



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:

Estados Unidos de América: la influenza aviar H5N1 en humanos, una preocupación epidemiológica.....	361
Variantes SARS-COV-2 de interés y variantes bajo vigilancia (1).....	363
La OMS apoya a la República Democrática del Congo para que redoble sus esfuerzos para diagnosticar una enfermedad de origen desconocido en una zona remota.....	366
Tablas:.....	367

ESTADOS UNIDOS DE AMÉRICA: LA INFLUENZA AVIAR H5N1 EN HUMANOS, UNA PREOCUPACIÓN EPIDEMIOLÓGICA.

Elaborado por: Dra. Suset Oropesa. CIDR, Departamento de Virología. Instituto Pedro Kouri *
(A partir de informaciones del CDC/ Atlanta, Estados Unidos de América ⁽¹⁾)

Desde el 2022 se expande entre aves de corral de Estados Unidos de América la influenza H5N1. Ya alcanza una magnitud importante y se valora como una situación epidémica. Ahora se detecta en el ganado vacuno. Con carácter creciente se reportan casos esporádicos entre humanos. Un primer caso se detectó en el 2022.

Durante el año en curso suman 58. El caso del 2022 tuvo su fuente de infección en aves de corral y sólo reportó síntomas leves. Los casos del 2024 tienen dos fuentes de infección principales, 21 desde aves de corral y 35 del ganado vacuno. Los casos en humanos se detectan en 7 estados (11 en Washington, 32 en California, 10 en Colorado y con cifras bajas Michigan 2 para cerrar con 1 en Oregón, Texas y Missouri) ⁽²⁾. Todo indica que en este

brote se ha identificado el primer caso H5N1 en humano infectado por ganado vacuno a escala mundial.

No se ha detectado caso de transmisión del H5N1 de humano a humano. El riesgo para la salud humana el CDC de Atlanta lo mantiene con calificación baja y reconoce el riesgo de infección entre las personas relacionadas con animales infectados.

Datos Clínicos

Los trabajadores de granjas en California y el estado de Washington notificaron síntomas leves, en su mayoría enrojecimiento o secreción ocular (conjuntivitis). Algunos trabajadores en Washington que dieron resultado positivo notificaron síntomas leves de las vías respiratorias superiores. Ninguno de los trabajadores tuvo que ser hospitalizado.

Estudios genómicos

La secuenciación genética de tres de estos casos confirma que todos son virus de influenza aviar A(H5N1) del clado 2.3.4.4b, todos estrechamente relacionados con los virus que causan infecciones en las aves de corral en la granja donde se originó la infección. No mostraron mutaciones que generaran preocupaciones relacionadas con la gravedad de la enfermedad o la adaptabilidad a los seres humanos. Las secuencias parciales de otros tres casos en Washington (A/Washington/239/2024, A/Washington/240/2024, A/Washington/247/2024) mostraron una relación estrecha de la hemaglutinina (HA) de estos con los candidatos para vacunas aviar y la inexistencia de cambios en la HA asociados a un mayor nivel de contagio o transmisibilidad entre personas. Además, no se encontraron mutaciones asociadas a una menor susceptibilidad a los tratamientos disponibles con inhibidor de la neuraminidasa y no se identificaron mutaciones en otros genes que indicaran una adaptación adicional a mamíferos. Los datos genéticos se encuentran publicados en GISAID y GenBank.

El CDC desarrolla la caracterización antigénica y las pruebas de susceptibilidad antiviral. La caracterización antigénica demostrará si los virus candidatos para la vacuna contra la influenza aviar H5 existentes ofrecerían una buena inhibición de estos virus.

Transmisión en el laboratorio del H5N1⁽³⁾

Se desarrolló un estudio para investigar los efectos en hurones de un virus de influenza aviar A(H5N1) aislado de un caso en humano en los Estados Unidos. Sus resultados han sido importantes para las evaluaciones de riesgo sobre este brote. Incluyó 12 animales contagiados con la cepa (A/Texas/37/2024) aislada de humano. Todos experimentaron una enfermedad grave y fatal. El virus se transmitió de manera eficiente de hurones infectados a hurones sanos en presencia de contacto directo y, de forma menos eficiente, a través de

fómites y gotitas respiratorias. Los hallazgos preliminares de este estudio compartidos por primera vez en junio del 2024, fueron fundamentales para informar las evaluaciones iniciales de riesgo relacionadas con este brote.

