BOLETÍN EPIDEMIOLÓGICO SEMANAL

Instituto Pedro Kourí

DIRECCIÓN NACIONAL DE EPIDEMIOLOGÍA
MINISTERIO DE SALUD PÚBLICA

Dirección Postal: Inst. "Pedro Kourí". Apartado Postal 601 Marianao 13. La Habana, Cuba
e-mail: ciipk@ipk.sld.cu

ISSN- 2490626

ACOGIDA A LA TARIFA DE IMPRESOS PERIÓDICOS INSCRIPTOS EN LA ADMI DE CORREOS No. 831 151 22 1

Índice:

Actualización semanal de la COVID-19 en Cuba…….....345
Actualización de las variantes de preocupación y las variantes de interés del SARS-COV-2.
Declaración del grupo asesor técnico sobre la evolución del virus del SARS-COV-2 (tag-ve) sobre los sublinajes Omicron bq.1 y xbb (1,2)……...346
Las secuelas físicas y mentales de la COVID-19 afectan a todas las edades…….348
Perú emite alerta epidemiológica por incremento de contagios por COVID-19……..349
Un estudio identifica las mutaciones de la viruela del mono que hacen al virus infeccioso……350
Haití reportó 117 muertes por Cólera y 600 casos confirmados……351
Tablas:…….…….....352

ACTUALIZACIÓN SEMANAL DE LA COVID-19 EN CUBA.

Al cierre del día de ayer, 13 de noviembre, se encuentran ingresados un total de 54 pacientes, sospechosos 29 y confirmados activos 25. En el día en Cuba para la COVID-19 se realizaron un total de mil 497 muestras para la vigilancia, resultando positivas 7. Del total de casos (7): 3 fueron contactos de casos confirmados, 2 importados y 2 sin fuente de infección precisada. Del total de casos (7), se reportan 2 asintomáticos en el día, acumulándose un total de 147 mil 529 que representa el (13,3%) de los confirmados hasta la fecha. Los 7 casos diagnosticados pertenecen a los grupos de edad: menores de 20 años, (3), de 20 a 39 años, (3), de 40 a 59 años (1) y de 60 y más (0).

De 1 millón 111 mil 328 pacientes diagnosticados con la enfermedad, se mantienen ingresados 25, los 24 con evolución clínica estable.

Se acumulan 8 mil 530 fallecidos, letalidad de 0,77% vs 1,04% en el mundo y 1,58% en las Américas; dos evacuados, 57 retornados a sus países, en el día hubo 9 altas, se acumulan 1 millón 102 mil 720 (99,2%).

Se reporta 1 paciente grave y 0 pacientes críticos confirmados en los Cuidados Intensivos del país.

ACTUALIZACIÓN DE LAS VARIANTES DE PREOCUPACIÓN Y LAS VARIANTES DE INTERÉS DEL SARS-COV-2.
DECLARACIÓN DEL GRUPO ASESOR TÉCNICO SOBRE LA EVOLUCIÓN DEL VIRUS DEL SRAS-COV-2 (TAG-VE) SOBRE LOS SUBLINAJES OMICRON BQ.1 Y XBB (1,2)

Elaborado por: Dra. Suset Oropesa. CIDR, Departamento de Virología. Instituto Pedro Kourí (3**)**

A nivel mundial, del 1 al 31 de octubre de 2022, se compartieron 103 210 secuencias de SARS-CoV-2 a través de GISAID. Entre ellas, 103 147 secuencias constituyeron la variante preocupante (VOC) Omicron, que representa el 99,9% de las notificadas en los últimos 30 días. Durante la semana epidemiológica 41 (del 10 al 16 de octubre de 2022), y entre los linajes de Omicron, BA.5 y sus descendientes continuaron siendo dominantes a nivel mundial, representando el 74,9% de las secuencias enviadas a GISAID.

La comparación de las secuencias durante la **semana epidemiológica 40** (del 3 al 9 de octubre de 2022) **con la semana 41**(del 10 al 16 de octubre de 2022), muestra un aumento de la prevalencia de secuencias del 4,7% al 7,0% para BA.2 y sus linajes descendientes, mientras que los linajes descendientes de BA.4 disminuyeron ligeramente del 5,1% al 4,8%. Durante el mismo periodo de notificación, la subvariante Omicron bajo control BA.2.75 mostró un aumento en la prevalencia de la secuencia del 2,9% al 3,7%. Del mismo modo, se produjo un aumento de la prevalencia del 5,7% al 9,0% **para BQ.1*,** del 1,0% al 1,5% para **XBB*** y del 0,3% al 0,7% para BA.2.3.20.

