



Instituto
de Salud
Carlos III

Volumen 34(2), Segundo Trimestre 2026

BOLETÍN EPIDEMIOLÓGICO SEMANAL



Centro Nacional de Epidemiología (CNE)

BOLETÍN EPIDEMIOLÓGICO SEMANAL (BES)

Dirección: *Rosa Cano Portero*

Redacción: *Marta Soler Soneira, Rocío Amillategui Dos Santos,
Carmen Martín Mesonero y Pilar Soler Crespo*

CREATIVE-COMMONS BY-NC-SA 4.0

ISSN-L 2173-9277

NIPO-PDF: 156240018

Edita:

Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades

Instituto de Salud Carlos III

Centro Nacional de Epidemiología. Red Nacional de Vigilancia Epidemiológica

Pabellón, 12 – Campus de Chamartín – Avda. Monforte de Lemos, 3 - 5

o C/ Melchor Fernández Almagro, 3

28029 Madrid. España.

Asistencia técnica editorial y maquetación: motu estudio

Periodicidad:

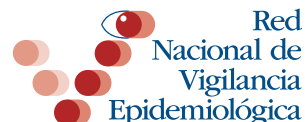
Trimestral, 4 números al año.

Fundada en 1977, esta publicación difunde los resultados de la vigilancia en salud pública. En la actualidad, se ha respetado la cabecera con el nombre original aunque la periodicidad de publicación no se corresponda con la que aparece en su título.

Disponible en:

<http://publicaciones.isciii.es>

<https://dialnet.unirioja.es/servlet/revista?codigo=3259>



<https://revista.isciii.es/index.php/bes/>

Visite la web de la revista si desea enviar un artículo, conocer las políticas editoriales o suscribirse a la edición digital.



COMITÉ EDITORIAL

Dirección

Rosa Cano Portero

Jefa de Área de Análisis en Vigilancia Epidemiológica
Centro Nacional de Epidemiología (CNE)
Instituto de Salud Carlos III (ISCIII)

Editora Jefa

Rocío Amillategui Dos Santos

Centro Nacional de Epidemiología (CNE)
Instituto de Salud Carlos III (ISCIII)

Editoras adjuntas

Carmen Martín Mesonero

Centro Nacional de Epidemiología (CNE)
Instituto de Salud Carlos III (ISCIII)

Marta Soler Soneira

Jefa de Área de coordinación
Dirección General de Salud Pública y Equidad en Salud
Ministerio de Sanidad

Pilar Soler Crespo

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

CONSEJO EDITORIAL

Beatriz Fernández Martínez

Responsable de la Vigilancia de las Enfermedades de Transmisión Vectorial
Centro Nacional de Epidemiología (ISCIII)

Carmen Varela Martínez

Responsable de la Vigilancia de Enfermedades Transmitidas por Alimentos. CNE. ISCIII
National Focal Point for Surveillance at the European Centre for Disease Prevention and Control
(Estocolmo-Suecia)

Diana Gómez Barroso

Responsable de Estudios espacio-temporales y Medio Ambiente en Enfermedades Infecciosas. CNE.
ISCIII

Miguel Angel Luque-Fernandez

Department of Epidemiology, Boston, USA
Harvard TH Chan School of Public Health

Noemí López Perea

Vigilancia de Enfermedades Prevenibles por Vacunación. CNE. ISCIII
Main Site Supervisor. EPIET Program. European Centre for Disease Prevention and Control
(Estocolmo-Suecia)

Pilar Gallego Berciano

Centro de Coordinación de Alertas y Emergencias Sanitarias (CCAES)
Ministerio de Sanidad
National Focal point for Healthcare associated infections. (Estocolmo-Suecia)

Rosa María Estevez Reboredo

Responsable de la Vigilancia de las Enfermedades Zoonóticas. CNE. ISCIII

Victoria Hernando Sebastián

Vigilancia de VIH, ITS y Hepatitis B y C. CNE. ISCIII
Operational Contact Point for Epidemiology Hepatitis B/C at the European Centre for Disease Prevention and Control (Estocolmo-Suecia)

Zaida Herrador Ortiz

Responsable de la Vigilancia de la Tuberculosis. CNE. ISCIII
National Focal Point for Public Health Training and National Focal Point for Tuberculosis (Estocolmo-Suecia)

Susana Monge Corella

National Focal Point for Scientific Advice (alternate) at the European Centre for Disease Prevention and Control (Estocolmo-Suecia)
Vigilancia de Gripe, COVID-19 y otros virus respiratorios. CNE. ISCIII

CONSEJO CIENTÍFICO ASESOR

Agustín Portela Moreira

Agencia Española de Medicamentos y Productos Sanitarios (AEMPS)
Ministerio de Sanidad

Asunción Díaz Franco

Responsable de la Vigilancia de VIH, ITS y Hepatitis B y C. CNE. ISCIII
National Focal Point for HIV/AIDS and STI at the European Centre for Disease Prevention and Control (Estocolmo-Suecia)

Beatriz Pérez Gómez

Departamento de Epidemiología de las Enfermedades Crónicas. CNE. ISCIII

Iman Jroundi

Université Mohammed V de Rabat.
Unité de responsabilité sociale en santé publique et en médecine communautaire (Rabat-Marruecos)

Iñaki Galán Labaca

Departamento de Epidemiología de las Enfermedades Crónicas. CNE. ISCIII
Departamento de Medicina Preventiva, Salud Pública y Parasitología
Universidad Autónoma de Madrid

Isabel Peña-Rey

Agencia Española de Seguridad Alimentaria y Nutrición (AESAN)
Ministerio de Sanidad

Maria João Forjaz

Departamento de Epidemiología de las Enfermedades Crónicas. CNE. ISCIII
Vicepresidenta de la Sociedad Española de Epidemiología (SEE)

José Ramón Banegas Banegas

Departamento de Medicina Preventiva y Salud Pública
Universidad Autónoma de Madrid

Josefa Masa Calles

Responsable de la Vigilancia de enfermedades prevenibles por vacunación. CNE. ISCIII
Eurosurveillance Editorial board (Estocolmo-Suecia)

M^a José Sierra Moros

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

Marina Pollan Santamaría

Directora del Instituto de Salud Carlos III. ISCIII
Ministerio de Ciencia e Innovación

Marta Zimmerman Verdejo

Instituto Nacional de Seguridad y Salud en el Trabajo
Madrid

Rafael Cantón Moreno

Jefe del Servicio de Microbiología
Hospital Universitario Ramón y Cajal

Roberto Pastor Barriuso

Departamento de Epidemiología de las Enfermedades Crónicas. CNE. ISCIII

BOLETÍN *epidemiológico* SEMANAL

SEMANAS 15-26

Del 01/04 al 30/06 de 2026
2026 Vol.34 n° 2 / pp. 40-124

ISSN: 2173-9277
ESPAÑA



SUMARIO

Nota editorial

Nueva dirección del BES

Rosa Cano Portero 46

Nota técnica de Salud Pública

Andes Hantavirus Outbreak Linked to a Transatlantic Cruise Ship: Risk Assessment for Spain

Brote de hantavirus Andes vinculado a un crucero transatlántico: Evaluación del riesgo para España

María Cruz Calvo-Reyes, Sara Estefanía Montenegro-Jaramillo, Laura Santos-Larrégola, Pedro Valdivia-Prieto, Lucía García-San Miguel, María José Sierra-Moros 47-58

Estudios epidemiológicos

Cuatro años de vigilancia epidemiológica de mpox en España, 2022-2025

Four years of epidemiological surveillance of mpox in Spain, 2022-2025

Victoria Hernando, Sara Gayol, Carol Ingrid Castellares, Héctor Sánchez-Herrero, Sonia Fernández-Balbuena, Asunción Díaz,

Grupo de trabajo de mpox de la Red Nacional de Vigilancia en Salud Pública 59-70

Vigilancia y epidemiología del Herpes Zóster en España, 2014-2024.

Red Nacional de Vigilancia Epidemiológica (RENAVE)

Surveillance and epidemiology of herpes zoster in Spain, 2014-2024.

National Epidemiology Surveillance Network (RENAVE)

Clara Salamanca Ávila, Josefa Masa-Calles, María Sastre García, Fernando Vallejo Ruiz de León 71-85

Enfermedad invasiva por *Haemophilus influenzae*. España 2024

Invasive *Haemophilus influenzae* disease. Spain 2024

María de Viarce Torres de Mier, Josefa Masa-Calles, Rosa Cano Portero 86-99

Epidemiología de las infecciones respiratorias agudas en España en la temporada 2024-2025

Epidemiology of acute respiratory infections in Spain during the 2024-2025 season

Jorge Franco Herrero, Marcos Lozano-Álvarez, Ana María Puerto, Francisco Pozo, Sonia Vázquez-Morón, María Iglesias Caballero, Grupo SiVIRA, Red de vigilancia genómica RELECOV,

Inmaculada Casas, Susana Monge 100-124

Nueva dirección del BES

Rosa Cano Portero

Directora saliente

Estimado equipo, autores y lectores del BES:

Concluyo mi etapa como directora del Boletín Epidemiológico Semanal (BES) con profunda satisfacción por el trabajo realizado y por el compromiso de quienes han contribuido a consolidar esta publicación editada por el Centro Nacional de Epidemiología del Instituto de Salud Carlos III. Desde 2023 hemos trabajado para que el BES se publique en un formato alineado con los estándares de una revista científica, pero manteniendo su esencia. Nuestro objetivo es publicar los resultados del análisis de datos de la vigilancia epidemiológica realizada por los profesionales que trabajan en distintos niveles de competencia en el Sistema de Vigilancia de Enfermedades Transmisibles, así como de otros ámbitos relacionados con la realización de estudios epidemiológicos relevantes para la salud pública.

Una de las metas alcanzadas es **la indexación del BES en SciELO**. El siguiente paso será PubMed. Lograrlo va a depender de que sigamos trabajando por publicar originales de calidad y con impacto y relevancia en nuestro ámbito profesional.

El nuevo equipo estará liderado por **Jose Luis Peñalvo García**, director del Centro Nacional de Epidemiología que asume la dirección del BES. Estará acompañado por un equipo comprometido con la calidad y continuidad del BES, Rocío Amillategui Dos Santos, como editora jefa, Carmen Martín Mesonero, Marta Soler Soneira, Rosa María Estevez Reboredo y Pilar Soler Crespo, como editoras adjuntas.

Gracias a autores, revisores y comités por sostener con rigor esta labor. Me despido con la certeza de que el BES seguirá creciendo en manos de un equipo sólido y comprometido.

Cita sugerida

Cano Portero R. Nueva dirección del BES. Boletín Epidemiológico Semanal. 2026;34(2):46-46. doi: 10.4321/s2173-92772026000200001

Andes Hantavirus Outbreak Linked to a Transatlantic Cruise Ship: Risk Assessment for Spain

Brote de hantavirus Andes vinculado a un crucero transatlántico: Evaluación del riesgo para España

María Cruz Calvo-Reyes¹  0009-0002-6004-8738

Sara Estefanía Montenegro-Jaramillo²  0000-0002-7987-0716

Laura Santos-Larrégola¹  0009-0003-2160-6108

Pedro Valdivia-Prieto¹  0009-0007-6204-3056

Lucía García-San Miguel¹  0000-0002-8141-9940

María José Sierra-Moros^{1,3}  0000-0003-0082-1397

¹Centro de Coordinación de Alertas y Emergencias Sanitarias (CCAES), Dirección General de Salud Pública y Equidad en Salud, Ministerio de Sanidad, Madrid, Spain.

²Hospital Universitario de Ceuta, Spain.

³CIBER de Enfermedades infecciosas (CIBERINFEC), Spain.

Correspondence

María Cruz Calvo Reyes
mcalvor@sanidad.gob.es

Authorship contribution

All authors of this work contributed equally.

Acknowledgement

We thank the experts from various institutions who collaborated in carrying out the risk assessment.

Funding

This work received no specific funding from public agencies, private entities, or non-profit institutions.

Conflict of interest

The authors declare that there is no conflict of interest.

Suggested citation

Calvo-Reyes MC, Montenegro-Jaramillo SE, Santos-Larrégola L, Valdivia-Prieto P, García-San Miguel L, Sierra-Moros MJ. Andes Hantavirus Outbreak Linked to a Transatlantic Cruise Ship: Risk Assessment for Spain. *Boletín Epidemiológico Semanal*. 2026;34(2):47-52. doi: 10.4321/s2173-92772026000200002

Abstract

The Andes hantavirus (ANDV) outbreak linked to a transatlantic cruise ship in May 2026 represented an unusual public health event. A total of 13 cases were reported across several countries, including two in Spain, with three deaths. Evidence suggests initial exposure in Argentina followed by limited person-to-person transmission during the voyage.

In Spain, 16 high-risk contacts were monitored, two of whom developed infection. The risk of transmission was considered very low due to the absence of animal reservoirs and the rapid implementation of control measures.

This event highlights the importance of surveillance and international coordination in emerging infectious diseases.

INTRODUCTION

The outbreak of Andes hantavirus (ANDV) linked to a transatlantic cruise ship detected in May 2026 constituted an unusual scenario of national and international public health interest.

Although cases were reported in several countries, including Spain, the risk to the Spanish general population was considered very low due to the virus's limited transmission capacity and the rapid implementation of public health measures.

On 2 May 2026, the National International Health Regulations (IHR) Focal Point for the United Kingdom of Great Britain and Northern Ireland notified the World Health Organization (WHO) of an outbreak of severe acute respiratory illness aboard a transatlantic cruise ship that had departed from Ushuaia (Argentina) on 1 April on route to Cape Verde, making stops at several islands in the South Atlantic. The Dutch-flagged vessel carried passengers and crew from 23 countries, including 14 Spain residents. The first affected individual, a 70-year-old passenger, developed gastrointestinal symptoms and died on 11 April. Two weeks later, on the island of Santa Helena, 32 people disembarked, among them the deceased widow, who travelled on a commercial flight to Johannesburg to catch another flight to Amsterdam. However, before take-off she had to be transferred to the hospital, where she died on 26 April. A third passenger was medically evacuated in critical condition from Ascension Island to Johannesburg and became the first laboratory-confirmed case⁽¹⁾. A fourth passenger who disembarked in Saint Helena (a UK Overseas Territory) and was admitted to a hospital in Switzerland a few days later became the first case in which ANDV infection was confirmed. The ship arrived in Cape Verde on 3 May, from where two additional cases were evacuated. On board remained the body of an 80-year-old passenger who had died on 2 May and was later also confirmed as a case. An eighth case was reported in a passenger who had disembarked in Tristan da Cunha (a UK Overseas Territory) on 13 April.

Since 5 May, WHO and European Centre for Disease Prevention and Control (ECDC) epidemiologists, together with infectious-disease specialists from the Netherlands, implemented measures on board to reduce the likelihood of transmission among passengers and crew.

Within the framework of the International Health Regulations and Regulation (EU) 2022/2371 of the European Parliament and of the Council of 23 November 2022 on serious cross-border health threats, a range of coordinated international response measures was established from the outset. These included continuous collaboration and information exchange between WHO, ECDC/the European Commission, and the countries involved. An epidemiological investigation was also launched to identify the possible source of exposure, guide additional measures prior to the evacuation or disembarkation of those on board, and determine the origin of the outbreak. In parallel, microbiological studies were initiated to assess viral characteristics potentially associated with increased pathogenicity or transmissibility. In addition, on 7 May, Spain activated the European Civil Protection Mechanism to evacuate passengers and part of the crew in the port of Tenerife (Spain) to various destinations, mostly their countries of origin. The operation took place between 10 and 11 May and was coordinated by Spanish authorities, international institutions (WHO, ECDC), and the affected countries (Figure 1). Subsequently the ship departed for the Netherlands on 11 May and arrived in Rotterdam on 18 May for a full inspection and disinfection procedures.

Figure 1. Route of the ship, disembarkations, and evacuations between 1 April and 11 May 2026.



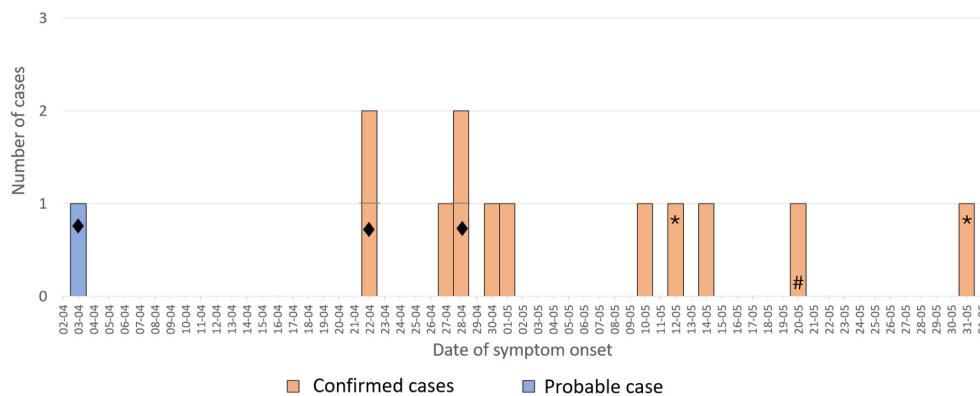
Source: ECDC

Globally, contact tracing linked to the outbreak identified more than 440 contacts across at least 30 countries and territories, who were placed under quarantine or follow-up according to their assessed level of risk⁽²⁾.

At the national level, the Ministry of Health, in coordination with the Autonomous Communities (CCAA), developed protocols for clinical management and individual protective measures to prevent viral transmission. These protocols were reviewed and updated by the Technical Committee of the Early Warning and Rapid Response System (SIAPR) and approved by the Public Health Commission. On 8 May, a protocol was published outlining healthcare and public-health actions for residents of Spain who were to disembark, as well as for potential contacts and probable or confirmed cases. A revised version was issued on 13 May, incorporating recommendations from the European Reference Laboratory (EURL-PH-ERZV) regarding the handling and transport of clinical samples. On 22 May, an updated version was released; it included conditions for visits and access to common areas for individuals in hospital quarantine, as well as requirements for home quarantine. Annex 2, detailing preventive measures for hospital staff, was also amended. Finally, on 3 June, a further update established the criteria for hospital discharge of confirmed cases and the follow-up procedures to be applied thereafter⁽³⁾.

In the days following the evacuation, five cases were detected worldwide among high-risk contacts who were under quarantine: two in Spain and one each in France, Canada, and the Netherlands. Since the beginning of the outbreak, a total of 13 cases were reported (12 laboratory-confirmed and 1 probable, considered the index case), with symptom onset dates ranging from 3 April to 31 May. Of the 13 cases, 3 died and 2 developed severe disease (Figure 2).

Figure 2. Epidemic curve of confirmed and probable cases by date of symptom onset (up to 22 June 2026)



* Confirmed cases detected in Spain; # asymptomatic confirmed cases: confirmation data. ♦ Deaths.
 Source: Author's elaboration based on data provided by WHO, Early Warning and Response System (EWRS) of the European Union, and the Ministry of Health of Spain.

In Spain, 16 individuals were classified as high-risk contacts (14 passengers and crew members from the ship, and two linked to the Johannesburg–Amsterdam flight). They were required to undergo a 42-day period of monitoring and quarantine from the date of last exposure. Among the ship-related contacts, 2 individuals became confirmed cases during follow-up, presenting positive blood PCR results and symptoms in the subsequent days. The remaining contacts completed an initial 28-day hospital quarantine, followed by 14 days at home, remaining asymptomatic with negative test results throughout.

The most likely hypothesis regarding the origin of the outbreak is that some passengers became infected through environmental exposure to ANDV during their prior stay in endemic areas of Argentina. From these initial cases, secondary transmission to other passengers would have occurred during the voyage. This interpretation is supported by genetic analyses showing a high degree of similarity among viral sequences from confirmed cases—virtually identical, with very few mutations between them⁽⁴⁾. These findings are consistent with previous Andes hantavirus outbreaks, such as the 2018 Epuén outbreak in Argentina⁽⁵⁾.

ANDES HANTAVIRUS DISEASE

ANDV, endemic to Argentina and Chile⁽⁶⁾, can cause severe hantavirus cardiopulmonary syndrome (HCPS), which carries a high fatality rate, and is the only hantavirus for which consistent person-to-person transmission has been demonstrated⁽⁶⁾. Human infection occurs primarily through inhalation of contaminated aerosols in rural areas inhabited by sigmodontine rodents, the natural reservoir. After a prolonged incubation period of 7 to 45 days^(2,5,6), the disease may progress rapidly from nonspecific symptoms to respiratory failure and shock in some cases. No specific treatments or vaccines exist, making early detection and intensive supportive care essential.

ANDV infections are rare globally. In 2025, eight countries in the Americas reported 229 HCPS cases and 59 deaths, with no cases specifically attributed to this virus⁽⁷⁾. Transmission remains predominantly zoonotic, linked to rodent exposure.

Person-to-person transmission is exceptional and has been documented only in isolated outbreaks in Argentina and Chile^(5,6). These outbreaks typically involve short transmission chains with few cases, although longer chains have been recorded, such as during the 2018–2019 Epuén outbreak. In that event, spread was facilitated by social gatherings involving numerous close interpersonal contacts, rather than by any apparent increase in viral transmissibility⁽⁵⁾.

RISK ASSESSMENT FOR SPAIN

During the management of the alert related to the Andes hantavirus outbreak linked to a transatlantic cruise, the Coordination Centre for Health Alerts and Emergencies conducted, with the support of numerous experts and institutions, a rapid risk assessment of ANDV transmission in Spain⁽⁸⁾. Its conclusions are summarised below.

To date, no autochthonous human cases of hantavirus infection have been detected in Spain. Although hantaviruses have been identified in several wild mammal species, none has shown pathogenicity for humans⁽⁹⁾. Rodents of the *Sigmodontinae* and *Neotominae* subfamilies are found exclusively in the Americas. Therefore, the risk of ANDV transmission through rodents or their excreta in Spain is extremely low, both because the reservoir species are absent from Spanish territory and because the virus has not been detected in any local small-mammal species⁽¹⁰⁾. Based on available evidence, the risk of transmission of other pathogenic hantaviruses in Spain is also considered very low, given the limited evidence of their presence in local wildlife and the absence of historical detections in humans.

During the outbreak, the only potential route of transmission in Spain would have been close contact with infected individuals during their transmissible period or occupational exposure to clinical samples. All cases and contacts were monitored according to established protocols, and involved professionals applied the recommended prevention and control measures. Consequently, the risk of secondary transmission in Spain was considered very low.

Finally, there is no increased risk for typical tourists or business travellers visiting major cities in endemic countries. Risk is primarily associated with specific activities such as ecotourism in rural areas, agricultural or forestry work, or occupations involving environmental exposure where contact with the long-tailed pygmy rice rat (*Oligoryzomys longicaudatus*), the natural reservoir, may occur. The most common route of infection is inhalation of aerosols from the urine, faeces, or saliva of infected rodents, typically when cleaning unventilated enclosed spaces or camping in endemic areas. In any case, the overall risk is considered very low, as the disease is rare.

CONCLUSIONS

This event highlights the importance of maintaining surveillance systems capable of early detection of imported emerging diseases and coordinating international responses to events with potential for cross-border transmission. It also underscores the need for specific protocols for rare pathogens with demonstrated person-to-person transmissibility.

Based on available evidence, the risk of local transmission of pathogenic hantaviruses—including Andes virus—in Spain is considered very low, given the limited evidence of their presence in local small mammals and the absence of historical human cases. For travellers to endemic areas, risk is concentrated in rural or natural settings where exposure to infected rodent excreta may occur. Nevertheless, the disease is rare, and risk can be significantly reduced through appropriate preventive measures.

REFERENCES

1. World Health Organization. Disease Outbreak News. Hantavirus cluster linked to cruise ship travel, Multi-country [Internet]. Available at: <https://www.who.int/emergencies/disease-outbreak-news/item/2026-DON599>
2. World Health Organization. WHO Rapid Risk Assessment - Hantavirus outbreak caused by Andes virus, Global v.2 [Internet]. Available at: <https://www.who.int/publications/m/item/who-rapid-risk-assessment--hantavirus-outbreak-caused-by-andes-virus--global-v.2>
3. Ministerio de Sanidad y Comité Técnico del Sistema de Alerta Precoz y Respuesta Rápida (SIAPR). Protocolo de manejo de personas en seguimiento en España en relación con el buque afectado por un brote de Hantavirus Andes. [Internet]. 3 de junio de 2026. Available at: https://www.sanidad.gob.es/areas/alertasEmergenciasSanitarias/alertasActuales/hantavirus/docs/20260603_ProtocolovirusAndes.pdf

4. Virological [Internet]. 2026. Preliminary analysis of Orthohantavirus andesense virus sequences from a cruise-ship related cluster, May 2026 - Hantavirus. Available at: <https://virological.org/t/preliminary-analysis-of-orthohantavirus-andesense-virus-sequences-from-a-cruise-ship-related-cluster-may-2026/1029>
5. Martínez VP, Paola ND, Alonso DO, Pérez-Sautu U, Bellomo CM, Iglesias AA, et al. “Super-Spreaders” and Person-to-Person Transmission of Andes Virus in Argentina. *New England Journal of Medicine*. 2020;383(23):2230-41. doi:10.1056/NEJMoa2009040
6. Martinez-Valdebenito C, Calvo M, Vial C, Mansilla R, Marco C, Palma RE, et al. Person-to-Person Household and Nosocomial Transmission of Andes Hantavirus, Southern Chile, 2011. *Emerg Infect Dis*. 2014;20(10):1629-36. doi:10.3201/eid2010.140353 PubMed PMID: 25272189; PubMed Central PMCID: PMC4193174.
7. Panamerican Health Organization. Epidemiological Alert Hantavirus Pulmonary Syndrome in the Americas Region. 19 de diciembre de 2025 [Internet]. 2025. Available at: https://www.paho.org/sites/default/files/2025-12/2025-12-19-epidemiological-alert-hantavirus-engfinal_0.pdf
8. Ministerio, de Sanidad, Dirección General de Salud Pública y Equidad en Salud. Centro de Coordinación de Alertas y Emergencias, Sanitarias. Brote de enfermedad por hantavirus Andes en un crucero. Evaluación rápida de riesgo. 20 de mayo de 2026. [Internet]. 2026. Available at: https://www.sanidad.gob.es/areas/alertasEmergenciasSanitarias/alertasActuales/hantavirus/docs/20260520_Hantavirus_ERR.pdf
9. Herrero-Cófreces S, Mougeot F, Sironen T, Meyer H, Rodríguez-Pastor R, Luque-Larena JJ. Viral Zoonoses in Small Wild Mammals and Detection of Hantavirus, Spain. *Emerg Infect Dis*. 2022;28(6):1294-6. doi:10.3201/eid2806.212508 PubMed PMID: 35608945; PubMed Central PMCID: PMC9155867.
10. Gu SH, Miñarro M, Feliu C, Hugot JP, Forrester NL, Weaver SC, et al. Multiple Lineages of Hantaviruses Harbored by the Iberian Mole (*Talpa occidentalis*) in Spain. *Viruses*. 2023;15(6):1313. doi:10.3390/v15061313

Brote de hantavirus Andes vinculado a un crucero transatlántico: Evaluación del riesgo para España

Andes Hantavirus Outbreak Linked to a Transatlantic Cruise Ship: Risk Assessment for Spain

María Cruz Calvo-Reyes¹  0009-0002-6004-8738

Sara Estefanía Montenegro-Jaramillo²  0000-0002-7987-0716

Laura Santos-Larrégola¹  0009-0003-2160-6108

Pedro Valdivia-Prieto¹  0009-0007-6204-3056

Lucía García-San Miguel¹  0000-0002-8141-9940

María José Sierra-Moros^{1,3}  0000-0003-0082-1397

¹Centro de Coordinación de Alertas y Emergencias Sanitarias (CCAES), Dirección General de Salud Pública y Equidad en Salud, Ministerio de Sanidad, Madrid, España.

²Hospital Universitario de Ceuta, España.

³CIBER de Enfermedades infecciosas (CIBERINFEC), España.

Correspondencia

María Cruz Calvo Reyes
mcalvor@sanidad.gob.es

Contribuciones de autoría

Todos los autores del presente trabajo han contribuido por igual.

Agradecimientos

Agradecemos la ayuda de los expertos de diversas instituciones que colaboraron en la realización de la evaluación de riesgo.

Financiación

No recibió financiación específica de organismos públicos, entidades privadas o instituciones sin ánimo de lucro.

Conflicto de intereses

Declaro que no existe conflicto de intereses.

Cita sugerida

Calvo-Reyes MC, Montenegro-Jaramillo SE, Santos-Larrégola L, Valdivia-Prieto P, García-San Miguel L, Sierra-Moros MJ. Brote de hantavirus Andes vinculado a un crucero transatlántico: Evaluación del riesgo para España. *Boletín Epidemiológico Semanal*. 2026;34(2):53-58. doi: 10.4321/s2173-92772026000200002

Resumen

El brote de hantavirus Andes (ANDV) vinculado a un crucero transatlántico en mayo de 2026 supuso un evento inusual de interés en salud pública. Se notificaron 13 casos en varios países, incluidos dos en España, con tres fallecimientos. La investigación apunta a una exposición inicial en Argentina y posterior transmisión limitada entre personas durante el viaje.

En España, se identificaron 16 contactos de alto riesgo en seguimiento, de los cuales dos desarrollaron infección. El riesgo de transmisión se consideró muy bajo debido a la ausencia de reservorios animales y a la rápida implementación de medidas de control.

Este evento destaca la importancia de la vigilancia epidemiológica y la coordinación internacional ante enfermedades emergentes.

INTRODUCCIÓN

El brote de hantavirus Andes (ANDV) asociado a un crucero transatlántico detectado en mayo de 2026 ha constituido un escenario inusual y de interés para la salud pública nacional e internacional.

Aunque se notificaron casos en varios países, incluido España, el riesgo para la población general española se consideró muy bajo debido a la escasa capacidad de transmisión del virus y la rápida implementación de medidas de salud pública.

El 2 de mayo de 2026, el Punto Nacional del Reglamento Sanitario Internacional (RSI) del Reino Unido de Gran Bretaña e Irlanda del Norte notificó a la Organización Mundial de la Salud (OMS) un brote de enfermedad respiratoria aguda grave a bordo de un crucero que había zarpado de Ushuaia (Argentina) el 1 de abril con destino a Cabo Verde, haciendo paradas en diversas islas del Atlántico Sur. El buque, de bandera holandesa, transportaba pasajeros y tripulación de 23 países, entre ellos 14 residentes en España.

El primer afectado fue un pasajero de 70 años que presentó síntomas gastrointestinales y falleció el 11 de abril. Dos semanas más tarde, en la isla de Santa Elena, desembarcaron 32 personas, entre ellas la esposa del fallecido, que viajó en un vuelo comercial a Johannesburgo, antes de coger otro vuelo a Amsterdam, tuvo que ser trasladada al hospital, donde falleció el 26 de abril. Un tercer pasajero fue evacuado en estado de salud grave el 27 de abril desde Isla Asunción a Johannesburgo y resultó ser el primer caso confirmado por laboratorio de infección por hantavirus⁽¹⁾. Un cuarto pasajero que desembarcó en Santa Elena (territorio británico de ultramar Reino Unido) e ingresó en Suiza unos días más tarde fue el primer caso en el que se confirmó infección por ANDV. El barco llegó a Cabo Verde el 3 de mayo, desde donde fueron evacuados dos casos más, permaneciendo a bordo el cadáver de una pasajera de 80 años que falleció el 2 de mayo, y posteriormente se confirmó también como caso. Un octavo caso fue notificado en un pasajero que desembarcó en Tristán de Acuña (territorio británico de ultramar Reino Unido) el 13 de abril.

Desde el 5 de mayo, los epidemiólogos de la OMS y el Centro Europeo para la Prevención y Control de Enfermedades (ECDC), junto con especialistas en enfermedades infecciosas de los Países Bajos, implementaron medidas a bordo para reducir la probabilidad de contagio entre los pasajeros y la tripulación.

En el marco del Reglamento Sanitario Internacional, y del Reglamento (UE) 2022/2371 del Parlamento Europeo y del Consejo de 23 de noviembre de 2022 sobre las amenazas transfronterizas graves para la salud, se establecieron desde el primer momento, diversas medidas de respuesta internacional coordinada, incluyendo la colaboración e intercambio continuo de información entre OMS, ECDC/Comisión Europea y los países implicados. Así mismo, se inició una investigación epidemiológica de la posible fuente de exposición y para orientar posibles medidas adicionales antes de la evacuación o desembarco de las personas a bordo y para determinar el origen. También se iniciaron estudios microbiológicos para evaluar las características virales asociadas a una posible mayor patogenicidad o transmisibilidad. Además, el 7 de mayo, España activó el Mecanismo de Protección Civil europeo para la evacuación de pasajeros y parte de los tripulantes en el puerto de Tenerife (España) hacia diferentes destinos, sus países de origen en la mayoría de los casos. La operación fue realizada entre el día 10 y 11 de mayo, coordinada por las autoridades españolas y distintas instituciones internacionales (OMS, ECDC) y países afectados (Figura 1). Posteriormente,

el barco partió hacia los Países Bajos el 11 de mayo y llegó a Róterdam el 18 de mayo, para desarrollar la inspección completa del buque y las tareas de desinfección.

Figura 1. Trayecto del barco, desembarcos y evacuaciones, entre el 1 de abril y el 11 de mayo de 2026.



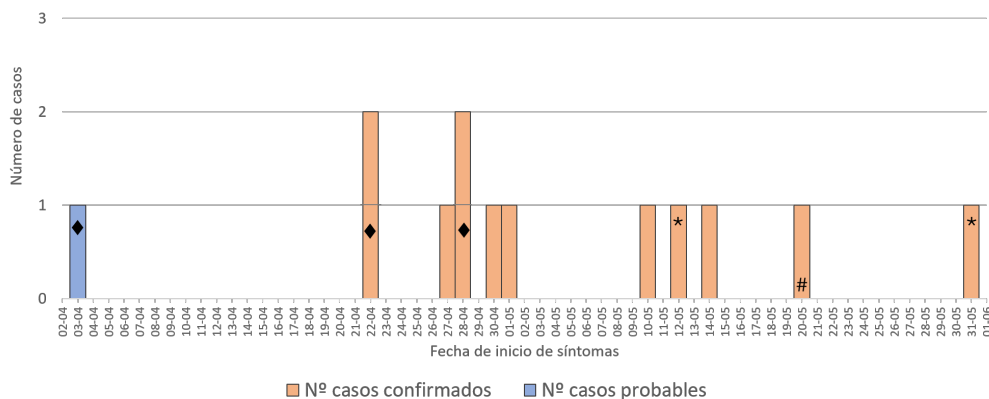
Fuente: ECDC

A nivel global la búsqueda y el seguimiento de contactos vinculados al brote identificó más de 440 contactos en al menos 30 países y territorios, los cuales estuvieron en cuarentena o en seguimiento según el nivel de riesgo identificado⁽²⁾.

A nivel nacional, el Ministerio de Sanidad, de acuerdo con las Comunidades Autónomas (CCAA), elaboró protocolos para el manejo clínico y las medidas de protección individual para evitar la transmisión del virus, que fueron revisados y actualizados por el Comité técnico del Sistema de Alerta Precoz y Respuesta Rápida (SIAPR), y aprobados por la Comisión de Salud Pública. El 8 de mayo se publicó un protocolo de actuación sanitaria y de salud pública para las personas con residencia en España que iban a desembarcar, así como para los posibles contactos y casos probables y confirmados. El 13 de mayo se realizó una nueva versión que incluía recomendaciones realizadas por el laboratorio europeo de referencia EURL-PH-ERZV, en relación con el manejo y transporte de muestras clínicas y el 22 de mayo se publicó una versión que incluía las condiciones para las visitas y el acceso a las zonas comunes para las personas que se encontraban en cuarentena hospitalaria así como las condiciones para la realización de la cuarentena domiciliaria, y se modificó el Anexo 2 de medidas preventivas para personal de los centros hospitalarios. Finalmente, el 3 de junio se publicó una nueva actualización de este protocolo en la que se establecían las condiciones para el alta hospitalaria de los casos confirmados, así como las pautas de seguimiento tras la misma⁽³⁾.

En los días posteriores a la evacuación se detectaron a nivel mundial cinco casos entre los contactos considerados de alto riesgo y en cuarentena: dos en España, y uno en Francia, Canadá y Países Bajos. Desde el inicio del brote se notificaron un total de 13 casos (12 confirmados por laboratorio y 1 probable, considerado el caso índice), con fechas de inicio de síntomas entre el 3 de abril y el 31 de mayo. De los 13 casos, 3 fallecieron y 2 desarrollaron enfermedad grave (Figura 2).

Figura 2. Curva epidémica de casos confirmados y probables por fecha de inicio de síntomas (hasta el 22 de junio de 2026)



* Casos confirmados detectados en España; # Caso confirmado asintomático: se representa la fecha de confirmación.
 ♦ Fallecidos. Fuente: Elaboración propia con datos proporcionados por OMS, Sistema de Alerta Temprana y Respuesta (EWRS) de la UE, y Ministerio de Sanidad de España.

