



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.....249
Análisis geoespacial de enfermedades transmisibles en cuba: contribuciones a los programas de control.....250
Tres variantes del SRAS-COV-2 de interés y siete variantes bajo vigilancia. Propagación geográfica y prevalencia (1).....252
Tablas:.....256

ACTUALIZACIÓN SEMANAL DE LA COVID-19 EN CUBA.

Al cierre del día de ayer, 27 de agosto, se encuentran ingresados 18 pacientes, sospechosos 13 y confirmados activos 5. En el día en Cuba para la COVID-19 se realizaron un total de 103 muestras para la vigilancia, resultando positivas 0. El país acumula 14 millones 385 mil 452 de muestras realizadas y 1 millón 115 mil 112 positivas. Del 1 millón 115 mil 112 pacientes diagnosticados con la enfermedad, se

mantienen ingresados 5 activos, de ellos 4 con evolución clínica estable. Se acumulan 8 mil 530 fallecidos, letalidad de 0,76% vs 1,0% en el mundo y 1,53% en las Américas; dos evacuados, 57 retornados a sus países, en el día 2 altas, se acumulan 1 millón 106 mil 518. No se reportan pacientes nuevos graves ni críticos en las Unidades de Cuidados Intensivos del país.



ANÁLISIS GEOESPACIAL DE ENFERMEDADES TRANSMISIBLES EN CUBA: CONTRIBUCIONES A LOS PROGRAMAS DE CONTROL.

Autores:

Lic. Dayana Rodríguez Velázquez¹, M.Sc. Angel Miguel Germán Almeida², Luisa Basilia Íñiguez Roja³, DrC María Eugenia Toledo Romani¹ ; Dr.C Edilberto González Ochoa¹; Dr. Waldemar Baldoquín Rodríguez¹; DrC Dennis Pérez Chacón¹; MSc Rita María Ferrán Torres¹; Dr. Lorenzo Somarriba López⁴ Lic. Rosa María Castillo Quesada⁴; Sonia Monteagudo Díaz⁵

Instituciones participantes:

1. Centro de Investigaciones, Diagnóstico y Referencia. IPK.
2. Centro de Estudios Demográficos(CEDEM)
3. Facultad Latinoamericana de Ciencias Sociales(FLACSO)
4. Ministerio de Salud Pública MINSAP.
5. Dirección Provincial de Salud de Cienfuegos

Resumen:

Introducción: El estudio de la dispersión, comportamiento y variabilidad de las enfermedades transmisibles en el espacio, ha sido un tema abordado desde siglos pasados, cuando el científico John Snow, conocido como el padre de la epidemiología moderna utilizó técnicas cartográficas para representar los casos de un brote de cólera en un territorio de Inglaterra, demostrando así el nexo entre los mismos. La evolución trae consigo no solo el desarrollo de nuevas técnicas de procesamiento y análisis de la información, sino también la emergencia y reemergencia de enfermedades transmisibles que obligan a disponer de herramientas para obtener nuevos y mejores resultados del análisis geoespacial. **Métodos:** Estudio descriptivo de corte transversal soportado en la investigación realizada sobre tres enfermedades; dengue, tuberculosis y COVID-19, en varios territorios del país durante el horizonte temporal 2017-2022.

Resultados: Se construyó la distribución espacial de las epidemias de dengue en la provincia de Santiago de Cuba; en los estudios sobre tuberculosis se logró categorizar las áreas a partir de estratos de incidencia teniendo en cuenta las metas progresivas hacia la eliminación de la enfermedad; mientras que durante la epidemia de COVID-19, los resultados obtenidos del análisis espacial sirvieron como guía para redireccionar acciones encaminadas a controlar la epidemia.

Conclusiones: Los resultados obtenidos de los análisis geoespaciales son de vital importancia para comprender el comportamiento de las enfermedades seleccionadas y su variabilidad según factores asociados.

Palabras claves: Análisis espacial; estratificación; incidencia; variabilidad.

