueden portar y propagar el virus de forma asintomática, mientras que las aves domésticas pueden desarrollar una enfermedad sistémica y letal. Estos virus se clasifican además como de baja o alta patogenicidad, lo que indica su capacidad para producir enfermedad en las aves. Clásicamente, los virus de la influenza aviar de baja patogenicidad (LPAIV, del inglés *Low Pathogenicity Avian Influenza Virus*) eran comunes en las aves silvestres de todo el mundo. En la mayoría de los casos, estos virus no causaban signos de infección, pero algunas cepas, especialmente las de los subtipos H5 y H7, podían mutar y volverse altamente patógenas (HPAIV, del inglés *Highly Pathogenicity*

Avian Influenza Virus) causando altas mortalidades en granjas avícolas (Swayne *et al.*, 2020). Esta situación ha cambiado en los últimos años, y las cepas H5 que circulan actualmente no sólo están ampliando el rango de aves y mamíferos salvajes, así como también de mamíferos domésticos que podrían infectar, sino que también se comportan como altamente letales en estas especies (Waldenström *et al.*, 2022; FAO, 2023).

Esta dinámica de expansión territorial de esta enfermedad es debida a la aparición, a finales de los años noventa, de la cepa HPAI H5N1 en China. El virus HPAI H5N1, linaje Goose/Guangdong (gs/Gd), surgió en 1996, causando grandes mortalidades en aves silvestres en Asia y también afectación a humanos, con 19 casos reportados. Posteriormente, y a través de aves migratorias llegó a Europa y empezó a circular de forma masiva y a diversificarse en más de diez clados filogenéticos que, a su vez, se recombinaron

con cepas LPAIV circulantes en Europa. En la última década, el clado 2 y más concretamente el 2.3.4.4.b, ha emergido como el clado predominante, causando grandes episodios de mortalidad tanto en aves silvestres como domésticas en Asia, Europa, África y últimamente también en las Américas. Más recientemente, desde finales del 2021, los virus H5N1 circulantes, aún pertenecientes al clado H5 2.3.4.4.b, no solo están expandiendo el rango de aves silvestres que afectan, sino que también ha causado importantes episodios de mortalidad en mamíferos silvestres terrestres y marinos.

La Autoridad Europea de Seguridad Alimentaria (EFSA), en colaboración con el Centro Europeo para la Prevención y el Control de Enfermedades (ECDC), el laboratorio de referencia de la UE (EURL) sobre influenza aviar y las autoridades de los Estados miembros afectados, publica informes de vigilancia trimestrales basados en notificaciones oficiales de brotes de países y datos adicionales proporcionados por los Estados miembros afectados, sobre la IA en Europa y a nivel global. En el último informe trimestral, de diciembre de 2023 y a marzo de 2024, se reportaron brotes de HPAI A(H5) en aves domésticas (227) y salvajes (414) en 26 países de Europa. En comparación con años anteriores, el número total de detecciones del virus HPAI en aves fue significativamente menor, entre otras razones, posiblemente debido a algún nivel de inmunidad en grupos de especies de aves salvajes previamente afectadas, lo que resultó en una reducción de la contaminación del medio ambiente y una composición diferente de los genotipos A (H5N1) circulantes. Con respecto a los mamíferos silvestres, se siguen detectando durante los últimos meses, casos aislados en Europa en lince, nutrias o focas, posiblemente por contacto o ingestión de aves enfermas o muertas. Pero la mayor afectación de mamíferos, se describió en Sudamérica, con mortalidades nunca vistas de elefantes y leones marinos en las costas de Brasil, Uruguay y Argentina a finales del 2023. En estos episodios de mortalidad no se descarta la transmisión entre individuos de la misma especie, lo que podría suponer una cierta adaptación del virus a los mamíferos.

Además, dos hechos ocurridos recientemente, han incrementado la preocupación de la comunidad científica y de las autoridades sanitarias y medioambientales respecto a este virus. En primer lugar, la detección a inicios del 2024, y por primera vez en la historia, de infección con H5N1 en la Antártida, concretamente en págalos antárticos. Por otro lado, el brote que está habiendo en granjas de vacas lecheras en Estados Unidos desde marzo de este año, con 36 granjas afectadas en 9 estados. Hasta el momento, no se había descrito infección por virus de gripe aviar en ruminantes, por lo que estos casos representan un salto muy significativo en la adaptación del virus a mamíferos.

En estos casos, la vía de transmisión entre vacas de una misma granja se está aún dilucidando, aunque parece que la transmisión a través de las máquinas de ordeño sería una de las hipótesis más plausibles dada la gran cantidad de virus infectivo que se ha encontrado en la leche. También cabe mencionar que a principios del brote hubo una infección por H5N1 detectada en un granjero que presentó una conjuntivitis leve.

Respecto a las infecciones humanas por los virus de la IA son poco comunes, pero han ocurrido esporádicamente en muchos países, generalmente después de exposiciones sin protección (por ejemplo, no usar protección respiratoria u ocular) a aves de corral infectadas o ambientes contaminados con virus. Desde el 2003, más de 20 países han notificado a la OMS más de 860 infecciones humanas por el virus de la gripe aviar H5N1, siendo la mayoría de los casos entre el 2003 y el 2015 en países donde el virus se encontraba endémico en aves domésticas, como Egipto y el sureste asiático (Indonesia, Vietnam o Laos) y el contacto entre estas y los humanos es habitualmente estrecho.

Tras la infección con virus de IA, la gama de síntomas y gravedad de la enfermedad en personas es altamente variable, desde asintomática, en la mayoría de los casos, a letal, en casos de personas con procesos patológicos concomitantes o que han estado expuestas de forma estrecha y por un período de tiempo proCDC (Centre for Disease Control and Prevention) a aves de corral enfermas y muertas, especialmente en entornos domésticos, así como en ambientes contaminados o a mercados de aves vivas. La enfermedad clínica asociada con infecciones humanas por el virus de la IA no necesariamente se correlaciona con la patogenicidad del virus en aves infectadas. Por otro lado, el contagio entre personas de los virus de IA es limitado, aunque se ha sospechado en algunos brotes sobre todo en países asiáticos, como China (2007, H5N1 y 2013, H7N9), Tailandia (2004, H5N1) o Indonesia (2005, 2006, H5N1). La mayoría de los casos notificados de probable contagio entre humanos se ha producido hasta el momento entre familiares de sangre después de la exposición prolongada y estrecha sin protección dentro del hogar a un familiar sintomático o después de la exposición prolongada, cercana y sin protección a un familiar muy enfermo en el hospital.

En definitiva, la situación actual de la cepa H5N1 supone la mayor epidemia de gripe aviar desde que se conoce este virus, tanto por su expansión territorial como por la diversidad de especies animales afectadas. En especial, la circulación de virus en el medio natural supone un riesgo mayúsculo que convierte esta enfermedad vírica en un problema no únicamente para la industria avícola, sino también para preservación de la biodiversidad y, en última instancia, también de salud pública.

Bibliografía recomendada

- CDC (Centre for Disease Prevention and Control). H5N1 Bird Flu: Current situation summary. <https://www.cdc.gov/flu/avianflu/avian-flu-summary.htm>.
 - EFSA (European Food Safety Authority), ECDC (European Centre for Disease Prevention and Control), EURL (European Union Reference Laboratory for Avian Influenza), Fusaro A, Gonzales JL, Kuiken T, Mirinavičiūtė G, Niqueux É, Ståhl K, Staubach C, Svartström O, Terregino C, Willgert K, Baldinelli F, Delacourt R, Georganas A, dKohnle L, 2024. Scientific report: Avian influenza overview December 2023–March 2024. *EFSA Journal* 2024;22(3):8754,69pp. <https://doi.org/10.2903/j.efsa.2024.8754>.
 - Swayne DE, Suarez DL, Sims DL. Influenza. In: *Diseases of Poultry* 14th edition. 2020; p 210-56.
 - Waldenström J, van Toor M, Lewis N, Lopes S, Javakhishvili Z, Muzika D, *et al.* Active wild bird surveillance of avian influenza viruses, a report. EFSA supporting publication 2022;19(12):EN-7791. 51 pp. [doi:10.2903/sp.efsa.2022.EN-7791](https://doi.org/10.2903/sp.efsa.2022.EN-7791)
-

MESA II. Proyectos de investigación en curso sobre COVID

Moderadores: **Andrés Marco.** *Médico de Familia. Programa de Salud Penitenciaria. Institut Català de la Salut. Barcelona. CIBER de Epidemiología y Salud Pública (CIBERESP). Madrid.*
Ángela Domínguez. *Medicina Preventiva y Salud Pública. Facultad de Medicina y Ciencias de la Salud. Universitat de Barcelona. Barcelona.*

