



DIRECCIÓN NACIONAL DE EPIDEMIOLOGÍA
MINISTERIO DE SALUD PÚBLICA

Dirección Postal: Inst. "Pedro Kouri". 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.....	385
Variantes preocupantes de SARS-COV-2 y subvariantes de Omicron bajo vigilancia (1).....	386
Tablas:.....	391

ACTUALIZACIÓN SEMANAL DE LA COVID-19 EN CUBA.

Al cierre del día de ayer, 18 de diciembre, se encuentran ingresados 152 pacientes, sospechosos 56 y confirmados activos 96. En el día en Cuba para la COVID-19 se realizaron un total de mil 198 muestras para la vigilancia, resultando positivas 27. El país acumula 14 millones 260 mil 242 de muestras realizadas y 1 millón 111 mil 697 positivas. Del total de casos (27), se reportan 0 casos asintomáticos en el día, acumulándose un total de 147 mil 576 que representa el (13,3%) de los confirmados hasta la fecha. Del total de casos diagnosticados (27), pertenecen al grupo de edad: menores de 20

años, (19), de 20 a 39 años, (3), de 40 a 59 años (4), y de 60 y más (1).

De 1 millón 111 mil 697 pacientes diagnosticados con la enfermedad, se mantienen ingresados 112, todos con evolución clínica estable.

Se acumulan 8 mil 530 fallecidos, letalidad de 0,77% vs 1,01% en el mundo y 1,56% en las Américas; dos evacuados, 57 retornados a sus países, en el día hubo 11 altas, se acumulan 1 millón 102 mil 996 (99,2%). No se reportan pacientes graves ni críticos confirmados en los Cuidados Intensivos del país.



VARIANTES PREOCUPANTES DE SARS-COV-2 Y SUBVARIANTES DE OMICRON BAJO VIGILANCIA (1).

Elaborado por: Dra. Suset Oropesa. CIDR, Departamento de Virología. Instituto Pedro Kourí (2).

Propagación geográfica y prevalencia

A través de GISAID a escala mundial, del 24 de octubre al 20 de noviembre de 2022, se compartieron 204 995 secuencias de SARS-CoV-2. Entre ellas, 204 042 secuencias son de la variante de preocupación **Omicron (VOC)**, lo que representa el **99,5%** de las secuencias notificadas en todo el mundo.

Semana Epidemiológica 46 (del 14 al 20 de noviembre de 2022)

- **BA.5.** Los linajes descendientes siguen siendo predominantes, con una prevalencia del 73,7%,
- **BA.2.** Seguidos de los linajes descendientes de BA.5, con una prevalencia del 10,4%.
- **BA.4.** Los linajes descendientes han disminuido su prevalencia, representando el 2,0% de las secuencias en el mismo periodo de notificación.
- **XBB.** Los linajes y descendientes representan el 3,9%, tendencia que va en aumento.
- **Secuencias No asignadas a Omicron** (presuntamente subvariantes de Omicron) representan el 9,9% de las secuencias enviadas al GISAID en la semana 46.

La evolución de las variantes descendientes de Omicron sigue mostrando diversificación genética y ha dado lugar a más de 540 linajes descendientes y más de 61 recombinantes.

Sin embargo, sólo algunos de estos linajes descendientes siguen aumentando en prevalencia, mientras que otros se mantienen en unas pocas detecciones de secuencias.

Entre los linajes variantes más relevantes, se están acumulando sustituciones específicas, un patrón genético denominado evolución convergente.

Cinco subvariantes de Omicron están siendo objeto de seguimiento debido a

- ✓ su variación genética relevante,
- ✓ al aumento de su prevalencia

✓ y/o a un impacto observado y continuado en la incidencia de casos en la región.

✓ impacto observado y continuado en la incidencia de casos en más de un país.5

En la semana 46, estas cinco subvariantes de Omicron bajo vigilancia han sustituido a los linajes descendientes anteriores de BA.5 y representan el 63,5% de la prevalencia a nivel mundial.

