



Representación de la bacteria *Mycobacterium tuberculosis*, causante de la tuberculosis. Kateryna Kon/Shutterstock

En la tuberculosis, no todo contagio es un contagio reciente (y por qué importa)

Publicado: 26 abril 2026 23:54 CEST

<https://theconversation.com/en-la-tuberculosis-no-todo-contagio-es-un-contagio-reciente-y-por-que-importa-280105>

Cuando pensamos en una enfermedad infecciosa, tendemos a imaginar que alguien se contagia hoy, desarrolla síntomas mañana y transmite la infección a otros en los días siguientes. Esta intuición funciona bien para muchas enfermedades respiratorias, pero puede ser una imagen profundamente engañosa con la tuberculosis. De hecho, una parte importante de los casos que etiquetamos como “nuevos” no lo son tanto.

La tuberculosis sigue siendo un problema relevante de salud. En Europa se notifican decenas de miles de casos cada año, con una incidencia aún lejos de los objetivos globales de eliminación. Y entender cómo y cuándo se producen esos casos es mucho más complejo de lo que parece a simple vista.

Agazapada en el organismo

La clave está en una característica fundamental de la bacteria causante: su capacidad para, tras infectar a un individuo, permanecer en el organismo sin generar enfermedad. Cuando alguien se infecta con *Mycobacterium tuberculosis*, el sistema inmunitario puede contenerla. En esta situación, aunque el microorganismo no se elimina completamente, no se genera enfermedad. Sin embargo, años –o incluso décadas– después, la infección puede reactivarse.

Esto significa que un caso diagnosticado hoy no necesariamente corresponde a un contagio reciente. Puede ser la consecuencia de una infección adquirida mucho tiempo atrás, incluso en otra circunstancia. Y es aquí donde surge el problema: desde el punto de vista de la vigilancia epidemiológica, distinguir entre transmisión reciente y reactivación es esencial. No es lo mismo un brote activo que requiere intervención urgente para controlar otros casos implicados que la reaparición aislada de infecciones antiguas.

Tradicionalmente, los sistemas de vigilancia han utilizado información como contactos conocidos, lugar de residencia o grupos de riesgo para inferir cómo se transmite la enfermedad. Pero estos métodos tienen limitaciones evidentes. Por ejemplo, dos personas pueden vivir en el mismo entorno y desarrollar tuberculosis al mismo tiempo sin haberse contagiado entre sí. O, en un caso opuesto, pueden formar parte de una cadena de transmisión que pasa desapercibida, porque ocurre en entornos de exposición diferentes a los convencionales. En otras palabras: la intuición –incluso la intuición experta– no siempre basta.

Lo que revela la “lupa genómica”

En los últimos años, la genómica ha revolucionado nuestra capacidad para reconstruir la historia de las infecciones. Gracias a la secuenciación del ADN completo de la bacteria, podemos obtener una “fotografía genómica” propia de cada cepa. Como ocurre con los humanos, la imagen de esa fotografía cambia ligeramente con el tiempo: a medida que una cepa circula en una población, acumula mutaciones que actúan como un “reloj molecular”. Esto permite estimar la “edad” de cada cepa y determinar si un nuevo caso de tuberculosis es el resultado de una transmisión reciente o si corresponde a una reactivación de una variante con la que el paciente se infectó hace años.

Diversos estudios han demostrado que esa aproximación mejora la vigilancia epidemiológica, al identificar cadenas de transmisión reales y distinguirlas de coincidencias sin repercusión desde el punto de vista de la transmisión. Cuando se aplica la “lupa genómica”, el panorama cambia: muchos casos que parecían formar parte de transmisión reciente se revelan como reactivaciones de infecciones latentes adquiridas años atrás. En otras palabras, no todo lo que parece un contagio reciente lo es.

Este hallazgo no solo corrige una percepción errónea, sino que tiene implicaciones prácticas muy importantes: si somos capaces de diferenciar reactivaciones de transmisiones activas recientes podemos adaptar convenientemente las estrategias de control. De esa manera es posible dirigir los recursos hacia los entornos donde realmente hay transmisión activa, sin desplegar intervenciones tan intensivas cuando se trata de reactivaciones.

Implicaciones más allá de la tuberculosis

Al margen de las ventajas que esto supone en la lucha contra la tuberculosis, la lección va más allá de esta enfermedad concreta. La genómica está transformando la epidemiología al añadir una dimensión temporal que antes era inaccesible, ya que nos permite no solo saber quién está relacionado con quién, sino también en qué momento tuvo lugar esa relación. Es, en cierto modo, como pasar de ver una fotografía o un fotograma concreto a ver una película entera.

No obstante, proyectando hacia el futuro, el mayor reto al que nos enfrentamos quizá no sea tecnológico, sino conceptual. Estamos acostumbrados a pensar en las enfermedades infecciosas como eventos inmediatos, casi instantáneos. Pero la tuberculosis nos obliga a adoptar una visión más extendida en la que el pasado sigue influyendo en el presente. Y donde la genómica, siempre combinada con datos epidemiológicos y clínicos, nos aporta una imagen más próxima a la realidad de la dolencia para dar una respuesta adaptada a cada infección.

Aceptar que muchos casos “nuevos” no lo son realmente cambia cómo interpretamos los datos, cómo diseñamos intervenciones y, en última instancia, cómo entendemos la dinámica de las enfermedades. Porque en epidemiología, como en la vida, no todo lo que ocurre ahora empezó ayer.

Darío García de Viedma

Responsable del laboratorio de Genómica Microbiana del Servicio de Microbiología Clínica y Enfermedades Infecciosas del Hospital Gregorio Marañón. Facultativo especialista en Microbiología. Doctor en CC Biológicas, Instituto de Investigación Sanitaria Gregorio Marañón IISGM

Cristina Rodríguez Grande

Investigadora postdoctoral, Instituto de Salud Carlos III

José Antonio Garrido Cárdenas

Profesor del Departamento de Biología y Geología, Universidad de Almería

Laura Pérez-Lago

Co-responsable del laboratorio de Genómica Microbiana del Servicio de Microbiología Clínica y Enfermedades Infecciosas del Hospital Gregorio Marañón, Instituto de Investigación Sanitaria Gregorio Marañón IISGM

Miguel José Martínez Lirola

Facultativo Especialista en Microbiología, Junta de Andalucía

Sergio Buenestado Serrano

Investigador posdoctoral - Bioinformático en Microbiología Clínica y Enfermedades Infecciosas, Instituto de Investigación Sanitaria Gregorio Marañón IISGM

Sheri M. Saleeb

Predocctoral researcher, Instituto de Investigación Sanitaria Gregorio Marañón IISGM

Silvia Vallejo Godoy

Médica especialista en Medicina Preventiva y Salud Pública, Junta de Andalucía

DOI

<https://doi.org/10.64628/AAO.apuw9va4q>