Estudio prospectivo sobre las características de los casos índices asociados a la transmisión del SARS-CoV-2 en domicilios en Cataluña y Navarra

Pere Godoy^{1,2}, Manuel García-Cenoz^{2,3}, Ignasi Parron⁴, Joaquim Ferras⁴, Ivan Martinez-Baz^{2,3}, Inma Sanz⁴, Montse Zayas⁴, Mònica Carol⁴, Cristina Rius^{2,5}, Sofia Godoy⁶, Diana Toledo^{2,7}, Núria Follia⁴, Carme Miret⁴, Jessica Pardos⁴, Pere Plans⁴, Miquel Alsedà^{1,4}, Núria Bes⁴, Maria-Rosa Sala⁴, Carmen Muñoz-Almagro^{2,8}, Jesús Castilla^{2,3}, Ángela Domínguez^{2,7} y Grupo de trabajo "Factores asociados a la transmisión de SARS-CoV-2 en los convivientes de Cataluña y Navarra y efectividad de las vacunas y de las medidas no farmacológicas para reducir la transmisión" (PI21/01883 y ESP22PI01)

¹Institut de Recerca Biomèdica (IRB Lleida). Lleida. ²CIBER de Epidemiología y Salud Pública (CIBERESP). Madrid. ³Instituto de Salud Pública de Navarra - IdiSNA. Pamplona. ⁴Agència de Salut Pública de Catalunya. Barcelona. ⁵Agència de Salut Pública de Barcelona. Barcelona. ⁶Institut Català de la Salut (ICS). Lleida. ⁷Universitat de Barcelona. Barcelona. ⁸Laboratori de Microbiologia, Hospital Sant Joan de Déu. Barcelona.

Correspondencia:
Pere Godoy
E-mail: pere.godoy@gencat.cat

Ver artículo sobre este tema en este mismo número de *Enf Emerg.* 2024;23(2):68-73

Modelos de Inteligencia Artificial para evaluar los efectos de la medicación crónica en pacientes con SARS-CoV-2

Adrián Sánchez-Montalvá¹, Berta Miró Cau²

¹Unidad de Salud Internacional Vall d'Hebron-Drassanes. Servicio de Infecciosas. Hospital Universitario Vall d'Hebron. PROSICS Barcelona. Universidad Autónoma de Barcelona. Barcelona. Grupo de Estudio de Infecciones por Micobacterias (GEIM) de la Sociedad Española de Enfermedades Infecciosas y Microbiología Clínica (SEIMC). Madrid. Centro de Investigación Biomédica en Red de Enfermedades Infecciosas (CIBERINFEC). Instituto de Salud Carlos III. Madrid. ²Unitat d'Estadística i Bioinformàtica (UEB). Vall d'Hebrón Institut de Recerca. Barcelona.

Correspondencia:
Adrián Sánchez Montalvá
E-mail: adrian.sanchez.montalva@gmail.com

La interacción entre medicación crónica y la infección por SARS-CoV-2 ha sido un tema de debate desde el inicio de la pandemia de COVID-19. Comprender el efecto de ciertos fármacos en pacientes con COVID-19 nos ayudaría a diseñar estrategias personalizadas que podrían mejorar el pronóstico de la enfermedad. Para evaluar los efectos de los medicamentos en los participantes con COVID-19, realizamos un estudio retrospectivo utilizando bases de datos administrativas en colaboración con el Programa de Análisis de datos para la Investigación y la Innovación en Salud PADRIS perteneciente a la Agencia de Calidad y Evaluación Sanitarias de Cataluña (AQUAS) que involucró a 120,650 participantes diagnosticados de infección por SARS-CoV-2 de 18 años o más, entre febrero y septiembre de 2020 en Cataluña. Se consideró medicación crónica la medicación que se había retirado de las farmacias comunitarias por un tiempo superior a 3 meses. La metodología de análisis incluyó el desarrollo de modelos de *machine learning* con XGBoost también la aplicación de técnicas de correlación frecuentistas. Los resultados finales que se consideraron fueron hospitalización, necesidad de ingreso en una Unidad de Cuidados Intensivos, y muerte. Para cada uno de ellos se construyeron dos modelos explicativos, uno para mayores de 65 años, y otros para personas con edad inferior a 65 años, con las variables más relevantes.

La edad media de los participantes fue de 53 años (DE 20), y 68,528 de 120,650 (57%) eran mujeres.

En general, los modelos construidos que incluían las variables de medicación crónica exhibieron valores de AUROC que oscilaban entre 0,70 y 0,89 para los participantes con COVID de 18 a 65 años. Por el contrario, los modelos desarrollados con participantes mayores de 65 años mostraron un ajuste más pobre para todos los resultados analizados (AUROC entre 0,58 y 0,73). Estos hallazgos se pueden explicar por la relevancia de la edad en el pronóstico del COVID-19, y la compleja dinámica de interacciones con otros factores concomitantes y otros determinantes asociados a la edad. Además de investigar los efectos de la medicación crónica, también evaluamos la relación de los 3 resultados finales estudiados y las enfermedades basales para los 2 grupos de edad previamente definidos. Estos modelos identificaron características similares como predictores que ya habían sido señaladas en otros estudios¹. Las métricas de rendimiento para estos modelos se asemejaron estrechamente a las de los modelos comparativos evaluados con los medicamentos recetados. Ambos enfoques de modelado compartieron características demográficas y socioeconómicas idénticas, diferenciándose únicamente en las variables clínicas analizadas.

Las características comunes identificadas en todos los modelos, aunque en diferente orden de importancia, fueron la edad

y el sexo, que han sido identificados como factores pronósticos de especial relevancia². Además de estas dos características, el número de medicamentos recetados también fue una de las características más relevantes en la mayoría de los modelos. El estatus socioeconómico también se reveló como un factor determinante para la evolución de la enfermedad. Encontramos que los medicamentos para la hipertensión, se identificaron como características importantes, especialmente en el riesgo de muerte y el ingreso a la UCI en participantes entre 18 y 65 años.

Adicionalmente, se realizó un análisis multivariado para un conjunto seleccionado de comorbilidades y la medicación asociada: hipertensión (IECA y ARA-II), diabetes (biguanidas e inhibidores de la DPP4) y trastorno metabólico (estatinas). Los resultados del análisis multivariable también se analizaron por separado para hospitalización, ingreso a la UCI y mortalidad y los grupos de edad, siguiendo el mismo esquema de población descrito anteriormente. Las personas en tratamiento para la hipertensión con IECA y ARA-II no mostraron un riesgo elevado en ninguno de los resultados, en comparación con aquellos con hipertensión, pero sin medicación. Sin embargo, las personas mayores de 65 años con hipertensión arterial tratadas con IECA y ARA-II demostraron un menor riesgo de muerte en comparación con aquellos con hipertensión no tratada (OR = 0,78, IC del 95%: 0,68-0,92 y OR = 0,8, IC del 95%: 0,68-0,95, respectivamente, Tabla 1). Para los participantes de 65 años o menos, ninguno de los medicamentos analizados estuvo vinculado a un aumento del riesgo de hospitalización o ingreso a la UCI. En el análisis para los participantes diabéticos, el tratamiento con inhibidores de la DPP4 en el subgrupo de 18 a 65 años estuvo asociado con una mayor probabilidad de muerte (OR 3,03, IC del 95% 1,17-7,00)³. En participantes mayores de 65 años, las biguanidas exhibieron un efecto protector en las tasas de mortalidad general (OR 0,79, IC del 95% 0,68-0,92)³, lo cual no se observó con los inhibidores de la DPP4 (OR 1,2, IC del 95% 0,96-1,49). Al comparar las biguanidas con los inhibidores de la DPP4 en participantes mayores de 65 años, las biguanidas demostraron un rendimiento superior en todos los resultados. Las estatinas no mostraron un efecto protector en ninguno de los resultados en los dos subconjuntos de población.

La hipertensión arterial y la diabetes *mellitus* sin un control adecuado han demostrado ser factores de mal pronóstico en personas con COVID-19. Un buen control de estos factores de riesgo reduce la probabilidad de un resultado final negativo. Nuestro estudio además resalta cuales son las alternativas terapéuticas que tienen menos interacciones con COVID-19 o incluso pueden tener efectos protectores en esta población. Además, las características socioeconómicas como

Tabla 1. Análisis multivariado del riesgo de hospitalización, muerte e ingreso en la UCI en participantes de entre 18 y 64 años (derecha) y mayores de 65 años (izquierda). Análisis estratificado por factores de riesgo relevantes y fármacos de interés para las comorbilidades (modelo ajustado por edad y sexo): hipertensión, diabetes, y trastorno metabólico.