- El patrón de sustitución de estas subvariantes apunta a un posible papel de mutaciones específicas en la ventaja de crecimiento,
- probablemente por propiedades de escape inmunitario (Figura 5)

• **BA.2.75*** presenta las sustituciones S:D339H, S:G446S, S:N460K y la reversión S:Q493R.

Dos variantes:

BA.2.75 con mutaciones adicionales de interés dentro de la proteína Spike son

1 - **BA.2.75.2** (BA.2.75 + S:R346T, S:F486S, y S:D1199) y

2 - **CH.1.1** (BA.2.75 + S:R346T, S:K444T, S:L452R, y S:F486S). BA.2.75 se identificó por primera vez el 31 de diciembre de 2021 y empezó a propagarse en algunos países de la región del Sudeste Asiático. Desde su aparición,

- BA.2.75 se ha notificado en 85 países. Los cinco países que notifican la mayor prevalencia de BA.2.75 son:

Tailandia (53,8%), Australia (25,1%), Malasia (22,5%), China (18,8%) y Nueva Zelanda (16,3%).

- BA.2.75* fue rápidamente dominante en la India y Bangladesh, pero fue sustituida por el XBB* sin que se observara un aumento significativo de la incidencia de casos notificados.

- Según los datos disponibles, BA.2.75* no ha mostrado un fenotipo significativamente diferente al de otras variantes de Omicron en los países en los que se ha extendido.

- **BA.5** con una o varias de las 5 mutaciones S:R346X, S:K444X, S:V445X, S:N450X, y/o S:N460X es objeto de seguimiento ya que estas mutaciones se han asociado o se sospecha que tienen un papel funcional importante para el virus:

- resistencia a la neutralización,
- mayor transmisibilidad).

Esta clase de variantes ha aumentado rápidamente y se detecta en 119 países, lo que supone una prevalencia mundial del 15,0%.

Los cinco países con mayor prevalencia de BA.5 son Sudáfrica (75,4%), Costa Rica (70,9%), Perú (53,5%), México (49,8%) y Brasil (42,4%).

- **BQ.1*** es un linaje descendiente de BA.5 con sustituciones adicionales S:K444T y S:N460K. El linaje descendiente de BQ.1 - la prevalencia más alta es BQ.1.1, y lleva la mutación adicional S:R346T. BQ.1* es una de las variantes de más rápido crecimiento y se ha extendido a 90 países, con una prevalencia del 33,9% en la semana 46.

- Los cinco países con mayor prevalencia de variantes BQ.1* son Ecuador (65,5%), Portugal (56,7%), España (54,1%), Francia (48,7%) y Colombia (46,8%).

- **XBB*** es un recombinante de los sublinajes BA.2.10.1 y BA.2.75, notificado por primera vez el 13 de agosto de 2022. Las mutaciones relevantes, en este recombinante son S:G339H, S:R346T, S:L368I, S:V445P, S:G446S, S:N460K, S:F486S y S:F490S.-XBB*. En la semana 46, tenía una prevalencia mundial del 3,8% y se había detectado en 70 países.

- Los cinco países con mayor prevalencia de XBB* son India (62,5%), República Dominicana (48,2%), Singapur (47,3%) Malasia (40,9%) e Indonesia (29,3%).

- BA.2.30.2 es portadora de las mutaciones S:K444R, S:N450D, S:L452M, S:N460K y S:E484R. En la

semana 46, BA.2.30.2 tenía una prevalencia global del 0,3%.

- Y una prevalencia global del 0,3%.

Los países con mayor prevalencia son Islandia (4%), Eslovenia (2%), Australia (1,1), Colombia (0,9%) y la República de Corea (0,6%).

Como se ha expuesto anteriormente, las subvariantes de Omicron objeto de seguimiento comparten varias mutaciones relevantes, pero muestran diferentes patrones de propagación geográfica.

