



BOLETÍN EPIDEMIOLÓGICO SEMANAL

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:

Variantes del SRAS-COV-2 de interés y variantes bajo vigilancia. Propagación geográfica y prevalencia de la variante JN.1 (1).....	25
Evaluación del riesgo inicial de JN.1, 19 December 2023.....	28
Tablas:.....	32

VARIANTES DEL SRAS-COV-2 DE INTERÉS Y VARIANTES BAJO VIGILANCIA. PROPAGACIÓN GEOGRÁFICA Y PREVALENCIA DE LA VARIANTE JN.1 (1)

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

A nivel mundial, durante el periodo de 28 días comprendido entre el 11 de diciembre de 2023 y el 7 de enero de 2024, 33 659 secuencias de SARS-CoV-2 fueron compartidas a través de GISAID. Actualmente, la OMS está rastreando

varias variantes del SRAS-CoV-2, entre las que se incluyen:

- Cinco variantes de interés (VOI): XBB.1.5, XBB.1.16, EG.5, BA.2.86 y JN.1
- Cinco variantes bajo vigilancia (VUM): DV.7, XBB, XBB.1.9.1, XBB.1.9.2 y XBB.2.3

Tabla 6. Prevalencia del SARS-CoV-2 VOIs y VUMs, semana 48 a 52 de 2024

SE 48 (27 de noviembre a 3 de diciembre de 2023,
SE 52 (25 de diciembre a 31 de diciembre de 2023).

Lineage	Countries ⁵	Sequences ⁵	2023-48	2023-49	2023-50	2023-51	2023-52
VOIs							
XBB.1.5*	138	368017	8.3	6.8	5.5	4.6	3.3
XBB.1.16*	125	120423	6.3	4.7	3.3	2.7	1.5
EG.5*	102	187160	43.6	37.1	30.7	23.3	16.6
BA.2.86*	62	12848	7.0	7.8	8.6	6.9	7.8
JN.1*	71	37804	24.8	34.9	45.1	56.8	65.5
VUMs							
DV.7*	49	5275	0.5	0.4	0.2	0.2	0.2
XBB*	141	73870	1.5	1.5	1.5	1.2	0.8
XBB.1.9.1*	126	95843	4.2	3.6	2.3	1.6	1.8
XBB.1.9.2*	106	40567	0.4	0.2	0.2	0.1	0.1
XBB.2.3*	116	48863	2.3	2.3	1.7	1.7	0.9
Unassigned	66	29247	0.2	0.2	0.1	0.2	0.8

⁵Number 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.

Las VOI y VUM que muestran tendencias crecientes se resaltan en amarillo, las que se han mantenido estables se resaltan en azul y las que presentan tendencias decrecientes se resaltan en verde.

- **JN.1.** A nivel mundial es la VOI circulante dominante (notificado por 71 países), que representa el 65,5% de las secuencias en la semana 52, frente al 24,8% en la semana 48 (Figura 10, Tabla 6).

- **BA.2.86.** Su linaje parental, es estable y representó 7,8% de las secuencias en la semana 52 frente al 7,0% en la semana 48 (Figura 10, Tabla 6).

Los otros VOIs, XBB.1.5, XBB.1.16 y EG.5, han disminuido en prevalencia global durante el mismo periodo:

- **XBB.1.5** representaba el 3,3% de las secuencias en la semana 52, un descenso desde el 8,3% en la semana 48

- **XBB.1.6** representó el 1,5% de las secuencias en la semana 52, frente al 6,3% en la semana 48;

- **EG.5** representó el 16,6% de las secuencias en la semana 52, frente al 43,6% en la semana 48. (Figura 10, Tabla 6).

Todas las VUM han mostrado una tendencia decreciente durante el periodo de notificación (Tabla 6).

Tabla 7. Entre los VOI,

- **JN.1** fue la variante más notificada y mostró una tendencia creciente en las cuatro regiones.

- A excepción de **XBB.1.16**, que mostró un pequeño aumento en la Región del Pacífico Occidental,

Las demás VOIs y todas las VUM en las cuatro regiones observaron tendencias decrecientes o estables.