Los linajes descendientes de BA.5 con mutaciones adicionales en SARS-CoV-2 Spike (R346X, K444X, V445X, N450D y/o N460X) aumentaron su prevalencia del 19,5% al 21,0%.

Tras varias semanas de aumento, la prevalencia de BA.4.6 se mantuvo estable en el 4,1% durante las semanas 40 y 41.

Durante la semana 41, las secuencias no asignadas (presuntamente Omicron) representaron el 11,8% de las secuencias enviadas a GISAID.

Según la declaración del grupo asesor TAG-VE, en base a las pruebas o evidencias actualmente disponibles que en este momento es limitada, el grupo de expertos aconseja que los fenotipos generales de XBB y BQ.1 (y sus sublinajes) no divergen lo suficiente entre sí, ni de otros linajes de Omicron con mutaciones adicionales de mutaciones de escape inmunológico, en términos de la respuesta de salud pública necesaria, para justificar la designación de nuevas variantes preocupantes y la asignación de una nueva etiqueta.

- **VOC XBB y BQ.1.** Son dos sublinajes que siguen formando parte de Omicron, y que continúa siendo una variante preocupante. Hasta ahora, la información disponible no indica un aumento de la gravedad.
- **XBB*** es una recombinación de los sublinajes BA.2.10.1 y BA.2.75. En la semana epidemiológica 40 (del 3 al 9 de octubre), a partir de las secuencias presentadas al GISAID, XBB* tiene una **prevalencia mundial del 1,3% y se ha detectado en 35 países**.

El **(TAG-VE)** GAT-VE discutió los datos disponibles sobre la ventaja de crecimiento de este sublinaje, y algunas **evidencias tempranas sobre la gravedad clínica y el riesgo de reinfección de Singapur e India**, así como las aportaciones de otros países.

Se ha producido un **amplio aumento de la prevalencia del XBB*** en la vigilancia genómica regional, pero todavía no se ha asociado sistemáticamente con un aumento de las nuevas infecciones.

Aunque se necesitan más estudios, **los datos actuales no sugieren que haya diferencias sustanciales en la gravedad de la enfermedad para las infecciones por XBB*.**

Sin embargo, hay pruebas iniciales que apuntan a un mayor riesgo de reinfección, en comparación con otros sublinajes de Omicron en circulación. Los casos de reinfección se limitaron principalmente a aquellos con una infección inicial en el periodo pre-Omicron.

Por el momento, no hay datos que apoyen el escape de las respuestas inmunitarias recientes inducidas por otros linajes de Omicron.

- **Que el mayor escape inmunitario del XBB* sea suficiente para impulsar nuevas oleadas de infección parece depender del panorama inmunitario regional, afectado por el tamaño y el momento de las oleadas anteriores de Omicron, así como de la cobertura de vacunación de COVID-19.**
- **BQ.1*** es un sublinaje de BA.5, que porta mutaciones en algunos sitios antigénicos clave, incluyendo K444T y N460K. Además de estas mutaciones, el sublinaje BQ.1.1 porta una mutación en la espiga adicional en un sitio antigénico clave (es decir, R346T).

En la semana epidemiológica 40 (del 3 al 9 de octubre), a partir de las secuencias enviadas a GISAID, BQ.1* tiene una **prevalencia del 6% y se ha detectado en 65 países**.

No hay datos sobre la gravedad o el escape inmunológico de los estudios en humanos,

BQ.1* está mostrando **una ventaja de crecimiento significativa** sobre otros sublinajes de Omicron circulantes **en muchos entornos, incluidos Europa y los Estados Unidos**, y por lo tanto justifica una estrecha vigilancia.

Es probable que estas mutaciones adicionales hayan conferido una ventaja de escape inmunológico sobre otros sublinajes de Omicron en circulación, y por lo tanto un mayor riesgo de reinfección es una posibilidad que necesita más investigación.

En este momento no hay datos epidemiológicos que sugieran un aumento de la gravedad de la enfermedad.

