

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:

SARS-COV-2 variantes de interés y variantes bajo monitoreo- propagación Geográfica	
y prevalencia (1)	153
Suman ocho las muertes por Leptospirosis en dañado estado brasileño	157
Gripe aviar: EE.UU. Confirma el segundo caso humano en dos meses	
Reportan en Chile caso importado de cólera	
Tablas:	

SARS-COV-2 VARIANTES DE INTERÉS Y VARIANTES BAJO MONITOREO- PROPAGACIÓN GEOGRÁFICA Y PREVALENCIA (1).

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

A escala mundial, durante el periodo de 28 días (1 al 28 de abril de 2024), se compartieron 12 024 secuencias de SARS-CoV-2 a través de GISAID. La OMS sigue actualmente 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
- ✓ Variantes bajo vigilancia (VUM): JN.1.7, JN.1.18, KP.2 v KP.3

Tabla 4. Se notifican las VOI y VUM, y su prevalencia a partir de la semana epidemiológica 14 (del 1 al 7 de abril de 2024) a la semana 17 (del 22 al 28 de abril de 2024).

A nivel mundial, JN.1 es la VOI más notificado (ahora notificado por 130 países), representando el 54,3% de las secuencias en la semana 17 y ha

disminuido desde una prevalencia del 69,0% en la semana 14 (Figura 10, Tabla 4). Su linaje parental, BA.2.86, sigue disminuyendo su prevalencia, representando el 0,5% en la semana 17 frente al 0,8% en la semana 14 (Figura 10, Tabla 4). La evaluación de riesgo actualizada para JN., con un riesgo general para la salud pública que sigue siendo bajo para la salud pública a nivel mundial, (basado en las nuevas pruebas recopiladas según la última evaluación de riesgos actualizada publicada el 9 de febrero de 2024, se publicó el 15 de abril de 2024). Las otras VOIs, XBB.1.5, XBB.1.16 y EG.5, han disminuido o se han mantenido estables en prevalencia global durante el mismo periodo: XBB.1.16, XBB.1.5 y EG.5 no tenían secuencias notificadas en la semana 17, (Figura 10, Tabla 4).

Cuatro linajes descendientes de JN.1, JN.1.7, JN.1.18, KP.2 y KP.3 se incluyeron en la lista de VUM el 3 de mayo de 2024 basándose en su perfil genético, prevalencia y ventaja de crecimiento a nivel mundial y en las regiones de la OMS.

- <u>KP.2</u> representó el 9,6% de las secuencias en la semana 17 / 6,4% en la SE 14,
- *KP.3* representó el 20,0% de las secuencias en la semana 17/3,5% en la SE 14,
- **JN.1.7** representó el 8,8% de las secuencias en la semana 17/9,2% en la SE14,
- y JN.1.18 representó el 0,8% de las secuencias en la semana 17/3,1% en la SE 14. Se disponía de datos de secuenciación suficientes para calcular la prevalencia de variantes a nivel regional durante las semanas 14 a 17 de tres regiones de la OMS: la Región de las Américas, la Región del Pacífico Occidental y la Región Europea (Tabla 5).

Entre las VOI, JN.1 fue la variante más

notificada y mostró una tendencia decreciente en las tres regiones. Las otras VOIs en las tres regiones observaron tendencias decrecientes.

En cuanto a las VUM, KP.2 y KP.3 mostraron tendencias crecientes mientras que JN.1.7 y JN.1.18 mostraron tendencias decrecientes en las tres regiones.

Con el descenso de las tasas de pruebas y secuenciación en todo el mundo (**figura 10**), cada vez es más difícil estimar el impacto de la gravedad de los brotes emergentes de SRAS-CSA. En la actualidad no hay informes epidemiológicos o de laboratorio que indiquen alguna asociación entre los VOI/VUM y el aumento de la gravedad de la enfermedad.

Como se muestra en las 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.

