

DÍA 11

MESA: Estudios en curso (I)

Moderadores: **Joan A. Caylà.** *fuiTB. Barcelona.*

M. Luisa Aznar. *Servicio de Enf. Infecciosas. Hospital Vall d'Hebron. Barcelona.*

Incidencia de TB en una cohorte de contactos infectados de pacientes con TB en Cataluña

Joan Pau Millet¹, Jesús E Ospina¹, Mario Bravo¹, Ignasi Parrón², Àngels Orcau³, Raquel Prieto¹, Alberto García Basteiro⁴, Albert Despuig⁵, Laura Clotet⁵, Joan A Caylà³, Pere Godoy⁶ por el grupo de estudio de la TB y sus contactos en Cataluña

¹Servei d'Epidemiologia. Agència de Salut Pública de Barcelona. ²SVE Barcelonès Nord-Maresme. Agència de Salut Pública de Catalunya. ³Fundació de la Unitat de Investigació de TB de Barcelona. ⁴IS Global. Hospital Clínic de Barcelona. ⁵SVE Vallès Occidental-Vallès Oriental. ⁶SVE Lleida.

Correspondencia:

Àngels Orcau

E-mail: aorcau@gmail.com

Jesús Ospina

E-mail: jospina@aspb.cat

La incidencia de tuberculosis (TB) entre los contactos recientemente infectados de casos con TB pulmonar es muy superior a la de la población general. En estudios realizados en Holanda y la ciudad de Barcelona, las incidencias de TB observadas entre los contactos infectados que no habían realizado el tratamiento de la infección llegaron a 355/100.000 y 1.100/100.000 personas año de seguimiento^{1,2}.

En un estudio realizado en Catalunya en 2013, la prevalencia de infección tuberculosa latente entre los 10.218 contactos estudiados fue de 32,3%, siendo superior entre los contactos convivientes (44,3%) y se asociaba a factores de los casos índices (TB pulmonar, baciloscopia de esputo positiva, tabaquismo, lesiones cavitadas) y de los contactos (inmigrantes, hombres y mayor edad)³.

En 2019 se inició un nuevo estudio que tenía como uno de los objetivos principales determinar la incidencia de TB y los factores de riesgo de evolución a TB en una cohorte de contactos infectados de casos de TB pulmonar. La población de estudio fue los casos de TB pulmonar diagnosticados en Catalunya entre el 1 de enero de 2019 y el 30 de junio de 2021 y aquellos contactos que al final del estudio resultaron infectados. Los contactos se siguieron hasta el 30 de septiembre de 2023. Para conocer el estado de cada contacto al final de seguimiento se cruzó la base de contactos con el registro de TB de Catalunya para detectar aquellos que hubieran desarrollado TB. También se consultó el registro central de asegurados de Catalunya para conocer el estado vital de cada contacto al final del seguimiento clasificándose como: caso de TB, vivo, fallecido, trasladado, perdido. El tiempo de seguimiento se calculó entre la fecha de inicio del tratamien-

to del caso índice y la fecha de censura de cada contacto o el 30/9/2023. Se consideró caso incidente de TB aquel caso que se diagnosticó a partir de los 3 meses del diagnóstico del caso índice y aquellos casos menores de 5 años independientemente del momento del diagnóstico. Los casos de TB de 5 o más años diagnosticados antes de los tres meses se consideraron casos co-prevalentes y se excluyeron del estudio.

Se realizó un estudio descriptivo de las principales variables de los casos índice y sus contactos infectados. Se calculó la densidad de incidencia en personas /año (PY) general y para las principales variables independientes de los contactos. También se calcularon las curvas de Kaplan-Meier con el test de log-rank. A nivel multivariado se realizó un análisis de supervivencia con regresión de Cox y cálculo de los *hazard ratio* con el IC95%.