En España, 16 personas fueron consideradas contactos de alto riesgo (14 que eran pasajeros y tripulación del barco, y dos relacionadas con el vuelo Johannesburgo-Amsterdam), que debían realizar un periodo de seguimiento y cuarentena de 42 días desde la última exposición. De entre los contactos del barco, 2 personas fueron casos confirmados durante el seguimiento, por presentar PCR en sangre positiva y sintomatología en los días siguientes. El resto realizaron un primer periodo de cuarentena en el hospital durante 28 días, y los 14 días restantes en sus domicilios, habiendo permanecido asintomáticos y con resultados negativos en las pruebas realizadas.

La hipótesis más probable en cuanto al origen del brote es que algunos pasajeros se infectaran por exposición ambiental al ANDV durante su estancia previa en zonas endémicas de Argentina. A partir de esos casos iniciales, se habría producido transmisión secundaria a otros pasajeros durante la travesía. Esta interpretación se ve respaldada por los análisis genéticos, que muestran una alta similitud entre las secuencias virales de los casos confirmados, prácticamente idénticas y con muy pocas mutaciones entre ellas⁽⁴⁾. Estos hallazgos son coherentes con lo observado en otros brotes previos de hantavirus Andes, como el de Epuyén, en Argentina, en 2018⁽⁵⁾.

ENFERMEDAD POR HANTAVIRUS ANDES

El ANDV, endémico de Argentina y Chile⁽⁶⁾, puede causar un síndrome cardiopulmonar grave por hantavirus (SPH) con alta letalidad y es el único hantavirus para el que se ha demostrado de forma consistente la transmisión persona a persona⁽⁶⁾. La infección humana se produce sobre todo por inhalación de aerosoles contaminados en zonas rurales con roedores sigmodontinos, su reservorio natural. Tras un periodo de incubación prolongado de entre 7 a 45 días^(2,5,6), la enfermedad progresa rápidamente desde síntomas inespecíficos a, en algunos casos, insuficiencia respiratoria y shock. No existen tratamientos específicos ni vacunas, por lo que la detección precoz y el soporte intensivo son esenciales.

Las infecciones por ANDV son poco frecuentes a nivel global. En 2025, ocho países de las Américas notificaron 229 casos y 59 muertes por SPH, sin registros atribuidos específicamente a este virus⁽⁷⁾. La transmisión continúa siendo mayoritariamente zoonótica, vinculada al contacto con roedores.

La transmisión entre personas es excepcional y se ha documentado en brotes puntuales en Argentina y Chile^(5,6). En estos brotes se observan por lo general cadenas de transmisión cortas con pocos casos, aunque se han registrado brotes en los que se han producido cadenas de transmisión más largas, como el brote de Epuyén (2018–2019). En este brote la propagación se vio favorecida por

la existencia de eventos sociales propiciatorios de numerosos contactos interpersonales estrechos, no por un aumento aparente de la capacidad de transmisión del virus⁽⁵⁾.

EVALUACIÓN DEL RIESGO PARA ESPAÑA

Durante la gestión de la alerta del brote de hantavirus Andes vinculado a un crucero transatlántico, desde el Centro de Coordinación de Alertas y Emergencias Sanitarias (CCAES) se elaboró con la ayuda de numerosos expertos e instituciones, una evaluación rápida del riesgo de transmisión del virus Andes en nuestro país⁽⁸⁾, cuyas conclusiones se resumen a continuación.

En España, no se ha detectado hasta la fecha ningún caso humano autóctono de infección por hantavirus. Aunque se han identificado hantavirus en diversas especies de mamíferos silvestres, ninguno de ellos ha demostrado capacidad patógena para el ser humano⁽⁹⁾. Los roedores de las subfamilias *Sigmodontinae* y *Neotominae* están presentes exclusivamente en el continente americano. Por tanto, el riesgo de transmisión de ANDV a través de roedores o de sus excreciones en España es extremadamente bajo, tanto porque las especies de roedores que actúan como reservorios no se encuentran presentes en nuestro territorio, como porque no se ha detectado este virus en ninguna especie de micromamífero⁽¹⁰⁾. Con la evidencia disponible, la transmisión de otros hantavirus patógenos se considera muy baja en España, dada la poca evidencia de su presencia en nuestro país en micromamíferos y la ausencia de detecciones históricas en seres humanos en nuestro territorio.

Durante el brote, la única vía potencial de transmisión en España habría sido el contacto estrecho con personas infectadas durante su periodo de transmisibilidad o la exposición ocupacional a muestras clínicas. Todos los casos y contactos fueron objeto de seguimiento conforme a los protocolos vigentes, y los profesionales implicados aplicaron las medidas de prevención y control recomendadas. En consecuencia, el riesgo de transmisión secundaria en España se consideró muy bajo.

Por último, se considera que no existe un riesgo aumentado para el turista común o de negocios que se dirige a grandes ciudades de los países endémicos. El riesgo aparece principalmente en actividades específicas como el ecoturismo en zonas rurales, actividades agrícolas o forestales, o trabajos que implican contacto con el medio ambiente con posible exposición al ratón colilargo (*Oligoryzomys longicaudatus*), reservorio natural del virus. La forma más común de infección tiene lugar por inhalación de aerosoles procedentes de las heces, orina o saliva de roedores infectados, lo que ocurre normalmente al limpiar espacios cerrados sin ventilar o acampar en zonas endémicas. En cualquier caso, el riesgo se considera muy bajo, al ser una enfermedad muy poco frecuente.

CONCLUSIONES

Este evento pone de manifiesto la importancia de mantener sistemas de vigilancia capaces de detectar precozmente enfermedades emergentes importadas y coordinar la respuesta internacional ante eventos con potencial de transmisión transfronteriza. Además, subraya la necesidad de disponer de protocolos específicos para patógenos poco frecuentes, pero con capacidad demostrada de transmisión entre personas.


Con la evidencia disponible, la transmisión local en España de hantavirus patógenos incluido el virus Andes se considera muy baja, dada la poca evidencia de su presencia en micromamíferos y la ausencia de detecciones históricas en seres humanos en nuestro país. Para las personas que viajan a zonas endémicas, el riesgo se concentra en actividades desarrolladas en entornos rurales o naturales con posible exposición a excretas de roedores infectados. No obstante, se trata de una enfermedad poco frecuente y el riesgo puede reducirse significativamente mediante la adopción de medidas preventivas adecuadas.

BIBLIOGRAFÍA

1. World Health Organization. Disease Outbreak News. Hantavirus cluster linked to cruise ship travel, Multi-country [Internet]. Disponible en: <https://www.who.int/emergencies/disease-outbreak-news/item/2026-DON599>
2. World Health Organization. WHO Rapid Risk Assessment - Hantavirus outbreak caused by Andes virus, Global v.2 [Internet]. Disponible en: <https://www.who.int/publications/m/item/who-rapid-risk-assessment--hantavirus-outbreak-caused-by-andes-virus--global-v.2>
3. Ministerio de Sanidad y Comité Técnico del Sistema de Alerta Precoz y Respuesta Rápida (SIAPR). Protocolo de manejo de personas en seguimiento en España en relación con el buque afectado por un brote de Hantavirus Andes. [Internet]. 3 de junio de 2026. Disponible en: https://www.sanidad.gob.es/areas/alertasEmergenciasSanitarias/alertasActuales/hantavirus/docs/20260603_ProtocolovirusAndes.pdf
4. Virological [Internet]. 2026. Preliminary analysis of Orthohantavirus andesense virus sequences from a cruise-ship related cluster, May 2026 - Hantavirus. Disponible en: <https://virological.org/t/preliminary-analysis-of-orthohantavirus-andesense-virus-sequences-from-a-cruise-ship-related-cluster-may-2026/1029>
5. Martínez VP, Paola ND, Alonso DO, Pérez-Sautu U, Bellomo CM, Iglesias AA, et al. "Super-Spreaders" and Person-to-Person Transmission of Andes Virus in Argentina. *New England Journal of Medicine*. 2020;383(23):2230-41. doi:10.1056/NEJMoa2009040
6. Martínez-Valdebenito C, Calvo M, Vial C, Mansilla R, Marco C, Palma RE, et al. Person-to-Person Household and Nosocomial Transmission of Andes Hantavirus, Southern Chile, 2011. *Emerg Infect Dis*. 2014;20(10):1629-36. doi:10.3201/eid2010.140353 PubMed PMID: 25272189; PubMed Central PMCID: PMC4193174.
7. Panamerican Health Organization. Epidemiological Alert Hantavirus Pulmonary Syndrome in the Americas Region. 19 de diciembre de 2025 [Internet]. 2025. Disponible en: https://www.paho.org/sites/default/files/2025-12/2025-12-19-epidemiological-alert-hantavirus-engfinal_0.pdf
8. Ministerio, de Sanidad, Dirección General de Salud Pública y Equidad en Salud. Centro de Coordinación de Alertas y Emergencias, Sanitarias. Brote de enfermedad por hantavirus Andes en un crucero. Evaluación rápida de riesgo. 20 de mayo de 2026. [Internet]. 2026. Disponible en: https://www.sanidad.gob.es/areas/alertasEmergenciasSanitarias/alertasActuales/hantavirus/docs/20260520_Hantavirus_ERR.pdf
9. Herrero-Cófreces S, Mougeot F, Sironen T, Meyer H, Rodríguez-Pastor R, Luque-Larena JJ. Viral Zoonoses in Small Wild Mammals and Detection of Hantavirus, Spain. *Emerg Infect Dis*. 2022;28(6):1294-6. doi:10.3201/eid2806.212508 PubMed PMID: 35608945; PubMed Central PMCID: PMC9155867.
10. Gu SH, Miñarro M, Feliu C, Hugot JP, Forrester NL, Weaver SC, et al. Multiple Lineages of Hantaviruses Harbored by the Iberian Mole (*Talpa occidentalis*) in Spain. *Viruses*. 2023;15(6):1313. doi:10.3390/v15061313

Cuatro años de vigilancia epidemiológica de mpox en España, 2022-2025

Four years of epidemiological surveillance of mpox in Spain, 2022-2025

Victoria Hernando^{1,2}  0000-0003-2762-4924

Sara Gayol¹  0009-0005-5427-9291

Carol Ingrid Castellares³

Héctor Sánchez-Herrero⁴  0000-0003-0734-1695

Sonia Fernández-Balbuena⁴  0000-0002-2447-2956

Asunción Díaz^{1,2}  0000-0002-8309-4270

Grupo de trabajo de mpox de la Red Nacional de Vigilancia en Salud Pública

¹Centro Nacional de Epidemiología (CNE), Instituto de Salud Carlos, Madrid, España

²CIBER Enfermedades Infecciosas (CIBERINFEC), Instituto de Salud Carlos III, Madrid, España

³MIR Hospital Universitario Doce de Octubre, Madrid, España.

⁴Centro de Coordinación de Alertas y Emergencias Sanitarias (CCAES), Ministerio de Sanidad, Madrid, España.

Correspondencia

Victoria Hernando
vhernando@isciii.es

Contribuciones de autoría

VH y AD han realizado la conceptualización del trabajo. SG y AD han participado en la creación de la base de datos de análisis. VH y SG han llevado a cabo los análisis estadísticos. SG y CIC han realizado una primera versión del manuscrito. VH y AD han preparado la versión definitiva del manuscrito. HSH y SFB han realizado la revisión crítica del documento. Todos los autores han leído y están de acuerdo con la publicación de la última versión.

Agradecimientos

A todas las personas que trabajan en las distintas unidades de la Red Nacional de Vigilancia en Salud Pública en España

Financiación

Este trabajo no ha recibido financiación externa

Conflicto de intereses

Los autores declaran no tener conflicto de intereses.

Cita sugerida

Hernando V, Gayol S, Castellares CI, Sánchez-Herrero H, Fernández-Balbuena S, Díaz A, Grupo de trabajo de mpox de la Red Nacional de Vigilancia en Salud Pública. Cuatro años de vigilancia epidemiológica de mpox en España, 2022-2025. Boletín Epidemiológico Semanal. 2026;34(2):59-70. doi: 10.4321/s2173-92772026000200003

Resumen

Introducción: En mayo de 2022 se identificaron los primeros casos de mpox en Europa y desde entonces se ha mantenido la transmisión en nuestro medio. El objetivo fue comparar las características clínico-epidemiológicas de los casos de mpox en España entre 2022-2025.

Método: Análisis descriptivo de los casos notificados a la Red Nacional de Vigilancia en Salud Pública entre 2022-2025. Se comparó la distribución de variables clínico-epidemiológicas según año de inicio de síntomas o de diagnóstico.

Resultados: Un total de 9.355 casos fueron notificados, de ellos 7.521 en 2022 (80,4%), 325 en 2023 (3,5%), 695 en 2024 (7,4%) y 814 en 2025 (8,7%). El 97,7% eran hombres y edad mediana de 37 años (RIC: 31-44). El porcentaje de nacidos en España varió entre 46,5% (2022) y 32,2% (2025). El 73,2% en 2022 presentaron síntomas generales frente al 62,1% de 2025, siendo la fiebre el síntoma más frecuente (55,4%). En global, el 65,3% presentó exantema anogenital y entre 4-6% requirieron hospitalización. Hubo cuatro fallecimientos, 3 en 2022 y uno en 2025. El principal modo de transmisión fue contacto estrecho en el marco de una relación sexual (66,6% en 2022 y 80,1% en 2025); entre 68%-78% eran hombres que tenían sexo con otros hombres. Entre 2023 y 2025, el 9,3% de los casos estaban vacunados frente a mpox. En total se han notificado 57 casos de clado I.

Conclusiones: Las características clínico-epidemiológicas se han mantenido globalmente estables desde 2022, con leves variaciones, en un contexto de aparición reciente de casos de clado I.

Palabras clave: mpox; vigilancia epidemiológica; clado.

Abstract

Introduction: The first cases of mpox were identified in Europe in May 2022, and transmission has continued in our region ever since. The objective was to compare the clinical and epidemiological characteristics of mpox cases in Spain between 2022 and 2025.

Method: Descriptive analysis of cases reported to the National Public Health Surveillance Network between 2022-2025. The distribution of clinical and epidemiological variables was compared according to the year of symptom onset or diagnosis.

Results: A total of 9.355 cases were notified, of them 7,521 cases were reported in 2022(80.4%), 325 in 2023 (3.5%), 695 in 2024 (7.4%) and 814 in 2025 (8.7%). The 97.7% were men, with a median age of 37 years (IQR: 31-44). The percentage of those born in Spain varied between 46.5% (2022) and 32.2% (2025). In 2022, 73.2% presented general symptoms compared to 62.1% in 2025, with fever being the most common symptom (55.4%). Overall, 65.3% presented with anogenital rash and between 4-6% were hospitalised. There were four deaths, three in 2022 and one in 2025. The main mode of transmission was close contact during sexual intercourse (66.6% in 2022 and 80.1% in 2025); 68%-78% were men who had sex with men. Between 2023 and 2025, 9.3% of cases were vaccinated against mpox. A total of 57 cases of clade I have been reported.

Conclusions: The clinical and epidemiological characteristics have remained broadly stable since 2022, with slight variations, against a backdrop of the recent emergence of clade I.

Keywords: mpox; epidemiological surveillance; clade.

INTRODUCCIÓN

Mpox es una enfermedad zoonótica viral. La primera transmisión en humanos se detectó en 1970 en la República Democrática del Congo, siendo endémica en algunos países de África Occidental y Central. Hasta 2022, los brotes fuera de África habían sido escasos y relacionados con animales salvajes o exóticos o con casos importados ⁽¹⁾.

En mayo de 2022 Reino Unido comunicó la detección de los primeros casos sin antecedentes de viajes recientes a áreas endémicas o contacto con casos notificados previamente. En España, la alerta se activó el 17 de mayo con la sospecha de los primeros casos. El brote de 2022 supuso un cambio en

la epidemiología de esta infección cuya transmisión pasó de ser predominantemente zoonótica a una transmisión persona a persona, principalmente por el contacto estrecho durante relaciones sexuales. Se asoció a una transmisión sostenida en redes sexuales en países no endémicos, predominantemente entre hombres que tienen sexo con hombres (HSH) (2, 3). Europa fue uno de los principales epicentros del brote, y España se situó entre los países más afectados, con el número más elevado de casos confirmados en la región.

Entre 2022 y 2025 se han emitido dos declaraciones de Emergencia de Salud Pública de Importancia Internacional (ESPII) por parte de la Organización Mundial de la Salud (OMS): la primera en julio de 2022, ante la expansión mundial del brote, que duró hasta mayo de 2023; la segunda se produjo en agosto de 2024, debido a la aparición de un incremento importante de casos en África Central pertenecientes al clado I a diferencia de los casos anteriores que eran clado II concluyendo en septiembre de 2025.

Desde 2022 y hasta el 31 de marzo de 2026 se han notificado más de 182.945 casos y 503 muertes en 144 países. En Europa, el número de casos se sitúa en torno a 31.000 casos en 49 países, siendo España el país con mayor número de casos confirmados, seguido de Francia, Alemania y Reino Unido. En la segunda mitad de 2024 se identificaron los primeros casos de mpox de clado I en Europa todos ellos importados. Posteriormente este clado se ha transmitido en grupos específicos de población ⁽⁴⁾.

El objetivo de este estudio fue describir la evolución temporal de los casos de mpox y comparar sus características epidemiológicas y clínicas entre 2022 y 2025 en España.

MÉTODOS

Se ha realizado un análisis descriptivo de los casos confirmados de mpox notificados a la Red Nacional de Vigilancia en Salud Pública. Se define como caso confirmado aquel que cumple criterios de laboratorio, es decir detección de genoma de mpox virus mediante reacción en cadena de la polimerasa (en inglés PCR) específica o genérica para Orthopoxvirus en una muestra clínica ⁽⁵⁾. El periodo de estudio comprendió desde el inicio del brote, siendo los primeros casos identificados retrospectivamente en abril de 2022, hasta el 31 de diciembre de 2025.

La información se obtuvo mediante un cuestionario normalizado, acordado con las comunidades autónomas (CCAA), que recogió variables epidemiológicas (edad, sexo, antecedentes de vacunación frente a la viruela, estado actual de vacunación frente a mpox y características de la exposición), variables clínicas (fecha de inicio de síntomas, manifestaciones clínicas, complicaciones, hospitalización, fallecimiento, coinfección con VIH) y variables de laboratorio (tipo de muestra diagnóstica y caracterización del clado viral).

Se calcularon tasas por 100.000 habitantes tomando como denominador la población española obtenida en el Instituto Nacional de Estadística (INE) para los años incluidos en este estudio.

La distribución de variables epidemiológicas, clínicas y de laboratorio se compararon según el año de inicio de síntomas o de diagnóstico (si la fecha de inicio de síntomas no estaba disponible). Las variables categóricas fueron descritas con frecuencia y porcentajes, y las cuantitativas con mediana y rango intercuartílico (RIC). La comparación de proporciones entre grupos se realizó mediante la prueba de Chi-cuadrado de Pearson (o el test exacto de Fisher cuando fue necesario) y la comparación de medianas para las variables cuantitativas mediante la prueba de Krushal-Wallis. Se consideraron diferencias estadísticamente significativas si el valor de p era $<0,05$.

Todos los análisis se realizaron con el software estadístico Stata v.16.1 (Stata Corp, College Station, Texas, EE. UU.).

Este estudio se ha realizado siguiendo los requerimientos sobre aspecto éticos y de protección de datos de la legislación española. Los datos recogidos en la vigilancia epidemiológica no requieren la aprobación de un comité de ética ni recabar el consentimiento informado de los participantes.

RESULTADOS

Desde el inicio del brote y hasta el 31 de diciembre de 2025, se notificaron 9.355 casos confirmados de mpox, 7.521 (80,4%) en 2022, 325 (3,5%) en 2023, 695 (7,4%) en 2024 y 814 (8,7%) en 2025 (Tabla 1). En este periodo, todas las CCAA notificaron casos excepto Ceuta y Melilla.

Tabla 1. Número de casos notificados de mpox y tasas de incidencia por 100.000 habitantes. España, 2022-2025

Año	Nº de casos (%)	Tasa por 100.000 habitantes
2022	7.521 (80,4)	15,83
2023	325 (3,5)	0,68
2024	695 (7,4)	1,43
2025	814 (8,7)	1,65
Total	9.355	

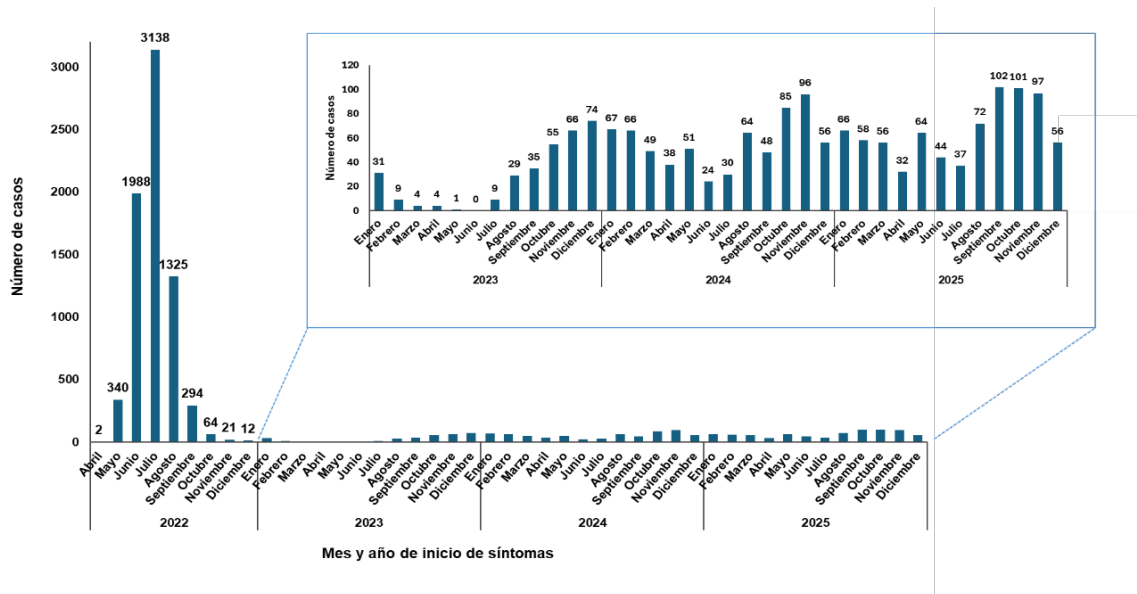
En la tabla 2 se muestran las características demográficas de los casos según año. Los casos fueron mayoritariamente hombres, 9.143 (97,7%), con escasas variaciones entre años. La edad de los casos osciló entre los 7 meses de edad y los 88 años. La mediana de edad se situó en 37 años (RIC: 31-44 años). En todo el periodo se notificaron seis casos en menores de 2 años, cuatro en 2022 y dos en 2025. El porcentaje de personas nacidas en España disminuyó del 46,5% en 2022 al 32,2% en 2025. Por el contrario, el de personas procedentes de Latinoamérica, pasó del 27,8% en 2022 al 31,2% en 2025.

Tabla 2. Características demográficas de los casos notificados de mpox. España, 2022-2025

	Nº de casos (%)					P valor
	Total	2022	2023	2024	2025	
Sexo						
Hombre	9.143 (97,7)	7.356 (97,8)	322 (99,1)	680 (97,8)	785 (96,4)	0,029
Mujer	211 (2,3)	165 (2,2)	3 (0,9)	15 (2,2)	29 (3,6)	
Grupos de edad						<0,001
Menos de 20 años	83 (0,9)	64 (0,8)	4 (1,2)	8 (1,2)	7 (0,8)	
De 20 a 29 años	1.868 (20,0)	1.441 (19,2)	83 (25,6)	143 (20,6)	201 (24,7)	
De 30 a 39 años	3.617 (38,6)	2.873 (38,2)	132 (40,6)	275 (39,6)	337 (41,4)	
De 40 a 49 años	2.598 (27,8)	2.163 (28,8)	77 (23,7)	181 (26,0)	177 (21,7)	
De 50 y más años	1187 (12,7)	980 (13,0)	29 (8,9)	88 (12,6)	90 (11,1)	
No consta	2 (0,02)	0 (0)	0 (0)	0 (0)	2 (0,3)	
Mediana de edad (RIC)	37 (31-44)	37 (29-44)	35 (29-43)	36 (30-43)	35 (29-43)	<0,001
Región de Nacimiento						<0,001
España	4.185 (44,8)	3493 (46,5)	133 (40,9)	297 (42,7)	262 (32,2)	
Europa	649 (6,9)	556 (7,4)	18 (5,5)	29 (4,2)	46 (5,6)	
Latinoamérica	2.667 (28,5)	2.092 (27,8)	109 (33,5)	212 (30,5)	254 (31,2)	
Otra	262 (2,8)	213 (2,8)	8 (2,5)	17 (2,4)	24 (2,9)	
No consta	1.592 (17,0)	1.167 (15,5)	57 (17,6)	140 (20,2)	228 (28,0)	
Total	9.355	7.521	325	695	814	

La curva epidémica de los casos según mes de inicio de síntomas se muestra en la Figura 1. En 2022, cuando se inició el brote, el máximo de casos notificados tuvo lugar en julio con 3.138 casos. Entre 2023 y 2025 los casos aumentaron a partir del mes de agosto y disminuyeron en el segundo trimestre del año, siendo septiembre de 2025 el mes con más casos notificados en estos 3 años.

Figura 1. Curva epidémica de los casos notificados según mes de inicio de síntomas. España, 2022-2025



Aspectos clínicos

En global, 6.658 casos (71,2%) presentaron sintomatología general (fiebre, astenia, dolor de garganta, dolor muscular o cefalea). Este porcentaje fue descendiendo a lo largo del periodo de estudio, 73,2% en 2022, 68,6% en 2023, 63,0% en 2024 y 62,1% en 2025. La fiebre fue el síntoma más frecuente en todo el periodo (5.181 casos, 55,4%), oscilando entre el 57,2% en 2022 y el 46,8% en 2025.

Un total de 4.306 casos (46,0%) presentaron linfadenopatías localizadas, variando entre el 47,2% en 2022 y el 40,7% en 2024. El exantema se localizó en la región anogenital en 6.111 casos (65,3%), oro-bucal en 1.615 casos (17,3%) y en otras localizaciones en 5.092 casos (54,4%). A lo largo de 2022-2025 hay pequeñas variaciones de estos porcentajes que se muestran en la Figura 2.

Un total de 717 casos (7,7%) presentaron alguna complicación. Este porcentaje varió entre el 7,2% en 2022 y el 9,6% en 2025. La principal complicación fue la infección bacteriana secundaria, que se observó en 250 casos (34,9%) seguida de las úlceras bucales en 223 casos (31,1%), proctitis en 57 casos (7,9%) y la infección corneal en 29 casos (4,0%), con ligeras variaciones según el año (Tabla 3). También se produjeron 4 casos de neumonía en 2022, 4 casos de miocarditis/miopericarditis (2 en 2022, 1 en 2024 y 1 en 2025) y 4 casos de encefalitis (3 en 2022 y 1 en 2025).

Desde el inicio del brote, 357 casos (3,8%) tuvieron que ser hospitalizados, 3,5% en 2022, 5,9% en 2023, 4,2% en 2024 y 6,0% en 2025 ($p < 0,001$) (Tabla 3). La mayoría de los casos hospitalizados fueron hombres y la mediana de edad se situó en 36 años (RIC: 29-43). El tiempo de estancia en el hospital no ha variado en todo el periodo, mediana 5 días (RIC: 2-7). En siete casos (2,0%) fue necesario el ingreso en una Unidad de Cuidados Intensivos. Cuatro casos fallecieron, 3 casos en 2022 y un caso en 2025. Todos los fallecidos eran hombres entre 30 y 45 años. Dos de ellos presentaban coinfección por virus de la inmunodeficiencia humana (VIH) en estadio avanzado, otro era seronegativo y en el otro caso se desconocía su estado serológico frente al VIH.

Figura 2. Características clínicas de los casos notificados. España, 2022-2025

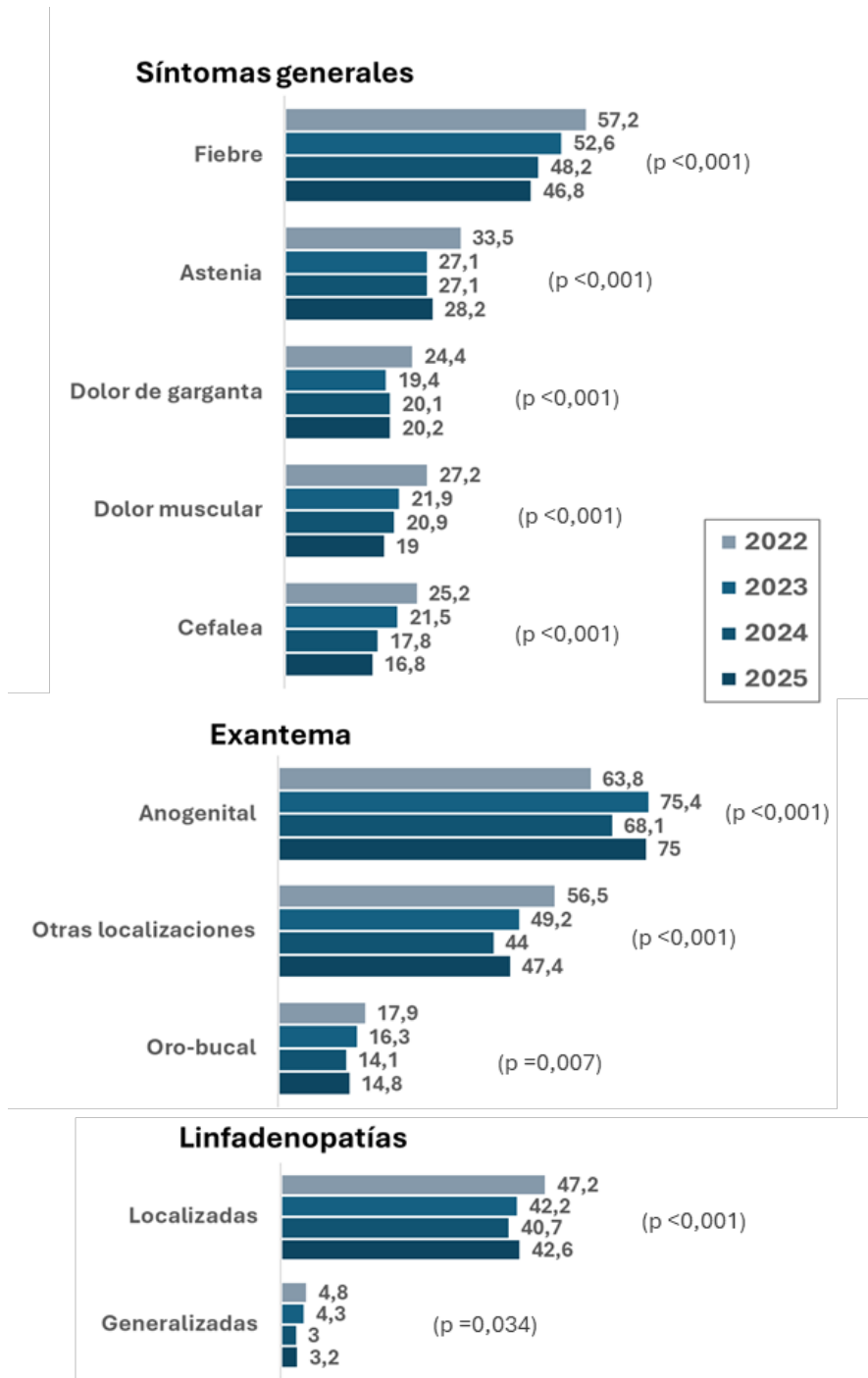


Tabla 3. Casos con complicaciones, tipo de complicación y hospitalización de los casos notificados. España, 2022-2025

	Nº de casos (%)					P valor
	Total	2022	2023	2024	2025	
Cualquier complicación	717 (7,7%)	540 (7,2%)	32 (9,8%)	67 (9,6%)	78 (9,6%)	<0,001
Tipo de complicación*						
Infección Bacteriana Secundaria	250 (34,9)	180 (33,3%)	12 (37,5%)	28 (41,8%)	30 (34,9%)	0,473
Úlcera Bucal	223 (31,1%)	174 (32,2%)	7 (21,9%)	17 (25,4%)	25 (32,0%)	0,449
Infección Corneal	29 (4,0%)	21 (3,9%)	2 (6,2%)	4 (6,0%)	2 (2,6%)	0,679
Proctitis	56 (7,8%)	47 (8,7%)	2 (6,2%)	3 (4,5%)	4 (5,1%)	0,472
Hospitalización	357 (3,8%)	260 (3,5%)	19 (5,8%)	29 (4,2%)	49 (6,0%)	<0,001
Edad hospitalizados**						
(mediana años- RIC)	36 (29-43)	37 (30-43)	33 (29-39)	32 (27-41)	34 (28-41)	0,104
Hombres hospitalizados**	350 (98,0%)	254 (97,7%)	18 (94,7%)	29 (100%)	49 (100%)	0,423
Estancia**						
(mediana días – RIC)	5 (2-7)	5 (2-7)	5 (3-11)	5 (3-8)	5 (2-7)	0,930

*porcentajes calculados sobre el total de casos con complicaciones

** calculados sobre el total de caso hospitalizados

Un total de 3.403 casos (39,3% de los 8.662 casos con información) estaban coinfectados con el VIH. La distribución por año fue la siguiente: 2.825 casos (40,6%) en 2022, 108 casos (35,4%) en 2023, 217 casos (33,0%) en 2024 y 253 casos (34,1%) en 2025, observándose un ligero descenso a lo largo del periodo ($p < 0,001$).

La mayoría de los casos no estaban vacunados frente a mpox o no se disponía de información (89,9%). Un total de 224 casos habían recibido al menos una dosis, con un aumento progresivo de casos vacunados en los últimos años, pasando de 50 casos (0,7%) en 2022 a 90 casos (11,1%) en 2025. En cuanto a la vacunación frente a la viruela en la infancia, 730 casos presentaban antecedente vacunal, con una tendencia descendente a lo largo del periodo, pasando de 696 casos (9,3%) en 2022 a 15 casos (1,8%) en 2025.

Datos de laboratorio

Todos los casos notificados fueron confirmados mediante PCR realizada en muestras de lesiones cutáneas (5.265 casos, 56,3%), líquido vesicular (3.170 casos, 33,9%) o en otro tipo de muestra (360 casos, 3,9%). No se dispone de información sobre el tipo de muestra en 560 casos (6,0%) (Tabla 4).

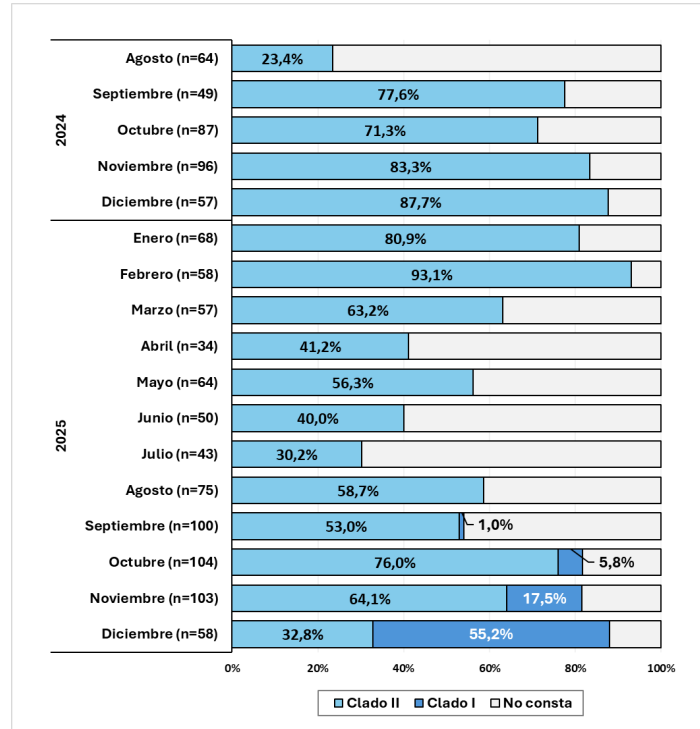
Tabla 4. Tipo de muestra analizada en los casos notificados. España, 2022-2025

	Nº de casos (%)					P valor
	Total	2022	2023	2024	2025	
Tipo de muestra analizada						<0,001
Lesión cutánea	5.265 (56,3%)	4.258 (56,6%)	186 (57,2%)	374 (53,8%)	447 (54,9%)	
Líquido vesicular	3.170 (33,9%)	2.646 (35,2%)	101 (31,1%)	197 (28,4%)	226 (27,8%)	
Otro tipo	360 (3,8%)	246 (3,3%)	15 (4,6%)	30 (4,3%)	69 (8,5%)	
No consta	560 (6,0%)	371 (4,9%)	23 (7,1%)	94 (13,5%)	72 (8,8%)	

Desde agosto de 2024 se recoge información en el sistema de vigilancia sobre el clado viral. Todas las muestras analizadas en 2024 fueron clado II. El primer caso de clado I (clado Ib) se identificó en España en septiembre de 2025 en un caso importado en una persona nacida en España con antecedente de contacto estrecho en Tanzania. En octubre de 2025 se comunicó el primer caso de clado I (clado Ib) autóctono. Desde entonces se han notificado 57 casos de clado I o clado Ib. En la figura

3 se muestra la distribución del tipo de clado en los casos notificados desde agosto de 2024 hasta diciembre de 2025.