Tabla 7. Prevalencia del SARS-CoV-2, VOIs y VUMs por regiones WHO, SE 48 a SE 52 de 2023. La Región de las Américas, la Región del Pacífico Occidental, la Región de Asia Sudoriental y la Región Europea

Lineage (week 2023-48 to 2023-52)	AMRO	AFRO*	EMRO*	EURO	SEARO	WPRO
VOIs						
XBB.1.5*	↓			↓	↓	↓
XBB.1.16*	↓			↓	↓	↑
EG.5*	↓			↓	↓	↓
BA.2.86*	↔			↔	↓	↔
JN.1*	↑			↑	↑	↑
VUMs						
DV.7*	↓			↓	N/A	↓
XBB*	↓			↓	↓	↓
XBB.1.9.1*	↓			↓	↓	↔
XBB.1.9.2*	↓			↓	N/A	↔
XBB.2.3*	↓			↓	↓	↓

↑ Increasing trend
↓ Decreasing trend
↔ Stable trend

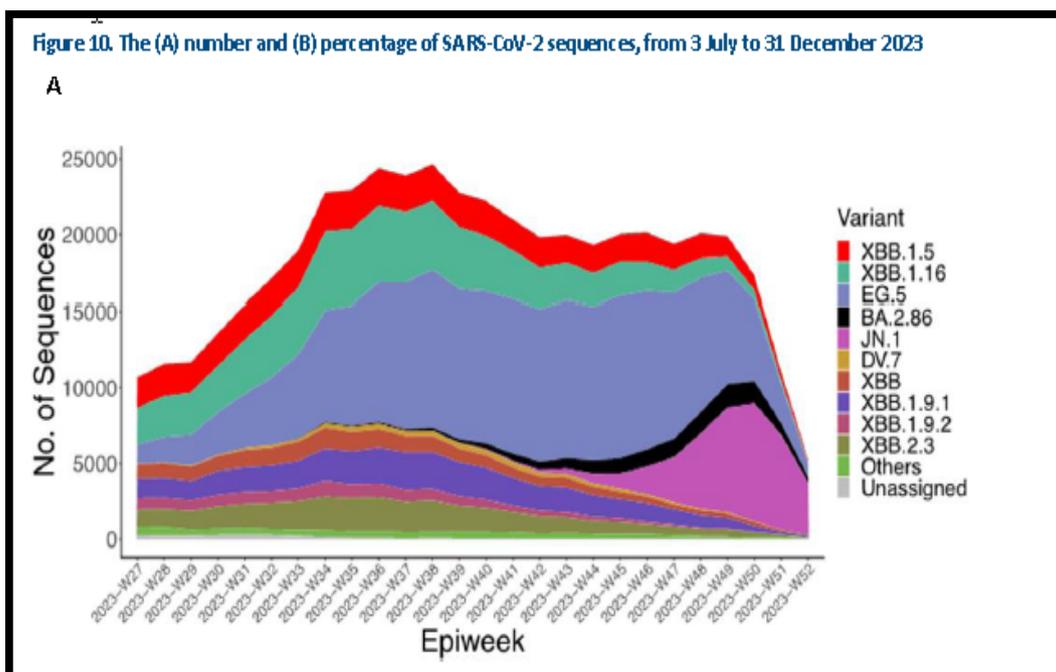
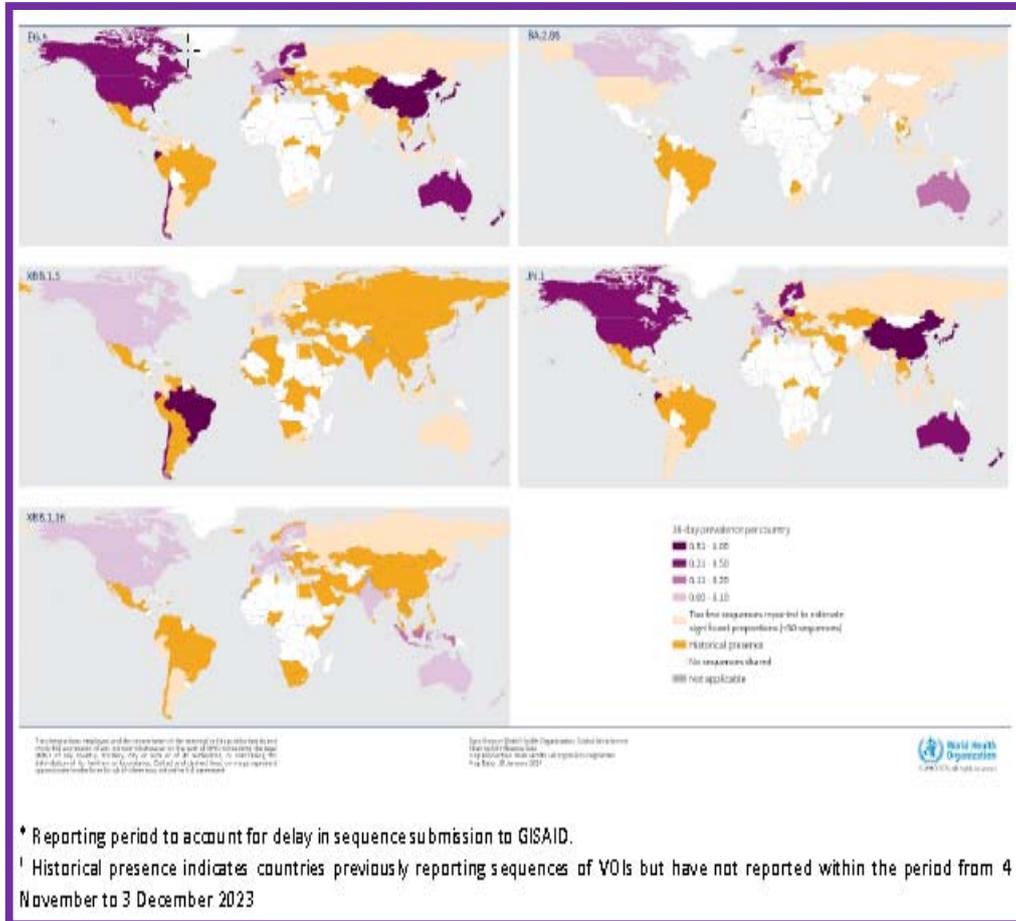
Insufficient Data
 Most Prevalent variant(s)

