

Proyecciones de escenarios modelados para el brote de enfermedad del Ébola causado por el virus de Bundibugyo, 2026

Eric Q. Mooring, ScD^{1,2}; William T. Koval, PhD¹; Isobel Routledge, PhD³; Inga Holmdahl, PhD⁴; Kate Hudson⁵; Guido España, PhD¹; Rebecca Kahn, PhD⁴; Beau B. Bruce, MD, PhD¹

Este informe fue publicado en línea el 5 de junio del 2026 como un adelanto del MMWR.

Resumen

El 15 de mayo del 2026, los Ministerios de Salud de la República Democrática del Congo y de Uganda declararon brotes de enfermedad por el virus de Bundibugyo (BVD, por sus siglas en inglés), un tipo de enfermedad del Ébola. En respuesta a informes de altas cifras de casos presuntos y muertes en estos brotes, los CDC simularon proyecciones de escenarios para comprender la posible morbilidad y mortalidad futura. Un modelo de procesos de ramificación con la capacidad de modelar intervenciones no farmacéuticas que reducen la transmisión se calibró con tres presuntas cifras de muertes acumuladas y se proyectó para cuatro posibles escenarios de intervención que variaron desde niveles bajos (20%) hasta niveles extremadamente altos (95%) de aislamiento y tratamiento de personas sintomáticas. El análisis indicó un posible salto interespecífico (es decir, la transmisión de un virus de su reservorio animal natural a los seres humanos) de mediados a finales de febrero del 2026. Con niveles de aislamiento bajos de los pacientes con la enfermedad por el virus de Bundibugyo (20%) y sin otras intervenciones, la probabilidad de un brote que sobrepase los 20 000 casos en un plazo de 3 meses es del 65%. Sin embargo, si una proporción alta de pacientes entrara en aislamiento (70%), se proyecta solamente una probabilidad de uno entre 20 de un brote con $\geq 10\,000$ casos en un plazo de 3 meses. Estos resultados subrayan la importancia de contar con intervenciones de salud pública sólidas, ya que el brote actual ya es el mayor brote conocido de enfermedad por el virus de Bundibugyo y tiene el potencial de convertirse rápidamente en uno de los más grandes brotes de enfermedad del Ébola que se hayan registrado.

Introducción

En mayo del 2026, se notificaron brotes de la enfermedad por el virus de Bundibugyo (BVD) causado por la especie *Orthoebolavirus bundibugyoense* (una especie de ortoebolavirus para la cual no hay disponibles actualmente vacunas ni medicamentos aprobados) en la provincia de Ituri, en el noreste de la República Democrática del Congo (RDC) y en Uganda (1). Hasta el 2 de junio del 2026, se ha registrado un total de

378 casos confirmados (363 en la República Democrática del Congo y 15 en Uganda) y 63 muertes confirmadas (62 en la República Democrática del Congo y una en Uganda) (2). La enfermedad por el virus de Bundibugyo causa una fiebre hemorrágica grave. El virus de Bundibugyo se propaga a través del contacto directo con los líquidos corporales de una persona que esté infectada o que haya muerto por la enfermedad por el virus de Bundibugyo. Los CDC modelaron posibles trayectorias del brote durante 3 meses. Los modelos consideraron distintos supuestos sobre la cifra de muertes acumuladas al 24 de mayo del 2026 y distintos escenarios de intensidad de la intervención de salud pública, definidos por los porcentajes de personas con la enfermedad por el virus de Bundibugyo aisladas con éxito y que, por lo tanto, no pueden causar transmisión posterior.

