

DÍA 10

MESA: Grandes brotes

Moderadores: **Pere J. Cardona.** *Servicio de Microbiología. Hospital Germans Trias i Pujol. Badalona. Universitat Autònoma de Barcelona.*
Àngels Orcau. *fuiTB. Barcelona.*

Análisis de un brote de TB MDR en población vulnerable: desafíos y retos para la salud pública

Sarai Quirós¹, Laura Herrera²

¹*Servicio de Neumología. Hospital de Basurto. Bilbao.* ²*Unidad de Micobacterias. Centro Nacional de Microbiología. Madrid.*

Correspondencia:

Sarai Quirós

E-mail: saraiquirós@icloud.com

Laura Herrera

E-mail: lherrera@isciii.es

Introducción

Desde marzo de 2019 hasta septiembre de 2025, se ha detectado un brote de tuberculosis pulmonar multirresistente que comenzó con un niño de 22 meses y se extendió posteriormente a otros pacientes adultos. Las tres primeras cepas, analizadas por el Centro Nacional de Microbiología, mostraron resistencias idénticas y un patrón genético igual, lo que confirmó la transmisión comunitaria en una misma área urbana. Hasta septiembre de 2025 se han identificado 16 casos, todos residentes en Bilbao y mayoritariamente pertenecientes a población inmigrante en situación de exclusión social. Las dificultades para acceder a sus entornos familiares y realizar estudios de contactos complicaron la intervención de Salud Pública. Los diagnósticos y tratamientos se han llevado a cabo en las unidades especializadas de los hospitales de Basurto y Santa Marina.

Epidemiología del brote y formas clínicas

La mediana de edad de los casos es de 33 años (rango 1-65), con predominio masculino (13 hombres) y residencia concentrada en tres de los ocho distritos de Bilbao. Doce pacientes son de origen africano —principalmente Camerún, Guinea y Nigeria— y cuatro nacidos en España entre los que se encuentra el caso índice, hijo de progenitores nigerianos. El brote se desarrolla entre marzo de 2019 y septiembre de 2025, con 14 casos de tuberculosis pulmonar (nueve cavitadas) y 9 bacilíferos al diagnóstico. Cinco pacientes tuvieron formas extrapulmonares o diseminadas, algunas con recaídas, diagnósticos tardíos o

tratamientos previos inadecuados. Los factores de riesgo más frecuentes fueron desnutrición, exclusión social y consumo de tabaco y alcohol.

Esquemas terapéuticos

Todas las cepas comparten resistencias a Rifampicina, Isoniácida, Estreptomina y Etionamida. El tratamiento de los casos del brote estuvo condicionado por la disponibilidad de Bedaquilina (BDQ), incorporada al sistema público en noviembre de 2022. Antes de esa fecha, los primeros ocho pacientes recibieron esquemas largos con fármacos inyectables de segunda línea como Amikacina, junto a Linezolid (LZD), Levofloxacino, Etambutol, Pirazinamida y Clofazimina (CFZ), e incluso Isoniácida a dosis altas. Estos tratamientos duraron una media de 16,5 meses, con negativización microbiológica entre 17 y 90 días. Solo un paciente logró usar BDQ tempranamente, reduciendo el tratamiento a 8 meses. A partir de su disponibilidad, el resto recibió pautas más cortas (6-9 meses) basadas en BDQ, Linezolid (LZD), Levofloxacino (LEV) y Clofazimina (CFZ). De los 16 pacientes, 15 han completado el tratamiento y uno continúa.

En cuanto a efectos adversos, el grupo tratado con esquemas largos presentó principalmente intolerancia gástrica, hepatotoxicidad y nefrotoxicidad, en algunos casos graves, que obligaron a ajustar o suspender fármacos como Pirazinamida. En los tratamientos con BDQ, los efectos secundarios más comunes fueron toxicidad hematológica, neuropatía periférica, molestias musculoesqueléticas y prolongación del QT, en su mayoría leves o moderados, con ajustes de dosis cuando fue necesario. Todo

el tratamiento fue gratuito y, en el caso de BDQ, se administró mediante tratamiento directamente observado (TDO) en coordinación entre hospital y atención primaria, incluyendo un caso con seguimiento por videollamada.