La población de estudio la formaron 538 casos de TB pulmonar y 1.632 contactos infectados. Al final del seguimiento de detectaron 117 casos de TB de los cuales 63 se clasificaron como co-prevalentes y 54 incidentes. La incidencia global fue de 1.054,0 casos por 100.000 personas año de seguimiento. Si restringimos el cálculo a los de 5 o más años llega a 390,4 casos por 100.000 PY. En las Figuras 1 y 2 se muestra la densidad de incidencia y las curvas de Kaplan-Meier por edad. La ponencia presentará más información sobre la descriptiva de los casos además de los resultados del análisis multivariado donde se mostrarán los factores predictores de evolución a TB entre los contactos.

La importante carga de TB que sufren los contactos de casos de TB hace necesario invertir importantes recursos de salud pública para detectar los infectados y tratarlos adecuadamente.

Figura 1.

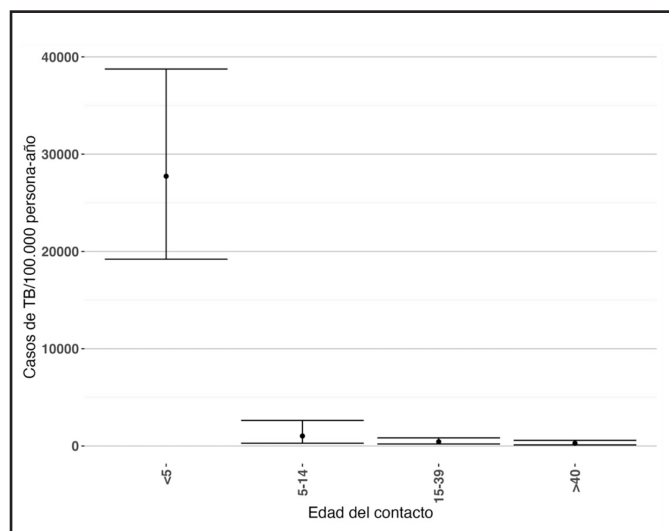
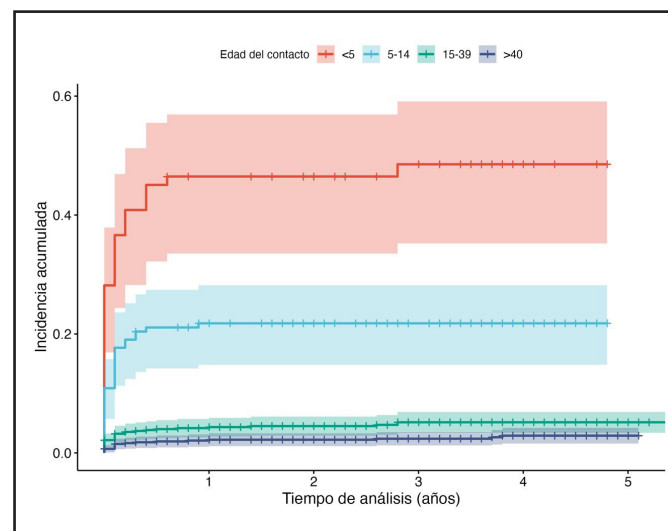


Figura 2.



Bibliografía

- Erkens CGM, Slump E, Verhagen M, Schimmel H, Cobelens F, van den Hof S. Risk of developing tuberculosis disease among persons diagnosed with latent tuberculosis infection in the Netherlands. *Eur Respir J*. 2016;48(5):1420-28.
- Martin-Sánchez M, Bruguera S, de Andrés A, Simon P, Gorrindo P, Ros M, et al. Tuberculosis incidence among infected contacts detected through contact tracing of smear-positive patients. *PLoS ONE*. 2019;14(4): e0215322. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0215322>
- Godoy P, Caylà JA, Carmona G, Camps N, Álvarez J, Alsedà M, et al. Smoking in tuberculosis patients increases the risk of infection in their contacts. *Int J Tuberc Lung Dis*. 2013;17(6):771-6.

Evolución de la TB en España: ¿se alcanzarán los objetivos de la estrategia End TB?