Actualización de la vigilancia

En Estados Unidos se continúa el monitoreo los datos bajo una estrategia de vigilancia mejorada de la influenza 2024-2025, en especial, en áreas donde se detectaron virus de influenza aviar A(H5N1) en vacas lecheras y otros animales, con el objetivo de detectar tendencias inusuales, incluidas enfermedades similares a la influenza, conjuntivitis o actividad del virus de la influenza.

Los sistemas de vigilancia de la influenza de los CDC no muestran indicadores de actividad inusual de la influenza en personas.

Un caso de alto interés, detección del H5N1 en cerdo

El miércoles 30 de octubre del 2024, el Departamento de Alimentación de los EE. UU notificó una infección por virus de influenza aviar A(H5N1) en un cerdo dentro de una granja en Oregón. Esta es la primera vez que se notifica una infección por influenza aviar H5 en un cerdo en los Estados Unidos. **Esta situación la siguen entre varias instituciones de ese país bajo en el enfoque una sola salud.** El descubrimiento de un virus de influenza aviar en una nueva especie de mamífero siempre es motivo de preocupación, especialmente cuando el virus se detecta en cerdos, susceptibles a los virus de influenza que circulan en humanos, aves y otras especies. Por esta razón, en el cerdo puede ocurrir la infección de dos (o más) subtipos o tipos de influenza al mismo tiempo en un solo organismo hospedador con la posibilidad de producirse un intercambio de genes en un proceso llamado reagrupamiento o reordenamiento genético ⁽⁴⁾. En el pasado, se han producido eventos de reagrupamiento en cerdos para originar cepas pandémicas de influenza, entre ellas la causante de la pandemia de influenza A(H1N1) del 2009 ⁽⁵⁾.

* Dra.Suset Oropesa. CIDR, Departamento de Virología. Instituto Pedro Kourí (2)

Bibliografía

1. Centers for Disease Control and Prevention (CDC). Avian Influenza A (H5N1) – United States of America. WHO Disease Outbreak News. 2024. Disponible en: <https://www.who.int/es/emergencies/diseases-outbreak-news/item/2024-DON512>.

2. Centers for Disease Control and Prevention (CDC). Influenza aviar H5: situación actual. [Internet]. Disponible en: <https://espanol.cdc.gov/bird-flu/situation-summary/index.html>.

3. Pulit-Penalzo JA, et al. Transmission of a human isolate of clade 2.3.4.4b A(H5N1)

virus in ferrets. Nature. 2024; 616: 789-794. doi: <https://doi.org/10.1038/s41586-024-08246-7>.

4. Markin A, et al. Risks of emerging pandemic influenza strains in pigs. PLOS Pathogens. 2023; 19(8): e122345. doi: <https://doi.org/10.1371/journal.ppat.122345>.

5. Trilla A. El virus de la gripe aviar H5N1 y el ganado vacuno lechero: ¿un peligro real y actual? Real Instituto Elcano. 2024. Disponible en: <https://www.realinstitutoelcano.org/comentarios/el-virus-de-la-gripe-aviar-h5n1-y-el-ganado-vacuno-lechero-un-peligro-real-y-actual>.

VARIANTES SARS-COV-2 DE INTERÉS Y VARIANTES BAJO VIGILANCIA (1).

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

Difusión geográfica y prevalencia

- Entre el 16 de septiembre y el 13 de octubre de 2024, se compartieron 24 694 secuencias de SARS-CoV-2.
 - En los dos periodos anteriores de 28 días se compartieron 39 101 y 46 631 secuencias, respectivamente.
 - En seguimiento de varias variantes, entre ellas:
- Variantes de interés (VOI): BA.2.86 y JN.1
 - Variantes en seguimiento (VUM): JN.1.7, JN.1.18, KP.2, KP.3, KP.3.1.1, LB.1 y XEC.

