



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:

Vectores de Oropouche: ¿están presentes en Cuba?.....	161
Influenza aviar A(H5N1), Estados Unidos de América(1,2).....	166
Tablas:.....	168

VECTORES DE OROPOUCHE: ¿ESTÁN PRESENTES EN CUBA?

Autores: Lic. Yanet Martínez Pérez; Lic. Ariamys Companioni Ibañez; Lic. Yanisley Martínez López; Téc. Eric Camacho Acosta, DrC. María del Carmen Marquetti*

Departamento Control de Vectores, CIDR, IPK

*Autor por correspondencia: marquetti@ipk.sld.cu

La fiebre de Oropouche, es una enfermedad zoonótica emergente causada por el virus Oropouche (VORO en inglés OROV). El virus fue identificado por primera vez en 1955 en Trinidad y Tobago, en un paciente febril proveniente de la Vega de Oropouche.

Es un arbovirus que pertenece al género *Orthobunyavirus* de la familia Peribunyaviridae (1). Hasta la fecha se han registrado casos y/o brotes en otros países de América del Sur y Central, como: Brasil, Perú, Panamá, Colombia, Ecuador, Guyana Francesa, Venezuela y Haití (1, 2). Durante el 2024, ha ocurrido un aumento de casos confirmados en Brasil, Bolivia, Perú y Colombia, que han motivado actualizaciones epidemiológicas de Oropouche en la Región de las Américas, emitidas por la Organización Panamericana de la Salud (3-7).

La enfermedad se caracteriza por presentar manifestaciones clínicas semejantes a las de otras arbovirosis (dengue, zika y chikungunya). Tiene un periodo de incubación de cuatro a ocho días.

El inicio es súbito, generalmente con fiebre, dolor de cabeza, artralgia, mialgias, escalofríos, y a veces náuseas y vómitos. La mayoría de los casos se recuperan dentro de los siete días (8).

Un análisis realizado en el 2023, para identificar regiones de las Américas donde es probable que VORO se propague a poblaciones humanas, donde se emplearon modelos de hipervolumen, datos de paisajes derivados de satélites y datos de casos humanos, sugiere que aproximadamente 5 millones de personas se encuentran en áreas de riesgo de transmisión a Oropouche.

La Figura 1, muestra el área de riesgo arrojada en el estudio, siendo las costas de Ecuador, Colombia y Venezuela; Panamá, centro de México, Brasil y oriente de Bolivia las posibles regiones con mayores casos de detección. Sin

embargo, se plantea que la presencia de vectores en el continente, incluida América del Norte, representa una amenaza latente para el surgimiento del VORO (9).

