



Facultad de Veterinaria
Universidad Zaragoza



Trabajo Fin de

Autor/es

Director/es

Facultad de Veterinaria

ÍNDICE

1. RESUMEN	1
2. INTRODUCCIÓN	2
2.1. LA TUBERCULOSIS COMO ENFERMEDAD REEMERGENTE MUNDIAL.....	2
2.1.1. Situación Actual e Historia.....	2
2.1.2. Abordaje Global de la TB	3
2.2. EL COMPLEJO ETIOLÓGICO	3
2.2.1. El Género <i>Mycobacterium</i> spp.....	3
2.2.2. Origen Etiológico del CMT	4
2.3. EPIDEMIOLOGIA DE LA TB.....	4
2.3.1. Especies Implicadas.....	4
2.3.2. Mecanismos de Transmisión	5
2.3.3. Saltos Interspecíficos de <i>M.bovis</i> y <i>M.tuberculosis</i>	5
2.4. CONTROL OFICIAL DE LA TB	6
2.5. LA FAUNA SILVESTRE EN EL MANTENIMIENTO DE LA TB	7
3. JUSTIFICACIÓN Y OBJETIVOS	8
4. METODOLOGÍA.....	9
4.1. REVISIÓN BIBLIOGRÁFICA	9
4.2. RECOPIACIÓN DE DATOS PARA EL ESTUDIO DE RIESGOS	9
4.3. ORGANIZACIÓN DE LA INFORMACIÓN Y SU ANÁLISIS	10
4.4. DISEÑO DE LA HERRAMIENTA PARA EVALUACIÓN DE RIESGOS.....	10
4.5. DISEÑO FINAL Y REDACCIÓN DEL TRABAJO	11
5. RESULTADOS Y DISCUSIÓN	11
5.1. CARACTERIZACIÓN DE POBLACIONES DE UNGULADOS SILVESTRES Y SU GESTIÓN EN EL PAÍS	11
5.1.1. Distribución de Frecuencias de Factores Relacionados con los Ungulados Silvestres	11
5.2. LA TB Y LOS UNGULADOS SILVESTRES	16
5.3. LA TB EN LOS RUMIANTES DOMÉSTICOS Y SU RELACIÓN CON LAS POBLACIONES DE UNGULADOS SILVESTRES.....	17
5.3.1. Censo de Rumiantes Domésticos por Comunidades Autónomas 2018	17
5.3.2. Incidencia y Prevalencia de TB en los Rumiantes Domésticos del País y su Distribución Geográfica.....	18
5.3.3. Relación entre las Características de Gestión de los Ungulados Silvestres y la TB en Rumiantes Domésticos del País	19
5.4. LA TB EN LAS POBLACIONES HUMANAS Y SU RELACIÓN CON LAS POBLACIONES DE UNGULADOS SILVESTRES.....	19
5.4.1. Casos de TB Humana en las Diferentes Comunidades Autónomas del País.....	19
5.4.2. Relación entre las Características de Gestión de los Ungulados Silvestres y la TB Humana en el País	20
5.5. MODELO APROXIMADO DEL RIESGO PARA LA SALUD PÚBLICA	21
6. CONCLUSIONES	24
7. VALORACIÓN PERSONAL	25
8. ANEXOS	26
9. BIBLIOGRAFÍA	28

1. RESUMEN

La Tuberculosis es actualmente una de las principales causas de mortalidad humana a nivel mundial. No podemos olvidar que afecta tanto a los animales como a las personas y que se puede transmitir de forma natural entre ambos, es por tanto una zoonosis para la cual en España se llevan años trabajando con programas de erradicación y control en el ganado bovino que, si bien casi han logrado el objetivo, en los últimos años parece que no terminan de ser efectivos.

Uno de los motivos que parece estar detrás de esa situación es la intervención de los ungulados silvestres como reservorios de la infección. En este trabajo se ha recogido la información de aquellas poblaciones de vida silvestre tratando de valorar el papel que juegan en el mantenimiento de la Tuberculosis humana y bovina en las distintas regiones de España.

Los resultados obtenidos ponen de manifiesto que la Tuberculosis humana se ha estancado e incluso en algunas zonas parece haber sufrido un ligero repunte que puede estar ligado a la presencia de ungulados silvestres. Los principales factores de riesgo identificados son aquellos relativos a la abundancia de animales silvestres: la distribución de animales en cotos de caza mayor y las sueltas de animales silvestres en los mismos.

Finalmente, con la información obtenida se ha elaborado un modelo preliminar para evaluar de forma orientativa el riesgo que supone la presencia de fauna silvestre para la salud pública en una determinada zona.

ABSTRACT

Tuberculosis is currently one of the main causes of human mortality worldwide. We must not forget that it affects animals and people and that it can naturally be transmitted between both species. It is therefore a zoonosis for which Spain has implemented control and eradication programs in cattle. However, although progress has been made towards this goal, it doesn't seem they have been effective in recent years.

One of the reasons that lies behind this situation is the intervention of wild ungulates as reservoirs of the infection. In this project the information on wildlife populations has been collected trying to assess the role they play in maintaining human and bovine Tuberculosis in the various regions of Spain.

The results obtained show that human Tuberculosis has stagnated and has even suffered a slight rebound in some areas that could be linked to the presence of wild ungulates. The main risk factors identified are those related to wild animals' abundance: the distribution of animals in hunting reserves and the release of wild animals in them.

Finally, the information obtained has been used as a guide to develop a preliminary model to assess the risk that wild faunas' presence poses to public health in a specific area.

2. INTRODUCCIÓN

2.1. LA TUBERCULOSIS COMO ENFERMEDAD REEMERGENTE MUNDIAL

2.1.1. Situación Actual e Historia

La Tuberculosis (TB) es una enfermedad infecto-contagiosa de distribución mundial que, a pesar de ser histórica y conocida por la gran relevancia que tuvo en el pasado, en la actualidad es la causa principal de muerte por enfermedad infecciosa en el mundo (*Organización Mundial de Salud (OMS), 2017*). Se trata de una zoonosis, una enfermedad que puede transmitirse entre animales y personas, que afecta sobre todo a países en vías de desarrollo y a pesar de los esfuerzos invertidos en el control de la enfermedad, está ganando importancia en los países más desarrollados. Según datos de la OMS, cada segundo se produce una nueva infección por el bacilo de la TB en el mundo y aproximadamente una tercera parte de la población mundial está actualmente infectada (*Dye et al., 1999*).

Se estima que el microorganismo responsable de la TB se estableció en Europa durante el desarrollo urbano de la Edad Media y se diseminó por el continente americano con los viajes de los colonos hacia “El Nuevo Mundo”. La gradual urbanización de la población fue el terreno ideal para que se convirtiese en una epidemia, debido a la aglomeración de la población en ciudades, aunque posiblemente el origen de la infección por TB en los humanos se remonta a hace miles de años, a poblaciones prehistóricas. El agente ha sido encontrado en momias egipcias y en personas originales de las américas desde 700 años antes de nuestra era (*Abalos y Retamal, 2004*). Hasta finales del siglo XIX las ciudades y pueblos eran lugares con alta morbilidad y mortalidad por TB, pero la presión genética ejercida sobre la población permitió adquirir cierta resistencia a la enfermedad (*McKinney, Jacobs y Bloom, 1998*). Con el inicio de la industrialización y coincidiendo con los primeros grandes rebaños bovinos productores de leche se extendió de nuevo la enfermedad. La ganadería industrial supuso entonces una de las principales fuentes de transmisión al humano principalmente por el consumo de la leche cruda. Con el incremento de las medidas de prevención y de salud pública, concretamente con la pasteurización de la leche, se redujo drásticamente la incidencia de infección (*Abalos y Retamal, 2004*). En la década de los 80 se llegó a creer que podría dejar de ser un problema de Salud Pública, especialmente en los países desarrollados, gracias a los nuevos tratamientos antibióticos que se diseñaron. Sin embargo, esta percepción cambió radicalmente en los años siguientes debido al constante incremento de casos de TB tanto en Estados Unidos como en Europa. Las causas de esta inversión en la tendencia descendente de la enfermedad fueron: la epidemia del virus de inmunodeficiencia humana (VIH), el aumento de la pobreza (sobre todo en áreas metropolitanas) y el flujo creciente de inmigrantes procedentes de países en vías de desarrollo, donde la prevalencia de la TB era, y sigue siendo, mucho mayor (*Raviglione, 2003*).

En la actualidad, gracias al control de la infección en el ganado, al amplio conocimiento científico que se ha ido adquiriendo desde hace más de 100 años sobre el agente responsable y debido a las opciones

de tratamiento con antibióticos que existen, se ha logrado la disminución de la infección humana, pero debido a su complejidad epidemiológica y a la aparición de cepas multirresistentes a los antibióticos de elección para tratarla, hoy se habla de la reemergencia de la Tuberculosis. A pesar de la mejora en el diagnóstico de la enfermedad y de las medidas tomadas a nivel mundial para controlar y erradicar la enfermedad, el escenario actual es el de una tercera parte de la población mundial infectada por el microorganismo de la TB, ubicada sobre todo en las regiones más pobres donde existe una deficiente sanidad pública además de una producción de alimentos de subsistencia con estrecha relación entre humanos y animales. En los países desarrollados existen datos que nos confirman la reemergencia de la tuberculosis tanto en humanos como en ganado en zonas que creíamos que esta estaba controlada o incluso erradicada (*Abalos y Retamal, 2004*).

2.1.2. Abordaje Global de la TB

El comportamiento y el estilo de vida de los humanos de la sociedad actual generan un impacto en los ecosistemas que repercute en los animales y en la interacción establecida entre ellos (*Chomel, Belotto y Meslin, 2007*). En las últimas décadas se ha observado un incremento significativo en la circulación de agentes infecciosos en este escenario de interacción. Para entender la emergencia y reemergencia de enfermedades hay que estudiarlas de manera global, con el concepto de One Health, una sola salud (*Destoumieux-Garzón et al., 2018*), observando los factores que participan en esta interfaz.

Al tratarse de una zoonosis, la TB es un claro ejemplo de enfermedad crónica que muestra la interdependencia existente entre los sectores de la salud humana y salud animal y el medio en el que estos se relacionan. Las medidas de lucha frente a la enfermedad en salud pública deben empezar por el control de esta en el ganado (*Cosivi, citado en Michel, Müller y van Helden, 2009*). Aunque en la actualidad estamos viendo que, a pesar de los programas de control y erradicación de la TB en el ganado, esta no termina de desaparecer en algunas zonas, debido al papel que desempeñan algunas especies de animales de vida silvestre actuando como reservorios en el mantenimiento de la infección (*Abalos y Retamal, 2004*).

Hay que hacer un enfoque global, observando los nuevos eventos epidemiológicos y todos los factores que, interconectados, contribuyen en la persistencia de la enfermedad (*Dhama et al., 2013*).