18 to 64 years old					
Outcome	Disease	Medication	aOR (95% CI)	Pr (> z)	N
Hospitalization	Hypertension	ACEi	0,98 (0,85-1,13)	0,8	370
		ARB	1,06 (0,89-1,27)	0,5	203
		ARB (ref ACEi)	1,08 (0,89-1,32)	0,4	
	Diabetes	Biguanides	1,02 (0,87-1,2)	0,8	443
		DPP4	0,98 (0,62-1,51)	0,9	30
		Biguanides (ref DPP4)	1,04 (0,68-1,64)	0,9	
Metabolic disorder	Statins	1,13 (0,95-1,35)	0,2	193	
Death	Hypertension	ACEi	0,91 (0,52-1,55)	0,7	20
		ARB	0,89 (0,43-1,7)	0,7	11
		ARB (ref ACEi)	0,98 (0,45-2,03)	>0,9	
	Diabetes	Biguanides	1,31 (0,78-2,24)	0,3	42
		DPP4	3,03 (1,17-7,0)	0,014	7
		Biguanides (ref DPP4)	0,43 (0,18-0,99)	0,048	
Metabolic disorder	Statins	2,13 (1,19-3,66)	0,008	18	
ICU	Hypertension	ACEi	0,85 (0,6-1,18)	0,3	52
		ARB	1,03 (0,58-1,53)	0,9	33
		ARB (ref ACEi)	1,22 (0,77-1,89)	0,4	
	Diabetes	Biguanides	0,8 (0,57-1,13)	0,2	69
		DPP4	0,32 (0,05-1,03)	0,11	2
		Biguanides (ref DPP4)	2,54 (0,78-15,6)	0,2	
Metabolic disorder	Statins	1,14 (0,74-1,71)	0,5	28	

65 and above years old					
Outcome	Disease	Medication	aOR (95% CI)	Pr (> z)	N
Hospitalization	Hypertension	ACEi	1,2 (1,07-1,35)	0,001	693
		ARB	1,19 (1,04-1,36)	0,009	466
		ARB (ref ACEi)	0,99 (0,86-1,14)	0,9	
	Diabetes	Biguanides	1,19 (1,04-1,35)	<0,001	1331
		DPP4	1,54 (1,27-1,88)	<0,001	253
		Biguanides (ref DPP4)	0,77 (0,65-0,92)	0,004	
Metabolic disorder	Statins	1,2 (1,05-1,37)	0,009	484	
Death	Hypertension	ACEi	0,78 (0,68-0,9)	<0,001	217
		ARB	0,8 (0,68-0,95)	0,009	211
		ARB (ref ACEi)	1,02 (0,84-1,24)	0,8	
	Diabetes	Biguanides	0,79 (0,68-0,92)	0,003	646
		DPP4	1,2 (0,96-1,49)	0,1	162
		Biguanides (ref DPP4)	0,66 (0,54-0,81)	<0,001	
Metabolic disorder	Statins	1,01 (0,85-1,21)	0,9	204	
ICU	Hypertension	ACEi	1,15 (0,82-1,62)	0,4	57
		ARB	1,32 (0,9-1,9)	0,14	45
		ARB (ref ACEi)	1,14 (0,761,17)	0,5	
	Diabetes	Biguanides	0,89 (0,64-1,27)	0,5	126
		DPP4	0,96 (0,54-1,66)	0,9	18
		Biguanides (ref DPP4)	0,93 (0,57-1,6)	0,8	
Metabolic disorder	Statins	0,74 (0,51-1,04)	0,089	45	

el estatus social y la GMA influyeron consistentemente en todos los resultados, como se identificó en estudios anteriores. Una de las limitaciones de los modelos predictivos existentes de COVID-19 es la fuerte dependencia de la edad y el sexo, lo que puede limitar el impacto de los predictores adicionales. Cualquier predictor adicional debería encontrar un buen equilibrio entre la complejidad de su recogida y adquisición, y el rendimiento que aporta al modelo. Nuestros modelos utilizaron predictores que pueden ser fácilmente accesibles a través de bases de datos administrativas u obtenidos mediante una breve entrevista con el participante.

Bibliografía

1. Reina Reina A, Barrera JM, Valdivieso B, *et al.* Machine learning model from a Spanish cohort for prediction of SARS-CoV-2 mortality risk and critical patients. *Scientific Reports*, 2022;12:5723. <https://doi.org/10.1038/s41598-022-09613-y>
2. Azizi Z, Shiba Y, Alipour P & The GOING-FWD investigators, *et al.* Importance of sex and gender factors for COVID-19 infection and hospitalization: A sex-stratified analysis using machine learning in UK Biobank data. *BMJ Open*, 2022;12*, e050450. <https://doi.org/10.1136/bmjopen-2021-050450>
3. Pedrosa AR, Martins DC, Rizzo M & Silva-Nunes J. Metformin in SARS-CoV-2 infection: A hidden path - from altered inflammation to reduced mortality. A review from the literature. *Journal of Diabetes and its Complications*. 2023;37(2):108391.

Identificación de factores predictores de mal pronóstico en el momento del diagnóstico de la COVID-19 en Atención Primaria. ¿Varían en cada una de las ondas epidémicas? epiCOVID19FMP

Joan Barrot¹, Manel Mata², Joan A. Caylà³, Jordi Real⁴, Bogdan Vlachó⁴, Josep Franch⁵

¹Metge Atenció Primària. MFiC. Institut Català de la Salut Girona Departament de Salut | Generalitat de Catalunya. ABS Jordi Nadal, Salt. ²Investigador del grup DAP.CAT, IDIAP Jordi Gol. Metge de l'ABS La Mina (Gerència Territorial de Barcelona, ICS). ³President de la Fundació Unitat de Investigació en Tuberculosi de Barcelona. Ex professor associat de Medicina Preventiva i Salut Pública de la UAB. Ex cap de servei d'epidemiologia de l'Agència de Salut Pública de Barcelona. ⁴Investigador del grup DAP.CAT, IDIAP Jordi Gol. Hospital de la Santa Creu i Sant Pau. Barcelona. ⁵Investigador del grup DAP.CAT, IDIAP Jordi Gol. Professor agregat de la UB. Metge de l'ABS Raval Sud - CAP Drassanes (Gerència Territorial de Barcelona, ICS). CIBERDEM, Institut de Recerca Barcelona.

Correspondencia:

Joan Barrot

E-mail: jfbarrot.girona.ics@gencat.cat

La pandemia de la COVID-19 (Coronavirus disease 2019) causada por el virus SARS-CoV-2, ha ejercido una significativa presión sobre el sistema sanitario, especialmente en la Atención Primaria (AP), la primera línea de defensa ante la enfermedad. La evolución de la enfermedad ha mostrado una variabilidad considerable en el riesgo de complicaciones graves y mortalidad, dependiendo de las características individuales de los pacientes. Entre los factores de riesgo conocidos se encuentran la hipertensión arterial, la diabetes *mellitus*, enfermedades pulmonares crónicas y la obesidad.

Otros factores pronósticos pueden variar según las diferentes fases de la epidemia y el estado de vacunación de la población.

Algunos de estos factores ya están presentes en el mismo momento del diagnóstico otros se podrán conocer después de realizar análisis o pruebas complementarias. El objetivo de esta investigación es identificar los factores pronósticos de mala evolución de la COVID-19 desde la Atención Primaria.

Nuestros resultados pueden contribuir a establecer un pronóstico de gravedad en etapas tempranas de la enferme-

dad, permitiendo identificar pacientes que necesitan atención especializada de manera prioritaria. Esto puede permitir crear nuevas herramientas clínicas para mejorar las decisiones sanitarias que contribuyan a mejorar los resultados de salud en nuestra población.

Hipótesis

Se pueden identificar factores pronósticos de mala evolución en pacientes con COVID-19 desde el momento del diagnóstico en la Atención Primaria, lo que podría ayudar a estimar el riesgo de hospitalización o muerte prematura. Algunos de estos factores pueden ir cambiando con cada onda epidémica y en función del estado vacunal.

Objetivos

Objetivos principales:

- Desarrollar y validar un modelo de riesgo utilizando *machine learning* para mejorar el manejo de pacientes desde la Atención Primaria en un estudio de base poblacional.
- Identificar un *score* pronóstico de gravedad para optimizar la atención desde la Atención Primaria.

Objetivos secundarios:

- Describir la prevalencia de los factores pronósticos identificados en personas con COVID-19.
- Analizar el impacto de comorbilidades y complicaciones crónicas, y riesgo de complicaciones por COVID-19.
- Adaptar el modelo de riesgo a diferentes fases epidémicas y evaluar posibles diferencias.
- Evaluar el modelo en relación con el estado de vacunación de la población.

