Gac Sanit. 2026;40(S4):604

Gaceta Sanitaria

https://www.gacetasanitaria.org

372 - BÚSQUEDA ACTIVA DE CASOS DE TUBERCULOSIS EN UNA NAVE OCUPADA

E. Plasencia, C. Flamarich, C. Vilaplana, M. Bosch, G. Blázquez, I. Parrón, M. Jané, Grupo de trabajo en WGS de Salut Pública

Secretaria de Salut Pública. Departament de Salut; Atención primaria del ICS. Comissió Cooperació i Salut Internacional CAMFIC; Unidad de Tuberculosis Experimental, Hospital i Institut de Recerca Germans Trias i Pujol; Unidad de Salud Internacional Vall Hebron Drassanes; Grupo trabajo Secuenciación Genómica Completa.

Resumen

Antecedentes/Objetivos: Entre noviembre de 2023 y junio de 2024 se recibieron 4 notificaciones de casos de tuberculosis (TB) pulmonar bacilífera de personas de origen subsahariano sin domicilio fijo, en la periferia de Barcelona. Se identificó que uno de ellos, vivía en una nave ocupada, con otras 150 personas. El objetivo del estudio fue descubrir la prevalencia de la enfermedad entre los residentes de este asentamiento y establecer, mediante la secuenciación genómica, posibles cadenas de transmisión.

Métodos: Se formó un equipo multidisciplinar para realizar el estudio. Se realizó un taller para explicar la enfermedad en francés, wolof y castellano. Se realizó la encuesta epidemiológica a todos los participantes. El equipo asistencial valoró la derivación al hospital (descartar TB) o a atención primaria (otros motivos). Se realizaron dos intervenciones para captar más participantes y una tercera para captar a las parejas y/o hijos de los residentes. Se contrastaron los resultados del estudio epidemiológico con los clústeres identificados por secuenciación, de las cepas aisladas en Catalunya.

Resultados: De las personas identificadas en las dos primeras intervenciones, participaron 75, se derivaron 12 al hospital para descartar TB y se diagnosticaron 3 casos (2 pulmonares bacilíferos). Para la tercera intervención se identificaron 12 mujeres i 7 niños. Únicamente 1 de las mujeres participó y se descartó la enfermedad.

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

Gracias a la secuenciación genómica de las cepas de *M. tuberculosis* y a la búsqueda activa de casos no relacionados se han podido identificar otros 20 casos, de los que, inicialmente, se desconocía el vínculo epidemiológico y, mediante la secuenciación, se identificaron 2 clústeres. Actualmente, el brote está en seguimiento y cuenta con un total de 27 casos (26 pulmonares y 1 extrapulmonar). La prevalencia observada entre los residentes fue del 18%.

Conclusiones/Recomendaciones: Es necesario realizar intervenciones comunitarias en espacios donde vive población de difícil acceso y en condiciones que podrían facilitar una alta transmisión de TB. La intervención ha servido para detectar casos de TB y cortar cadenas de transmisión. Los determinantes sociales facilitan la evolución de la infección tuberculosa latente a TB activa. Asimismo, otra escala de prioridades y múltiples barreras de acceso al sistema de salud hacen que consulten más tarde agravando el pronóstico. La secuenciación del genoma de las cepas aisladas puede facilitar el estudio de las líneas de transmisión en unas poblaciones con gran movilidad dentro del territorio.

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