2.2. EL COMPLEJO ETIOLÓGICO

2.2.1. El Género *Mycobacterium* spp

La TB es una enfermedad causada por bacterias pertenecientes al género *Mycobacterium* spp. Como indica el estudio de Álvarez-Sánchez (2008), en este género se encuentran descritas bacterias saprófitas, patógenos oportunistas y patógenos estrictos del hombre y los animales. Las características fundamentales compartidas por todos los miembros de este género son: su forma bacilar, la ácido-alcohol resistencia, la aerobiosis, la inmovilidad y su imposibilidad para formar esporas. Se han

elaborado numerosas clasificaciones de este género a lo largo de los años, atendiendo primero a características fenotípicas, patogenicidad, y desde finales del siglo pasado, a los genotipos. Existen dos complejos etiológicos responsables de diferentes enfermedades.

El Complejo Mycobacterium Tuberculosis (CMT) es el grupo de Mycobacterias de crecimiento lento y comprende las especies de mayor importancia en veterinaria y en salud pública. Incluye todas las especies causantes de la tuberculosis humana y animal (*M.tuberculosis*, *M.bovis*, *M.africanum*, *M.microti*, *M.pinnipedii*, *M.canetti*, *M.caprae*). Esta familia de ecotipos estrechamente relacionados entre si están adaptados cada uno a un hospedador específico o a un pequeño grupo de hospedadores, aunque en algunos casos pueden saltar de una especie a otra.

Otro complejo importante del género Mycobacterium es el complejo *M.avium*, responsable de la paratuberculosis. A diferencia del CMT este no causa TB y comprende especies con un mayor grado de divergencia genética, con importantes diferencias fenotípicas entre las mismas.

2.2.2. Origen Etiológico del CMT

Desde la perspectiva de la salud pública, los dos agentes más importantes son *M.tuberculosis* y *M.bovis*, principales agentes causantes de la TB en humanos y en bovinos. Son especies estrechamente relacionadas que, a pesar de algunas diferencias bioquímicas, tienen una homología nucleotídica que alcanza a un 99,95% (Abalos y Retamal, 2004). Aunque el origen de la mycobacteria sigue sin estar claro a día de hoy.

La hipótesis inicial sugiere que la TB habría evolucionado a partir de una enfermedad originariamente animal, adquiriendo en el proceso la capacidad de infectar a un mayor rango de hospedadores y de transmitirse entre ellos, tras un conjunto de mutaciones ocurridas en el genoma de *M.bovis* y a polimorfismos nucleotídicos únicos (single-nucleotide polymorphism) en genes que codifican para proteínas secretadas en la pared celular. En contraposición, los nuevos hallazgos plantean como alternativa que podría haber ocurrido lo contrario. Los estudios más recientes sugieren que el ancestro común del CMT emerge de un progenitor humano de hace 40.000 años en el este africano. Unos 20.000 años después habrían surgido dos cepas independientes, una resultando en *M.tuberculosis* (tuberculosis humana) y otra pasando del humano a los animales. Se cree que ésta tuvo un amplio rango de hospedadores animales y terminó por diversificarse (Gutiérrez et al, citado en Wirth et al., 2008). Esta adaptación a los hospedadores animales probablemente coincidió con la domesticación del ganado hace aproximadamente 13.000 años (Michel, Müller y van Helden, 2009).

2.3. EPIDEMIOLOGIA DE LA TB

2.3.1. Especies Implicadas

La bacteria que causa la mayoría de casos de TB humana es *M.tuberculosis*, aunque no es la única que puede afectar al hombre. La TB bovina en cambio es causada mayoritariamente por la bacteria

M.bovis. Esta última, debido a la capacidad de infectar también al hombre y producir la enfermedad también es conocida como “tuberculosis zoonótica”. Aunque la proporción de TB humana causada por *M.bovis* es muy inferior en comparación a la causada por *M.tuberculosis*, no podemos subestimar el potencial impacto que supone la TB bovina para aquellas personas expuestas (Michel, Müller y van Helden, 2009) (se calcula que en ciertos países *M.bovis* causa hasta un 10% de los casos de TB humana). Sin embargo, no es posible diferenciar clínicamente las infecciones provocadas por *M.tuberculosis* de aquellas causadas por *M.bovis* y no se llega a distinguir entre las dos especies en el diagnóstico (Humblet, Boschirolí y Seagerman, 2009). *M.bovis* no es la única que puede hacer el salto interespecie, sino que *M.tuberculosis* también tiene potencial para infectar a otras especies diferentes del humano, especialmente al bovino (Michel, Müller y van Helden, 2009).

En la actualidad existen evidencias y estudios de la existencia de otras especies distintas al bovino y al humano implicadas en la epidemiología de la TB. Según la Organización Mundial de Salud Animal (OIE) (2017) la infección por *M.bovis* en animales silvestres ha sido documentada recientemente a nivel mundial y además existen informes de la infección de *M.tuberculosis* en animales silvestres de vida libre.

2.3.2. Mecanismos de Transmisión

Las formas de contagio en los humanos son diversas, siendo la vía respiratoria la más habitual (Lozano, 2002). En los rebaños la vía principal de ingreso de la infección es por introducción de bovinos enfermos o portadores de *M.bovis*. La importancia de la vía aérea en la transmisión en bovinos se explica por la baja dosis infectiva que requiere la mycobacteria en el tejido pulmonar, con la posibilidad incluso de que una sola bacteria establezca una infección efectiva en el bovino a través de esta ruta. El uso compartido de bebederos y comederos facilita la entrada por vía digestiva y en el caso de terneros la forma habitual de infección es por esta vía tras la ingestión de calostro o leche contaminada de una vaca infectada. La excreción de *M.bovis* desde animales infectados es más eficiente en las primeras etapas de la infección y la dosis infectiva tendrá una gran influencia en la cinética y gravedad de la enfermedad en el ganado (Abalos y Retamal, 2004).

2.3.3. Saltos Interspecíficos de *M.bovis* y *M.tuberculosis*

El salto interespecífico, es decir, la transmisión del CMT entre bovino y humano es posible. Aunque se considera que el verdadero hospedador de *M.bovis* es el ganado vacuno, tiene un rango excepcionalmente amplio de hospedadores. Distinguimos entre los hospedadores de manutención y los incidentales. Los primeros son capaces de infectarse y diseminar la bacteria a otros individuos susceptibles, en cambio, los segundos son capaces de infectarse y cursar la enfermedad, pero raramente diseminan la infección a otros individuos. El bovino es el principal hospedador de manutención en el caso de la TB por *M.bovis* (todos los bovinos infectados son una fuente potencial

de diseminación y una alta proporción de ellos excretarán la bacteria en algún momento de su vida) y el humano es un ejemplo de hospedador incidental (Abalos y Retamal, 2004).

La zoonosis es más frecuente en los grupos de mayor riesgo; veterinarios, ganaderos, trabajadores de matadero, cazadores y deportistas con estrecho contacto con el medio natural y con animales de vida silvestre, grupos con prácticas culturales y religiosas diversas y países en vía de desarrollo (Michel, Müller y van Helden, 2009). El ganado lechero es el que supone mayor riesgo para la transmisión de TB al hombre (Abalos y Retamal, 2004). Los humanos pueden infectarse al ingerir leche cruda de vacas infectadas o bien por contacto directo con tejidos infectados en matadero o carnicerías, siendo la vía respiratoria también probable en personas con estrecho contacto con los animales, pudiendo inhalar gotículas infectivas (OIE, 2017).

Hace falta destacar que *M.bovis* no es la única que puede hacer el salto interespecie, sino que *M.tuberculosis* también tiene potencial para infectar a otras especies diferentes del humano, como por ejemplo al bovino. En los animales se desarrolla una enfermedad no progresiva y leve sintomatología, suficiente para producir una reacción positiva frente a las pruebas de diagnóstico de hipersensibilidad cutánea (intradermo tuberculinización) (Abalos y Retamal, 2004). Los bovinos lecheros son los que tienen mayor riesgo poblacional, debido principalmente al manejo intensivo al que son sometidos y a la presencia de personal encargado de su cuidado que podría ser responsable de la transmisión de la infección (Pérez-Lago, Navarro y García-de-Viedma, 2014). Es importante destacar que el bacilo de la TB humana, una vez transmitida la infección a un animal, puede ser transmitida entre animales y desde estos al ser humano nuevamente, lo que implica un importante potencial zoonótico para las personas de más riesgo (Michel, Müller y van Helden, 2009).

2.4. CONTROL OFICIAL DE LA TB

La TB humana es una enfermedad de declaración obligatoria (EDO) en España que debe ser notificada por los profesionales sanitarios al Centro Nacional de Epidemiología, a través de la Red Nacional de Vigilancia Epidemiológica (RENAVE).

La transmisión desde los animales al ser humano constituye un problema de salud pública, por este motivo, en los países de la CE se llevan implantando programas de erradicación de la tuberculosis bovina desde el año 1977, de acuerdo con las Directivas 77/391/CEE y 78/52/CEE y la Decisión 87/58/CEE. En España se diseñó el Programa Nacional de Erradicación de Tuberculosis Bovina (PNETB) con el objetivo de llevar a cabo actuaciones de inspección y vigilancia continuadas en el tiempo, mediante la realización de pruebas individuales para la detección de enfermedad en explotaciones bovinas, sacrificio de los animales que hayan estado en contacto con la infección e inspección post mortem de la carne en matadero.

Después de los propios bovinos se sabe que las especies silvestres desempeñan un papel importante en el mantenimiento y transmisión de la TB. Estos complejos sistemas en los que están involucradas

especies silvestres provocan la reaparición de casos de infección en explotaciones ganaderas sobre todo de carácter extensivo (Gortázar *et al.*, 2007), y participan en el hecho que las campañas de erradicación en domésticos no terminen de ser exitosas (Allepuz citado en Cristóbal, 2011). Con tal de conocer la influencia que tiene la fauna silvestre en los diferentes escenarios epidemiológicos de la TB bovina existentes en España, se elaboró el Plan de Actuación sobre Tuberculosis en Especies Silvestres (PATUBES). En este plan de vigilancia se recogen propuestas y medidas a establecer para disminuir la transmisión entre especies silvestres y domésticas.

En el análisis de evolución de la TB bovina realizado en 2018 se aprecia una tendencia al descenso hasta el 2013, año en el cual se detecta un repunte y posterior ascenso hasta la actualidad.