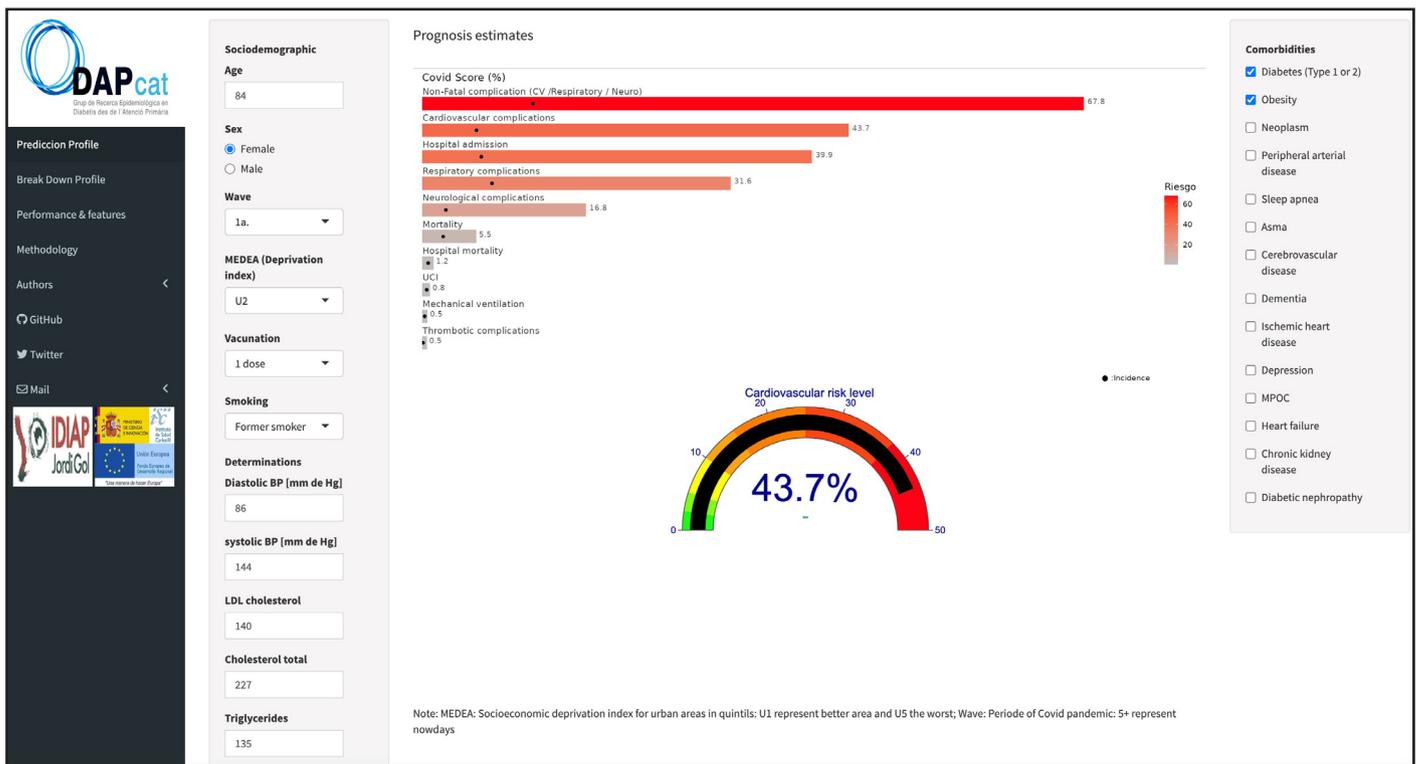
Diseño

Se llevó a cabo un estudio retrospectivo longitudinal utilizando la base de datos poblacional del SIDIAP (Sistema de Información de Atención Primaria) de los individuos asignados en todos los centros de AP y hospitales del sistema catalán de Salud (CatSalut).

Se analizaron un total de 2.162.187 casos identificados de COVID-19 entre marzo de 2020 y septiembre de 2022, durante las 5 olas epidémicas.

El periodo de seguimiento individual (pacientes mayores o igual a 18 años en la base de datos SIDIAP/PADRI) fue desde

Figura 1. Captura de pantalla de la APP-Web para calcular, dado un perfil de paciente, el riesgo de presentar cada una de las complicaciones que implican gravedad. <https://dapcat.shinyapps.io/CovidScore>



la fecha de diagnóstico o detección de la infección confirmada por SARS-CoV-2 hasta un máximo de 90 días posteriores a su inclusión, o hasta la muerte prematura.

Métodos

Se analizaron modelos de *machine learning* (ML) de distinto nivel de complejidad para predecir eventos a corto plazo, como muerte por cualquier causa, mortalidad en hospital, hospitalización, ingreso en unidad de cuidados intensivos (UCI), necesidad de ventilación mecánica y complicaciones respiratorias, neurológicas, trombóticas y cardiovasculares.

- Modelos polinomiales generalizados (GLM)
- Modelos flexibles con lasso (*elasticnet regularization*)
- *Gradient boosting model* (GBM)
- *Support vector machine models* (SVM).

En cada modelo testado para cada *outcome* se identificaron los 15 factores pronósticos que proporcionaron la mayor capacidad predictiva de mal pronóstico. El tipo de modelo seleccionado fue el que presentó un mejor rendimiento, según mejor métrica de rendimiento (AUC >0,80; *Accuracy* >0,90) y siguiendo el criterio de parsimonia (menor número de parámetros / menor complejidad) tipo el Purposful.

Finalmente se implementaron los modelos en una APP-Web para calcular, dado un perfil de paciente, el riesgo de presentar cada una de las complicaciones. <https://dapcat.shinyapps.io/CovidScore> (Figura 1).

Resultados

Los predictores de complicaciones a corto plazo más relevantes comunes a todos los modelos, fueron la edad y ola epidémica. Otros predictores comunes fueron el indicador de deprivación social (MEDEA), presión arterial, antecedentes cardiovasculares, EPOC, y Diabetes. Los modelos obtuvieron buenas métricas de rendimiento entre los tres tipos de algoritmos testados (GBM,

GLM polinómico y Lasso) alcanzando AUCs y precisiones superiores a 0,95, por ejemplo, para el modelo de mortalidad.

Conclusiones

Además de la edad y la fase epidémica, se identificaron factores como nivel de deprivación social, diabetes, antecedentes cardiovasculares, obesidad, EPOC, presión arterial elevada, colesterol y triglicéridos como determinantes de complicaciones graves por COVID-19. Estos hallazgos permiten una identificación precisa de pacientes en riesgo de complicaciones, facilitando su manejo en la atención primaria y derivación a niveles asistenciales especializados.

Bibliografía

1. Sisó-Almirall A, Kostov B, Mas-Heredia M, Vilanova-Rotllan S, Sequeira-Aymar E, Sans-Corrales M, *et al.* Prognostic factors in Spanish COVID-19 patients: A case series from Barcelona. *PLoS One*. 2020 Aug 21;15(8):e0237960. doi: 10.1371/journal.pone.0237960.
2. Reilev M, Kristensen KB, Pottegård A, Lund LC, Hallas J, Ernst MT, *et al.* Characteristics and predictors of hospitalization and death in the first 11 122 cases with a positive RT-PCR test for SARS-CoV-2 in Denmark: a nationwide cohort. *Int J Epidemiol*. 2020 Oct 1;49(5):1468-1481. doi: 10.1093/ije/dyaa140.
3. Dorjee K, Kim H, Bonomo E, Dolma R. Prevalence and predictors of death and severe disease in patients hospitalized due to COVID-19: A comprehensive systematic review and meta-analysis of 77 studies and 38,000 patients. *PLoS One*. 2020 Dec 7;15(12):e0243191. doi: 10.1371/journal.pone.0243191.
4. Wang X, Fang X, Cai Z, Wu X, Gao X, Min J, *et al.* Comorbid Chronic Diseases and Acute Organ Injuries Are Strongly Correlated with Disease Severity and Mortality among COVID-19 Patients: A Systemic Review and Meta-Analysis. *Research (Wash D C)*. 2020 Apr 19;2020:2402961. doi: 10.34133/2020/2402961.
5. Clift AK, Coupland CAC, Keogh RH, Diaz-Ordaz K, Williamson E, Harrison EM, *et al.* Living risk prediction algorithm (QCOVID) for risk of hospital admission and mortality from coronavirus 19 in adults: national derivation and validation cohort study. *BMJ*. 2020 Oct 20;371:m3731. doi: 10.1136/bmj.m3731.

Breve historia y dinámica actual del SARS-CoV-2

Antoni E. Bordoy

Servei de Microbiologia. Institut de Recerca Germans Trias i Pujol. Badalona.