Lineage*	Countries§	Sequences§	2024-38	2024-39	2024-40	2024-41
VOIs						
BA.2.86	106	24398	0.2	0.1	-	-
JN.1	144	276377	17.2	15.3	14.0	12.2
VUMs						
JN.1.7	70	9608	0.1	0.1	0.1	-
KP.2	85	31333	7.0	4.7	3.5	2.9
KP.3	74	51545	13.0	12.1	11.7	10.9
KP.3.1.1	64	46878	45.2	49.1	50.1	51.1
JN.1.18	97	7321	1.9	1.9	1.4	2.1
LB.1	79	14966	4.6	3.5	2.8	1.7
XEC	42	5199	8.9	11.5	14.9	17.2
Recombinant	145	492509	1.9	1.8	1.6	1.8
Unassigned	66	4100	0.1	0.0	-	-
Others	92	12452	0.0	0.1	0.1	0.0

Tabla 6. Prevalencia semanal de VOIs y VUMs de SARS-CoV-2, semana 38 a semana 41 de 2024

Número de países que notificaron VOI y VUM, y su prevalencia desde la semana epidemiológica 16 a 22 de septiembre hasta la semana del 7 a 13 de octubre. Las VOI y VUM con tendencias crecientes se resaltan en amarillo, las estables en azul y las decrecientes en verde.

Distribución por países

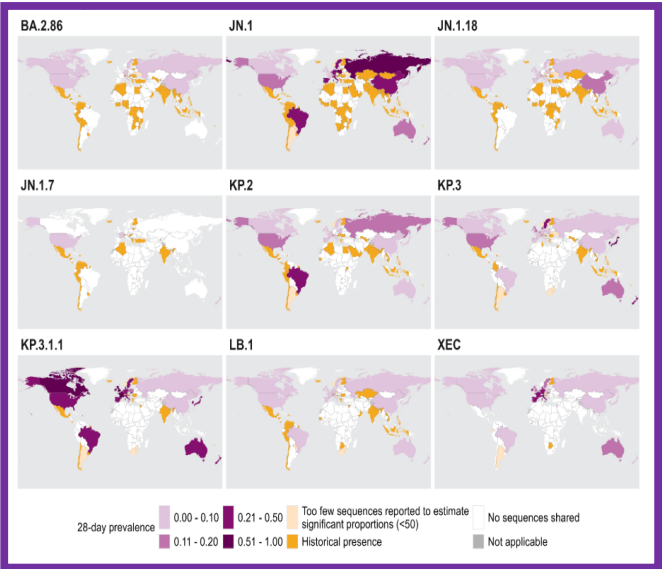
- JN.1 es el VOI más notificado (por 144 países), representando el 12,2% de las secuencias en la semana 41 y habiendo disminuido desde una prevalencia del 17,2% en la semana 38 (Figura 12, Tabla 6).
 - ✓ Su linaje parental, BA.2.86, mantiene prevalencia muy baja, representando el 0,1 y -0,2% de las secuencias en cada semana.
- Las siete VUM de la lista son todos linajes descendientes de JN.1. KP.3.1.1 y XEC (la VUM más reciente de la lista) muestran una prevalencia creciente a nivel mundial,

a ritmos diferentes, todas las demás están disminuyendo.

- ✓ KP.3 representaba el 10,9% de las secuencias en la semana 41 frente al 13,0% en la semana 38,
- ✓ KP.2 representaba el 2,9% de las secuencias en la semana 41 frente al 7,0% en la semana 38, no había secuencias
- ✓ JN.1.7 en la semana 41 frente al 0,1% en la semana 38, JN.1 .18 representó el 2,1% de las secuencias en la semana 41 frente al 1,9% en la semana 38,
- ✓ LB.1 representó el 1,7% en la semana 41 frente al 4,6% en la semana 38, KP.3.1.1 representó el 51,1% de las secuencias en la semana 41 frente al 45,2% en la semana 38, y XEC el 17,2% de las secuencias en la semana 41 frente al 8,9% en la semana 38.