Diagnóstico microbiológico y epidemiología molecular

El cultivo de las muestras se realizó en el Laboratorio de Microbiología del H.U. de Basurto, salvo dos de los casos, cuyas muestras fueron analizadas, una en la Clínica privada IMQ Zorrotzaurre y la otra en el H.G.U. de Cruces. Desde todos los laboratorios se enviaron las cepas a la Unidad de Micobacterias del Centro Nacional de Microbiología (CNM) donde se realizó la ampliación del antibiograma a etionamida, fluoroquinolonas, LZD, BDQ, CFZ, y en los últimos casos a pretomanid. El análisis de SNPs mediante la herramienta bioinformática Snippy, y posterior comprobación con el visualizador IGV 2.8.13, confirmaron la existencia de un único clúster.

El análisis molecular de las cepas, junto con la información epidemiológica, apunta a un posible evento inicial de transmisión, seguido de transmisiones secundarias independientes. Considerando la estimación de generación de SNPs, se intuye la existencia de eslabones no identificados que impiden definir completamente la cadena de transmisión. Esta hipótesis se refuerza por la ausencia de casos similares fuera de Bilbao desde el inicio del brote. Además, el caso 11 podría corresponder a una reactivación de una infección previa de 2019, lo que justificaría su posición en el nodo inicial.

Medidas adoptadas

Se llevaron a cabo diversas actuaciones para controlar el brote. Se informó al personal de los centros de salud de las zonas afectadas y a los servicios hospitalarios implicados, con el fin de aumentar la sospecha diagnóstica y compartir la evolución del brote. Además, se difundieron informes entre los profesionales del Programa de Tuberculosis de la comunidad. Se realizaron varias sesiones clínicas con el personal sanitario de los centros vinculados a los casos y con servicios hospitalarios como Urgencias y Medicina Preventiva.

El estudio de contactos se amplió, aunque hubo dificultades por barreras culturales. Para mejorar el acceso y la colaboración, se trabajó con la asociación Biltzen y con representantes de asociaciones de personas inmigrantes, difundiendo información en varios idiomas y manteniendo entrevistas con personas clave. También se participó en el Foro Vasco de Inmigración. Paralelamente, se creó una comisión de seguimiento compuesta por profesionales de distintos ámbitos implicados en el Programa de Tuberculosis de Bizkaia.

En 2024, tras la aparición de los casos 13 y 14, y con la nueva información aportada por ellos, se revisó retrospectivamente el estudio de contactos realizado desde 2019. Esta revisión permitió identificar nuevos contactos y reevaluar a personas que no habían participado previamente o no habían completado los controles, lo que llevó al hallazgo de un nuevo caso, el número 15.

En septiembre de 2025, ha aparecido un nuevo caso de TB-MDR. El análisis de SNPs está aún pendiente, pero se ha confirmado su pertenencia al clúster mediante cgMLST.

Conclusiones

Desde 2019 se han identificado 16 casos pertenecientes a una misma agrupación molecular, principalmente en personas de origen africano. Los casos presentan demoras diagnósticas importantes y un alto porcentaje son pacientes bacilíferos y con afectación cavitada, en parte por las dificultades de acceso al sistema sanitario derivadas de la pandemia y por barreras sociales y culturales. Los tratamientos basados en bedaquilina y el uso del TDO han permitido acortar las pautas, reducir la gravedad de los efectos adversos respecto a los esquemas previos y lograr una adherencia completa en todos los pacientes.

Dado el largo periodo de latencia de la tuberculosis y la dificultad del estudio de contactos, la aparición de nuevos casos en el futuro podría ayudar a confirmar o replantear la hipótesis de un evento inicial de transmisión, seguido por eventos de transmisión independientes. Mientras tanto, es necesario mantener una elevada sospecha diagnóstica ante síntomas compatibles en Bilbao, reforzando la sensibilización tanto del personal sanitario como de la población.