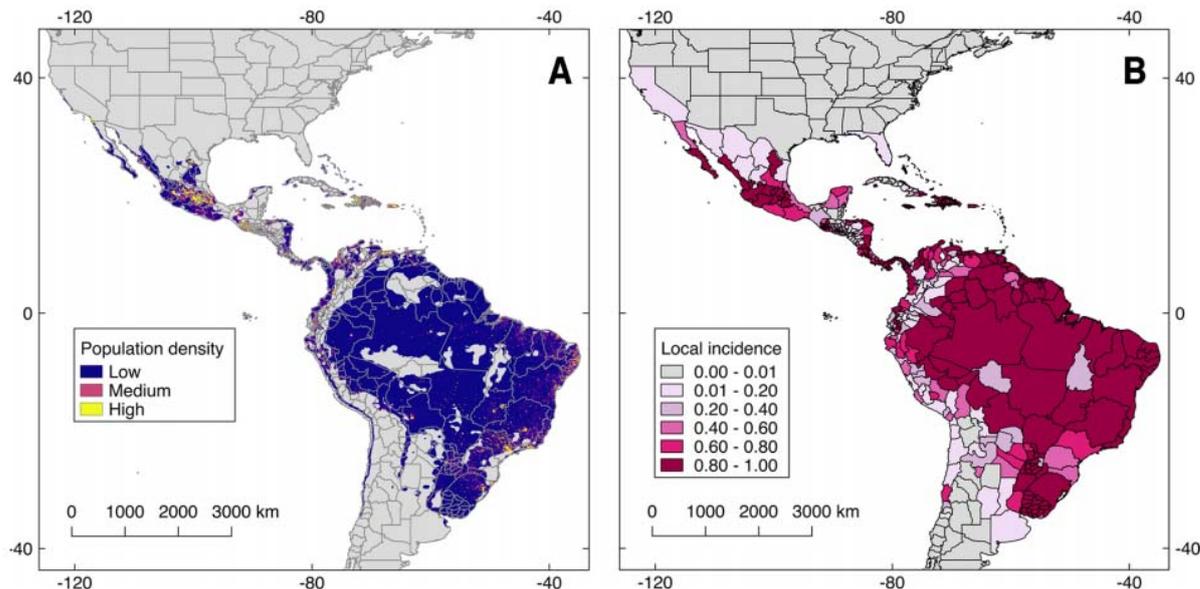


Figura 1. Población en riesgo de transmisión del virus Oropouche (VORO). Estimación de la población en riesgo de transmisión VORO utilizando la población para 2020 a través de los datos sin restricciones de WorldPop para las Américas. Tomado de Romero-Alvarez, *et al*, 2023 (9).

Vectores que participan en la transmisión:

Se sospecha que la circulación del VORO incluye tanto ciclos epidémicos de transmisión urbana como ciclos selváticos. En el ciclo selvático los huéspedes vertebrados pueden ser primates no humanos, perezosos y aves silvestres, y no se ha identificado ningún vector artrópodo definitivo. Mientras que, en el ciclo urbano, conocido por causar brotes repentinos de la enfermedad, los humanos son los huéspedes amplificadores. La enfermedad es transmitida por insectos del género *Culicoides*, pequeños dípteros de distribución cosmopolita conocidos como “jejenes”(10).

Los jejenes son insectos hematófagos que pertenecen a la familia Ceratopogonidae del orden Diptera. En el mundo se conocen 6267 especies de ceratopogónidos (11), de las cuales 1165 se hallan en la región neotropical. Son insectos holometábolos, por lo cual sufren una metamorfosis completa, pasando por los estados de huevo, larva (reconociéndose cuatro estadios larvales), pupa y adulto (12).

En la región neotropical, *Culicoides paraensis* (Goeldi, 1905) es el principal vector de la transmisión urbana. Es una especie

ampliamente distribuida, desde el sureste de los Estados Unidos hasta el norte de Pensilvania y Wisconsin, hacia el sur a través de centro y sudamérica hasta Uruguay, con amplia distribución en los estados del norte, noreste y sur de Brasil. Las larvas de esta especie se desarrollan en diversos hábitats capaces de permanecer húmedos, como las selvas, riberas de ríos, suelos húmedos y huecos de árboles. Los tallos de plátanos en descomposición y las cáscaras de cacao, resultantes de estos cultivos en zonas urbanas y semiurbanas, aumentan la disponibilidad de sustratos de cría, favoreciendo la proliferación e incidencia de esta especie (13-15).

Culex quinquefasciatus (Say, 1823), *Coquillettidia venezuelensis* (Theobald, 1912) y *Aedes (Ochlerotatus) serratus* (Theobald, 1901), son mosquitos que se identifican como vectores secundarios de VORO. (14, 16). Se debe destacar que estudios de infectividad a nivel de laboratorio demostraron también que el VORO fue recuperable dos semanas post infección de especies tales como *Aedes (Ochlerotatus) scapularis* (Rondani, 1848) y *Psorophora ferox* (von Humboldt, 1819) (17).