Dinámica de KP.3.1.1 y XEC, con notables diferencias regionales (Figura 11). (Entre las semanas 38 y 41)

Figura 11. Prevalencia global a 28 días de VOIs (BA.2.86 y JN.1) y VUMs (JN.1.18, JN.1.7, KP.2, KP.3, KP.3.1.1, LB.1, y XEC), del 16 de septiembre al 13 de octubre de 2024*.



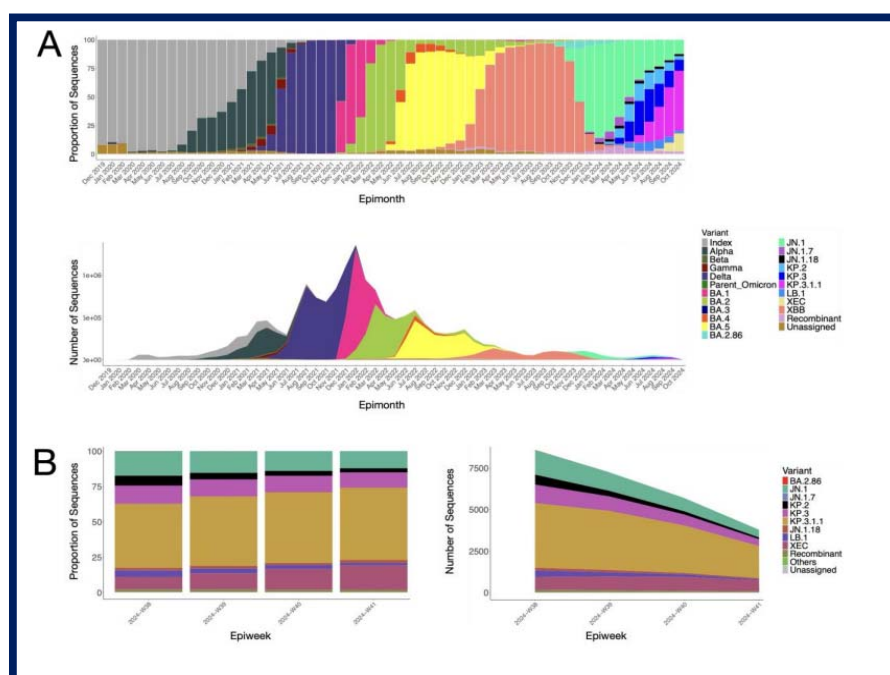
* Periodo de notificación para tener en cuenta el retraso en el envío de secuencias a GISAID.
+ Presencia histórica indica los países que han notificado anteriormente secuencias de VOI y VUM pero no se han notificado en el período comprendido entre el 19 de agosto y el 15 de septiembre de 2024

- **KP.3.1.1** con fuerte crecimiento en la región de las Américas (10,6%) y la región del Pacífico Occidental (10,0%), y un ligero descenso en la región de Europa (1,8%).
- **XEC** aumentos en las tres regiones: 8,5% en la región de las Américas, 7,0% en la región de Europa y 7,4% en la región del Pacífico Occidental.

Nota: Dado que las tasas de realización de pruebas y secuenciación están disminuyendo en todo el mundo (figura 12), cada vez es más difícil estimar el impacto en la gravedad de las variantes emergentes del SARS-CoV-2.

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

Figura 12. Distribución de las variantes del SARS-CoV-2 en los datos de secuencias disponibles de diferentes periodos de tiempo.



En la figura 12. (A) La proporción (panel superior) y el número (panel inferior) de secuencias pertenecientes a cada variante principal de SARSCoV-2 en cada mes desde el inicio de la pandemia.

(B) La proporción (panel izquierdo) y el número (panel derecho) de secuencias pertenecientes a cada variante de SARS-CoV-2 en cada semana desde el 16 de septiembre hasta el 13 de octubre de 2024.