Introducción:

Los análisis espaciales no solo tienen una larga tradición de uso para el reconocimiento de la epidemiología como disciplina (recordar el clásico aporte de los originales mapas de John Snow), sino también para el trabajo epidemiológico posterior, su utilización en campañas de control de endemias, o como rutina del trabajo de campo epidemiológico. Uno de los propósitos por lo que son empleados es la demostración; o sea para presentar los resultados obtenidos en las investigaciones, pero, su utilidad principal es como medio, como recurso analítico que convierte los datos en información espacial y los análisis de la geografía en las enfermedades, las muertes, o el sistema de atención a la salud^(1,2).

El escenario epidemiológico actual, donde se introducen nuevas arbovirosis, presupone una demanda de actualización e inclusión de nuevas herramientas de análisis para identificar áreas de mayor riesgo epidemiológico dentro de un territorio. Las herramientas que permiten la identificación de estratos de riesgo territorial son los Sistemas de Información Geográfica (SIG), basadas en análisis geoespaciales⁽³⁾. Desde su creación en 1976, los Sistemas de Información Geográfica han revolucionado el papel de las ciencias geográficas y se erigen como una nueva generación de los sistemas de información automatizados que ofrecen un manejo y representación de los fenómenos en el espacio.

Esta herramienta no solo posibilita la aplicación técnica, sino que tienen un importante componente teórico-metodológico que permite observar la realidad del fenómeno de una manera específica. En este sentido, se ha demostrado la multidisciplinariedad de la herramienta⁽⁴⁾. Por lo planteado nos planteamos como objetivo principal demostrar la importancia de los análisis geoespaciales como parte de las herramientas para el enfrentamiento a enfermedades emergentes y reemergentes.

Métodos: Se realizó un estudio descriptivo de corte transversal, que incluyó los resultados del comportamiento de tres enfermedades: dengue, tuberculosis y COVI-19, durante el horizonte temporal 2017-2022. Las investigaciones fueron aplicadas en varios territorios del país a diferentes unidades de análisis espacial: provincias, municipios, consejos populares y áreas de salud. Se implementaron las herramientas de análisis geoespacial, mediante las cuales se establecieron diferentes rangos de análisis en función de los datos disponibles y los resultados que se pretendían obtener.

Resultados:

La base científica del resultado está soportada en el estudio de tres enfermedades, en el caso que nos ocupa, enfermedades infecciosas. En los estudios realizados para dengue, se soporta en el análisis de la distribución espacio temporal de la epidemia de dengue en el municipio Santiago de Cuba usando una data de cinco años, donde se determinó la distribución de la enfermedad, que contribuyó a los estudios de temporalidad para posteriores análisis estadísticos, permitiendo así describir la dispersión de la epidemia en el espacio⁽⁵⁾.

Las investigaciones vinculadas al estudio de la tuberculosis, permitió no solo la representación espacial de estratos, según las tasas de incidencia acumulada para categorizar las áreas a partir de las metas progresivas hacia la eliminación de la tuberculosis establecidas a nivel mundial⁽⁶⁾, sino también permitió correlacionar datos de incidencia con variables sociodemográficas como: estructura territorial,

densidad de población e índice de calidad de vida, para identificar determinantes de la transmisión. La superposición de las variables de los casos confirmados de tuberculosis con población viviendo con VIH/SIDA y la población reclusa, arrojó resultados de alta relevancia para comprender la dispersión de la enfermedad⁽⁷⁾.

Durante la epidemia de COVID-19, el papel jugado por las herramientas de análisis geoespaciales, fue imprescindible en la utilización de los datos de rutina de la vigilancia epidemiológica para realizar análisis utilizados en la confección de informes para la toma de decisiones en tiempo real⁽⁸⁾, donde se establecieron superposiciones de patrones de difusión de enfermedades y se llevó a cabo la geolocalización de casos y brotes de la enfermedad⁽⁹⁾.