Métodos

Estructura del modelo

Los CDC usaron un modelo para simular brotes de la enfermedad por el virus de Bundibugyo. El modelo se adaptó de uno aplicado a brotes anteriores de fiebres hemorrágicas virales, incluido un [brote de enfermedad por el virus de Marburgo en Etiopía en el 2025](#). En este modelo, cada brote simulado se inició con una persona infectada, que representaba a la primera persona infectada de una fuente zoonótica (un salto interespecífico). Esta persona infectó a una cantidad generada al azar de personas adicionales según los supuestos sobre el número reproductivo básico ($[R_0]$, la cantidad promedio de personas en una población susceptible infectadas por una persona infectada). Todas las personas infectadas se añadieron a la simulación en los momentos seleccionados de acuerdo con la distribución de los intervalos de una infección a la siguiente y, a su vez, pudieron causar infecciones adicionales. Esta simulación, llamada proceso de ramificación, continuó hasta que 1) ninguna de las personas infectadas en una generación causó infecciones secundarias, lo que indicaba el fin del brote o 2) la simulación llegó a 5000 muertes, lo que indicaba un brote muy grande y con un crecimiento exponencial.

Intervalos de tiempo

Los intervalos de la infección a la aparición de los síntomas, de la aparición de los síntomas a la muerte y de la aparición de los síntomas a la recuperación se mantuvieron constantes

para todas las infecciones dentro de cada brote simulado, pero variaron entre los brotes simulados. Las personas en la simulación nunca fueron infecciosas antes de la aparición de los síntomas ni después de la recuperación, pero podían ser infecciosas después de la muerte.

Los supuestos sobre los parámetros se basaron en estimaciones publicadas de brotes de ébola anteriores ([Recuadro complementario](#)). Se usaron estimaciones específicas para la enfermedad por el virus de Bundibugyo si estaban disponibles.

Calibración del modelo según la cifra estimada de muertes

Los supuestos para la cifra de muertes acumuladas por la enfermedad por el virus de Bundibugyo al 24 de mayo del 2026 se basaron en los informes de situación disponibles para el público de la República Democrática del Congo.* El modelo se calibró con tres cifras distintas de muertes acumuladas (50, 100 y 200) para tener en cuenta la incertidumbre en la cifra actual de muertes causadas por la enfermedad por el virus de Bundibugyo.

Un brote simulado era compatible con el brote real si alcanzaba la cifra estimada de muertes acumuladas para el 24 de mayo del 2026, y si la primera muerte ocurría en o antes del 24 de abril del 2026. Se simularon brotes hasta que 500 simulaciones cumplieron con estos criterios. Los 500 brotes simulados aceptados se usaron para inferir cuándo comenzó el brote, y sirvió de base para las proyecciones de escenarios de intervenciones para cada calibración del modelo.

Proyecciones de escenarios de aislamiento

Se evaluaron cuatro escenarios de intervención para cada calibración, cada una con un nivel distinto de aislamiento (es decir, porcentaje de personas infectadas sintomáticas detectadas, aisladas y tratadas: 20% [bajo], 50% [moderado], 70% [alto] y 95% [extremadamente alto]). Se eligió el escenario extremadamente alto para estimar un límite inferior de transmisión.

Se supuso que la intervención empezó el 24 de mayo del 2026. En ese día en cada simulación se seleccionó el porcentaje designado de personas sintomáticas para comenzar el aislamiento, con una demora promedio de 2 días hasta el aislamiento y el tratamiento. Se seleccionó el mismo porcentaje de personas que presentaron signos o síntomas más tarde para comenzar el aislamiento, con una demora promedio de 2 días desde la aparición de los síntomas. Se impidió que las personas en aislamiento en la simulación causaran transmisión posterior; el modelo supuso implícitamente que las personas en aislamiento que murieron fueron sepultadas de manera segura

(es decir, sin lavar ni embalsamar y sepultadas por personal capacitado con equipo de protección personal).