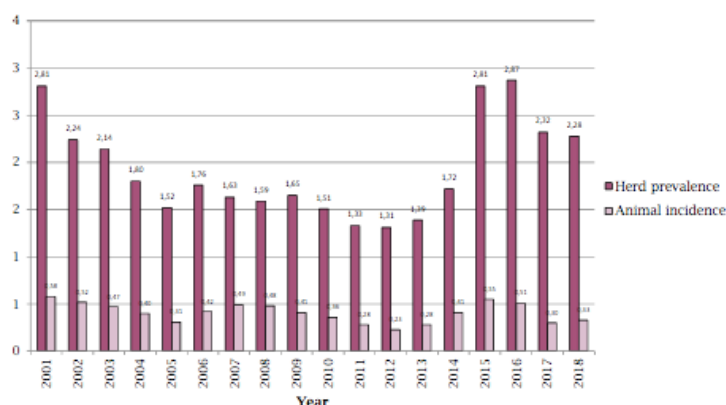


Figura 1. Evolución de la prevalencia e incidencia de la tuberculosis en rebaños bovinos. Fuente: PNETB, 2020

2.5. LA FAUNA SILVESTRE EN EL MANTENIMIENTO DE LA TB

La presencia de la infección en especies silvestres, principalmente en el jabalí *Sus scrofa* (Boadella *et al.*, 2012; Naranjo *et al.*, 2008) y el ciervo *Cervus elaphus* (Vicente *et al.*, 2006) en otros ungulados silvestres como el corzo *Capreolus capreolus* y el gamo *Dama dama* y potencialmente en el tejón *Meles meles* (Sobrino *et al.*, 2008), y el mantenimiento de la infección en estas dificulta el control de la tuberculosis bovina en la península ibérica, suponiendo un riesgo para la salud pública. En todas estas especies silvestres la TB se introduce principalmente desde ganaderías de bovino extensivo infectadas, pudiendo posteriormente retornar la infección de nuevo al bovino e incluso al humano. Los hospedadores silvestres son un tipo de hospedadores incidentales. Estos normalmente no deberían mantener la infección, pero si la densidad, susceptibilidad y prevalencia de tuberculosis en estos hospedadores es elevada y las condiciones ecológicas son favorables, estos pueden actuar como reservorios de la infección y tener un rol en la diseminación de esta (Humblet, Boschirolí y Seagerman, 2009). Muchas veces, estas elevadas densidades y prevalencias de TB en la fauna silvestre son consecuencia de la intervención humana (Gortázar *et al.*, 2008). Esta situación se encuentra en zonas que cumplen una serie de características: espacios naturales protegidos, zonas donde existen fincas valladas de caza mayor, entornos de ganadería extensiva con grandes superficies de pasto (Guta *et al.*,

2014; Humblet et al., 2010) y con presencia de puntos de agua, comederos y lugares naturalmente ricos en recursos. El clima cálido y seco mediterráneo favorece la agregación y el contacto intra e interespecífico y puede afectar a la condición física de los animales aumentando la susceptibilidad de los animales a la infección (PATUBES, 2017).

La transmisión entre fauna silvestre y ganado es más frecuente si ambos grupos comparten territorio y pastos (Cosivi, citado en Michel, Müller y van Helden, 2009). Además, la posibilidad de que la TB transferida a la población silvestre pueda retornar al ganado y de este al ser humano es cada vez más factible cuando se comparten praderas o cuando el ganado invade territorios silvestres (Abalos y Retamal, 2004). La intrusión de los animales domésticos en hábitat salvaje y la actual tendencia entre la población de realizar actividades en áreas rurales (turismo de montaña, deportes en zonas rurales y todo tipo de actividades recreacionales en hábitat natural) y la creación de cotos privados de caza expone a las personas a un riesgo de contraer TB al contactar con fuentes animales de infección (Michel, Müller y van Helden, 2009). En estos puntos existe un riesgo elevado de transmisión y mantenimiento de la infección (Gortázar et al., 2007) y estas actividades eco-turísticas, sin olvidarnos de la caza, no solo suponen un riesgo para las personas que lo practican sino también para los propios animales silvestres.

3. JUSTIFICACIÓN Y OBJETIVOS

La información vista anteriormente ha puesto de manifiesto la importancia de la TB tanto en sanidad animal como en salud pública, las características especiales de su etiología y de la infección que hacen de ella una zoonosis de gran impacto especialmente en países en vías de desarrollo, siendo reconocida en esos entornos como una zoonosis olvidada.

En los países desarrollados es una enfermedad casi erradicada pero que en las últimas décadas ha reemergido ligada a diferentes factores, entre los que se ha reconocido el papel de los ungulados silvestres como reservorios del microorganismo.

Esta última afirmación es la que nos ha llevado a plantear la necesidad de profundizar en el papel que juega la fauna silvestre en la reemergencia de la tuberculosis. Para ello, el trabajo se ha centrado en conocer más a fondo la relación interespecífica entre las especies silvestres de nuestro país con la TB humana y bovina y tratar de identificar factores de riesgo asociados a la vida silvestre en España.

Por ello, el objetivo general del trabajo ha sido valorar la situación actual y tendencias de la enfermedad en personas y animales e identificar los principales factores de riesgo de transmisión de la TB a humanos a partir de animales como consecuencia de la interacción entre aquellos, con especial referencia a las poblaciones de vida silvestre.

Como objetivos específicos se han planteado:

- i. Analizar la situación de la TB humana de los últimos años en las diferentes comunidades autónomas y su tendencia actual y futura, tanto en personas como en rumiantes domésticos y de vida silvestre.
- ii. Valorar la posible intervención de factores asociados a la interacción entre los ungulados silvestres y las poblaciones humanas como elemento de transmisión de la tuberculosis al hombre.
- iii. Diseñar un modelo que permita realizar de forma aproximada una evaluación de riesgo de TB humana en función de la interacción con poblaciones animales.

4. METODOLOGÍA

4.1. REVISIÓN BIBLIOGRÁFICA

En primer lugar, se ha llevado a cabo una búsqueda de información relativa la enfermedad utilizando la Biblioteca de la Universidad de Zaragoza y mediante los motores de búsqueda especializados PubMed, Web of Science, Science Direct y Google Académico. Esta búsqueda se ha hecho tanto en español como en inglés utilizando palabras clave relacionadas con la enfermedad: *Tuberculosis Bovina*, *Mycobacterium Tuberculosis*, *Mycobacterium bovis*, *Epidemiology*, *Transmission*, *Ecology*, *Risck factors*. Para completar las revisiones y artículos científicos se ha utilizado la información disponible en páginas web de organismos internacionales de salud pública como la Organización Mundial de Salud (OMS), el Centro de Control de Enfermedades de los Estados Unidos (CDC), el Centro de Control de Enfermedades Europeo (ECDC) o la Organización Mundial de la Salud Animal (OIE).

El criterio de inclusión de los documentos y estudios científicos se ha basado principalmente en la relevancia de la información aportada de cara a los objetivos del trabajo, limitando por año de publicación, seleccionando, salvo alguna excepción, los últimos 10 años.

4.2. RECOPIACIÓN DE DATOS PARA EL ESTUDIO DE RIESGOS

Los datos epidemiológicos relativos a la situación sanitaria de la enfermedad se han obtenido a partir de documentos oficiales, centrándose en la información de los últimos dos años.

Los casos de TB humana se han consultado en el Boletín Epidemiológico Nacional (https://www.isciii.es/QueHacemos/Servicios/VigilanciaSaludPublicaRENAVE/EnfermedadesTransmisibles/Documents/INFORMES/OTROS%20INFORMES/RENAVE_EDO_2017.pdf#search=tuberculosis), y en el Boletín Semanal de Tuberculosis (<http://revista.isciii.es/index.php/bes/issue/archive>).

Los datos relativos a la situación de la enfermedad en Bovino Doméstico se han obtenido de la página oficial del Ministerio de Agricultura, Pesca y Alimentación (MAPAMA) a partir de los mapas de prevalencia e incidencia de TB (https://www.mapa.gob.es/es/ganaderia/temas/sanidad-animal-higiene-ganadera/sanidad-animal/enfermedades/tuberculosis/Tuberculosis_bovina.aspx)

Toda la información relativa a la Fauna Silvestres se ha obtenido del Plan de Actuación sobre Tuberculosis en Especies Silvestres (PATUBES) (https://www.mapa.gob.es/es/ganaderia/temas/sanidad-animal-higiene-ganadera/patubes2017_3_tcm30-378321.pdf).

Por otro lado, se han extraído datos relativos a censos de población. La información relativa al censo de ganado bovino se ha obtenido de los Análisis provinciales del censo de animales y Encuestas Ganaderas del MAPAMA (<https://www.mapa.gob.es/es/estadistica/temas/estadisticas-agrarias/ganaderia/encuestas-ganaderas/>). La información de censo, repoblaciones, capturas y datos cinegéticos relativos a la Fauna Silvestre se han obtenido del Anuario de Estadística Forestal (https://www.mapa.gob.es/es/desarrollo-rural/estadisticas/forestal_anuario_2017.aspx). En este caso, la información utilizada afectaba a los últimos 5 años.

4.3. ORGANIZACIÓN DE LA INFORMACIÓN Y SU ANÁLISIS

En un primer momento, todos los datos recopilados se gestionaron creando una base de datos inicial en una hoja Excel. A partir de aquí, aquellas variables con valores continuos se transformaron en valores discontinuos mediante la creación de rangos. Para la creación de los rangos, generalmente 4 diferentes, se determinaron la media, la mediana, los cuartiles y los percentiles y en función de su distribución se creó la base de datos final. En esta, todas las variables tienen un formato discontinuo y a cada una de ellas se le ha atribuido uno de los rangos creados.

A partir de la base de datos original (que incluía variables continuas y discontinuas) y de la adaptada (con la transformación de las variables continuas a discontinuas), se ha realizado el análisis estadístico utilizando el programa informático de dominio público EpiInfo 7® (<http://www.cdc.gov>). Las pruebas estadísticas se han utilizado en función del tipo de variable (cuantitativa y cualitativa) y del tipo de distribución (normal o no). Para todas las variables se ha determinado su distribución de frecuencias, ya sean porcentajes para las discontinuas y media y mediana para las continuas. Posteriormente se ha estudiado la asociación estadística entre variables utilizando diferentes tipos de prueba según el tipo de variables relacionadas entre si. La significación estadística se ha determinado mediante el valor del estadístico “p”, considerándolo significativo en nuestro caso y pensando en el modelo final, cuando el valor es ≤ 0.05 , o bien mediante el coeficiente de correlación r^2 para las variables continuas, considerando significativa la relación si el valor es > 0.5 e interpretando el sentido de la asociación según el signo de r^2 .

4.4. DISEÑO DE LA HERRAMIENTA PARA EVALUACIÓN DE RIESGOS

Con los datos obtenidos en el análisis estadístico y tras ajustar los rangos de distribución de cada variable, se organizó una nueva hoja de cálculo Excel que se utilizó como soporte para diseñar un modelo semicualitativo que permita evaluar, de forma aproximada, el riesgo de exposición a la TB en

las poblaciones humanas de un determinado entorno atendiendo a la interacción con animales de vida silvestre.

Los diferentes factores considerados en el estudio se han organizado en un árbol de información constituido por nodos de riesgo. A su vez, cada uno de estos nodos está constituido por factores que han resultado asociados o se han identificado en otros trabajos como elementos de riesgo potencial, con sus rangos correspondientes. La interacción entre el conjunto de todos los nodos determina el riesgo global.