Discusión:

Los resultados brindados por las herramientas de análisis geoespacial, son de una elevada importancia y utilidad para la vigilancia, y las investigaciones, sobre todo de corte epidemiológico; así como para la identificación de patrones en la distribución de factores de riesgo para problemas de salud en cualquier población. Estos análisis facilitan la planificación y desarrollo de intervenciones contextualizadas y consecuentemente más oportunas y eficaces.

Por esta razón, se precisa el desarrollo de nuevas investigaciones con un abordaje más geoespacial con el uso de las herramientas presentadas, donde se permita profundizar en las implicaciones del desarrollo histórico, el uso del suelo y otras variables que puedan influir en la distribución de las enfermedades en los territorios.

Conclusiones:

Esta investigación logró ofrecer mayor visibilidad a las ventajas del uso de las herramientas de análisis geoespacial, así como la implementación y el abordaje de sus resultados en las investigaciones de salud y en las estrategias trazadas por los programas de control.

Referencias bibliográficas

1. García Pérez C, Alfonso Aguilar P. Estratificación epidemiológica de riesgo. Revista Archivo Médico de Camagüey. 2013;17(6):121-8.
2. Martínez S. Análisis de situación de salud. Una mirada previa. tercera ed. Epidemiología Hy, editor2020.
3. Loyola E, Castillo-Salgado C, Nájera-Aguilar P, Vidaurre M, Mujica OJ, Martínez-Piedra R. Los sistemas de información geográfica como herramienta para monitorear las desigualdades de salud. Revista Panamericana de Salud Pública. 2002;12:415-28.
4. Arias J. El dengue en Cuba. SciELO Public Health; 2002. p. 221-2.
5. Vanlerberghe V, Gómez-Dantés H, Vazquez-Prokopec G, Alexander N, Manrique-Saide P, Coelho G, et al. Changing paradigms in Aedes control: considering the spatial heterogeneity of dengue transmission. Revista Panamericana de Salud Pública. 2018;41:e16.
6. Almeida AMG, Velázquez DR, Torres RMF, Ochoa EG. Estratificación espacial de la tuberculosis en menores de 15 años de edad en las provincias occidentales de Cuba, 2011-2015. Revista Cubana de Salud Pública. 2022;48(1).
7. Rodríguez Velázquez D, Germán Almeida AM, Pérez Chacón D, Ferrán Torres RM, González Ochoa E. Factores asociados a la distribución espacial de la tuberculosis en La Habana, 2015. Revista Cubana de Salud Pública. 2022;48(2).
8. García FAD. COVID-19 en Cuba. Infodir (Revista de Información para la Dirección en Salud). 2020;16(33):1-3.
9. Pérez Rodríguez N, Remond Noa R, Torres Reyes A, Veranes Miranda A, Fernández Lorenzo JM, Oviedo Álvarez V, et al. Distribución de la población vulnerable a la enfermedad COVID-19 en La Habana, Cuba. Revista Cubana de Higiene y Epidemiología. 2020;57.

TRES VARIANTES DEL SRAS-COV-2 DE INTERÉS Y SIETE VARIANTES BAJO VIGILANCIA. PROPAGACIÓN GEOGRÁFICA Y PREVALENCIA (1).

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

A nivel mundial, del 24 de julio al 20 de agosto de 2023 (28 días), se compartieron 11 310 secuencias de SARS-CoV-2 a través de GISAID. Esto supone un descenso en comparación con las 34 064 secuencias de SARS-CoV-2 compartidas en el periodo anterior de 28 días (26 de junio a 23 de julio de 2023). La OMS sigue instando a mejorar la vigilancia, la secuenciación y la notificación de las variantes del SRAS-CoV-2, ya que el virus sigue circulando y evolucionando.