Correspondencia:

Antoni E. Bordoy

E-mail: aescalas@igtp.cat

El SARS-CoV-2 ha sido intensamente muestreado y secuenciado desde el inicio de la pandemia de COVID-19, por consiguiente, se ha convertido en un paradigma para comprender la aparición y evolución viral en tiempo real. Los descubrimientos en murciélagos del género *Rhinolophus*, comunes en el sur de China y el sudeste asiático, de coronavirus muy cercanos al SARS-CoV-2 (~97% identidad) sugieren que esta región fue el origen del virus, que pasó de murciélagos a otros animales y luego a humanos¹. A pesar de la existencia de teorías conspiratorias, existen evidencias documentales, metagenómicas y de geolocalización que indican que el mercado de Huanan fue el epicentro de la pandemia de COVID-19. Se ha propuesto que los linajes A y B surgieron de eventos zoonóticos separados. Sin embargo, un reciente estudio filogenético de genomas virales obtenidos dentro y fuera de China desde enero hasta setiembre de 2020 sugiere que todas las variantes iniciales del SARS-CoV-2 exhibían una continuidad evolutiva que apuntaría a un solo evento zoonótico. Así pues, se ha propuesto el linaje A0 como ancestro común a todos los linajes circulantes en humanos durante los inicios de la pandemia, el término B0 para designar secuencias intermedias entre los clados A y B, y el término B-B1 para las intermedias entre B y B.1 (D614G)².

La cantidad incomparable de datos genómicos generados a lo largo de la pandemia nos ha ayudado a combatir el SARS-CoV-2 y a comprender mejor su biología. En estos cuatro años se pueden diferenciar cinco etapas en lo que refiere a las variantes circulantes del virus. En la etapa inicial, el SARS-CoV-2 tuvo una diseminación geográficamente de ciertos linajes con una aparente evolución viral limitada³. La segunda etapa estuvo marcada por las variantes de preocupación (*variant of concern*, VOC) de primera generación. A nivel global, la variante Alpha llegó a una frecuencia máxima de ~36% en abril del 2021. En cambio, otras VOCs como Beta (B.1.351) y Gamma (P.1) fueron dominantes sólo localmente. Sin embargo, la variante Delta, más transmisible que Alpha, desplazó las VOCs previas y llegó a casi un 90% en octubre

de 2021. La aparición de la variante Ómicron, identificada por primera vez en noviembre de 2021 en Sudáfrica, marcó un punto de inflexión en la evolución fenotípica del virus e inició la tercera etapa. Con una capacidad de escape inmunológico y una alta transmisibilidad, Ómicron presentaba también un uso menos eficiente del receptor TMPRSS2 (proteasa transmembrana, serina 2), reduciendo la replicación viral en los pulmones y, a su vez, su virulencia¹. Así pues, muchos países y regiones experimentaron oleadas sucesivas de infecciones causadas por sublinajes de Ómicron, principalmente BA.1, BA.2 y BA.5⁴. La cuarta etapa se caracterizó por la aparición de los primeros linajes recombinantes –XBB y derivados– que tuvieron un éxito suficiente para desplazar a sus parientes. En esta etapa, los linajes XBB.1.5, XBB.1.16, XBB.1.9, XBB.2.3, EG.5.1 (XBB.1.9.2.5.1) y HK.3 (XBB.1.9.2.5.1.1.3) coexistieron en un periodo de gran diversidad genética y evolución convergente conocido como “sopa de variantes”. A mediados del 2023, se detectó la emergencia de la variante BA.2.86, sin alcanzar el estatus de VOC, rápidamente dio lugar al linaje JN.1 (BA.2.86.1.1), que, en una quinta y actual etapa, se ha extendido globalmente y ha restablecido una predominancia clara de un solo linaje, similar a la situación previa a la emergencia de los linajes XBB. El linaje JN.1 junto con el sublinaje JN.1.11.1 representan ~80% de las muestras secuenciadas en febrero-mayo de 2024. Se cree que el éxito del linaje JN.1 es el resultado de la deriva antigénica de BA.2.86 durante un período de baja transmisión, ya que BA.2.86 no muestra una evasión inmune ni una ventaja de crecimiento en comparación con las variantes dominantes previas (EG.5.1 y HK.3), seguido de la adquisición de la mutación L455S en el dominio de unión al receptor (RBD)⁵. Parece ser que la aparición de la variante JN.1 no ha provocado un aumento de casos ni mortalidad. De hecho, a nivel mundial se ha observado una disminución del 11% y del 41% de nuevos casos y muertes, respectivamente, en marzo de 2024. Sin embargo, estas tendencias deben interpretarse con cautela debido a la disminución de las pruebas diagnósticas y la

secuenciación. Con todo esto, la vigilancia genómica, la adaptabilidad de las estrategias de salud pública y la capacidad de responder rápidamente a nuevas variantes mediante ajustes en las vacunas siguen siendo esenciales para mantener la eficacia de la respuesta global a la COVID-19.

Bibliografía

1. Holmes EC. The Emergence and Evolution of SARS-CoV-2. *Annu Rev Virol*. Published online April 17, 2024.
 2. Lv JX, Liu X, Pei YY, *et al*. Evolutionary trajectory of diverse SARS-CoV-2 variants at the beginning of COVID-19 outbreak. *Virus Evol*. 2024;10(1):veae020.
 3. Markov PV, Ghafari M, Beer M, *et al*. The evolution of SARS-CoV-2. *Nat Rev Microbiol*. 2023;21(6):361-379.
 4. Roemer C, Sheward DJ, Hisner R, *et al*. SARS-CoV-2 evolution in the Omicron era. *Nat Microbiol*. 2023;8(11):1952-1959.
 5. Yang S, Yu Y, Xu Y, *et al*. Fast evolution of SARS-CoV-2 BA.2.86 to JN.1 under heavy immune pressure [published correction appears in *Lancet Infect Dis*. 2024 Jan 3;]. *Lancet Infect Dis*. 2024;24(2):e70-e72.
-

MESA III. COVID persistente

Moderadores: **Robert Güerri.** *Servicio de Enfermedades Infecciosas. Hospital del Mar. Barcelona.*

Antonio Moreno. *Infectólogo. Fundación de la Unidad de Investigación en Tuberculosis de Barcelona. Barcelona.*

COVID persistente ¿Qué sabemos?

Lourdes Mateu

Directora del Programa de COVID Persistente. Servicio de Enfermedades Infecciosas. Hospital Germans Trias i Pujol. Barcelona.

Correspondencia:

Lourdes Mateu

E-mail: lmateu.germanstrias@gencat.cat

Desde la descripción de los primeros casos de pacientes con síntomas persistentes meses después de la infección por SARS-CoV-2, esta condición ha recibido diversos nombres, tales como *Long COVID* (traducido como COVID Persistente), *post-Covid-19 Condition*, *Post-Acute Sequelae of SARS-CoV-2 (PASC)*, y *post-Covid-19 Syndrome*, entre otros. No fue hasta octubre de 2021 que la Organización Mundial de la Salud (OMS) definió, mediante el método Delphi, lo que denomina *Post-Covid-19 Condition*: una condición que se manifiesta en pacientes que presentan síntomas tres meses después de una infección aguda por SARS-CoV-2, con una duración de más de dos meses y que no pueden ser explicados por otras causas. El término más utilizado en la actualidad es *Long COVID*, que también es preferido por los pacientes, ya que no incluye la palabra "post", la cual implica que la enfermedad ha quedado en el pasado, mientras que los pacientes continúan sintiéndose enfermos.

El COVID persistente es una enfermedad multisistémica que afecta a todos los órganos y sistemas, aunque no todos los pacientes presentan los mismos síntomas ni la misma evolución. Por esta razón, diferentes grupos de investigación han intentado clasificar a los pacientes según sus síntomas. Probablemente existan diferentes síndromes superpuestos: pacientes que presentan secuelas del daño estructural causado por la infección

aguda por SARS-CoV-2; pacientes que han experimentado un síndrome post cuidados intensivos, un síndrome bien conocido donde la infección viral no es estrictamente necesaria y que se produce debido a la ventilación mecánica, la inmovilización y el shock, recuperándose lentamente, y para quienes tres meses no son suficientes; y pacientes con COVID persistente, una nueva entidad que se manifiesta a pesar de que la infección aguda no sea grave, con una fisiopatología compleja.

La prevalencia y la incidencia de esta entidad no son del todo conocidas. En el metanálisis publicado por Chen en el 2022 se pone de manifiesto la falta de claridad sobre este tema dada la significativa heterogeneidad observada entre los diferentes estudios. La prevalencia global podría ser del 43%, siendo mayor en pacientes hospitalizados en comparación con los pacientes no hospitalizados. Sin embargo, hay muchos factores a tener en cuenta: la propia definición de la enfermedad, las diferentes variantes del virus y el estado de vacunación. La incidencia de la COVID persistente no es igual con las diferentes variantes de SARS-CoV-2; es mayor con las variantes ancestral y delta que con ómicron. Se estima que la incidencia con ómicron es de alrededor del 5%. El estado vacunal también influye, siendo menor el riesgo de desarrollar COVID persistente en aquellos pacientes con una pauta de vacunación completa. Otro factor que podría

disminuir la incidencia es el tratamiento de la infección aguda por SARS-CoV-2 con antivirales. En cuanto a los factores de riesgo asociados al desarrollo de COVID persistente, se incluyen ser mujer, factores socioeconómicos y algunas comorbilidades como la obesidad, la rinitis y las alergias.