Teresa Rodrigo^{1,2,3}, Joan P. Millet^{1,2,3,4,5}, Mario Bravo⁵, Eva María Tabernero^{1,6}, Joan A. Caylà³ y grupo de trabajo de los programas de prevención y control de tuberculosis de las comunidades autónomas*

¹Programa Integrado de Investigación en Tuberculosis y Micobacterias no Tuberculosas (PII-TB&MNT) de SEPAR. Barcelona. ²Centro de Investigación Biomédica en Red de Epidemiología y Salud Pública (CIBERESP). Madrid. ³Barcelona Tuberculosis Research Unit Foundation (fuiTB). Barcelona. ⁴Agència de Salut Pública de Barcelona. Barcelona. ⁵Serveis Clínics de Barcelona. Barcelona. ⁶Hospital Universitario de Cruces. Barakaldo.

Correspondencia:

Teresa Rodrigo

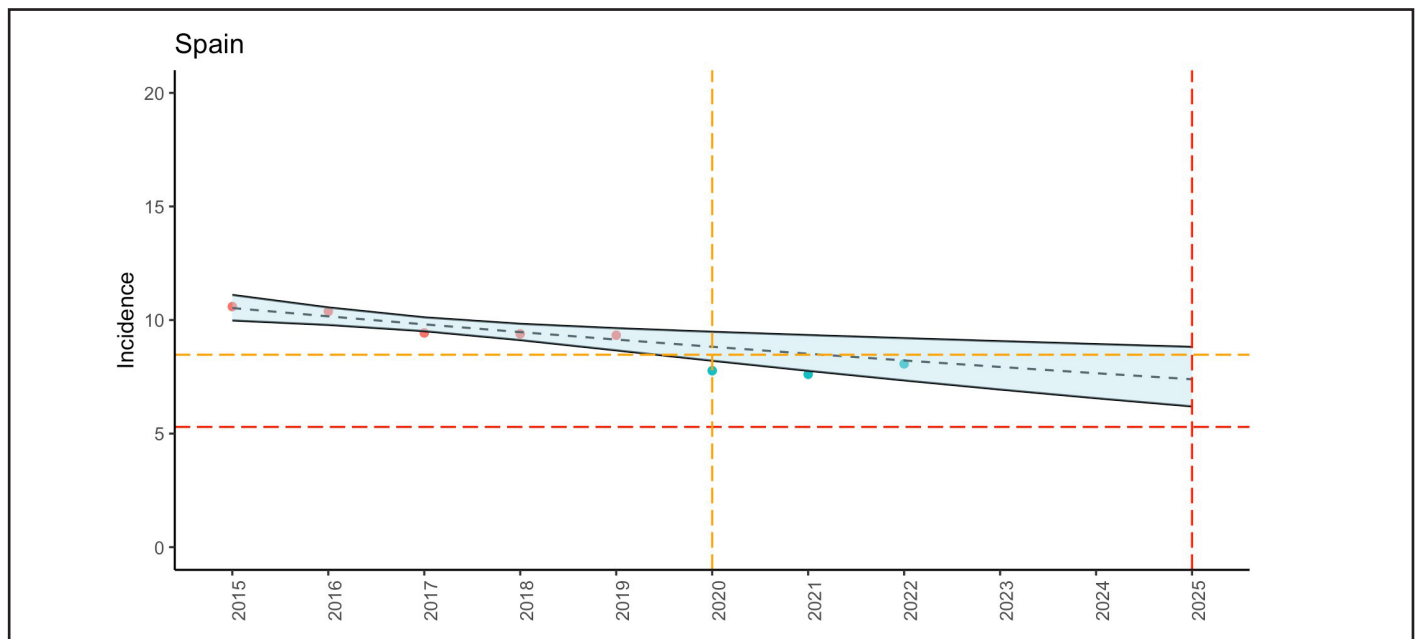
E-mail: pii_tb_teresa_rodrigo@separ.es

Introducción

La elevada morbilidad y mortalidad de la Tuberculosis (TB) es la consecuencia de la ausencia o la poca efectividad de los Programas de Prevención y Control de la TB (PPCTBs) en muchos contextos. Esta situación propició que la OMS impulsara en 2015 la *End TB Strategy*¹. Desafortunadamente, la pandemia COVID-19 supuso una disminución importante del personal dedicado a TB

y a los servicios de salud en general^{2,3}. Por esta razón, se planteó el presente estudio cuyos objetivos fueron: a) estudiar la evolución de la incidencia de TB en España; b) valorar la variación de las tasas de incidencia pre-Covid y post-Covid; c) analizar si se están alcanzando los objetivos de la *End TB Strategy* de la OMS y d) valorar la situación de los principales indicadores de control solicitados a las CCAA.