Las variantes mostradas incluyen todos los linajes descendientes, excepto el linaje o linajes descendientes que se enumeran por separado, por ejemplo KP.3 incluye todos los

linajes que descienden de KP.3 con la excepción de KP.3.1.1 y sus sublinajes descendientes que se incluyen en KP.3.1.1. La categoría Sin asignar incluye linajes pendientes de una PANGO,

Recombinante incluye todos los linajes recombinantes de SARS-CoV-2 no listados aquí, y la categoría Otros incluye linajes asignados pero no enumerados aquí.

Fuente: Datos de la secuencia del SARS-CoV-2 y metadatos de GISAID, del 16 de septiembre al 13 de octubre de 2024, descargados el 31 de Octubre de 2024.

Referencias.

1. COVID-19 Epidemiological Update Edition 173 published 06 November 2024
2. https://www.who.int/docs/default-source/coronaviruse/situation-reports/covid_19_epi_update_173.pdf
3. Elaborado por: Dra. Suset Oropesa. CIDR, Departamento de Virología. Instituto Pedro Kourí (2

Additional resources

- Tracking SARS-CoV-2 Variants

- WWHO statement on updated tracking system on SARS-CoV-2 variants of concern and variants of interest
- SSARS-CoV-2 variant risk evaluation framework, 30 August 2023
- WWHO JN.1 Updated Risk Evaluation, 9 February 2024 • WHO BA.2.86 Initial Risk Evaluation, 21 November 2023

LA OMS APOYA A LA REPÚBLICA DEMOCRÁTICA DEL CONGO PARA QUE REDOBLE SUS ESFUERZOS PARA DIAGNOSTICAR UNA ENFERMEDAD DE ORIGEN DESCONOCIDO EN UNA ZONA REMOTA.

9 diciembre 2024. La Organización Mundial de la Salud (OMS) está enviando expertos para ayudar a las autoridades sanitarias de la **República Democrática del Congo** a realizar más investigaciones para determinar la causa de una **enfermedad aún no diagnosticada** que se ha notificado en Panzi, una localidad de la provincia de Kwango, en el suroeste del país. Se están realizando pruebas de laboratorio para determinar la causa.

Los expertos de la OMS se unieron al Equipo Nacional de Respuesta Rápida de ese país y están de camino a Panzi. El equipo está formado por epidemiólogos, médicos, técnicos de laboratorio y expertos en prevención y control de infecciones y comunicación de riesgos. Un equipo local inicial de la OMS ha estado apoyando a las autoridades sanitarias de Kwango desde finales de noviembre para reforzar la vigilancia de la enfermedad e identificar los casos. Los expertos que se están desplegando también están entregando medicamentos esenciales, kits de diagnóstico y de recolección de muestras para ayudar a analizar y determinar rápidamente la causa de la enfermedad. El equipo se centrará tanto en reforzar las medidas de respuesta, como en la investigación epidemiológica y la recolección de muestras para realizar pruebas, la búsqueda activa de casos, el tratamiento y las actividades de concienciación pública. El equipo también trabajará con los líderes comunitarios para apoyar la vigilancia de la enfermedad y

promover medidas para prevenir la infección e identificar y notificar más casos.

«Nuestra prioridad es brindar un apoyo efectivo a las familias y comunidades afectadas. Se están realizando todos los esfuerzos para identificar la causa de la enfermedad, comprender sus modos de transmisión y garantizar una respuesta adecuada lo más rápidamente posible», dijo el Dr. Matshidiso Moeti, Director Regional de la OMS para África.

Según el Ministerio de Salud Pública, hasta ahora se han notificado 394 casos y 30 muertes en la zona sanitaria de Panzi. Los síntomas de la enfermedad incluyen **dolor de cabeza, tos, fiebre, dificultad para respirar y anemia**. Hasta que se reciban los resultados de las pruebas de laboratorio, la causa no está clara. Panzi es una comunidad rural ubicada a más de 700 km de la capital, Kinshasa.