Cada simulación notificó la cifra de casos acumulados y la cifra de muertes acumuladas desde la fecha del salto interestespecífico hasta el 22 de agosto, que serían 90 días después de comenzar la intervención. Los porcentajes de simulaciones con <10 000, 10 000-19 999 y $\geq 20\,000$ casos y con <2000, 2000-3999 y ≥ 4000 muertes se calcularon para todas las simulaciones en cada escenario y por separado para aquellas con un R_0 menor que o igual a, y mayor que, la mediana del valor del R_0 . Se calculó el número reproductivo efectivo (R_e , la cantidad promedio de infecciones posteriores por persona infectada, teniendo en cuenta la inmunidad y las intervenciones de salud pública) para los periodos antes y después de la intervención.

El modelo de procesos de ramificación se escribió en Rust (versión 1.95.0; The Rust Development Team), y el *pipeline* de calibración de modelos y proyección de escenarios se escribió en Python (versión 3.14.4; Python Software Foundation). Esta actividad fue revisada por los CDC, no se consideró investigación, y se realizó conforme con las leyes federales aplicables y las políticas de los CDC.[†]

Resultados

Proyecciones de tamaño del brote y fecha inferida del salto interestespecífico por cifra estimada de muertes

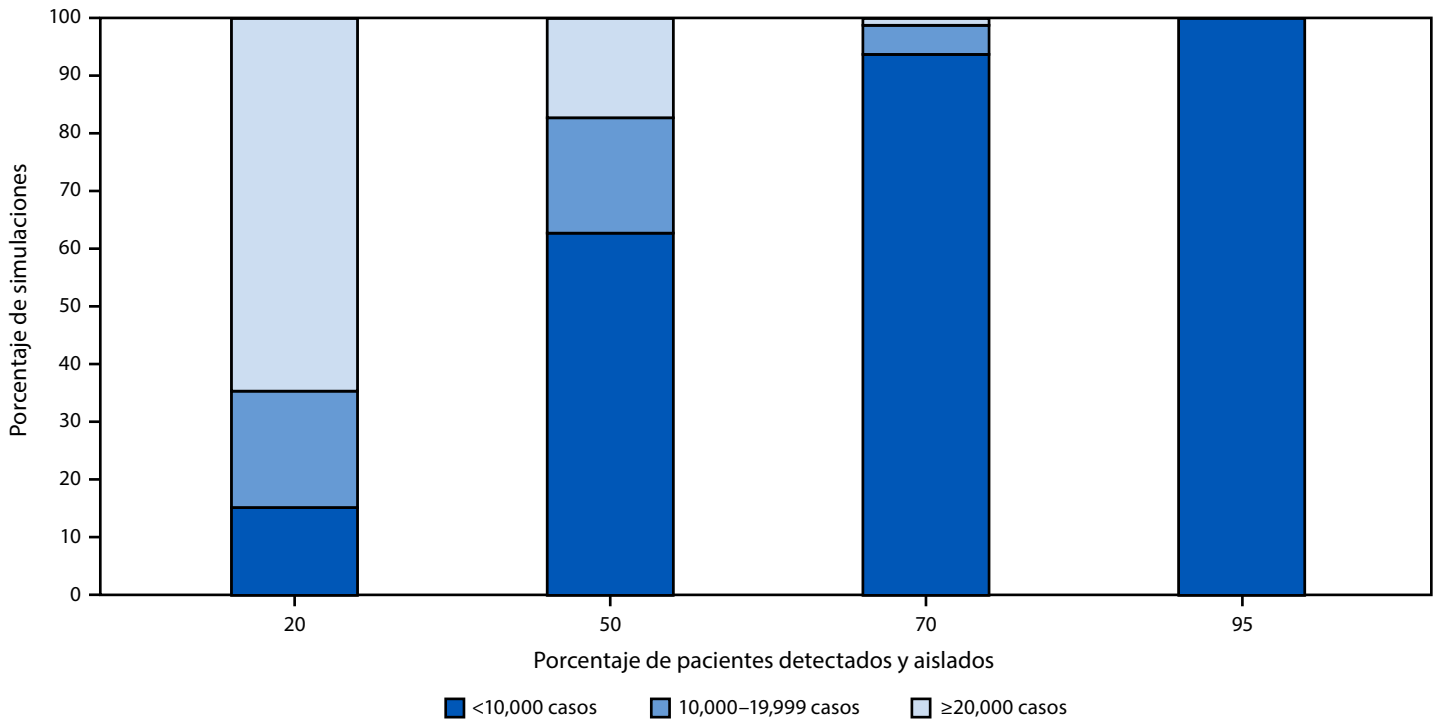
