



BOLETÍN EPIDEMIOLÓGICO SEMANAL

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.....129
Variantes de interés y variantes bajo monitoreo del SARS-COV-2. Propagación geográfica y la prevalencia de xbb.1.16 aumenta (1).....130
Mycoplasma pneumoniae más allá de la pandemia de COVID-19.....133
La tuberculosis intensifica la respuesta de los anticuerpos del VIH en las personas seropositivas..134
Tablas:.....135

ACTUALIZACIÓN SEMANAL DE LA COVID-19 EN CUBA.

Al cierre del día de ayer, 14 de mayo, se encuentran ingresados un total de 228 pacientes, sospechosos 136 y confirmados activos 92. En el día en Cuba para la COVID-19 se realizaron un total de 350 muestras para la vigilancia, resultando positivas 11.

El país acumula 14 millones 354 mil 746 de muestras realizadas y 1 millón 113 mil 653 positivas. Del total de casos (11), no se reportan casos asintomáticos en el día, acumulándose un total de 147 mil 726 que representa el (13,3%) de los confirmados hasta la fecha.

De 1 millón 113 mil 653 pacientes diagnosticados con la enfermedad, se mantienen ingresados 92 activos, de ellos con evolución clínica estable 90.

Se acumulan 8 mil 530 fallecidos, letalidad de 0,77% vs 1,0% en el mundo y 1,53% en las Américas; dos evacuados, 57 retornados a sus países, en el día hubo 26 altas, se acumulan 1 millón 104 mil 972.

Se reportan 2 pacientes críticos confirmados en las Unidades de Cuidados Intensivos del país.



VARIANTES DE INTERÉS Y VARIANTES BAJO MONITOREO DEL SARS-COV-2 PROPAGACIÓN GEOGRÁFICA Y LA PREVALENCIA DE XBB.1.16 AUMENTA (1).

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

A nivel mundial, del 10 de abril al 7 de mayo de 2023 (28 días), se compartieron 27 992 secuencias de SARS-CoV-2 a través de GISAID.

La OMS monitorea actualmente: dos variantes de interés (VOI): XBB.1.5 y XBB.1.16, y seis variantes bajo vigilancia (VUM), con sus linajes descendientes BA.2.75, CH.1.1, BQ.1, XBB, XBB.1.9.1, y XBB.1.9.2.

La variante XBF se ha eliminado de la lista de VUM por su prevalencia decreciente (<1%) observada en las regiones de la OMS.

Se ha producido **un aumento en el número de países que notifican VUM**, entre el 20 de marzo y el 16 de abril de 2023.

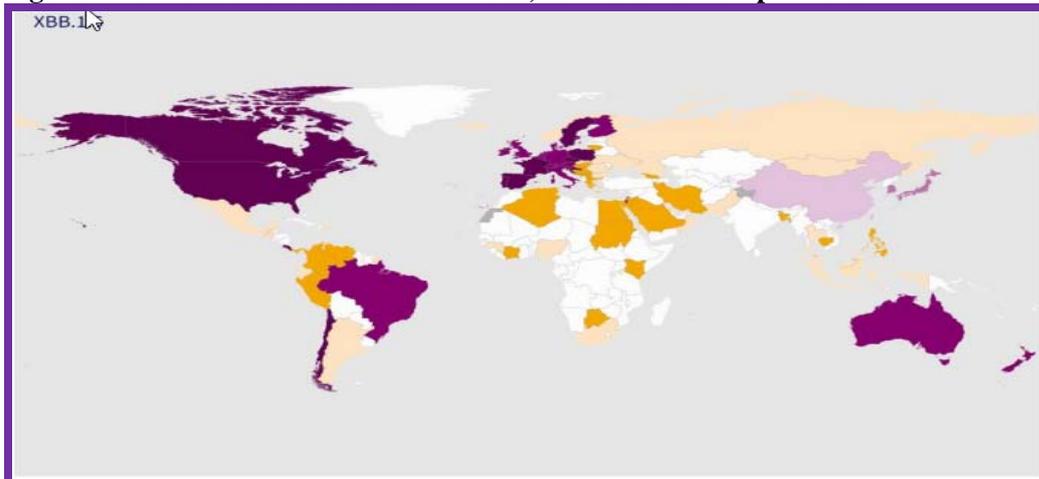
XBB.1.5

✓ 64 países notificaron secuencias XBB.1.5, lo que arroja un total acumulado de 109 países (**Figura 4A**, Tabla 2).