Figura 1. Curva exponencial ajustada a la evolución pre-COVID (2015-2019) y su proyección hacia el año 2025 en España con un intervalo de confianza del 90%. Probabilidad del 0%.



Material y método

Se recogió la incidencia cruda de casos de TB por 100.000 habitantes publicadas por la RENAVE desde el año 2015 hasta el 2022 en España⁴. Se calculó el declive total del periodo y el esperado según los quinquenios de la *End TB Strategy*, estimándose la recta de tendencia lineal y si la diferencia entre ambos era significativa.

A fin de determinar la probabilidad de alcanzar los objetivos sobre incidencias de la *Strategy* en el 2025 en España y las CCAA, se ajustó una curva exponencial de los datos anteriores al período de pandemia y se proyectó con el modelo hasta 2025 utilizando un intervalo de confianza del 90%.

Resultados

Tras ajustar la curva exponencial la probabilidad de alcanzar el objetivo de incidencia de la OMS-2025 en España según la tendencia global de años pre-pandémicos fue, con una certeza del 90%, del 0% con un R² de 0,84 en la curva ajustada. Las probabilidades de las tres CCAA más pobladas, Andalucía, Cataluña y Madrid, fueron del 15,9%, 0% y 13,7%, respectivamente, y las mayores probabilidades fueron de Navarra, País Vasco y Castilla-León, con un 79,1%, 43,4% y 19,7%, respectivamente. Se observó que Navarra y País Vasco fueron las únicas regiones que mostraron un aumento significativo de incidencia.

Conclusiones

La incidencia de TB en España durante el periodo 2015-2022 disminuyó en un 23,8%, posiblemente influido por un subregistro

en los primeros años de la pandemia, pero, aun así, este declive junto con el incremento observado en 2022 no será suficiente para alcanzar el objetivo de la *End TB Strategy* de disminución de la incidencia para el 2025.

Para alcanzar los objetivos de *End TB Strategy* para 2030 y 2035 debería mejorarse la vigilancia, las medidas de prevención y control de la TB y disponer de personal suficiente y experimentado. Se necesita consensuar la homogeneidad entre las CCAA para cumplimentar la información de los casos notificados y mejorar la coordinación y la calidad de los datos recogidos en la base nacional y disponer de información fiable sobre la situación de la TB en España.

Bibliografía

1. World Health Organization. *End TB Strategy*. Geneva, 2015 En: <https://iris.who.int/bitstream/handle/10665/331326/WHO-HTM-TB-2015.19-eng.pdf?sequence=1>
2. Philip C. Hopewell, Lee B. Reichman, Kenneth G. Castro. Parallels and Mutual Lessons in Tuberculosis and COVID-19 Transmission, Prevention, and Control. *Emerg Infect Dis*. 2021;27(3):681-6.
3. Migliori G, Thong P, Akkerman O, et al. Worldwide Effects of Coronavirus Disease Pandemic on Tuberculosis Services, January-April 2020. *Emerg Infect Dis*. 2020;26(11):2709-12.
4. Red Nacional de Vigilancia Epidemiológica (RENAVE). *Informe epidemiológico sobre la situación de la tuberculosis en España. Años del 2015 al 2022*. Centro Nacional de Epidemiología. Instituto de Salud Carlos III. En: https://www.isciii.es/QueHacemos/Servicios/VigilanciaSaludPublicaRENAVE/EnfermedadesTransmisibles/Paginas/Resultados_Vigilancia_Tuberculosis.aspx

Proyecto MYNOTUB. Resultados preliminares

Fernando Alcaide^{1,2}, Jaime Esteban³, Diego Domingo⁴, Miguel Santín^{5,6} y Grupo de Estudio MYNOTUB