Bajo el supuesto de 50 muertes. El modelo calibrado a 50 muertes estimó que el salto interestespecífico que desencadenó este brote con mayor probabilidad ocurrió aproximadamente el 19 de febrero del 2026 (intervalo intercuartílico [IQI] = 1.º de febrero-8 de marzo). Si suponemos que el 20% de las personas infectadas fueron aisladas con éxito a partir del 24 de mayo del 2026, las proyecciones mostraron $\geq 20\,000$ casos acumulados en el 65% de las simulaciones, $\geq 10\,000$ casos acumulados en el 85% de las simulaciones y ≥ 4000 muertes acumuladas en el 69% de las simulaciones (Figura). Incluso con el 50% de las personas infectadas aisladas, muchas simulaciones todavía proyectaron estas cifras de casos, pero tenían menos probabilidades de ocurrir (el 17% de las simulaciones proyectó $\geq 20\,000$ casos y el 22% proyectó ≥ 4000 muertes). Con un aislamiento del 70%, era mucho más probable que los brotes proyectados fueran más pequeños, pero todavía tenían un tamaño considerable. El 94% de las simulaciones proyectó <10 000 casos y solo el 1% proyectó $\geq 20\,000$ casos; de igual manera, con este nivel de aislamiento, el 90% de las simulaciones proyectó <2000 muertes y solo el 3% proyectó ≥ 4000 muertes. El R_e disminuyó de manera proporcional al