Figura 3. Distribución de los casos notificados por tipo de clado según el mes. España, 2024-2025



Características de la exposición

El mecanismo de transmisión más probable se atribuyó a un contacto estrecho en el contexto de una relación sexual en 6.507 casos (69,6%). Este porcentaje fue aumentando significativamente a lo largo del periodo de estudio, 5.010 casos (66,6%) en 2022, 273 (84,0%) en 2023, 572 casos (82,3%) en 2024 y 652 casos (80,1%) en 2025 ($p < 0,001$). En los casos mayores de 14 años, en 7.114 casos (76,1%) fueron relaciones sexuales entre hombres, en 223 casos (2,4%) relaciones sexuales de un hombre con una mujer y en 129 casos (1,4%) mujeres con relaciones sexuales con hombres. En 1.877 casos (20,1%) no se disponía de información sobre el sexo de la pareja en la relación sexual. Estos porcentajes se han mantenido similares en los años de estudio (Figura 4) ($p < 0,001$).

En 446 casos (4,8%) la transmisión se produjo por contacto no sexual persona a persona, de ellos 392 casos (5,2%) en 2022, 8 casos (2,5%) en 2023, 22 casos (3,2%) en 2024 y 24 casos (2,9%) en 2025 ($p < 0,001$).

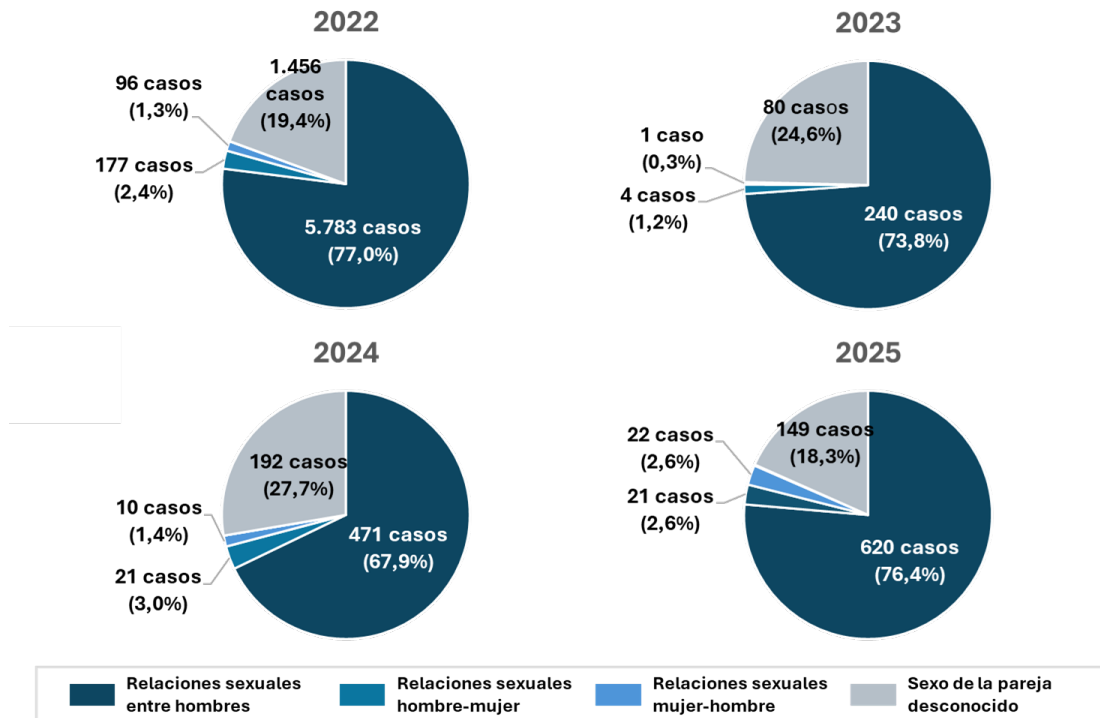
En 2022 se notificaron dos casos de transmisión ocupacional en el ámbito sanitario.

En 1.851 casos (19,8%) se informó de un contacto estrecho con un caso probable o confirmado. En 2022, este antecedente se produjo en 1.595 casos (21,2%), en 53 casos (16,3%) en 2023, 96 casos (13,8%) en 2024 y 107 casos (13,1%) en 2025 ($p < 0,001$).

Un total de 1.207 casos (14,3%) tenían antecedente de viaje en los 21 días previos al inicio de síntomas. En 2022 hubo 984 casos (14,4%), 41 casos (14,0%) en 2023, 66 casos (11,0%) en 2024 y 116 casos (16,2%) en 2025 ($p = 0,054$).

Se notificaron 230 casos (3,9%) importados, 177 casos (3,7%) en 2022, 12 casos (6,0%) en 2023, 20 casos (4,3%) en 2024 y 21 casos (4,9%) en 2025 ($p = 0,210$).

Figura 4. Distribución de los casos notificados (mayores de 14 años) con mecanismo de transmisión sexual (6.507 casos) según el sexo de la pareja. España, 2022-2025



DISCUSIÓN

Entre 2022 y 2025, se han diagnosticado en España el 36% de los casos de mpox notificados en Europa⁽⁶⁾. Desde el inicio del brote en 2022 se ha mantenido la transmisión en redes sexuales de HSH aunque también se han comunicado casos de contacto no sexual persona a persona. En el contexto del brote en 2022 se produjo un aumento brusco en el número de casos, superando los 3.000 en agosto de 2022, para reducirse el número de casos a menos de 50 en octubre de 2022 también de manera abrupta. En los años siguientes, los casos diagnosticados se han mantenido con un número más reducido pero constante lo que nos indica la transmisión comunitaria sostenida en nuestro entorno⁽⁷⁾. Este descenso en el número de casos probablemente fue debido a la inmunidad natural adquirida y a cambios en las conductas de la población más vulnerable⁽⁸⁻¹⁰⁾ así como a las medidas de contención adoptadas, como la vacunación^(11, 12).

Los resultados de este estudio muestran que las características epidemiológicas y clínicas de los casos notificados a la Red Nacional de Vigilancia en Salud Pública son similares en todo el periodo de estudio. El principal mecanismo de transmisión sigue siendo el contacto estrecho en el marco de una relación sexual y con mayor afectación entre HSH, similar a lo que ocurre en Europa y Estados Unidos^(13, 14). Esta situación sigue siendo diferente a lo que ocurre en África Subsahariana donde la transmisión de la enfermedad, especialmente en los casos de clado I, puede ser zoonótica, pediátrica, y persona a persona a través de fómites, contacto directo con fluidos corporales o lesiones cutáneas y pequeñas gotas respiratorias⁽¹⁵⁾.

En agosto de 2024 se declaró por segunda vez una ESPII por el mpox, debido al elevado número de casos que se estaban produciendo en la República Democrática del Congo con una mayor afectación en niños, mayor gravedad y por un clado viral diferente al que se estaba en circulación fuera de África⁽¹⁶⁾. A partir de este momento se hizo necesario conocer el clado viral de los casos diagnosticados que podrían asociarse a un empeoramiento de la situación. Los primeros casos de clado I identificados fuera de África eran importados, pero posteriormente se ha establecido transmisión

comunitaria ⁽¹⁷⁻¹⁹⁾. En nuestro estudio, no se ha identificado por el momento un cambio sustancial en el perfil clínico-epidemiológico de los casos ni se han producido más casos en menores o en grupos vulnerables, así como casos de mayor gravedad. El aumento de casos con clado I puede indicar que se está produciendo un cambio en el clado circulante y que el clado I está desplazando al clado II que era el que dio lugar al brote inicial en Europa. En Reino Unido y la India se han identificado casos de clado recombinante Ib/IIb, ambos con antecedente de viaje a un país del sudeste asiático y a la península arábiga ⁽²⁰⁾.

La mayoría de los casos presentaron síntomas generales y el número de casos que presentan complicaciones se ha situado en todo el periodo siempre por debajo del 10% de los casos, siendo la infección bacteriana secundaria y las úlceras bucales las complicaciones más frecuentes. Otras complicaciones más graves se han presentado en un número muy bajo de casos. Datos de la cohorte MOSAIC (Mpox ObServAtIonal Cohort) muestran que menos del 10% de los casos de mpox necesitaron tratamiento antiviral. Tanto en los casos que necesitaron tratamiento como en los que no, la complicación más frecuente fue la celulitis/foliculitis, seguido de la proctitis y de la infección bacteriana secundaria ⁽²¹⁾.

El número de fallecimientos producidos en España ha sido bajo y la mitad de ellos se produjeron en personas que presentaban un deterioro previo del sistema inmunitario muy importante. En este sentido distintos estudios han evaluado la progresión de la infección por mpox en personas con infección por VIH. Si bien las personas con infección por VIH parecen estar más afectadas por mpox no parece que la evolución sea peor o presenten mayor gravedad siempre que estén recibiendo tratamiento antirretroviral ^(22, 23). La vacuna frente a mpox no se recomienda específicamente para personas con infección por VIH excepto que cumplan criterios de profilaxis pre-exposición, tengan recuentos de CD4 inferiores a 200 células/mm³ o hayan tenido contacto estrecho con un caso de mpox ⁽²⁴⁾. Diversos estudios muestran que la vacuna en las personas con infección por VIH es segura y bien tolerada ^(12, 22).

En general, la vacuna MBA-BN (virus vivo modificado y no replicativo de la viruela vacunoide de Ankara) ha mostrado efectividad reduciendo la infección, la hospitalización y la gravedad en distintos entornos y poblaciones a riesgo ⁽²⁵⁾. En un estudio realizado en España se estimó una efectividad vacunal del 65% a partir del día 7 tras la vacunación y del 79% a partir del día 14 ⁽¹¹⁾. En estos momentos, las cuestiones que preocupan respecto a la vacunación son si será necesaria la administración de una dosis de refuerzo en un futuro cercano y si tendrá la misma efectividad en los casos de mpox de clado I.

En España, las recomendaciones de vacunación se publicaron al inicio del brote primeramente en forma de profilaxis postexposición de aquellos contactos estrechos de casos confirmados (en junio de 2022) ⁽²⁶⁾, ampliándose como profilaxis preexposición en julio de ese mismo año ⁽²⁷⁾ a personas que no habían pasado la enfermedad y tenían mayor riesgo de exposición ocupacional o sexual. Desde el inicio de la vacunación de mpox hasta el 24 de febrero de 2026 ⁽²⁴⁾, se han administrado 118.701 dosis, aunque una proporción elevada de personas (63% entre 2022-2025) ha recibido una sola dosis en lugar de las dos dosis recomendadas siendo necesario reforzar la recomendación de completar la pauta de vacunación ⁽²⁸⁾. Las campañas de información ⁽²⁹⁾ que se han llevado a cabo desde la irrupción de esta enfermedad en nuestro entorno han sido clave para que las personas en riesgo de adquirir la infección busquen consejo y atención médica de manera temprana, conozcan las medidas de prevención a su alcance, incluida la vacunación ⁽³⁰⁾, lo que ayuda a reducir el tiempo de diagnóstico, a cortar cadenas de transmisión y a frenar la gravedad de los casos proporcionando una atención temprana en aquellos casos que son necesarios.

Al ser un estudio realizado con datos procedentes de la vigilancia epidemiológica existen limitaciones específicas como es el número limitado de variables recogidas, aunque en este ámbito prevalece el recoger un conjunto mínimo de variables necesario para el seguimiento de esta infección como problema de salud pública. Respecto a la calidad de la información, destaca que las principales variables acumulan porcentajes de datos faltantes menores del 20%, lo que indica la exhaustividad en la vigilancia. Por otra parte, aunque la incorporación de nuevas variables en los sistemas de vigilancia no es ágil, en este caso y dado que estamos ante una enfermedad emergente en nuestro medio, la encuesta epidemiológica se fue modificando en función de la evolución del brote.

Los sistemas de vigilancia epidemiológica, así como los de alertas y emergencias sanitarias se han adaptado para ofrecer una respuesta rápida y coordinada proporcionando información clave en el control y seguimiento de esta enfermedad. Sin embargo, es necesario seguir incidiendo en la notificación temprana y exhaustiva de los casos diagnosticados para poder detectar y responder ante cualquier cambio que se pudieran producir en la transmisión y gravedad de los casos.

REFERENCIAS


1. Gessain A, Nakoune E, Yazdanpanah Y. Monkeypox. *The New England journal of medicine*. 2022;387(19):1783-93.
2. Heskin J, Belfield A, Milne C, Brown N, Walters Y, Scott C, et al. Transmission of monkeypox virus through sexual contact - A novel route of infection. *The Journal of infection*. 2022;85(3):334-63.
3. Hoffmann C, Jessen H, Wyen C, Grunwald S, Noe S, Teichmann J, et al. Clinical characteristics of monkeypox virus infections among men with and without HIV: A large outbreak cohort in Germany. *HIV medicine*. 2022:389-97.
4. World Health Organization. 2022 monkeypox outbreak: global trends 2026 [Available from: https://worldhealthorg.shinyapps.io/mpx_global/].
5. Ministerio Sanidad. Protocolo para la detección precoz y manejo de casos de MPOX en España 2025 [Available from: https://www.sanidad.gob.es/areas/alertasEmergenciasSanitarias/alertasActuales/alertaMonkeypox/docs/ProtocoloMPX_20221102.pdf].
6. European Centre for Disease Prevention and Control. Communicable Disease Threats Report: ECDC; 2026 [updated 20/02/2026]. Available from: <https://www.ecdc.europa.eu/sites/default/files/documents/Communicable%20disease%20threats%20report%2C%2014%20-%2020%20February%202026%2C%20week%208.pdf>.
7. Vaughan AM, Afzal M, Nannapaneni P, Leroy M, Andrianou X, Pires J, et al. Continued circulation of mpox: an epidemiological and phylogenetic assessment, European Region, 2023 to 2024. *Euro surveillance : bulletin European sur les maladies transmissibles = European communicable disease bulletin*. 2024;29(27).
8. Daskalakis D, Romanik N, Jha AK. Lessons From the Mpox Response. *JAMA*. 2024;331(5):387-8.
9. Haverkate MR, Willemstein IJ, van Ewijk CE, Adam PC, Lanooij SJ, Jonker-Jorna P, et al. Factors potentially contributing to the decline of the mpox outbreak in the Netherlands, 2022 and 2023. *Euro surveillance : bulletin European sur les maladies transmissibles = European communicable disease bulletin*. 2024;29(21).
10. Prochazka M, Vinti P, Hoxha A, Seale A, Mozalevskis A, Lewis R, et al. Temporary adaptations to sexual behaviour during the mpox outbreak in 23 countries in Europe and the Americas: findings from a retrospective cross-sectional online survey. *The Lancet Infectious diseases*. 2024;24(12):1309-18.
11. Fontan-Vela M, Hernando V, Olmedo C, Coma E, Martinez M, Moreno-Perez D, et al. Effectiveness of Modified Vaccinia Ankara-Bavaria Nordic Vaccination in a Population at High Risk of Mpox: A Spanish Cohort Study. *Clin Infect Dis*. 2024;78(2):476-83.
12. Hillus D, Le NH, Tober-Lau P, Fietz AK, Hoffmann C, Stegherr R, et al. Safety and effectiveness of MVA-BN vaccination against mpox in at-risk individuals in Germany (SEMVAc and TEMVAc): a combined prospective and retrospective cohort study. *The Lancet Infectious diseases*. 2025;25(7):775-87.
13. Curran KG, Eberly K, Russell OO, Snyder RE, Phillips EK, Tang EC, et al. HIV and Sexually Transmitted Infections Among Persons with Monkeypox - Eight U.S. Jurisdictions, May 17-July 22, 2022. *MMWR Morbidity and mortality weekly report*. 2022;71(36):1141-7.
14. Vaughan AM, Cenciarelli O, Colombe S, Alves de Sousa L, Fischer N, Gossner CM, et al. A large multi-country outbreak of monkeypox across 41 countries in the WHO European Region, 7 March to 23 August 2022. *Euro surveillance : bulletin European sur les maladies transmissibles = European communicable disease bulletin*. 2022;27(36).
15. Bogacka A, Wroczynska A, Rymer W, Grzesiowski P, Kant R, Grzybek M, et al. Mpox unveiled: Global epidemiology, treatment advances, and prevention strategies. *One Health*. 2025;20:101030.
16. Rivers C, Watson C, Phelan AL. The Resurgence of Mpox in Africa. *JAMA*. 2024;332(13):1045-6.


17. Levy V, Branzuela A, Hsieh K, Getabecha S, Berumen R, 3rd, Saadeh K, et al. First Clade Ib Monkeypox Virus Infection Reported in the Americas - California, November 2024. *MMWR Morbidity and mortality weekly report*. 2025;74(4):44-9.
18. Perez Duque M, Ribeiro S, Martins JV, Casaca P, Leite PP, Tavares M, et al. Ongoing monkeypox virus outbreak, Portugal, 29 April to 23 May 2022. *Euro surveillance : bulletin Europeen sur les maladies transmissibles = European communicable disease bulletin*. 2022;27(22).
19. Treutiger CJ, Filen F, Rehn M, Aarum J, Jacks A, Gisslen M, et al. First case of mpox with monkeypox virus clade Ib outside Africa in a returning traveller, Sweden, August 2024: public health measures. *Euro surveillance : bulletin Europeen sur les maladies transmissibles = European communicable disease bulletin*. 2024;29(48).
20. World Health Organization. Recombinant virus with genomic elements of clades Ib and IiB - Global 2026 [Available from: <https://www.who.int/emergencies/disease-outbreak-news/item/2026-DON595>].
21. Pesonel E, Laouenan C, Guiraud L, Bourner J, Hoffmann I, Molino D, et al. Clinical Characterization and Outcomes of Human Clade IiB Mpox Virus Disease: A European Multicenter Mpox Observational Cohort Study (MOAIC). *Clin Infect Dis*. 2025;80(5):1060-73.
22. Orkin C, Torgler R, Dawson R, Holloway IW, Hoffmann C. Mpox: Exploring Epidemiology, Disease Outcomes, and Preventative Vaccination Among People with HIV During the Ongoing Outbreaks. *Viruses*. 2025;17(12).
23. Taha AM, Elrosasy A, Mahmoud AM, Saed SAA, Moawad WAE, Hamouda E, et al. The effect of HIV and mpox co-infection on clinical outcomes: Systematic review and meta-analysis. *HIV medicine*. 2024;25(8):897-909.
24. Consejo Interterritorial Sistema Nacional de Salud. Actualización de las recomendaciones de vacunación en el brote actual de viruela del mono.: Ministerio de Sanidad; 2024 [Available from: https://www.sanidad.gob.es/areas/promocionPrevenccion/vacunaciones/MonkeyPox/docs/Actualizacion_Propuesta_vacunacion_Monkeypox_sep2024.pdf].
25. Mason LMK, Betancur E, Riera-Montes M, Lienert F, Scheele S. MVA-BN vaccine effectiveness: A systematic review of real-world evidence in outbreak settings. *Vaccine*. 2024;42(26):126409.
26. Consejo Interterritorial Sistema Nacional de Salud. Recomendaciones de vacunación en el brote actual de viruela del mono.: Ministerio de Sanidad; 2022 [Available from: https://www.sanidad.gob.es/profesionales/saludPublica/prevPromocion/vacunaciones/MonkeyPox/docs/Estrategia_vacunacion_Monkeypox_trasCSP.pdf].
27. Consejo Interterritorial Sistema Nacional de Salud. Actualización de las recomendaciones de vacunación en el brote actual de viruela del mono.: Ministerio de Sanidad; 2022 [Available from: <https://www.sanidad.gob.es/profesionales/saludPublica/prevPromocion/vacunaciones/MonkeyPox/>].
28. Ministerio Sanidad. Informe de actividad frente a mpox en 2022-2026 2026 [Available from: <https://pesta-distico.inteligenciadegestion.sanidad.gob.es/publicoSNS/D/sivamin/informes-vacunacion-mpox/informe-vacunacion-mpox-temporadas-2022-2026-febrero-2026>].
29. Ministerio Sanidad. Campañas mpox [Available from: <https://www.sanidad.gob.es/ciudadanos/enfLesiones/enfTransmisibles/sida/Campanas/MPOX/home.htm>].
30. Ministerio Sanidad. Vacunación mpox [Available from: <https://www.sanidad.gob.es/areas/promocionPrevenccion/vacunaciones/MonkeyPox/home.htm>].

Vigilancia y epidemiología del Herpes Zóster en España, 2014-2024. Red Nacional de Vigilancia Epidemiológica (RENAVE)

Surveillance and epidemiology of herpes zoster in Spain, 2014-2024. National Epidemiology Surveillance Network (RENAVE)

Clara Salamanca Ávila ¹  0009-0002-3753-5992

Josefa Masa-Calles^{2,3}  0000-0002-2725-417X

María Sastre García^{2,3}  0009-0006-2928-2840

Fernando Vallejo Ruiz de León^{2,3}  0000-0002-5753-5482

¹Hospital Universitario Puerta de Hierro- Majadahonda, Madrid, España.

²Centro Nacional de Epidemiología Instituto de Salud Carlos III (ISCIII)

³Ciber de Epidemiología y Salud Pública (CIBERESP). Instituto de Salud Carlos III (ISCIII)

Correspondencia

Fernando Vallejo Ruiz de León
fvallejo@isciii.es

Contribuciones de autoría

Clara Salamanca Ávila ha participado en el análisis, redacción y revisión del manuscrito. María Sastre García ha participado en el proceso de provisión y gestión de datos. Josefa Masa-Calles y Fernando Vallejo Ruiz de León han participado en todas las fases de este estudio. Todos los autores han leído y están conformes con la publicación de la última versión.

Agradecimientos

Nuestro agradecimiento a todos los responsables autonómicos del Grupo de Vigilancia del Herpes Zóster en España.

Financiación

Este trabajo no ha recibido ningún tipo de financiación.

Conflicto de intereses

Los autores declaran no tener conflicto de intereses.

Cita sugerida

Salamanca-Ávila C, Masa-Calles J, Sastre-García M, Vallejo Ruiz de León F. Vigilancia y epidemiología del Herpes Zóster en España, 2014-2024. Red Nacional de Vigilancia Epidemiológica (RENAVE). Boletín Epidemiológico Semanal. 2026;34(2):71-85. doi: 10.4321/s2173-92772026000200004

Resumen

Introducción: El herpes zóster (HZ) es una enfermedad frecuente, prevenible por vacunación, causada por la reactivación del virus varicela zóster (VVZ). Tras la introducción en el año 2022 de la vacunación frente a HZ en calendario, resulta necesario evaluar la situación epidemiológica del HZ en España de modo que facilite futuras evaluaciones del impacto del programa de vacunación.

Método: Estudio descriptivo de los casos de HZ notificados a la RENAVE entre 2014 y 2024. Se calculan las tasas anuales de notificación por 100.000 habitantes (TN), estratificadas por año, edad y sexo. Se utilizan las cifras de población del INE (Instituto Nacional de Estadística); las tasas se estandarizan a partir de cifras de población europea.

Resultados: La vigilancia del HZ en RENAVE está todavía en fase de implantación. La TN media anual entre 2014 y 2024 fue 426,9 casos por cada 100.000 habitantes, con un incremento medio anual del 4,1% (5,4% desde 2022). Sólo entre los menores de 5 a 9 años la TN ha descendido (-9,7% anual). Las mujeres registran una TN un 42% superior a la de los hombres.

Conclusiones: En España, la notificación de casos de HZ ha aumentado anualmente desde 2014 — y de forma más pronunciada desde 2022—, tanto para el total de la población como para los grupos de edad mayores de 15 años. Entre las mujeres, el HZ es más frecuente, más precoz y el incremento de su TN más acusado. Es imprescindible mantener y reforzar la vigilancia epidemiológica para poder evaluar el programa de vacunación.

Palabras clave: Herpes zóster; vigilancia epidemiológica; Red Nacional de Vigilancia Epidemiológica (RENAVE), España; vacuna; calendario de vacunación.

Abstract

Introduction: Herpes Zoster (HZ) is a highly incident vaccine-preventable disease. HZ is caused by the reactivation of the varicella-zoster virus (VZV). Following the inclusion of the HZ vaccine in the routine immunization schedule in 2022, the assessment of the epidemiological situation of HZ in Spain in order to facilitate future evaluations of the vaccination program's impact, is needed.

Method: A descriptive epidemiological study of HZ cases reported to RENAVE (Spanish Epidemiological Surveillance System) between 2014 and 2024 was conducted. Annual notification rates per 100,000 inhabitants (NR) stratified by year, age, and sex were calculated. Population figures from the INE (National Statistical Institute) are used; rates were standardized based on European population figures.

Results: HZ surveillance in Spain is still in the implementation phase. The average annual NR between 2014 and 2024 was 426.9 cases per 100,000 inhabitants, with an average annual increase of 4.1% (5.4% since 2022). Only among children aged 5 to 9, the incidence rate declined (-9.7% annually). The incidence rate among women is 42% higher than among men.

Conclusions: In Spain, HZ is an increasingly common disease. Since 2014, HZ notification has risen annually—and more sharply since 2022—both, among the general population and in age groups over 15 years. For women HZ is more frequent, occurs at an earlier age and NR is rising more rapidly. For future evaluations of the vaccination program is essential to maintain and strengthen epidemiological surveillance of HZ in Spain.

Keywords: Herpes zoster; epidemiological surveillance; Spanish Epidemiological Surveillance System (RENAVE); vaccines; routine immunization schedule; Spain

INTRODUCCIÓN

El virus varicela herpes zóster (VVZ) es un alfa herpes virus humano tipo 3 (HHV-3) capaz de causar dos enfermedades diferentes: la varicela y el Herpes Zóster (HZ), ambas prevenibles por vacunación. La infección primaria por el VVZ es la varicela mientras que el HZ es la manifestación local de la reactivación del VVZ que, tras la infección primaria, se mantiene acantonado en los ganglios raquídeos de la medula espinal o en los pares craneales^[1].

El único reservorio del VVZ es el ser humano. La transmisión ocurre por contacto directo con las lesiones cutáneas, que son contagiosas hasta alcanzar la fase de costra; también se puede transmitir por objetos contaminados y por inhalación de gotitas suspendidas en el aire. Se estima que el HZ es cinco veces menos transmisible que la varicela. Aquellas personas que se hayan contagiado con el VVZ a partir de un caso de HZ, desarrollaran la infección primaria, varicela^[2,3].

El HZ se manifiesta como un exantema unilateral maculo papuloso acompañado de dolor, parestias y prurito que evoluciona a fase de vesículas y costras, afectando en especial a los dermatomas torácico, cervical u oftálmico. La incidencia de HZ es más alta en las mujeres y se va incrementando con la edad; se estima que hasta un 30% de las personas con infección primaria por VVZ desarrollarán un episodio de HZ a lo largo de su vida y hasta un 50% de las que alcancen los 85 años^[1]. La reactivación del virus sucede cuando la inmunidad celular desciende asociada al envejecimiento o condiciones de inmunosupresión por enfermedades o por el uso de medicación inmunosupresora. La artritis reumatoide, la enfermedad pulmonar crónica obstructiva (EPOC), el asma o la diabetes se han señalado como posibles situaciones predisponentes para la aparición de episodios de HZ^[4]. Enfermedades crónicas como el cáncer, (en especial las leucemias y linfomas), la infección por VIH, los trasplantes de órgano sólido o hematopoyéticos incrementan el riesgo de HZ complicado.

La complicación más frecuente del HZ es la neuralgia postherpética (NPH), definida como el dolor crónico persistente durante al menos 90 días tras la curación del exantema y que aparece en el 10-15% de los casos. Ocasionalmente el HZ puede producir daño neurológico permanente como parálisis del nervio facial, hemiplejía contralateral, o daño visual asociado al herpes oftálmico^[1].

VACUNACIÓN

La vacunación frente a varicela se realiza con una vacuna de virus vivos atenuados. En España en el año 2005, se introdujo en calendario de vacunación, como vacunación de rescate en adolescentes (10-14 años) sin antecedentes de enfermedad ni vacunación previa, para prevenir las formas graves de la enfermedad^[5]. Desde el año 2016 la vacunación está incluida en población infantil, con dos dosis (a los 15 meses y a los 3-4 años de edad)^[6]. La cobertura nacional de vacunación en el año 2024 fue del 95,8 % para la 1ª dosis y del 90,0% para la segunda^[7,8].

La vacuna frente a HZ, (Shingrix®) se autorizó en 2018. Shingrix® es una vacuna adyuvada y proteica (glicoproteína E). Está indicada para la prevención del HZ y de la NPH en personas adultas a partir de los 50 años y a partir de 18 años en personas que tienen un mayor riesgo de HZ. Shingrix® puede ser administrada en personas con enfermedades o con tratamientos que produzcan inmunosupresión^[9,10].

En marzo de 2021 el Consejo Interterritorial del Sistema Nacional de Salud (CISNS) aprobó la inclusión de la vacuna Shingrix® en el Calendario de Vacunación Específica en personas adultas ≥18 con condiciones de riesgo^[11]: trasplante (TOS y TPH), tratamiento con fármacos anti-JAK, infección VIH, hemopatías malignas y tumores sólidos en tratamiento con quimioterapia.

En el año 2022 la vacunación se incluyó en el calendario común para toda la vida, recomendándose a la cohorte de 65 años (con la administración de dos dosis separadas por un intervalo mínimo de 8 semanas), siguiendo por la cohorte de 80 años y descendiendo en edad hasta alcanzar la primera cohorte vacunada de 65 años (79, 78...). Antes de finalizar 2024 todas las comunidades autónomas habían incorporado la indicación de vacunación poblacional frente a HZ en sus calendarios de inmunización^[12].

En octubre de 2023 se ampliaron las recomendaciones y los grupos de personas con condiciones de riesgo para los que se aconseja la vacunación frente a HZ. (Tabla 1)

Tabla 1. Vacunación frente a HZ.

Vacuna frente a Herpes Zóster (Shingrix®). Recomendaciones de vacunación. Consejo Interterritorial del Sistema Nacional de Salud		
Año		Referencia
2018	Autorización por la EMA y AEMPS	Ficha técnica[9]
2021	Primeras recomendaciones Grupos de Riesgo	Grupos de riesgo[11]
2022	Inclusión en el Calendario Común de Vacunación	Calendario común 2022[12]
2023	Actualización de las recomendaciones en Grupos de personas de especial riesgo	Octubre 2023[13]

La cobertura de vacunación frente a HZ en la cohorte de 65 años ha ido mejorando desde su inclusión en calendario, alcanzando en 2024 un 23,1%, frente al 13,0% registrado en 2022; de forma similar, en la cohorte de 80 años la cobertura llegó al 20,9% en 2024, casi el doble de la registrada en 2022 (10,8%)^[7]. (Tabla 2) Sin embargo, con estos datos, las coberturas de vacunación se encuentran todavía por debajo del objetivo del 50% establecido en el documento “Objetivos programas de vacunación”^[14]. Actualmente no se dispone de datos de cobertura para grupos de riesgo. La “Encuesta Hospitalaria de pacientes con infección por el VIH” ofrece una estimación: en 2024, el 31,7% de las personas con VIH estaban vacunadas frente a HZ, de los que más del 80% habían completado la pauta con dos dosis^[15].

Tabla 2. Vacunación frente a HZ por cohorte de nacimiento.

Año	Vacunación HZ a los 65 años		Vacunación HZ a los 80 años	
	Cohorte nacimiento	Cobertura	Cohorte nacimiento	Cobertura
2022	1957	13,0%	1942	10,8%
2023	1958	25,5%	1943	18,8%
2024	1959	23,2%	1944	20,9%

(Fuente: Plataforma de explotación de Coberturas de Vacunación del Ministerio de Sanidad, (SIVAMIN); acceso noviembre 2025) <https://pestadistico.inteligenciadegestion.sanidad.gob.es/publicoSNS/S/sivamin>

VIGILANCIA

En España, el HZ es enfermedad de declaración obligatoria (EDO). En el año 2007 el CISNS aprobó la incorporación a la RENAVE de la vigilancia de HZ, con el fin de evaluar el impacto de la introducción de la vacunación de varicela en adolescentes. El protocolo incluía la notificación agregada de casos de HZ por edad, sexo y comunidad autónoma^[2].

La actualización de los protocolos de vigilancia del año 2013 no modificó la vigilancia de HZ por la que las comunidades autónomas se comprometían a la notificación agregada de casos. Sin embargo, desde 2014, la mayoría de las comunidades autónomas realizan la notificación individualizada de casos de HZ basándose en la explotación de registros electrónicos asistenciales (atención primaria de salud) con un conjunto de variables básicas. Estos casos de HZ se notifican a RENAVE a través de la plataforma electrónica SiViEs (Sistema para la Vigilancia en España)^[2].

En la Unión Europea, en el año 2010 hasta 14 países disponían de algún sistema de vigilancia de HZ. Los sistemas diferirían entre países, incluyendo la vigilancia centinela. Destacar que la mayoría de los países basaban la vigilancia en la definición clínica de herpes zóster^[16].

El objetivo del artículo es describir la situación epidemiológica del HZ en España entre 2014 y 2022.

MÉTODOS

Sistema de vigilancia

La Red Nacional de Vigilancia Epidemiológica (RENAVE) registra la información epidemiológica de la declaración individualizada de casos de HZ notificados por las comunidades autónomas. Para ello, los servicios de vigilancia epidemiológica de cada comunidad autónoma obtienen los casos de HZ mediante la explotación de los registros electrónicos de sus respectivos sistemas de información de Atención Primaria de Salud (APS). Posteriormente, todas las notificaciones quedan registradas en la plataforma SiViEs.

Para el presente estudio se tomaron todos los casos notificados a fecha 26/09/2025. Los casos notificados cumplen con los criterios y definiciones establecidos en el Protocolo de Vigilancia de la RENAVE; para cada caso se cumplimentan las variables de la encuesta epidemiológica^[17]. Se considera nuevo caso cuando un episodio de HZ se ha producido una vez transcurridos 6 meses desde el inicio del anterior episodio^[18].

Se recogió información sobre las características de los sistemas de vigilancia autonómicos a través de un breve cuestionario ad-hoc. Los indicadores incluidos fueron: criterios de extracción de códigos diagnósticos, sistema de codificación utilizados, periodicidad en la extracción de casos, criterios de depuración de duplicados, disponibilidad de información sobre antecedentes de vacunación y cambios recientes en los procesos de extracción de la información.

Para cada comunidad autónoma declarante, las cifras de la población residente en España a 1 de enero —estratificadas por edad y sexo— se obtuvieron del Instituto Nacional de Estadística (INE)^[19]. Para la estandarización de tasas se utiliza como referencia la European Standard Population 2013^[20].

Análisis epidemiológico

Diseño del estudio

El estudio consiste en el análisis descriptivo de los casos de HZ notificados a la RENAVE durante el periodo 2014-2024.

Variables

A partir de la información epidemiológica de los casos notificados se han recopilado datos de las siguientes variables: sexo, edad (años cumplidos) categorizada posteriormente en 20 grupos quinquenales (0 a 4 años, 5 a 9 años, 10 a 14 años, 15 a 19 años, 20 a 24 años, 25 a 29 años, 30 a 34 años, 35 a 39 años, 40 a 44 años, 45 a 49 años, 50 a 54 años, 55 a 59 años, 60 a 64 años, 65 a 69 años, 70 a 74 años, 75 a 79 años, 80 a 84 años, 85 a 89 años, 90 a 94 años y 95 o más años) y en cuatro grandes grupos de edad (0 a 24 años, 25 a 44 años, de 65 a 84 años y 85 o más años), Comunidad Autónoma donde se notifica el caso, hospitalización (si/no), defunción (si/no) y datos de vacunación de Varicela y de HZ.

Análisis estadístico

Se calculan estadísticos de resumen para cada variable de interés. Se calculan las tasas de notificación por 100.000 habitantes (TN). Para la descripción de la evolución de la TN se recurre a la estandarización mediante el método directo, tomando como referencia la ESP2013. Para cuantificar el incremento o decremento de las TN se calcula el Cambio Porcentual Anual medio (CPA) de los periodos analizados^[21]. Los análisis son estratificados por edad y sexo. Todos los análisis estadísticos se realizan con Stata v18.

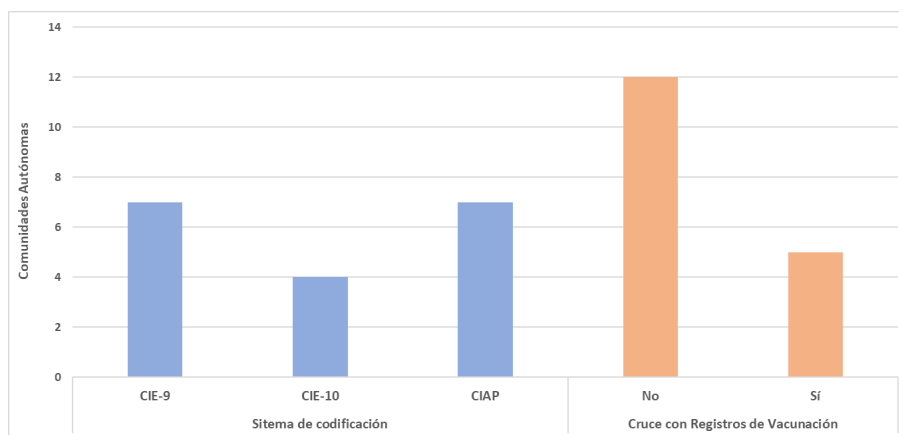
Este estudio respeta la confidencialidad y garantiza el anonimato de los casos, por ello no ha precisado revisión por parte del comité de ética.