De cara a valorar el riesgo de cada nodo y de cada factor se ha establecido una correspondencia con un valor entre 1 y 4 (de menor a mayor probabilidad de riesgo) o desde el punto de vista cualitativo definidos como: inapreciable, posible, moderado, elevado. El riesgo de los nodos se genera mediante el cruzamiento de los valores de cada uno de los factores de riesgo entre sí (ver Anexo 1), siguiendo el modelo de aproximación al riesgo cualitativo propuesto por la OIE para el movimiento de animales y productos de origen animal (Handbook on Import Risk Analysis for Animals and Animal Products, 2010) y el protocolo de Zepeda definido en: “El análisis de riesgos: Instrumento de ayuda en la toma de decisiones para controlar y prevenir las enfermedades animales” (Zepeda Sein and OIE, 2002). Una vez creado el árbol de información con sus nodos y factores de riesgo, se ha creado la estructura de representación visual en la misma hoja de cálculo Excel, generando un resultado final en formato de red o tela de araña.

4.5. DISEÑO FINAL Y REDACCIÓN DEL TRABAJO

Una vez recopilada la información y tras obtener los resultados del análisis estadístico, el trabajo se ha organizado por bloques y se ha redactado siguiendo una estructura lógica y ordenada. Los contenidos se han asignado para cada uno de los subapartados del trabajo y en el texto se ha citado la bibliografía correspondiente, utilizando el estilo Harvard (http://biblioteca.unizar.es/sites/biblioteca.unizar.es/files/documentos/estilo_harvard_resumen_buz_con_rrss.pdf). La bibliografía se ha referenciado y ordenado según el mismo método.

5. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

5.1. CARACTERIZACIÓN DE POBLACIONES DE UNGULADOS SILVESTRES Y SU GESTIÓN EN EL PAÍS

5.1.1. Distribución de Frecuencias de Factores Relacionados con los Ungulados Silvestres

Las poblaciones de ungulados silvestres predominantes en España son: el Jabalí, el ciervo, el corzo y el gamo. Su distribución es muy variable en función del área geográfica y la gestión cinegética que se realiza de ellos. El jabalí es capaz de adaptarse a una gran variedad de hábitats y condiciones. Prefiere los ambientes forestales donde alcanza densidades poblacionales superiores a los 10 individuos por km² en varias regiones del suroeste y del norte y noreste (PATUBES, 2020). La disposición de alimento puede ser el factor más determinante para que el jabalí se establezca o no en un determinado paraje

o territorio, ya que por lo demás, podemos encontrarlo en hábitats forestales, dehesas, encinares o en tierras llanas de cultivos desprovistas de vegetación (Figura 2) (Rosell y Herrero, 2020).

El hábitat urbano y periurbano puede cubrir las principales necesidades del jabalí. Dispone de alimento abundante, zonas con vegetación que le sirven de refugio y apenas se le molesta (Gortazar, 2020).

En España no existe un censo oficial de jabalíes, pero se estima que puedan superar el millón de ejemplares, censo que se podría llegar a duplicar en 2025. En algunas regiones se estima una densidad de 12 animales por Km cuadrado.

Algo similar ocurre con los datos de censo de ciervos y gamos, si bien en algunos estudios y extrapolaciones de datos oficiales sugieren que podría haber en torno a 800.000 ciervos (Romero, 2017).

Aunque ambas especies se encuentran en expansión geográfica, el ciervo está mucho más extendido que el gamo, ocupando buena parte de los ambientes forestales del centro-suroeste peninsular, de la Cordillera Cantábrica, del Pirineo y del Sistema Ibérico, entre otros (Figura 3).

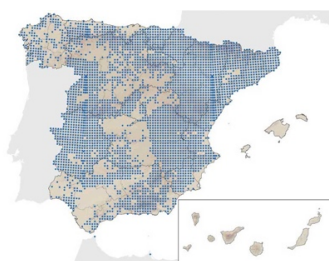


Figura 2. Mapa de distribución de Jabalí.

Fuente: Rosell C y Herrero J, 2020

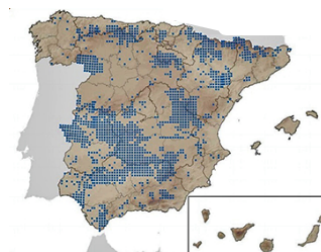


Figura 3. Mapa de distribución de Ciervo

Fuente: Romero, 2017

Ante esa ausencia de datos claros sobre el censo, se han valorado una serie de parámetros que pueden orientar acerca de la densidad de estas especies. El más importante es el dato de abundancia extraído del Plan Nacional de Vigilancia Sanitaria en Fauna Silvestre (Figura 4).



Figura 4. Principales unidades de muestreo de fauna silvestre en el marco del Plan de Vigilancia Sanitaria.

Fuente: PATUBES, 2020

La abundancia de ungulados silvestres supone un factor de riesgo a tener en cuenta ya que en zonas de ganadería extensiva existirá un mayor contacto entre estos grupos. Si esto ocurre en zonas donde la incidencia y prevalencia de rebaños bovinos TB sea elevada y en zonas donde los silvestres presenten elevadas incidencias de TB, habrá una mayor probabilidad de contagio entre ambas especies.

Los datos de la Tabla 1 nos indican que el 36% del territorio del país, representando el porcentaje más elevado, está dentro de unos rangos de abundancia de ungulados silvestres media, pero en expansión al alta. De este modo podríamos pensar que dentro de un tiempo los territorios comprendidos en este rango (Extremadura, la mayoría de las provincias de Castilla y León y provincias como Gerona, Zaragoza, La Rioja, Toledo y otras) pasaran a ser zonas de abundancia alta, superando el 24% que representa ahora este rango dentro del territorio español. Hoy en día los territorios con más abundancia de ungulados silvestres se encuentran en el noroeste peninsular (Galicia, Asturias, Cantabria, país vasco y navarra) y en el pre-pirineo aragonés y catalán.

Tabla 1. Abundancia de Ungulados Silvestres en el territorio español

Abundancia Ungulados	% de territorio
No existe o escasa	28
Abundancia media	12
Abundancia media en expansión	36
Abundancia alta	24

Junto al parámetro de abundancia, otros factores de interés asociados a riesgo de TB para la salud pública son los relativos a la gestión de ungulados silvestres (tabla2): la superficie cinegética, la superficie de cotos de caza privados y públicos, las capturas de caza mayor, de jabalí, de ciervo y de corzo, las sueltas y el numero de licencias.

Tabla 2. Distribución de las frecuencias de los factores asociados a riesgo de TB relativos a la gestión de ungulados silvestres

VARIABLE	MEDIA	MEDIANA	MODA	25%	75%
Superficie Cotos Priv. (ha)	1205	468	2	206	972
Superficie Cotos Pub. (ha)	39,549	2	0	0	9
Número Cotos Priv. (nº)	1506166,4706	717242	686985	533751	1129243
Número Cotos Pub. (nº)	159543,0588	22319,	0	0	99899
Capturas Jabalí (nº)	14540,7647	6314	0	2901	11349
Capturas Ciervo (nº)	7012,8824	774	0	99	4859
Capturas Corzo (nº)	4029,5882	1250	0	553	2586
Sueltas (nº)	2881,6667	99	0	0	99
Licencias (nº)	90057,6111	35131,5000	7541	11735	49089

Los valores obtenidos para cada uno de esos factores se han caracterizado por presentar mucha variabilidad entre provincias y entre comunidades autónomas, por ello, para analizar riesgos se ha utilizado la mediana ya que es una medición que se ajusta mejor a esa dispersión. A partir de los valores absolutos para cada provincia o comunidad autónoma, se han organizado rangos teóricos de riesgo para cada uno de aquellos factores relacionados con la gestión de las poblaciones de ungulados silvestres. Su distribución entre comunidades autónomas se observa en las tablas 3 y 4.

Tabla 3. Superficie Cinegética y Áreas de Cotos en el territorio español

Variable/Rango Riesgo	1	2	3	4	Sin Dato
Superficie Cinegética (% territorio)	10	22	56	12	
Área Cotos Privados (% territorio)	24	24	26	24	2
Área Cotos Públicos (% territorio)	28	28	22	20	2

(ver Anexo 2 para valores 1, 2, 3, 4)

La superficie cinegética de España está muy extendida por todo el territorio y es un factor de riesgo a tener muy en cuenta ya que más del 50% del territorio del país se encuentra en unos rangos de riesgo elevados. Concretamente, el 56% del territorio del país, representando el porcentaje más elevado, está dentro de unos rangos de superficie cinegética que se encuentran entre 86 y 95% de la superficie total. Las zonas de España dentro de los rangos de mayor riesgo con respecto a la superficie cinegética son Aragón, la Rioja, y las provincias gallegas de Coruña y Lugo

Dentro del área cinegética existen cotos públicos y privados. La superficie de cotos privados es mucho mayor que la de cotos públicos, con lo cual, el riesgo asociado a los cotos privados es más relevante y estará asociado a un mayor número de capturas de caza mayor.

La superficie de cotos privados al ser mucho mayor que la de públicos nos lleva a pensar que tendrá más abundancia de animales y mayores capturas de caza mayor. Todo esto conlleva mayor riesgo asociado al contacto con TB.

Tabla 4. Capturas de Caza Mayor (Jabalí, Ciervo y Corzo) en el territorio español.

Variable/Rango Riesgo	1	2	3	4	Sin Dato
Capturas Caza Mayor (% territorio)	28	38	22	12	
Capturas Jabalí (% territorio)	20	28	26	24	2
Capturas Ciervo (% territorio)	26	22	26	24	2
Capturas Corzo (% territorio)	24	24	26	24	2

(ver Anexo 3 para valores 1, 2, 3, 4)

Los resultados obtenidos para las variables relacionadas con la captura de estas especies nos muestran que el 38% del territorio del país, representando el porcentaje más elevado, está dentro de unos rangos de capturas de caza mayor que se encuentran entre 5001 y 15000 anuales (2016). El 12% del territorio del país, representando el porcentaje más bajo, está dentro de unos rangos de capturas de caza mayor anuales de más de 30000 (2016). El riesgo asociado a estas variables dependerá de las características cinegéticas de cada zona. En las zonas donde haya mayor número de licencias de caza y mayor número y superficie de cotos de caza probablemente habrá más capturas. Es posible que haya CCAA con mucha abundancia de animales silvestres, pero en cambio, que el número de cotos sea bajo y el número de licencias expedidas sea también bajo, con lo cual en estas zonas las capturas serán menores. El número de capturas también dependerá del tipo y densidad de fauna existente en cada zona y de la superficie cinegética que exista en las mismas. Por ejemplo, la Tabla 4 nos muestra que el 28% del territorio del país, representando el porcentaje más elevado, está dentro de unos rangos de capturas de jabalí de entre 2.901 y 6.300 anuales. Esto ocurre en las zonas de Castilla la Mancha, las de provincias de Catalunya excepto Tarragona, la provincia de Huesca, Cáceres, Valencia y Jaén. En todas estas zonas probablemente la abundancia de Jabalí es más elevada que en otras y por eso el número de capturas de esta especie sea mayor que en otras zonas. El 20% del territorio del país, representando el porcentaje más bajo, está dentro de unos rangos de captura de jabalí de menos de 2.900 anuales, probablemente son zonas con menor abundancia de jabalí y menor número de licencias (del 2% de las provincias no hay información respecto a este factor).