- BA.2.75 y XBB surgieron y aumentaron su prevalencia principalmente en países de las regiones de Asia Sudoriental y el Pacífico Occidental. Ambas variantes están aumentando lentamente su prevalencia, pero los datos actuales no sugieren una asociación consistente con un aumento de las nuevas infecciones. La co-circulación de BA.2.75 y XBB se produce en varios países.
- Las mutaciones BQ.1 y BA.5 + 5 han surgido, han aumentado su prevalencia y se han propagado a muchos países rápidamente.

El que la mayor capacidad o incremento de escape inmunitario de esta nueva serie de variantes descendientes de Omicron sea suficiente para para impulsar nuevas oleadas de infección parece depender del:

- panorama inmunitario regional, el tamaño y el momento de las anteriores oleadas de Omicron,
- y la capacidad de circulación de Omicron,
- y de la cobertura de la vacunación para la COVID-19.

Aunque se necesitan más estudios, los datos actuales no sugieren que existan diferencias sustanciales en la gravedad de la enfermedad para las mutaciones BA.2.75, BA.5 + 5, BQ.1 y XBB.

1. Este período de notificación se utilizó para tener en cuenta un plazo medio de 21 días desde la recogida de la muestra hasta el envío de la secuencia al GISAID.
2. Incluye todos los linajes descendientes

Figura 4. Presencia y proporción de subvariantes seleccionadas de Omicron sometidas a vigilancia, del 24 de octubre al 20 de noviembre de 2022.