La fisiopatología de esta entidad es compleja, pero en los últimos años se han identificado diversas alteraciones asociadas a ella. Las principales hipótesis incluyen la persistencia viral, ya sea de virus en reservorios o de partículas virales que provoquen una respuesta antigénica persistente; la inflamación tisular o sistémica; la autoinmunidad; la reactivación de otros virus latentes; alteraciones en la microbiota; y alteraciones en la microvasculatura.

El tratamiento de la COVID persistente se basa en el manejo de los síntomas y la rehabilitación. Hasta la fecha, ningún tratamiento ha demostrado ser eficaz para tratar la causa subyacente de la COVID persistente. Son necesarios ensayos clínicos bien diseñados, randomizados y con placebo debido a la falta de biomarcadores para evaluar la eficacia de los tratamientos.

A pesar de las lagunas de conocimiento existentes, el pronóstico de la COVID persistente según los diferentes estudios publicados no es favorable, con menos del 50% de los pacientes recuperados al año de seguimiento. Incluso en el estudio publicado por nuestro grupo, solo el 7,6% de los pacientes se recuperaron a los dos años de seguimiento.

La COVID persistente produce una gran discapacidad, afectando la actividad laboral de más del 50% de los pacientes. Esta condición tiene un gran impacto asociado, no solo debido a los

gastos sanitarios que requieren los pacientes, sino también por los costos relacionados con la afectación laboral.

Se estima que, a día de hoy, hay más de 65 millones de pacientes afectados por COVID persistente. Con una incidencia optimista del 5%, en 10 años habrá más de 200 millones de personas con COVID persistente en todo el mundo, una cifra comparable a la de quienes padecen enfermedad isquémica cardíaca. Estamos, por tanto, ante un problema importante de salud global y económico que los sistemas de salud deben afrontar.

Bibliografía recomendada

- Soriano JB, Murthy S, Marshall JC, Relan P, Diaz JV; WHO Clinical Case Definition Working Group on Post-COVID-19 Condition. A clinical case definition of post-COVID-19 condition by a Delphi consensus. *Lancet Infect Dis.* 2022;22:e102-e107.
- Perlis RH, Santillana M, Ognyanova K, Safarpour A, Trujillo KL, Simonson MD, et al. Prevalence and Correlates of Long COVID Symptoms Among US Adults. *JAMA Netw Open.* 2022;5:e2238804.
- Chen C, Hauptert SR, Zimmermann L, Shi X, Fritsche LG, Mukherjee B. Global Prevalence of Post-Coronavirus Disease 2019 (COVID-19) Condition or Long COVID: A Meta-Analysis and Systematic Review. *J Infect Dis.* 2022;226(9):1593-607. doi:10.1093/infdis/jiac136
- Mateu L, Tebe C, Loste C, Santos JR, Lladós G, López C, et al. Determinants of the onset and prognosis of the post-COVID-19 condition: a 2-year prospective observational cohort study. *The Lancet regional health. Europe* 2023;33:100724.
- McCorkell L, Peluso MJ. Long COVID research risks losing momentum - we need a moonshot. *Nature.* 2023;622(7983):457-460. doi:10.1038/d41586-023-03225-w

¿Puede tener una COVID persistente? El *backstage* de la atención primaria

Gemma Torrell Vallespín

Metgessa de família. CAP Les Indianes. EAP Montcada i Reixac. Institut Català de la Salut.

Correspondencia:

Gemma Torrell Vallespín

E-mail: gemmatorrell@gmail.com

Se presenta un caso clínico, del que no disponemos todavía de diagnóstico definitivo, que nos puede servir para tener presente el síndrome de COVID persistente en las consultas de atención

primaria como diagnóstico diferencial. El caso clínico corresponde a una paciente real, que ha dado su permiso para compartir los datos clínicos. Los aspectos referentes a la vida son ficticios.

Noviembre de 2021. El texto de la visita no presencial indica “petición de analítica”. Veo que a M. Carmen la conozco poco. Conozco de ella lo que aparece anotado en la historia clínica: tiene 58 años, fumadora, consta un diagnóstico de obesidad, de hipotiroidismo subclínico, un síndrome del túnel carpiano y poco más. No se visitaba desde de 2019, de donde consta una analítica con una TSH de 51.7. Reviso su historia clínica y la localizo vía telefónica para realización de una nueva analítica. En ese momento, se encuentra asintomática. La nueva analítica se realiza en febrero 2022 y muestra una TSH 64.9, T4 0.66 y T3 2.99 (en rango), con autoinmunidad positiva. En la visita presencial para dar el resultado, explica cansancio. Se inicia levotiroxina a razón de 1,6 mcg/kg/día (100 mcg/kg/día, aunque corresponderían 142 mcg/kg/día). Programo una ecografía tiroidea y un seguimiento telefónico en marzo 2022. En esa llamada explica mejoría del cansancio con el tercer comprimido de levotiroxina. Programo una nueva analítica.

Sin embargo, en abril 2022 pide una consulta urgente en la que dice, mientras traspasa el dintel de la puerta: *Las piernas y los brazos me pesan como si fueran cemento, tengo un nudo aquí – se señala la zona centro torácica- que no me deja. Con las pastillas me encontré mejor al principio, pero luego ya no.* Entra en la consulta arrastrando literalmente las piernas.

Antes de presentar estos síntomas, 10 días aproximadamente, dice que notó un incremento brusco del cansancio que ya presentaba con un dolor torácico intenso en reposo no irradiado, falta de aire a pequeños-moderados esfuerzos, sensación distérmica con un pico de 38 °C que solo duró un día, mayor irascibilidad y sensación de taquicardias en diferentes momentos del día sin relación con el esfuerzo.

Observo que respira con mayor dificultad al realizar los cambios de posición en la camilla, con sensación de trabajo respiratorio (resopla) cuando le hago levantar las piernas estando sentada contra resistencia para valorar la fuerza (que está conservada). La tensión en ese momento es de 107/79 mmHg, la SatO₂ al aire 98% y la frecuencia cardíaca de 89 ppm. La temperatura es normal. En la exploración física se ausculta un soplo sistólico panfocal que no constaba en exploraciones anteriores ni en los diagnósticos clínicos. Hay buena entrada y salida de aire en la auscultación respiratoria, sin ruidos sobreañadidos. Se realiza un electrocardiograma que no muestra alteraciones en ritmo, eje o repolarización. Dada la aparatosidad de los síntomas, la disnea, el dolor torácico y la aparición brusca, pensando en descartar condiciones como un tromboembolismo pulmonar, derivo a UCIAES del centro de referencia. Ahí, hacen una radiografía en la que no observan condensaciones, una analítica que muestra

un dímero D y un pro-BNP dentro de la normalidad, enzimas miocárdicas negativas. Hacen una PCR para SARS-COV-2 que resulta positiva. Es dada de alta a domicilio al no observar criterios de ingreso con la orientación de COVID-19.

La sigo durante las semanas posteriores, hasta la mejoría de los síntomas que sucede unas 6 semanas después, subjetivamente para la paciente y tras la exploración física para mí. M Carmen se incorpora al trabajo. Trabaja de gobernanta en un hotel que dispone de spa.

No vuelvo a contactar con la paciente hasta diciembre de 2022, cuando la llamo para el resultado del seguimiento de la TSH, que permanece algo elevada. Le propongo aumentar la dosis de levotiroxina. Programo una nueva analítica. En febrero 2023, por valores aún elevados de TSH, vuelvo a incrementar levotiroxina. No comenta ni pregunto por cómo se encuentra en relación con los síntomas de COVID-19.

A M Carmen se le administran en entre 2021 y 2023 4 dosis de vacuna para SARS-COV-2 (12/05/2021, 02/06/2021 Cominarty, 30/12/2021 Spikevax, 12/01/2023 Cominarty).

En febrero 2023 consulta por carraspera y sensación de ocupación laríngea de aparición más o menos abrupta, con afonía y disfonía de 3 semanas de evolución. Ha disminuido el consumo de tabaco de 2 paquetes al día a ½ paquete al día. Interconsultó al servicio de otorrinolaringología por ser fumadora y por la duración de la afonía/disfonía sin contexto de infección de vías altas.

¿Podría haberse tratado de una reinfección? ¿Podrían haber sido ya síntomas persistentes?