*El Instituto Nacional de Salud Pública de la República Democrática del Congo [notificó 10 muertes confirmadas y 223 muertes presuntas](#) hasta el 24 de mayo del 2026. Un informe posterior con datos hasta el 2 de junio del 2026, [notificó un total acumulado de 62 muertes confirmadas en la República Democrática del Congo](#).

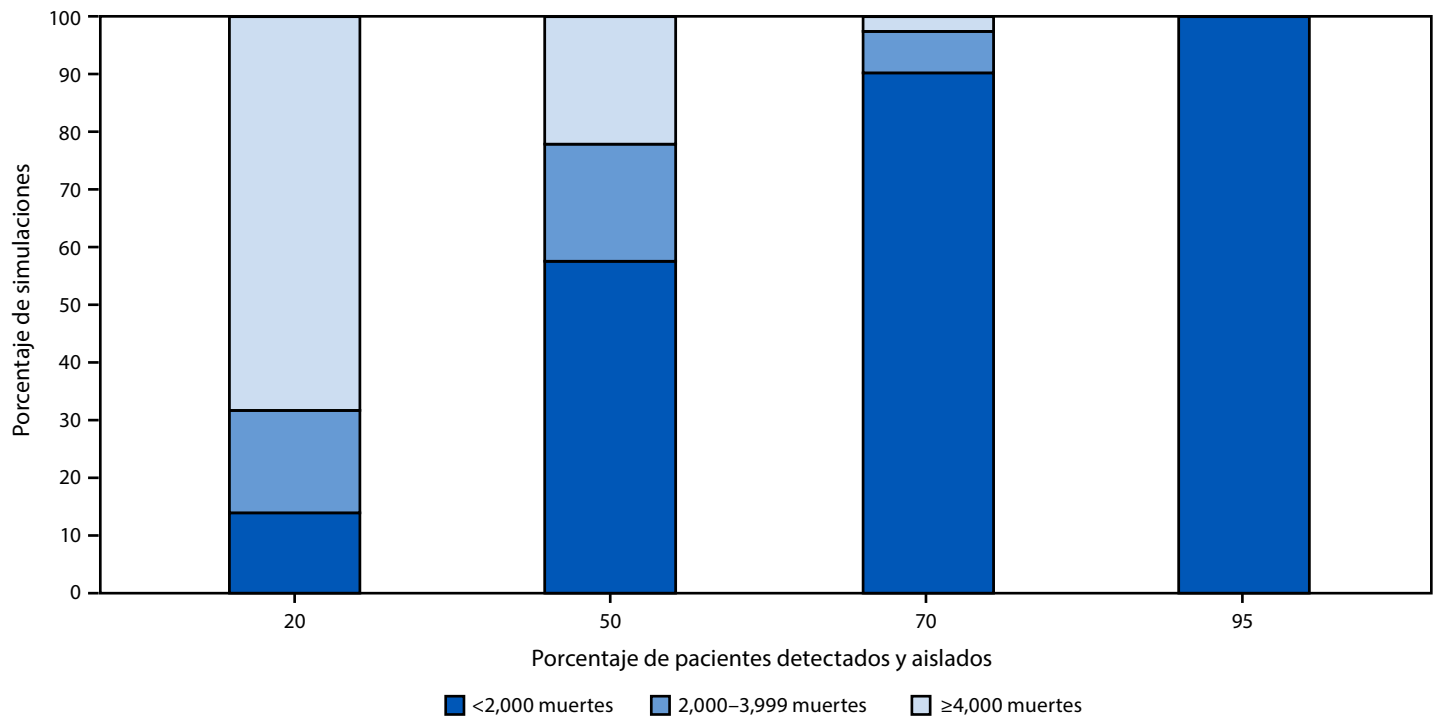
[†] 45 C.F.R. part 46, 21 C.F.R. part 56; 42 U.S.C. Sect. 241(d); 5 U.S.C. Sect. 552a; 44 U.S.C. Sect. 552a; 44 U.S.C. Sect. 3501 et seq.

FIGURA. Porcentaje de brotes simulados de enfermedad por el virus de Bundibugyo, por categoría de tamaño de brote acumulado al 22 de agosto del 2026, medido por casos (A) y muertes (B), y por el porcentaje de pacientes simulados detectados y aislados, usando un modelo de proceso de ramificación,* 2026

A. Casos de enfermedad por el virus de Bundibugyo



B. Muertes asociadas a la enfermedad por el virus de Bundibugyo



* Un modelo de proceso de ramificación es un tipo de modelo de transmisión de una enfermedad infecciosa que comienza con una sola infección y simula un árbol de transmisión que representa un brote en expansión. Las simulaciones (500 por cada barra vertical) suponen muertes asociadas a la enfermedad por el virus de Bundibugyo hasta el 24 de mayo del 2026, y que las medidas de aislamiento comenzaron ese día.

porcentaje de personas infectadas que fueron aisladas con éxito ([Figura complementaria 1](#)).

Bajo el supuesto de 100 muertes. Si suponemos 100 muertes acumuladas al 24 de mayo del 2026, la mediana de la fecha inferida del salto interespecífico fue el 8 de febrero del 2026 (IQI = 21 de enero-27 de febrero). Era probable que ocurrieran brotes muy grandes en el escenario en el que solo el 20% de los pacientes estaba aislado (el 76% de las simulaciones proyectó $\geq 20\,000$ casos y el 87% proyectó ≥ 4000 muertes). En el escenario en el que el 70% de las personas infectadas estaban aisladas el 73% de las simulaciones proyectó < 2000 muertes acumuladas al 22 de agosto del 2026, y el 10% proyectó ≥ 4000 muertes ([Figura complementaria 2](#)).