El acceso por carretera es difícil y la red de comunicaciones es limitada. Hasta ahora, la enfermedad se ha notificado en siete de las 30 zonas sanitarias de la provincia de Kwango. La mayoría de los casos se notifican en tres de las siete zonas sanitarias afectadas. Se está investigando un patógeno respiratorio como la gripe o la COVID-19 como posible causa, así como la malaria, el sarampión y otros.

La **OMS compartirá más información** sobre los esfuerzos para identificar la enfermedad tan pronto como esté disponible.

Fuente: OMS África. Noticias

Enfermedades de Declaración Obligatoria: Tuberculosis.
Número de casos en la semana y acumulados hasta: 16/11/24

PROVINCIAS	CASOS DE LA SEMANA		CASOS ACUMULADOS		TASAS ACUMULADAS	
	2023	2024	2023	2024	2023	2024 *
PINAR DEL RIO	-	1	51	55	9.02	9.78
ARTEMISA	3	-	7	8	1.76	2.00
MAYABEQUE	-	-	17	61	4.47	16.00
LA HABANA	5	7	92	177	4.93	9.51
MATANZAS	-	1	27	29	4.38	4.68
VILLA CLARA	1	-	49	40	7.08	5.81
CIENFUEGOS	-	-	27	30	8.23	9.19
S. SPIRITUS	-	1	20	14	5.01	3.52
CIEGO DE AVILA	-	-	38	21	10.29	5.67
CAMAGÜEY	-	1	21	28	2.91	3.90
LAS TUNAS	1	-	13	31	2.64	6.34
HOLGUIN	1	3	38	33	3.96	3.47
GRANMA	-	-	35	59	5.08	8.65
SANTIAGO DE CUBA	1	2	77	129	8.38	14.10
GUANTANAMO	-	-	23	20	5.19	4.55
ISLA DE LA JUVENTUD	-	-	2	3	2.39	3.63
CUBA	12	16	537	738	5.42	7.47

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: 27/11/24

TIPOS DE BROTES	SEMANAS		BROTES ACUMULADOS		TASA ACUMULADA	
	2023	2024	2023	2024	2023	2024
Alimentos	1	1	63	58	0.57	0.53
Ciguatera *	-	-	19	13	0.17	0.12
Hepatitis viral **	1	-	13	24	0.12	0.22
EDA	-	-	3	2	0.03	0.02
IRA	-	-	30	24	0.27	0.22
Agua	-	-	2	1	0.02	0.01
Varicela	-	-	41	48	0.37	0.43

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: 16/11/24

ENFERMEDADES	EN LA SEMANA		ACUMULADOS		TASAS	
	2023	2024	2023	2024	2023	2024*
FIEBRE TIFOIDEA	-	-	-	-	-	-**
SHIGELLOSIS	1	2	58	115	0.58	1.15
D. AMEBIANA AGUDA	-	-	2	-	0.02	0.02**
TUBERCULOSIS	12	16	537	887	5.42	8.98
LEPRA	2	3	116	142	1.15	1.41
TOSFERINA	-	-	-	-	-	-**
ENF. DIARREICAS AGUDAS	2507	2990	113641	147904	1133.28	1480.16
M. MENINGOCÓCCICA.	-	-	7	6	0.06	0.05
MENINGOCOCEMIA	-	-	1	-	0.01	0.01**
TÉTANOS	-	-	-	-	-	-**
MENINGITIS VIRAL	117	13	2433	1677	26.25	18.16
MENINGITIS BACTERIANA	5	3	237	217	2.33	2.14
VARICELA	116	71	10145	8378	97.12	80.49
SARAMPIÓN	-	-	-	-	-	-**
RUBÉOLA	-	-	-	-	-	-**
HEPATITIS VIRAL	15	41	834	1126	8.35	11.31
PAROTIDITIS	-	-	-	-	-	-**
PALUDISMO IMPORTADO	-	-	3	10	0.03	0.09
LEPTOSPIROSIS	8	-	94	149	1.15	1.82
SÍFILIS	140	118	7693	6953	74.03	67.15
BLENORRAGIA	35	43	1439	2356	14.57	23.94
INFECC. RESP. AGUDAS	55924	48612	2540184	2293385	25422.15	23033.01

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>