La OMS está rastreando actualmente varias variantes del SRAS-CoV-2, entre las que se incluyen:

- Tres variantes de interés (VOI); XBB.1.5, XBB.1.16 y EG.5.
 - Siete variantes en seguimiento (VUM); BA.2.75, BA.2.86, CH.1.1, XBB, XBB.1.9.1, XBB.1.9.2 y XBB.2.3.
- BA.2.86**
- ✓ Se designó como nueva variante bajo supervisión el 17 de agosto de 2023 (designación de Pango linaje).

- ✓ Tiene gran número (>30) de mutaciones del gen spike.
- ✓ Hasta el 23 de agosto de 2023 (17:00 CET), se han notificado nueve secuencias de la variante BA.2.86 procedentes de cinco países (tres de la Región Europea, uno de la Región Africana y uno de la Región de las Américas) que se han cargado en GISAID (Tabla 3).
- ✓ Los nueve casos de BA.2.86 no tienen relación epidemiológica y sólo un caso tenía antecedentes de viaje desde un país de la Región de la OMS, la Región del Pacífico Occidental donde no se notificado.
- ✓ Hasta la fecha, no se ha reportado a la OMS ninguna muerte entre los casos detectados con BA.2.86.
- ✓ Además, dos países (Suiza y Tailandia) han notificado la **detección** de BA.2.86 en **muestras de aguas residuales**.
- ✓ Por el momento se desconoce el impacto potencial de las mutaciones BA.2.86, que están siendo objeto de una cuidadosa evaluación. **XBB.1.16 y EG.5.**

A nivel mundial, son los VOI más prevalentes y se han notificado en 106 y 53 países, respectivamente.

- ✓ En la SE 31 (del 31 de julio al 6 de agosto de 2023), XBB.1.16 y EG.5 representaron el 23,9% y el 23,8% de las secuencias en comparación con el 23,0% y el 21,7% en la semana 27 (del 3 al 9 de julio de 2023), respectivamente (Tabla 3).
- ✓ Un estudio reciente en el que se utilizaron datos de 24 individuos con infección irruptiva por XBB mostró que EG.5 tenía propiedades de escape de neutralización similares a XBB.1.5. iii
<https://www.biorxiv.org/content/10.1101/2023.08.08.552415v1.full>
- ✓ Se puede encontrar información adicional sobre EG.5 en la Evaluación Inicial de Riesgos que se publicó el 9 de agosto de 2023. <https://www.who.int/docs/default->

source/coronaviruse/09082023eg.5_ire_final.pdf?sfvrsn=2aa2daee_3

XBB.1.5

- ✓ Notificada por un total de 123 países en todo el mundo, sigue mostrando una tendencia descendente, representando el 10,0% de las secuencias en la semana 31 en comparación con el 12,6% de las secuencias en la semana 27 (Tabla 3).

Las VOI y las VUM que han mostrado tendencias al alza se resaltan en **naranja**, las que se han mantenido estables se resaltan en **azul**, mientras que las que han mostrado tendencias a la baja se resaltan en **verde**. Durante las últimas cinco semanas, entre las VUMs BA.2.75 y XBB.1.9.1 han mostrado tendencias decrecientes en la prevalencia, mientras que otras VUMs han mostrado tendencias estables durante el mismo periodo de notificación.

Tabla 3 muestra la prevalencia semanal (%) de las VOIs y VUM del SARS-CoV-2, semana 27 a la 31, de 2023

Lineage	Countries [§]	Sequences [§]	2023-27	2023-28	2023-29	2023-30	2023-31
VOIs							
XBB.1.5*	123	267 443	12.6	12.1	12.5	11.2	10.0
XBB.1.16*	106	49 449	22.9	22.6	24.2	23.0	23.9
EG.5*	53	10 009	12.8	15.6	18.4	21.7	23.8
VUMs							
BA.2.75*	125	123 670	2.5	2.4	1.6	1.6	0.8
BA.2.86 [†]	5	9					
CH.1.1*	96	42 969	0.5	0.5	0.6	0.5	0.8
XBB*	130	69 377	7.0	6.6	7.2	6.5	6.9
XBB.1.9.1*	105	56 662	13.6	12.6	11.3	12.4	10.1
XBB.1.9.2*	86	26 760	7.4	6.9	5.7	5.1	5.3
XBB.2.3*	73	9 975	4.6	4.8	5.0	5.3	4.8
Unassigned	94	152 328	4.5	3.6	2.4	1.0	-
Other [‡]	209	6 770 161	11.0	11.5	10.8	11.3	13.2