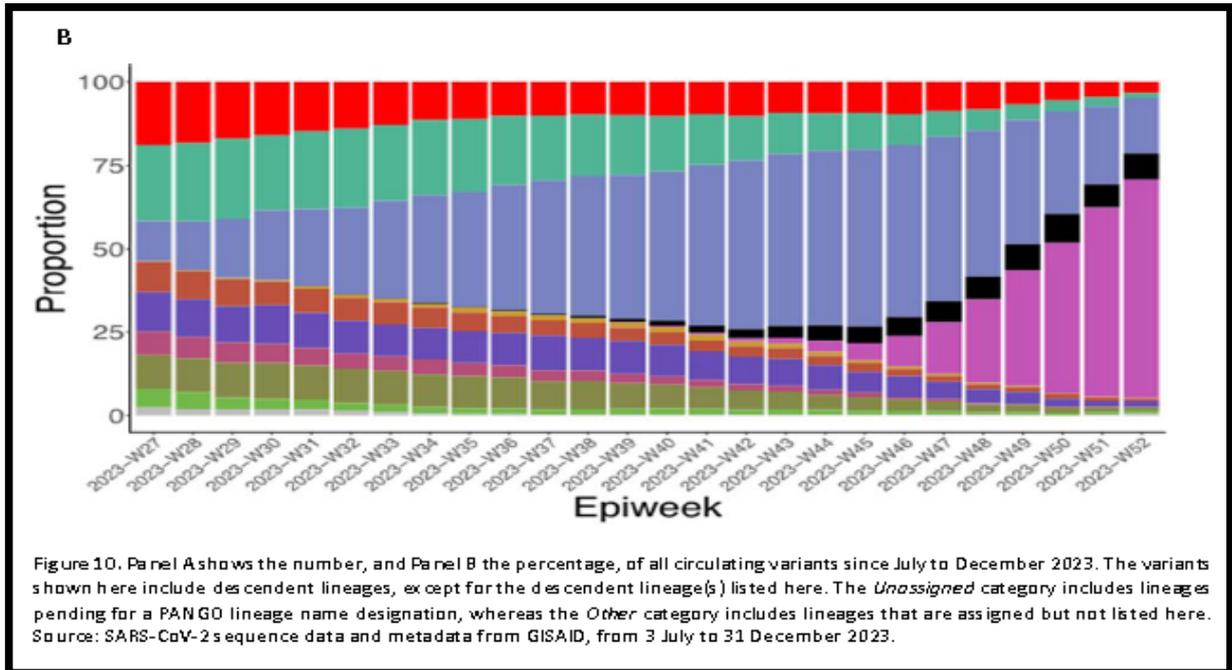
* Includes descendant lineages, except those individually specified elsewhere in the table. For example, XBB* does not include XBB.1.5, XBB.1.16, EG.5, XBB.1.9.1, XBB.1.9.2, and XBB.2.3.
 † due to the small numbers of sequences submitted in these regions, it has not been possible to determine trends for the VOIs and VUMs in these regions; this is also represented by the shaded cells in the table.