¹Servicio de Microbiología. IDIBELL-Hospital Universitario de Bellvitge. ²Departament de Patologia y Terapèutica Experimental. Universitat de Barcelona. ³Servicio de Microbiología. Hospital Universitario IIS-Fundación Jiménez Díaz. Madrid. ⁴Servicio de Microbiología. Hospital Universitario de la Princesa. Madrid. ⁵Servicio de Enfermedades Infecciosas. IDIBELL-Hospital Universitario de Bellvitge. ⁶Departament de Ciències Clínicas. Universitat de Barcelona. FUITB. GEIM. Barcelona.

Correspondencia:

Fernando Alcaide

E-mail: falcaide@bellvitgehospital.cat

Introducción

Las MNT (micobacterias no tuberculosas), son cerca de 200 especies del género *Mycobacterium* ampliamente distribuidas en el ambiente y producen, sobre todo, infecciones pulmonares, pero también extrapulmonares, e infecciones diseminadas en pacientes inmunodeprimidos. En conjunto, las infecciones por MNT representan un reto clínico, ya que en contraste con *M. tuberculosis*, su aislamiento en muestras clínicas no siempre implica enfermedad, requieren tratamientos prolongados, y las tasas de curación son sub-óptimas.

En España, al tratarse de enfermedades cuya declaración no es obligatoria, no existen datos epidemiológicos, clínicos y microbiológicos globales, y por ello se creó el proyecto MYNOTUB.

Objetivos

Determinar la frecuencia y patogenicidad de las MNT en España, así como la respuesta al tratamiento y pronóstico. Determinar e incrementar la eficacia del MALDI-TOF en la identificación de MNT. Conocer la sensibilidad a los fármacos en las MNT más relevantes. Comparar la capacidad de formación de biopelícula de MNT clínicamente significativos y sin significación, y evaluar la actividad *antibiofilm* de extracto crudo de *Methylobacterium* sp. asociado con distintos antibióticos.

Material y método

Estudio prospectivo-retrospectivo (2019-24) de todos los pacientes con algún aislamiento de MNT en 24 centros de 10 CCAA de España. Se registraron los datos clínico-epidemiológicos, analíticos y de evolución (eCRD) y se llevó a cabo un estudio microbiológico de identificación (MALDI-TOF, PCR-hibridación), sensibilidad a los fármacos y mecanismos de resistencia, así como la formación de *biofilms in vitro*.

Resultados

Se han registrado 531 casos de 21 centros de los 24 participantes de 10 CC AA (2019-Octubre 2024). Los tres centros con

más registros han sido el Hospital Universitario de la Princesa de Madrid (n = 183; 34,5%), Hospital Universitario de Bellvitge de Hospitalet de Llobregat (n = 71; 13,4%) y Hospital Universitario Gregorio Marañón de Madrid (n = 61; 11,5%).

La mediana de edad fue de 67 años y el 54,5% fueron mujeres. El 89,5% fueron pacientes autóctonos (nacidos en España) y el resto (n = 55) procedentes de 29 países: 12 de Hispanoamérica, 5 de África, 3 de Asia y 9 de Europa. El 37,4% eran exfumadores, el 10,8% fumadores activos, teniendo el 6,3% criterios de enolismo. El 91,2% tenían afectación pulmonar, destacando los antecedentes de EPOC (30,1%). El 71,1% tenían alteración en la Rx de tórax con infiltrados (47,2%), patrón intersticial (35,1%), lesiones cicatriciales/destrucción pulmonar (33%), nódulos (29,2%) y cavitación (10,4%). En el 93,6% de los casos tuvieron alteraciones en el TAC de tórax. El 97,5% de los casos de infección extrapulmonar y el 45,5% de los pulmonares fueron significativos. Se identificaron 35 especies de MNT, siendo *M. avium* la más aislada, seguida de *M. abscessus* y *M. intracellulare*. El 64,1% de *M. abscessus* fueron patológicos y el 55,6% y 47,3% de *M. chimaera* y *M. avium*, respectivamente. El MALDI-TOF identificó correctamente todas las MNT realizadas (272). La curación se observó en el 45,1% de los casos, fallecieron (por cualquier causa) el 11,7%, detectándose recurrencia en el 6,9% y recaída en el 2,2%. Las resistencias a los macrólidos en *M. abscessus* subsp. *abscessus* se debieron a mutaciones en el gen *erm* (41). En las micobacterias de crecimiento lento, se apreció una resistencia global a los fármacos ligeramente superior en *M. chimaera* respecto a *M. intracellulare* y, sobre todo, en comparación con *M. avium*, salvo a la claritromicina. En los estudios experimentales se demostró que el recubrimiento de materiales poliméricos con un extracto de *Methylobacterium* sp. disminuía la formación de *biofilm* de forma significativa de *M. chimaera*.