En la tabla 5 vemos representados los riesgos asociados a la suelta de animales en zonas de caza. El 40% del territorio del país, representando el porcentaje más elevado, NO realiza sueltas. El 36% del territorio del país, representando el porcentaje más bajo, SI realiza sueltas. (Del 24% de las provincias no hay información respecto a este factor).

Tabla 5. Suelas de Ungulados Silvestres en el territorio español

Suelas de Ungulados Silvestres	% territorio
No	40
Sí	36
Sin datos	24

Otro factor estudiado ha sido el de número de accidentes de tráfico por causa de animales silvestres (Tabla 6). Probablemente exista entre un mayor número de accidentes en zonas donde la abundancia de animales silvestres sea mayor. El 40% del territorio del país, representando el porcentaje más elevado, está dentro de unos rangos de accidentes de tráfico por animales silvestres de menos de 50 anuales. En estas zonas la abundancia de silvestres probablemente sea muy baja y por lo tanto el riesgo asociado a estas zonas sea también bajo. El 6% del territorio del país, representando el porcentaje más

bajo, está dentro de unos rangos de accidentes de tráfico por animales silvestres de más de 200 al año. En estas zonas la abundancia de silvestres probablemente sea muy elevada.

Tabla 6. Accidentes por animales silvestres en el territorio español

Accidentes por Animales Silvestres	% territorio
0 accidentes	34
≤ 50 accidentes	40
51 a 100 accidentes	6
101 a 200 accidentes	14
> 200 accidentes	6

5.2. LA TB Y LOS UNGULADOS SILVESTRES

No todos los ungulados silvestres son igual de relevantes en la transmisión de la TB, en según que zonas la relevancia epidemiológica de estos está sin evaluar. Actualmente se considera al jabalí como una buena especie indicadora de TB.

Al igual que ocurre con los censos, no se conocen a fondo los niveles de prevalencia de TB en ungulados de vida silvestre en el país, pero si que existen algunos estudios que definen áreas geográficas con mayores o menores niveles de prevalencia En la península ibérica se han establecido cuatro zonas en función de la prevalencia de TB en fauna silvestre y atendiendo a los datos del Figura 5 han organizado los rangos de prevalencia que se presentan en la Tabla 7 (PATUBES, 2020).



Figura 5. Mapa de España señalando las cuatro regiones diferenciadas en el PATUBES (de menos a más color)

Tabla 7. Prevalencia de TB en Ungulados Silvestres en España según las cuatro zonas diferenciadas en el territorio español

Prevalencia TB en Ungulados Silvestres	% territorio
Regiones insulares prácticamente libres de TB	6
Costa norte con prevalencias muy bajas de TB	18
Norte y Este con prevalencia generalmente baja	54
Suroeste con alta prevalencia	22
Total	100

La región suroeste de la península comprende las provincias con mayor prevalencia de TB, representando el 22% del territorio. El 54% del territorio, concretamente las provincias de clima mediterráneo o continental de la región norte y este, representando el porcentaje más elevado, tiene una baja prevalencia de TB en fauna silvestre, pero más alta de la que encontraríamos en las zonas representando los rangos 1 (regiones insulares) y 2 (costa norte). El 6% del territorio, representando

el porcentaje más bajo, no tiene TB en su fauna silvestre. Coincide con las regiones insulares, donde hay ausencia o es mínima la población que pueda suponer riesgos para la transmisión de TB.

Las zonas con mayor prevalencia de TB se encuentran justamente en zonas de dehesa, donde existen grandes extensiones ganaderas de tipo extensivo y gran abundancia de animales silvestres, tanto en espacios naturales como en cotos de caza, facilitando el contacto entre animales y donde además la prevalencia e incidencia de TB bovina es muy elevada.

5.3. LA TB EN LOS RUMIANTES DOMÉSTICOS Y SU RELACIÓN CON LAS POBLACIONES DE UNGULADOS SILVESTRES

5.3.1. Censo de Rumiantes Domésticos por Comunidades Autónomas 2018

Para valorar la relación que existe entre la presencia de poblaciones de ungulados silvestres y la TB bovina es importante considerar el censo de ganado bovino y la distribución de la enfermedad en este. Como podemos ver en la Tabla 8 las comunidades autónomas con más cabezas de ganado bovino son Castilla y León seguido de Galicia y Extremadura. En Galicia predomina el ganado lechero así que en censo de vacuno NO lechero representaría el 3r puesto.

En Cataluña, Andalucía y Castilla la Mancha también hay un censo superior a la media y mediana del país, siendo Andalucía la más importante en censo NO lechero entre estas tres.

Sería lógico pensar que en las zonas con más censo de ganado bovino hubiera más incidencia y prevalencia de TB en el ganado y mayor riesgo a contagiarse. Pero el contacto entre ganado bovino y fauna silvestre no se da en ganaderías de tipo intensivo. Por ejemplo, en las ganaderías de vacuno lechero generalmente son de tipo intensivo con lo cual el riesgo de contacto con fauna silvestre se ve muy reducida a diferencia de la ganadería extensiva. Con lo cual, aunque Galicia representa la 2ª comunidad autónoma en censo de ganado predomina el ganado lechero y el riesgo de contacto con fauna silvestre y el contagio de TB con este se ve más reducida que en Castilla y León y Extremadura donde predomina el bovino NO lechero.

Tabla 8. Censo de Ganado Bovino en España por CCAA 2018

CCAA	CENSO CCAA
GALICIA	934798
ASTURIAS	391087
CANTABRIA	272772
P. VASCO	134611
NAVARRA	122566
RIOJA	45416
ARAGÓN	384312
CATALUÑA	664825
BALEARES	27198
CAST. LEON	1422678
MADRID	101216
CAST LAMANCHA	470155
VALENCIA	58939

MURCIA	84939
EXTREMADURA	842255
ANDALUCIA	533316
CANARIAS	19965
ESPAÑA	6510592

5.3.2. Incidencia y Prevalencia de TB en los Rumiantes Domésticos del País y su Distribución Geográfica

En la Tabla 9 se representa la incidencia y prevalencia de TB bovina por rangos. Vemos que el porcentaje más elevado de territorios del país está dentro de unos rangos de incidencia de TB donde predomina la ausencia, pero con algunas zonas de entre 0,01 y 0,20% de incidencia. Respecto a la prevalencia de TB en rebaños de animales domésticos, el 18% del territorio del país está dentro de unos rangos de entre 0,01 y 1%, con algunas zonas dentro de un rango de entre 1,01 y 3%. Este mismo porcentaje representa al territorio del país con rangos de prevalencia de TB en rebaños de animales domésticos de entre 1,01 y 3%, con algunas zonas dentro de unos rangos de entre 0,01 y 1% y zonas de ausencia. Estos representan los porcentajes más elevados.

Las zonas con más prevalencia e incidencia de TB se encuentran en aquellos territorios donde el censo de ganado NO lechero es abundante. Concretamente en Extremadura y Andalucía (Cádiz, Córdoba y Sevilla). En Galicia no hay casi prevalencia ni incidencia de TB a pesar de ser una zona con mucha densidad ganadera ya que predomina el vacuno lechero.

Justamente en las zonas con un gran número de cotos privados y públicos de caza y con rangos máximos de caza mayor, factores que pueden ser un buen indicador de la correlación que puede existir entre la TB bovina y la presencia de fauna silvestre, como Castilla la Mancha, Extremadura y Andalucía, la incidencia y prevalencia de TB bovina es muy elevada. En Toledo ocurre lo mismo, pero además es una provincia donde se realizan sueltas de jabalí y donde vemos que el censo de ganado está por encima de la media, por encima del percentil 75.

Tabla 9. Incidencia de Animales Positivos y Prevalencia de Rebaños Positivos en el territorio español

INCIDENCIA DE ANIMALES POSITIVOS	% de territorio	PREVALENCIA DE REBAÑOS POSITIVOS	% de territorio
0	6	0	14
1	20	1	16
2	12	2	4
3	18	3	14
4	6	4	18
5	8	5	4
6	4	6	2
7	8	7	4
8	2	8	16
9	12	9	2
10	4	10	6

(ver Anexo 4)

5.3.3. Relación entre las Características de Gestión de los Ungulados Silvestres y la TB en Rumiantes Domésticos del País

Estadísticamente hay una relación importante entre las sueltas de jabalí y las capturas de caza mayor con la incidencia y prevalencia de TB en animales domésticos (Tablas 10 y 11). El resto de los factores no resultaron estadísticamente asociados.

Tablas 10-11. Relación entre Seltas y Capturas de Caza Mayor con Incidencia y Prevalencia de TB en animales domésticos

Incidencia de TB	P	Prevalencia de TB	P
Seltas	0,0135	Seltas	0,0367
Capturas Caza Mayor	0,0332	Capturas Caza Mayor	0,1347

Desde un punto de vista lógico, parámetros como las Seltas de jabalí y/o las Capturas de determinadas especies silvestres, se asociarían a mayor densidad de población silvestre y con lo cual a mayor posibilidad de contacto con animales en extensivo y personas. Sin embargo, hay que ir con cuidado cuando analizamos como influyen las sueltas porque los datos que tenemos son bastante incompletos.

5.4. LA TB EN LAS POBLACIONES HUMANAS Y SU RELACIÓN CON LAS POBLACIONES DE UNGULADOS SILVESTRES

El último punto de interés es la relación de esos ungulados silvestres, o sus características de gestión, con la prevalencia de TB humana.

5.4.1. Casos de TB Humana en las Diferentes Comunidades Autónomas del País

La evolución general de la prevalencia de TB humana en los últimos 15 años había experimentado una evolución descendiente, aunque cada vez más lenta (ver Figura 6) (Cano-Portero et al., 2017) hasta 2015, momento en que se estabilizó. Como puede observarse en la tabla 12 entre 2017 y 2018 se habría incrementado algo en el computo general.