Estudios bioecológicos de los vectores presentes en Cuba:

Los primeros estudios sobre las especies de jevenes en Cuba los realizó el eminente zoólogo Felipe Poey reportando una nueva especie para la ciencia *Culicoides furens* (Poey, 1851) (18). Un estudio utilizando trampas de luz y obtención de jevenes de las pupas en 25 puntos de diversas regiones de Cuba registró que las especies de mayor afinidad por el hombre son: *Culicoides (Avaritia) pusillus* Lutz, 1913, *Culicoides (Hoffmania) insignis* Lutz, 1913, *Culicoides (Oecacta) barbosa* Wirth y Blanton, 1956, *Culicoides (Oecacta) furens* (Poey, 1851), *Culicoides (Oecacta) gorgasi* Wirth y Blanton, 1953, *Culicoides (Oecacta) hoffmani* Fox, 1946 y *Leptoconops (Holoconops) bequaerti* (Kieffer, 1925) (19). Con posterioridad se publicó la fauna cubana de Ceratopogonidae compuesta por 15 especies y otras cuatro con posibilidad de estar presentes en Cuba teniendo en cuenta su rango de distribución en la región (20). En Cuba no se tiene amplia información sobre estos insectos en la actualidad. En 2014, en la provincia Santiago de Cuba se demostró que *Leptoconops bequaerti* (Kieffer), fue la especie causante de las mayores afectaciones en personas por ataque de enjambres en una zona de estudio (21). Hasta la fecha, ninguna de estas especies se ha relacionado con la transmisión de VORO en la región. No obstante, no se descarta la posibilidad de introducción de otras especies de jevenes en los últimos tiempos.

Con relación a *Culex quinquefasciatus*, es una de las especies de mosquito más abundante en Cuba, cría todo el año con generaciones sucesivas, aunque es más abundante en las épocas de lluvia y fuertes calores (22, 23). Se han colectado sus larvas en toda la Isla, en depósitos naturales y artificiales permanentes o temporarios, ricos en materia orgánica como las fosas, arroyos y lagunas de oxidación con aguas albañales. También se han colectado sus larvas en cisternas con aguas salobres, huecos de los árboles, alcantarillas con aguas de desechos de los mataderos, en latas con agua de lluvia y por último se reporta, muy comúnmente, en los tanques de aguas limpias que, utilizan en las viviendas, asociada a las especies *Aedes aegypti* (Linnaeus, 1762),

Aedes mediiovittatus (Coquillett, 1906) y *Aedes albopictus* (Skuse, 1895) (23). En el ecosistema urbano, *Cx. quinquefasciatus*, muestra una extraordinaria capacidad adaptativa y alta plasticidad ecológica sobre los más diversos y posibles hábitats que el hombre le brinda (24). Las hembras son activas picadoras nocturnas urbanas que penetran en las habitaciones. Los adultos reposan durante el día en las paredes, roperos y lugares oscuros de las viviendas y en la vegetación de los sitios donde cría (23).

En la década de los 80 del siglo XX, se realizaron en Cuba estudios para determinar los hábitos de reposos intradomiciliarios de esta especie, así como, su actividad de picada nocturna, además de la influencia de varios factores ambientales sobre la población larval de la especie (25-27).

Por otra parte, en un estudio realizado en una localidad periurbana sobre determinación de fuentes de ingestas en este mosquito, se encontró que de un total de 941 ejemplares analizados 434 (46,2%) se habían alimentado sobre humanos (28).

Es importante destacar, que a *Cx. quinquefasciatus* se le atribuye tolerancia fisiológica a diferentes tipos de insecticidas y que en Cuba se han realizado varios estudios de susceptibilidad y/o resistencia a insecticidas y sus mecanismos, así como, de eficacia (29-34)

Aedes (Ochlerotatus) serratus, es una especie de distribución escasa y siempre asociada a la presencia de áreas donde predomine vegetación (35). Su presencia se ha reportado en Ciénaga de Zapata en Matanzas, también se colectaron varias larvas en 2001 en charcos con agua de lluvia en Las Terrazas, en la Sierra del Rosario, provincia de Pinar del Río (23). En 2012 se reportó su presencia en el municipio de Camajuaní, provincia Villa Clara (36). En La Habana en el período 2000-Agosto 2013 se identificó esta especie en el municipio Boyeros (37). En 2012 y 2015 se registró su presencia en Fomento y Trinidad, dos de los ocho municipios de la provincia Sancti Spiritus, considerándose una de las especies más raras o menos distribuidas dentro del ensamblaje de mosquitos (24, 38). Las hembras son picadoras persistentes que pican lo mismo de día como de noche.