Queda por establecer el impacto de los cambios inmunológicos observados en el escape de la vacuna. En base a los conocimientos disponibles actualmente, **la protección de las vacunas (tanto las vacunas índice como las bivalentes recientemente introducidas) contra la infección puede verse reducida, pero no se prevé un impacto importante en la protección contra la enfermedad grave.**

La OMS seguirá vigilando estrechamente los linajes XBB* y BQ.1* como parte de Omicron y pide a los países que sigan estando atentos, que vigilen y notifiquen las secuencias, y que realicen análisis independientes y comparativos de los distintos sublinajes de Omicron.

El **TAG-VE** se reúne periódicamente y sigue evaluando los datos disponibles sobre la transmisibilidad, la gravedad clínica y el potencial de escape inmunitario de las variantes, incluido el impacto potencial sobre el diagnóstico, la terapéutica y la eficacia de las vacunas para prevenir la infección y/o la enfermedad grave.

Referencias

1. https:// www.who.int/publications/m/item/ weekly- epide06ological-update-26-oct-2022
2. https:// www.who.int/publications m/item/ weekly- epide06ological-update-2-nov-2022

LAS SECUELAS FÍSICAS Y MENTALES DE LA COVID-19 AFECTAN A TODAS LAS EDADES.

Noviembre 11/2022 (EFE). Unos dos tercios de la población mundial pueden tener anticuerpos por infección o vacunación contra la COVID-19, una enfermedad cuyos síntomas y secuelas persistentes, tras la fase aguda, afectan a todas las edades, según dos nuevos estudios que publica **Plos Medicine**.

Una investigación que abarca a casi la mitad de la población alemana, encabezada por la Universidad Técnica de Dresde, indica que tras la infección por SARS-CoV-2 se produce una importante morbilidad de nueva aparición en niños, adolescentes y adultos.

Los autores escriben que se observó un aumento de las tasas de problemas de salud física y mental recientemente diagnosticados en el grupo de personas con COVID-19, en comparación con otro de control.

Todos los grupos de edad corren el riesgo de padecer el síndrome de covid pos-agudo, que incluye la prolongación de los síntomas más allá de cuatro semanas y las secuelas tras doce semanas, aunque el espectro de problemas difiere según la edad.

El estudio usó un conjunto de datos sanitarios que abarca casi la mitad de la población alemana durante los años 2019 y 2020, en los que los investigadores identificaron a los pacientes con PCR (reacción en cadena de polimerasa), positiva por covid.

A continuación, compararon la aparición de diagnósticos pre especificados, introducidos en la historia clínica al menos tres meses después de la infección, en estos pacientes (11 950 niños y adolescentes y 145 184 adultos) con una cohorte de control de más de 750 000 individuos sin covid.

En general, los niños y adolescentes que habían pasado la covid-19 tenían un 30 % más de probabilidades de tener problemas de salud documentados a partir de tres meses o más después de la infección.

Dentro de este grupo, las principales tasas de problemas estaban relacionadas con malestar/fatiga/agotamiento; tos y dolor de garganta/pecho, y también aumentaron las de dolor de cabeza, fiebre, dolor abdominal, trastorno de ansiedad y depresión.

Los adultos con covid eran un 33 % más propensos a tener problemas de salud y los más frecuentes eran alteraciones en el olfato y el gusto, fiebre y disnea, seguidos de tos, dolor de garganta y pecho, la caída del cabello, fatiga, el agotamiento y dolor de cabeza.

Un segundo estudio indica que las tasas mundiales de infección por coronavirus pueden ser más altas de lo que se había estimado y que dos tercios de la población mundial puede tener anticuerpos por vacunación o infección.

Un equipo internacional, con participación de la Organización Mundial de la Salud (OMS), llegó a estos resultados analizado las tasas de seroprevalencia.

La serovigilancia proporciona estimaciones de los niveles de anticuerpos contra las enfermedades infecciosas y se considera la norma de oro para medir la inmunidad de la población debida a infecciones o vacunaciones anteriores.

Para conocer las verdaderas tasas de infección y los indicadores de inmunidad de la población frente a SRAS-CoV-2 a lo largo del tiempo, realizaron una revisión sistemática y un metaanálisis de los estudios de seroprevalencia.

De todos ellos, 965 cumplían los requisitos establecidos por el equipo, en los que se habían tomado muestras a 5,3 millones de personas entre enero de 2020 y abril de 2022.

El 43 % de los estudios procedía de países de renta media-baja.

Analizaron la seroprevalencia por país y mes, estimando la regional y global a lo largo del tiempo, y estimaron las tasas de seropositividad por infección frente a la infección o la vacunación.