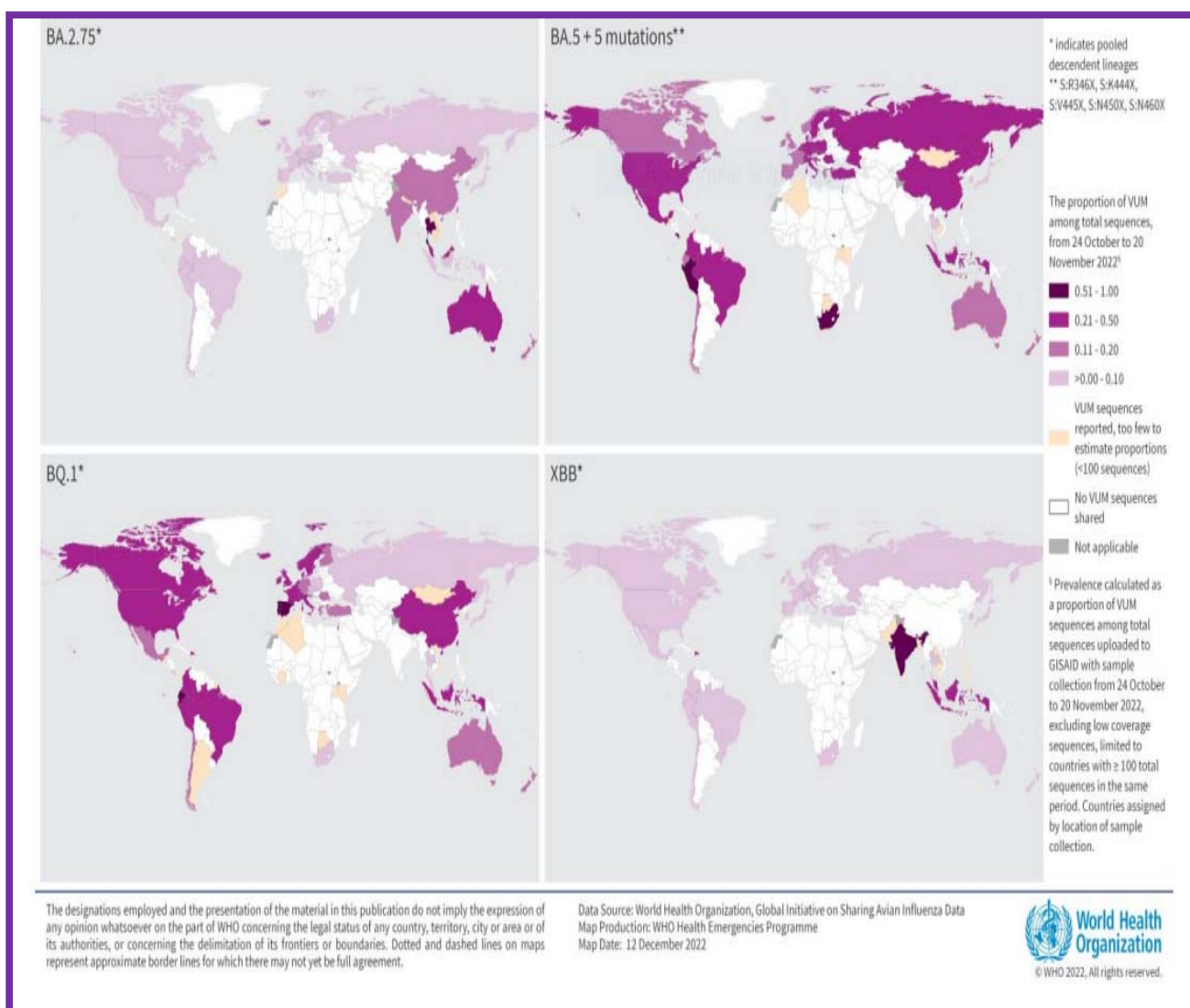
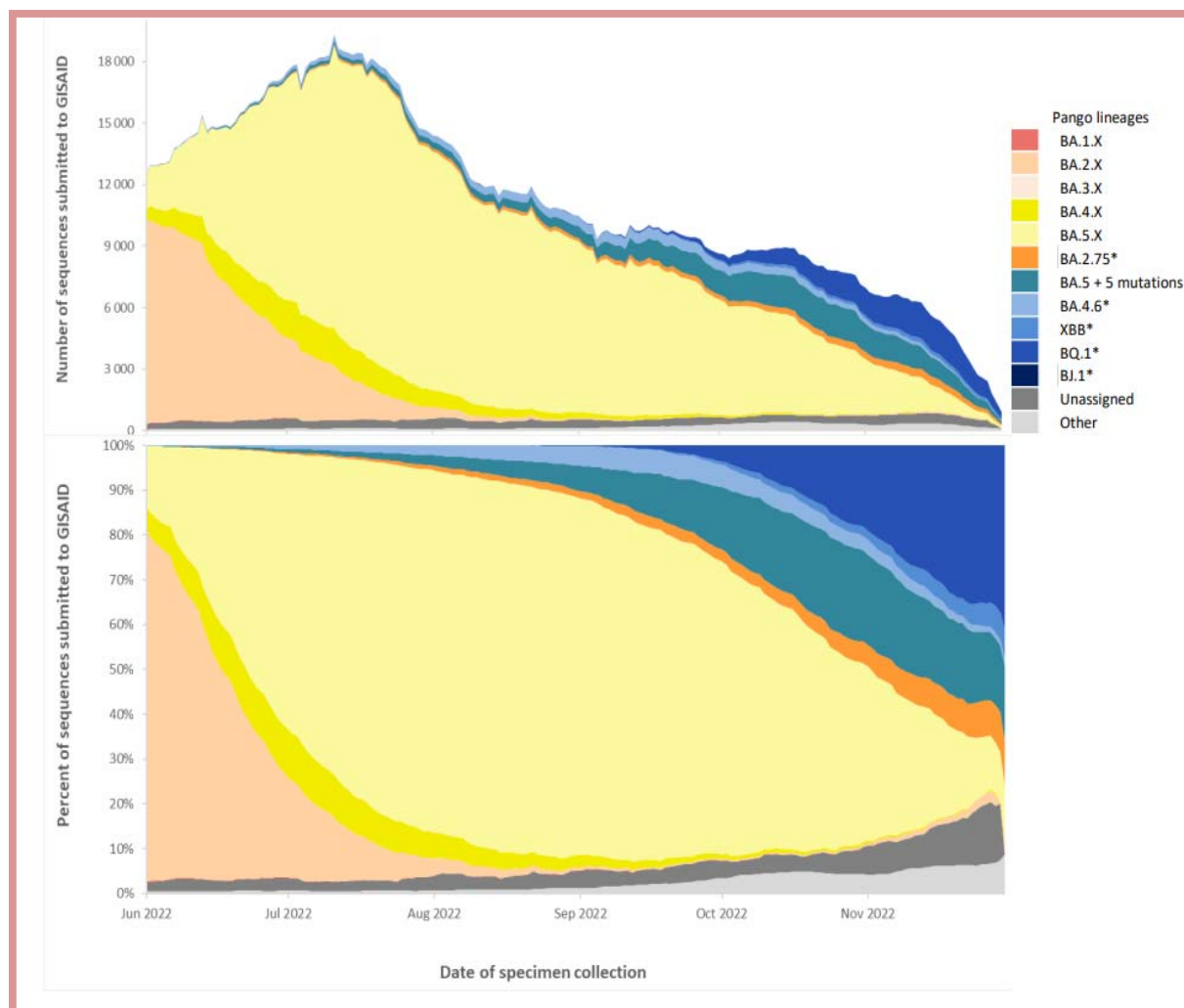