Bajo el supuesto de 200 muertes. Al suponer 200 muertes al 24 de mayo del 2026, el modelo calibrado infirió que la mediana de la fecha del salto interespecífico fue el 29 de enero del 2026 (IQI = 9 de enero-18 de febrero). La fecha más temprana del salto interespecífico habría generado un brote mayor al momento en que comenzaron las intervenciones; por consiguiente, incluso con el 70% de las personas infectadas en aislamiento, el 42% de las simulaciones proyectó $\geq 10\,000$ casos al 22 de agosto del 2026.

Sensibilidad al número reproductivo básico

Los brotes simulados con valores del R_0 mayores que la mediana del R_0 generalmente alcanzaban $\geq 10\,000$ casos acumulados y ≥ 2000 muertes acumuladas al 22 de agosto del 2026, en los escenarios con $\leq 50\%$ de aislamiento, incluso suponiendo solo 50 muertes acumuladas al 24 de mayo. En el escenario con el 70% de las personas infectadas en aislamiento y 50 muertes estimadas al 24 de mayo del 2026, ninguna simulación proyectó ≥ 2000 muertes cuando los valores del R_0 eran menores que la mediana del R_0 , pero el 20% de las simulaciones proyectó ≥ 2000 muertes cuando los valores del R_0 excedían la mediana ([Figura complementaria 3](#)).

Discusión

Las proyecciones de escenarios basadas en modelos del brote actual de la enfermedad por el virus de Bundibugyo indican que, si no se implementan con rapidez intervenciones de salud pública a gran escala y sostenidas para reducir la transmisión de la enfermedad, este brote podría ser tan grande como el brote de la enfermedad por el virus del Ébola del 2014-2016 en África Occidental, en el cual ocurrieron más de 28 000 casos y más de 11 000 muertes (2). Si bien fue menos probable que se produjeran los peores resultados (mayores cifras de casos y muertes asociadas) en estas proyecciones cuando se identificó, aisló y trató a una mayor proporción de pacientes, este brote podría, en un plazo de 3 meses y en los escenarios de bajo aislamiento, convertirse en el segundo brote de ébola

Resumen

¿Qué se sabe ya sobre este tema?

Un brote de enfermedad por el virus de Bundibugyo, un tipo de enfermedad del Ébola, está actualmente activo, centrado en la provincia de Ituri, en la República Democrática del Congo (RDC).

¿Qué se agrega con este informe?

Los CDC usaron un modelo de transmisión para proyectar el crecimiento del brote durante un periodo de 3 meses, basándose en diferentes supuestos sobre la cifra de muertes al 24 de mayo del 2026, y variando los porcentajes de personas con la enfermedad por el virus de Bundibugyo identificadas y aisladas con éxito para prevenir la transmisión continua. Suponiendo 50 muertes acumuladas al 24 de mayo del 2026, si el 70% de los pacientes entrara en aislamiento, solo aproximadamente una de 20 simulaciones proyectó un brote que sobrepase los 10 000 casos en un plazo de 3 meses.

¿Cuáles son las consecuencias para la práctica de salud pública?

Se necesitan medidas de salud pública rápidas y a gran escala para controlar el brote actual (que ya es el mayor brote conocido de enfermedad por el virus de Bundibugyo) y evitar que se convierta en una de las epidemias de ébola más grandes de la historia.

más grande de la historia. En vista de este riesgo proyectado de un brote muy grande incluso si se implementan medidas de control eficaces y razonables, la respuesta de salud pública para controlar este brote probablemente deberá ser de magnitud similar a la respuesta al brote de ébola del 2014-2016 en África Occidental (3).

Incluso entre las simulaciones calibradas a solo 50 muertes o aquellas con un R_0 menor, algunas veces se proyectaron brotes todavía muy grandes, sobre todo en escenarios sin niveles altos de aislamiento. Calibrar el modelo a una cifra de muertes mayor era aproximadamente equivalente a suponer que las intervenciones se implementaron más tarde durante el brote. Los resultados implican que la intervención temprana en el brote reduciría la probabilidad de que se produjeran los peores resultados.