Brotes de tuberculosis en contextos de riesgo social extremo, un importante reto para la salud pública

Tomàs Maria Pérez-Porcuna¹, Verónica Saludes², Maria Àngels Tarrés-Pellicer¹, Antoni Escalas Bordoy², Julen Eriguren¹, Poppy Jessica Hesketh-Best², Eva Lopez-Garcia¹, David Panisello-Yagüe², Elisabet Choque¹, Elisabet Sicart³, Elisa Martró², Jacobo Mendioroz³, Pere Joan Cardona², Laura Gavalda³, en nombre del grupo de estudio TB-SEQ*

¹Servei de Vigilància Epidemiològica i Resposta a Emergències de Salut Pública a Barcelona Sud. Subdirecció Regional a Barcelona. Secretaria de Salut Pública. Departament de Salut. Generalitat de Catalunya. ²Servei de Microbiologia. Laboratori Clínic Metropolitana Nord. Institut de Recerca i Hospital Germans Trias i Pujol (IGTP). ³Servei de Prevenció i Control de la Tuberculosi i Programes Específics. Subdirecció General de Vigilància i Resposta a Emergències de Salut Pública. Secretaria de Salut Pública. Departament de Salut. Generalitat de Catalunya.

Correspondencia:

Tomàs Maria Pérez Porcuna

E-mail: tomasmariaperez@gencat.cat

Verónica Saludes

E-mail: vsaludesm.germanstrias@gencat.cat

La tuberculosis (TB) en Catalunya presenta un cambio en su dinámica epidemiológica. Ya en el 2019 se observó un aumento en la incidencia, interrumpiendo el descenso de los años anteriores. Con la COVID-19 se alcanzaron las incidencias más bajas y desde entonces han ido en aumento progresivo¹.

En el área de estudio, la Región Metropolitana Sur de Barcelona, asociado a este cambio, se ha observado en el mismo periodo un aumento de la proporción de casos en personas en situación de extrema vulnerabilidad. Esta situación se identifica en las encuestas epidemiológicas a partir de la información referente a: consumo de drogas por vía parenteral, vivir en familia desestructurada, no tener domicilio fijo, vivir en un centro penitenciario y ser inmigrante reciente (<5 años). El limitado acceso al sistema sanitario de estos colectivos, junto con una disminución en la sospecha diagnóstica y el uso de antibióticos con efecto antituberculostático —como las fluoroquinolonas en las neumonías comunitarias o infecciones de tracto urinario—, entre otras causas, pueden suponer un retraso diagnóstico que favorezca tiempos de contagio más prolongados y formas clínicas con mayor capacidad de transmisión^{2,3}.

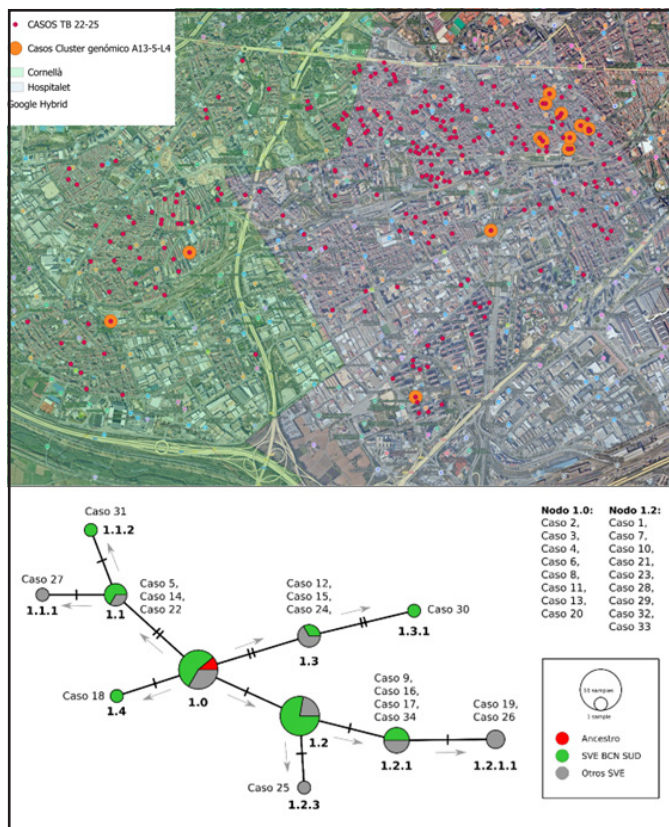
Los abordajes convencionales de estudio de contactos cercanos se ven dificultados por la situación social de los enfermos, en los que la omisión de información es frecuente, lo que limita la efectividad de las medidas de control habituales. Herramientas nuevas como la epidemiología genómica, el análisis geográfico de los casos o un modelo de estudio de contactos ampliado —donde se evalúen los ámbitos de relación— pueden mejorar la comprensión de la dinámica de transmisión de la TB y plantear medidas de control más eficaces.