[§] Number of countries and sequences are since the emergence of the variants
^{*} Includes descendant lineages, except those individually specified elsewhere in the table. For example, XBB* does not include XBB.1.5, XBB.1.16, EG.5, XBB.1.9.1, XBB.1.9.2, and XBB.2.3
[†] "Other" represents other circulating lineages excluding the VOI, VUMs, BA.1*, BA.2*, BA.3*, BA.4*, BA.5*. Due to delays in or retrospective assignment of variants, caution should be taken when interpreting the prevalence of the "Other" category.
[‡] Prevalence for BA.2.86 cannot be calculated due to the very small numbers of sequences.

Referencias:

1. COVID-19 Weekly Epidemiological Update Edition 157 published 25 August 2023

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

3. iii (Antiviral efficacy of the SARS-CoV-2 XBB breakthrough infection sera against Omicron subvariants including EG.5: <https://www.biorxiv.org/content/10.1101/2023.08.08.552415v1.full>)

ANEXO**EG.5 Evaluación inicial de riesgos.**

COVID-19 Weekly Epidemiological Update Edition 155 published 10 August 2023 <http://www.who-int/docs/default-source/coronaviruses>

La variante EG.5 es un linaje descendiente de XBB.1.9.2, que tiene el mismo perfil de aminoácidos en espiga que XBB.1.5. EG.5, fue notificada por primera vez el 17 de febrero de 2023, y designada como variante bajo vigilancia (VUM) el 19 de julio de 2023. Con esta evaluación de riesgo, estamos designando EG.5 y sus sub-linajes como una variante de interés (VOI).

EG.5 porta una mutación adicional del aminoácido F456L en la proteína de la espiga en comparación con la subvariante XBB.1.9.2 y XBB.1.5. Dentro del linaje EG.5, la subvariante EG.5.1 tiene una mutación adicional Q52H en la espiga y representa el 88% de las secuencias disponibles para EG.5 y sus linajes descendientes.

A fecha de 7 de agosto de 2023, se han enviado a GISAID 7354 secuencias de EG.5 procedentes de 51 países. La mayor parte de las secuencias de EG.5 proceden de China (30,6%, 2247 secuencias). Los otros países con al menos 100 secuencias son los Estados Unidos de América (18,4%, 1356 secuencias), la República de Corea (14,1%, 1040 secuencias), Japón (11,1%, 814 secuencias), Canadá (5,3%, 392 secuencias), Australia (2,1%, 158 secuencias), Singapur (2,1%, 154 secuencias), Reino Unido (2,0%, 150 secuencias), Francia (1,6%, 119 secuencias), Portugal (1,6%, 115 secuencias) y España (1,5%, 107 secuencias).

A nivel mundial, se ha registrado un incremento constante de la proporción de EG.5 notificados. Durante la semana epidemiológica 29 (del 17 al 23 de julio de 2023), la prevalencia mundial de EG.5 fue del 17,4%. Se trata de un aumento notable con respecto a los datos notificados cuatro semanas anteriores (semana 25, del 19 al 25 de junio de 2023), cuando la prevalencia global de EG.5 fue del 7,6%.

Sobre la base de las pruebas disponibles, el riesgo para la salud pública planteado por EG.5 se evalúa como bajo a nivel mundial, en consonancia con el riesgo asociado con XBB.1.16 y los otros VOI que circulan actualmente (véase el cuadro de evaluación del riesgo más abajo). Aunque EG.5 ha mostrado una mayor prevalencia, en la ventaja de crecimiento y propiedades de escape inmunológico, no se han registrado cambios en la gravedad de la enfermedad hasta la fecha.