Table 4. Weekly prevalence of SARS-CoV-2 VOIs and	VUMs, week 14 of 2024 to week 17 of 2024

Lineage*	Countries§	Sequences§	2024-14	2024-15	2024-16	2024-17
VOIs						
XBB.1.5	144	379340	0.1	-	0.1	
XBB.1.16	132	127947	0.1	0.1	-	-
EG.5	112	219047	1.3	0.3	0.2	
BA.2.86	94	22737	0.8	0.4	0.4	0.6
JN.1	130	189395	69.0	67.0	61.2	54.3
VUMs						
JN.1.7	58	5977	9.2	8.4	7.1	8.8
KP.2	27	1670	6.4	9.6	13.4	9.6
KP.3	20	830	3.5	5.9	11.2	20.0
JN.1.18	61	2275	3.1	2.8	1.6	0.0
Unassigned	75	30077	0.1	0.1	-	

[§] El número de países y secuencias son desde la aparición de las variantes.

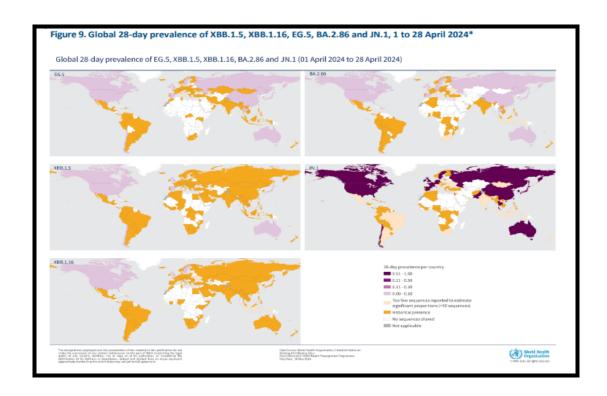
^{*} Incluye linajes descendientes, excepto los especificados individualmente en otra parte de la tabla. Por ejemplo, JN.1* no incluye JN.1.7, JN.1.18, KP.2 y KP.3

ineage* week 14-2024 to 17-2024)	AMR	AFR*	EMR¥	EUR	SEAR	WPR
VOIs						
XBB.1.5	1			1		ı
XBB.1.16	1			1		Ţ
EG.5	1			1		Į.
BA.2.86	1			1		Ţ
JN.1	1			1		ļ
VUMs		*************			************	ce.
JN.1.7	1			1		Ţ
KP.2	†			1		1
KP.3	Ť			1		1
JN.1.18	1			1		Ţ

^{*} Incluye los linajes descendientes, excepto los especificados individualmente en otra parte de la tabla. Por ejemplo, JN.1* no incluye JN.1.7, JN.1.18, KP.2 y KP.3

VUM en estas regiones; esto también está representado por las celdas sombreadas de la tabla.

[¥] Debido al escaso número de secuencias presentadas en estas regiones, no ha sido posible determinar las tendencias de los VOI y VUM en estas regiones.



Periodo de notificación para tener en cuenta el retraso en la presentación de secuencias a GISAID. + Presencia histórica indica los países que anteriormente notificaron secuencias de VOI pero no lo han hecho en el periodo comprendido entre el 1 y el 28 de abril de 2024.

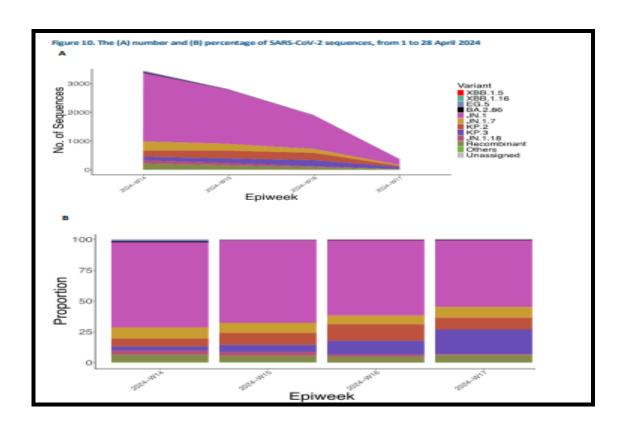


Figura 10. El panel A muestra el número, y el panel B el porcentaje, de todas las variantes circulantes del 1 al 28 de abril de 2024. Las variantes aquí mostradas incluyen linajes descendientes, excepto el linaje o linajes descendientes aquí listados.

La categoría sin asignar incluye los linajes pendientes de una designación de nombre de linaje PANGO, Recombinante incluye todos los linajes recombinantes de SARS-CoV-2 no enumerados aquí, y la categoría Otros incluye los linajes asignados pero no enumerados aquí. Fuente: Datos de secuencia y metadatos de SARS-CoV-2 de GISAID, del 1 al 28 de abril de 2024, descargados el 13 de mayo de 2024.