RESULTADOS

La vigilancia del HZ en RENAVE

En 2024, 18 comunidades autónomas (que corresponden con el 85,7% de la población española) notificaron casos de HZ a RENAVE. El estudio de las principales características de sus sistemas de vigilancia muestra que, en 2024, coexistían distintos sistemas de codificación diagnóstica — CIE9 (053 y 053.9), CIE10 (B02), CIAP y CIAP-2 (A72 y S70). En cuanto a la vacunación, cinco comunidades autónomas tenían capacidad para cruzar información con los registros correspondientes (Figura 1). Los sistemas de registro de actividad asistencial de los que se extrae la información pueden verse sometidos a modificaciones. Estos cambios podrían comprometer la calidad, continuidad o consistencia de la información notificada.

Figura 1. Características de los sistemas autonómicos de vigilancia del HZ. Sistemas de codificación diagnóstica utilizados y posibilidad de cruce con los Registros de Vacunación

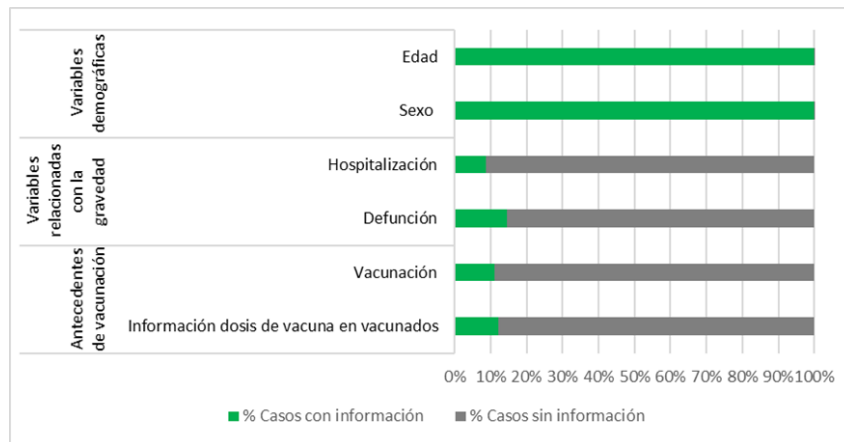


Fuente de información: Encuesta ad-hoc sobre los sistemas de vigilancia de las 18 Comunidades Autónomas: Aragón, Asturias, Castilla y León, Castilla-La Mancha, Cataluña, Comunidad Valenciana, Galicia, Murcia, Navarra, La Rioja, Melilla, Baleares, Cantabria, País Vasco, Ceuta, Canarias, Andalucía y Extremadura

A lo largo del periodo 2014-2024 once comunidades autónomas — el 52,0% de la población española— han notificado ininterrumpidamente casos de HZ: Aragón, Asturias, Castilla y León, Castilla La Mancha, Cataluña, Comunidad Valenciana, Galicia, Murcia, Navarra, La Rioja y Melilla. Otras cuatro comunidades — 8,2% de la población española— se han incorporado progresivamente a la notificación de casos: Baleares (2015-2024), Cantabria (2016-2024), Ceuta (2017-2024) y País Vasco (2022-2024). Los casos de HZ notificados por Andalucía, Canarias y Extremadura se han excluido de este informe bien por problemas de calidad de los datos (valores faltantes o anomalías detectadas pendientes de subsanar), o bien por la baja notificación en la serie.

Las variables con mejor grado de cumplimentación han sido las variables demográficas, alcanzando en edad y sexo prácticamente el 100% de cumplimentación. En cuanto a las variables relacionadas con la gravedad del caso y los antecedentes de vacunación, el grado de cumplimentación es bajo, y varía entre comunidades (Figura 2). Por este motivo, estas variables han sido excluidas para el análisis de la epidemiología del HZ.

Figura 2. Calidad de la notificación de casos de HZ a la RENAVE, 2014-2024



Fuente de información: Red Nacional de Vigilancia (RENAVE). Centro Nacional de Epidemiología (CNE), ISCIII.

Casos notificados a RENAVE por 15 CCAA: las 11 con notificación individualizada desde 2014 (Aragón, Asturias, Castilla y León, Castilla-La Mancha, Cataluña, Comunidad Valenciana, Galicia, Murcia, Navarra, La Rioja y Melilla), más 4 comunidades que iniciaron la notificación individualizada posteriormente (Baleares, Cantabria, Ceuta y País Vasco, desde 2015, 2016, 2017 y 2022, respectivamente).

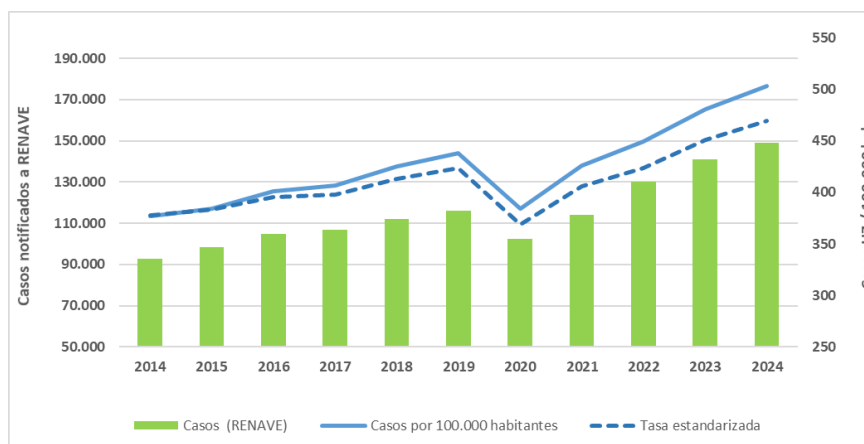
Epidemiología Herpes zóster

Serie histórica (2014-2024). Casos y Tasa de Incidencia

Para la descripción de la epidemiología del HZ en el período 2014-2024 en España, se han seleccionado las 15 comunidades con suficiente calidad en la notificación: Aragón, Asturias, Castilla y León, Castilla La Mancha, Cataluña, Comunidad Valenciana, Galicia, Murcia, Navarra, La Rioja y Melilla desde 2014, y Baleares, Cantabria, Ceuta y País Vasco, desde 2015, 2016, 2017 y 2022, respectivamente. Para el periodo 2014-2024, la tasa media anual fue de 426,9 casos notificados por cada 100.000 habitantes, con una clara tendencia creciente en la notificación: TN=376,8 en 2014; TN=502,7 en 2024. (Figura 3).

Entre los años 2014-2024 (excluyendo los años pandémicos 2020-2021 y en base a la TN estandarizada) la TN de HZ creció anualmente un 4,1%. Sin embargo, si desagregamos por periodo pre-pandemia (2014-2019) y periodo postpandemia (2022-2024) se observa que entre 2014 y 2019 la TN se incrementó anualmente un 2,3%, mientras que entre los años 2022 a 2024 el incremento promedio anual en la TN fue de 5,4%.

Figura 3. Casos y tasa de notificación anual de HZ. RENAVE 2014-2024.



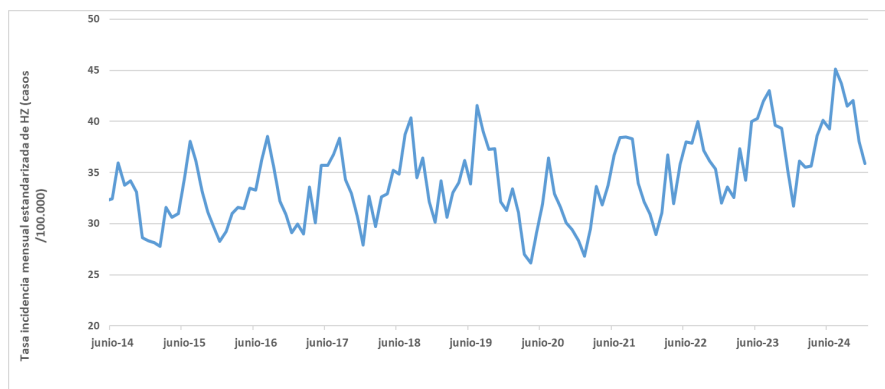
Fuente de información: Red Nacional de Vigilancia (RENAVE). Centro Nacional de Epidemiología (CNE), ISCIII.

Casos notificados a RENAVE por 15 CCAA: las 11 que con notificación individualizada desde 2014 (Aragón, Asturias, Castilla y León, Castilla-La Mancha, Cataluña, Comunidad Valenciana, Galicia, Murcia, Navarra, La Rioja y Melilla), más 4 comunidades que iniciaron la notificación individualizada posteriormente (Balears, Cantabria, Ceuta y País Vasco, desde 2015, 2016, 2017 y 2022, respectivamente). Tasas estandarizadas por edad, tomando como referencia la población europea (ESP 2013).

Estacionalidad

La distribución mensual de casos de HZ muestra un patrón estacional, que se mantiene a lo largo de todo el periodo, incluido el año pandémico 2020. Anualmente los meses con menor número de casos coincidieron con el invierno, mientras que el mayor número de casos se notificaron durante el periodo estival (julio y agosto). Además, en torno a los meses centrales de la primavera repuntaron los casos. (Figura 4)

Figura 4. Tasa de notificación mensual de HZ. RENAVE 2014-2024



Fuente de información: Red Nacional de Vigilancia (RENAVE). Centro Nacional de Epidemiología (CNE), ISCIII.

Casos notificados a RENAVE por 15 CCAA: las 11 que con notificación individualizada desde 2014 (Aragón, Asturias, Castilla y León, Castilla-La Mancha, Cataluña, Comunidad Valenciana, Galicia, Murcia, Navarra, La Rioja y Melilla), más 4 comunidades que iniciaron la notificación individualizada posteriormente (Balears, Cantabria, Ceuta y País Vasco, desde 2015, 2016, 2017 y 2022, respectivamente). Tasas estandarizadas por edad, tomando como referencia la población europea (ESP 2013)

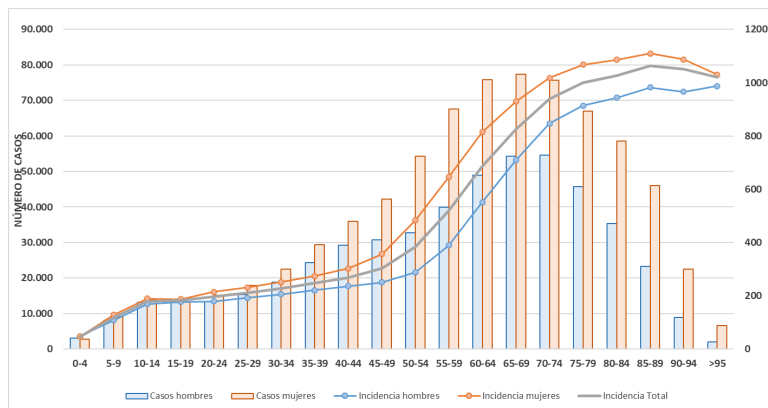
Casos de HZ por edad y sexo

Del total de casos de HZ notificados a RENAVE por las 15 comunidades seleccionadas en el periodo de estudio, el mayor número de casos se registró entre las personas de 65-69 años (n=131.616; TN: 823,6) y 70-74 años (n= 130.252; TN= 937,9). La TN de HZ aumentó con la edad, alcanzando su máximo en el grupo de 85-89 años (n=69.286; TN: 1062,7 casos por cada 100.000 habitantes) (Figura 5).

La TN de HZ aumentó con la edad, pero el ritmo de crecimiento no fue constante: en población infantil y adolescente con un incremento inicial notable, alcanzó un máximo (TN=178,5) en el grupo de 10-14 años; en adultos jóvenes, el incremento de la TN por cada quinquenio de edad fue leve pero sostenido (inferior al 10%); a partir de los 50 años el incremento de la TN se aceleró (destacando el ascenso de la TN en el grupo de 55-59 años (TN=518,6) que es un 35% superior a la del grupo 50-54 años). Entre los más longevos, -a partir de los 75 años- la TN siguió creciendo con la edad, aunque a un ritmo menos marcado (inferior al 5% por cada quinquenio de edad).

El 59,4% (n=752.631) de los casos de HZ notificados a RENAVE fueron mujeres, y el 40,6% (n= 514.443) hombres. La TN global fue un 42,0% mayor en las mujeres que en los hombres (TN mujeres= 499,4 vs. TN hombres=352,0). El grupo de edad con un mayor número de casos en mujeres se alcanzó en los 65-69 años (n=77.417, TN=929,3), mientras que, en los hombres el máximo (54.646 casos, TN=846,12) se situó en el grupo de 70-74 años (Figura 5).

Figura 5. Casos y tasa de notificación de HZ por grupos quinquenales de edad y sexo. RENAVE 2014-2024



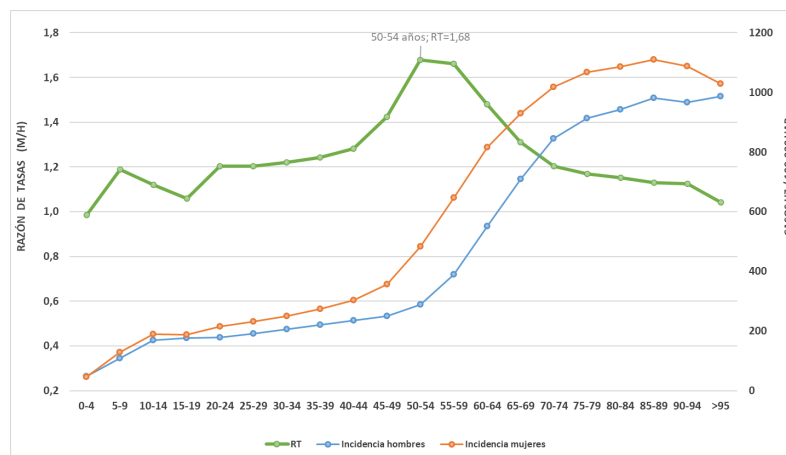
Fuente de información: Red Nacional de Vigilancia (RENAVE). Centro Nacional de Epidemiología (CNE), ISCIII.

Casos notificados a RENAVE por 15 CCAA: las 11 que con notificación individualizada desde 2014 (Aragón, Asturias, Castilla y León, Castilla-La Mancha, Cataluña, Comunidad Valenciana, Galicia, Murcia, Navarra, La Rioja y Melilla), más 4 comunidades que iniciaron la notificación individualizada posteriormente (Balears, Cantabria, Ceuta y País Vasco, desde 2015, 2016, 2017 y 2022, respectivamente).

A lo largo del periodo de estudio la TN de HZ en mujeres superior a la TN en hombres en todos los grupos de edad. En las mujeres, la aceleración del incremento de la TN sucedió unos años antes que entre los hombres: entre las mujeres los máximos incrementos se observa en el grupo de edad de 50 a 59 años (incrementos de un 40% de la TN respecto al quinquenio anterior), mientras que en los hombres este máximo incremento se observó en los grupos de edad de 55 a 64 años.

En términos relativos (RT), hasta los 40 años y después de los 70 años, la TN en las mujeres fue un 20% superior a la de los hombres; mientras que entre los 50 y los 59 años la TN en mujeres llegó a ser hasta casi un 70% superior a la de los hombres (Figura 6).

Figura 6. Tasa de notificación y razón de tasas por grupos quinquenales de edad y sexo. RENAVE 2014-2024.



Fuente de información: Red Nacional de Vigilancia (RENAVE). Centro Nacional de Epidemiología (CNE), ISCIII.

Casos notificados a RENAVE por 15 CCAA: las 11 que con notificación individualizada desde 2014 (Aragón, Asturias, Castilla y León, Castilla-La Mancha, Cataluña, Comunidad Valenciana, Galicia, Murcia, Navarra, La Rioja y Melilla), más 4 comunidades que iniciaron la notificación individualizada posteriormente (Balears, Cantabria, Ceuta y País Vasco, desde 2015, 2016, 2017 y 2022, respectivamente).

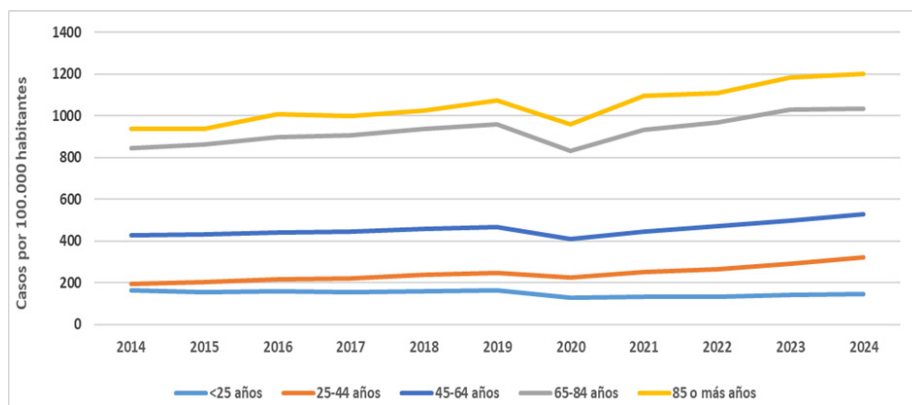
Evolución de la tasa de notificación de HZ por grupos de edad (2014-2024)

La TN de HZ se incrementa con la edad (Figura 7). Las TN fueron máximas en los grupos de 65-84 años (TN > 800 casos por 100.000 habitantes) y en los de 85 y más años (TN > 900 casos por 100.000 habitantes).

Para los grupos de 25 años y más, la TN de HZ mostró una tendencia creciente a lo largo del periodo 2014-2024, solo interrumpida en 2020. En general, en cada grupo de edad el incremento anual de la TN de HZ fue mayor en el periodo 2022-2024 que en el periodo 2014-2019; este aumento es especialmente relevante entre la población de 25 a 44 años (CPA=9,9% vs CPA=5,5%, para los periodos 2022-2024 y 2014-2019 respectivamente) y de 45 a 64 años (CPA=6,0% vs CPA=1,8%, respectivamente) (Figura 7).

Sin embargo, entre los menores de 25 años, la estabilidad de la TN durante el periodo 2014-2019 (CPA=0,1%), dio paso, tras el descenso de las TN de los años 2020 y 2021, a un periodo de incremento sostenido de la TN de HZ (CPA=4,5%)(Figura 7).

Figura 7. Evolución anual de la tasa de notificación de HZ por grandes grupos de edad. RENAVE 2014-2024.

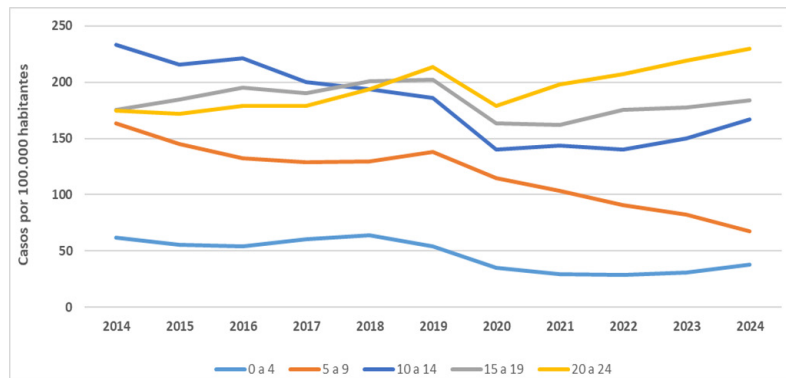


Fuente de información: Red Nacional de Vigilancia (RENAVE). Centro Nacional de Epidemiología (CNE), ISCIII.

Casos notificados a RENAVE por 15 CCAA: las 11 que con notificación individualizada desde 2014 (Aragón, Asturias, Castilla y León, Castilla-La Mancha, Cataluña, Comunidad Valenciana, Galicia, Murcia, Navarra, La Rioja y Melilla), más 4 comunidades que iniciaron la notificación individualizada posteriormente (Baleares, Cantabria, Ceuta y País Vasco, desde 2015, 2016, 2017 y 2022, respectivamente).

El análisis detallado de la evolución de la TN de HZ entre la población menor de 25 años (Figura 8), muestra la coexistencia de distintos patrones de evolución. Por un lado, entre la población de 15 a 25 años, la TN de HZ tanto en el periodo 2014-2019 como en el periodo 2022-2024 se incrementó de forma constante, con incrementos porcentuales anuales de entre el 3% y el 5%. Entre los menores de 15 años, en la población de 5 a 9 años la TN de HZ decreció anualmente (CPA= -3,2% y CPA= -13,7%, respectivamente para cada periodo) mientras que en el grupo de 0 a 4 años y en el de 10 a 14 años la tendencia se invirtió (en el grupo de 0 a 4 años, CPA= -2,0% y CPA= 14%, respectivamente para los periodos pre y post pandemia; en 10 a 14 años, CPA= -4,3% y CPA= 9,2%, respectivamente para cada periodo).

Figura 8. Evolución anual de la notificación de HZ, en los menores de 25 años. RENAVE 2014-2024



Fuente de información: Red Nacional de Vigilancia (RENAVE). Centro Nacional de Epidemiología (CNE), ISCIII.

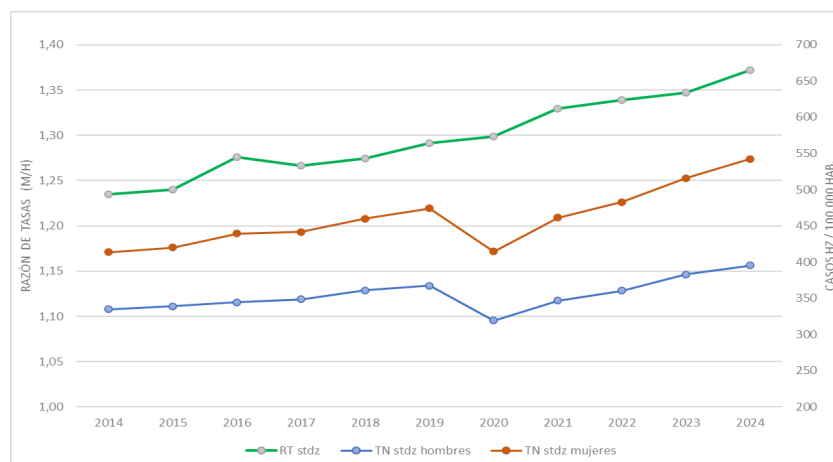
Casos notificados a RENAVE por 15 CCAA: las 11 que con notificación individualizada desde 2014 (Aragón, Asturias, Castilla y León, Castilla-La Mancha, Cataluña, Comunidad Valenciana, Galicia, Murcia, Navarra, La Rioja y Melilla), más 4 comunidades que iniciaron la notificación individualizada posteriormente (Balears, Cantabria, Ceuta y País Vasco, desde 2015, 2016, 2017 y 2022, respectivamente).

Evolución de la distribución por sexo de la notificación de HZ (2014-2024)

La TN de HZ se incrementó anualmente tanto entre las mujeres como entre los hombres a lo largo del periodo 2014-2024 (salvo el descenso de 2020). Entre las mujeres, el incremento anual de las TN estandarizadas fue aún mayor durante 2022-2024 (CPA=2,8% vs CPA=6,0%). Entre los hombres la evolución ha sido análoga, si bien con incrementos anuales inferiores (CPA=1,9% vs CPA=4,7%) (Figura 9).

La comparación anual de las TN estandarizadas en mujeres y hombres muestra cómo la mayor incidencia de notificaciones de HZ entre las mujeres ha ido acrecentándose años tras año. Así, si en 2014 las mujeres registraban una tasa de notificación estandarizada un 24% superior a la de los hombres, en 2024 fue un 37% superior.

Figura 9. Evolución anual de tasas y razón de tasas de notificación de HZ por sexo. RENAVE 2014-2024.



Fuente de información: Red Nacional de Vigilancia (RENAVE). Centro Nacional de Epidemiología (CNE), ISCIII.

Casos notificados a RENAVE por 15 CCAA: las 11 que con notificación individualizada desde 2014 (Aragón, Asturias, Castilla y León, Castilla-La Mancha, Cataluña, Comunidad Valenciana, Galicia, Murcia, Navarra, La Rioja y Melilla), más 4 comunidades que iniciaron la notificación individualizada posteriormente (Balears, Cantabria, Ceuta y País Vasco, desde 2015, 2016, 2017 y 2022, respectivamente).

RT stdz: razón de tasas estandarizadas; TN stdz: tasa de notificación estandarizada (notificaciones por 100.000 habitantes)

Tasas estandarizadas por edad, tomando como referencia la población europea (ESP 2013)

DISCUSIÓN

En España, entre 2014 y 2024, la TN promedio fue de 426,9 de casos de HZ por cada 100.000 habitantes, una cifra que se encuentra en el rango de tasas de incidencia de HZ estimadas en países europeos (entre 240 y 460 casos por cada 100.000 personas año)^[22].

La tendencia creciente en la notificación del HZ tras el parón pandémico, aún más acusada que la observada entre 2014 y 2019, puede no coincidir con el impacto que se esperaría tras la inclusión de la vacuna en el calendario común. En este sentido, un estudio reciente ^[23] muestra como la inclusión de la vacuna solo ralentizó el crecimiento paulatino del HZ entre las poblaciones diana surcoreanas. En España, la vacunación universal frente al HZ, establecida solo desde 2022, junto con las limitadas coberturas de vacunación que se han alcanzado en los primeros años tras la inclusión, pueden explicar que todavía no se observe reducción en la tasa de notificación del HZ. Aún es pronto para observar el impacto poblacional del programa de vacunación de HZ.

Por otro lado, el inicio del programa de vacunación universal podría haber derivado en una mayor sensibilidad respecto a la enfermedad, explicando así, aunque sólo en parte, aumentos recientes de las notificaciones.

La infección por SARS-COV-2 ha sido considerada en estudios recientes, un posible factor que incrementa el riesgo de reactivación del VVZ. En España, según datos publicados recientemente, los pacientes con infección por SARS-COV-2 presentaron un riesgo un 19% mayor de desarrollar HZ^[24]. Aunque este hecho no se correlaciona con una mayor notificación de HZ durante 2020-2022, periodo en el que se redujo la notificación de un gran número de enfermedades infecciosas a la RENAVE, sí podría subyacer bajo el posterior aumento en las notificaciones.

El progresivo envejecimiento de la población española ha contribuido sin duda al incremento de la incidencia de notificaciones de HZ a lo largo de todo el periodo de estudio. Según datos del INE, el porcentaje de personas mayores de 65 años en España en 2024 era del 20,4% y se estima que alcanzará su máximo en 2055, llegando al 30,5%^[19]. Aunque el HZ puede presentarse a cualquier edad, afecta especialmente a personas adultas y de edad avanzada, debido a que el envejecimiento reduce progresivamente la inmunidad mediada por células frente al VZV^[16].

El análisis desagregado muestra cómo, en España, las TN más elevadas ocurren en el grupo de edad entre 85-89 años (1.062,74 casos por cada 100.000 habitantes). Aunque esta cifra es ligeramente superior a la registrada en otros países europeos como Finlandia^[25] (804 por cada 100.000 habitantes) o Polonia (618 por cada 100.000 habitantes)^[26], coincide con la tendencia de que las tasas más elevadas se concentran en los grupos de mayor edad.

En cualquier caso, el envejecimiento de la población española no es la única explicación al incremento constante de la incidencia de notificaciones de HZ. Las estimaciones anuales estandarizadas por edad aquí presentadas así lo corroboran. En efecto, al igual que para los resultados globales de la población española, la TN de HZ para cada grupo etario muestra un incremento anual constante a lo largo del periodo estudiado. Análogamente, también este incremento es aún más marcado a partir de 2022, incluso para los jóvenes de 15 a 25 años. Sólo entre los menores de 15 años coexisten decrementos constantes de la TN entre la población de 5 a 9 años, con patrones menos claros, incluso repuntes en la TN, entre la población menor de 5 años y los preadolescentes de 10 a 14 años. En qué medida estos patrones son fruto de la variabilidad estadística o si en cambio se trata de un cambio de tendencia, cómo otro estudio reciente sugiere^[23], podrá comprobarse en futuros análisis de los resultados de la vigilancia del HZ. Para ello, será necesario analizar la evolución de las dos entidades producidas por el VVZ (varicela y HZ) junto con las coberturas de vacunación frente a varicela en la población infantil española.

La mayor incidencia de notificaciones de HZ entre mujeres constatada entre la población española, incluso independientemente de la edad, es compatible con la evidencia previamente publicada en otros países europeos como Finlandia o Alemania^[25,27]. Además, otro hallazgo relevante de nuestro estudio, al margen de la mayor magnitud y del mayor incremento de la TN con la edad en las mujeres, es el diferente momento en que las tasas se disparan: las mujeres registran la mayor subida de la TN entre los 50-59 años, cinco años más jóvenes que los hombres, que la registran entre los 60-64 años.

Entre las explicaciones posibles se encuentra el hecho de que, uno de los factores de riesgo relacionados con la reactivación del virus es la inmunosupresión derivada del uso de tratamientos inmunosupresores. En un estudio en el que se incluyen datos de tres países europeos (Alemania, España, Reino Unido)^[28], se estima que la prevalencia de uso de inmunosupresores para el tratamiento en enfermedades reumatológicas es alrededor del 60,0%. Este estudio además recoge que estas enfermedades son más prevalentes en las mujeres (71%) con lo que también el uso de estos fármacos es más frecuente entre ellas.

Impacto en salud pública

Desde una perspectiva de salud pública el HZ es una enfermedad con un impacto significativo en el sistema sanitario debido al incremento de la morbilidad y de los costes sanitarios asociados. Entre los años 1998-2018, en España, la tasa media de hospitalizaciones por HZ fue de 6,75 por cada 100.000 habitantes^[29], asociándose además con una estancia hospitalaria media de 7 días^[30]. Aun tratándose de una enfermedad más frecuente entre las mujeres, los hombres presentan mayor riesgo de hospitalización, de reingreso y de fallecimiento durante la estancia hospitalaria.

La tendencia creciente de la incidencia de notificaciones descrita en este estudio conllevará un incremento de la carga y los costes asociado a la enfermedad. La vacunación frente a HZ con la vacuna Shingrix® es una medida eficaz para prevenir la enfermedad y reducir el riesgo de complicaciones como la neuralgia postherpética^[9]. Las coberturas de vacunación en los grupos de edad diana han mejorado desde que se implantó el programa de vacunación en el año 2022^[8,31], aunque siguen por debajo del objetivo del 50%^[14]. No se dispone de estimaciones de coberturas en grupos de riesgo, siempre difíciles de obtener, salvo para las personas con VIH, entre las que el 31,7% están vacunadas frente al HZ^[15].

Es esencial apoyar las estrategias de vacunación, mantener y mejorar las actividades de vigilancia y promover líneas de investigación futuras que permitan evaluar el impacto de la vacunación en la epidemiología del HZ.

Para ello, los registros electrónicos de Atención Primaria de Salud como fuente de datos suponen una herramienta clave en los futuros sistemas de vigilancia. La automatización de los procesos y la interoperabilidad de los sistemas (que permitirían el acceso a registros de hospitalización, defunción o vacunación) mejorarán la calidad y la homogeneidad de la información notificada en enfermedades frecuentes como es el HZ.

CONCLUSIONES

La vigilancia del HZ en la RENAVE se encuentra en fase de implantación. La vigilancia está basada en la declaración individualizada de casos de HZ que se extraen de los registros electrónicos asistenciales de Atención Primaria de Salud de las comunidades autónomas.

Entre 2014 y 2024, 15 comunidades autónomas han notificado casos con información de calidad; la TN media del periodo fue de 427 casos por 100.000 habitantes. La incidencia de notificaciones de HZ muestra una tendencia ascendente, sólo interrumpida en 2020. El HZ presenta un patrón estacional, alcanzando su máximo en verano.

La evaluación del impacto poblacional de la inclusión de la vacuna del HZ en el calendario común de vacunación aún requerirá de un periodo de observación más amplio.

La mayor frecuencia de notificaciones se registra entre las personas de 65 a 69 años (TN: 823) mientras que la TN más elevada ocurre entre los mayores de 85 años (TN: 1062). La TN de HZ aumenta con la edad, aunque el ritmo de crecimiento no es constante, siendo máximo en las personas de 55 a 59 años respecto a las de 50-54 años.

Para todos los grupos de edad, salvo en los menores de 10 años, la incidencia de notificaciones de HZ muestra una tendencia claramente ascendente; en detalle la evolución de la TN es decreciente en niños de 5 a 9 años y con indicios de estar incrementándose en los de 1 a 4 años.

El HZ es más frecuente en mujeres, con el 60% de los casos, su TN es para todos los grupos de edad, superior a la TN en hombres y, además, el aumento del HZ se dispara a una edad más joven en las mujeres. La tendencia al alza del HZ es más alta entre las mujeres.

Los registros electrónicos de atención primaria constituyen una herramienta clave para los sistemas de vigilancia. Resulta imprescindible mantener y reforzar la vigilancia epidemiológica para poder evaluar el impacto del programa de vacunación en la epidemiología del Herpes Zóster.