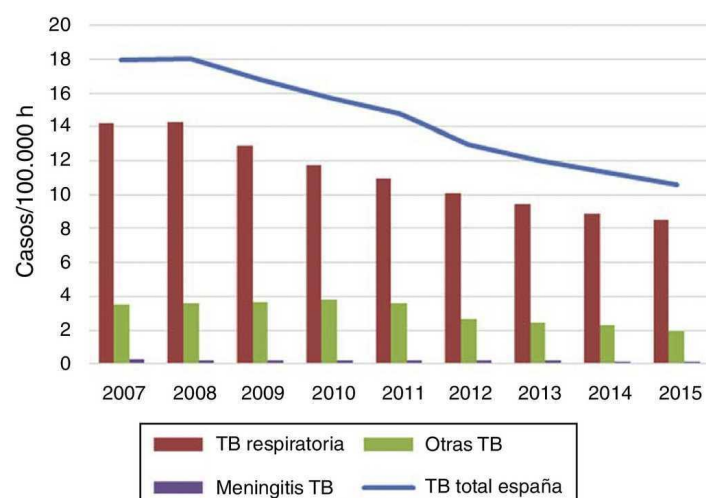


Figura 6. Evolución 2007-05 de las tasas de incidencia notificada de TB humana total y por categorías en España

Fuente: Red Nacional de Vigilancia Epidemiológica (Cano-Portero et al., 2017)

Tabla 12. Número de casos nuevos anuales de TB humana general.

CCAA	HUMAN 2017	HUMAN 2018
GALICIA	529	529
ASTURIAS	86	104
CANTABRIA	57	76
P. VASCO	227	217
NAVARRA	26	34
RIOJA	29	28
ARAGÓN	134	113
CATALUÑA	963	944
BALEARES	104	135
CAST. LEON	209	205
MADRID	604	574
CAST LAMANCHA	139	149
VALENCIA	414	315
MURCIA	118	117
EXTREMADURA	55	71
ANDALUCIA	554	604
CANARIAS	111	154
TOTAL	4.359	4.369

En la siguiente tabla vemos la variación que hubo entre los años 2017 y 2018. De mediana en el territorio español hubo 134 casos de TBC Humana por CCAA en 2017 y 149 en 2018. En 2017, el 25% de territorios se mantuvieron por debajo de los 86 casos anuales y el 75% en 414 casos anuales. En 2018 el 25% de territorios se mantuvieron por debajo de 104 casos anuales y el 75% en 315 casos anuales.

Tabla 13. Distribución de las frecuencias de casos nuevos de TB humana

VARIABLE	MEDIA	MEDIANA	MODA	25%	75%
CASOS HUMAN 2017 (nº nuevos casos)	256,4118	134	26	86	414
CASOS HUMAN 2018 (nº nuevos casos)	257	149	28	104	315

Tanto en la Tabla 12 como en la 13 se contabilizan de forma general los casos de TB sin diferenciar entre mycobacterias.

5.4.2. Relación entre las Características de Gestión de los Ungulados Silvestres y la TB Humana en el País

Las variables que han resultado asociadas a la incidencia de TB humana son: el número de licencias de caza y las capturas de corzos (Tabla 14).

Desde el punto de vista epidemiológico parece razonable considerar que la relación entre la TB humana y el número de licencias de caza mayor se debe a que en zonas donde se expiden muchas licencias de caza mayor existe mayor acceso a la caza de estas especies, lo que supone mayor probabilidad de contacto con animales infectados.

Las capturas de ciervo y de jabalí no han resultado estadísticamente asociados a la incidencia de TB humana a diferencia de las capturas de corzo que sí que mantiene relación estadística. Tal vez esto se explica por el hecho de que el ciervo y el corzo son especies rumiantes más cercanas al bovino que el jabalí, de manera que, aunque la abundancia de jabalí en todo el territorio español es mayor, seguramente esta relación se deba a la proximidad que existe entre especies. Al haber menos muestra de ciervo que de corzo, este no resulta estadísticamente relacionado con la incidencia de TB humana. Las capturas de corzo son más del doble que las capturas de ciervo, con lo cual, el humano tiene mucho menos contacto con estos animales y esto podría explicar los resultados.

Los datos de sueltas distorsionan mucho los resultados ya que hay muchas CCAA de las que no tenemos esta información. Por este motivo es posible que esta variable no haya resultado estadísticamente relacionada con la TB humana, pero como hemos dicho anteriormente, cuanto más sueltas de jabalí más posibilidad de que progrese esta especie y mayor probabilidad de contacto con el humano.

Tabla 14. Relación entre la TB Humana y las Características de Gestión de Ungulados Silvestres

	HUMAN 2017	HUMAN 2018
	P	p
SUELTAS	0,6135	0,7889
CAPTURAS CAZA MAYOR	0,6135	0,7889
ABUNDANCIA	0,3664	0,2218
ACCIDENTES	0,373	0,4985
JABALÍ	0,4785	0,7069
CIERVO	0,6401	0,7357
CORZO	0,0459	0,2639
NUMERO LICENCIAS MEANS	0,35465	0,28902
NUMERO LICENCIAS VARIANCES	0,00556	0,00376
ABUNDANCIA	0,2217	0,425
CAPTURA CIERVO	0,8786	0,9864
CAPTURA CORZO	0,6413	0,3688
CAPTURA JABALÍ	0,6413	0,7662
CAPTURAS CM	0,4663	0,7759
NUM LICENCIAS	0,0271	0,0511

5.5. MODELO APROXIMADO DEL RIESGO PARA LA SALUD PÚBLICA

A partir de toda la información obtenida en los puntos anteriores, hemos tratado de diseñar un modelo que permita realizar una aproximación al riesgo que supone para las personas el contacto con animales silvestres, directa o indirectamente con la intervención de los animales domésticos. El modelo se ha diseñado organizando los riesgos por nodos, de manera que cada nodo incluye un grupo de factores que mantienen relación entre sí y que en conjunto identifican un entrono de riesgo. A su vez, cada factor incluye entre dos y cuatro niveles de riesgo: dos niveles suponen presencia o ausencia del factor, mientras cuatro niveles suponen que el riesgo se identifique por a rangos que varían del menor (1) al mayor (4) nivel de riesgo.

Los nodos de riesgo son 5 (Figura 7):

- Nodo A: Enfermedad en Silvestres. Constan los factores Prevalencia (A1) y Abundancia (A2) de ungulados silvestres.
- Nodo B: Enfermedad en Domésticos. Constan los factores Incidencia (B11), Prevalencia(B12) y Censo (B2) de animales domésticos.
- Nodo C: Distribución Silvestres. Constan los factores Superficie cinegética (C1), Superficie de Cotos Privados (C2) y Superficie de Cotos Públicos (C3).
- Nodo D: Gestión Silvestres. Constan los factores Numero de Cotos Privados (D1), Numero de Cotos Públicos (D2) y Seltas (D3).
- Nodo E: Interacción Hombre. Constan los factores Capturas Jabalí (E1) y Accidentes por animales silvestres (E2)

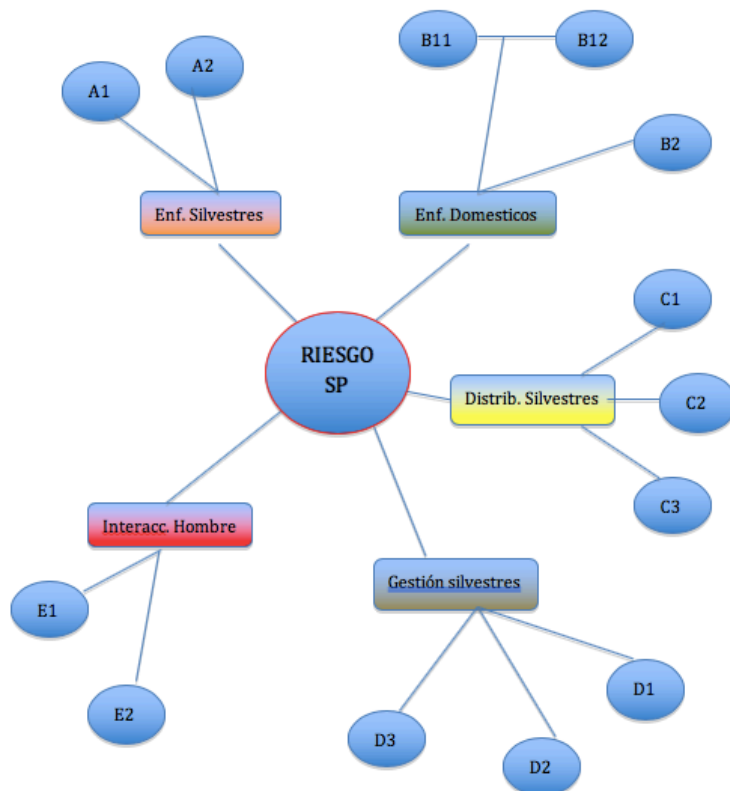


Figura 7. Aproximación al riesgo de TB en Salud Pública ligado a Animales Silvestres

El modelo permite poner condiciones puntuales en cada uno de los factores considerados. Dependiendo de los niveles de riesgo de cada factor y de los nodos resultantes, el modelo nos dará un valor cuantitativo de riesgo total para la salud pública de la zona determinada. En paralelo nos permite evaluar el riesgo si realizamos correcciones en las condiciones iniciales.

El resultado del modelo concreto se plasma en una representación en forma de tela de araña. La superficie representada en la grafica nos da información del riesgo global y el efecto de cada nodo se valora en función de la amplitud de los vértices. Cada nodo se representa en un vértice y cuanto más amplitud tenga este, más riesgo supondrá en el modelo.