Figura 5. Panel A y B: Número y porcentaje de secuencias de SARS-CoV-2, del 1 de junio al 12 de diciembre de 2022.



La Figura 5. Panel A muestra el número, y el Panel B el porcentaje, de todas las variantes circulantes desde junio de 2022. Se muestran los linajes descendientes de Omicron VOC que se están supervisando. BA.1.X, BA.2.X, BA.3.X, BA.4.X y BA.5.X incluyen todos los descendientes agrupados de BA.1, BA.2, BA.3, BA.4 y BA.5, excepto las subvariantes

Omicron que se muestran individualmente. La categoría Sin asignar, incluye linajes pendientes de un nombre de linaje PANGO, mientras que la categoría Otros, incluye linajes asignados pero que no figuran en la leyenda. **Fuente:** Datos de las secuencias del SARS- CoV-2 y metadatos de GISAID, del 1 de junio al 12 de diciembre de 2022.

Tabla 2. Proporciones relativas de las secuencias del SARS-CoV-2 (24 de octubre a 20 de noviembre, según fecha de colección de la muestra).

Lineage	Countries	Sequences	2022-43	2022-44	2022-45	2022-46
BA.1*	186	2 209 253	0.03	0.02	0.02	0.01
BA.2.3.20*	48	1190	0.29	0.36	0.30	0.30
BA.2.75*	85	34 728	4.60	5.58	6.57	7.21
BA.2*	171	2 036 989	0.54	0.97	1.09	1.44
BA.3*	32	799				0.00
BA.4.6*	94	50 301	3.23	3.00	2.43	1.77
BA.4*	131	117 870	0.49	0.35	0.30	0.25
BA.5 + 5 mutations	119	123 378	20.61	19.69	17.82	16.87
BQ.1*	90	72 044	17.93	22.35	27.76	33.89
BA.5*	150	1 278 809	40.81	33.49	26.80	18.26
XBB*	70	9988	1.80	2.64	3.65	3.77
Unassigned	89	124 702	5.34	7.00	7.50	9.93
Other	205	6 661 808	4.33	4.55	5.78	6.29

La Tabla 2 muestra el número de países que notificaron los linajes destacados, el número total de secuencias notificadas y la prevalencia de los linajes en las últimas cuatro semanas. BA.1.X, BA.2.X, BA.3.X, BA.4.X y BA.5.X incluyen todos los linajes descendientes agrupados BA.1, BA.2, BA.3, BA.4 y BA.5. La categoría Sin asignar incluye linajes pendientes de un nombre de linaje PANGO, mientras que la categoría

Otros incluye linajes diferentes de los enumerados en la leyenda.