Conclusiones

Las infecciones por MNT son frecuentes y clínicamente significativas en múltiples zonas de España. Destaca *M. avium*, *M. intracellulare* y *M. abscessus*, que fueron las especies más frecuentes, mostrando esta última un elevado índice de resistencia a los

antimicrobianos. El MALDI-TOF, ha demostrado ser un método útil para identificar la inmensa mayoría de las MNT de forma rápida, sencilla y económica a partir tanto de cultivos sólidos como líquidos. Por otro lado, se han obtenidos evidencias de que el extracto de *Methylobacterium* sp. disminuye la formación de *biofilm* de forma significativa en *M. chimaera*.

Grupo de Estudio MYNOTUB (orden alfabético por comunidades autónomas)

Andalucía: Hospital Universitario Virgen del Rocío, Sevilla (Verónica González Galán, María Aznar, Ana Gómez, Rafael Luque Márquez), Hospital Costa del Sol, Marbella (Ana María Correa Ruíz, Alfonso del Arco Jiménez); *Aragón*: Hospital Universitario Lozano Blesa, Zaragoza (Juan Sahagún Pareja, Assía Achkir), Hospital Universitario Miguel Servet, Zaragoza (Jesús Viñuelas Bayon, Natalia Burillo Navarrete, Sara Sanz Sanz, Blanca Fortuño Cebamano, Carlos Luis Martín de Vicente); *Asturias*: Hospital Universitario Central de Asturias, Oviedo (Juan José Palacios Gutiérrez, Marta María García Clemente); *Cataluña*: Hospital Moisés Broggi, Sant Joan Despí (Josefina Sabrià Mestres, Lydia Luque Chacón, Concepción Cañete Ramos, Miguel Ángel Benítez Merelo), Hospital Universitari Vall d'Hebron, Barcelona (Adrián Sánchez Montalvá, María Teresa Tórtola Fernández) Hospital Sant Joan de Déu de Espluges (Antoni Nouera Julian, Amadeu Gené Giralt, Aina Martínez Planas), Hospital del Mar-Laboratori de referencia de Catalunya, Barcelona (Francisca Sánchez Martínez,

Sandra Esteban, Marisol Domínguez Álvarez), Parc Sanitari Sant Joan de Déu, San Boi (Araceli González Cuevas, Laura Muñoz López), Hospital de Viladecans (M.^a Mercedes Palau Benavent), Hospital Universitari de Bellvitge, Hospitalet de Llobregat (Erika Inés García de Cara, Neus Vila Olmo, María Desamparados Grijota Camino, Miguel Santín Cerezales, Fernando Alcaide Fernández de Vega); *Comunidad Valenciana*: Hospital General Universitari de Valencia (Francisco Sanz Herrero, María del Remedio Guna Serrano), Hospital General Universitario de Alicante (Esperanza Merino de Lucas, Adelina Gimeno Gascón); *Galicia*: Complejo Hospitalario Universitario de Pontevedra (Ana María Sáez López, Luis Anibarro García, Ana Chouza Piñeiro), Complejo Hospitalario Universitario A Coruña (Enrique Míguez Rey, María Paz Valiño López, María Begoña Fernández Pérez (Microbiología); *Islas Baleares*: Hospital Son Llàtzer, Mallorca (Carmen Gallegos Álvarez, Araceli Muñoz Vidal); *Islas Canarias*: Hospital Universitario de Canarias, Tenerife (María Lecuona Fernández, Isabel Suárez Toste); *Madrid*: Hospital Universitario IIS-Fundación Jiménez Díaz, Madrid (Jaime Esteban Moreno, Nerea Carrasco, M.^a Carmen Muñoz Egea), Hospital Universitario de la Princesa, Madrid (Diego Domingo García, Rosa María Girón Moreno), Hospital la Paz-Carlos III- Cantoblanco, Madrid (Carlos Toro Rueda, Fernando Baquero-Artigao), Hospital del Niño Jesús (José Ramón Villa Asensi, Belén Hernández Milán), Hospital Universitario Gregorio Marañón, Madrid (María Jesús Ruiz Serrano, Paloma Gijón Vidaurreta, Elena Rincón López); *Navarra*: Clínica Universitaria de Navarra, Pamplona (José Leiva León, José Ramón Yuste Ara).