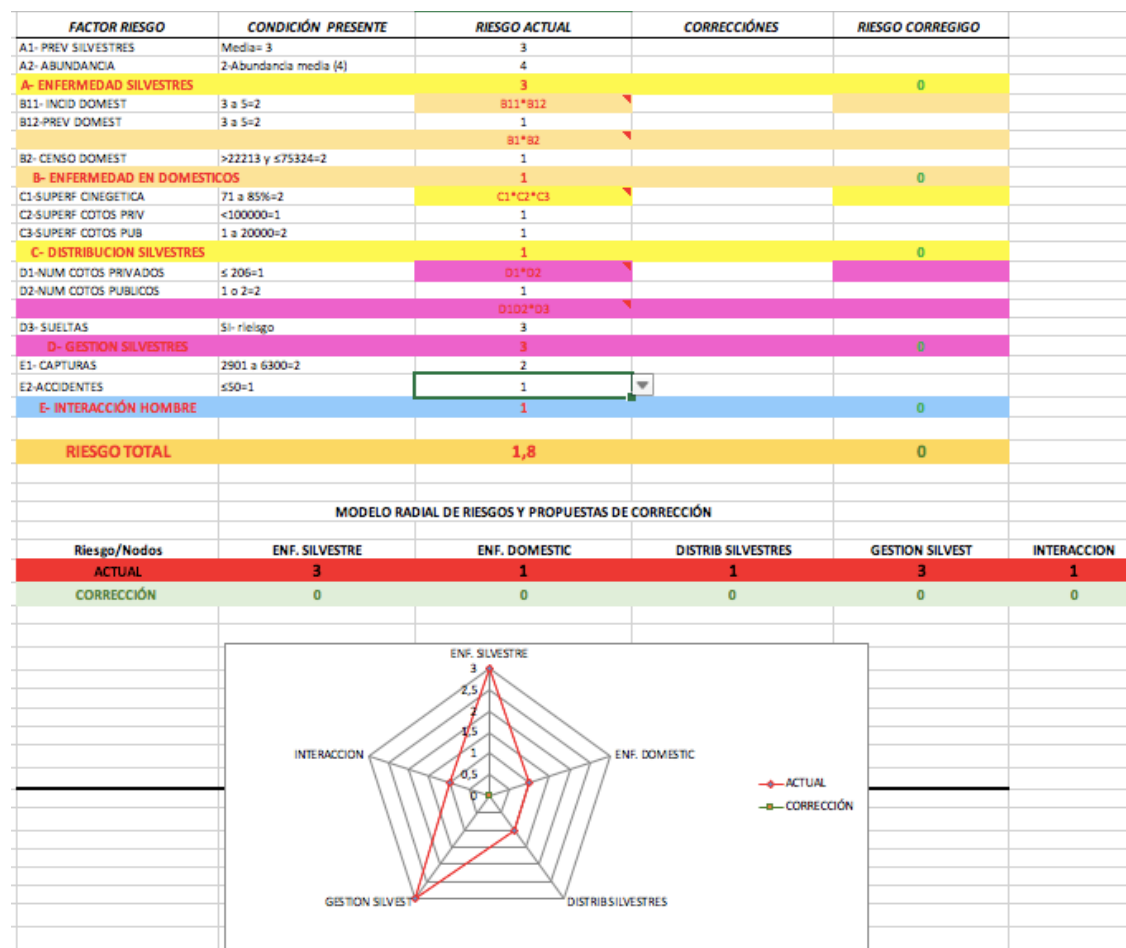


Figura 8. Ejemplo del modelo: Tabla con datos y su representación grafica

Los datos con los que se ha trabajado presentan bastantes inconvenientes por el hecho de ser de carácter muy teórico y general. Al disponer de información muy poco precisa, ya que en algunos casos los datos obtenidos eran de comunidades autónomas, en otros casos de provincias e incluso se ha tenido que intuir información a través de mapas de poca precisión, el estudio de estos datos ha presentado muchas dificultades, obligando en algunas ocasiones a trabajar con resultados que probablemente no se ajusten a la realidad.

Con la información de la que se disponía se ha podido crear una aproximación a un modelo que pretende ser un avance preliminar de lo que podría llegar a ser un modelo de trabajo real, en el caso de disponer de información más fiable. Para dejar de ser una aproximación teórica, es preciso validar el modelo, identificar los puntos débiles y posiblemente ajustar los rangos basándose en datos más reales. Una vez hechas esas correcciones el modelo deberá pasar por una segunda validación para ver si es coherente con la realidad.

6. CONCLUSIONES

Las conclusiones principales derivadas del estudio son las siguientes:

- i. Tras un periodo de descendencia de la TB humana en España, actualmente existe una tendencia de estabilización o incluso de aumento de la enfermedad en algunas zonas concretas del país. Por otro lado, el programa de erradicación de la TB bovina que lleva años funcionando se está viendo obstaculizado en distintos puntos del territorio, donde aparecen aumentos de prevalencia e incidencia de TB en el ganado bovino.
- ii. La presencia de la infección en poblaciones de ungulados silvestres parece estar contribuyendo en el mantenimiento de la TB, suponiendo un elemento de riesgo para la difusión de la enfermedad, tanto para el ganado como para las personas. Por ello, los programas sanitarios que se incluyan dentro de la gestión cinegética van a ser clave en estos últimos años para frenar la evolución de la enfermedad, prevenir la infección en humanos y para garantizar el éxito del programa de control en los rumiantes domésticos.
- iii. En el contexto de la población de ungulados silvestres, todos los factores directamente relacionados con la abundancia de vida silvestre han sido identificados como factores de mayor riesgo. Las altas densidades de estos animales implican mayor probabilidad de contacto con el ganado y con los humanos y por lo tanto, mayor riesgo de infección.
- iv. El modelo diseñado, basado en el papel que desempeñan las características de esas poblaciones de vida silvestre, plantea hacer una evaluación aproximada del riesgo para la salud pública que pueden suponer las poblaciones de ungulados silvestres en un determinado entorno geográfico.

CONCLUSIONS

The major conclusions derived from the presented work can be highlighted as follows:

- i. Following a declining long-term trend, human TB has currently stabilized or even increased in some specific areas of the country. In addition, the TB eradication program that has been running for years is now being seriously hindered in those parts of the territory where prevalence and incidence of bovine TB appear.
- ii. The presence of the infection in wild ungulates' populations seems to be contributing to the maintenance of TB, representing a risk factor for the spread of the disease for both livestock and humans. For this reason, including sanitary controls in hunting management will be crucial to slow down the disease evolution in recent years but also to prevent infection in humans and to guarantee the success of the official control program in domestic ruminants.
- iii. Within the context of the wild ungulate population, all factors directly related to wildlife abundance have been identified as important risk factors. Higher densities of these animals

mean higher probability of contact with livestock and humans and therefore constitutes a higher risk of infection.

- iv. The designed model is based on the role played by the characteristics of these wildlife populations. It intends to make a rough evaluation of the public health risk that wild ungulates can pose in a specific geographic environment.

7. VALORACIÓN PERSONAL

Ampliar mis conocimientos en materia de Zoonosis ha sido mi principal motivación para la realización del Trabajo de Fin de Estudios. Escoger el tema de la Tuberculosis y su relación con la fauna silvestre de España me ha permitido trabajar en el contexto actual de las enfermedades reemergentes y basar mi estudio en el concepto “One Health- Una Sola Salud”.

Elaborar una primera parte introductoria me ha dado las herramientas necesarias para realizar una correcta búsqueda de información, obligándome a utilizar fuentes fiables y a contrastar los datos recopilados con el fin de contextualizar el estudio estadístico realizado posteriormente.

El mayor reto que ha supuesto para mi la elaboración de este trabajo ha sido el manejo de grandes bases de datos y el análisis de toda la información obtenida. El soporte de mi tutor Carmelo Ortega Rodríguez ha sido fundamental para obtener los datos, estudiar los resultados y relacionar los factores de riesgo. Trabajar con él me ha dado la oportunidad de participar en un estudio cuyas conclusiones pueden tener una utilidad futura y contribuir en la salud pública.

Quiero mostrar mi agradecimiento a Carmelo por haber estado disponible siempre que he necesitado su ayuda, desde el primer día hasta el último. Sin su apoyo y su implicación este trabajo no habría sido posible.

8. ANEXOS

Anexo 1: Ejemplo Tabla Equivalencias

EQUIVALENCIAS					RESULTADO NODO A		
A1*A2	1	2	3	4	A1	A2	A
1	1	1	2	2	0	0	0
2	1	2	2	2			
3	2	2	3	3			
4	2	3	3	4			

Anexo 2: Rangos de riesgo de las variables de la Tabla 3

Rangos/Variable	Superficie Cinegética (%)	Área Cotos Privados (ha)	Área Cotos Públicos (ha)
1	≤70	≤ 100000	0
2	71 a 85	100001 a 500000	1 a 20000
3	86 a 95	500000 a 10000000	20000 a 100000
4	>95	> 10000000	>100000

Anexo 3: Rangos de riesgo de las variables de la Tabla 4

Rangos/Variable	Capturas Caza Mayor (nº)	Capturas Jabalí (nº)	Capturas Ciervo (nº)	Capturas Corzo y otros (nº)
1	≤5000	≤2900	≤99	≤550
2	5001 a 15000	2901 a 6300	100 a 770	551 a 1250
3	15001 a 30000	6301 a 11300	771 a 4800	1251 a 2500
4	>30000	>11301	>4800	>2500

Anexo 4: Información relativa a la Tabla 9.

4.a. Variable Incidencia

4.a.1. Rangos de Riesgo para la Incidencia

Rangos	Variable
0	Todos son A
1	Predomina A con algún B
2	Predomina A con algún C Predomina B con algún A
3	Predomina A con algún C y D Predomina B con algún A y C
4	Predomina B con algún C Predomina C con algún A y B
5	Predomina B con algún C y D Predomina C con algún B y A
6	Predomina C con algún D y A Predomina C con algún D y B
7	Predomina C con algún D Predomina D con algún A

8	Predomina D con algún C y A Predomina D con algún C y B
9	Predomina D con C
10	Todos son D

4.a.2. Relación Incidencia Animales Positivos (%) con Letra

Incidencia (%)	Letra
0	A
0,01 a 0,20	B
0,21 a 0,50	C
>0,51	D

4.b. Variable Prevalencia

4.b.1. Rangos de Riesgo para la Prevalencia

Rangos	Variables
0	Todos son A
1	Predomina A con algún B
2	Predomina A con algún C Predomina B con algún A
3	Predomina A con algún C y D Predomina B con algún A y C
4	Predomina B con algún C Predomina C con algún A y B
5	Predomina B con algún C y D Predomina C con algún B y A
6	Predomina C con algún D y A Predomina C con algún D y B
7	Predomina C con algún D Predomina D con algún A
8	Predomina D con algún C y A Predomina D con algún C y B
9	Predomina D con C
10	Todos son D

4.b.2. Relación Prevalencia Rebaños Positivos (%) con Letra

Prevalencia (%)	Relación
0	A
0,01 a 1	B
1,01 a 3	C
>3	D

9. BIBLIOGRAFÍA

Abalos, P y Retamal, P. (2004). "Tuberculosis: ¿Una Zoonosis Reemergente?" *OIE Revue Scientifique et Technique*, 23 (2), pp. 583-594. DOI:10.20506/rst.23.2.1502.

Allepuz, A., Casal, J., Napp, S., Saez, M., Alba, A., Vilar, M., Domingo, M., González, MA., Duran-Ferrer, M., Vicente, J., Álvarez, J., Muñoz, M y Saez, JL. (2011). "Analysis of the spatial variation of Bovine tuberculosis disease risk in Spain (2006-2009)". *Preventive Veterinary Medicine*, 100, pp. 44-52. DOI:10.1016/j.prevetmed.2011.02.012

Álvarez-Sánchez, J. (2008). *Complejo Mycobacterium Avium: Diagnóstico, Caracterización Molecular e Interferencia con el Diagnóstico de la Tuberculosis*. Tesis Doctoral. Universidad Complutense de Madrid. Disponible en: <https://www.visavet.es/data/tesis/complejo-mycobacterium-avium-diagnostico-molecular-e-interferencia-con-el-diagnostico-de-la-tuberculosis.pdf>. [Consultado 20-02-2020].