Referencias

1.htps://www.who.int/publications/m/item/wee kly-epidemiological-update--- Edition 167 published 17 May 2024

2. Elaborado por: Dra. Suset Oropesa. CIDR,

Departamento de Virología. Instituto Pedro Kourí

Referencias Adicionales.

- Tracking SARS-CoV-2 Variants
- WHO Global COVID-19 Dashboard Variants Section
- 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 Updated Risk Evaluation, 15 April 2024
- 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

SUMAN OCHO LAS MUERTES POR LEPTOSPIROSIS EN DAÑADO ESTADO BRASILEÑO.

02 junio 2024. Al menos ocho personas murieron de leptospirosis desde el 1 de mayo hasta hoy, a causa de las inundaciones que asolaron Rio Grande do Sul, informó la Secretaría de Salud del estado brasileño.

Precisó que otros 12 fallecimientos están en investigación y que al menos 2 500 casos de contaminación fueron notificados. De ellos, 148 resultaron confirmados.

Los óbitos fueron registrados en Porto Alegre, capital estadual, y en los municipios de la región metropolitana Canoas, Travesseiro, Cachoeirinha, Venâncio Aires, Sao Leopoldo y Viamão.

Todas las víctimas eran ancianas, de 60 a 86 años, siendo cinco hombres y tres mujeres.

Durante una conferencia de prensa, la ministra de Salud, Nísia Trindade, informó el miércoles que el número de casos por esta enfermedad infecciosa, generalmente transmitida por la orina de ratas, puede ser cuatro veces mayor que el corroborado en 2023 en el estado gaucho.

Según datos de la cartera sanitaria, el año pasado fueron 477 registros y 25 muertes en la región.

Aunque el también denominado Síndrome de Weil es considerado endémico en la zona, es decir, en circulación sistemática en el ambiente, episodios como las inundaciones aumentan el riesgo de infección.

Tal situación está relacionada con las condiciones precarias de infraestructura sanitaria y el alto contagio por roedores.

Las crecidas de las aguas propician la diseminación y la persistencia de la bacteria Leptospira, facilitando la ocurrencia de brotes. El último reporte de la Defensa Civil indica que las muertes por las fuertes lluvias e inundaciones en Rio Grande do Sul aumentaron, hasta la fecha, de 169 a 171.

También que el retroceso de las aguas coincide con la disminución de las familias que viven en refugios. En las últimas 24 horas, 1 783 personas abandonaron estos establecimientos y otras 37 812 siguen en abrigos.

Además, otros 580 111 residentes están desalojados, lo cual significa que, de los aproximadamente 2,4 millones de personas afectadas por la tragedia climática, más de medio millón sigue fuera de sus hogares.

Fuente: Prensa Latina

GRIPE AVIAR: EE.UU. CONFIRMA EL SEGUNDO CASO HUMANO EN DOS MESES.

Funcionarios estadounidenses han confirmado un segundo caso de gripe aviar H5N1 en un ser humano en el estado de Michigan, apenas el tercero detectado en el país. Esto sigue a una infección que se propaga entre las vacas lecheras (la primera vez que se descubre que el H5N1 infecta a los animales) el mes pasado. 1 El caso aumenta aún más los temores de que la infección se transmita a humanos, aunque las autoridades se apresuraron a enfatizar que no existe una amenaza inmediata para la vida humana. "El riesgo actual para la salud del público sigue siendo bajo. Este virus está siendo monitoreado de cerca y no hemos visto signos de transmisión sostenida de persona a momento", en este Departamento de Salud y Servicios Humanos de Michigan (MDHHS) en un comunicado.