La inteligencia artificial aplicada a la investigación

Manel Ramos

Postgrado IA en Metodología de la Investigación y Docencia. UB. ICMiD. Hospital Clínic. Barcelona.

Correspondencia:

Manel Ramos

E-mail: mramos@clinic.cat

Definición de IA generativa

La inteligencia artificial generativa (IA generativa) es una rama especializada de la inteligencia artificial que se centra en la creación de modelos capaces de generar nuevos datos que son similares a los datos en los que fueron entrenados. A diferencia de los modelos discriminativos, que se utilizan para clasificar o predecir a partir de datos existentes, los modelos generativos aprenden la distribución subyacente de los datos de entrenamiento para producir contenido original. Esto incluye

la generación de imágenes, texto, audio y otros tipos de datos que mantienen coherencia y realismo con respecto al conjunto de datos original.

Los avances en IA generativa han sido impulsados por el desarrollo de arquitecturas de redes neuronales avanzadas, como las redes generativas antagónicas (GAN), los autoencoders variacionales (VAE) y los modelos de Transformadores. Estos modelos han demostrado una capacidad impresionante para generar contenido que puede ser difícil de distinguir del producido por

humanos. Por ejemplo, en el procesamiento del lenguaje natural, modelos como GPT-3 y GPT-4 han sido capaces de generar texto coherente y contextualmente relevante.

La IA generativa abarca diversas técnicas y modelos, cada uno con características y aplicaciones específicas. La clasificación de la IA generativa se puede realizar en función de las arquitecturas y enfoques utilizados para generar nuevos datos. La elección del modelo generativo depende de la aplicación específica, la naturaleza de los datos y los recursos disponibles. Cada enfoque tiene sus ventajas y limitaciones en términos de capacidad de generación, complejidad computacional y facilidad de entrenamiento. Comprender estas diferencias es esencial para seleccionar la técnica adecuada y obtener resultados óptimos en proyectos de IA generativa.

Uso de la IA generativa en investigación médica

La integración de la IA generativa en la investigación médica requiere una colaboración interdisciplinaria, combinando el conocimiento médico con la experiencia en inteligencia artificial. Con un enfoque responsable y ético, la IA generativa tiene el potencial de revolucionar la medicina y mejorar significativamente los resultados en salud. La aplicación de la IA generativa en la investigación médica ha abierto nuevas fronteras en el diagnóstico, tratamiento y comprensión de enfermedades. En el descubrimiento de fármacos, la IA generativa permite diseñar nuevas moléculas con propiedades farmacológicas deseadas. Modelos generativos pueden explorar vastos espacios químicos, proponiendo estructuras moleculares que podrían interactuar eficazmente con dianas biológicas específicas. Además, la IA generativa se utiliza en la predicción y modelado de estructuras proteicas. En genética, los modelos generativos ayudan en la simulación de secuencias genómicas y la identificación de variaciones genéticas asociadas con enfermedades. Esto es particularmente útil en estudios de asociación genómica, donde los datos sintéticos pueden complementar conjuntos de datos limitados. La IA generativa también ha demostrado utilidad en la personalización de tratamientos. Al modelar respuestas individuales a terapias basadas en datos genómicos y clínicos, es posible predecir la eficacia de medicamentos en pacientes específicos, avanzando hacia una medicina más personalizada.