La alta probabilidad de que ocurra un brote grande en un periodo de 3 meses es resultado principalmente del gran tamaño del brote en el momento en que se confirmó inicialmente. Este análisis no presentó evidencia de que el R_0 para este brote sea inusualmente grande.[§] El tiempo entre el inicio y la detección del brote de ébola se correlaciona positivamente con el tamaño y la duración del brote en general (4).

Este análisis no cambia la estimación de los CDC de que el riesgo para la población general de los EE. UU. es bajo (5). A pesar del tamaño sin precedentes de la epidemia de ébola del

[§] Los valores calibrados del R_0 fueron casi idénticos al supuesto de entrada sobre el R_0 . La mediana del número reproductivo básico $R_0 = 2.51$ (IQI = 2.27-2.82) en el análisis principal se calibró a 50 muertes.

2014-2016 en África Occidental, solo ocurrieron dos eventos de transmisión del ébola en los Estados Unidos. Esas dos personas infectadas eran trabajadores de la salud que atendieron a un paciente con ébola que había viajado a los Estados Unidos antes de que se implementaran medidas reforzadas de detección, evaluación de riesgos y educación en salud en los puertos de entrada a los EE. UU (6). Ambas personas infectadas en los Estados Unidos se recuperaron.

Limitaciones

Los hallazgos de este informe están sujetos al menos a cinco limitaciones. Primero, se desconoce la cifra real de muertes por la enfermedad por el virus de Bundibugyo ocurridas hasta el 24 de mayo del 2026. Es posible que algunas muertes causadas por la enfermedad por el virus de Bundibugyo no se hayan confirmado. De igual forma, es posible que se hayan atribuido incorrectamente otras muertes a la enfermedad por el virus de Bundibugyo. Segundo, las estimaciones del número reproductivo básico para la enfermedad del Ébola varían ampliamente entre brotes. El valor real del R_0 para este brote podría ser mayor o menor que los valores usados en este análisis. Para estimar con mayor precisión el R_0 es esencial tener datos de alta calidad sobre los cambios en la cifra de casos y muertes a lo largo del tiempo. Tercero, los cambios de comportamiento que reducen el riesgo de infección (p. ej., evitar el contacto con personas enfermas) no se incluyeron en el modelo y podrían ayudar a limitar el tamaño del brote. Cuarto, el modelo no tuvo en cuenta la reducción de la transmisión atribuible a un aumento en la proporción de la población con inmunidad inducida por la infección. Dado el tamaño de la población en las comunidades donde está ocurriendo este brote, no es probable que esta limitación afecte la validez de las proyecciones a lo largo del tiempo y los rangos numéricos de casos presentados en este análisis. No obstante, el modelo podría proyectar brotes grandes poco realistas si se aplica a periodos más largos. Finalmente, el modelo no incluyó recaídas de la infección después de la recuperación (7). Es improbable que esta limitación afecte este análisis, pero las recaídas podrían ser factores determinantes clave en la evolución de la epidemia en un periodo más largo.

Implicaciones para la práctica de salud pública

El brote actual de la enfermedad por el virus de Bundibugyo ya es el brote más grande conocido de este virus y, en escenarios con porcentajes bajos de pacientes aislados, podría convertirse en uno de los brotes de ébola más grandes que se han documentado. Se necesitan medidas de salud pública urgentes y sostenidas para prevenir que el brote se convierta en una epidemia de ébola tan grande o mayor que la del 2014-2016 en África Occidental. Este esfuerzo podría requerir recursos de magnitud comparables a los de la respuesta al ébola del

2014-2016 en África Occidental. La identificación rápida de casos, el rastreo de contactos, el aislamiento y tratamiento de las personas con la enfermedad por el virus de Bundibugyo, la participación de la comunidad y el entierro seguro y digno de las personas que mueren por la enfermedad por el virus de Bundibugyo son medidas necesarias para controlar el brote.