Los datos apuntan que la seroprevalencia mundial aumentó del 7,7 % en junio de 2020 al 59,2 % en septiembre de 2021, lo que sugiere que dos tercios de la población mundial puede ser seropositiva al SARS-CoV-2, por vacunación o por infección.

Las estimaciones de las infecciones por COVID-19 basadas en los datos de seroprevalencia superan con creces los casos notificados, lo que sugiere que el impacto mundial de la enfermedad es mayor de lo que se conocía hasta ahora, indicó el equipo, que reconoce limitaciones como la infrarrepresentación de algunos países en los datos y la sobrerrepresentación de otros.

– Tomado de la Selección Temática sobre Medicina de Prensa Latina. Copyright 2019. Agencia Informativa Latinoamericana Prensa Latina S.A.

Referencias:

Perry, J., Osman, S., Wright, J., Richard-Greenblatt, M., Buchan, S. A., Sadarangani, M., & Bolotin, S. (2022). *Does a humoral correlate of protection exist for SARS-CoV-2? A systematic review*. PloS one, 17(4), e0266852.

Havervall, S., Jernbom Falk, A., Klingström, J., Ng, H., Greilert-Norin, N., Gabrielsson, L., & Thålin, C. (2022). *SARS-CoV-2 induces a durable and antigen specific humoral immunity after asymptomatic to mild COVID-19 infection*. PLoS One, 17(1), e0262169

PERÚ EMITE ALERTA EPIDEMIOLÓGICA POR INCREMENTO DE CONTAGIOS POR COVID-19.

Noviembre 11/2022 (Sputnik). El Centro Nacional de Epidemiología, Prevención y Control de Enfermedades de Perú (CDC), oficina adscrita al Ministerio de Salud (Minsa), emitió recientemente una alerta epidemiológica por el aumento de casos de covid-19.

'Alerta Epidemiológica. CDC Perú emite alerta epidemiológica por incremento de casos de covid-19 a nivel nacional.

El incremento se registra en los departamentos de Loreto (norte), Arequipa (sur), Cusco (sur), Áncash (norte) e Ica (sur). Además, Callao y Lima Metropolitana (centro)', indicó el ente a través de su cuenta en Twitter.

La cartera no indicó la cantidad de casos que aumentaron en las jurisdicciones donde se ha emitido la alerta, pero es un aviso sobre un agravamiento de la situación sanitaria.

Lima Metropolitana es la ciudad capital de Perú; Callao es una provincia colindante que, juntas, conforman una sola unidad urbana que se entiende como la capital del país para fines prácticos.

En la capital residen cerca de 11 millones de personas, casi un tercio de la población nacional.

El Minsa advirtió el 4 de noviembre sobre el inicio de una quinta ola en el departamento de Loreto, el principal de la zona amazónica del país.

Perú dio por concluido en octubre el estado de emergencia sanitaria, levantando todas las restricciones y medidas tras cuatro olas pandémicas.

– Tomado de la Selección Temática sobre Medicina de Prensa Latina. Copyright 2019. Agencia Informativa Latinoamericana Prensa Latina S.A

UN ESTUDIO IDENTIFICA LAS MUTACIONES DE LA VIRUELA DEL MONO QUE HACEN AL VIRUS INFECCIOSO.

Noviembre 07/2022 (Europa Press). Un equipo de investigadores de la Universidad de Missouri, Estados Unidos, ha identificado las mutaciones específicas del virus de la viruela del mono que contribuyen a que siga siendo infeccioso. Estos hallazgos, publicados en ***Journal of Autoimmunity***, podrían dar lugar a varios resultados: versiones modificadas de los fármacos existentes utilizados para tratar a las personas que padecen viruela del mono o el desarrollo de nuevos fármacos que tengan en cuenta las mutaciones actuales para aumentar su eficacia a la hora de reducir los síntomas y la propagación del virus.

La viruela del mono ha infectado a más de 77 000 personas en más de 100 países de todo el mundo y, al igual que la COVID-19, las mutaciones han permitido al virus hacerse más fuerte e inteligente, evadiendo los medicamentos antivirales y las vacunas en su misión de infectar a más personas.

Los investigadores analizaron las secuencias de ADN de más de 200 cepas del virus de la viruela del mono, que abarcan varias décadas, desde 1965, cuando el virus comenzó a propagarse, hasta los brotes de principios de la década de 2000 y de nuevo en 2022.