Hasta la fecha, es una especie que no se reporta con frecuencia por el programa nacional de vigilancia y control de mosquitos del país u otros estudios relacionados con la actualización de especies de culícidos.

Formación y entrenamiento sobre entomología para ganar en capacidad de identificar nuevas especies de insectos son necesarios en el área del Caribe ya que en la mayoría de los países de la región carece de líneas de base de información al respecto o lo que se tiene ya data de muchos años atrás (2, 39). El primer reporte de *Aedes vittatus* (Bigot, 1861): en la República Dominicana y Cuba (39, 40) y el registro de *Ae. albopictus* en Jamaica (41), ocurrieron en los últimos cinco años y son pruebas de la necesidad de ampliar conocimientos en esta área de la transmisión de patógenos al hombre y los animales en la región.

Referencias Bibliográficas

1. Santos-Pereira R, Facci-Colangelo J, Assis-Souza PG, Ferreira de Carvalho LG, da Cruz-Nizer WS, Lima WG. Epidemiological aspects of the Oropouche virus (Orthobunyavirus) in South America: A systematic review. *Rev Colomb Cienc Quim Farm.* 2022;51(1):166-84
2. Ali I, Alarcón-Elbal PM, Mundle M, Noble SAA, Oura CAL, Anzinger JJ, et al. The Others: A Systematic Review of the Lesser-Known Arboviruses of the Insular Caribbean. *Viruses* 2023;15:843.
3. Oropouche en la Región de las Américas, (2 de febrero del 2024).
4. OPS. Evaluación de Riesgos para la salud pública relacionada con el virus Oropouche (OROV) en la Región de las Américas. 9 de febrero 2024.
5. OPS. Actualización epidemiológica-Oropouche en la Región de las Américas. 6 de marzo del 2024.
6. OPS. Actualización epidemiológica-Oropouche en la Región de las Américas. 12 de abril del 2024.
7. OPS. Alerta epidemiológica de Oropouche en la Región de las Américas. 9 de mayo del 2024
8. Zhang Y, Liu X, Wu Z, Feng S, Lu K, Zhu W. Oropouche virus: A neglected global arboviral threat. *Virus Reserches.* 2024;341(199318).
9. Romero-Alvarez D, Escobar LE, Auguste AJ, Del Valle SY, Manore CA. Transmission risk of Oropouche fever across the Americas Infections Diseases of Poverty. 2023;12(47).
10. Romero-Alvarez D, Escobar LE. Oropouche fever, an emergent disease from the Americas. *Microbes and Infection.* 2018;20(3):135-46.
11. Borkent, A. World species of biting midges (Diptera: Ceratopogonidae). American Museum of Natural History, New York. 2016 Available in: <http://www.inhs.illinois.edu/files/4514/6410/02/52/CeratopogonidaeCatalog.pdf>
12. Borkent A, Spinelli GR. Neotropical Ceratopogonidae (Diptera: Insecta). *Aquatic Biodiversity in Latin American.* 2007;4(1-200).
13. Organization PAHOWH. *Culicoides paraensis* breeding sites and options to combat them by organizing the environment. Washington, D.C.: PAHO/WHO; 1987.
14. Sakkas H, Bozidis P, Franks A, Papadopoulou CAAfhdouv. Oropouche Fever: A Review. *Viruses.* 2018;10(4).
15. Bauer F, Sternheim ML. *Culicoides paraensis* (Diptera: Ceratopogonidae) infestations in cities of the Itapocú River Valley, Southern Brazil. *Entomological News.* 2008;119(2):185-92.
16. Bonifay T, Le Turnier P, Epelboin Y, Carvalho L, De Thoisy B, Djossou F, et al. Review on Main Arboviruses Circulating on French Guiana, An Ultra-Peripheral European Region in South America. *Viruses.* 2023;15(1268).