BIBLIOGRAFÍA


1. Heymann DL. Control of Communicable diseases Manual. 20th edition. American Public Health Association; 2022. 669-675 p.
2. Red Nacional de Vigilancia Epidemiológica. PROTOCOLO DE VIGILANCIA DE HERPES ZÓSTER [Internet]. 2013. Located at: <https://cne.isciii.es/documents/d/cne/protocolo-20de-20vigilancia-20de-20herpes-20z-c3-b3ster-pdf>. Disponible en: <https://cne.isciii.es/documents/d/cne/protocolo-20de-20vigilancia-20de-20herpes-20z-c3-b3ster-pdf>
3. Pan CX, Lee MS, Nambudiri VE. Global herpes zoster incidence, burden of disease, and vaccine availability: a narrative review. *Ther Adv Vaccines Immunother*. 2022;10:25151355221084535. doi:10.1177/25151355221084535 PubMed PMID: 35340552; PubMed Central PMCID: PMC8941701.
4. Batram M, Witte J, Schwarz M, Hain J, Ultsch B, Steinmann M, et al. Burden of Herpes Zoster in Adult Patients with Underlying Conditions: Analysis of German Claims Data, 2007-2018. *Dermatol Ther (Heidelb)*. 2021;11(3):1009-26. doi:10.1007/s13555-021-00535-7 PubMed PMID: 33959878; PubMed Central PMCID: PMC8163947.
5. Ministerio de Sanidad y Consumo. Recomendaciones de Vacunación y sus Implicaciones en Salud Pública. Varicela [Internet]. 2005. Disponible en: <https://www.sanidad.gob.es/areas/promocionPrevencion/vacunaciones/comoTrabajamos/docs/VARICELA1.pdf>
6. Ponencia de Programas y Registro de Vacunaciones. Revisión del Calendario de Vacunación [Internet]. 2016. Disponible en: https://www.sanidad.gob.es/areas/promocionPrevencion/vacunaciones/calendario/docs/Revision_CalendarVacunacion.pdf
7. Ministerio de Sanidad. Consulta Interactiva del SNS [Internet]. 2025 [citado 10 de diciembre de 2025]. Informe de evolución de coberturas de vacunación por vacunas. Disponible en: <https://pestadistico.inteligenciadegestion.sanidad.gob.es/publicoSNS/I/sivamin/informe-de-evolucion-de-coberturas-de-vacunacion-por-vacuna>
8. Consulta Interactiva del SNS [Internet]. 2025 [citado 10 de diciembre de 2025]. Cobertura vacunación. Disponible en: <https://pestadistico.inteligenciadegestion.sanidad.gob.es/publicoSNS/I/sivamin/sivamin>
9. Agencia Española de Medicamentos y Productos Sanitarios. FICHA TECNICA SHINGRIX POLVO Y SUSPENSION PARA SUSPENSION INYECTABLE [Internet]. Disponible en: https://www.ema.europa.eu/es/documents/product-information/shingrix-epar-product-information_es.pdf
10. Ministerio de Sanidad. Preguntas y respuestas HERPES ZÓSTER. Poblacion general [Internet]. Disponible en: https://www.sanidad.gob.es/areas/promocionPrevencion/vacunaciones/programasDeVacunacion/docs/Herpes_Zoster_PreguntasYrespuestas.pdf
11. Consejo Interterritorial Sistema Nacional de Salud. VACUNACIÓN ESPECÍFICA EN PERSONAS ADULTAS (≥18 AÑOS) CON CONDICIONES DE RIESGO 2022 [Internet]. 2022. Disponible en: https://www.sanidad.gob.es/areas/promocionPrevencion/vacunaciones/calendario/calendario/docs/CalendarioVacunacion_GRadultos_2022.pdf
12. Consejo Interterritorial Sistema Nacional de Salud. CALENDARIO COMÚN DE VACUNACIÓN A LO LARGO DE TODA LA VIDA 2023 [Internet]. 2022. Disponible en: https://www.sanidad.gob.es/areas/promocionPrevencion/vacunaciones/calendario/calendario/docs/CalendarioVacunacion_Todalavida_2023.pdf
13. Ponencia de Programa y Registro de Vacunaciones 2020. Recomendaciones de vacunación frente a herpes zóster [Internet]. 2021. Disponible en: https://www.sanidad.gob.es/areas/promocionPrevencion/vacunaciones/programasDeVacunacion/docs/HerpesZoster_RecomendacionesVacunacion.pdf
14. Ministerio de Sanidad. OBJETIVOS PROGRAMAS DE VACUNACIÓN [Internet]. 2023. Disponible en: https://www.sanidad.gob.es/areas/promocionPrevencion/vacunaciones/coberturas/docs/Objetivos_vacunacion_2025.pdf


15. Ministerio de Sanidad; CNE. Encuesta Hospitalaria de pacientes con infección por el VIH [Internet]. 2024. Disponible en: https://www.sanidad.gob.es/ciudadanos/enfLesiones/enfTransmisibles/sida/vigilancia/docs/Informe_Encuesta_hospitalaria_2009_2024.pdf
16. ECDC E. Surveillance of Varicella and Herpes Zoster in Europe [Internet]. 2010. Disponible en: https://www.ecdc.europa.eu/sites/default/files/media/en/publications/Publications/varicella_zoster_report_2009_euvacnet.pdf
17. Masa-Calles J, López-Perea N, Cordero BV, Carmona R. Vigilancia y epidemiología del Herpes Zóster en España: e202106088. *Revista Española de Salud Pública*. 2021;95:13 páginas-13 páginas.
18. Morant-Talamante N, Díez-Domingo J, Martínez-Úbeda S, Puig-Barberá J, Alemán-Sánchez S, Pérez-Breva L. Herpes zoster surveillance using electronic databases in the Valencian Community (Spain). *BMC Infect Dis*. 2013;13:463. doi:10.1186/1471-2334-13-463 PubMed PMID: 24094135; PubMed Central PMCID: PMC3851452.
19. INE. Poyecciones de Población.Años 2024-2074 [Internet]. 2024. Disponible en: <https://www.ine.es/dyngs/Prensa/PROP20242074.htm>
20. European Commission. Revision of the European Standard Population - 2013 edition [Internet]. [citado 20 de noviembre de 2025]. Disponible en: <https://ec.europa.eu/eurostat/web/products-manuals-and-guidelines/-/ks-ra-13-028>
21. Fay MP, Tiwari RC, Feuer EJ, Zou Z. Estimating Average Annual Percent Change for Disease Rates without Assuming Constant Change. *Biometrics*. 2006;62(3):847-54. doi:10.1111/j.1541-0420.2006.00528.x
22. Pinchinat S, Cebrián-Cuenca AM, Bricout H, Johnson RW. Similar herpes zoster incidence across Europe: results from a systematic literature review. *BMC Infect Dis*. 2013;13:170. doi:10.1186/1471-2334-13-170 PubMed PMID: 23574765; PubMed Central PMCID: PMC3637114.
23. Cho H, Choe YJ, Shin JY, Choi B. Age-group differential trends in the incidence of herpes zoster during 2010–2024 using Korean national healthcare claim data. *Human Vaccines & Immunotherapeutics*. 2026;22. doi:10.1080/21645515.2026.2670855
24. Correcher-Martínez E, López-Lacort M, Muñoz-Quiles C, Díez-Domingo J, Orrico-Sánchez A. Risk of herpes zoster in adults with SARS-CoV-2 infection in Spain: A population-based, retrospective cohort study. *Int J Infect Dis*. 2024;143:107037. doi:10.1016/j.ijid.2024.107037 PubMed PMID: 38575055.
25. Juutinen A, Salo H, Lehtonen T, Leino T. Herpes zoster incidence in adults aged ≥20 years in Finland, 2015 to 2023: a population-based register study. *Euro Surveill*. 2025;30(35):2500077. doi:10.2807/1560-7917.ES.2025.30.35.2500077 PubMed PMID: 40910227; PubMed Central PMCID: PMC12413605.
26. Rząd M, Kanecki K, Lewtak K, Tyszko P, Gorynski P, Nitsch-Osuch A. Hospitalizations of patients with herpes zoster in Poland during 2012–2021: A population-based study. *Vaccine*. 2024;42(8):1928-33. doi:10.1016/j.vaccine.2024.02.022 PubMed PMID: 38368221.
27. Hillebrand K, Bricout H, Schulze-Rath R, Schink T, Garbe E. Incidence of herpes zoster and its complications in Germany, 2005–2009. *J Infect*. 2015;70(2):178-86. doi:10.1016/j.jinf.2014.08.018 PubMed PMID: 25230396.
28. Emery P, Solem C, Majer I, Cappelleri JC, Tarallo M. A European chart review study on early rheumatoid arthritis treatment patterns, clinical outcomes, and healthcare utilization. *Rheumatol Int*. 2015;35(11):1837-49. doi:10.1007/s00296-015-3312-3 PubMed PMID: 26164150.
29. Risco Risco C, Herrador Z, Lopez-Perea N, Martínez-Urbistondo D, Del Villar Carrero RS, Masa-Calles J. Epidemiology of Herpes Zoster in the pre-vaccination era: establishing the baseline for vaccination programme's impact in Spain. *Euro Surveill*. 2023;28(8):2200390. doi:10.2807/1560-7917.ES.2023.28.8.2200390 PubMed PMID: 36820639; PubMed Central PMCID: PMC9951257.
30. Corcuera-Munguía M, Gil-Prieto R, García-Carretero R, Gil-de-Miguel A. Hospitalization Burden Related to Herpes Zoster Infection in Spain (2016–2019). *Infect Dis Ther*. 2023;12(1):143-56. doi:10.1007/s40121-022-00717-6 PubMed PMID: 36348228; PubMed Central PMCID: PMC9868224.
31. Ministerio de Sanidad. Informe de Evolución Cobertura Vacunación Herpes Zóster [Internet]. 2022. Disponible en: <https://pestadistico.inteligenciadegestion.sanidad.gob.es/publicoSNS/I/sivamin/informe-de-evolucion-de-coberturas-de-vacunacion-por-vacuna>

Enfermedad invasiva por *Haemophilus influenzae*. España 2024

Invasive *Haemophilus influenzae* disease. Spain 2024

María de Viarce Torres de Mier^{1,2}  0000-0002-4738-5791

Josefa Masa-Calles^{1,2}  0000-0002-2725-417X

Rosa Cano Portero^{1,2}  0009-0000-7132-6348

¹Instituto de Salud Carlos III, Centro Nacional de Epidemiología. Madrid, España.

²Centro de Investigación Biomédica en red Epidemiología y Salud Pública CIBERESP, España

Correspondencia

María de Viarce Torres de Mier
mvtorres@isciii.es

Contribuciones de autoría

Todos los autores han leído y están de acuerdo con la publicación de la última versión.

Agradecimientos

A las personas que trabajan en los distintos niveles de la Red Nacional de Vigilancia Epidemiológica mejorando día a día la notificación de los casos, a las que trabajan en el Laboratorio Nacional de Referencia y otros Laboratorios, a las que trabajan en la evaluación continua de los programas de vacunación y a las que participan en la evaluación de las nuevas vacunas, posibilitando nuevas estrategias.

Financiación

Este trabajo no ha recibido financiación externa.

Conflicto de intereses

Los autores declaran no tener conflicto de intereses

Cita sugerida

Torres de Mier MV, Masa-Calles J, Cano-Portero R. Enfermedad invasiva por *Haemophilus influenzae*. España 2024. Boletín Epidemiológico Semanal. 2026;34(2):86-99. doi: 10.4321/s2173-92772026000200005

Resumen

Introducción: Descripción del análisis epidemiológico de la enfermedad invasiva por *Haemophilus influenzae* (EIH) en España durante 2024 y su comparación respecto a años previos (2015-2023).

Método: Análisis epidemiológico descriptivo de los casos de EIH notificados a la Red Nacional de Vigilancia Epidemiológica (RENAVE) en 2024. Las variables analizadas fueron: sexo, grupo de edad, fecha de inicio de síntomas, comunidad o ciudad autónoma que notifica, defunción, manifestación clínica y serotipo.

Resultados: En 2024 se notificaron 769 casos de EIH (54% hombres) con una tasa de incidencia acumulada de 1,58 (IA: casos por 100.000 habitantes). Siguió un patrón de presentación estacional, con un mayor número de casos de EIH en otoño e invierno. Las mayores tasas de incidencia se observaron en menores de 1 año y en la población de 85 y más años. La manifestación clínica más frecuente fue la neumonía bacteriémica (49,0% de los casos). El 83,7% de las defunciones ocurrieron mayores de 65 años. Se desconoce el serotipo en el 63,3% de los casos de EIH notificados.

Discusión: En 2024 se registró la mayor incidencia acumulada de los últimos 10 años. La mejora de la notificación de los datos de caracterización microbiológica es crucial para llevar a cabo la vigilancia de esta enfermedad y para la evaluación del programa de vacunación.

Palabras clave: Enfermedad invasiva por *Haemophilus influenzae*; *Haemophilus influenzae*; España; Análisis epidemiológico; 2024

Abstract

Introduction: Epidemiological analysis of invasive *Haemophilus influenzae* disease (IHD) in Spain during 2024 and its comparison with previous years (2015-2023).

Method: Descriptive epidemiological analysis of IHD cases reported to the National Epidemiological Surveillance Network (RENAVE) in 2024. The variables analyzed were: sex, age group, date of onset of symptoms, reporting region, death, clinical manifestation, and serotype.

Results: In 2024, 769 cases of HIE were reported (54% men) with a cumulative incidence rate of 1.58 (number of cases per 100,000 inhabitants). The highest incidence rates in 2024 were observed in children under 1 year of age and in the population aged 85 years and over. Typical seasonal pattern of this disease was observed, with a higher number of cases of HIE in autumn and winter. The most frequent clinical manifestation, regardless of age, was bacteremic pneumonia (49,0% of cases); 83.7% of deaths occurred in the 65-year-old age group. The serotype of most reported cases of HIE is unknown.

Discussion: In 2024, the highest cumulative incidence in the last 10 years was recorded. Improved reporting of microbiological characterization data is crucial for conducting surveillance of this disease and for evaluation of the vaccination program.

Keywords: Invasive disease by *Haemophilus influenzae*; *Haemophilus influenzae*; Spain; Epidemiological analysis; 2024

Abreviaturas

EIH Enfermedad invasiva por *Haemophilus influenzae*

RENAVE Red Nacional de Vigilancia Epidemiológica

NTHi Cepas no capsulares, no tipables

Hib *Haemophilus influenzae* tipo b

CISNS Consejo Interterritorial del Sistema Nacional de Salud

CCAA Comunidades autónomas y ciudades de Ceuta y Melilla

CNM Centro Nacional de Microbiología

CSP Comisión de Salud Pública

SIVIes Sistema para la Vigilancia en España

INE Instituto Nacional de Estadística

TESSy The European Surveillance System

IA Incidencia acumulada (número de casos por 100.000 habitantes en un periodo de tiempo determinado)

ECDC Centro Europeo para la Prevención y el Control de Enfermedades (European Centre for Disease Prevention and Control)

ENI Enfermedad neumocócica invasiva

CNM Centro Nacional de Microbiología

ISCIII Instituto de Salud Carlos III

INTRODUCCIÓN

Haemophilus Influenzae es un cocobacilo gramnegativo, exclusivo del ser humano, que puede ser capsulado (cepas tipables) o no capsulado (cepas no tipables o NTHi). Coloniza las mucosas (principalmente de la nasofaringe) durante varias semanas sin causar síntomas en la mayoría de los casos.

Todas las cepas (tipables y no tipables), pueden llegar a producir EIH, la cual incluye síndromes clínicos como meningitis, septicemia, epiglotitis, neumonía, artritis séptica, celulitis, osteomielitis y pericarditis. De acuerdo con la información actual, los casos de enfermedad invasiva por *H. influenzae* (EIH) se producen mayoritariamente por cepas no tipables (NTHi). EIH afecta principalmente a personas en los extremos de la edad (menores de 1 año y mayores de 65 años) así como personas inmunodeprimidas ⁽¹⁾.

Según los antígenos encontrados en las cápsulas (cepas capsulares) se pueden distinguir 6 serotipos (serotipos del a-f). *H. influenzae* tipo b (Hib) fue el responsable del 90-95% de los casos en menores de 5 años antes de la utilización generalizada de las vacunas conjugadas frente a Hib, que se introdujeron en el calendario vacunal en España en 1997 (pauta de vacunación de tres dosis indicadas a los 2, 4, 6 meses y un recuerdo a los 15-18 meses) ⁽²⁾. En 2017 se cambió la pauta de vacunación a tres dosis siendo éstas a los 2, 4 y 11 meses. El calendario común de vacunación a lo largo de toda la vida del Consejo Interterritorial del Sistema Nacional de Salud (CISNS) recomendado en 2024 mantuvo la vacunación frente a Hib a los 2, 4 y 11 meses de edad ⁽³⁾. Además, se recomienda la vacunación en determinados grupos de población con condiciones de riesgo (por ejemplo, pacientes con infección por VIH, asplenia, deficiencias del complemento, tratamiento con eculizumab o ravulizumab) ⁽⁴⁻⁵⁾.

En España la vigilancia de la EIH se estableció en 2015 con el objetivo final de reducir su incidencia en la comunidad. Las comunidades y ciudades autónomas (CCAA) notifican los casos confirmados de manera individual al Centro Nacional de Epidemiología a través de la plataforma del Sistema para la Vigilancia en España (SiViEs) de la Red Nacional de Vigilancia Epidemiológica (RENAVE)1. La RENAVE tiene entre sus funciones la recogida sistemática de la información epidemiológica, su análisis e interpretación y la difusión de los resultados. La calidad de la información de vigilancia es de vital importancia para la toma de decisiones de salud pública.

Varias CCAA incorporaron la declaración individualizada de los casos en años posteriores a 2015; la Comunidad Valenciana a partir de 2017, Murcia a partir del año 2020, Asturias y Baleares a partir de 2022. Desde el año 2022 todas las CCAA notifican sus casos de EIH a la RENAVE.

Este trabajo contiene la descripción epidemiológica de la EIH (estudio transversal descriptivo) en España durante el año 2024 y su comparación con los años anteriores (desde el 2015).

MÉTODOS

La información epidemiológica se obtuvo de los casos notificados a la RENAVE mediante la plataforma SiViEs a fecha de 10 de septiembre de 2025

Los casos declarados siguen las definiciones de caso y los criterios para su clasificación recogidos en el Protocolo de vigilancia de EIH de la RENAVE ⁽¹⁾.

Los datos de población utilizados como denominadores para el cálculo de tasas provienen del Instituto Nacional de Estadística (INE). Se han utilizado tanto para el cálculo de las tasas de incidencia acumulada por 100.000 habitantes (IA) y por CCAA, como para el detalle de edad y sexo. Para la población de 2024 se utilizó la población estimada con fecha de referencia a 1 de enero del 2024 según la operación Estadística Continua de Población publicada por el INE. Para las poblaciones anteriores a 2023, se utilizaron las poblaciones consolidadas a 1 de enero del año siguiente. Las IA anuales, ya sean nacionales, por CCAA, sexo o edad, se han calculado usando las poblaciones de aquellas CCAA que notifican casos.

En 2024 todas las CCAA que declararon los casos de EIH en la RENAVE incluyeron la información del serotipo que causó la enfermedad excepto Asturias, Cantabria, Comunidad de Madrid y Comunidad Valenciana.

Las variables analizadas fueron: edad, sexo, CCAA que notifica el caso, manifestación clínica, fecha clave, detalle de la información microbiológica del agente patógeno (serotipo), vacunación y defunción (sí o no). Se evaluó la calidad de estas variables a través del porcentaje de cumplimentación de las mismas. La variable de manifestación clínica, fue agrupada en las 8 categorías que solicita el Sistema de Vigilancia Europeo (The European Surveillance System-TESSy) como diagnóstico principal (meningitis, sepsis, meningitis y sepsis, neumonía, osteomielitis o artritis séptica, celulitis, epiglotis y otra ⁽⁶⁾).

Para la presentación de los datos en las figuras y las tablas se agregó la información de los casos en los siguientes grupos de edad: < 1 año, 1-4 años, 5-9 años, 10-39 años, 40-64 años, 65-74 años, 75-84 años, ≥ 85 años.

La información utilizada para el estudio no permite identificar a los pacientes, por lo que no se ha solicitado la revisión por ningún comité de ética al no verse comprometida la confidencialidad de los casos y garantizarse siempre su anonimato ⁽⁷⁻⁸⁾.

RESULTADOS

Calidad de los datos y limitaciones

La calidad de la información de las variables básicas (distribución geográfica, sexo, fecha de inicio de síntomas y edad) de los casos declarados fue alta.

Para el resto de las variables, el grado de exhaustividad de la información depende, entre otros, de los sistemas de información, de los protocolos diagnósticos aplicados en los servicios sanitarios de cada CCAA, del nivel de sospecha de la enfermedad por el personal sanitario y de los recursos y prioridades existentes en cada CCAA para la vigilancia de las enfermedades (Tabla 2). La Tabla 1 muestra el porcentaje de cumplimentación de las variables más importantes.

Tabla 1. Calidad de la información individualizada de casos de enfermedad invasiva por *H. influenzae* (en %). España, 2024

Cumplimentación de cada Variable (en %)	2022	2023	2024	Diferencia en el % de cumplimentación (2024-2023)
CCAA que notifica el caso	100,0%	100,0%	100,0%	
Fecha de inicio de síntomas (Fecha clave)	100,0%	100,0%	100,0%	
Edad	100,0%	100,0%	100,0%	
Sexo	100,0%	99,9%	99,9%	
Manifestación clínica	35,2%	60,5%	72,3%	+ 16,3%
Defunción	54,3%	56,1%	58,4%	+ 3,9%
Vacunación	38,8%	31,8%	47,1%	+ 32,5%
Serotipo	20,0%	27,0%	36,7%	+ 26,4%

Fuente: Red Nacional de Vigilancia Epidemiológica.

Tabla 2. Calidad de la información individualizada de casos de enfermedad in vasiva por *H. influenzae* por Comunidad Autónoma (en %), 2024

Comunidad Autónoma	Cumplimentación de la variable (en %)					
	Casos	Manifestación clínica	Defunción	Serotipo	Vacunación	Media
Melilla	1	100,0%	100,0%	100,0%	100,0%	> 90%
Murcia	22	100,0%	100,0%	77,3%	100,0%	
País Vasco	34	100,0%	100,0%	67,6%	97,1%	
Extremadura	18	94,4%	100,0%	66,7%	100,0%	
La Rioja	8	100,0%	100,0%	50,0%	100,0%	75% -90%
Castilla La Mancha	31	100,0%	100,0%	48,4%	100,0%	
Aragón	29	96,6%	93,1%	58,6%	93,1%	
Navarra	11	90,9%	90,9%	63,6%	90,9%	
Canarias	14	92,9%	100,0%	50,0%	50,0%	50% -75%
C Valenciana	93	100,0%	100,0%	0,0%	88,2%	
Castilla y León	44	0,0%	95,5%	72,7%	100,0%	
Andalucía	113	100,0%	98,2%	15,9%	47,8%	
Baleares, Illes	19	26,3%	100,0%	73,7%	57,9%	
Asturias	15	0,0%	93,3%	0,0%	93,3%	< 50%
Cataluña	190	100,0%	3,2%	47,9%	3,2%	
Cantabria	6	0,0%	100,0%	0,0%	0,0%	
Galicia	59	0,0%	0,0%	49,2%	0,0%	
Madrid	74	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	
Ceuta	0	-	-	-	-	No aplica

Fuente: Red Nacional de Vigilancia Epidemiológica

Situación epidemiológica

Distribución temporal y geográfica

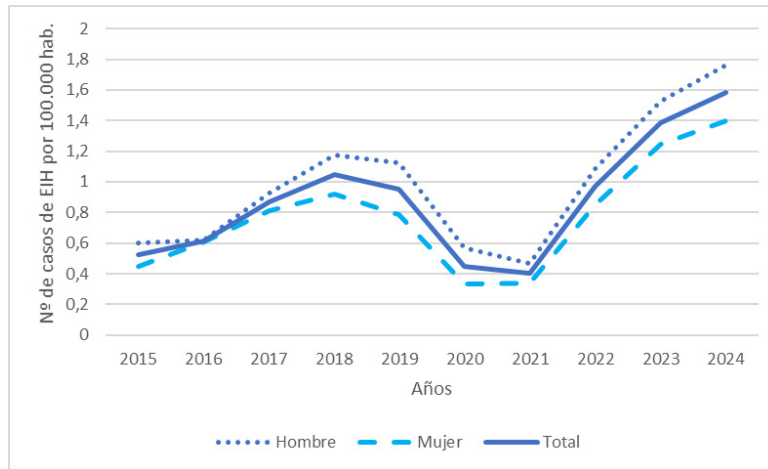
En el año 2024 se notificaron 769 casos de EIH con una IA de 1,58. El 54% de los casos fueron en hombres (421 casos en hombres, IA de 1,77) y 347 casos en mujeres (IA de 1,40). En un caso no se facilitó esta información, pero fue incluido en el análisis. Se notificaron 4 casos importados que se excluyeron del análisis.

Durante todo el periodo (2015 a 2024) se notificaron un total de 3.965 casos de EIH (14 casos importados se excluyeron del análisis).

La EIH muestra una tendencia creciente desde la temporada 2015 hasta la temporada 2018, tanto en hombres como en mujeres. La IA en 2019 disminuyó ligeramente y se produjo un descenso acusado en los años 2020 y 2021, años pandémicos. En el año 2022 se observó un aumento de la IA y se alcanzó la cifra de los años prepandémicos. En el 2024 la IA superó las IA de años prepandémicos. A lo largo de todo el periodo analizado (2015 a 2024) la IA en hombres fue superior a la IA en mujeres (Figura 1).

La Figura 2 muestra la IA de las CCAA durante el año 2024. La tabla 3 compara la IA de 2024 de cada una de las CCAA respecto a los años previos. El incremento en la IA global se ha visto reflejado en la mayoría de las CCAA. Sólo Cantabria, Murcia, y, en menor medida: Navarra, Canarias y C Valenciana registra una menor IA con respecto a 2023.

Figura 1. Tasa de incidencia acumulada por sexo de enfermedad invasiva por *Haemophilus influenzae*. España, 2015-2024



Fuente: Red Nacional Vigilancia Epidemiológica

Figura 2. Número de casos de la enfermedad invasiva por *H. influenzae* por 100.000 habitantes por Comunidad Autónoma, 2024.

Vigilancia de enfermedad invasora por haemophilus influenzae. España, 2024.
 Tasas de incidencia por comunidades autónomas.



Fuente: Red Nacional de Vigilancia Epidemiológica

Tabla 3. Comparación tasa incidencia acumulada (casos por 100.000 habitantes) de la enfermedad invasiva por *H. influenzae* por Comunidad Autónoma: 2022, 2023 y 2024

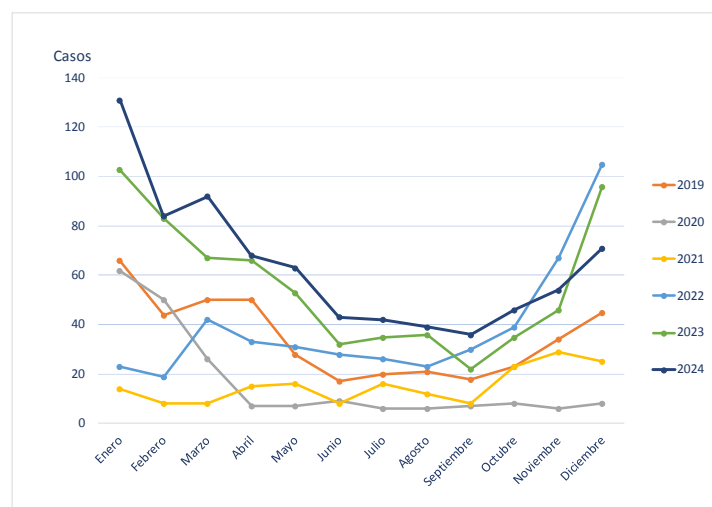
Comunidad Autónoma	IA 2022	IA 2023	IA 2024	Porcentaje de cambio IA (2024-2023)
Cantabria	1,70	1,86	1,02	-83,2%
Murcia	1,35	2,49	1,40	-77,2%
Canarias	0,72	0,76	0,63	-21,6%
Navarra	1,49	1,92	1,62	-18,2%
C Valenciana	1,44	1,79	1,64	-09,3%
Extremadura	0,95	1,80	1,71	-05,7%
Asturias	1,09	1,49	1,49	00,0%
Castilla La Mancha	0,72	1,38	1,47	+06,3%
Cataluña	1,04	2,11	2,36	+10,7%
País Vasco	1,08	1,26	1,53	+17,6%
Andalucía	0,56	1,06	1,31	+19,4%
Madrid	0,77	0,70	0,98	+28,9%
Balears, Illes	1,24	1,06	1,54	+31,6%
Galicia	1,33	1,40	2,18	+35,6%
La Rioja	1,24	1,54	2,47	+37,5%
Castilla y León	0,50	1,13	1,84	+38,6%
Aragón	1,79	1,11	2,15	+48,2%
Ceuta	0,00	1,20	0,00	-
Melilla	0,00	0,00	1,16	-
Total general	0,97	1,39	1,58	+12,3%

Nota: La Incidencia acumulada (IA) no ha sido estandarizada.
 Fuente: Red Nacional de Vigilancia Epidemiológica

Estacionalidad de los casos

La Figura 3 muestra la estacionalidad de los casos de EIH durante los últimos 6 años (Figura 3). Ya en 2023 se recuperó la estacionalidad típica de la enfermedad que se caracteriza por la disminución de casos en los meses de primavera y verano (de la semana 12 a la 38) y aumento en otoño e invierno (de la semana 39 a la semana 11). Semejante patrón se observa en 2024

Figura 3. Casos de enfermedad invasiva por *H. influenzae* en función del mes de inicio de síntomas. España 2019 - 2024.



Fuente: Red Nacional de Vigilancia Epidemiológica

Características de los casos

La tabla 4 y la figura 4 muestran la evolución de la IA en función del grupo de edad. Los grupos de edad con las mayores IA son las edades extremas de la vida: ≥ 85 años (IA de 8,70) y menores de 1 año (IA de 8,68).

La IA de 2024 disminuyó respecto a 2023 en los grupos de edad de < de 1 año, y, especialmente entre 1 a 4 años y de 5 a 9 años. En el resto de los grupos de edad, la IA aumentó frente al año anterior.

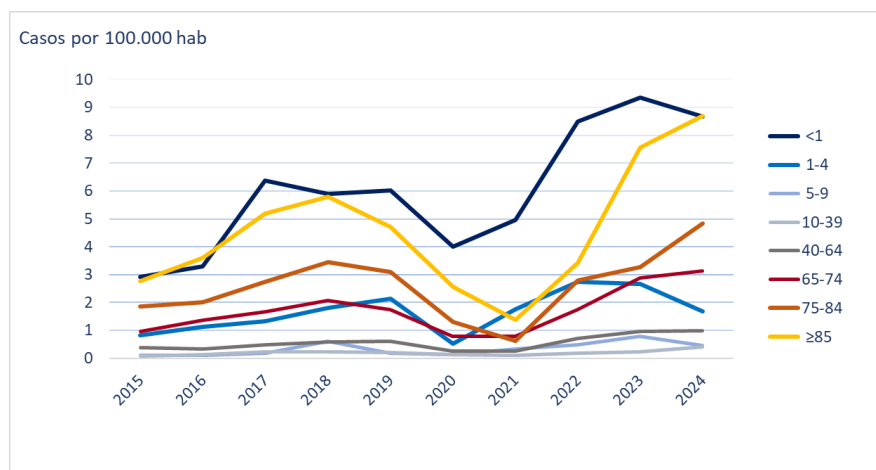
Las IA en todos los grupos de edad fueron superiores a la incidencia preandémica salvo 1 a 4 años y de 5 a 9 años.

Tabla 4. Comparación de la tasa incidencia acumulada de la enfermedad invasiva por *H. influenzae* por grupo de edad. España, 2022, 2023 y 2024

	2022	2023	2024	Porcentaje de cambio IA (2024-2023)
Menor de 1 año	8,49	9,37	8,68	- 07,9%
de 1 a 4 años	2,75	2,68	1,69	-58,7%
de 5 a 9 años	0,50	0,77	0,46	-70,2%
de 10 a 39 años	0,17	0,24	0,41	+ 40,9%
de 40 a 64 años	0,71	0,95	1,00	+ 04,3%
de 65 a 74 años	1,73	2,88	3,14	+ 08,2%
de 75 a 84 años	2,80	3,28	4,84	+ 32,3%
≥ 85 años	3,43	7,57	8,70	+ 13,1%

Fuente: Red Nacional de Vigilancia Epidemiológica

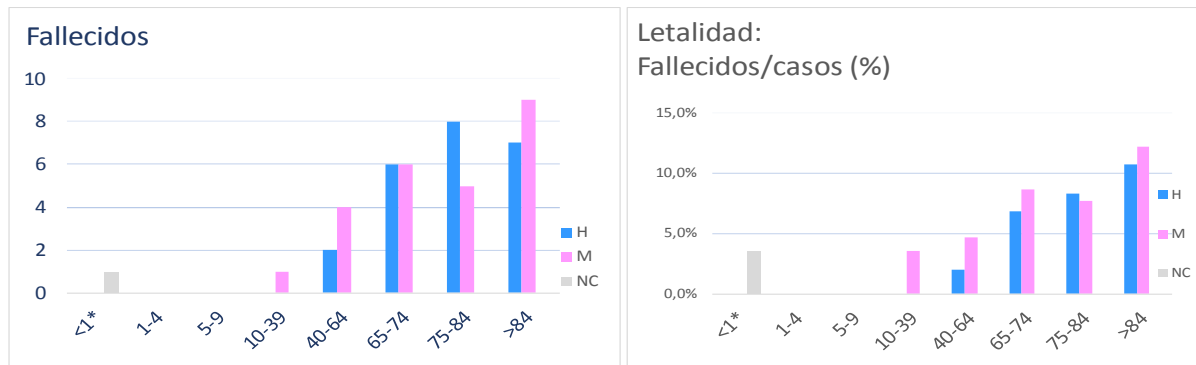
Figura 4. Casos por 100.000 habitantes de enfermedad invasiva por *H. influenzae* por grupo de edad. España, 2015 - 2024.



Fuente: Red Nacional de Vigilancia Epidemiológica

En el año 2024 se notificaron un total de 49 defunciones por EIH (23 en hombres, 25 en mujeres y 1 defunción en un recién nacido de quién no se informó su sexo). La Figura 5 muestra el número de defunciones notificadas por grupo de edad. La gran mayoría de las defunciones se produjeron en los grupos de mayor edad; 41 defunciones a partir de los 65 años, lo que constituyen el 83,7% del total de fallecidos. Al igual que el número de defunciones, también la letalidad aumenta conforme aumenta la edad de los casos: 1,5% en el grupo de edad 10-39 años, 3,3% en el grupo de edad de 10-64 años, 7,6% entre 65-74 años, 8,1% en 75-84 años y 11,5% entre los mayores de 84 años.

Figura 5. Defunciones y letalidad por enfermedad invasiva por *H. influenzae* por grupo de edad notificadas a la RENAVE. España, 2024



*<1 año: recién nacido fallecido por *H. influenzae* sin información sobre sexo.

Fuente: Red Nacional de Vigilancia Epidemiológica

Manifestación clínica de los casos

En el año 2024, se notificó la manifestación clínica en el 72,3% de los casos totales. La manifestación más frecuente fue la neumonía bacteriémica (49,0%) seguida de la meningitis (15,9%) y sepsis (14,2%). La Tabla 5 compara el porcentaje de las manifestaciones clínicas principales de los casos de EIH únicamente con los últimos 4 años (2021 a 2024).

Tabla 5. Distribución de las principales manifestaciones clínicas notificadas de enfermedad invasiva por *H. influenzae*, España 2021-2024.

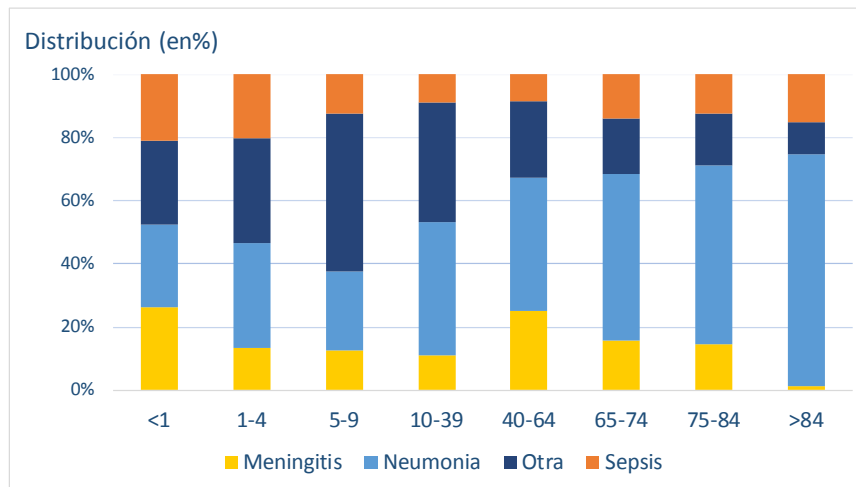
Manifestación Clínica	2021	2022	2023	2024
Neumonía	33,3%	45,7%	46,1%	49,0%
Sepsis	35,9%	28,7%	20,6%	14,2%
Meningitis	11,5%	12,2%	13,5%	15,9%
Meningitis, Sepsis	1,3%	1,2%	1,0%	0,0%
Otra	17,9%	12,2%	18,9%	20,9%
Total	100,0%	100,0%	100,0%	100,0%

Fuente: Red Nacional de Vigilancia Epidemiológica

La Figura 6 muestra los porcentajes de las manifestaciones clínicas principales en cada grupo de edad. La meningitis supone el 26,3% de las manifestaciones clínicas en menores de 1 año. Y, la proporción se mantiene entre el 11,1% y el 25,3% en todos los grupos de edad con excepción de los más mayores, pues las meningitis por EIH apenas alcanza el 1,3% de los diagnósticos de EIH en mayores de 84 años.

Y, al revés, conforme aumenta la edad, aumenta la proporción de neumonía debida a EIH. Y así, entre los menores de 1 año representa el 26,3%, y entre los mayores de 84 años supone el 73,4% de todos los diagnósticos conocidos por EIH.

Figura 6. Distribución de manifestaciones clínicas principales de la enfermedad invasiva por *H. influenzae* por grupo de edad. España, 2024.

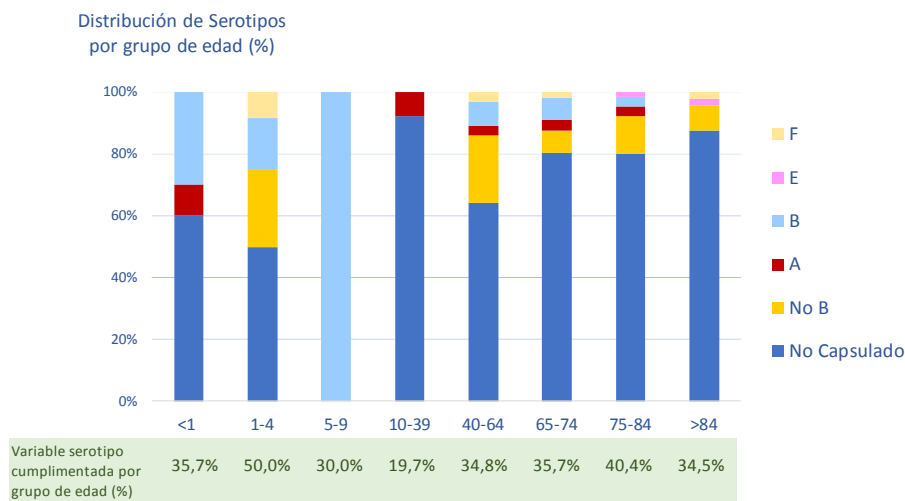


Fuente: Red Nacional de Vigilancia Epidemiológica

Información microbiológica del agente patógeno

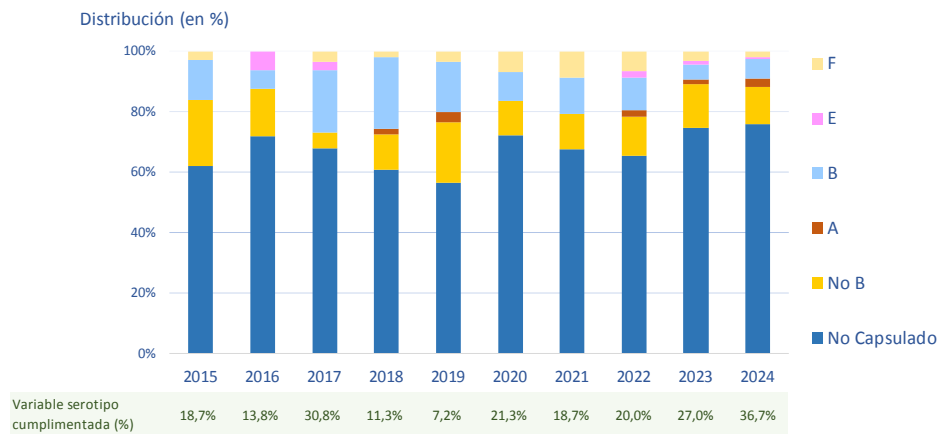
Durante el año 2024 se informó el serotipo que causó la enfermedad únicamente en el 36,7% de los casos. La Figura 7 muestra la distribución de serotipos por grupo de edad y la Figura 8 muestra la evolución de los serotipos anuales notificados en la RENAVE a lo largo del periodo 2015-2024. El serotipo más frecuente en el año 2024 fue el serotipo no capsular (76,0%, 206 casos) seguido de los casos en los que únicamente se descartó el serotipo b (12,2%, 33 casos).