Mientras que los aumentos concurrentes en la proporción de EG.5 y de hospitalizaciones por COVID-19 (menor que en oleadas anteriores) se han observado en países como Japón y la República de Corea, no se han establecido asociaciones entre estas hospitalizaciones y la EG.5. Sin embargo, debido a su ventaja de crecimiento y a sus características de escape inmunitario, EG.5 puede causar un aumento de la incidencia de casos y convertirse en dominante en algunos países o incluso a nivel mundial.

La OMS y su Grupo Asesor Técnico sobre la Evolución del SRAS-CoV-2 (TAG-VE) siguen recomendando que los Estados Miembros prioricen acciones específicas para abordar mejor las incertidumbres relativas a la fuga de anticuerpos y la gravedad del EG.5.

Los plazos sugeridos son estimaciones y variarán de un país a otro en función de las capacidades nacionales:

Comparta información sobre la ventaja de crecimiento de EG.5 en su país y/o proporcione secuencia (1-4 semanas).

- Llevar a cabo ensayos de neutralización utilizando sueros humanos representativos de la(s) comunidad(es) afectada(s) y cepas vivas del virus EG.5 (2-4 semanas véase en la tabla siguiente los resultados de los ensayos anteriores).

- Realizar una evaluación comparativa para detectar cambios en los indicadores rodantes o ad hoc de gravedad (4-12) semanas, véase en la tabla siguiente los resultados de los estudios realizados anteriormente).

La OMS y su Grupo de Asesoramiento Técnico sobre la Composición de la Vacuna COVID-19 (TAG-CO-VAC) siguen regularmente el impacto de las variantes en el rendimiento de las vacunas COVID-19 para informar las decisiones sobre las actualizaciones de la composición de la vacuna (2).

La evaluación de riesgos que figura a continuación se basa en las pruebas actualmente disponibles y se revisará periódicamente a medida que se disponga de más pruebas y datos de otros países.

Entre los VOI y VUM que presentan la mutación F456L y para el periodo comprendido entre el 19 de junio y el 23 de julio de 2023, EG.5 es el más notificado con un 49,1%, en comparación con otras VOI y VUM que incluyen XBB.1.16.6 (4,88%), FL.1.5.1 (4,41%)

XBB.1.5.10 (4,06%), XBB.1.5.72 (3,52%), EG.6.1 (3,26%), FD.1.1 (3,07%), EG.5.2 (3,06%), FE.1.1 (2,58%), FL.15 (2,47%), FE.1.2 (2,09%), XBB.1.5.70 (1,91%), GK.1 (1,83%), FE.1.1.1 (1,68%), XBB.1.5.59 (1,31%), XBB.1.5 (1,27%), GN.1 (1,26%), XBB.1.16.9 (1,15%), FL.1.5 (1,08%), y XBB.1.9.1 (1,07%), entre otras con prevalencia inferior al 1%.

Anexo:

*** Ventaja de crecimiento**

Nivel de riesgo: Moderado, ya que la variante es la de más rápido crecimiento en varias regiones de la OMS, así como de rápido rápidamente su prevalencia. Si las tasas de crecimiento estimadas se mantienen, esta variante puede convertirse con el tiempo en la variante dominante en más países e incluso a nivel mundial.

Nivel de Confianza: Alta, ya que la ventaja de crecimiento ha sido estimada por varios grupos de expertos y en varios países y regiones de la OMS.

**** Escape de anticuerpos**

Nivel de riesgo: Moderado, debido a la evasión inmunitaria de los anticuerpos neutralizantes XBB.1.5, la anterior variante dominante a nivel mundial que alcanzó una prevalencia superior al 50%.

Nivel de Confianza: Baja, ya que los resultados de la evasión inmunitaria se basan

en el trabajo de un laboratorio, que utilizó virus pseudotipados. Se necesitarían más estudios de laboratorio para evaluar el riesgo de escape de anticuerpos.