En la actualidad no hay informes epidemiológicos o de laboratorio epidemiológicos que indiquen alguna asociación entre los VOI/VUM y el aumento de la gravedad de la enfermedad.

Figuras 9 y Figura 10, los niveles bajos y poco representativos de vigilancia genómica del SRAS-CoV-2 siguen planteando problemas para evaluar adecuadamente el panorama de variantes.

Figura 9. Prevalencia Global 28-días, y prevalencia de EG.5, XBB.1.5, XBB.1.16, BA.2.86, y JN.1, from 11 Diciembre 2023 a 7 Enero 2024*.





Referencias:

- 1. COVID-19 Epidemiological Update. Edition 163 published** 19 January 2024 .
- Elaborado por: Dra. Suset Oropesa. CIDR, Departamento de Virología. Instituto de Medicina Tropical Pedro Kourí.

Fuentes Adicionales

- Tracking SARS-CoV-2 Variants
- WHO statement on updated tracking system on SARS-CoV-2 variants of concern and variants of interest

- SARS-CoV-2 variant risk evaluation framework, 30 August 2023
- WHO JN.1 Initial Risk Evaluation, 13 December 2023
- WHO BA.2.86 Initial Risk Evaluation, 21 November 2023
- WHO EG.5 Updated Risk Evaluation, 21 November 2023
- WHO XBB.1.5 Updated Risk Assessment, 20 June 2023
- WHO XBB.1.16 Updated Risk Assessment, 5 June 2023



EVALUACIÓN DEL RIESGO INICIAL DE JN.1, 19 DECEMBER 2023.

https://www.who.int/docs/default-source/coronaviruse/18122023_jn.1_ire_clean.pdf?sfvrsn=6103754a_3

Resumen ejecutivo

Anteriormente, JN.1 se rastreaba como parte de BA.2.86, el linaje parental que se clasifica como variante de interés (VOI). Sin embargo, en las últimas semanas, JN.1 se sigue notificando en múltiples países, y su prevalencia ha aumentado rápidamente

en todo el mundo y ahora representa la gran mayoría de los linajes descendientes de BA.2.86 notificados al GISAID. Debido a su rápida propagación, la OMS está clasificando la JN.1 como una variante de interés (VOI) separada de la progenitora.

Teniendo en cuenta las pruebas disponibles, aunque limitadas, el riesgo adicional para la salud pública planteado por JN.1 se evalúa actualmente como bajo a nivel mundial.

Se prevé que esta variante pueda causar un aumento de los casos de SARS-CoV-2 en medio de un aumento de infecciones de otras infecciones víricas y bacterianas, especialmente en los países que entran en la temporada de invierno.