✓ Aunque XBB.1.5 sigue siendo dominante en todo el mundo, su prevalencia ha disminuido.

✓ En la semana 16 (del 17 al 23 de abril de 2023), XBB.1.5 representaba el 47,5% de las secuencias, frente al 52,4% de la semana 12 (del 20 al 26 de marzo de 2023).

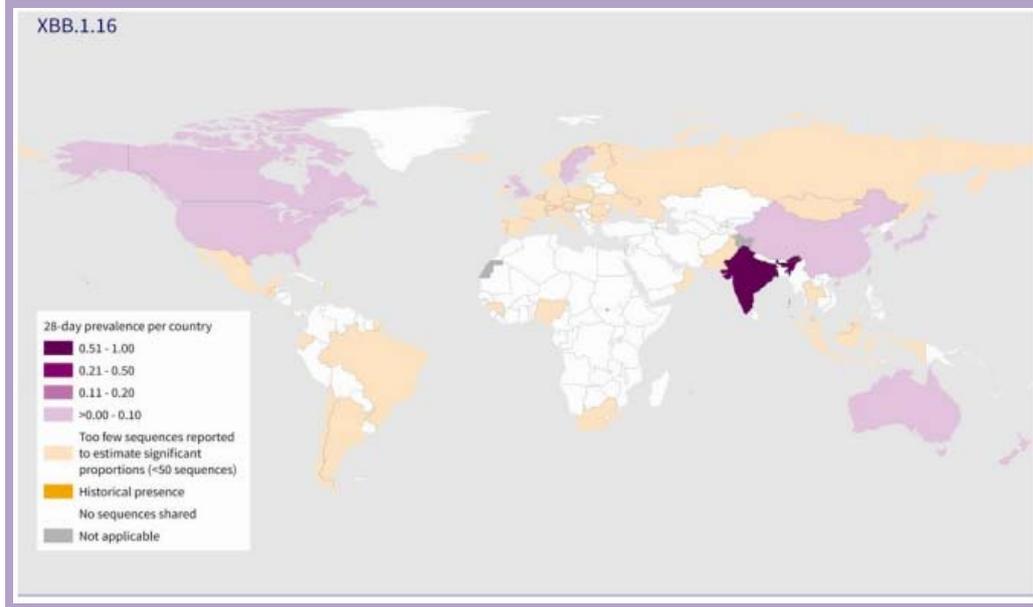
Figura 4 A. Prevalencia Global de XBB.1.5, 20 March to 16 April 2023*+



✓ 34 países notificaron secuencias XBB.1.16, con lo que el total acumulado fue de 46 países

(Figura 4B, Tabla 2). A nivel mundial, ya representando el 8,6% de las secuencias en la semana 16, frente al 4,0% en la semana 12.

Figura 4 B. Prevalencia Global de XBB.1.16, 20 March to 16 April 2023*+



The designations employed and the presentation of the material in this publication do not imply the expression of any opinion whatsoever on the part of WHO concerning the legal status of any country, territory, city or area or of its authorities, or concerning the delimitation of its frontiers or boundaries. Dotted and dashed lines on maps represent approximate border lines for which there may not yet be full agreement.

La Tabla 2 muestra el número de países que notificaron VOIs y VUMs, y su prevalencia de la semana 12 a la 16.

Entre las VUM, **XBB**, **XBB.1.9.1** y **XBB.1.9.2** han mostrado tendencias al alza. Por el contrario, otras VUM muestran tendencias decrecientes durante el mismo periodo. Las VOI y VUM con tendencias al

alza aparecen resaltados en naranja y las decrecientes en verde.

Las tendencias actuales de las variantes del SRAS-CoV-2 difieren entre las regiones y los países de la OMS y dentro de ellos.

Contribuyen a esta dinámica la heterogeneidad en la inmunidad de la población – por la vacunación y por la infección previa.

Tabla 2 Número de países que notificaron VOIs y VUMs, y su prevalencia de la semana 12 a la 16.