En 2022, la Agència de Salut Pública de Catalunya junto al Servicio de Microbiología del Hospital Universitari Germans Trias i Pujol, iniciaron la Estrategia TB-SEQ de epidemiología genómica poblacional del complejo *Mycobacterium tuberculosis* en Catalunya. El objetivo principal de esta estrategia es aplicar la secuenciación del genoma completo (WGS) bacteriano a todos los casos de TB con cultivo positivo⁴. Esta estrategia complementa el estudio de contactos, especialmente en aquellas poblaciones de difícil acceso y en precariedad social donde estas relaciones pueden ser más difíciles de evidenciar. En este sentido, se identificó el clúster genómico A13-5-L4 de transmisión reciente (distancia genómica ≤5

*Grupo de estudio TB-SEQ

Además de los autores, el grupo TB-SEQ incluye a: P. Ciruela, M. Bach, P. Gomà, P. Bach, M. Carol, P. Cano, L. Clotet, A. Despuig, L. Curto, J. Ferràs, G. Ferrús, R.M. Vileu, N. Follia, M. Sabater, E. Plasencia, À. Tarrés, M. López, H. Martínez (Agència de Salut Pública de Catalunya, Departament de Salut, Generalitat de Catalunya, Barcelona); A. Antuori, A. París, S. González-Gómez, M. Piñana, A. Català (Servei de Microbiologia, Laboratori Clínic Metropolitana Nord. Institut de Recerca i Hospital Germans Trias i Pujol (IGTP)); Joan Pau Millet, Raquel Prieto, Cristina Rius (Programa de Prevenció i Control de la Tuberculosi de Barcelona (PPCTB). Servei d'Epidemiologia (SEPID). Agència de Salut Pública de Barcelona (ASPB), Barcelona); S. Esteban-Cucó, E. Vicente (Laboratori de Referència de Catalunya); G. Tudó, J. González-Martin (Hospital Clínic de Barcelona); T. Soler, M.D. Guerrero (Consorci del Laboratori Intercomarcal (CLILAB) de l'Alt Penedès, l'Anoia i el Garraf); I. Prats (Hospital Universitari Arnau de Vilanova); L. Fernández-Delgado, F. Alcaide (Hospital Universitari de Bellvitge); M.T. Tórtola (Hospital Universitari Vall d'Hebron); S. Narváez (CATLAB-Centre Analítiques Terrassa AIE); M. Garrigó (Hospital de la Santa Creu i Sant Pau); P. Costa (Hospital Universitari de Girona Dr. Josep Trueta); A. Casabella (Parc Taulí Hospital Universitari); A. Pulido (Hospital General de Granollers); E. Picó-Plana (Hospital Universitari Joan XXIII); J. López, G. Trujillo (Fundació Althaia. Hospital Sant Joan de Déu); N. Torrellas (Laboratori Fundació Hospital de Palamós); L. Oliver, O. González-Moreno (SYNLAB Diagnòstics Globals), J.R. Agüera (Laboratorio Echevarne); X. Casas (Serveis Clínics); M. G. López, M. Torres-Puente, I. Comas (Tuberculosis Genomics Unit, IBV-CSIC).