17. Anderson CR, Spence L, Downs WG, Aitken TH. Oropouche virus: A new human disease agent from Trinidad, West Indies. *Am J Trop Med Hyg.* 1961;10:574-8.
18. Poey F. Studies on *Culicoides furens* (Poey) at vero Beach. *Mosquito News.* 1957;17(4):292-4
19. Gutsevich AV, García I, González R. Resultados del estudio sobre los jejenes hematófagos (Diptera: Ceratopogonidae) en Cuba. *Torreia.* 1969;16:3-8.
20. Alayo P, García I. Lista anotada de los dípteros de Cuba. La Habana: Editorial Científico-Técnica; 1983.
21. Castillo RM, Perez MG, Larrea LR, Gonzalez R, Figuredo D. *Leptoconops bequaerti* (Kieffer): un nuevo informe en la provincia de Santiago de Cuba. *MEDISAN.* 2014;18(5):652.
22. Pérez-Vigueras I. Los ixódidos y culícidos de Cuba. Su historia natural y médica.: Universidad de la Habana; 1956.
23. González R. Culícidos de Cuba (Diptera: Culicidae). La Habana: Editorial Científico-Técnica; 2006.
24. Fimia-Duarte R, Castañeda-López W, González-Gonzalez R, Fábrega-Obregón G, Iannacone J, Ramos-López-Silvero C, et al. Entomofauna of mosquitoes (Diptera: Culicidae) of Sancti Spíritus and Villa Clara provinces, Cuba. *The Biologist (Lima).* 2015;13(2):173-82.
25. Marquetti MC, A. BJ, Navarro A. Sitios de reposo de *Culex quinquefasciatus* Say, 1823 (Diptera: Culicidae). *Rev Cubana Med Trop.* 1986;38(1):38-48.
26. Marquetti MC, Bisset JA, Navarro A. Actividad de picada de *Culex quinquefasciatus* Say, 1823 (Diptera: Culicidae). *Rev Cubana Med Trop* 1986;38(2):171-8.
27. Marquetti MC, Bisset JA, Navarro A. Influencia de varios factores abióticos sobre la población larval de *Culex quinquefasciatus* Say, 1823. *Rev Cubana Med Trop.* 1986;38(3):281-8.
28. Castex M, Suárez E, Marquetti MC. Fuentes alimentarias de mosquitos en Niña Bonita, Cuba. *Rev Cubana Cienc Vet.* 2000;26(1):42-5.
29. Scorza JV. Observaciones bionómicas sobre *Culex pipiens fatigans* Wied, 1821 de Venezuela. Universidad de los Andes, Mérida. 1972:230.
30. Bisset JA, Díaz C, Rodríguez M, Marquetti MC. Modo de herencia de la resistencia a malation en *Culex quinquefasciatus* (Diptera:Culicidae). *Rev Cub Med Trop.* 1990;42(1):84-9.
31. Marquetti MC. Aspectos bioecológicos de importancia para el control de *Aedes aegypti* y otros culícidos en el ecosistema urbano. Ciudad de la Habana, Cuba2006
32. Bisset JA, Rodriguez MM, Diaz C, Ortiz E, Marquetti MC, Hemingway J. The mechanisms of organophosphate and carbamate resistance in *Culex quinquefasciatus* (Diptera: Culicidae) from Cuba. *Bulletin of Entomological Research.* 1990;80(3):245 - 50.
33. Bisset JA, Rodríguez MM, Hemingway J, Díaz C, Small GJ, Ortiz E. Malation and pyrethroid resistance in *Culex quinquefasciatus* from Cuba: efficacy of pirimifos-methyl in the presence of at least three resistance mechanisms. *Med Vet Entomol.* 1991;5:223-8.
34. Montada D, Castex M, Leyva M, Fuster CA. Persistence and efficacy of Sumilarv 0.5 G (Pyriproxifen) an insect growth regulator in laboratory and field conditions for *Aedes aegypti* and *Culex quinquefasciatus* control in Cuba. *J Pesticides and Biofertilizers.* 2019.
35. García I. Fauna cubana de mosquitos y sus criaderos típicos. La Habana 1977.
36. López I, Pérez AM, Palmero PE, Lagos M. Principales taxones de culícidos con interés sanitario detectados en los municipios de Camajuaní y Remedios. *REDVET.* 2012;13(5):1-5.