Figura 7. Distribución de serotipos notificados causantes de enfermedad invasiva por *H. influenzae* por grupo de edad. España, 2024.



Fuente: Red Nacional de Vigilancia Epidemiológica

Figura 8. Distribución de serotipos notificados causantes de enfermedad invasiva por *H. influenzae*. España, 2015-2024.



Fuente: Red Nacional de Vigilancia Epidemiológica

DISCUSIÓN

La notificación de las variables sociodemográficas (edad, sexo, fecha de inicio de síntomas y comunidad autónoma) se considera plenamente consolidada (100% de cumplimentación en todas las comunidades autónomas)

Por otro lado, aunque mejoró el grado de cumplimentación de otras variables esenciales tales como vacunación (+32,5%), serotipo (+26,4%) manifestación clínica (+16,3%) y defunción (+3,9%) frente al año 2023, en general, continúa siendo baja y muy desigual entre las distintas comunidades autónomas. Esto supone una limitación para el análisis y dificulta la adecuada monitorización del programa de vacunación.

Durante el año 2024 se notificaron un total de 769 casos de EIH, con una IA de 1,58 por 100.000 habitantes, superando en un 12,3% la IA de 2023 (1,39) y en un 39,6% la IA prepandémica de 2019 (0,95).

Tal y como ya ocurriera en 2023, la presentación de la enfermedad en 2024 siguió el patrón estacional típico de la enfermedad, con un mayor número de casos de EIH en otoño e invierno y un descenso en los meses de primavera y verano. Este mismo patrón estacional lo observamos en la enfermedad neumocócica invasiva favorecido probablemente por la mayor circulación de diferentes patógenos respiratorios tales como gripe o virus respiratorio sincitial durante los meses de invierno⁽⁹⁻¹¹⁾.

La IA en 2024 aumentó un 12,3% en términos generales frente a 2023. Sin embargo, en los grupos de edad de 5 a 9 años, de 1 a 4 años y en menores de 1 año se registró menor IA que el año previo (-70,2%, -58,7% y -7,9% respectivamente). En el resto de los grupos de edad, se produjo un incremento en la IA, sobre todo en el grupo de edad de 10 a 14 años (+40,9%) y de 75 a 84 años (+32,3%)⁽¹²⁾.

En 2024, la IA continúa siendo superior en hombres que en mujeres (1,77 versus 1,40) y los grupos de edad más afectados continúan siendo los extremos de la vida: menores de 1 año (IA 8,68) y ≥85 años (IA: 8,70). Por el contrario, los grupos de edad menos afectados, son los comprendidos entre los 5 y los 65 años (con IA≤1 en todos los grupos de edad)

El incremento de los casos de enfermedad invasiva por *H. influenzae* en el grupo de 75 a 84 años y mayores de 85 años en comparación con 2022 y 2023 puede estar relacionado con varios factores. La pandemia de COVID-19 y las restricciones asociadas, como el distanciamiento social y el uso de mascarillas disminuyeron la circulación y la exposición a diversos patógenos respiratorios. Por último, en el caso de este grupo de edad, se suma el deterioro del sistema inmunitario por envejecimiento

(inmunosenescencia). Todos estos factores pueden resultar en un mayor riesgo de esta población para desarrollar la enfermedad ⁽¹³⁾.

La manifestación clínica del diagnóstico principal más frecuente fue la neumonía bacteriémica (un 49,0% de los casos), seguida de meningitis (15,9% de los casos) y sepsis (un 14,2% de los casos). De acuerdo con el último informe de los European Center for Disease Prevention and Control (ECDC) que recoge información relativa al año 2023, las manifestaciones clínicas más frecuentes fueron neumonía bacteriémica (25%), seguido de septicemia (23%) y meningitis (13%) ⁽¹⁴⁾.

Salvo el fallecimiento de un recién nacido, la gran mayoría de las defunciones se produjeron en los grupos de mayor edad. El 83,7 % de las defunciones se produjeron en el grupo de edad de 65 y más años. Este porcentaje es similar al obtenido en el año 2022 (82,3%) y al año 2023 (80,4 %) ^(11,12).

A pesar de que las cepas no capsulares se asocian con menor capacidad invasiva, los datos actuales en España y en concordancia con varios países europeos, indican que la enfermedad invasiva es mayoritariamente ocasionada por estas cepas ⁽¹⁵⁾. En 2024, en los casos en los que se dispone de la información del serotipo, el 76,0% fue ocasionado por cepas no capsuladas (similar al año anterior: 74,7% en 2023). El desarrollo de vacunas eficaces frente a estas cepas tiene cada vez más relevancia en el avance de la prevención de esta enfermedad.

Respecto a los serotipos capsulares, en 2024 se notificaron 4 tipos de serotipos: serotipo a (en un 3,0%), b (en un 6,3%), e (en un 0,7%) y f (en un 1,8%) siendo el resto de los serotipos identificados serotipo “no b” (12,2%).

En relación a los casos notificados por serotipo b, relevantes para la evaluación del programa de vacunación, de los 17 casos notificados en 2024 por serotipo b, 11 eran mayores de 40 años y no habían sido vacunados y otro tenía 4 meses y tampoco estaba vacunado. De los cinco restantes, con edades comprendidas entre los 8 meses y 7 años, cuatro estaban vacunados. El hecho de que se produzcan infecciones en niños parcial o, incluso totalmente vacunados destaca la necesidad de una evaluación continua de la eficacia de la vacuna y del periodo de protección a fin de garantizar una protección óptima en los grupos de edad más vulnerables.

La gran proporción de casos en los que el serotipo causante de la enfermedad es desconocido fue muy elevado (64%), por lo que el análisis del serotipo debe interpretarse con precaución. Es importante tener en cuenta que las coberturas de vacunación nacionales publicadas por el Ministerio de Sanidad en 2024 fueron muy elevadas: la cobertura de primovacunación frente a *H. influenzae* tipo b, con dos dosis fue del 97,97 % y la cobertura de una dosis de recuerdo fue del 95,33% ⁽¹⁶⁾. Estas cifras son superiores a la cobertura media de vacunación para los países de la UE/EEA (93%) ⁽¹⁴⁾.

En España, en línea con lo que está sucediendo en el resto de los países la UE/EEA, continúa aumentando el número de casos de enfermedad invasiva por *Haemophilus influenzae* que, ya desde 2022 superan los niveles prepandémicos. El ECDC alerta de que, mientras la notificación del serotipo b está estabilizado, aumenta la presencia y la relevancia de las cepas no capsuladas y no b ⁽¹⁷⁻¹⁹⁾. El reemplazo de serotipos subraya la naturaleza adaptable de la epidemiología de la enfermedad causada por *H. influenzae* tras la introducción de la vacuna frente a Hib ⁽²⁰⁻²¹⁾.

En España, de manera global, se conoce el serotipo en el 22,4% de todos los casos de EIH notificados en los últimos 10 años. Aunque esta cifra está mejorando y, en el último año alcanzó el 36,7%, no la suficiente calidad para mejorar el análisis.

Únicamente la calidad y exhaustividad en los datos de vigilancia permitirá un análisis que se ajuste cada vez más a la realidad, imprescindible tanto para evaluar los programas de vacunación, así como para el desarrollo de futuras vacunas que incluyan un espectro más amplio de cepas de *H. influenzae* ⁽²²⁻²³⁾. El período posterior a la pandemia pone de relieve la interacción entre población vulnerable, así como los cambios en el comportamiento y la dinámica de los patógenos. Todo ello refuerza la necesidad de políticas de vacunación flexibles e inclusivas y adaptables a los cambios del patrón epidemiológico de la enfermedad.

BIBLIOGRAFÍA

1. Centro Nacional de Epidemiología. Instituto de Salud Carlos III. Red Nacional de Vigilancia Epidemiológica. Protocolos de la Red Nacional de Vigilancia Epidemiológica. Madrid, 2013. <https://cne.isciii.es/documents/d/cne/protocolo-de-vigilancia-de-enfermedad-invasora-por-haemophilus-influenzae-pdf> [consultado el 20 de enero de 2026]
2. Limia Sánchez A, Olmedo Lucerón C, Soler Soneira M, Cantero Gudino E, Sánchez-Cambronero Cejudo L. Ponenencia de Programa y Registro de Vacunaciones y evolución del calendario de vacunación en España [Committee for Immunization Programme and Registry and changes in the National Immunization Programme in Spain]. *Rev Esp Salud Publica*. 2020;94:e202003018. Published 2020 Mar 11.4.
3. Ministerio de Sanidad. Calendario común de vacunación a lo largo de toda la vida. Calendario recomendado año 2026. Consejo Interterritorial del Sistema Nacional de Salud. [https://www.sanidad.gob.es/areas/promocionPrevencion/vacunaciones/calendario/docs/CalendarioVacunacion_Todalavida.pdf]
4. Ministerio de Sanidad. Vacunación específica en personas adultas (≥ 18 años) con condiciones de riesgo. Consejo Interterritorial del Sistema Nacional de Salud. Calendario recomendado año 2026. [https://www.sanidad.gob.es/areas/promocionPrevencion/vacunaciones/calendario/docs/CalendarioVacunacion_GRadultos.pdf]
5. Ministerio de Sanidad. Vacunación específica en menores y adolescentes (< 18 años) con condiciones de riesgo. Consejo Interterritorial del Sistema Nacional de Salud. Calendario recomendado año 2026. [https://www.sanidad.gob.es/areas/promocionPrevencion/vacunaciones/calendario/docs/CalendarioVacunacion_GRinfantil.pdf]
6. European Centre for Disease Prevention and Control. TESS y metadata report. <https://www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/tessy-metadata-report>
7. Council of the European Union. (2016). Position of the Council at first reading with a view to the adoption of a Regulation of the European Parliament and of the Council on the protection of natural persons with regard to the processing of personal data and on the free movement of such data, and repealing Directive 95/46/EC (General Data Protection Regulation). Official Journal of the European Union.
8. España. (2018). Ley Orgánica 3/2018, de 5 de diciembre, de Protección de Datos Personales y garantía de los derechos digitales. Boletín Oficial del Estado, núm. 294, de 6 de diciembre de 2018, disposición adicional decimoséptima
9. Instituto de Salud Carlos III. Vigilancia de Infección Respiratoria Aguda: gripe, COVID-19 y VRS. Semana 02/2026 (del 5 de enero al 11 de enero de 2026) <https://repisalud.isciii.es/entities/publication/5287e-d3c-1b36-4173-9145-97adc5c3a17e> [consultado el 20 de enero de 2026]
10. Soler Soneira M, Granero Melcón B, Arroyo Nebreda V, Sastre García M, Amillategui Dos-Santos R, Cano Portero R. Enfermedad invasiva por *Haemophilus influenzae*. España 2021-2022. <https://revista.isciii.es/index.php/bes/article/view/1317/1645>
11. Soler-Soneira M, Granero-Melcón B, Sastre-García M, Bertrán-Pérez M, Amillategui-Dos-Santos R, Cano-Portero R. Enfermedad Neumocócica Invasiva en España en 2022. *Boletín Epidemiológico Semanal*. 2023;31(4):260-273. <https://repisalud.isciii.es/rest/api/core/bitstreams/98e0823e-6ffc-417d-a6fa-a18ca1360945/content>
12. Soler-Soneira M, Muñoz-Martinez L, Alcaide-Jimenez A, Arroyo Nebreda V, Cano Portero R. Enfermedad invasiva por *Haemophilus influenzae*. España 2023. *Boletín Epidemiológico Semanal*. 2024;32(3):137-149 <https://revista.isciii.es/index.php/bes/article/view/1397/1696>
13. Editorial. The Lancet Respiratory Medicine. Patterns of respiratory infections after COVID-19. *Lancet Respir Med*. 2024 Jan;12(1):1 <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S2213260023004721?via%3Dihub>
14. European Centre for Disease Prevention and Control. Annual Epidemiological Report for 2023 – *Haemophilus influenzae* disease. Stockholm: ECDC; July 2025 https://www.ecdc.europa.eu/sites/default/files/documents/HAEINF_AER_2023_Report.pdf
15. Allonce, J., Ahsan, M., Browne, A., Witherell, R., & Rasnake, M. (2024). Changing Landscape of *Haemophilus influenzae* Meningitis and Implication on Public Health. *Case reports in infectious diseases*, 2024, 5571104. <https://doi.org/10.1155/2024/5571104>
16. Ministerio de Sanidad. Sistema de Información de Vacunaciones (SIVAMIN) Disponible en: <https://pestadistico.inteligenciadegestion.sanidad.gob.es/publicoSNS/I/sivamin/sivamin>
17. Kastrin T, Paragi M, Kolman J, Cizman M, Kraigher A, Gubina M. Characterisation of invasive *Haemophilus influenzae* isolates in Slovenia, 1993–2008. *Eur J Clin Microbiol Infect Dis*. 2010 Jun;29(6):661–8 <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/20306323/>

18. Reilly AS, McElligott M, Mac Dermott Casement C, Drew RJ. Haemophilus influenzae type f in the post-Haemophilus influenzae type b vaccination era: a systematic review. *J Med Microbiol.* 2022;71(10). <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/36306238/>
19. Toor J, Echeverria-Londono S, Li X, Abbas K, Carter ED, Clapham HE, et al. Lives saved with vaccination for 10 pathogens across 112 countries in a pre-COVID-19 world. *eLife.* 2021 Jul 13;10:e67635. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/34253291/>
20. Whittaker R, Economopoulou A, Dias JG, Bancroft E, Ramliden M, Celentano LP. Epidemiology of invasive Haemophilus influenzae disease, Europe, 2007–2014. *Emerg Infect Dis.* 2017 Mar;23(3):396–404. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/28220749/>
21. Georges S, Lepoutre A, Dabernat H, Levy-Bruhl D. Impact of Haemophilus influenzae type b vaccination on the incidence of invasive Haemophilus influenzae disease in France, 15 years after its introduction. *Epidemiol Infect.* 2013 Sep;141(9):1787–96. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/23425638>
22. Behrouzi A, Vaziri F, Rahimi-Jamnani F, Afrough P, Rahbar M, Satarian F, Siadat SD. Vaccine candidates against nontypeable Haemophilus influenzae: a review. *Iran Biomed J.* 2017 Mar;21(2):69–76.
23. Galgani I, Annaratone M, Casula D, Di Maro G, Janssens M, Tasciotti A, Schwarz T, Ferguson M, Arora AK. Safety and immunogenicity of three doses of non-typeable Haemophilus influenzae–Moraxella catarrhalis (NTHi–Mcat) vaccine when administered according to two different schedules: a phase 2, randomised, observer-blind study. *Respir Res.* 2022;23:114. Published 2022 May 4.

Epidemiología de las infecciones respiratorias agudas en España en la temporada 2024-2025

Epidemiology of acute respiratory infections in Spain during the 2024-2025 season

Jorge Franco Herrero^{1*}

Marcos Lozano-Álvarez^{2,3,4*}  0009-0008-7769-1301

Ana María Puerto²

Francisco Pozo^{3,5}  0000-0003-1828-733X

Sonia Vázquez-Morón^{3,5}  0000-0002-0977-741X

María Iglesias Caballero^{3,5}  0000-0002-3248-4471

Carolina Wu Kohatsu⁶

Grupo SiVIRA

Red de vigilancia genómica RELECOV

Inmaculada Casas^{3,5}  0000-0003-1840-1198

Susana Monge^{2,7}  0000-0003-1412-3012

¹Hospital Universitario La Paz, Madrid

²Centro Nacional de Epidemiología, Instituto de Salud Carlos III, Madrid

³CIBERESP, Madrid

⁴Escuela Internacional de Doctorado de la UNED, Madrid

⁵Centro Nacional de Microbiología, Instituto de Salud Carlos III, Madrid

⁶Hospital de La Concepción - Fundación Jiménez Díaz, Madrid

⁷CIBERINFEC, Madrid

*Co-primeros autores

Correspondencia

Marcos Lozano Álvarez
marcos.lozano@isciii.es

Integrantes del grupo SiVIRA: Ayelén Rojas-Benedicto, Gloria Pérez-Gimeno, Olivier Núñez, Ana Roldán Garrido, Esteban Pérez Morilla, Irene Pedrosa Corral, Virtudes Gallardo García, Nicola Lorusso, Inés Guiu Cañete, Juan Pablo Alonso, Ana Milagro-Beaumont, Ana Fernández Ibáñez, Fernando Alonso Martínez, Pilar Alonso Vigil, Jaume Giménez Duran, María del Carmen López Bilbao, Marta Torres Juan, Ramón García Janer, Álvaro Luis Torres Lana, Eva Rivas Wagner, Nieves López González-Coviella, Luis Javier Vitoria Raymundo, Marta Pacheco Gorostiaga, Tomás Vega Alonso, Ana Ordax Díez, José Eugenio Lozano Alonso, Isabel Martínez Pino, Beatriz Bermejo Muñoz, M^o del Carmen Pacheco Martínez, Carmen Román Ortiz, María Ángeles Rafael de la Cruz López, Sagrario Mellado García Suelto, Luca Basile, Jacobo Mendioroz, Ana Isabel Martínez, Ana Boned, Ana Sofía Lameiras Azevedo, Empar Giner Ferrando, Miriam López, Cecilia Gordillo Romero, María del Mar Álvarez Díaz, Carmen Pazos Pacheco, María del Mar Álvarez Díaz, Santiago Vicente Iglesias, Jesús Prego Dominguez, Olaia Pérez Martínez, María Teresa Otero Barrós, Marta Pineiro Sotelo, Luis García Comas, Mercedes Rumayor, Blanca Andreu Ivorra, M^o Ángel Valcárcel de la Iglesia, Alonso Sánchez Migallón, M Dolores Chirlaque, Jesús Castilla Catalán, Liher Imaz, Pello Latasa, Patricia Sancho, Ana Carmen Ibáñez Pérez, Carmen Quiñones Rubio, Eva Martínez Ochoa, Ignacio Campo Palacio, Isabel Espejo Pérez, María Ángeles Casanova Mesa, María Dolores Barrientos Reyes, Ninoska López Berríos, Daniel Castrillejo, Atanasio Gómez Anés. Integrantes de la Red de vigilancia genómica RELECOV: Sara Sanbonmatsu Gámez, Federico García, Adolfo de Salazar, Jose A. Lepe, Santiago Melón García, Marta Elena Álvarez Argüelles, Antonio Oliver Palomo, Carla López Causapé, Ana Bordes Benítez, Eduardo Lagarejos Gonzalez, Julia Alcoba-Florez, Diego García-Martínez de Artola, Carlos Flores, Jesús Rodríguez, Jorge

Calvo Montes, Soledad Illescas, Eva Heredero, Patricia Trevisi Lannoó, Lorena Robles Fonseca, Encarna Simarro Marta Hernandez Perez, Andrés Antón, Cristina Andrés, M^o Ángeles Marcos, Elisa Martró, Jordi Càmara, Alicia Sellés, Albert Bernet, Francisco Vidal, Fernando Lázaro, Darío García de Viedma, Laura Pérez García, Pilar Catalán, Juan Carlos Galán, M. Dolores Folgueira, Ester Viedma, Nieves Gonzalo Jiménez, Fernando González-Candelas, Juan Carlos Rodríguez, Concepción Gimeno, M^o Dolores Tirado Balaguer, David Navarro, José Luis López-Hontangas, Juan Jose Camarena, Miguel Fajardo Olivares, María Carmen González Velasco, Cristina Eugenia Gaona Álvarez; Guadalupe Rodríguez Rodríguez, Antonio Aguilera Guirao, Ana Fernández González, Sonia Pérez-Castro, Miriam Blasco; María de Toro, Sergio Román Soto, Laura Moreno Parrado, Marina Simón Páez, Ana Navascués, Jose M. Marimon, Milagrosa Montes, Mikel Urrutikoetxea, Mikel Gallego.

Contribuciones de autoría

SM, FP, IC, SV y MI concibieron el diseño del estudio. ML, FP, IC, SV y MI realizaron el análisis de datos. JF escribió el primer borrador del trabajo con la colaboración de ML, AP y CWK y bajo la supervisión de SM. Todos los autores revisaron críticamente y aprobaron la versión final del manuscrito.

Agradecimientos

A todas las personas que contribuyen habitualmente en la vigilancia a través de SiVIRA incluyendo a los integrantes de la Red Nacional de Vigilancia Epidemiológica. La lista de todas las personas colaboradoras en los grupos de SiVIRA y RELECOV se pueden consultar, respectivamente, en los enlaces https://cne.isciii.es/documents/d/cne/colaboradores-sivira_2025-26 y <https://cne.isciii.es/releco>

Financiación

Este trabajo no ha recibido financiación externa.

Conflicto de intereses

Los autores no declaran ningún conflicto de interés en la redacción de este artículo.

Cita sugerida

Franco-Herrero J, Lozano-Álvarez M, Puerto AM, Pozo F, Vázquez-Morón S, Iglesias-Caballero M, Wu-Kohatsu C, Grupo SiVIRA, Red de vigilancia genómica RELECOV, Casas I, Monge S. Epidemiología de las infecciones respiratorias agudas en España en la temporada 2024-2025. *Boletín Epidemiológico Semanal*. 2026;34(2):99-124. doi: 10.4321/s2173-92772026000200006

Resumen

Introducción: El Sistema de Vigilancia de Infección Respiratoria Aguda (SiVIRA) monitoriza de forma integrada las infecciones respiratorias agudas, especialmente las causadas por gripe, COVID-19 y virus respiratorio sincitial (VRS). En este trabajo se presentan resultados durante la temporada 2024-25.

Método: Se recogieron casos que acudieron a consulta por infección respiratoria aguda en Atención Primaria (IRA) o fueron ingresados por IRA grave (IRAG), calculándose tasas de incidencia semanales ponderadas por edad, sexo y comunidad autónoma (CA). Se seleccionó una muestra representativa para el estudio microbiológico, calculándose el porcentaje de positividad a gripe, SARS-CoV-2 y VRS.

Resultados: Las tasas de IRA e IRAG presentaron su pico entre las semanas 02/2025 y 04/2025, con 803 casos/100.000 habitantes y 24,2 hospitalizaciones/100.000h., respectivamente. La epidemia gripal se desarrolló entre las semanas 50/2024 y 09/2025, con pico en la 04/2025. Predominó el tipo A (57% de casos de IRA y 90% de hospitalizados). La COVID-19 cambió su patrón temporal, con ausencia de la onda epidémica en otoño-invierno y onda conservada en primavera-verano, con pico en la semana 38/2025. Predominó inicialmente la variante BA.2.86, seguida de XFG a partir de la semana 16/2025. El VRS comenzó a incrementarse en la semana 46/2024, con pico de casos de IRA en la 51/2024 y de hospitalizaciones en la 01/2025.

Discusión: En la temporada 2024-25, la circulación de gripe, COVID-19 y VRS fue más escalonada, con ausencia de onda invernal de COVID-19. Esto resultó en tasas semanales de infección respiratoria aguda y hospitalización inferiores a temporadas previas.

Palabras clave: infección respiratoria aguda; infección respiratoria aguda grave; gripe; COVID-19; VRS; vigilancia

Abstract

Introduction: The Acute Respiratory Infection Surveillance System (SiVIRA) provides integrated monitoring of acute respiratory infections, particularly those caused by influenza, SARS-CoV-2 and respiratory syncytial virus (RSV). This work presents the results for the 2024-25 season.

Method: All cases that attended primary care for acute respiratory infection (ARI) or were admitted for severe ARI (SARI) were collected, and weekly incidence rates were calculated, weighted by age, sex and autonomous community. A representative sample was selected for microbiological study, and the percentage of positivity to influenza, SARS-CoV-2 and RSV was calculated.

Results: ARI and SARI rates peaked between weeks 02/2025 and 04/2025, with 803 cases/100,000 inhabitants and 24.2 hospitalizations/100,000 inhabitants, respectively. The influenza epidemic developed between weeks 50/2024 and 09/2025, peaking in week 04/2025. Type A predominated (57% of ARI cases and 90% of hospitalizations). COVID-19 changed its temporal pattern, with no epidemic wave in autumn-winter but a preserved spring-summer wave, peaking in week 38/2025. The BA.2.86 variant initially predominated, followed by XFG, which began to circulate from week 16/2025. RSV circulation started in week 46/2024 with ARI cases peaking in week 51/2024 and hospitalizations in week 01/2025.

Discussion: In the 2024-25 season, the circulation of influenza, SARS-CoV-2 and RSV was more staggered, with no winter wave of COVID-19. This resulted in lower weekly rates of acute respiratory infection and hospitalization than in previous seasons.

Keywords: acute respiratory infection; severe acute respiratory infection; influenza; COVID-19; RSV; surveillance

INTRODUCCIÓN

El Sistema de Vigilancia de Infección Respiratoria Aguda (SiVIRA) en España se inició en la temporada 2020-21. Desde entonces, el sistema se ha implementado progresivamente, incrementando su cobertura. El objetivo de SiVIRA es monitorizar la evolución de las infecciones respiratorias agudas, su presentación temporal y geográfica, así como su intensidad⁽¹⁻³⁾. El sistema permite describir las características epidemiológicas y microbiológicas de los virus respiratorios que las causan, especialmente gripe, SARS-CoV-2 y virus respiratorio sincitial (VRS), estimar la carga de enfermedad⁽⁴⁻⁶⁾ y la gravedad de los casos⁽⁷⁾, así como contribuir a la evaluación de la efectividad de las medidas de prevención y control, fundamentalmente vacunas y otros agentes inmunizantes, a nivel nacional⁽⁸⁻¹⁰⁾ e internacional⁽¹¹⁻¹³⁾.

A lo largo de la temporada, se elaboran informes semanales con los resultados e indicadores procedentes del sistema, que son distribuidos entre los participantes de la vigilancia SiVIRA, los responsables de Salud Pública nacionales y autonómicos, y otras autoridades sanitarias. Asimismo, la información de SiVIRA se envía semanalmente al ECDC y OMS, a través de la plataforma EpiPulse, con el objeto de contribuir a la vigilancia internacional de virus respiratorios⁽¹⁴⁾. Estos informes se publican cada jueves en la página web del Instituto de Salud Carlos III (ISCIID)⁽¹⁵⁾, de la misma forma que el informe anual elaborado al final de cada temporada⁽¹⁶⁻¹⁷⁾.

En este trabajo, se presenta un resumen de los principales resultados de la vigilancia SiVIRA desde octubre de 2024 (semana 40/2024) hasta septiembre de 2025 (semana 39/2025). Se muestra la evolución a nivel nacional de la actividad de las infecciones respiratorias agudas, así como específicamente de gripe, COVID-19 y VRS.

MÉTODOS

SiVIRA está constituido por el sistema de vigilancia de infección respiratoria aguda (IRA) en Atención Primaria (AP) y el sistema de vigilancia de infección respiratoria aguda grave (IRAG) en hospitales. La vigilancia en cualquiera de estos ámbitos tiene dos componentes: sindrómico y de selección sistemática⁽¹⁻³⁾.

El componente sindrómico consiste, en el caso de IRA, en la captación de todos los casos que acuden a consultas de AP, ya sea de carácter centinela, con profesionales sanitarios que vigilan una población representativa de la comunidad o ciudad autónoma (CA), o de forma exhaustiva, a partir de todas las consultas de AP de la CA⁽¹⁾. Estos casos se identifican mediante los códigos diagnósticos asignados a los episodios atendidos (material suplementario, Tablas S1-S3). En el caso de IRAG⁽²⁾, se captan todos los ingresos semanales debidos a infección respiratoria aguda en los hospitales participantes, identificados mediante códigos y listados de impresiones diagnósticas (material suplementario, Tablas S4-S5) y/o revisión manual de las historias clínicas.

El componente sistemático consiste, en el caso de IRA, en la selección de los primeros dos a cinco pacientes con IRA que acuden semanalmente a las consultas de AP participantes en SiVIRA, generalmente a través de una red centinela. En el caso de IRAG, consiste en la selección de todos los casos ingresados en días predefinidos de la semana (generalmente martes y/o miércoles) en los hospitales centinela. En estos pacientes, se toma una muestra respiratoria para el diagnóstico microbiológico de gripe, SARS-CoV-2 y VRS, y se recoge información epidemiológica, clínica y de vacunación e inmunización. Las muestras positivas se envían a los laboratorios designados para su caracterización virológica, incluyendo el tipado y subtipado y/o la secuenciación.

Los indicadores del sistema se calculan desde el inicio de la temporada epidemiológica, en la semana 40, hasta la semana 39 del año siguiente. A partir del componente sindrómico, el principal indicador es la tasa semanal ponderada por 100.000 habitantes, que indica el número de casos nuevos en una población definida a lo largo de una semana. Las tasas crudas (no mostradas en los resultados) corresponden al número de casos sindrómicos de IRAS o IRAG, respectivamente, notificados por semana, entre la población de referencia de los centros participantes (población vigilada). Para los indicadores de vigilancia se obtienen las tasas ponderadas, que reflejan la distribución poblacional por CCAA, sexo y grupo de edad (en tramos quinquenales excepto los grupos <1 y 1-4 años) según la estadística continua de población (ECP) del Instituto Nacional de Estadística (INE). Para ello, se calcula para cada estrato definido por semana, CCAA, sexo y edad un factor de ponderación que corresponde al inverso de la probabilidad de selección muestral (población del INE dividida entre la población vigilada), que se aplica al número de casos observados en el estrato correspondiente⁽¹⁸⁾. Las tasas ponderadas se obtienen de igual manera para síndromes gripales, sospechas de COVID-19, bronquitis y/o bronquiolitis y neumonías en AP, mediante la extracción de los códigos detallados en la Tabla S6 del material suplementario.

Del componente sistemático se deriva la proporción de muestras positivas (positividad) para gripe, SARS-CoV-2 y VRS, calculada como el número de detecciones semanales positivas de cada virus, dividida entre el número de muestras semanales analizadas para ese virus con resultado válido. La positividad se estima también por grupos de edad, si bien, debido al número más reducido de pacientes con muestra analizada, se calcula en base a grupos de edad más amplios (<1, 1-4, 5-19, 20-59, 60-69, 70-79, y mayores de 80 años). Este indicador tiene limitaciones ya que, al ser relativo, depende de qué otros patógenos causantes de IRA estén circulando en el mismo momento. Por ello, como indicador de la incidencia específica de cada patógeno, se estima **un** proxy de tasa semanal por patógeno multiplicando la tasa semanal ponderada de IRA o IRAG procedente del componente sindrómico, respectivamente, por el porcentaje de muestras positivas al patógeno correspondiente, procedente de la vigilancia sistemática. Dado que los grupos de edad para el cálculo de la positividad son más amplios que los grupos quinquenales usados en las tasas, se asume una positividad constante para todos los grupos quinquenales.

La cobertura en ambos sistemas de vigilancia se calcula como la población vigilada dividida entre la población de cada CCAA, según las cifras de la ECP del INE.

RESULTADOS

En la temporada 2024-25, todas las CCAA participaron en la vigilancia sindrómica de IRA en AP, 3 de forma centinela y 16 de forma exhaustiva, alcanzando una cobertura del 78,4% de la población española. En la vigilancia sistemática participaron 15 CCAA (excepto Asturias, Cantabria, Galicia y Navarra), todas de forma centinela, salvo la Comunitat Valenciana, que contribuyó de forma exhaustiva

con los profesionales sanitarios de todas sus zonas básicas de salud (Figura 1.A). La cobertura alcanzada fue del 15,5% de la población española, aunque, excluyendo la Comunitat Valenciana, la cobertura en las CCAA con sistema centinela fue del 4,5%.

Con respecto a IRAG, todas las CCAA, excepto Navarra, participaron en la vigilancia, tanto sindrómica como sistemática (Figura 1.B). La cobertura del total de 49 hospitales participantes fue del 30,3% de la población española. Cabe destacar la integración de 2 nuevas CCAA a la vigilancia del componente sistemático respecto a la temporada pasada, con un aumento en el número de hospitales participantes (49 frente a 38 la temporada anterior) y en la cobertura de población vigilada (30,3% frente al 25% de la temporada anterior) (material suplementario, Tabla S7).

Figura 1.A Vigilancia de IRA en Atención Primaria: componentes sindrómico (izquierda) y de selección sistemática (derecha). SiVIRA, temporada 2024-25.

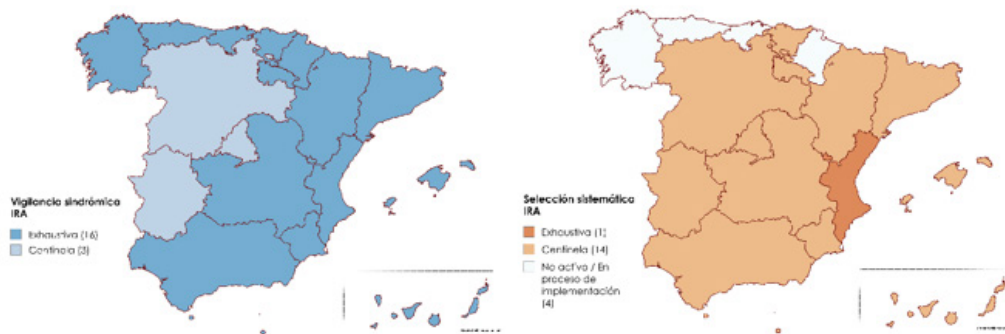
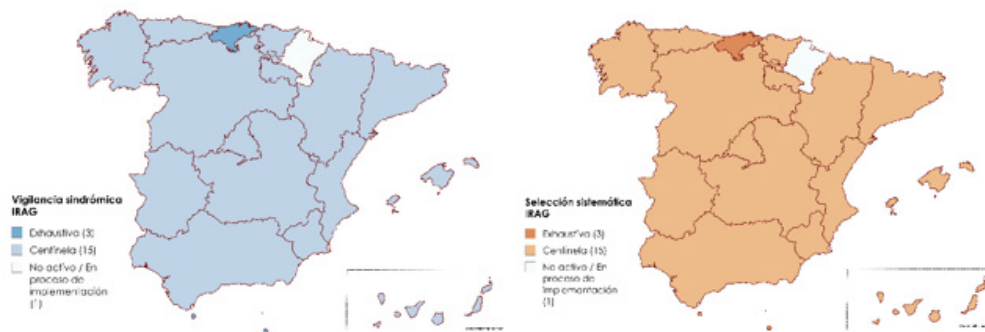


Figura 1.B Vigilancia de IRAG en hospitales: componentes sindrómico (izquierda) y de selección sistemática (derecha). SiVIRA, temporada 2024-25.



Resultados de la vigilancia sindrómica

La tasa de incidencia semanal de IRA en AP comenzó a incrementarse a partir de la semana 37/2024 (correspondiente a la temporada previa), alcanzando su **máximo** entre las semanas 02/2025 y 04/2025, con una incidencia semanal de 803 casos/100.000h. y una intensidad baja según los umbrales basados en las 10 temporadas previas (Figura 2.A). Posteriormente, las tasas disminuyeron paulatinamente hasta su mínimo en la semana 33/2025. Cabe destacar un patrón temporal retrasado y un pico máximo notablemente inferior en comparación con la temporada previa (Figura 2.B). La incidencia de IRA en AP fue mayor en mujeres que en hombres durante toda la temporada (Figura 2.C). Por grupo de edad, la incidencia fue mayor en los menores de 1 año, seguidos de la población infantil de 1-4 años (Figura 2.D).

Figura 2.A Tasa de incidencia semanal de infecciones respiratorias agudas en Atención Primaria y umbrales epidémicos. SiVIRA, temporada 2024-25.

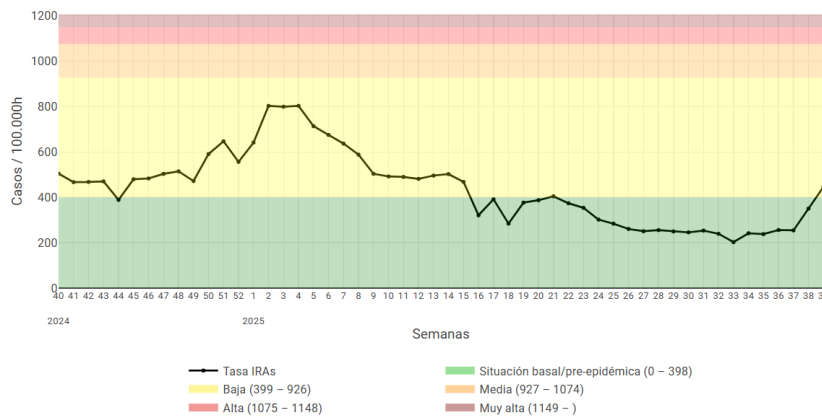


Figura 2.B Tasa de incidencia semanal de infecciones respiratorias agudas en Atención Primaria. SiVIRA, temporadas 2022-23 a 2024-25.