Lineage	Countries	Sequences	2023-12	2023-13	2023-14	2023-15	2023-16
XBB.1.5* (VOI)	109	203 469	52.38	51.66	50.46	48.98	47.54
XBB.1.16* (VOI)	46	7153	4.01	4.98	6.64	7.73	8.58
BA.2.75*	121	109 754	3.70	3.39	3.46	3.15	1.51
CH.1.1*	91	44 419	4.88	4.92	3.89	3.92	3.57
BQ.1*	147	406 465	5.83	4.28	3.72	2.74	1.75
XBB*	124	61 726	4.92	5.59	5.94	7.14	8.20
XBB.1.9.1*	78	19 946	8.03	9.82	10.40	12.34	12.40
XBB.1.9.2*	53	4877	1.94	2.68	2.72	3.03	3.82
Unassigned	103	149 082	4.25	2.49	2.53	1.79	2.75
Other*	207	6 704 771	4.39	5.67	6.25	6.76	8.47

* Includes descendant lineages, except those individually specified elsewhere in the table. For example, XBB* does not include XBB.1.5, XBB.1.9.1, XBB.1.9.2 and XBB.1.16.

* Others are other circulating lineages excluding the VOI, VUMs, BA.1*, BA.2*, BA.3*, BA.4*, BA.5*.

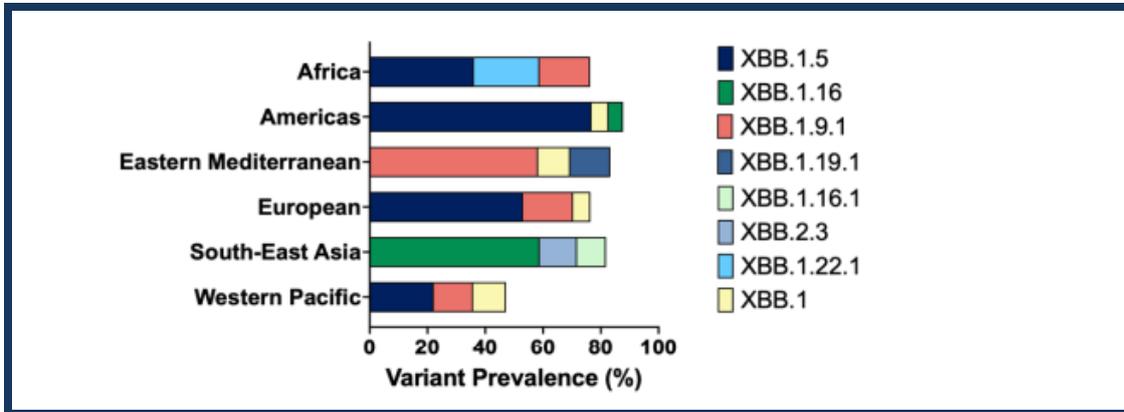
Las VOI, XBB.1.5 dominantes en cuatro regiones OMS y XBB.1.16, en una.

La XBB.1.5 es dominante en África, Europa y el Pacífico Occidental.

XBB.1.16 es dominante en la región del Sudeste Asiático.

La VUM XBB.1.9.1 es dominante en la Región del Mediterráneo Oriental (Figura 5).

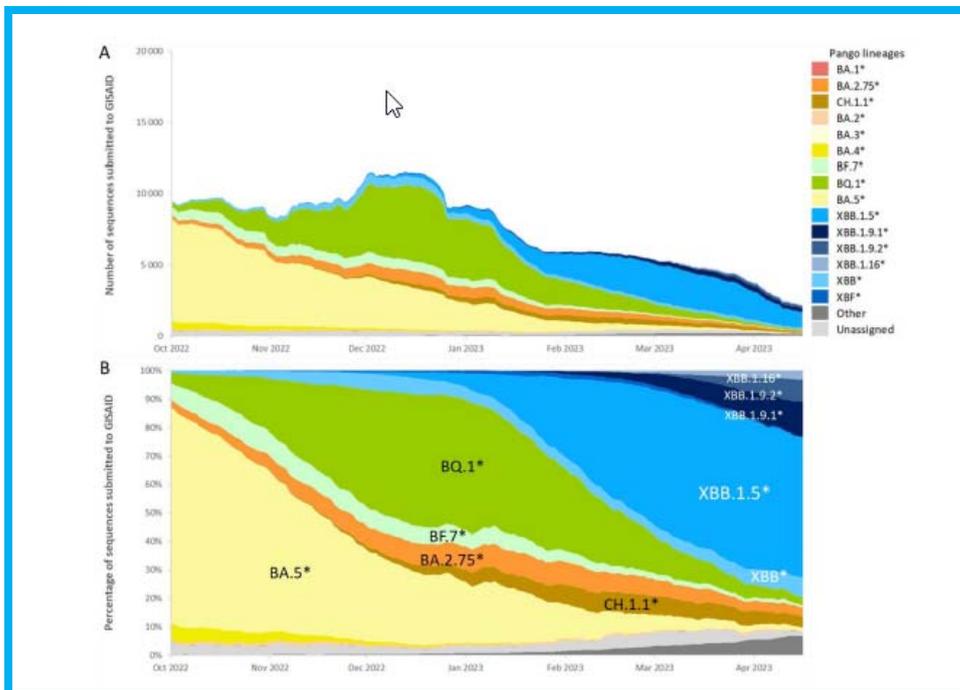
Figure 5. Top three SARS-CoV-2 variants (including non-VOIs/VUMs) by WHO region, week 12 to week 16 of 2023