Fuente de datos: secuencias y metadatos de GISAID, recuperados el 12 de diciembre de 2022. Las proporciones se muestran en porcentaje

Referencias

1. <https://www.who.int/publications/m/item/monthly-operational-update-on-covid-14-december-2022>

Enfermedades de Declaración Obligatoria: Meningitis viral
Número de casos en la semana y acumulados hasta: 03/12/22

PROVINCIAS	CASOS DE LA SEMANA		CASOS ACUMULADOS		TASAS ACUMULADAS	
	2021	2022	2021	2022	2021	2022 *
PINAR DEL RIO	-	1	12	18	2.06	3.12
ARTEMISA	-	-	17	7	3.69	1.53
MAYABEQUE	-	-	-	5	-	._**
LA HABANA	-	6	31	66	2.20	4.70
MATANZAS	-	2	52	63	8.32	10.27
VILLA CLARA	-	3	47	63	6.33	8.61
CIENFUEGOS	1	5	52	40	13.33	10.36
S. SPIRITUS	2	6	29	57	6.48	12.83
CIEGO DE AVILA	-	-	-	2	-	._**
CAMAGÜEY	1	2	38	35	5.39	4.99
LAS TUNAS	-	-	19	14	4.32	3.20
HOLGUIN	-	-	3	6	0.29	0.59
GRANMA	1	7	134	276	18.46	38.56
SANTIAGO DE CUBA	4	8	104	153	11.10	16.43
GUANTANAMO	1	-	14	25	3.16	5.71
ISLA DE LA JUVENTUD	-	-	-	-	-	**
CUBA	10	40	552	830	5.55	8.43

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.

Algunos tipos de brotes notificados al SID. Cuba, hasta: 14/12/22

TIPOS DE BROTES	SEMANAS		BROTES ACUMULADOS		TASA ACUMULADA	
	2021	2022	2021	2022	2021	2022
Alimentos	-	2	49	63	0.44	0.57
Ciguatera *	-	-	7	13	0.06	0.12
Hepatitis viral **	-	-	8	15	0.07	0.14
EDA	-	-	-	-	-	-
IRA	1	1	19	25	0.17	0.23
Agua	-	-	2	3	0.02	0.03
Varicela	-	-	8	11	0.07	0.10

Fuente: Sistema de Información Directo. Tasa x 100 000 habitantes, acumulada y ajustada al período.

Cuba, Enfermedades de Declaración Obligatoria (EDO) Seleccionadas.
Número de casos en la semana y acumulados hasta: 03/12/22

ENFERMEDADES	EN LA SEMANA		ACUMULADOS		TASAS	
	2021	2022	2021	2022	2021	2022*
FIEBRE TIFOIDEA	-	-	-	1	-	._**
SHIGELLOSIS	1	1	34	72	0.32	0.69
D. AMEBIANA AGUDA	-	1	1	10	0.01	0.09
TUBERCULOSIS	17	16	365	654	3.77	6.82
LEPRA	-	4	73	137	0.72	1.37
TOSFERINA	-	-	-	-	-	._**
ENF. DIARREICAS AGUDAS	2262	2185	97554	134248	937.37	1302.41
M. MENINGOCÓCCICA.	-	-	2	5	0.04	0.09
MENINGOCOCCEMIA	-	-	-	-	-	._**
TÉTANOS	-	-	-	-	-	._**
MENINGITIS VIRAL	10	40	552	836	5.55	8.49
MENINGITIS BACTERIANA	2	5	96	182	0.95	1.81
VARICELA	108	122	3524	7345	35.03	73.71
SARAMPIÓN	-	-	-	-	-	._**
RUBÉOLA	-	-	-	-	-	._**
HEPATITIS VIRAL	18	23	1241	1635	11.64	15.48
PAROTIDITIS	-	-	-	-	-	._**
PALUDISMO IMPORTADO	-	2	9	14	0.08	0.13
LEPTOSPIROSIS	-	8	15	79	0.13	0.71
SÍFILIS	109	197	3398	6764	33.93	68.18
BLENORRAGIA	34	36	1645	1709	15.81	16.59
INFECC. RESP. AGUDAS	65702	45381	2653088	2810469	25565.23	27343.26

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>