Figura 1. 1A. Imagen ilustrativa de los casos de TB en L'Hospitalet de Llobregat y Cornellà entre los años 22-25 y de los casos vinculados al clúster A13-5-L4. **1B.** Median Joining Network del clúster A13-5-L4, en el que a partir de un alineamiento de 13 SNPs se ha inferido la direccionalidad de la transmisión (flechas grises). SVE, Servicio de Vigilancia Epidemiológica.



Single Nucleotide Polymorphisms, SNPs), perteneciente al sublinaje 4.3.2 de *M. tuberculosis*⁵. En la actualidad este clúster incluye 34 casos, de los cuales 20 pertenecen a la Región Metropolitana Sur de Barcelona, y ha experimentado un crecimiento del 36% en este último año (9/25).

En el presente trabajo presentamos la combinación del estudio de epidemiología genómica del clúster A13-5-L4 junto con el análisis geográfico en la Región Metropolitana de Barcelona (Figura 1). Este análisis conjunto genera múltiples evidencias que ayudan a comprender la dinámica de transmisión de cada brote epidemiológico y permite una evaluación preliminar de en qué situaciones la proximidad espacial ha podido explicar la transmisión de la enfermedad y en cuáles no, y dónde pueden sugerirse mecanismos de relación o transmisión alternativos.

Bibliografía

1. Gavalda L, Mendioroz J. Informe anual 2023. Situació epidemiològica i tendència de l'endèmia tuberculosa a Catalunya. Prevenció i control de la tuberculosi a Catalunya. 2025.
2. Chen TC, Lu PL, Lin CY, Lin WR, Chen YH. Fluoroquinolones are associated with delayed treatment and resistance in tuberculosis: a systematic review and meta-analysis. *Int J Infect Dis*. 2011;15(3):e211-6.
3. Di Gennaro F, Cotugno S, Guido G, Cavallin F, Pisaturo M, Onorato L, et al. Disparities in tuberculosis diagnostic delays between native and migrant populations in Italy: A multicenter study. *Int J Infect Dis*. 2025;150:107279.
4. Saludes V, Sicart-Torres E, Pequeño S, López MG, Bordoy AE, Ciruela P, et al. TB-SEQ: una nueva estrategia de epidemiología genómica para complementar el estudio de contactos de la tuberculosis en Cataluña. *Enf Emerg*. 2023;22(3):220-231.
5. Escayola L, Tarrés MA, Pasinello D, Abdo IJ, Bordoy AE, Saludes V, et al. Múltiples intervenciones en un caso de tuberculosis socialmente complejo y de gran trascendencia epidemiológica. *Enf Emerg*. 2025;24(1):18-23.

Cuando los genes cuentan historias: tuberculosis, vulnerabilidad social y espacios de riesgo en la era postpandemia

Valme del Río¹, Yolanda Nieto²

¹Unidad de Salud Pública. Distrito Sanitario Sevilla. Sevilla. ²Servicio de Medicina Preventiva y Salud Pública. Hospital Virgen del Rocío. Sevilla.

Correspondencia:

Valme del Río

E-mail: valme.rio.sspa@juntadeandalucia.es

Yolanda Nieto

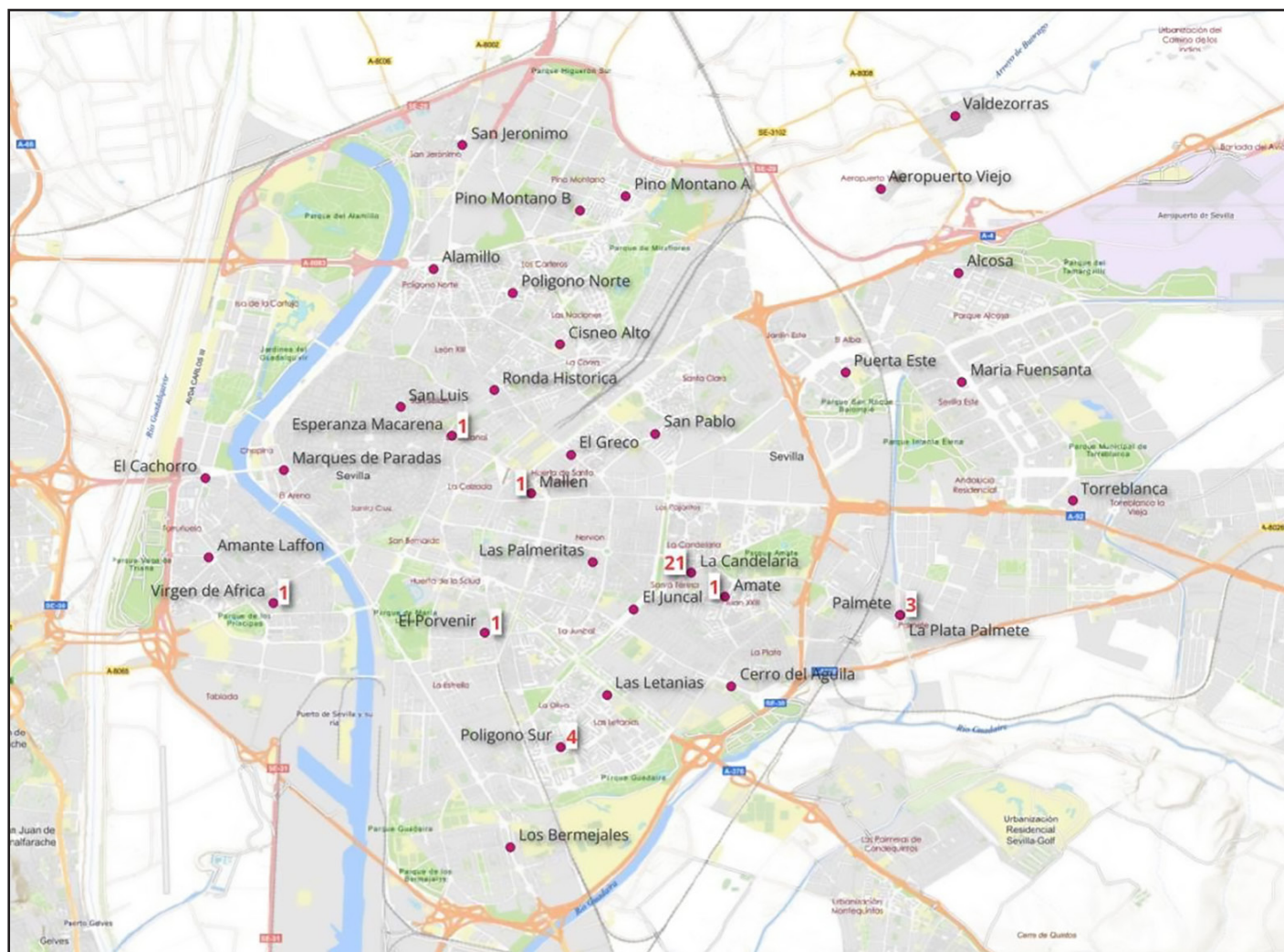
E-mail: yolanda.nieto.bujalance.sspa@juntadeandalucia.es

Introducción

En el periodo 2010-2019, Andalucía venía experimentando una tendencia descendente en la incidencia de tuberculosis (TB)

(descenso del 4% anual). La COVID-19 interrumpió esta tendencia con una caída del 19% en 2020-2021 (7,4 a 6,0 casos/100.000 h.), seguida de un rebote significativo en 2022-2023 (7,4 casos/100.000 h.). A nivel local, el Distrito Sanitario Sevilla experi-

Figura 1. Mapa de distribución de casos por CS.



mentó un aumento del 82,9% entre 2022-2024, superando medias andaluza y nacional, con especial afectación de zonas vulnerables y personas sin hogar. El brote de fumaderos en Sevilla (2021-2024) surge dentro de este contexto epidemiológico postpandemia.