Al igual que el caso anterior detectado en Texas en abril, el nuevo caso humano se encontró en un trabajador agrícola. El MDHHS confirmó que el trabajador tenía síntomas "leves" y había tenido una "exposición regular" al ganado infectado con el virus de la influenza A (H5). Natasha Bagdasarian, directora médica del estado de Michigan, dijo: "Michigan ha liderado una rápida respuesta de salud pública y hemos estado siguiendo de cerca esta situación desde que se detectó la influenza A (H5N1) en rebaños de aves de corral y lecheros en Michigan. A los trabajadores agrícolas que han expuestos a animales afectados se les ha pedido que informen incluso sobre síntomas leves, y se han puesto a disposición pruebas para detectar el virus". Las autoridades estadounidenses permanecen en alerta y bajo una presión cada vez mayor mientras la evidencia muestra que la infección entre los rebaños estaba más extendida de lo que se pensaba inicialmente tras el caso de Texas. 2 Se han encontrado rastros genéticos del virus, aunque inofensivos, en la leche: 1 de cada 5 muestras, según la Administración Alimentos y Medicamentos de Estados Unidos (FDA) en abril. Las autoridades enfatizaron

que el proceso de **pasteurización** mataría cualquier virus activo, haciéndolo inofensivo, pero instaron a la gente a **no consumir leche cruda**, en medio de una tendencia de bienestar que promueve el producto. 3 The Telegraph informó que un proveedor de leche cruda en California había recibido solicitudes de clientes de leche cruda infectada con H5N1, pensando erróneamente que podría inmunizarlos contra el virus. 4

Mientras tanto, los científicos estadounidenses, preocupados por la falta de conocimiento y las similitudes con la propagación temprana del SARS-CoV-2 y mpox en 2022, han instado al gobierno a intensificar los esfuerzos de vigilancia y ser más transparente con los datos. El gobierno de Estados Unidos cumplió el 10 de mayo y anunció más de 100 millones de dólares para aumentar la vigilancia. 5 Los Centros para el Control y la Prevención de Enfermedades (CDC) de EE. UU. y la FDA dijeron que el dinero rastrearía el virus en aves silvestres, aves de corral y vacas. La FDA dijo que ha puesto a disposición 8 millones de dólares adicionales para la vigilancia y pasteurización del suministro de leche.

A principios de esta semana (21 de mayo), los CDC instaron a los funcionarios de salud local y estatal a mantener niveles máximos de vigilancia de la gripe, aunque normalmente se esperaría que las infecciones disminuyeran durante los meses de verano.

El subdirector principal de los CDC, Nirav Shah, dijo a STAT News: "Queremos maximizar nuestras posibilidades de detectar un caso de nueva influenza en la comunidad y minimizar el riesgo de que un caso de H5N1 pueda pasar desapercibido". 6 Pidió a los funcionarios que aumenten el número de muestras positivas del virus de la influenza que envían a los laboratorios de salud pública para su análisis.

El Departamento de Agricultura de EE. UU. ha puesto a disposición fondos para reembolsar a las granjas los costos veterinarios y de pruebas para fomentar las pruebas.

Signos y síntomas de infecciones de la influenza aviar de tipo A en humanos

Los signos y síntomas notificados de infecciones por los virus de la influenza aviar en seres humanos han variado desde casos asintomáticos O casos leves. enrojecimiento de los ojos (conjuntivitis) o síntomas leves de las vías respiratorias superiores similares a los de la influenza, hasta casos graves, como neumonía que requiere hospitalización. aue incluveron (temperatura de 100 °F [37.8 °C] o más) o sensación de estar afiebrado*, tos, dolor de garganta, goteo o secreción nasal, dolores musculares o corporales, dolores de cabeza, fatiga y falta de aliento o dificultad para respirar.

Los signos y síntomas menos frecuentes incluyen diarrea, náuseas, vómitos o convulsiones.

*Puede ocurrir que no tenga fiebre

Cómo detectar las infecciones por influenza aviar A en seres humanos

No es posible diagnosticar la infección por el virus de la influenza aviar en las personas al considerar los signos y síntomas clínicos de forma aislada; es necesario realizar pruebas de laboratorio.

La infección por el virus de la influenza aviar suele diagnosticarse mediante una muestra nasal de las vías respiratorias superiores (nariz o garganta) de la persona enferma.

Las pruebas son más precisas cuando las muestras son tomadas durante los primeros días de la enfermedad.

En el caso de los pacientes enfermos de gravedad, la toma y el análisis de muestras de las vías respiratorias inferiores también pueden dar lugar al diagnóstico de infección por el virus de la influenza aviar. No obstante, para algunos pacientes que ya no están muy enfermos o que se han recuperado plenamente, puede ser difícil detectar el virus de la influenza aviar en una muestra.