Tras las conversaciones mantenidas con el Grupo Asesor Técnico de la OMS sobre la Evolución de los Virus (TAG-VE) y teniendo en cuenta los datos disponibles, se espera que la inmunidad actual de la población a nivel mundial, así como la inmunidad generada por la vacunación de refuerzo XBB.1.5 se espera que siga siendo reactiva frente a esta variante, contra la enfermedad sintomática y grave.

Por lo tanto, es poco probable que la propagación de esta variante aumente la carga de los sistemas nacionales de salud pública en comparación con otras variantes de Omicron.

Sin embargo, los países que se aproximan a la estación invernal deben ser conscientes de que, en conjunto, el SRAS-CoV-2 y los patógenos que circulan por la zona pueden agravar las infecciones respiratorias.

Evaluación inicial del riesgo de JN.1, 19 de diciembre de 2023

JN.1 es un linaje descendiente de BA.2.86, cuya muestra más antigua se recogió el 25 de agosto de 2023 (1). En comparación con el linaje parental BA.2.86, JN.1 tiene la mutación adicional L455S en la proteína espiga.

A 16 de diciembre de 2023, había 7344 secuencias de JN.1 enviadas a GISAID (1)

desde 41 países, lo que representa el 27,1% de las secuencias disponibles a nivel mundial en la semana epidemiológica 48 (del 27 de noviembre al 3 de diciembre de 2023).

Los países que notificaron la mayor proporción de secuencias JN.1 son Francia (20,1%, 1552 secuencias), Estados Unidos de América (14,2%, 1072 secuencias), Singapur (12,4%, 934 secuencias), Canadá (6,8%, 512 secuencias), Reino Unido (5,6%, 422 secuencias) y Suecia (5,0%, 381 secuencias).

A nivel mundial, se ha producido un rápido aumento de la proporción de JN.1 notificada, con una prevalencia global del 27,1% en la semana epidemiológica 48 (Tabla 1). Se trata de un aumento sustancial con respecto a los datos notificados cuatro semanas antes (semana 44, del 30 de octubre al 5 de noviembre de 2023), cuando la prevalencia global de JN.1 era del 3,3%. Este rápido crecimiento se observa en las tres regiones de la OMS que comparten secuencias del SRAS-CoV-2, es decir, la región de las Américas (AMR), la región del Pacífico Occidental (WPR) y la región europea (EUR), con el mayor aumento observado en WPR del 1,1% en la semana epidemiológica 44 al 65,6% en la semana epidemiológica 48. BA.2.86.1 (linaje parental de JN.1) en células epiteliales nasales primarias (hNEC) no es superior a la de otros XBB-2.

Sin embargo, queda por determinar si la alta transmisibilidad de JN.1 en humanos también se asocia a una mayor aptitud en hNEC primarias y otros tipos de células, y en qué medida está vinculada a mutaciones que no son de espiga.

Tabla 6. Prevalencia semanal del SARS-CoV-2, las VOIs y VUMs, SE 48 a SE 52 de 2024

Lineage	Countries [§]	Sequences [§]	2023-48	2023-49	2023-50	2023-51	2023-52
VOIs							
XBB.1.5*	138	368017	8.3	6.8	5.5	4.6	3.3
XBB.1.16*	125	120423	6.3	4.7	3.3	2.7	1.5
EG.5*	102	187160	43.6	37.1	30.7	23.3	16.6
BA.2.86*	62	12848	7.0	7.8	8.6	6.9	7.8
JN.1*	71	37804	24.8	34.9	45.1	56.8	65.5
VUMs							
DV.7*	49	5275	0.5	0.4	0.2	0.2	0.2
XBB*	141	73870	1.5	1.5	1.5	1.2	0.8
XBB.1.9.1*	126	95843	4.2	3.6	2.3	1.6	1.8
XBB.1.9.2*	106	40567	0.4	0.2	0.2	0.1	0.1
XBB.2.3*	116	48863	2.3	2.3	1.7	1.7	0.9
Unassigned	66	29247	0.2	0.2	0.1	0.2	0.8

[§]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.