Boadella, M., Acevedo, P., Vicente, J., Mentaberre, G., Balserio, A., Arnal, M., Martínez, D., García-Bocanegra, I., Casal, C., Álvarez, J., Oleaga, A., Lavín, S., Muñoz, M., Sáez-Llorente, JL., de la Fuente, J y Gortázar, C. (2011). "Spatio- temporal trends of Iberian wild boar contact with Mycobacterium tuberculosis Complex detected by ELISA". *EcoHealth*, 8(4), pp. 478-84. DOI:10.1007/s10393-011-0713-y

Cano-Portero, R., Amillategui-dos Santos, R., Boix.Martínez, R., Larrauri-Cámara, A. (2018). "Epidemiología de la Tuberculosis en España. Resultados obtenidos por la Red Nacional de Vigilancia Epidemiológica en el año 2015". *Enfermedades Infecciosas y Microbiología Clínica*, 36(6), pp. 179-186. DOI: 10.1016/j.eimc.2017.11.013

Centro Nacional de Epidemiología. Instituto de Salud Carlos III. (2017). *Enfermedades de Declaración Obligatoria 2017*. Madrid. Disponible en: https://www.isciii.es/QueHacemos/Servicios/VigilanciaSaludPublicaRENAVE/EnfermedadesTransmisibles/Documents/INFORMES/OTROS%20INFORMES/RENAVE_EDO_2017.pdf#search=tuberculosis [Consultado 06-02-2020].

Centro Nacional de Epidemiología. Instituto de Salud Carlos III. (2018). *Boletín Epidemiológico Semanal*. Madrid. Disponible en: <http://revista.isciii.es/index.php/bes/issue/archive> [Consultado 06-02-2020].

Chomel, B., Belotto, A y Meslin, F. (2007). "Wildlife, Exotic Pets, and Emerging Zoonoses". *Emerging Infectious Diseases*, 13(1), pp.6-11. DOI: 10.3201/eid1301.060480

Cosivi, O., Grange, JM., Daborn, CJ., Raviglione, MC., Fujikura, T., Cousins, D., Robinson, RA., Huchzermeyer, HF., de Kantor, I y Meslin, FX. (1998). "Zoonotic tuberculosis due to *Mycobacterium bovis* in Developing Countries". *Emerging Infectious Diseases*, 4(1), pp.59–70. DOI:10.3201/eid0401.980108

Cristóbal, I. (2011). *Análisis Geográfico del Solapamiento entre el Ganado Bovino y los Ungulados Cinegéticos: Epidemiología de la Tuberculosis Bovina*. Trabajo Fin de Máster. Instituto de investigación en Recursos Cinegéticos. Universidad de Castilla la Mancha. Disponible en: <https://www.researchgate.net/publication/222104562> [Consultado 15-02-2020]

Destoumieux-Garzón, D., Mavingui, P., Boetsch, G., Boissir, J., Darriet, F., Duboz, P., Fritsch, C., Giraudoux, P., Le Roux, F., Morand, S., Paillard, C., Pontier, D., Sueur, C y Voituren, Y. (2018). "The One Health Concept: 10 years old and a long road ahead". *Frontiers in Veterinary Science*, 5, pp.14. DOI:10.3389/fvets.2018.00014

Dhama, K., Chakraborty, S., Kapoor, S., Tiwari, R., Kumar, A., Deb, R., Natesan, S., Deb, R., Rajagunalan, S y Vora, K. (2013). "One world, one health-veterinary perspectives". *Advances in Animal and veterinary Sciences*, 1(1), pp. 5-13. DOI:10.14737/journal.aavs/2014/2.4s.11.16

Dye, C., Scheele, S., Dolin, P., Pathania, V y Raviglione, MC. (1999). "Global Burden of Tuberculosis: Estimated Incidence, Prevalence, and Mortality by Country". *JAMA the Journal of the American Medical Association*, 282, pp.677-686. DOI:10.1001/jama.282.7.677

Gortázar, C., Ferroglio, E., Höfle, U., Frölich, K y Vicente, J. (2007). "Diseases shared between wildlife and livestock: a European perspective". *European Journal of Wildlife Research*, 53(4), pp. 241-256. DOI: 10.1007/s10344-007-0098-y

Gortázar, C., Torres, MJ., Vicente, J., Acevedo, P., Reglero, M., de la Fuente, J., Negro, JJ y Aznar-Martín, J. (2008). "Bovine tuberculosis in Doñana Biosphere Reserve: the role of wild ungulates as disease reservoirs in the last Iberian Linx Strongholds". *PLOS ONE*, 3(7). DOI:10.1371/journal.pone.0002776

Gortázar, G., Fernández-Calle, LM., Collazos-Martínez, JA y Mínguez-González, O. (2017). "Animal tuberculosis maintenance at low abundance of suitable wildlife reservoir hosts: A case study in northern Spain". *Preventive Veterinary Medicine*, 146, pp. 150-157. DOI:10.1016/j.prevetmed.2017.08.009

Gortázar, C. (2020). "El Problema de la Plaga de Jabalíes". *Diario Veterinario*, 21 de enero. Disponible en: <https://www.diarioveterinario.com/t/1681661/problema-plaga-jabalies> [Consultado 25-04-2020].

Guta, S., Casa, I. J., Garcia-Saenz, A., Saenz, J. L., Palacios, A., Garcia, P., Napp, S y Allepuz, A. (2014). "Risk factors for bovine tuberculosis persistence in beef herds of Southern and Central Spain". *Preventive Veterinary Medicine*, 115, pp. 173-180. DOI:10.1016/j.prevetmed.2014.04.007

Gutiérrez, MC., Brisse, S., Brosch, R., Fabre, M., Omais, B., Marmiesse, M., Supply, P y Vincent, V. (2005). "Ancient Origin and Gene Mosaicism of the Progenitor of *Mycobacterium tuberculosis*". *PLOS Pathogens*, 1(1), e5. DOI: 10.1371/journal.ppat.0010005

Humblet, MF., Boschioli, ML y Seagerman, C. (2009). "Classification of Worldwide Bovine Tuberculosis Risk factors in cattle: a stratified approach". *Veterinary Research*, 40(5), pp. 50. DOI:10.1051/vetres/2009033.

Humblet, MF., Gilbert, M., Govaerts, M., Fauville-Dufaux, M., Walravens, K y Saegerman, C. (2010). "New Assessment of Bovine Tuberculosis Risk Factors in Belgium Based on Nationwide Molecular Epidemiology". *Journal of Clinical Microbiology*, 48(8), pp. 2802-2808. DOI:10.1128/JCM.00293-10

Lozano, JA. (2002). "Tuberculosis. Patogenia, Diagnostico y Tratamiento". *OFFARM*, 21(8), pp. 102-110. Disponible en: <https://www.elsevier.es/es-revista-offarm-4-articulo-tuberculosis-patogenia-diagnostico-tratamiento-13035870>. [Consultado 10-05-2020].

McKinney, JD., Jacobs, WR y Bloom, B. (1998). "3 Persisting Problems in Tuberculosis". *Emerging Infections. Biomedical Research Reports*, 1, pp.51-146. DOI:10.1016/S1874-5326(07)80027-5

Michel, AL., Müller, B y van Helden, PD. (2009). "Mycobacterium bovis at the Animal-Human Interface: A problem, or not?". *Veterinary Microbiology*, 140, pp. 371-381. DOI: 10.1016/j.vetmic.2009.08.029

Ministerio de Agricultura y Pesca, Alimentación y Medio ambiente (2017). *PATUBES: Plan de Actuación sobre Tuberculosis en Especies Silvestres*. Madrid: MAPAMA. Disponible en: https://www.mapa.gob.es/es/ganaderia/temas/sanidad-animal-higiene-ganadera/patubes2017_3_tcm30-378321.pdf [Consultado 15-12-2020].

Ministerio de Agricultura y Pesca, Alimentación y Medio ambiente. (2018). *Informe de la Tuberculosis*. Madrid: MAPAMA. Disponible en: https://www.mapa.gob.es/es/ganaderia/temas/sanidad-animal-higiene-ganadera/sanidad-animal/enfermedades/tuberculosis/Tuberculosis_bovina.aspx [Consultado 06-02-2020].

Ministerio de Agricultura y Pesca, Alimentación y Medio ambiente. (2020). *PNETB: Programa Nacional Erradicación Tuberculosis Bovina 2020*. Madrid: MAPAMA. Disponible en:

https://www.mapa.gob.es/es/ganaderia/temas/sanidad-animal-higiene-ganadera/pnetb_2020final_tcm30-523317.PDF [Consultado 10-04-2020].

Naranjo, V., Gortázar, C., Vicente, J y de la Fuente, J. (2008). "Evidence of the role of European wild boar as a reservoir of Mycobacterium tuberculosis complex". *Veterinary Microbiology*, 127, pp. 1-9. DOI:10.1016/j.vetmic.2007.10.002

Organización Mundial de la Salud. (2017). *Informe Mundial sobre la Tuberculosis 2017*.
Genova: OMS. Disponible en: https://www.who.int/tb/publications/global_report/gtbr2017_executive_summary_es.pdf?ua=1
[Consultado 13-11-2019].

Organización Mundial de Sanidad Animal. (2017). *Ficha de información general sobre la Tuberculosis Bovina*. OIE. Disponible en: <https://www.oie.int/doc/ged/D14008.PDF> [Consultado 24-09-2019]

Pérez-Lago, L., Navarro, y García-de-Viedma, D. (2014). "Current knowledge and pending challenges in zoonosis caused by Mycobacterium bovis: A review". *Research in Veterinary Science*, 97, pp. 94-100. DOI:10.1016/j.rvsc.2013.11.008

Raviglione, MC. (2003). "The TB Epidemic from 1992 to 2002". (2003). *Tuberculosis*, 83, pp. 4-14. DOI:10.1016/s1472-9792(02)00071-9

Romero, MA. (2017). Club de Caza. La Mala Gestión del Ciervo en España. Disponible en: <https://www.club-caza.com/blog/desdemitronera/postver.asp?p=1025> [Consultado 29-04-2019].

Rosell, C y Herrero, J. (2020). "Jabalí". *Trofeo caza y conservación*. Disponible en: <https://www.trofeocaza.com/caza-mayor/fichas-de-especies/jabali/> [Consultado 25/04/2020].

Sobrino, R., Martín-Hernando, MP., Vicente, J., Gortázar, C., Aurtenetxe, O y Garrido, JM. (2008). "Bovine tuberculosis in a Badger (Meles meles) in Spain". *Veterinary Record*, 163, pp. 159-160. DOI:10.1136/vr.163.5.159

Vicente, J., Höfle, U., Garrido, JM., Fernandez-de-Mera, IG., Juste, R., Barral, M y Gortázar, C. (2006). "Wild boar and red deer display high prevalences of tuberculosis-like lesions in Spain". *Veterinary Research*, 37, pp. 107-119. DOI:10.1051/vetres:2005044.

Wirth, T., Hildebrand, F., Allix-Beguec, C., Wolbeling, F., Kubica, T., Kremer, K., van Soolingen, D., Rusch-Gerdes, S., Locht, C., Brisse, S., Meyer, A., Supply, P y Niemann, S. (2008). "Origin, spread and demography of the Mycobacterium tuberculosis Complex". *PLOS Pathogens*, 4(9). DOI:10.1371/journal.ppat.1000160.