Riesgos del uso de la IA generativa en investigación médica

Aunque la IA generativa ofrece ventajas significativas, su uso en la investigación médica conlleva riesgos que deben ser gestionados cuidadosamente. Uno de los principales riesgos es *la generación de datos inexactos o engañosos*. Los modelos generativos pueden producir información que parece realista pero que carece de validez clínica, lo que puede conducir a

diagnósticos erróneos o tratamientos inapropiados si no se verifica adecuadamente. La *introducción de sesgos* además de *la falta de transparencia e interpretabilidad* de los modelos generativos complica su integración en la práctica médica. La *privacidad y seguridad de los datos* también son preocupaciones importantes. Aunque los datos sintéticos pueden ayudar a proteger la información de los pacientes, existe el riesgo de que modelos mal diseñados filtren información sensible o permitan la reidentificación de individuos. El *uso malicioso o indebido* de la IA generativa es otro riesgo, o la *dependencia excesiva en la IA* puede reducir la competencia clínica y el juicio crítico de los profesionales de la salud. Es fundamental mantener un equilibrio, utilizando la IA como herramienta de apoyo y no como sustituto del conocimiento y experiencia humana.

Para mitigar estos riesgos, es esencial implementar marcos éticos y regulaciones claras. Esto incluye la validación rigurosa de modelos, la transparencia en metodologías, la supervisión humana en decisiones críticas y la educación continua de profesionales sobre las capacidades y limitaciones de la IA. La colaboración interdisciplinaria entre tecnólogos, médicos, bioéticos y reguladores es clave para desarrollar prácticas seguras y efectivas. Al abordar proactivamente estos desafíos, se puede aprovechar el potencial de la IA generativa mientras se protegen los derechos y bienestar de los pacientes.

Potenciales usos de la IA generativa en el campo de las enfermedades infecciosas

La IA generativa ofrece oportunidades innovadoras para abordar desafíos en el campo de las enfermedades infecciosas. Uno de los usos más prometedores es en el *descubrimiento y diseño de antimicrobianos*. Con el aumento de la resistencia a los antibióticos, existe una necesidad urgente de desarrollar nuevos agentes antimicrobianos. Los modelos generativos pueden explorar vastos espacios químicos para identificar y diseñar moléculas con potencial actividad contra patógenos resistentes.

En la *vigilancia epidemiológica*, la IA generativa puede simular la propagación de patógenos, ayudando a predecir brotes y evaluar el impacto de intervenciones de salud pública. Al generar escenarios hipotéticos, los investigadores y autoridades sanitarias pueden prepararse mejor para emergencias sanitarias y optimizar la asignación de recursos.

La *mejora de diagnósticos* es otra área donde la IA generativa puede ser instrumental. Al generar imágenes médicas sintéticas de pacientes con enfermedades infecciosas, es posible entrenar modelos de aprendizaje profundo para detectar y clasificar infecciones con mayor precisión. Esto es particularmente útil en regiones con recursos limitados, donde los datos de entrenamiento pueden ser escasos.

En el *estudio de la evolución de patógenos*, los modelos generativos pueden predecir mutaciones y cambios genómicos, ayudando a anticipar la aparición de cepas más virulentas o

resistentes. Esto es crucial para enfermedades como la influenza o el VIH, donde las mutaciones rápidas pueden afectar la eficacia de vacunas y tratamientos.

La IA generativa también puede contribuir al *desarrollo de vacunas*, modelando respuestas inmunes y optimizando antígenos para inducir una protección más efectiva. Al simular interacciones entre el sistema inmunológico y patógenos, es

posible acelerar el diseño de vacunas y reducir la dependencia de ensayos *in vitro* e *in vivo*.

En el ámbito de la *educación y entrenamiento médico*, la IA generativa puede crear casos clínicos sintéticos y escenarios de simulación para mejorar la formación de profesionales de la salud en el manejo de enfermedades infecciosas.