La tendencia global del número y porcentaje de secuencias de SARS-CoV-2 se muestra en la **Figura 6**. Con las tendencias de pruebas y secuenciación en todo el mundo, el impacto

de las variantes emergentes de SARS-CoV-2 en la gravedad de la enfermedad sigue sin estar claro.

Figure 6. The number and percentage of SARS-CoV-2 sequences, from 1 October 2022 to 16 April 2023



Datos de muestras colectadas

Figure 6. Panel A shows the number, and **Panel B** the percentage, of all circulating variants since October 2022. Omicron sister-lineages and additional Omicron VOC descendent lineages under further monitoring are shown. BA.1*, BA.2*, BA.3*, BA.4* and BA.5* (* indicates inclusion of descendent lineages) include all BA.1, BA.2, BA.3, BA.4 and BA.5 pooled descendent lineages, except currently circulating variants shown individually. The *Unassigned* category includes lineages pending for a PANGO lineage name, whereas the *Other* category includes lineages that are assigned but not listed in the legend. Source: SARS- CoV-2 sequence data and metadata from GISAID, from 1 October 2022 to 16 April 2023.

Aunque actualmente no hay informes de laboratorio o de país que indiquen una asociación entre los VOI/VUM y el aumento de la gravedad de la enfermedad, los niveles bajos y poco representativos de vigilancia genómica del SRAS-CoV-2 siguen planteando problemas para evaluar decuadamente la gravedad de la enfermedad.

Referencias

1. COVID-19 Weekly Epidemiological Update Edition 142 published 11 May 2023.
2. Actualización elaborada por: Dra. Suset Oropesa. CIDR, Departamento de Virología. Instituto Pedro Kourí (2).

MYCOPLASMA PNEUMONIAE MÁS ALLÁ DE LA PANDEMIA DE COVID-19.

Autores: Nadia Rodríguez¹, Yenys Ramírez¹, María Fernanda Barzaga¹, ESGMAC².

¹Centro de Investigación Diagnóstico y Referencia. Departamento de Bacteriología/Micología. Instituto de Medicina Tropical “Pedro Kourí”.

²Grupo de Estudio de la Sociedad Europea de Microbiología Clínica y Enfermedades Infecciones para Micoplasma y Clamidia.

Mycoplasma pneumoniae es una bacteria causante de infecciones del tracto respiratorio. Desde el año 2020, se estableció una red global colaborativa en nombre del Grupo de Estudio de la Sociedad Europea de Microbiología Clínica y Enfermedades Infecciones para Micoplasma y Clamidia (ESGMAC, por sus siglas en inglés), para evaluar el efecto de las intervenciones no farmacéuticas (INF) contra la Covid-19 en la transmisión de *M. pneumoniae*.

Los datos colectados a través de esta red mostraron una reducción significativa de la incidencia de *M. pneumoniae* a través de métodos de análisis directo en el primer año (1.69%; Abril 1, 2020–Marzo 31, 2021) y el segundo año (0.70%; Abril 1, 2021–Marzo 31, 2022) después de la implementación de las INF, comparada con años anteriores (8.61%; Abril 1, 2017–Marzo 31, 2020). Se utilizó esta red para monitorear prospectivamente *M. pneumoniae* en el tercer año (a partir de Abril 1, 2022) para alertar sobre su resurgimiento. Datos provenientes de 45 sitios de 23 países en Europa, Asia, América y Oceanía fueron recibidos desde el 1ro de Abril de 2022 hasta el 28 de Febrero de 2023. La incidencia promedio por PCR durante este período de 11 meses fue 0,83% (DS 2.68). En general, *M. pneumoniae* fue detectado en 130

de 136 999 análisis (0.09%). La distribución global fue la siguiente: se reportaron desde Europa (n=87/130, 66.92%) y Asia (n=41/130, 31.54%), pero no Oceanía y América (excepto Cuba, n=2/130, 1.54%).