Objetivos

Caracterizar epidemiológicamente un clúster de transmisión de TB mediante análisis de análisis de polimorfismos de nucleótido único (SNPs), analizar factores de riesgo sociosanitarios, reconstruir patrones de transmisión interclúster y evaluar el papel de fumaderos como focos de transmisión en áreas urbanas vulnerables.

Metodología

Estudio descriptivo retrospectivo de un clúster de transmisión genómico (37 casos, ≤ 5 SNPs) detectado entre enero 2021-diciembre 2024 mediante secuenciación del genoma

completo de *Mycobacterium tuberculosis*. Se realizó análisis geoespacial, caracterización de factores de riesgo sociales/clínicos, investigación de cinco brotes asociados y análisis de conectividad molecular para identificar transmisión activa comunitaria.

Resultados

El clúster se concentró en centros de salud La Candelaria (51%) y Polígono Sur (11%). Factores de riesgo predominantes: toxicomanías (70,30%), situación sin hogar (29,73%), desnutrición (18,92%) y VIH/SIDA (16,22%). Un 32% de los casos presentó éxitos como desenlace. Se identificaron 5 brotes epidemiológicos (15 casos) con vínculos familiares y uso compartido de espacios. Hallazgos significativos: conexión interclúster a través del caso 3.2 (portador de cepas clúster 1 y 22); concentración geográfica en fumadero de Los Pajaritos (epicentro del 38% casos); antecedentes UDVP/prisión como factores críticos; alta complejidad social dificultando estudios de contactos. Se registraron 4 defunciones.

Conclusiones

El análisis genómico-epidemiológico reveló patrones complejos de transmisión asociados a vulnerabilidad social y espacios de riesgo compartidos. Las conexiones interclúster sugieren transmisión cruzada entre linajes genéticamente relacionados, subrayando la necesidad de estrategias específicas para poblaciones vulnerables.

Líneas futuras

Integración de tipificación molecular con análisis geoespacial para mapeo de "zonas calientes" y desarrollo de modelos predictivos basados en factores de riesgo sociales y clínicos mediante técnicas de *machine learning*.

Bibliografía recomendada

- Jiménez Biedma C, Briones Pérez de la Blanca E, Caballero Algarín M, Luque Márquez, R. Cambios en el patrón epidemiológico de la tuberculosis en el distrito sanitario Sevilla: actualización primer semestre de 2024. Sevilla: Consejería de Salud y Consumo. 2024;29(36). [Acceso el 10 de septiembre de 2025]. Disponible en: <https://hdl.handle.net/10668/24285>
- Van der Roest BR, Bootsma MCJ, Fischer EAJ, Gröschel MI, Anthony RM, de Zwaan R, et al. Phylodynamic assessment of SNP distances from whole genome sequencing for determining Mycobacterium tuberculosis transmission. *Sci Rep.* 2025;15(1):1–11 [Acceso el 10 de septiembre de 2025. Disponible en: <https://www.nature.com/articles/s41598-025-94646-2>
- Rodrigues MMS, Barreto-Duarte B, Vinhaes CL, Araújo-Pereira M, Fukutani ER, Bergamaschi KB, et al. Machine learning algorithms using national registry data to predict loss to follow-up during tuberculosis treatment. *BMC Public Health.* 2024;24(1).
- Rodrigo T, Caylà JA, Casals M, García-García JM, Caminero JA, Ruiz-Manzano J, et al. A predictive scoring instrument for tuberculosis lost to follow-up outcome. *Respir Res.* 2012;13(1). [Acceso el 10 de septiembre de 2025. Disponible en: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/22938040/>
- Feske ML, Teeter LD, Musser JM, Graviss EA. Counting the Homeless: A Previously Incalculable Tuberculosis Risk and Its Social Determinants. *Am J Public Health.* 2013;103(5):839. [Acceso el 10 de septiembre de 2025. Disponible en: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC3698826/>
- Jiménez Biedma C, Briones Pérez de la Blanca E, Caballero Algarín M, Luque Márquez, R. Cambios en el patrón epidemiológico de la tuber-