El otorrinolaringólogo la visita en abril 2023 observa un edema de Reinke polipoideo bilateral con el paso aéreo reducido y programa un TAC cérico-torácico que se realiza en mayo 2023. El TAC muestra normalidad cervical, pero signos de broncopatía (enfisema) y vidrio deslustrado en ambas bases sugestivas de neumopatía tabáquica. La paciente deja de fumar a partir de ese momento.

Viene a la consulta con su hija y su nieta. Su marido murió hace unos años. M. Carmen vive sola. Está preocupada porque el otorrino le ha propuesto una microcirugía laríngea que realizarían en junio 2023.

Se realiza la microcirugía laríngea en la fecha programada.

Dejo la consulta 6 meses por una beca. En esa ausencia la consulta está cubierta durante un mes seguido por la misma persona y después por diferentes personas dos o tres días a la semana.

Consulta en septiembre de 2023 por carraspera, reflujo y opresión centro torácica no irradiada, con sensación disnea

a moderados esfuerzos que la obliga a parar. Malestar general, ataques de sudoración profusa con la tos sin fiebre. Similares a los que tuvo con la COVID-19 (un año y medio antes). En la exploración cardíaca se ausculta el soplo sistólico panfocal y en la respiratoria, murmullo vesicular conservado sin ruidos sobreañadidos. Se realiza un ECG que no muestra cambios respecto a los anteriores y se programan una prueba de esfuerzo y una ecocardiografía.

En la visita para recoger los resultados, indica que persisten los síntomas. La prueba de esfuerzo es clínicamente positiva, pero eléctricamente negativa, con una clase funcional media. En la analítica la TSH aparece suprimida 0,2. Se disminuye dosis de levotiroxina. Se realiza baja médica, la disnea le dificulta mucho la realización del trabajo diario.

Muere su hermano en esos meses.

No constan más visitas hasta que vuelvo a la consulta en enero 2024. Reviso la ecocardiografía que muestra una doble lesión aórtica con una estenosis moderada y una insuficiencia leve, una calcificación del anillo mitral y una FEVI 67%. Continúa con síntomas. Interconsultó con cardiología, no me queda clara la participación de esta estenosis aórtica en los síntomas que presenta M. Carmen.

En una nueva visita en febrero 2024, comenta que mantiene la disnea a moderados esfuerzos y los episodios de dolor torácico que sobrevienen en reposo o a mínimos esfuerzos. La exploración física no se modifica respecto a las previas.

Des de cardiología nos recomiendan estudio por neumología, añadir pro-BNP a la próxima analítica y se le programa un TAC coronario.

Se visita en Neumología de zona en febrero 2024 quienes la derivan al hospital de referencia para continuar el estudio de la disnea. En marzo realiza un WT6M (320m, saturación oxígeno al aire 97-96-94%) y una PFR (FVC 2,21 – 71-7%-, FEV1 1,67 – 68,8%-, DLCO 59, KCO 88). Sospechan una neumonía descamativa pero también un proceso sistémico, como una artritis reumatoide, puesto que la paciente presenta dolor articular en primera articulación carpometacarpiana de ambas manos.

En mayo 2024 (tras 9 meses de duración de los síntomas) se realiza analítica que descarta componente artrítico.

En la última visita que hacemos la paciente entra en la consulta diciendo: *Es como si tuviera 80 años, doctora*. No es hasta esa visita que vinculo lo que cuenta a la COVID-19 que sufrió en 2022. La invito a que explique un poco más como es esa sensación. Cuenta que el hecho de ir al supermercado, cargar la compra y volver a casa, le provoca un cansancio tal que la obliga a tener que estirarse y que no puede hacer ninguna actividad más du-

rante las siguientes horas. Al día siguiente, tras haber dormido, se levanta con sensación de haber sido “apaleada”. Pregunto por otros síntomas y refiere un embotamiento fluctuante de la cabeza, con dificultad para encontrar las palabras que quiere decir que empeora los días en que se encuentra más fatigada y que es evidenciada por sus allegados. Distensión abdominal por las mañanas al despertarse, que mejora durante el día. Persiste también la sensación de ocupación faríngea. Sudoración profusa sin relación con el esfuerzo. El dolor torácico lo describe también como fluctuante y como “tener a alguien sentado encima todo el rato”. Está desconcertada y asustada, cuando nota empeoramiento del dolor torácico llama a una vecina para que esté un rato con ella “por si me pasa algo”. No quiere que vaya su hija a ayudarla con las tareas de la casa “no quiero que me vea así, con lo que yo he sido”. Tengo la sensación de que lucha constantemente contra su cuerpo, agotándose un poco más cada día.

¿Tendrá M. Carmen una COVID Persistente?

La COVID persistente constituye un síndrome con múltiples síntomas asociados, muchos de los cuales son difíciles de explicar por los mismos pacientes que los sufren, pero también susceptibles de interpretaciones erróneas por parte de los profesionales. Como diagnóstico de exclusión y amplio, aplicarlo de forma inicial ante la presencia de algunos síntomas (disnea, dolor torácico) sin haberlos estudiado en mayor profundidad puede constituir un error, ya que cierra en exceso el proceso que estamos valorando. Se trata todavía de una condición con una definición paraguas que tiene mucha sensibilidad, pero poca especificidad, al no disponer de biomarcadores para el diagnóstico¹. Por ello, la práctica generalista, que enfoca y desenfoca en la persona y su contexto, en lo biomédico focal y lo biográfico, en ahora (en esta visita) y antes (las visitas previas), permite dibujar una narrativa de cada caso en la que el diagnóstico se mantenga abierto y se pueda sostener la carga de incertidumbre y desconocimiento que conlleva.

La sospecha de COVID Persistente permite dirigir un poco más la anamnesis a M. Carmen a la identificación de otros síntomas en su día a día. De esta manera, podemos definir un poco más la imagen difusa de la COVID Persistente en M. Carmen. La narrativa de la posibilidad de una COVID Persistente, que explicaría en el tiempo qué le sucede a la paciente, parece que tiene algún sentido para ella. Mantenemos sin embargo abiertas otras posibles explicaciones que deben ser descartadas, por conllevar una gravedad y un posible tratamiento asociado que mejoren su estado de salud (¿enfermedad obstructiva crónica moderada? ¿Cardiopatía isquémica secundaria a la COVID-19 o no?).

De este caso clínico, surgen muchas preguntas:

¿Qué antecedentes pueden indicar cierta susceptibilidad de la paciente a los síntomas persistentes²? ¿Lo que encontramos en las pruebas complementarias respiratorias es suficiente para explicar los síntomas sistémicos que relata la paciente? ¿El dolor torácico que presenta, si las pruebas no identifican alteraciones, podría ser debido a una afectación microvascular³? ¿Podríamos realizar otras pruebas para recabar datos que dieran cuenta de la angina? ¿Qué beneficios reportaría en la paciente? ¿Algún tratamiento podría mejorar los síntomas que presenta? ¿Qué herramientas podemos ofrecerle para llevar el día a día con la mejor calidad de vida posible⁴? ¿En qué datos podemos basar esa información? ¿Cuánta carga generan a la paciente las múltiples visitas concertadas en el hospital para diferentes servicios cada vez? ¿El saber y descartar otras patologías, qué implicación tiene en el día a día de la paciente? ¿Lo mejora? ¿Lo empeora? ¿Le es indiferente? ¿Dónde paramos?

Bibliografía

1. Barker KK, Whooley O, Madden EF, Ahrend EE, Greene RN. The long tail of COVID and the tale of long COVID: Diagnostic construction and the management of ignorance. *Sociol Health Illn.* 2024 Mar;46(S1):189-207. doi: 10.1111/1467-9566.13599.
2. Mateu L, Tebe C, Loste C, Santos JR, Lladós G, López C, *et al.* Determinants of the onset and prognosis of the post-COVID-19 condition: a 2-year prospective observational cohort study. *Lancet Reg Health Eur.* 2023 Sep 5;33:100724. doi: 10.1016/j.lanepe.2023.100724.
3. Vallejo Camazón N, Teis A, Martínez Membrive MJ, Llibre C, Bayés-Genís A, Mateu L. Long COVID-19 and microvascular disease-related angina. *Rev Esp Cardiol (Engl Ed).* 2022 May;75(5):444-446. doi: 10.1016/j.rec.2021.10.010.
4. Busquets A, Martín E, Martínez Rivera O, Soler S, Torrell G. (2024). Guía de práctica clínica para la atención a personas con covid persistente. FMC: Formación médica continuada en atención primaria, 31(1 suplemento), 9-61. <https://doi.org/10.1016/j.fmc.2023.06.001>

MESA IV. Cambio climático, viajeros e infecciones

Moderadores: **Cristina Vilaplana.** Servicio de Microbiología. Fundació Institut d'Investigació en Ciències de la Salut Germans Trias i Pujol. Badalona.