INFLUENZA AVIAR A(H5N1), ESTADOS UNIDOS DE AMÉRICA(1,2)

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

El 1 de abril de 2024, el Centro Nacional de Enlace para el RSI de los Estados Unidos de América notificó a la Organización Mundial de la Salud (OMS) un caso de infección humana por virus de la gripe A(H5N1) confirmado mediante pruebas de laboratorio.

✓ El paciente desarrolló los síntomas el 27 de marzo y conjuntivitis y tenía antecedentes de exposición a ganado lechero (vacas) presuntamente infectado con el virus de la gripe A(H5N1).

✓ Es el segundo caso humano confirmado de gripe A(H5N1) detectado en el país.

✓ También parece ser la primera infección humana por A(H5N1) que se ha adquirido por contacto con un mamífero infectado, aunque ya se habían producido otras infecciones humanas por otros subtipos de gripe a partir de mamíferos.

✓ No se han identificado casos adicionales de infección humana por gripe A(H5N1) asociados a este. Dado que el virus no ha adquirido mutaciones que faciliten la transmisión entre humanos.

El 30 de mayo del 2024, los CDC notificaron que se identificó otro caso en un ser humano de infección por el virus A(H5) de la HPAI (Forma altamente patógena de la influenza aviar) en Michigan.

✓ Este es el **tercer caso en seres humanos** asociado con un brote en curso del virus A(H5N1) en vacas lecheras en varios estados de los EE. UU.[1]

✓ Al igual que los dos casos anteriores (uno en Texas, otro en Michigan), se trata de un trabajador de una granja lechera que estuvo expuesto a vacas lecheras, por lo que es otro caso de una probable propagación de vaca a persona.

Con base en la información disponible hasta el momento, este caso no modifica la evaluación actual del riesgo para la salud humana de la influenza aviar A(H5N1) de los CDC para el público general de los EE. UU porque los tres casos esporádicos tuvieron contacto directo con

- El genoma de la cepa humana tenía un cambio (PB2 E627K) que está asociado a la adaptación viral a hospedadores mamíferos, y que se ha detectado antes en personas y otros mamíferos

vacas infectadas.

En relación con la salud animal, el USDA informa casos confirmados de infecciones por el virus A(H5N1) en **68 rebaños de vacas lecheras de nueve estados** en los EE. UU

La OMS considera que **el riesgo de salud pública que supone este virus para la población en general es bajo**, mientras que para las personas expuestas por motivos laborales el riesgo de infección se considera de bajo a moderado (sobre la base de la información disponible).

Análisis de las secuencias genéticas de los virus de influenza aviar A(H5N1) altamente patógenos en Texas (2 de abril del 2024)

Los CDC (7/6/24) realizaron la secuenciación del genoma del virus de la influenza identificado en una muestra que se tomó del paciente en Texas infectado por el virus de la influenza aviar A(H5N1) altamente patógeno ["A(H5N1) de la HPAI"] y se comparó con las secuencias del virus A(H5N1) de la HPAI de ganado vacuno, aves silvestres y aves de corral. Se confirmó que las secuencias del virus **son A(H5N1) de la HPAI del clado HA 2.3.4.4b** con cada segmento genético individual estrechamente relacionado con virus detectados en ganado lechero disponibles en las pruebas del USDA en Texas.