***** Gravedad y consideraciones clínicas**

Nivel de riesgo: Bajo, ya que actualmente no hay informes de gravedad elevada de la enfermedad asociada a esta variante.

Nivel de confianza: Baja. Aunque existe una coordinación regular y un intercambio de datos entre todos los colegas regionales de la OMS, los países y los socios, la notificación de nuevas hospitalizaciones y de las UCI se realiza de forma periódica a la OMS. ha disminuido sustancialmente, por lo que debe actuarse con cautela.

Por lo tanto, se debe tener precaución al interpretar los casos graves debido a esta disminución en la notificación.. Además, se necesitarían estudios adicionales para evaluar más a fondo el impacto de esta variante en los resultados clínicos.

Referencias

1. Ayijiang Yisimayi, Weiliang Song, Jing Wang, Fanchong Jian, Yuanling Yu, Xiaosu Chen, et al. Repeated Omicron infection alleviates SARS-CoV-2 immune imprinting. bioRxiv. 2023 Jan 1;2023.05.01.538516.
2. Technical Advisory Group on COVID-19 Vaccine Composition. WHO [Internet]. Available from: [https://www.who.int/groups/technical-advisory-group-on-covid-19-vaccine-composition-\(tag-co-vac\)](https://www.who.int/groups/technical-advisory-group-on-covid-19-vaccine-composition-(tag-co-vac))
3. Transmission Fitness Polymorphism Scanner. Available from: <https://github.com/mrcide/tfpscanner>
4. UKHSA. SARS-CoV-2 genome sequence prevalence and growth rate update: 2 August 2023 [Internet]. 2023 [cited 2023 Aug 7]. Available from: <https://www.gov.uk/government/publications/sars-cov-2-genome-sequence-prevalence-and-growth-rate/sars-cov-2-genome-sequence-prevalence-and-growth-rate-update-2-august-2023>
5. CDC [Internet]. [cited 2023 Aug 7]. COVID Data Tracker. Available from: <https://covid.cdc.gov/covid-data-tracker/#variant-proportions>

**Cuba, Enfermedades de Declaración Obligatoria (EDO) Seleccionadas.
Número de casos en la semana y acumulados hasta: 12/08/23**

ENFERMEDADES	EN LA SEMANA		ACUMULADOS		TASAS	
	2022	2023	2022	2023	2022	2023*
FIEBRE TIFOIDEA	-	-	1	-	0.01	0.01**
SHIGELLOSIS	2	2	56	38	0.70	0.47
D. AMEBIANA AGUDA	-	-	11	2	0.14	0.02
TUBERCULOSIS	4	10	369	440	5.51	6.59
LEPRA	4	4	82	84	1.23	1.26
TOSFERINA	-	-	-	-	-	-.**
ENF. DIARREICAS AGUDAS	2587	2509	97778	79509	1268.60	1035.21
M. MENINGOCÓCCICA.	-	-	2	3	0.05	0.07
MENINGOCOCCEMIA	-	-	-	-	-	-.**
TÉTANOS	-	-	-	-	-	-.**
MENINGITIS VIRAL	15	37	489	1214	8.81	21.95
MENINGITIS BACTERIANA	2	10	99	181	1.81	3.33
VARICELA	81	41	5935	8937	70.37	106.33
SARAMPIÓN	-	-	-	-	-	-.**
RUBÉOLA	-	-	-	-	-	-.**
HEPATITIS VIRAL	14	30	1034	559	15.31	8.30
PAROTIDITIS	-	-	-	-	-	-.**
PALUDISMO IMPORTADO	-	-	7	3	0.12	0.05
LEPTOSPIROSIS	2	-	24	50	0.90	1.89
SÍFILIS	108	118	4205	5902	66.77	94.05
BLENORRAGIA	30	25	1196	948	16.60	13.20
INFECC. RESP. AGUDAS	40010	39331	2063893	1782799	27126.68	23514.65

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>