Detecciones representativas de diversos patógenos respiratorios y gastrointestinales, tanto virales como bacterianos, fueron presentados desde Zurich, Suiza, para resaltar la completa ausencia de *M. pneumoniae* en contraste con el resurgimiento de otros patógenos.

Estos datos muestran una ausencia mantenida de *M. pneumoniae* a nivel global. Esta supresión sostenida después de períodos prolongados en los cuales las INF fueron relajadas o interrumpidas, mientras otros patógenos resurgieron como un indicador de transmisión comunitaria, es llamativo. No conocemos cuando *M. pneumoniae* reaparecerá, sin embargo, cuando lo haga, una ola excepcionalmente larga de infecciones pudiera ocurrir como resultado de una exposición reducida, que pudiera resultar en un incremento en enfermedades severas raras, manifestaciones extrapulmonares, o ambas. La vigilancia continua por el grupo de estudio ayudará a alertar sobre el resurgimiento de *M. pneumoniae*.

LA TUBERCULOSIS INTENSIFICA LA RESPUESTA DE LOS ANTICUERPOS DEL VIH EN LAS PERSONAS SEROPositIVAS.

Una nueva investigación del Centro Médico de Boston ha descubierto que las **personas seropositivas** que han padecido **tuberculosis pulmonar** presentan respuestas de anticuerpos del VIH **más amplias y potentes**, así como diferencias en las secuencias del VIH que se prevé que sean resistentes a los anticuerpos, en comparación con las que no padecen tuberculosis presunta o documentada. Publicado en *iScience*, el estudio sugiere que la enfermedad tuberculosa concomitante tiene un impacto significativo en las respuestas inmunitarias al VIH y en los virus que circulan en las personas seropositivas.

La tuberculosis infecta a más de 2.000 millones de personas en el mundo y, aunque es la coinfección más frecuente en las personas que viven con el VIH, estudios anteriores no habían examinado cómo afecta la tuberculosis a las respuestas inmunitarias al VIH y a las características de los virus.

Este estudio sugiere que **la tuberculosis puede influir en la eficacia de las estrategias preventivas** y terapéuticas basadas en anticuerpos. Las vacunas para provocar anticuerpos y los anticuerpos también se están investigando como medio para tratar y curar el VIH. La mayor prevalencia de cepas resistentes a los anticuerpos junto con la enfermedad tuberculosa implica que estas intervenciones basadas en anticuerpos tienen más probabilidades de fracasar en estas personas.

«La tuberculosis es muy frecuente, sobre todo en regiones del mundo con altos niveles de transmisión del VIH, e influye tanto en las respuestas inmunitarias como en las características del virus circulante en las personas seropositivas, por lo que es imprescindible comprender la relación entre ambas», afirma el Dr. Manish Sagar, internista del Centro Médico de Boston y catedrático de Medicina de la Facultad de

Medicina Chobanian & Avedisian de la Universidad de Boston. «Estos estudios tienen implicaciones para las vacunas contra el VIH y la terapéutica del VIH basada en anticuerpos».

Los investigadores colaboraron estrechamente con investigadores de Uganda y del AIDS Clinical Trial Group (ACTG) para recoger muestras de personas recién diagnosticadas de VIH que tenían o no tuberculosis. De estas personas, examinaron muestras recogidas antes y unos 6 meses después del inicio de la medicación contra el VIH.

Los investigadores compararon los anticuerpos, los marcadores inflamatorios plasmáticos y las secuencias del VIH en las muestras iniciales y en las de tratamiento.

La enfermedad tuberculosa se asocia a una mayor prevalencia del VIH resistente a algunos anticuerpos.

La elevada transmisión actual del VIH en zonas del mundo con enfermedad tuberculosa frecuente sugiere que una posible vacuna que provoque anticuerpos amplios y potentes podría no funcionar porque estas regiones geográficas tienen más probabilidades de tener cepas resistentes a los anticuerpos.