- El genotipo fue clasificado como B3.13 y se corresponde con el mismo genotipo descrito por el USDA para el virus detectado en el ganado de Texas.

- Aunque se identificaron cambios mínimos en la secuencia del virus de la muestra del paciente en comparación con las secuencias virales del ganado vacuno, tanto las secuencias del ganado vacuno como las humanas mantienen características genéticas aviares y, en su mayor parte, carecen de cambios que mejorarían su adaptación para infectar a mamíferos.

- Otros virus con este genotipo se han detectado esporádicamente en aves silvestres, aves de corral y un zorrillo desde noviembre del 2023 en los EE. UU

infectados por el virus de la influenza aviar A(H5N1) de la HPAI y otros subtipos de influenza aviar (p. ej., H7N9), pero sin evidencia de propagación entre las personas.

Los virus pueden sufrir cambios en un organismo hospedador mientras se replican luego de la infección.

- La prueba de diagnóstico RT-PCR en tiempo real de los CDC utilizada para la detección del virus A(H5) en muestras humanas no se ha visto afectada por los cambios genéticos en los virus de genotipo B3.13

- Además, no se detectaron indicadores asociados a la resistencia antiviral a la influenza en las secuencias del virus de la muestra del paciente y el virus está estrechamente relacionado con dos virus de vacuna experimental contra la forma altamente patógena de la influenza aviar A(H5N1) que ya están a disposición de los fabricantes y que podrían utilizarse para fabricar la vacuna si fuera necesario. En conjunto, los análisis epidemiológicos y genómicos virales detectaron que este caso representa un evento zoonótico único, y que, aunque la HA carecía de cambios que podrían mejorar la transmisión a los mamíferos, adquirió sustituciones en PB2 que podrían mejorar la replicación en los mamíferos, lo que significa que debemos permanecer atentos y seguir caracterizando los virus zoonóticos. En general, el análisis genómico del virus en este caso humano no cambia la evaluación de riesgo de los CDC con relación a los virus A(H5) de la HPAI del clado 2.3.4.4b. El riesgo general para la salud humana asociado a los brotes de A(H5) de la HPAI en curso en aves de corral y detecciones en aves silvestres y ganado se mantiene bajo.

Referencias Bibliográficas.

1. GenoFLU. GitHub – USDA-VS/GenoFLU: Influenza data pipeline to automate genotyping assignment United States of America - Influenza A viruses of high pathogenicity (Inf. with) (non-poultry including wild birds) (2017-Follow up report 44. <https://wahis.woah.org/#/in-review/4451?fromPage=event-dashboard-url>

2. World Health Organization. 2024. Genetic and antigenic characteristics of zoonotic influenza A viruses and development of candidate vaccine viruses for pandemic preparedness. February

2024.[https://cdn.who.int/media/docs/default-source/influenza/who-influenza-recommendations /vcm-northern-hemisphere-recommendation-2024-](https://cdn.who.int/media/docs/default-source/influenza/who-influenza-recommendations/vcm-northern-hemisphere-recommendation-2024-2025/202402_zoonotic_vaccinivirusupdate.pdf?sfvrsn=70150120_4)

[2025/202402_zoonotic_vaccinivirusupdate.pdf?sfvrsn=70150120_4](https://cdn.who.int/media/docs/default-source/influenza/who-influenza-recommendations/vcm-northern-hemisphere-recommendation-2024-2025/202402_zoonotic_vaccinivirusupdate.pdf?sfvrsn=70150120_4)

3. Stech O, Veits J, Abdelwhab EM, Wessels U, Mettenleiter TC, Stech J. 2015. The Neuraminidase Stalk Deletion Serves as Major Virulence Determinant of H5N1 Highly Pathogenic Avian Influenza Viruses in Chicken. *Sci Rep* 5:13493.