Fernando Alcaide. Servicio de Microbiología. Hospital Universitari de Bellvitge. L'Hospitalet de Llobregat.

Viajeros, migrantes, salud global: una mirada desde la Atención Primaria

Ethel Sequeira Aymar

Médica de Familia. CAPSBE Casanova. Barcelona.

Correspondencia:

Ethel Sequeira Aymar

E-mail: sequeira@clinic.cat

Globalmente, el número estimado de migrantes internacionales ha aumentado en las últimas cinco décadas. Más de 281 millones de personas (3,6% de la población mundial) vivían en un país distinto de su país natal en 2020. El saldo migratorio de España con el exterior fue positivo en 2022, el más elevado en 10 años. Madrid, Barcelona y Valencia alcanzaron los saldos migratorios más altos.

Los equipos multidisciplinares de Atención Primaria (AP) trabajan para mejorar la salud de su población de referencia tanto en los ámbitos de prevención y promoción de la salud, como en el diagnóstico, el tratamiento curativo o paliativo y el acompañamiento en todas las situaciones de la vida. En este contexto en AP se asume la atención de la población migrante recién llegada, la de migrantes que hace años que están establecidos en el territorio y la de viajeros que antes o después de sus viajes visitan este nivel de atención. Dentro de los viajeros destacan los migrantes que hacen viajes a su país de origen, los denominados VFR¹ (*Visiting Friends and Relatives*) y los viajeros autóctonos con pluripatología que viajan a destinos internacionales con mayor o menor conocimientos de los riesgos a los que pueden enfrentarse.

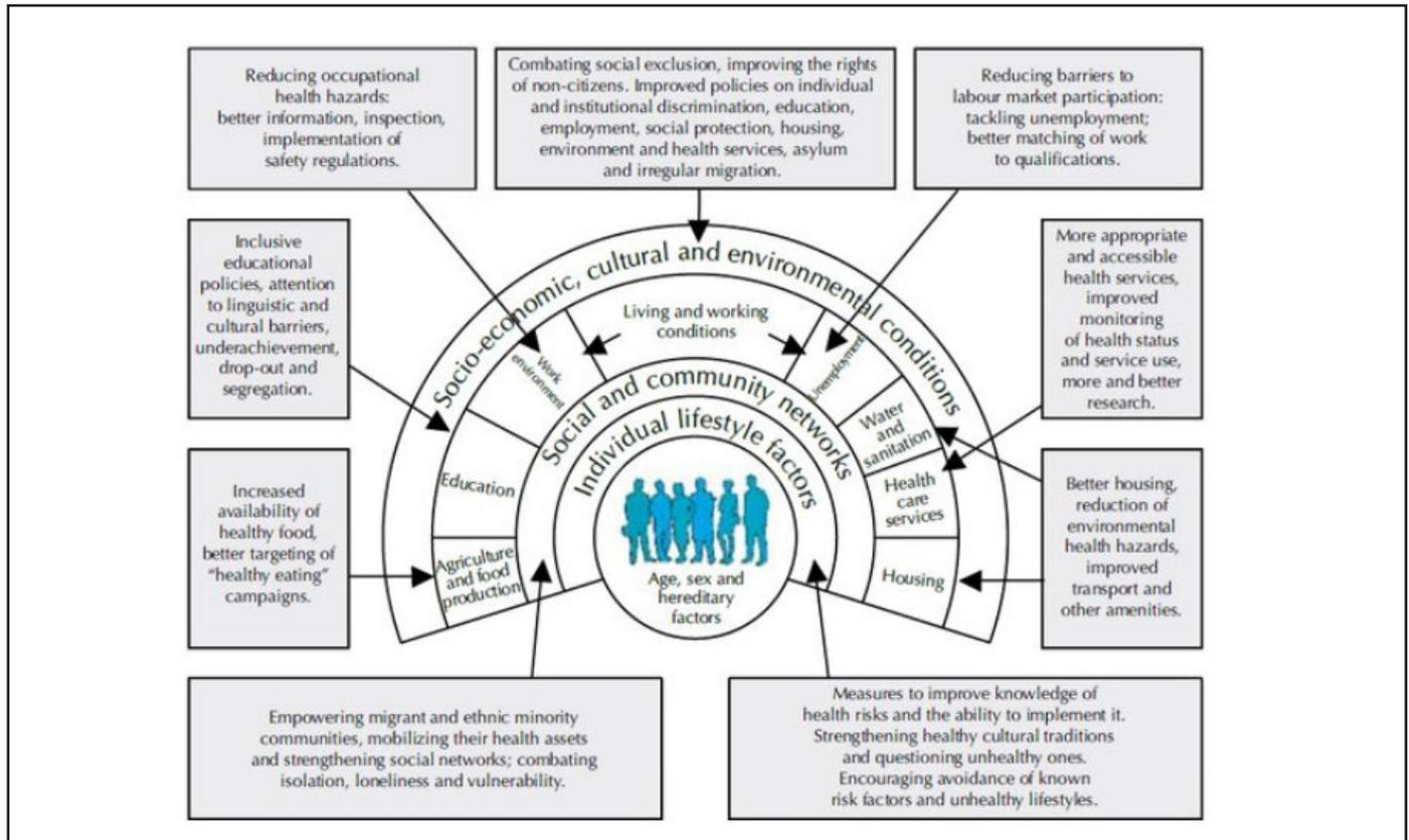
El *multitasking* propio de los profesionales de la AP y las diferencias territoriales de los recursos diagnósticos hace que,

en muchas ocasiones, sea difícil que puedan abordar la Salud Internacional (SI) de la forma más adecuada.

Las estrategias utilizadas para mejorar la atención son diversas:

- Técnicas comunicativas basadas en la humildad² y la sensibilidad cultural para establecer el vínculo con las personas atendidas, poniendo el foco en ellas y permitiendo construir una relación valiosa y terapéutica.
- Incorporación de los determinantes sociales relacionados con la migración tal como se muestra en la Figura 1³.
- Formación en cascada específica tanto en patologías emergentes (arbovirosis), como importadas como cosmopolitas con características especiales. Las figuras de los referentes de SI en los diferentes equipos permiten aumentar el conocimiento.
- Grupos de trabajo multidisciplinares⁴ con profesionales del ámbito de AP, salud pública y hospitalario que facilitan protocolos y circuitos de trabajo conjuntos.
- Sistemas de apoyo a las decisiones clínicas⁵ utilizadas de forma efectiva en el cribado de patología infecciosa y que facilitan la toma de decisiones de acuerdo con la evidencia disponible en el momento adecuado.
- Elaboración de materiales de consulta adaptadas a la realidad de la AP⁶ que facilitan el día a día del profesional de la AP. La

Figura 1. Diagrama arco iris mostrando los determinantes sociales de la salud de los migrantes, OMS 2010 1 C.



guía referenciada muestra cómo realizar la acogida, las actividades preventivas y vacunas, el manejo de las patologías transmisibles y no transmisibles, la salud mental, la Mutilación Genital femenina y las herramientas 2.0 de ayuda.

De esta forma, la atención a las personas en relación con la SI en AP pueda ser mucho más igualitaria, equitativa y de buena calidad tanto ofrecida como percibida.

Bibliografía

1. Pai Mangalore R, Johnson DF, Leder K. Travellers visiting friends and relatives: a high-risk, under-recognised group for imported infectious diseases. Vol. 48, *Internal Medicine Journal*. 2018.
2. Lekas HM, Pahl K, Fuller Lewis C. Rethinking Cultural Competence: Shifting to Cultural Humility. *Health Serv Insights*. 2020;13.
3. Migrant and Ethnic Minority Training Packages - Report [Internet]. 2015 [cited 2023 Nov 4]. Available from: https://www.researchgate.net/publication/283071672_Migrant_and_Ethnic_Minority_Training_Packages_-_Report
4. Sequeira Aymar E, Mauri V, Peña A, Franco A, Valderas M, Gorgot R, et al. International Health: Exchange of Views between Hospital and Primary Care. *Int J Integr Care*. 2016;16(6).
5. Sequeira-Aymar E, Cruz A, Serra-Burriel M, di Lollo X, Gonçalves AQ, Camps-Vilà L, et al. Improving the detection of infectious diseases in at-risk migrants with an innovative integrated multi-infection screening digital decision support tool (IS-MiHealth) in primary care: a pilot cluster-randomized-controlled trial. *J Travel Med*. 2022;29(7).
6. COCOOPSI, CAMFIC. Atenció al pacient immigrant [Internet]. 2023 [cited 2023 Dec 9]. Available from: http://gestor.camfic.cat/uploads/ITEM_17435.pdf