Al hacer un análisis temporal, pudimos ver cómo el virus ha evolucionado con el tiempo, y un hallazgo clave fue que el virus ahora está acumulando mutaciones específicamente donde se supone que se unen los medicamentos y los anticuerpos de las vacunas. Así, el virus se está volviendo más inteligente, es capaz de evitar ser el objetivo de los fármacos o anticuerpos de la respuesta inmunitaria de nuestro cuerpo y seguir propagándose a más personas, ha comentado Shrikesh Sachdev, uno de los responsables de la investigación. Estos investigadores, liderados por Kamlendra Singh, llevan casi 30 años estudiando la virología y la replicación del genoma del ADN. La homología, o estructura, del virus de la viruela del mono es muy similar a la del virus vaccinia, que se ha utilizado como vacuna para tratar la viruela.

Esto permitió a Singh y a sus colaboradores crear un modelo informático preciso en 3D de las proteínas del virus de la viruela del mono e identificar tanto dónde se encuentran las mutaciones específicas como cuáles son sus funciones para contribuir a que el virus se vuelva tan infeccioso recientemente.

Nos centramos en observar los genes específicos que intervienen en la copia del genoma del virus, y la viruela del mono es un virus enorme con aproximadamente 200 000 bases de ADN en el genoma.

El genoma del ADN de la viruela del mono se convierte en casi 200 proteínas, por lo que viene con toda la 'armadura' que necesita para replicarse, dividirse y seguir infectando a otros. Los virus harán miles de millones de copias de sí mismos y solo los más aptos sobrevivirán, ya que las mutaciones les ayudan a adaptarse y a seguir propagándose', ha detallado Singh.

Los investigadores examinaron cinco proteínas específicas al analizar las cepas del virus de la viruela del mono: la ADN polimerasa, la ADN helicasa, la proteína puente A22R, la ADN glicosilasa y la G9R.

Cuando me enviaron los datos, vi que las mutaciones se producían en puntos críticos que afectan a la unión del genoma del ADN, así como en los lugares donde se supone que se unen los fármacos y los anticuerpos inducidos por las vacunas.

Estos factores contribuyen seguramente a la mayor infectividad del virus. Este trabajo es importante porque el primer paso para resolver un problema es identificar dónde se produce específicamente el problema en primer lugar, y es un esfuerzo de equipo, ha esgrimido Singh.

La evolución de los virus

Los investigadores siguen preguntándose cómo ha evolucionado el virus de la viruela del mono a lo largo del tiempo. La eficacia de los actuales fármacos para tratar la viruela del mono no ha sido óptima, probablemente porque se desarrollaron originalmente para tratar el VIH (virus de inmunodeficiencia humana) y el herpes, pero desde entonces han recibido autorización de uso de emergencia en un intento de controlar el reciente brote de viruela del mono. Una de las hipótesis es que cuando los pacientes estaban siendo tratados por el VIH y el herpes con estos fármacos, es posible que también estuvieran infectados por la viruela del mono sin saberlo, y el virus de la viruela del mono se volvió más inteligente y mutó para evadir los fármacos. Otra hipótesis es que el virus de la viruela del mono puede estar secuestrando proteínas que tenemos en nuestro cuerpo y utilizándolas para volverse más infeccioso y patógeno, ha explicado Singh.

Estos investigadores han colaborado desde que comenzó la pandemia de COVID-19 en 2020, identificando las mutaciones específicas que causan las variantes del virus.

– Tomado de la Selección Temática sobre Medicina de Prensa Latina. Copyright 2019. Agencia Informativa Latinoamericana Prensa Latina S.A.

Referencia:

Kannan, S. R., Sachdev, S., Reddy, A. S., Kandasamy, S. L., Byrareddy, S. N., Lorson, C. L., & Singh, K. (2022). *Mutations in the monkeypox virus replication complex: Potential contributing factors to the 2022 outbreak*. Journal of Autoimmunity, 133, 102928

HAITÍ REPORTÓ 117 MUERTES POR CÓLERA Y 600 CASOS CONFIRMADOS.

Noviembre 08/2022 (Prensa Latina). Los casos de cólera siguen en aumento en Haití con 117 muertes institucionales y comunitarias y más de 600 confirmados, precisó el doctor Bernard Sinal, miembro del gabinete del Ministerio de Salud.