Los investigadores destacan que este estudio tiene implicaciones para las estrategias de vacunación contra el VIH, ya que su objetivo es generar anticuerpos capaces de bloquear el virus tras la exposición. Generar anticuerpos contra el VIH amplios y potentes no se ha conseguido y sigue siendo un reto monumental.

Pero la tuberculosis genera respuestas de anticuerpos ampliamente potentes y la disección de las vías biológicas que permiten comprender cómo la tuberculosis potencia las respuestas de anticuerpos contra el VIH podría aprovecharse para desarrollar estrategias novedosas de obtención de anticuerpos contra el VIH amplios y potentes.

Enfermedades de Declaración Obligatoria: Meningitis bacteriana
Número de casos en la semana y acumulados hasta: 29/04/23

PROVINCIAS	CASOS DE LA SEMANA		CASOS ACUMULADOS		TASAS ACUMULADAS	
	2022	2023	2022	2023	2022	2023 *
PINAR DEL RIO	-	-	-	7	1.54	1.54**
ARTEMISA	-	-	1	1	0.78	0.78
MAYABEQUE	-	-	-	2	0.52	0.52**
LA HABANA	-	-	13	8	2.15	1.33
MATANZAS	-	-	13	8	2.15	1.33
VILLA CLARA	-	-	1	14	0.90	12.85
CIENFUEGOS	1	2	7	9	3.21	4.17
S. SPIRITUS	-	-	1	4	1.51	6.09
CIEGO DE AVILA	-	-	-	-	-	-.**
CAMAGÜEY	-	-	-	-	0.26	0.26**
LAS TUNAS	-	-	4	3	2.44	1.84
HOLGUIN	-	-	2	4	0.78	1.59
GRANMA	-	-	3	4	1.83	2.48
SANTIAGO DE CUBA	1	2	8	24	3.92	11.84
GUANTANAMO	1	-	8	9	5.54	6.29
ISLA DE LA JUVENTUD	-	-	-	-	2.40	2.40**
CUBA	3	5	48	96	1.80	3.63

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: 26/04/23

TIPOS DE BROTES	SEMANAS		BROTOS ACUMULADOS		TASA ACUMULADA	
	2022	2023	2022	2023	2022	2023
Alimentos	1	1	21	26	0.19	0.23
Ciguatera *	-	-	3	4	0.03	0.04
Hepatitis viral **	-	-	1	3	0.01	0.03
EDA	-	1	-	1	-	0.01
IRA	1	1	7	15	0.06	0.14
Agua	-	-	-	-	-	-
Varicela	-	-	5	34	0.04	0.31

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: 29/04/23

ENFERMEDADES	EN LA SEMANA		ACUMULADOS		TASAS	
	2022	2023	2022	2023	2022	2023*
FIEBRE TIFOIDEA	-	-	-	-	0.01	0.01**
SHIGELLOSIS	1	3	24	16	0.69	0.46
D. AMEBIANA AGUDA	5	-	6	2	0.13	0.05
TUBERCULOSIS	13	14	219	236	5.45	5.93
LEPRA	7	5	46	52	1.22	1.39
TOSFERINA	-	-	-	-	-	._**
ENF. DIARREICAS AGUDAS	2615	2014	38351	27164	1256.47	898.55
M. MENINGOCÓCCICA.	-	-	-	-	0.04	0.04**
MENINGOCOCCEMIA	-	-	-	-	-	._**
TÉTANOS	-	-	-	-	-	._**
MENINGITIS VIRAL	18	31	251	525	8.73	18.43
MENINGITIS BACTERIANA	3	5	48	95	1.80	3.59
VARICELA	280	393	3288	6831	69.69	146.19
SARAMPIÓN	-	-	-	-	-	._**
RUBÉOLA	-	-	-	-	-	._**
HEPATITIS VIRAL	15	13	323	338	15.16	16.02
PAROTIDITIS	-	-	-	-	-	._**
PALUDISMO IMPORTADO	-	-	3	1	0.12	0.04
LEPTOSPIROSIS	-	1	3	20	0.89	6.02
SÍFILIS	172	237	2078	3417	66.14	109.80
BLENORRAGIA	53	31	638	522	16.44	13.58
INFECC. RESP. AGUDAS	48522	68720	1205488	994078	26867.25	22369.39

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>