Debido a las diferencias en la cobertura vacunal y a la circulación de variantes del SRAS-CoV-2 en todo el mundo, la inmunidad de la población sigue siendo heterogénea en todo el mundo y, por lo tanto, el potencial de escape inmunitario de JN.1 depende de los antecedentes inmunitarios de la población analizada. Mientras que el escape inmunitario de BA.2.86.1 (el linaje progenitor de JN.1) de XBB.1.5 y EG.5.1, la infección parece ser similar a la de variantes que circulan al mismo tiempo, como HK.3 y EG.5.1. muestra una mayor propiedad de evasión inmunitaria (2,3). Sin embargo, existen pocos datos sobre la neutralización cruzada de JN.1 y, a pesar de la reducción de la neutralización de JN.1, es probable que la protección por vacunas monovalentes XBB.1.5 es probable que las vacunas monovalentes sean eficaces contra JN.1 (4). Los grupos de asesoramiento técnico de la OMS, con científicos de todo el mundo, están realizando un seguimiento activo (5).

La OMS y su Grupo Asesor Técnico sobre la Evolución del SRAS-CoV-2 (TAG-VE) siguen recomendando que Los Estados Miembros den prioridad a acciones específicas para abordar mejor las incertidumbres relacionadas con la fuga de anticuerpos y la gravedad de BA.2.86 y JN.1. Los plazos sugeridos son estimaciones y variarán de un país a otro en función de las capacidades nacionales:

- Realizar ensayos de neutralización utilizando sueros humanos, representativos de la(s) comunidad(es) afectada(s), y Aislados de virus vivos JN.1 (de dos a cuatro semanas).

- Realizar una evaluación comparativa para detectar cambios en los indicadores rodantes o ad hoc de gravedad (de cuatro a 12 semanas).

La OMS y su Grupo de Asesoramiento Técnico sobre la Composición de la Vacuna COVID-19 (TAG-CO-VAC) siguen evaluando periódicamente el impacto de las variantes en el rendimiento de las vacunas COVID-19 para fundamentar las decisiones

sobre las actualizaciones de la composición de las vacunas (6).

La evaluación de riesgos que figura a continuación sigue el marco de la OMS (7) y se basa en las pruebas actualmente disponibles. Se revisará periódicamente a medida que se disponga de más pruebas y datos de otros países.

Anexo:

*** Ventaja de crecimiento**

Nivel de riesgo: Alto, ya que la variante está creciendo rápidamente en todas las regiones de la OMS con datos compartidos de secuencias de SARS-CoV-2 y se ha convertido en la variante más prevalente en algunos países.

Nivel de confianza: Alta, ya que el rápido crecimiento ha sido notificado por varios países en diferentes regiones de la OMS.

**** Escape de anticuerpos**

Nivel de riesgo: Moderado, ya que se estima que JN.1 ha aumentado la evasión inmune en relación con su progenitor

BA.2.86.1 linaje que tenía una evasión inmune similar a EG.5 la variante actual más prevalente a nivel mundial.

Confianza: Baja, ya que sólo hay datos limitados sobre la neutralización cruzada de JN.1. Estudios de laboratorio

Se necesitarían estudios de laboratorio adicionales en diferentes regiones del mundo para evaluar más a fondo el riesgo de escape de anticuerpos en entornos con diferentes antecedentes de inmunidad de la población.

***** 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 asociados, la notificación de nuevas hospitalizaciones y datos de UCI a la OMS ha disminuido sustancialmente.

Por lo tanto, se debe tener precaución al interpretar los casos graves debido a esta disminución en la notificación. Además, se

Referencias:

1. GISAID. Available from: <https://gisaid.org/hcov19-variants/>
2. Planas D, Staropoli I, Michel V, Lemoine F, Donati F, Prot M et al. Distinct evolution of SARS-CoV-2 Omicron XBB and BA.2.86 lineages combined increased fitness and antibody evasion. *bioRxiv*. November 2023. <https://doi.org/10.1101/2023.11.20.567873>
3. Kaku Y, Okumura K, Padilla-Blanco M, Kosugi Y, Uriu K, Hinay Jr. AA et al. Virological characteristics of the SARS-CoV-2 JN.1 variant. *bioRxiv*. December 2023. <https://doi.org/10.1101/2023.12.08.570782>
4. Wang Q, Guo Y, Bowen A, Mellis IA, Valdez R, Gherasim C, et al. XBB.1.5 monovalent mRNA vaccine booster elicits robust neutralizing antibodies against emerging SARS-CoV-2 variants. *bioRxiv*. November 2023. <https://doi.org/10.1101/2023.11.20.567873>
5. World Health Organization Technical Advisory Group on COVID-19 Vaccine Composition. Available from: <https://www.who.int/news/item/13-12-2023-statement-on-the-antigen-composition-of-covid-19-vaccines>
6. World Health Organization Technical Advisory Group on COVID-19 Vaccine Composition. Available from: [necesitarían estudios adicionales para seguir evaluando el impacto de esta variante en los resultados clínicos.](https://www.who.int/news/item/18-

</div>
<div data-bbox=)

- 05-2023-statement-on-the-antigen-composition-of-covid-19-vaccines
7. WHO. SARS-CoV-2 variant risk evaluation, 30 August 2023. Available from: <https://apps.who.int/iris/rest/bitstreams/1528680/retrieve>
8. EU4S-DEEP - Wastewater observatory for public health - Digital European Exchange Platform. Available from: <https://wastewater-observatory.jrc.ec.europa.eu/#/gis-area/3>
9. Yang S, Yu Y, Xu Y, Jian F, Song W, Yisimayi A, et al. Fast evolution of SARS-CoV-2 BA.2.86 to JN.1 under heavy immune pressure. *bioRxiv*. November 2023. doi: <https://doi.org/10.1101/2023.11.13.566860>
10. Kosugi Y, Plianpaisuk A, Putri O, Uriu K, Kaku Y, Hinay Jr. AA et al. Virological characteristics of the SARS-CoV-2 Omicron HK.3 variant harboring the “FLip” substitution. *bioRxiv*. November 2023. <https://www.biorxiv.org/content/10.1101/2023.11.14.566985v1>
11. Statens Serum Institut, Denmark. Presentation at the WHO Technical Advisory Group (TAG-VE) meeting on 11 December 2023
12. Ministry of Health, Singapore. Presentation at the WHO Technical Advisory Group (TAG-VE) meeting on 11 December 2023

**Cuba, Enfermedades de Declaración Obligatoria (EDO) Seleccionadas.
Número de casos en la semana y acumulados hasta: 27/01/24.**

ENFERMEDADES	EN LA SEMANA		ACUMULADOS		TASAS	
	2023	2024	2023	2024	2023	2024*
FIEBRE TIFOIDEA	-	-	-	-	-	._**
SHIGELLOSIS	-	4	2	9	0.58	2.61
D. AMEBIANA AGUDA	-	-	-	-	0.02	0.02**
TUBERCULOSIS	11	14	32	43	5.42	7.30
LEPRA	7	2	16	10	1.15	0.72
TOSFERINA	-	-	-	-	-	._**
ENF. DIARREICAS AGUDAS	1478	2825	5724	9706	1133.28	1928.43
M. MENINGOCÓCCICA.	-	-	-	-	0.06	0.06**
MENINGOCOCCEMIA	-	-	-	-	0.01	0.01**
TÉTANOS	-	-	-	-	-	._**
MENINGITIS VIRAL	16	48	98	176	26.25	47.30
MENINGITIS BACTERIANA	7	2	17	15	2.33	2.06
VARICELA	305	219	852	680	97.12	77.79
SARAMPIÓN	-	-	-	-	-	._**
RUBÉOLA	-	-	-	-	-	._**
HEPATITIS VIRAL	23	2	73	29	8.35	3.33
PAROTIDITIS	-	-	-	-	-	._**
PALUDISMO IMPORTADO	-	1	-	3	0.03	0.03**
LEPTOSPIROSIS	1	8	5	8	1.15	1.84
SÍFILIS	216	140	635	381	74.03	44.58
BLENORRAGIA	19	42	109	108	14.57	14.49
INFECC. RESP. AGUDAS	53100	61562	176885	195767	25422.15	28234.98

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>