El exdiputado de Port Salut señaló que el informe es aún parcial, pues no están incluidos los reportes del departamento Grand Anse, con lo cual las cifras pueden aumentar.

Además de los fallecidos y confirmados, se registran también seis mil 72 casos sospechosos y cinco mil 275 personas se encuentran hospitalizadas para tratar los síntomas de la enfermedad. Sinal alentó a los ciudadanos a respetar las instrucciones sanitarias para evitar una propagación descontrolada. Los primeros casos de cólera se detectaron el 2 de octubre, luego de tres años sin diagnosticar enfermos, tras la mortal epidemia de 2010 que cobró unas 10 mil vidas y contagió a más de 800 mil personas. La mayoría de los enfermos se reportan en la capital, sin embargo, el mal ya se extendió a los departamentos del país en medio de una aguda crisis política y económica, además de un crónico desabastecimiento de los combustibles.

El bloqueo de las pandillas a la principal terminal petrolera de Haití agravó el problema por la ralentización de las actividades económicas y el cierre temporal de las potabilizadoras de agua.

La semana pasada, el Fondo de Naciones Unidas para la Infancia alertó que la situación es alarmante para los niños, en particular aquellos desnutridos que son más vulnerables a la creciente epidemia.Uno de los principales focos de la enfermedad se encuentra en Cité Soleil donde uno de cada cinco menores sufre desnutrición, recordó el organismo.

– Tomado de la Selección Temática sobre Medicina de Prensa Latina. Copyright 2019. Agencia Informativa Latinoamericana Prensa Latina S.A

Cuba, Enfermedades de Declaración Obligatoria (EDO) Seleccionadas.
Número de casos en la semana y acumulados hasta: 29/10/22

ENFERMEDADES	EN LA SEMANA		ACUMULADOS		TASAS	
	2021	2022	2021	2022	2021	2022*
FIEBRE TIFOIDEA	-	-	-	1	-	-**
SHIGELLOSIS	2	3	28	65	0.32	0.75
D. AMEBIANA AGUDA	-	3	1	9	0.01	0.08
TUBERCULOSIS	4	12	312	561	3.77	6.85
LEPRA	1	7	67	122	0.72	1.33
TOSFERINA	-	-	-	-	-	-**
ENF. DIARREICAS AGUDAS	1686	2482	89023	123683	937.37	1314.90
M. MENINGOCÓCCICA.	-	1	1	5	0.04	0.18
MENINGOCOCCEMIA	-	-	-	-	-	-**
TÉTANOS	-	-	-	-	-	-**
MENINGITIS VIRAL	18	25	490	684	5.55	7.82
MENINGITIS BACTERIANA	4	6	83	152	0.95	1.75
VARICELA	40	97	3159	6899	35.03	77.23
SARAMPIÓN	-	-	-	-	-	-**
RUBÉOLA	-	-	-	-	-	-**
HEPATITIS VIRAL	23	39	1162	1470	11.64	14.87
PAROTIDITIS	-	-	-	-	-	-**
PALUDISMO IMPORTADO	-	-	8	10	0.08	0.10
LEPTOSPIROSIS	1	4	15	42	0.13	0.38
SÍFILIS	103	164	2847	5919	33.93	71.21
BLENORRAGIA	31	35	1478	1529	15.81	16.52
INFECC. RESP. AGUDAS	41782	56345	2392852	2563304	25565.23	27650.78

Fuente: EDO PARTE TELEFONICO SUJETO A MODIFICACIONES.
*TASA ANUAL ESPERADA, AJUSTADA SEGÚN EL AÑO ANTERIOR.
** LA TASA ESPERADA COINCIDE CON LA DEL AÑO ANTERIOR.
LA TASA ACUMULADA DEL AÑO ANTERIOR SE CALCULA EN BASE ANUAL.

Comité Editor

DIRECTOR: Dr. Manuel E. Díaz González.	**JEFES DE INFORMACIÓN:**
EDITOR: DrC. Belkys Maria Galindo Santana.	**MsC. Carlos Luis Rabeiro Martinez**
PROCESAMIENTO ESTADÍSTICO: Téc. Irene Toledo Rodríguez	**DrC. Gilda Teresa Toraño Peraza** **Dra. Suset Isabel Oropesa Fernández**

Teléfono; (53-7) 2807625 y 2553205 Fax: (53-7) 2046051 y (53-7) 2020633
Internet: http://instituciones.sld.cu/ipk