4. Naguib MM, Arafa AS, El-Kady MF, Selim AA, Gunalan V, Maurer-Stroh S, Goller KV, Hassan MK, Beer M, Abdelwhab EM, Harder TC. 2015. Evolutionary trajectories and diagnostic challenges of potentially zoonotic avian influenza viruses H5N1 and H9N2 co-circulating in Egypt. *Infect Genet Evol* 34:278-91.

5. Zhou H, Yu Z, Hu Y, Tu J, Zou W, Peng Y, Zhu J, Li Y, Zhang A, Yu Z, Ye Z, Chen H, Jin M. 2009. The special neuraminidase stalk-motif responsible for increased virulence and pathogenesis of H5N1 influenza A virus. *PLoS One* 4:e6277.

6. Bortz E, Westera L, Maamary J, Steel J, Albrecht RA, Manicassamy B, Chase G, Martínez-Sobrido L, Schwemmle M, García-Sastre A. Host- and strain-specific regulation of influenza virus polymerase activity by interacting cellular proteins. *mBio*. 2011 Aug 16;2(4):e00151-11. doi: 10.11/mBio.00151-PMID: 21846828; PMCID: PMC3157893. 2. 3. 4. 5. 6. 7.

7. Min JY, Santos C, Fitch A, Twaddle A, Toyoda Y, DePasse JV, Ghedin E, Subbarao K. Mammalian adaptation in the PB2 gene of avian H5N1 influenza virus. *J Virol*. 2013 Oct;87(19):10884-8. doi: 10.11/JVI.01016-13. Epub 2013 Jul 17. PMID: 23864613; PMCID: PMC3807384.

8. Le QM, Sakai-Tagawa Y, Ozawa M, Ito M, Kawaoka Y. Selection of H5N1 influenza virus PB2 during replication in humans. *J Virol*. 2009 May;83(10):5278-81. doi: 10.11/JVI.00063-09. Epub 2009 Mar 4. PMID: 19264775; PMCID: PMC2682078. 1. 8. 9.

**Cuba, Enfermedades de Declaración Obligatoria (EDO) Seleccionadas.
Número de casos en la semana y acumulados hasta: 25/05/2024**

ENFERMEDADES	EN LA SEMANA		ACUMULADOS		TASAS	
	2023	2024	2023	2024	2023	2024*
FIEBRE TIFOIDEA	-	-	-	-	-	-.**
SHIGELLOSIS	1	2	21	52	0.58	1.44
D. AMEBIANA AGUDA	-	-	2	-	0.02	0.02**
TUBERCULOSIS	11	25	255	401	5.42	8.55
LEPRA	3	4	65	59	1.15	1.04
TOSFERINA	-	-	-	-	-	-.**
ENF. DIARREICAS AGUDAS	2899	3592	37081	54872	1133.28	1682.91
M. MENINGOCÓCCICA.	-	-	1	2	0.06	0.13
MENINGOCOCCEMIA	-	-	-	-	0.01	0.01**
TÉTANOS	-	-	-	-	-	-.**
MENINGITIS VIRAL	72	29	675	778	26.25	30.36
MENINGITIS BACTERIANA	8	5	116	89	2.33	1.79
VARICELA	217	290	7874	6207	97.12	76.83
SARAMPIÓN	-	-	-	-	-	-.**
RUBÉOLA	-	-	-	-	-	-.**
HEPATITIS VIRAL	23	26	392	521	8.35	11.14
PAROTIDITIS	-	-	-	-	-	-.**
PALUDISMO IMPORTADO	-	-	1	6	0.03	0.16
LEPTOSPIROSIS	2	2	26	77	1.15	3.41
SÍFILIS	177	180	4053	3237	74.03	59.33
BLENORRAGIA	31	77	639	959	14.57	21.94
INFECC. RESP. AGUDAS	67818	49636	1236257	1154481	25422.15	23824.13

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>