Gac Sanit. 2026;40(S4):616

Gaceta Sanitaria

https://www.gacetasanitaria.org

770 - DELIMITACIÓN DE CADENAS DE TRANSMISIÓN MEDIANTE SECUENCIACIÓN GENÓMICA EN UN CLÚSTER DE HEPATITIS A

A. Palma-García, A.J. Alcántara-Flor, J. García-Palacios, I. Román-Romera, M.I. Martín-Rubio, M.C. Rodríguez-Rieiro, J.A. Córdoba-Doña

MPySP Andalucía; AGS Jerez, Costa Noroeste y Sierra de Cádiz; DT Salud Cádiz.

Resumen

Antecedentes/Objetivos: En enero de 2025 se detectó una agrupación inusual de casos de hepatitis A en Sanlúcar de Barrameda (69.876 hab.) en un corto intervalo temporal sin nexo epidemiológico evidente. Según el protocolo de hepatitis A del Sistema de Vigilancia Epidemiológica de Andalucía, la aparición de ≥ 3 casos en una cuatrisemana en municipios de < 200.000 hab. define una alerta. El objetivo del estudio es describir la investigación epidemiológica realizada.

Métodos: Se realizó búsqueda activa de casos a través de Microbiología y vigilancia activa desde atención primaria. Se realizó encuesta epidemiológica a todos los casos, identificando contactos estrechos y aplicando las medidas de control pertinentes. Se solicitaron muestras de heces para secuenciación genómica a los casos primarios. Se inspeccionó un establecimiento de restauración por la Unidad de Protección de la Salud.

Resultados: Inicialmente se identificaron 4 casos, lo que motivó la declaración de alerta. En total, se declararon 9 casos entre el 10/12/24 y el 06/03/25, delimitados en 2 brotes tras la secuenciación. Brote 1 (genotipo IA): 6 casos, entre ellos, 1 caso secundario intrafamiliar; 2 hombres y 4 mujeres, con mediana de edad de 36,5 años; 5 requirieron ingreso hospitalario. La hipótesis inicial fue una posible exposición ambiental asociada a alteraciones en la red de suministro de agua durante unas obras, con sospecha de contaminación del agua de consumo. Uno de los casos trabajaba en un establecimiento de restauración ubicado en la zona afectada, aunque no

0213-9111 © 2026 SESPAS. Publicado por Elsevier España, S.L.U. Todos los derechos reservados

manipulaba alimentos. Las inspecciones concluyeron un riesgo bajo, sin identificar puntos críticos que confirmasen esta vía de transmisión. Brote 2 (genotipo IB): 3 casos, el caso primario y 2 casos secundarios del entorno sociofamiliar; 2 hombres y 1 mujer, con mediana de edad de 41 años; todos requirieron ingreso hospitalario. El caso primario tenía antecedente de viaje a un país endémico con consumo de alimento sospechoso y fue incluido inicialmente en el clúster por criterio temporoespacial. En total, se administró inmunoprofilaxis a 22 contactos.

Conclusiones/Recomendaciones: Esta investigación evidencia las limitaciones de la interpretación epidemiológica basada únicamente en un criterio temporoespacial en contextos de baja incidencia y destaca el papel clave de la secuenciación en la caracterización de la transmisión. El largo periodo de incubación de la enfermedad, la probable infradeclaración de casos y el retraso en la notificación de algunos de ellos, fueron las principales dificultades de la investigación. Estos hallazgos subrayan la necesidad de reforzar una notificación precoz para optimizar la respuesta en salud pública.

0213-9111 © 2026 SESPAS. Publicado por Elsevier España, S.L.U. Todos los derechos reservados