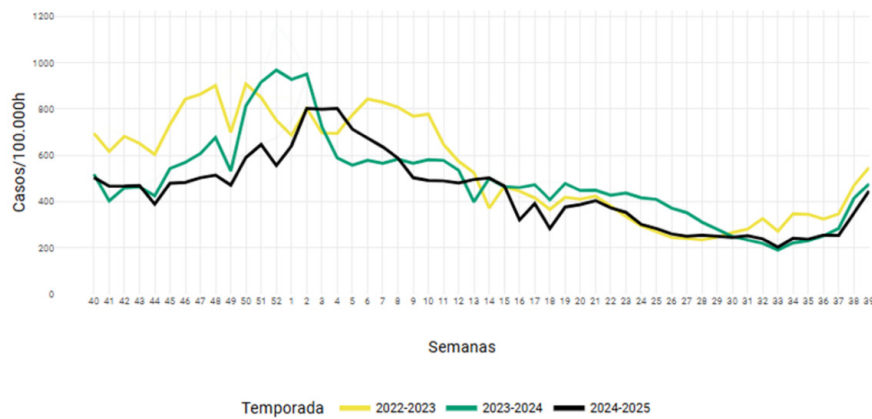


Figura 2.C Tasa de incidencia semanal de infecciones respiratorias agudas en Atención Primaria, por sexo. SiVIRA, temporada 2024-25.

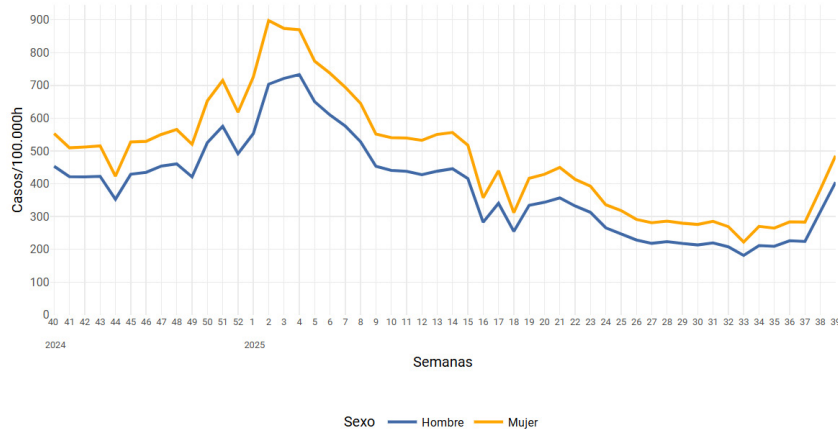
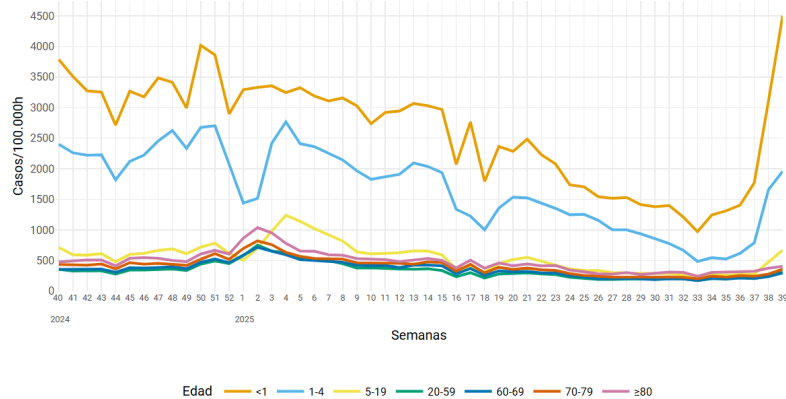


Figura 2.D Tasa de incidencia semanal de infecciones respiratorias agudas en Atención Primaria, por grupo de edad. SiVIRA, temporada 2024-25.



Con respecto a la **tasa semanal de hospitalización por IRAG**, en la temporada 2024-25, se observó una onda epidémica que comenzó a incrementarse en la semana 47/2024, alcanzando su pico máximo en la 02/2025, con 24,2 casos/100.000h. Este pico es coincidente con el pico de IRA en AP y muy inferior al de la temporada previa, que llegó hasta los 38,7 casos/100.000h (Figura 3.A). Las tasas de incidencia de IRAG fueron mayores en hombres (Figura 3.B) y en el grupo de edad de 80 y más años, seguido del grupo de menores de 1 año (Figura 3.C).

Figura 3.A Tasa semanal de hospitalizaciones por infección respiratoria. SiVIRA, temporadas 2022-23 a 2024-25.

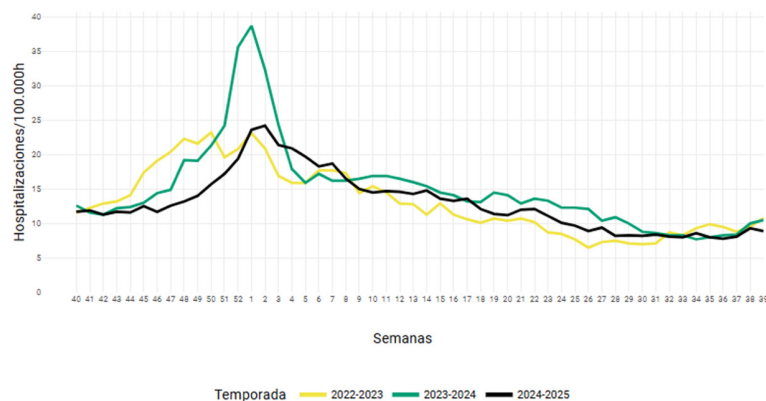


Figura 3.B Tasa semanal de hospitalizaciones por infección respiratoria, según sexo. SiVIRA, temporada 2024-25.

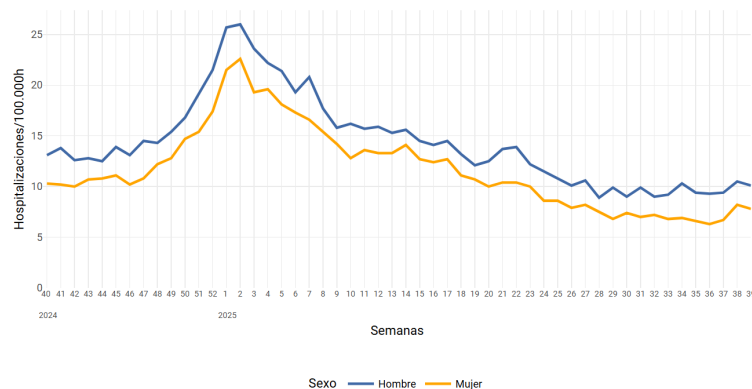
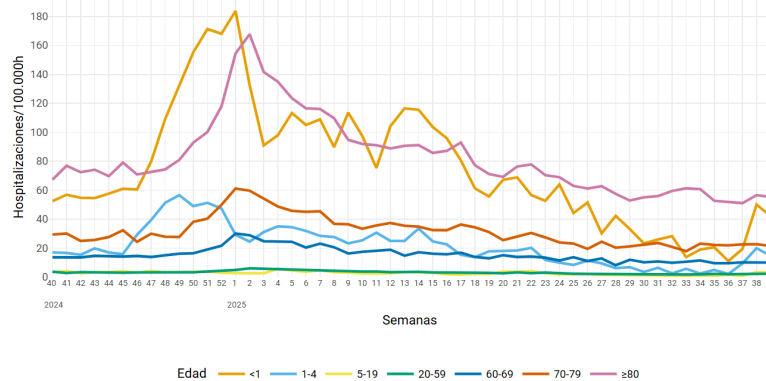


Figura 3.C Tasa semanal de hospitalizaciones por infección respiratoria, según grupo de edad. SiVIRA, temporada 2024-25.



Vigilancia específica de la gripe

Las tasas de síndrome gripal en AP comenzaron a incrementarse en la semana 50/2024, superando el umbral epidémico en la 52/2024 y presentando una onda epidémica que duró 10 semanas, hasta la 09/2025, unas 3 semanas más que la temporada previa (Figura 4.A). El pico se alcanzó en la semana 04/2025, con 142 casos/100.000h, inferior y algo retrasado respecto a la temporada previa (Figura 4.B). La incidencia fue ligeramente superior en mujeres (Figura 4.C) y mayor en población infantil de 1-4 años, seguida por el grupo de menores de 1 año y el de 5 a 19 años (Figura 4.D).

Figura 4.A Tasa de incidencia de síndrome gripal en Atención Primaria, umbral epidémico y umbrales de intensidad. SiVIRA, temporada 2024-25.

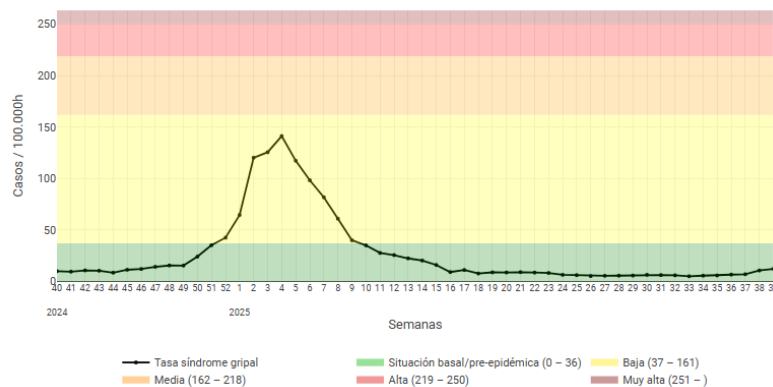


Figura 4.B Tasa de incidencia de síndrome gripal en Atención Primaria, por temporadas. SiVIRA, temporadas 2022-23 a 2024-25.

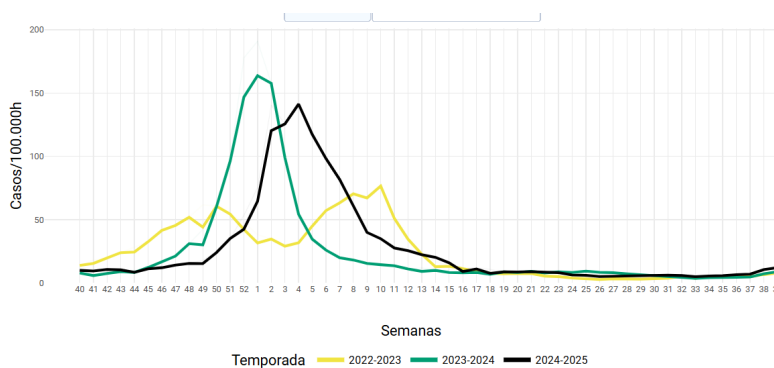


Figura 4.C Tasa de incidencia de síndrome gripal en Atención Primaria, por sexo. SiVIRA, temporada 2024-25.

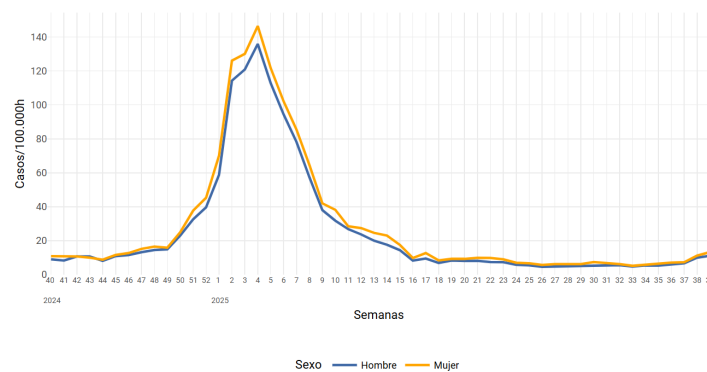
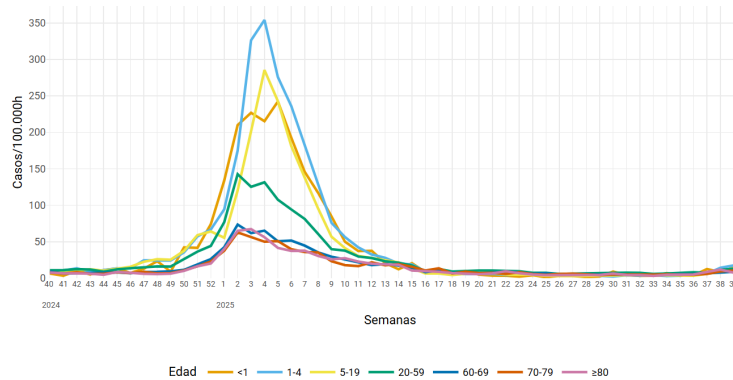


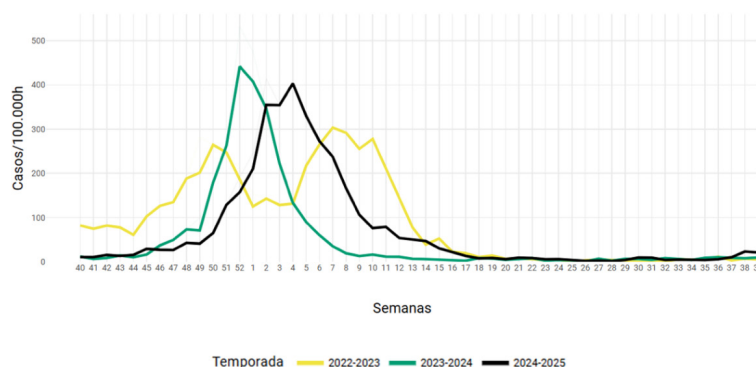
Figura 4.D Tasa de incidencia de síndrome gripal en Atención Primaria, por grupo de edad. SiVIRA, temporada 2024-25.



En cuanto al componente sistemático, se analizaron 33.394 muestras para la detección de gripe, tomadas de pacientes con IRA en AP. La positividad total a lo largo de la temporada fue del 15,8%, con un pico del 50,2% en la semana 04/2025. Los síntomas más frecuentes de los casos de gripe atendidos en AP fueron fiebre (82,8%), malestar general (80,3%), tos (76,1%), rinorrea/congestión nasal (65,4%) y dolor de garganta (63,3%).

En AP, el proxy específico de gripe mostró una onda epidémica plenamente coincidente con la observada para los síndromes gripales, con un pico de actividad en la semana 04/2025 de 403,1 casos/100.000h. (Figura 5), igualmente inferior, algo retrasado y de una duración de unas tres semanas más respecto a la temporada previa.

Figura 5 Tasa estimada *proxy* de infección respiratoria aguda causada por gripe en Atención Primaria, por temporada. SiVIRA, temporadas 2022-23 a 2024-25.



La tasa de incidencia *proxy* de gripe en AP por sexo y edad (datos no mostrados) mostró una distribución similar a los síndromes gripales.

Respecto a la vigilancia en hospitales, se analizaron 21.435 muestras para la detección de gripe en **pacientes hospitalizados con IRAG**, presentando una **positividad** total en la temporada del 11,9% y un pico del 34,5% en la semana 05/2025. La **tasa de hospitalización proxy de gripe** presentó un incremento pronunciado desde la semana 51/2024, hasta alcanzar el pico en la 02/2025, con 7,6 hospitalizaciones/100.000h. Posteriormente, la tasa descendió manteniéndose en niveles basales desde la semana 18/2025 hasta el final de la temporada (Figura 6.A). La tasa de hospitalización por gripe fue similar entre hombres y mujeres (Figura 6.B), y particularmente elevada en el grupo de 80 y más años, situándose por encima de las 50 hospitalizaciones/100.000h., seguido de los grupos de 70-79 años y menores de 1 año (Figura 6.C).

Figura 6.A Tasa estimada *proxy* de hospitalización por gripe, por temporada. SiVIRA, temporadas 2022-23 a 2024-25.

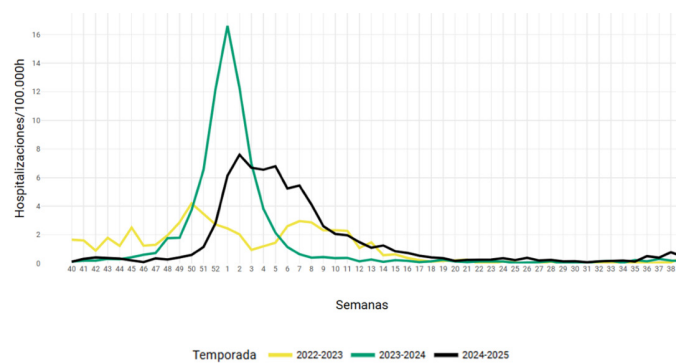


Figura 6.B Tasa estimada *proxy* de hospitalización por gripe, por sexo. SiVIRA, temporada 2024-25.

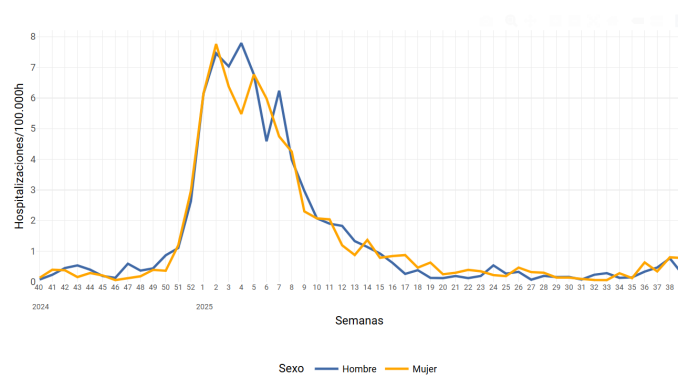
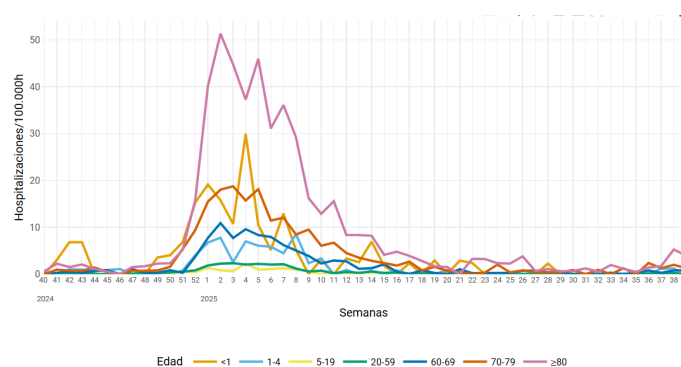


Figura 6.C Tasa estimada *proxy* de hospitalización por gripe, por grupo de edad. SiVIRA, temporada 2024-25.



Con respecto a las **complicaciones graves y letalidad** en los casos hospitalizados por gripe, la mediana de edad de los pacientes hospitalizados fue de 75 años. Un 27,0% desarrolló neumonía, un 6,1% fue admitido en una unidad de cuidados intensivos (UCI) y el 6,3% tuvo una evolución fatal (Tabla 1). Las defunciones en el hospital por grupo de edad fueron del 10,6% en el grupo de 80 y más años, seguidas del 5,2% en el grupo de 70-79 años y 5,1% en el de 60-69 años. No hubo defunciones entre los menores de 19 años.

Tabla 1. Complicaciones graves y letalidad en casos hospitalizados por gripe, COVID-19 y VRS. SiVIRA, temporada 2024-25.

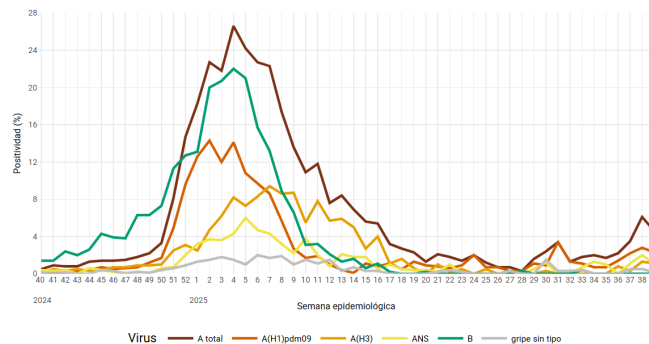
Complicaciones n (%)	Gripe	COVID-19	VRS
Neumonía	639 (27,0%)	331 (23,9%)	339 (19,3%)
Ventilación mecánica	59 (2,8%)	18 (1,4%)	35 (2,2%)
Ingreso en UCI	142 (6,1%)	51 (3,7%)	152 (8,7%)
Defunción	140 (6,3%)	120 (9,7%)	73 (4,3%)

Vigilancia virológica de la gripe

Entre los virus de gripe identificados en casos de IRA en AP, un 56,7% fueron tipo A y un 43,3% fueron tipo B. Dentro del tipo A, se observó un leve predominio del subtipo A(H1N1), suponiendo el 52,5% de los virus de gripe A subtipados, mientras que el subtipo A(H3N2) supuso el 47,5% (Figura 7.A).

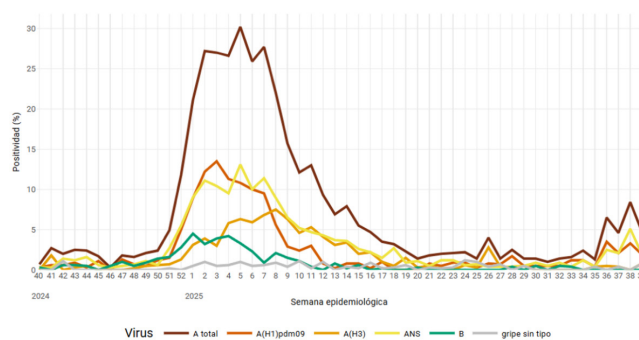
Entre los casos hospitalizados por IRAG, la gripe A fue claramente mayoritaria, correspondiendo al 89,5% de los casos. El subtipo predominante también fue A(H1N1), suponiendo el 59,6% de los virus A subtipados, frente a A(H3N2), que supuso el 40,4% (Figura 7.B). El porcentaje de virus no subtipados (ANS) fue del 12,2% en AP y del 40,8% en hospitales.

Figura 7.A Porcentaje de positividad por tipo/subtipo de gripe en Atención Primaria. SiVIRA, temporada 2024-25.



*ANS: gripe A no subtipada

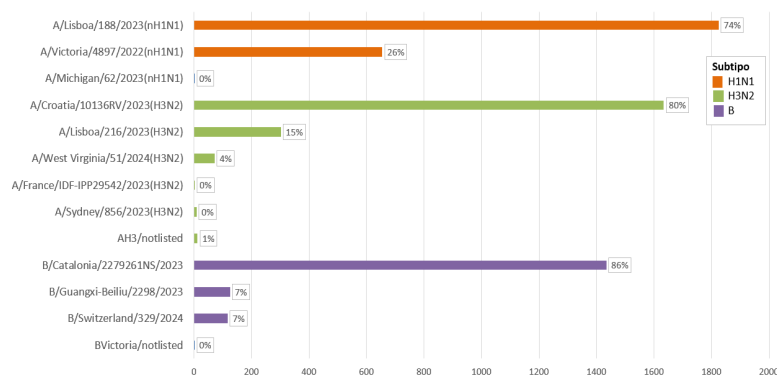
Figura 7.B Porcentaje de positividad por tipo/subtipo de gripe en pacientes hospitalizados. SiVIRA, temporada 2024-25.



*ANS: gripe A no subtipada

Debido al tamaño limitado de las muestras disponibles en SiVIRA, para el análisis filogenético se analizaron las secuencias de virus de la gripe disponibles en la base de datos GISAID, correspondiendo a 2.481 virus A(H1N1), 2.036 virus A(H3N2) y 1669 virus B de linaje Victoria. El clado 5a.2a (C.1.9), representado por el virus A/Lisboa/188/2023, fue el predominante (74%) entre los virus A(H1N1) circulantes (Figura 8). Entre los virus A(H3N2), el clado 2a.3a.1 (J.2), representado por A/Croacia/10136RV/2023, predominó sobre los clados 2a.3a.1 (J.2.1) y 2a.3a.1 (J.2.2), representados por A/West Virginia/51/2024 y A/Lisboa/216/2023, con el 80%, 4% y 15% de los virus A(H3N2) circulantes. En lo que respecta a virus tipo B, el clado V1A.3a.2 (C.5.1), representado por B/Catalonia/2279261NS/2023, fue el predominante con el 86% de los virus secuenciados.

Figura 8 Clados de gripe circulantes en España en la temporada 2024-25 (basado en 6.186 secuencias depositadas en GISAID).



Vigilancia específica de COVID-19

Las tasas sindrómicas de COVID-19 (sospecha de COVID-19 o COVID-19 confirmado) no presentaron onda epidémica en otoño e invierno esta temporada, a diferencia de las anteriores, si bien sí experimentaron una intensidad mayor en primavera y verano, alcanzando su máximo en la semana 38/2025, con 25 casos/100.000h. La incidencia fue superior en mujeres y en menores de 1 año, seguidos de los mayores de 80 años (datos no mostrados).

En cuanto al componente sistemático, se analizaron 33.277 muestras para la detección de SARS-CoV-2 tomadas de pacientes con IRA en AP. La positividad total a lo largo de la temporada fue del 7,2%, con un incremento gradual desde la semana 17/2025 y con un pico máximo del 35,2% en la 38/2025. Los síntomas más frecuentes entre los casos de COVID-19 atendidos en AP fueron tos (71,7%), malestar general (69,4%), dolor de garganta (66,5%), fiebre (63,3%) y rinorrea/congestión nasal (60%).

En AP, el proxy específico de COVID-19, mostró una circulación del virus muy similar a la observada en el indicador sindrómico, incrementándose a partir de la semana 20/2025 hasta el final de temporada, con un pico de incidencia de 123 casos/100.000h. en la semana 38/2025 (Figura 9.A). Debido al bajo número de casos, las tasas semanales de incidencia *proxy* de COVID-19 mostraron una inestabilidad considerable, pero fueron mayores en mujeres y en el grupo de los menores de 1 año, seguido de 1-4 años (datos no mostrados).

Respecto a la vigilancia en hospitales, se analizaron 21.704 muestras para la detección de SARS-CoV-2 en pacientes hospitalizados con IRAG, presentando una positividad total en la temporada del 6,7% y un pico máximo del 28,1% en la semana 33/2025.

Las tasas de hospitalización *proxy* por COVID-19 fueron muy bajas durante el otoño y el invierno, en consonancia con la baja circulación del virus detectada en AP durante ese periodo. A partir de la semana 18/2025 comienza un ascenso gradual, alcanzando el pico máximo en la 33/2025, con 2,2 casos/100.000h. (Figura 9.B). Debido al bajo número de casos, las tasas semanales de hospitalización *proxy* por COVID-19 por sexo y edad presentaban una inestabilidad considerable, pero fueron superiores en hombres y en el grupo de 80 y más años, seguido del de menores de 1 año (datos no mostrados).

Figura 9.A Tasa estimada proxy de infección respiratoria aguda causada por SARS-CoV-2 en Atención Primaria, por temporada. SiVIRA, temporadas 2022-23 a 2024-25.

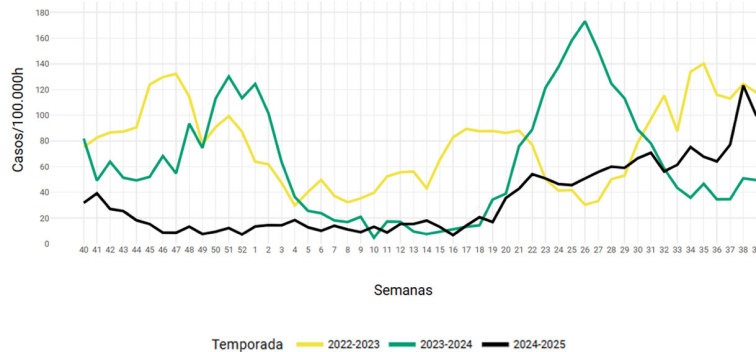
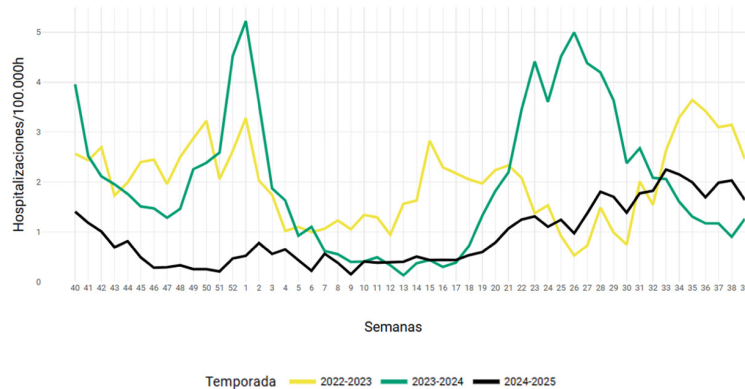


Figura 9.B Tasa estimada proxy de hospitalización por COVID-19, por temporada. SiVIRA, temporadas 2022-23 a 2024-25.



Con respecto a las complicaciones graves y letalidad, la edad mediana de los pacientes hospitalizados con COVID-19 fue de 79 años. Un 23,9% de los casos desarrolló neumonía, un 3,7% requirió ingreso en UCI y un 9,7% tuvo un desenlace fatal (Tabla 1). Las defunciones en el hospital fueron mayores en el grupo de edad de 80 y más años con un 14,1%, seguido de los grupos de edad de 70-79 años y 60-69 años, con un 9,1% y 4,9%, respectivamente.

Vigilancia virológica de SARS-CoV-2

La red de vigilancia genómica RELECOV, establecida para la vigilancia del SARS-CoV-2, depositó en la base de datos GISAID un total de 16.268 casos secuenciados. De ellos, se identificaron 895 asociados a vigilancia centinela: 584 casos (24%) de IRA en AP y 311 casos (21%) hospitalizados.

La variante dominante inicialmente fue BA.2.86 y sus derivados (304/584, 52% en AP; 143/311, 46% en hospitales), seguida de la variante XFG (132/584, 23% en AP; 84/311, 27% en hospitales), que comenzó a circular a partir de la semana 19/2025 en AP y de la 21/2025 en hospitales, siendo la mayoritaria durante la onda de primavera-verano (Figura 10.A).

Figura 10.A Número semanal de variantes circulantes de SARS-CoV-2 (izquierda) y porcentaje de cada una sobre el total (derecha) según la información obtenida en Atención Primaria. SiVIRA y RELECOV, temporada 2024-25.

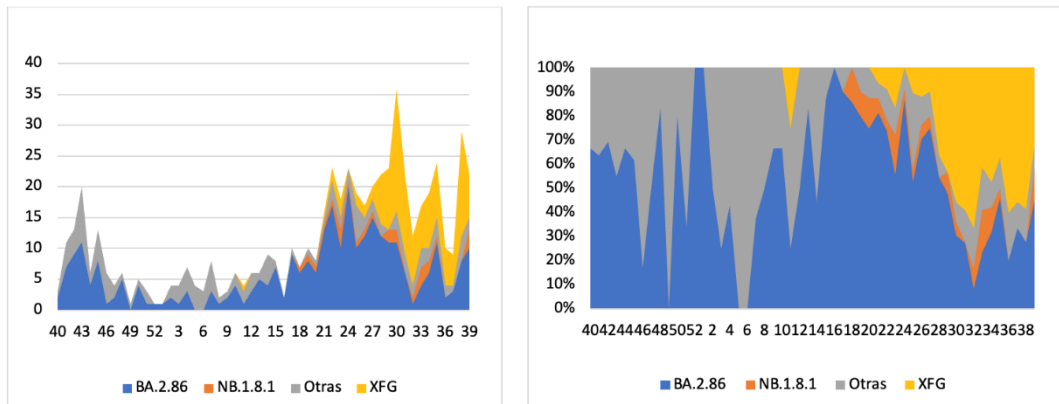
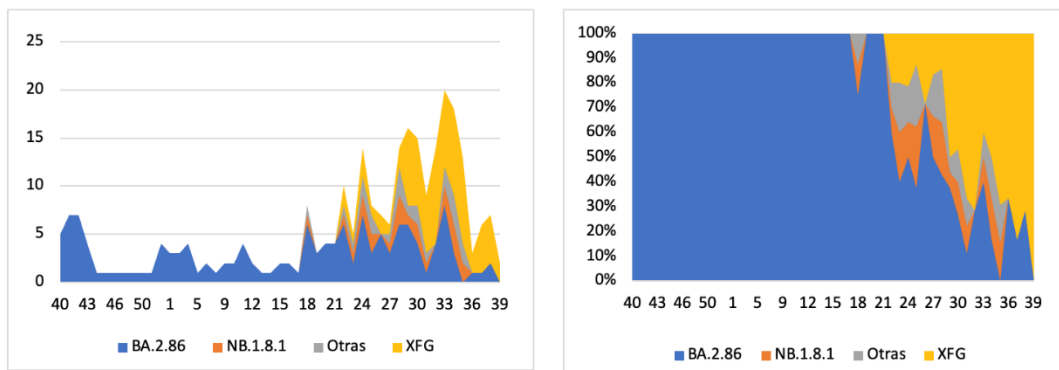


Figura 10.B Número semanal de variantes circulantes de SARS-CoV-2 (izquierda) y porcentaje de cada una sobre el total (derecha) según la información obtenida en hospitales. SiVIRA y RELECOV, temporada 2024-25.



Vigilancia específica de VRS

Las tasas de bronquitis/bronquiolitis en población infantil menor de 5 años presentaron una onda epidémica previa a la de gripe, comenzando a incrementarse en las semanas 45-46/2024 y alcanzando el pico máximo en la 50/2024, con 535 casos/100.000h., muy similar a la temporada anterior (Figura 11.A). La incidencia fue mayor en varones y en el grupo de menores de 1 año (datos no mostrados).

En cuanto al componente sistemático, se analizaron 33.304 muestras para la detección de VRS procedentes de pacientes con **IRA en AP**. La **positividad** total a lo largo de la temporada fue del 4,0%, con un pico máximo del 13,5% entre las semanas 50 y 52/2024. Los **síntomas** más frecuentes entre los casos de VRS en AP fueron tos (82,1%), rinorrea/congestión nasal (73,4%), fiebre (61,4%), malestar general (59,3%) y dolor de garganta (47,6%).

En AP, el proxy **específico de VRS** mostró una onda epidémica que comenzó a incrementarse a partir de la semana 46/2024, alcanzando el pico en la 51/2024 con 88 casos/100.000h., inferior al de temporadas previas (Figura 11.B). La incidencia fue mayor en mujeres (Figura 11.C) y en el grupo de menores de 1 año, seguido del grupo de 1-4 años (Figura 11.D).

Figura 11.A Tasa de bronquitis y bronquiolitis en población infantil menor de 5 años en Atención Primaria, por temporada. SiVIRA, temporadas 2022-23 a 2024-25.

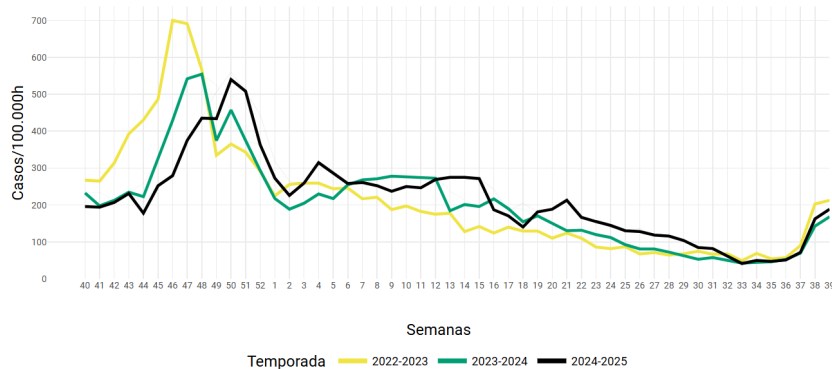


Figura 11.B Tasa estimada proxy de infección respiratoria aguda causada por VRS en Atención Primaria, por temporada. SiVIRA, temporadas 2022-23 a 2024-25.

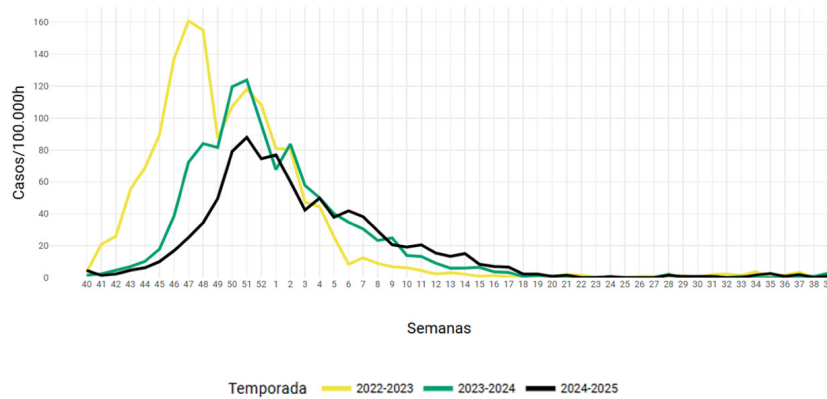


Figura 11.C Tasa estimada proxy de infección respiratoria aguda causada por VRS en Atención Primaria, por sexo. SiVIRA, temporada 2024-25.