Agradecimientos

Respuesta de los CDC al ébola, 2026; Mary Choi, Matt Cole, Katrin Sadigh, Trevor Shoemaker, División de Patología y Microorganismos Patógenos de Graves Consecuencias, Centro Nacional de Enfermedades Infecciosas Emergentes y Zoonóticas, CDC; Amy Whitesell, División de Información y Difusión, Oficina de Datos, Vigilancia y Tecnología de Salud Pública, CDC; Adetunke Mary Boyd, Delayo Zomahoun, División de Protección de la Salud Global, Centro de Salud Global, CDC.

Autor para la correspondencia: Eric Q. Mooring, emooring@cdc.gov.

¹Predict Division, Center for Forecasting and Outbreak Analytics, CDC; ²U.S. Public Health Service, Rockville, Maryland; ³Goldbelt Ltd., Washington, DC; ⁴Inform Division, Center for Forecasting and Outbreak Analytics, CDC; ⁵Hockley Systems, Ltd., Toronto, Ontario, Canada.

Todos los autores completaron y presentaron el formulario del Comité Internacional de Editores de Revistas Médicas para la divulgación de potenciales conflictos de intereses. No indicaron ningún potencial conflicto de intereses.

Referencias

1. Zomahoun DL, Boyd MA, Honein MA, et al.; CDC 2026 Ebola Response. Notes from the field: Outbreak of Ebola disease caused by Bundibugyo virus—Democratic Republic of the Congo and Uganda, May 2026. *MMWR Morb Mortal Wkly Rep* 2026;75:293–4 https://www.cdc.gov/mmwr/volumes/75/wr/mm7522e3.htm?s_cid=OS_mm7522e3_w. PMID:42275261 <https://doi.org/10.15585/mmwr.mm7522e3>
2. CDC. Ebola outbreak: current situation. Atlanta, GA: US Department of Health and Human Services, CDC; 2026. <https://www.cdc.gov/ebola/situation-summary/index.html>
3. Dahl BA, Kinzer MH, Raghunathan PL, et al. CDC's response to the 2014–2016 Ebola epidemic—Guinea, Liberia, and Sierra Leone. *MMWR Suppl* 2016;65(Suppl-3):12–20. [10.15585/mmwr.su6503a3](https://doi.org/10.15585/mmwr.su6503a3). PMID:27388930 <https://doi.org/10.15585/mmwr.su6503a3>
4. Matson MJ, Chertow DS, Munster VJ. Delayed recognition of Ebola virus disease is associated with longer and larger outbreaks. *Emerg Microbes Infect* 2020;9:291–301. [10.1080/22221751.2020.1722036](https://doi.org/10.1080/22221751.2020.1722036). PMID:32013784 <https://doi.org/10.1080/22221751.2020.1722036>
5. Richard DM, Routledge I, Koeller S, et al. Assessment of risk to the U.S. population from the Ebola disease outbreak caused by Bundibugyo virus, 2026. *MMWR Morb Mortal Wkly Rep* 2026;75:290–2 https://www.cdc.gov/mmwr/volumes/75/wr/mm7522e2.htm?s_cid=OS_mm7522e2_w. PMID:42275278 <https://doi.org/10.15585/mmwr.mm7522e2>
6. Cohen NJ, Brown CM, Alvarado-Ramy F, et al. Travel and border health measures to prevent the international spread of Ebola. *MMWR Suppl* 2016;65(Suppl-3):57–67. [10.15585/mmwr.su6503a9](https://doi.org/10.15585/mmwr.su6503a9). PMID:27390092 <https://doi.org/10.15585/mmwr.su6503a9>
7. Mbala-Kingebeni P, Pratt C, Mutafali-Ruffin M, et al. Ebola virus transmission initiated by relapse of systemic Ebola virus disease. *N Engl J Med* 2021;384:1240–7. [10.1056/nejmoa2024670](https://doi.org/10.1056/nejmoa2024670). PMID:33789012 <https://doi.org/10.1056/nejmoa2024670>