Cribaje de enfermedad tuberculosa activa en un asentamiento de población subsahariana

Elsa Plasencia¹, Cristina Vilaplana², Clara Flamarich³

¹Servei de Vigilància Epidemiològica i Resposta a Emergències de Salut Pública al Barcelonès Nord i Maresme. Barcelona. Subdirecció Regional de Barcelona. Secretaria de Salut Pública. ²Unitat de Tuberculosi Experimental. Fundació i Hospital Germans Trias i Pujol. Badalona. ³CAP Sant Roc. Grupo de trabajo COCOOPSI. Unidad de soporte a la investigación Metropolitana Nord. IDIAP. Jordi Gol. Barcelona.

Correspondencia:

Elsa Plasencia

E-mail: elsa.plasencia@gencat.cat

Cristina Vilaplana

E-mail: cvilaplana@igtp.cat

Clara Flamarich

E-mail: claraflamarich@gmail.com

A raíz de 4 notificaciones de casos de tuberculosis (TB) pulmonar bacilífera, entre noviembre de 2023 y junio de 2024, de personas de origen subsahariano sin domicilio fijo, se estudió una nave donde vivían y/o se relacionaban. Se trata de un asentamiento en un antiguo instituto abandonado que alberga entre 150-200 personas de manera regular llegando a ser lugar de encuentro social y de formación no reglada, de hasta 400 personas.

En consecuencia, de este hallazgo el Servicio de Vigilancia Epidemiológica (SVE), el equipo de Salud Pública i Comunitària (eSPIC), el Hospital Germans Trias i Pujol (HGTiP) y Atención Primaria (AP) del territorio se coordinaron para planificar una actividad de *screening* de enfermedad tuberculosa activa, en esta población.

El objetivo era la detección de enfermedad tuberculosa pulmonar bacilífera. Se han realizado un total de 3 intervenciones:

- En la primera intervención se aprovechó la realización de una actividad comunitaria que tenía lugar en la nave con una comida organizada por la ONG CEPaIM donde participaron de manera libre 55 personas, de estas 19 realizaron un cuestionario de síntomas de TB y se consideraron: 3 no sintomáticos, 9 con clínica de otras enfermedades y 7 con clínica sugestiva de TB. Los que presentaban clínica sugestiva, 6 llegaron a ser visitados en el hospital de los cuales 2 fueron positivos de TB. Una persona fue visitada en el Centro de AP descartando enfermedad activa. Una persona se presentó en el hospital y fue atendida.
- La segunda actuación, fue motivada por los déficits detectados en la primera intervención. Se decidió valorar a todos los contactos estrechos (CE) de los casos diagnosticados. Participaron 25 personas, 2 no fueron derivadas, 1 se derivó al CAP por clínica no TB, 9 fueron derivadas por clínica a HGTIP (4 por clínica no TB, 5 por clínica sugestiva de TB). Otras 13

personas asintomáticas que refirieron ser CE también fueron derivadas al Hospital para estudio. De todas estas personas, 10 fueron a HGTIP (2 altamente sugestivos) y 5 personas que eran CE. Se diagnosticó 1 TB ganglionar, el resto presentaron RX Tórax no patológicas. Se ofreció tratamiento a una persona con malaria. Des de AP se citaron a 2 personas altamente sospechosas descartando TB activa.

- La tercera actuación se realizó para estudiar a las personas que tenían relación íntima con los casos, de las cuales se identificaron a 12 mujeres y 7 niños. Sólo una mujer acudió a realizarse las pruebas siendo estas negativas.

En resumen, se han identificado 10 personas enfermas en relación con el asentamiento: 1 el caso índice, 1 que ingreso terminando en exitus, 2 informados por en ETODA, 2 positivos de la primera actuación, 1 en la segunda actuación y 3 casos diagnosticados en otros centros fuera del territorio con relación directa.