*Fuente: CDC

Referencias

- •Looi MK Bird flu: Person with rare strain in US sparks alarm about cow transmission. BMJ2024;385:q797. doi:10.1 136/bmj.q797 pmid:38575174 FREE Full TextGoogle Scholar
- www.statnews.com/2024/04/25/h5n1-bird-flu-cows-outbreak-likely-widespread
- www.cbsnews.com/news/bird-flu-raw-milk-influencers-fda-warning
- www.telegraph.co.uk/globalhealth/science-and-disease/bird-flu-rawunpasteurised-h5n1-infected-milkcalifornia
- www.bloomberg.com/news/articles/2024-05-10/us-surveillance-of-bird-flu-to-get-100-million-in-hhs-funding
- www.statnews.com/2024/05/21/h5n1-bird-flu-cdc-urges-summer-flu-surveillance/?_hsmi=308143698

Fuente: BMJ 2024;385:q1156 Bird flu: US confirms second human case in two months

REPORTAN EN CHILE CASO IMPORTADO DE CÓLERA.

31 mayo 2024. Autoridades sanitarias de la Región Metropolitana de Santiago confirmaron hoy un caso importado de cólera, el primero detectado en Chile desde hace 11 años.

De acuerdo con la secretaría regional ministerial de salud, se trata de un menor de edad que se contagió en el extranjero.

En estos momentos se realizan los estudios de posibles contactos con la finalidad de realizar los seguimientos epidemiológicos respectivos, dijeron las autoridades.

Chile reportó un caso importado de cólera desde República Dominicana en 2011 y otros dos en 2013. Pero el último brote registrado en el país ocurrió en 1998 en San Pedro de Atacama, de la norteña región de Antofagasta, cuando se contagiaron 23 personas. El cólera es una enfermedad diarreica aguda causada por la ingestión de alimentos o agua contaminados con el bacilo Vibrio cholerae y si no se trata a tiempo puede ser mortal.

Fuente: Prensa Latina

Cuba, Enfermedades de Declaración Obligatoria (EDO) Seleccionadas. Número de casos en la semana y acumulados hasta: 18/05/2024

ENFERMEDADES	EN LA SEMANA		ACUMULADOS		TASAS	
	2023	2024	2023	2024	2023	2024*
FIEBRE TIFOIDEA	-	-	-	-	-	_**
SHIGELLOSIS	3	2	20	50	0.58	1.45
D. AMEBIANA AGUDA	-	-	2	-	0.02	0.02**
TUBERCULOSIS	13	17	244	376	5.42	8.37
LEPRA	5	-	62	54	1.15	1.00
TOSFERINA	-	-	-	-	-	_**
ENF. DIARREICAS AGUDAS	2788	3267	34182	51282	1133.28	1706.20
M. MENINGOCÓCCICA.	1	-	1	2	0.06	0.13
MENINGOCOCCEMIA	-	-	-	-	0.01	0.01**
TÉTANOS	-	-	-	-	-	_**
MENINGITIS VIRAL	27	24	603	721	26.25	31.49
MENINGITIS BACTERIANA	1	1	108	80	2.33	1.73
VARICELA	265	269	7657	5917	97.12	75.31
SARAMPIÓN	-	-	-	-	-	_**
RUBÉOLA	-	-	-	-	-	_**
HEPATITIS VIRAL	14	41	369	486	8.35	11.04
PAROTIDITIS	-	-	-	-	-	_**
PALUDISMO IMPORTADO	-	-	1	6	0.03	0.16
LEPTOSPIROSIS	3	1	24	74	1.15	3.55
SÍFILIS	192	154	3876	3057	74.03	58.59
BLENORRAGIA	35	46	608	878	14.57	21.11
INFECC. RESP. AGUDAS	63784	48229	1168439	1104845	25422.15	24123.17

Fuente: EDO PARTE TELEFONICO SUJETO A MODIFICACIONES.

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	DrC. Gilda Teresa Toraño Peraza
Rodríguez	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

^{*}TASA ANUAL ESPERADA, AJUSTADA SEGÚN EL AÑO ANTERIOR.

^{**} LA TASA ESPERADA COINCIDE CON LA DEL AÑO ANTERIOR.