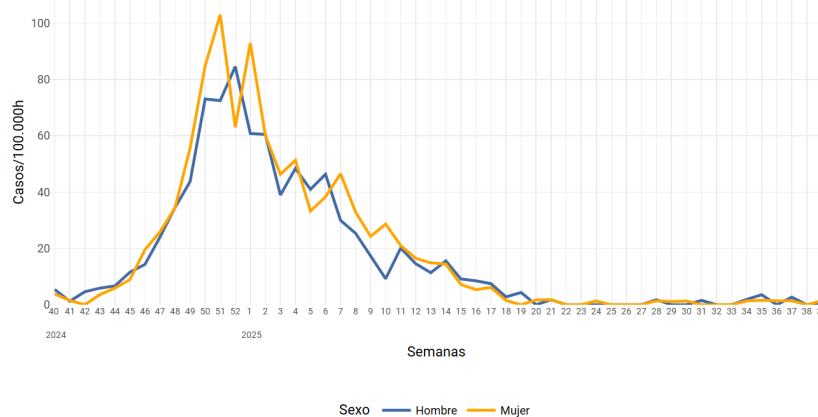
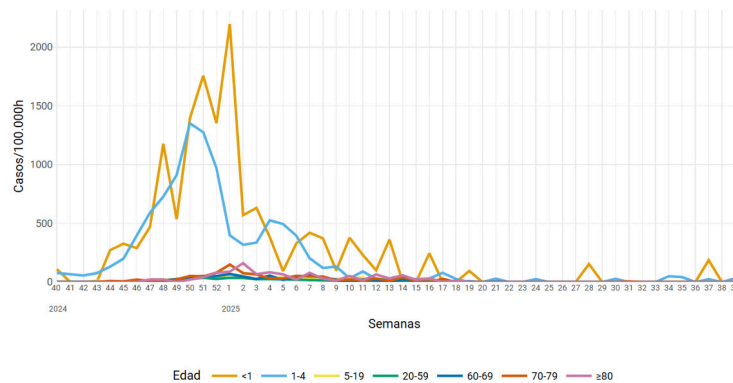


Figura 11.D Tasa estimada proxy de infección respiratoria aguda causada por VRS en Atención Primaria, por grupo de edad. SiVIRA, temporada 2024-25.



Por lo que se refiere a la vigilancia en hospitales, se analizaron 20.899 muestras para la detección de VRS en **pacientes hospitalizados con IRAG**, presentando una **positividad** total en la temporada del 9,8% y un pico máximo del 26,6% en la semana 52/2024.

Las **tasas de hospitalización** proxy de VRS concuerdan con los datos de AP, presentando un pico de hospitalizaciones en la semana 01/2025, con 5,3 casos/100.000h., dos semanas después del observado en AP. Esta temporada 2024-25, las tasas de hospitalización fueron inferiores a la temporada previa durante el pico, si bien se mostraron ligeramente superiores en las semanas posteriores (Figura 12.A). La incidencia fue muy similar entre hombres y mujeres (Figura 12.B), y máxima en población infantil menor de 1 año, seguida por la población de 1 a 4 años (Figura 12.C).

Figura 12.A Tasa estimada proxy de hospitalización por VRS, por temporada. SiVIRA, temporadas 2022-23 a 2024-25.

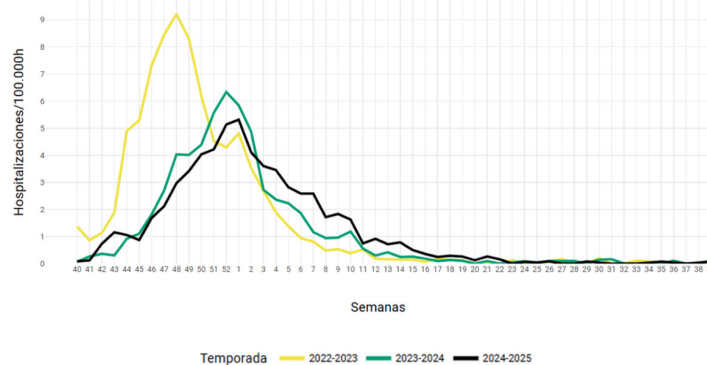


Figura 12.B Tasa estimada proxy de hospitalización por VRS, por sexo. SiVIRA, temporada 2024-25.

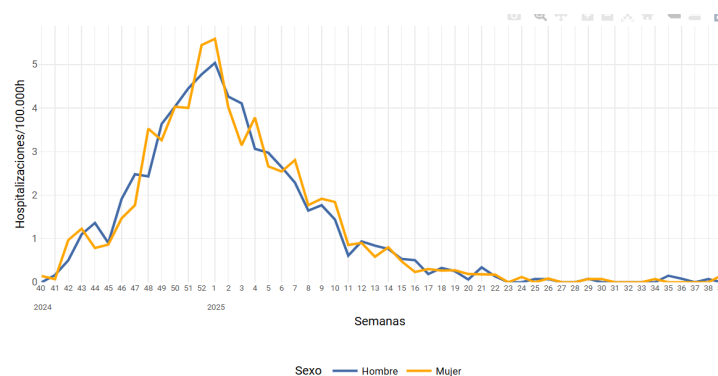
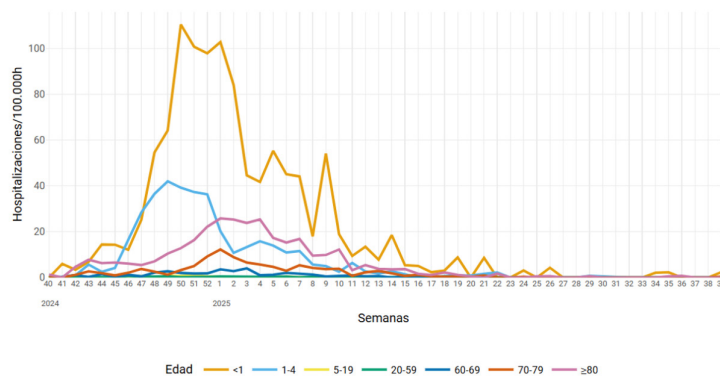


Figura 12.C Tasa estimada proxy de hospitalización por VRS, por grupo de edad. SiVIRA, temporada 2024-25.



Con respecto a las **complicaciones graves y letalidad**, la edad mediana de los pacientes hospitalizados por VRS fue de 59 años, un 19,3% desarrolló neumonía, un 8,7% fue admitido en UCI y un 4,3% tuvo una evolución fatal (10,3% en los pacientes de 80 y más años, 7,4% en el grupo de 70-79 años y 5,6% en el grupo de 60-69 años) (Tabla 1).

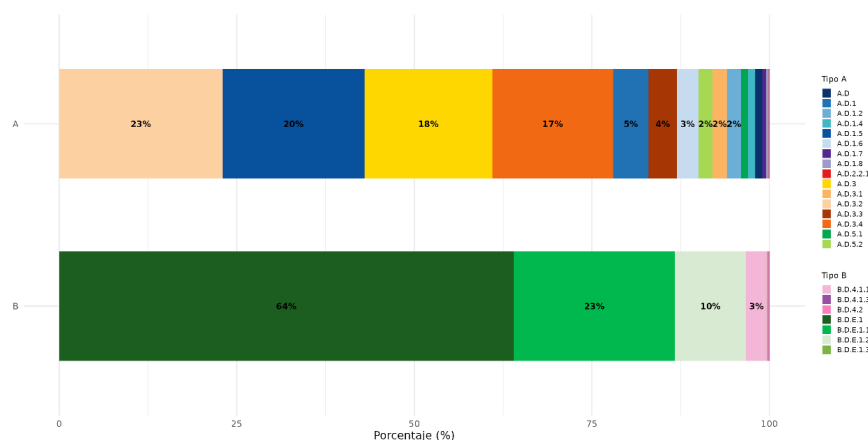
Vigilancia virológica de VRS

Del total de secuencias disponibles en GISAID, 2.513 (91%), se identificaron 648 secuencias (26%) como procedentes de vigilancia centinela, 254 correspondientes a IRA en AP y 394 correspondientes a IRAG en hospitales.

El 56% del total de secuencias en GISAID correspondieron a VRS A, mientras que el 44% se clasificaron como VRS B, lo que indica una co-circulación relevante de ambos tipos de VRS, con un predominio moderado de A. Entre los casos de SiVIRA, sin embargo, hubo un predominio moderado de VRS B, posiblemente relacionado con la mayor proporción de infecciones leves (que consultan en AP), donde predomina este tipo.

Se identificó una notable diversidad genética, con 23 linajes distintos y sin sustitución completa por una única variante, destacando la emergencia y consolidación del linaje A.D.3.2 como dominante en VRS A y la alta prevalencia del linaje B.D.E.1 en VRS B, junto con la aparición de nuevos sublinajes que incrementan la heterogeneidad viral (Figura 13).

Figura 13 Representación de los porcentajes de presencia de los diferentes linajes por tipo. Secuencias depositadas en GISAID, temporada 2024-25.



DISCUSIÓN

La temporada 2024-25 es la quinta desde la implantación de SiVIRA para la vigilancia integrada de la infección respiratoria aguda (IRA) en Atención Primaria y de la infección respiratoria aguda grave (IRAG) en hospitales. SiVIRA permite, de forma sostenible y estable en el tiempo, la vigilancia de los tres principales virus respiratorios (gripe, SARS-CoV-2 y VRS), aportando información epidemiológica y virológica de su presentación y sus cambios en las sucesivas temporadas⁽¹⁻³⁾. Sus resultados, disponibles semanalmente, son esenciales para guiar las acciones de prevención y control de estos virus.

En la temporada 2024-25, SiVIRA se encuentra en fase de consolidación, presentando fortalezas como su alta cobertura general, su capital humano cualificado y comprometido, su capacidad de recuperación tras las interrupciones y su alto grado de automatización especialmente en AP. Es en la vigilancia hospitalaria donde el sistema sigue siendo mayoritariamente dependiente de procesos manuales y donde existen ciertas deficiencias en la disponibilidad de recursos humanos. Pese a ello son varias las CCAA que están avanzando en la automatización de los procesos de vigilancia para solventar estas limitaciones. Otras de las limitaciones de SiVIRA es la heterogeneidad en la implantación del protocolo común de vigilancia entre las CCAA, lo que limita la comparación directa de los indicadores entre CCAA.

En la temporada 2024-25 se han observado incidencias semanales de infecciones respiratorias agudas inferiores a la temporada previa, alcanzando como máximo un nivel bajo de intensidad comparado con la serie histórica y contrastando con otros países del centro y este de Europa donde se alcanzaron niveles medios e incluso altos y muy altos⁽²⁴⁾. También ha sido muy llamativa la disminución en las tasas de hospitalización^(16,17). En la temporada previa 2023-24 se observó una coincidencia temporal de la circulación de gripe, COVID-19 y VRS, lo que resultó en un alto impacto hospitalario⁽¹⁶⁾. Sin embargo, en la temporada 2024-25, la circulación de los principales virus respiratorios fue más escalonada, circulando el VRS en primer lugar (con pico en la semana 51/2024), seguido de la gripe (pico en la 04/2025) y con ausencia de circulación invernal de SARS-CoV-2^(6,17). Este escalonamiento en la circulación fue similar en países de nuestro entorno como Francia, Países Bajos o Luxemburgo⁽²⁴⁾. La presión asistencial total por infecciones respiratorias estuvo, por tanto, más distribuida a lo largo del tiempo, evitando incrementos simultáneos asociados a la circulación concurrente de varios virus de alta incidencia.

La gripe presentó una onda epidémica invernal bien definida entre las semanas 50/2024-09/2025, correspondiendo con su periodo habitual de presentación. Al igual que en las infecciones respiratorias agudas, la gripe se mantuvo en un nivel bajo de intensidad comparada con la serie histórica, contrastando de la misma manera con los valores medios a muy altos de los países del norte y este de Europa⁽²⁴⁾. En comparación con la temporada anterior, el pico de circulación en Atención Primaria se retrasó y fue de menor magnitud, sin embargo, la epidemia presentó una mayor duración, lo que probablemente se traduce en un mayor número de casos. La incidencia en Atención Primaria volvió a concentrarse en la población infantil y en mayor medida en mujeres, mientras que las hospitalizaciones afectaron principalmente a los mayores, especialmente a varones de 80 años o más⁽⁶⁾. Destacó la co-circulación de gripe A y gripe B, aunque entre los casos hospitalizados predominó la gripe A, debido a que la circulación de gripe B suele asociarse a una menor gravedad. Esto podría haber contribuido a la menor tasa de hospitalización observada para gripe y para IRAG en general, comparado con la temporada previa y contrastando con otros países de nuestro entorno como Irlanda, Bélgica, Luxemburgo o Malta, donde las tasas de hospitalización en la temporada 2024-2025 fueron más altas que en la temporada 2023-2024. Solo Grecia parece haber tenido un comportamiento similar al de España en esta temporada⁽²⁴⁾.

En relación con la COVID-19, destacó el cambio en su patrón temporal. A diferencia de temporadas anteriores, no se registró una marcada onda epidémica en otoño-invierno, mientras que sí se mantuvo la onda epidémica en primavera-verano. Este desplazamiento apunta hacia una pérdida del patrón invernal y hacia una circulación más variable, con actividad fuera del periodo tradicional de mayor transmisión de los virus respiratorios, más que a una probable desaparición de la actividad. Aunque la intensidad global fue menor que en 2023-24, el impacto clínico siguió concentrándose en personas mayores y con comorbilidades, manteniendo la importancia del virus en términos de vigilancia y necesidad de prevención^(10,11,13). El seguimiento continuo permitirá determinar si este desplaza-

miento estacional se consolida en próximas temporadas o responde a la variabilidad de un virus aún en evolución, con las consiguientes implicaciones para la planificación de estrategias de prevención.

En cuanto al VRS, la onda epidémica volvió a concentrarse en los meses fríos, aunque con tasas inferiores a la temporada anterior. En este contexto, cabe señalar que esta es la segunda temporada desde la implementación de la inmunización pasiva sistemática de lactantes con *nirsevimab*⁽¹⁹⁾, un anticuerpo monoclonal que ha mostrado una elevada efectividad en la prevención de hospitalizaciones por VRS^(9,12,20-23). En cualquier caso, los menores de 1 año continuaron siendo esta temporada el grupo con mayor incidencia, confirmando su vulnerabilidad, aunque con un impacto hospitalario más bajo que en la temporada previa. Los siguientes grupos con mayor tasa de hospitalización fueron los de 1-4 años y 80 y más años, mientras que la letalidad aumentó progresivamente con la edad, dando cuenta de la relevancia del VRS también fuera del ámbito pediátrico⁽⁷⁾.

En conclusión, la temporada 2024-25 se ha caracterizado por una menor intensidad global y por una distribución escalonada de la circulación de la gripe, el SARS-CoV-2 y el VRS. Esto parece haber reducido la presión simultánea sobre el sistema sanitario, aunque la persistencia de una onda de COVID-19 en primavera-verano hace necesario seguir monitorizando este virus dentro de la vigilancia integrada de infección respiratoria aguda.

BIBLIOGRAFÍA

1. Red Nacional de Vigilancia Epidemiológica (RENAVE), Centro Nacional de Epidemiología, Centro Nacional de Microbiología, Instituto de Salud Carlos III. Protocolo para la vigilancia centinela de infección respiratoria aguda (IRAs) en Atención Primaria en España. Temporada 2024-2025 [Internet]. 2024. Disponible en: <https://cne.isciii.es/es/servicios/enfermedades-transmisibles/enfermedades-a-z/gripe-covid-19-y-otros-virus-respiratorios>
2. Red Nacional de Vigilancia Epidemiológica (RENAVE), Centro Nacional de Epidemiología, Centro Nacional de Microbiología, Instituto de Salud Carlos III. Protocolo para la vigilancia centinela de infección respiratoria aguda grave (IRAG) en hospitales en España. Temporada 2024-2025 [Internet]. 2024. Disponible en: <https://cne.isciii.es/es/servicios/enfermedades-transmisibles/enfermedades-a-z/gripe-covid-19-y-otros-virus-respiratorios>
3. Instituto de Salud Carlos III. Metodología para la vigilancia de las infecciones respiratorias agudas en España. SiVIRA, temporada 2024-2025 [Internet]. 2024. Disponible en: <https://cne.isciii.es/documents/d/cne/metodologia-sivira-sistemas-y-fuentes-de-informacion-temporada-2024-25-1>
4. Ministerio de Sanidad. Grupo de trabajo de inmunización frente a VRS de la Ponencia de Programa y Registro de Vacunaciones. Recomendaciones de inmunización pasiva para prevención de enfermedad grave por VRS en la población infantil. Comisión de Salud Pública del Consejo Interterritorial del Sistema Nacional de Salud [Internet]. 2024. Disponible en: https://www.sanidad.gob.es/areas/promocionPrevencion/vacunaciones/comoTrabajamos/docs/VRS_infantil.pdf
5. Ministerio de Sanidad. Inmunización pasiva con *nirsevimab* (Beyfortus®) frente a virus respiratorio sincitial para la temporada 2024-2025 [Internet]. 2024. Disponible en: https://www.sanidad.gob.es/areas/promocionPrevencion/vacunaciones/comoTrabajamos/docs/PreguntasYrespuestas_Inmunizacion_frente_VRS_Ciudadanos.pdf
6. Aguilar Figueroa D, Pérez-Gimeno G, Núñez O, Monge S; SiVIRA Surveillance and Vaccine Effectiveness Working Group. Burden of severe disease associated with influenza, SARS-CoV-2 and RSV in Spain during the 2024-2025 winter season. *Influenza Other Respir Viruses*. 2025;19(11):e70190. doi:10.1111/irv.70190
7. Vega-Piris L, Carretero SG, Mayordomo JL, Zarzuelo MBR, Álvarez Río V, García VG, et al.; SARI Sentinel Surveillance Group. Severity of respiratory syncytial virus compared with SARS-CoV-2 and influenza among hospitalised adults ≥65 years. *J Infect*. 2024;89(5):106292. doi:10.1016/j.jinf.2024.106292
8. Pérez-Gimeno G, Mazagatos C, Lorusso N, Basile L, Martínez-Pino I, Corpas Burgos F, et al. Effectiveness of influenza vaccines in children aged 6 to 59 months: a test-negative case-control study at primary care and hospital level, Spain 2023/24. *Eurosurveillance* [Internet]. 2024;29(40). Disponible en: <https://www.eurosurveillance.org/content/10.2807/1560-7917.ES.2024.29.40.2400618>
9. Campos Mena S, Pérez-Gimeno G, Lorusso N, Álvarez Río V, Basile L, Batalla Rebollo N, et al.; SiVIRA group. Monitoring effectiveness of *nirsevimab* immunization against RSV hospitalization using surveillance data: a test-negative case-control study, Spain, October 2024-March 2025. *Epidemiol Infect*. 2025;154:e5. doi:10.1017/S0950268825100782

10. Rojas-Benedicto A, Pérez-Gimeno G, Mendioroz J, Pedrosa Corral I, López Torrijos M, Rumayor M, et al. Effectiveness of the autumnal COVID-19 vaccine dose during the winter and summer waves of the 2023/24 season in Spain. *Expert Rev Vaccines*. 2025;24(1):980-990. doi:10.1080/14760584.2025.2576243
11. Rojas-Castro M, Verdasca N, Monge S, De Mot L, Trobajo-Sanmartín C, Duffy R, et al. COVID-19 vaccine effectiveness against hospitalization in older adults, VEBIS hospital network, Europe, September 2024-May 2025. *Influenza Other Respir Viruses*. 2025;19(11):e70191. doi:10.1111/irv.70191
12. Savulescu C, Ganser I, Nicolay N, Lajot A, Campos S, Martínez-Baz I, et al.; VEBIS hospital network RSV IE group. Effectiveness of long-acting monoclonal antibodies against laboratory-confirmed RSV in children aged <24 months hospitalised for severe acute respiratory infection, European pilot study, 2024-2025. *Euro Surveill*. 2025;30(45):2500816. doi:10.2807/1560-7917.ES.2025.30.45.2500816
13. Laniece Delaunay C, Verdasca N, Monge S, Domegan L, Sève N, Buda S, et al.; European primary care VE group. COVID-19 vaccine effectiveness against medically attended symptomatic SARS-CoV-2 infection among target groups in Europe, October 2024-January 2025, VEBIS primary care network. *Influenza Other Respir Viruses*. 2025;19(5):e70120. doi:10.1111/irv.70120
14. World Health Organization. Global respiratory virus activity weekly update [Internet]. Geneva: WHO. Disponible en: <https://www.who.int/teams/global-influenza-programme/surveillance-and-monitoring/influenza-updates/current-influenza-update>
15. Instituto de Salud Carlos III. Informe semanal de vigilancia de IRAs e IRAG. Semana 39/2025. España [Internet]. 2025. Disponible en: https://docsivira.isciii.es/informe_semanal_SiVIRA_202539.html
16. Instituto de Salud Carlos III. Informe anual de vigilancia de IRAs e IRAG (semana 40/2023 a semana 39/2024). España [Internet]. 2024. Disponible en: https://cne.isciii.es/documents/d/cne/informe_anual_sivira_2023-24_20250211
17. Instituto de Salud Carlos III. Informe anual de vigilancia de IRAs e IRAG (semana 40/2024 a semana 39/2025). España [Internet]. 2025. Disponible en: https://cne.isciii.es/documents/d/cne/informe_anual_sivira_2024_2025_20260312_publicar
18. Instituto Nacional de Estadística (INE). Estadística continua de población [Internet]. Madrid: INE; 2024. Disponible en: https://www.ine.es/dyngs/INEbase/es/operacion.htm?c=Estadistica_C&cid=1254736177095&menu=ulti-Datos&idp=1254735572981
19. European Medicines Agency. Beyfortus (nirsevimab) [Internet]. Disponible en: <https://www.ema.europa.eu/en/medicines/human/EPAR/beyfortus>
20. Núñez O, Olmedo C, Moreno-Perez D, Lorusso N, Fernández Martínez S, Pastor Villalba PE, et al. Effectiveness of catch-up and at-birth nirsevimab immunisation against RSV hospital admission in the first year of life: a population-based case-control study, Spain, 2023/24 season. *Eurosurveillance* [Internet]. 2025;30(5). Disponible en: <https://www.eurosurveillance.org/content/10.2807/1560-7917.ES.2025.30.5.2400596>
21. Pastor-Barriuso R, Núñez O, Monge S; the Nirsevimab Effectiveness Study Collaborators. Infants needed to immunise with nirsevimab to prevent one RSV hospitalisation, Spain, 2023/24 season. *Eurosurveillance* [Internet]. 2025;30(6). Disponible en: <https://www.eurosurveillance.org/content/10.2807/1560-7917.ES.2025.30.6.2500040>
22. Mazagatos C, Mendioroz J, Rumayor MB, Gallardo García V, Álvarez Río V, Cebollada Gracia AD, et al. Estimated impact of nirsevimab on the incidence of respiratory syncytial virus infections requiring hospital admission in children <1 year, weeks 40, 2023 to 8, 2024, Spain. *Influenza Other Respir Viruses* [Internet]. 2024;18(5):e13294. Disponible en: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/irv.13294>
23. Campos Mena S, Pérez-Gimeno G, Lorusso N, Álvarez Río V, Basile L, Batalla Rebollo N, García-Comas L, Andreu Ivorra B, Pérez-Panadés J, Ramos Marín V, Castrillejo D, Fernández Ibáñez A, Rafael de la Cruz López MÁ, Núñez O, Monge S; SiVIRA group. Monitoring effectiveness of nirsevimab immunization against RSV hospitalization using surveillance data: a test-negative case-control study, Spain, October 2024-March 2025. *Epidemiol Infect*. 2025 Dec 9;154:e5.
24. European Centre for Disease Prevention and Control (ECDC), WHO Regional Office for Europe. European Respiratory Virus Surveillance Summary (ERVSS) [Internet]. Stockholm: ECDC; 2026 [cited 2026 May 28]. Available from: <https://erviss.org/>

MATERIAL SUPLEMENTARIO

Tabla suplementaria 1. Códigos CIAP correspondientes a Infección Respiratoria Aguda en atención primaria. SiVIRA, temporada 2024-25.

Categorías	Código CIAP	Descripción	Diagnósticos descriptivos que incluye el código CIAP	
COVID-19	A77	Otras enfermedades virales no especificadas		
	A77.01	Infección debida a coronavirus no especificada		
	A77.04 (regional)	Sospecha de COVID-19		
Infección Respiratoria Aguda	R74	Infección respiratoria aguda del tracto superior	Resfriado común, Catarro, Coriza Rinitis infecciosa aguda Rinofaringitis aguda, Nasofaringitis Catarro alto Faringitis aguda Adenoiditis aguda Laringofaringitis aguda Infección Respiratoria Alta (Ira) Infección respiratoria aguda del tracto superior	
	R76	Amigdalitis aguda	Otra Amigdalitis aguda, Anginas Otra Faringoamigdalitis aguda	
	R72	Faringitis/amigdalitis estreptocócica	Faringitis/amigdalitis estreptocócica	
	R77	Laringitis/traqueítis aguda	Laringitis aguda Laringitis/Traqueítis aguda Traqueítis aguda Laringotraqueítis aguda Crup Laringeo	
	R78	Bronquitis, bronquiolitis aguda, IRA de tracto inferior, infección pulmonar aguda.	Bronquiolitis aguda Traqueobronquitis aguda Laringotraqueobronquitis aguda Bronquitis aguda Infección respiratoria baja tracto inferior, Aguda NE Infección pulmonar aguda NE Bronquitis NE	
	R78.00	Bronquitis		
	R78.01	Bronquiolitis		
	Gripe	R80	Gripe	Gripe / Síndrome Gripal, Influenza Gripe demostrada serologicamente, Influenza
	Neumonía	R81	Neumonía	Neumonía bacteriana/viral, bronconeumonía, neumonía gripal, enfermedad de los legionarios, neumonitis
R81.01		Neumonía bacteriana		
R81.02		Neumonía viral		

Tabla suplementaria 2. Códigos CIE-9-MC correspondientes a Infección Respiratoria Aguda en atención primaria. SiVIRA, temporada 2024-25

Código CIE-9-MC	Descripción	Códigos CIE-9-MC que se incluyen
460, 462-465	Infecciones agudas del tracto respiratorio superior	460 Nasofaringitis aguda (resfriado común) (no tiene descendientes) 462 Faringitis aguda (no tiene descendientes) 463 Amigdalitis aguda (no tiene descendientes) 464 Laringitis y traqueítis agudas Incluye todos sus descendientes: 464.0, 464.00, 464.01, 464.1, 464.10, 464.11, 464.2, 464.20, 464.21, 464.3, 464.30, 464.31, 464.4, 464.5, 464.50, 464.51 465 Infecciones agudas de las vías respiratorias superiores de localización múltiple o localización no especificada Incluye todos sus descendientes: 465.0, 465.8, 465.9

Código CIE-9-MC	Descripción	Códigos CIE-9-MC que se incluyen
466	Bronquitis y bronquiolitis agudas	466 Bronquitis y bronquiolitis agudas 466.0 Bronquitis aguda 466.1 Bronquiolitis aguda Incluye todos sus descendientes: 466.11, 466.19
480-486	Neumonía	480 Neumonía vírica Incluye todos sus descendientes: 480.0, 480.1, 480.2, 480.3, 480.8, 480.9 481 Neumonía neumocócica (No tiene descendientes) 482 Otra neumonía bacteriana Incluye todos sus descendientes: 482.0, 482.1, 482.2, 482.3, 482.30, 482.31, 482.32, 482.39, 482.4, 482.40, 482.41, 482.42, 482.49, 482.8, 482.81, 482.82, 482.83, 482.84, 482.89, 482.9 483 Neumonía por otro organismo especificado Incluye todos sus descendientes: 483.0, 483.1, 483.8 484.8 Neumonía en otras enfermedades infecciosas clasificadas bajo otros conceptos (no tiene descendientes) 485 Bronconeumonía, organismo sin especificar (no tiene descendientes) 486 Neumonía organismo sin especificar (no tiene descendientes)
487	Gripe	487 Gripe Incluye todos sus descendientes: 487.0, 487.1, 487.8 488 Gripe debida a ciertos virus de la gripe identificados Incluye todos sus descendientes: 488.0, 488.01, 488.02, 488.09, 488.1, 488.11, 488.12, 488.19, 488.8, 488.81, 488.82, 488.89
079	Infección viral y por Clamidia en enfermedades clasificadas bajo otros conceptos y de sitio no especificado	079.0 Adenovirus 079.3 Rinovirus 079.6 Virus respiratorio sincitial (RSV) 079.82 Coronavirus asociado a SARS

Tabla suplementaria 3. Códigos CIE-10-ES correspondientes a Infección Respiratoria Aguda en atención primaria. SiVIRA, temporada 2024-25

Código CIE-10-ES	Descripción	Códigos CIE-10-ES que se incluyen
J00, J02 - J06	Infecciones agudas del tracto respiratorio superior	J00 Rinofaringitis aguda [resfriado común] (no tiene descendientes) J02 Faringitis aguda Incluye todos sus descendientes: J02.0, J02.8, J02.9 J03 Amigdalitis aguda Incluye todos sus descendientes: J03.0, J03.00, J03.01, J03.8, J03.80, J03.81, J03.9, J03.90, J03.91 J04 Laringitis y traqueítis agudas Incluye todos sus descendientes: J04.0, J04.1, J04.10, J04.11, J04.2, J04.3, J04.30, J04.31 J05 Laringitis aguda obstructiva [crup] y epiglotitis aguda obstructiva Incluye todos sus descendientes: J05.0, J05.1, J05.10, J05.11 J06 Infecciones agudas del tracto respiratorio superior de localizaciones múltiples o no especificadas Incluye todos sus descendientes: J06.0 y J06.9
J09-J11	Gripe	J09 Gripe debida a virus de la gripe identificados Incluye todos sus descendientes: J09.X, J09.X1, J09.X2, J09.X3, J09.X9 J10 Gripe debida a otros tipos de virus de la gripe identificados Incluye todos sus descendientes: J10.0, J10.00, J10.01, J10.08, J10.1, J10.2, J10.8, J10.81, J10.82, J10.83, J10.89 J11 Gripe por virus de la gripe no identificado Incluye todos sus descendientes: J11.0, J11.00, J11.08, J11.1, J11.2, J11.8, J11.81, J11.82, J11.83, J11.89

Código CIE-10-ES	Descripción	Códigos CIE-10-ES que se incluyen
J12 - J18	Neumonía	<p>J12 Neumonía vírica, no clasificada bajo otro concepto Incluye todos sus descendientes: J12.0, J12.1, J12.2, J12.3, J12.8, J12.81, J12.82, J12.89, J12.9</p> <p>J13 Neumonía por <i>Streptococcus pneumoniae</i> (no tiene descendientes)</p> <p>J14 Neumonía por <i>Haemophilus influenzae</i> (no tiene descendientes)</p> <p>J15 Neumonía bacteriana, no clasificable bajo otro concepto Incluye todos sus descendientes: J15.0, J15.1, J15.2, J15.20, J15.21, J15.211, J15.212, J15.29, J15.3, J15.4, J15.5, J15.6, J15.7, J15.8, J15.9</p> <p>J16 Neumonía por otros microorganismos infecciosos, no clasificados bajo otro concepto Incluye todos sus descendientes: J16.0, J16.8</p> <p>J17 Neumonía en enfermedades clasificadas bajo otro concepto (no tiene descendientes)</p> <p>J18 Neumonía, microorganismo no especificado Incluye todos sus descendientes: J18.0, J18.1, J18.2, J18.8 y J18.9</p>
J20 - J21	Bronquitis y bronquiolitis aguda	<p>J20 Bronquitis aguda Incluye todos sus descendientes: J20.0, J20.1, J20.2, J20.3, J20.4, J20.5, J20.6, J20.7, J20.8, J20.9</p> <p>J21 Bronquiolitis aguda Incluye todos sus descendientes: J21.0, J21.1, J21.8, J21.9</p>
J22	Infección aguda NE de las vías respiratorias inferiores	J22 Infección aguda no especificada de las vías respiratorias inferiores (no tiene descendientes)
U07.1	COVID-19	U07.1 COVID-19
B97	Agentes virales como causa de enfermedades clasificadas bajo otro concepto	<p>B97.0 Adenovirus como causa de enfermedades clasificadas bajo otro concepto</p> <p>B97.2 Coronavirus como causa de enfermedades clasificadas bajo otro concepto Incluye todos sus descendientes: B97.21 y B97.29</p> <p>B97.4 Virus sincitial respiratorio como causa de enfermedades clasificadas bajo otro concepto</p> <p>B97.81 Metaneumovirus humano como causa de enfermedades clasificadas bajo otro concepto</p>

Tabla suplementaria 4. Códigos CIE correspondientes a infección respiratoria aguda en hospitales. SiVIRA, temporada 2024-25

Categoría	Signo o síntoma	CIE-10-ES	CIE-9 -MC
Infecciones	Infecciones agudas del tracto respiratorio superior	J00-J06	460-466
	Gripe y neumonía	J09-J18	480-488
	Otras infecciones agudas del tracto respiratorio inferior	J20-J22	466, 519.8
Otras enfermedades respiratorias	Bronquitis	J40	490, 491.21
	Enfermedad pulmonar obstructiva crónica reagudizada por una infección	J44.0, J44.1	496
	Asma con exacerbación (aguda)	J45.21, J45.31, J45.41, J45.51, J45.901, J98.01	493.02, 493.12, 493.22, 493.92
	Insuficiencia respiratoria, no clasificada bajo otro concepto, aguda o no especificada	J96.0, J96.2, J96.9	786.09
	Otros trastornos respiratorios especificados	J98.8	519.8
Vinculados a COVID-19	Neumonías confirmadas como debidas al nuevo coronavirus de 2019 (COVID-19)	J12.82 U07.1	079.82

Tabla suplementaria 5. Impresiones diagnósticas en el momento del ingreso definitivas de infección respiratoria aguda. SiVIRA, temporada 2024-25

Palabras clave para filtrar	Posibles impresiones diagnósticas compatibles con IRAG en los listados de admisión
Neumonía	Neumonía Neumonía derecha, izquierda, lobar, atípica Neumonía bilateral Neumonía adquirida en la comunidad Neumonía por organismo sin especificar Bronconeumonía Afectación pulmonar Infiltrados Opacidades Condensación
Asma	Asma agudización Asma agudizado Reagudización asmática Hiperreactividad bronquial Broncoespasmo
EPOC	EPOC reagudizado EPOC con exacerbación aguda
Infección respiratoria	Infección respiratoria Infección respiratoria aguda Bronquiolitis Gripe, síndrome gripal Infección SARS Infección COVID, COVID-19 Infección VRS
Insuficiencia respiratoria	Disnea Insuficiencia respiratoria aguda

Tabla suplementaria 6. Códigos incluidos en las definiciones sindrómicas de episodios en atención primaria. SiVIRA, temporada 2024-25

Síndromes	CIAP	CIE-9-MC	CIE-10-ES
Síndrome gripal	R80	487, 488	J09, J10, J11 y derivaciones
COVID-19 (o sospecha de)	A77	79.82	J12.82, U07.1 y derivaciones
Bronquitis y/o bronquiolitis	R78, R78.01	79.6, 466, 466.1, 466.11, 466.19	J20, J21 y derivaciones
Neumonía	R81	481-486	J12-J18 y derivaciones

Tabla suplementaria 7. Coberturas de vigilancia por CCAA. SiVIRA, temporada 2024-25

CCAA	Atención primaria		Hospitales	
	sindrómica	sistemática	sindrómica	sistemática
ANDALUCIA	98,9%	2,3%	38,7%	38,7%
ARAGON	99,0%	2,6%	28,0%	28,0%
ASTURIAS	98,8%	NA	32,5%	32,5%
BALEARES	98,6%	4,3%	29,2%	29,2%
CANARIAS	94,8%	3,0%	15,9%	15,9%
CANTABRIA	98,7%	NA	98,6%	98,6%
C. LA MANCHA	86,8%	2,5%	11,5%	11,5%
C. Y LEON	2,6%	2,6%	44,0%	44,0%
CATALUÑA	99,4%	9,1%	33,2%	33,2%
C. VALENCIANA	96,1%	100,0%	32,2%	32,2%
EXTREMADURA	5,1%	5,1%	41,4%	41,4%

	Atención primaria		Hospitales	
GALICIA	92,5%	NA	14,1%	14,1%
MADRID	10,0%	10,0%	27,8%	27,8%
MURCIA	98,9%	5,1%	17,2%	17,2%
NAVARRA	99,5%	NA	NA	NA
P. VASCO	98,0%	2,8%	16,2%	16,2%
LA RIOJA	98,5%	9,6%	75,7%	75,7%
CEUTA	88,6%	24,4%	99,7%	99,7%
MELILLA	84,6%	40,9%	98,6%	98,6%
NACIONAL	78,4%	4,5%*	30,3%	30,3%

*cobertura calculada excluyendo C. Valenciana

NA: no aplica