



BOLETÍN EPIDEMIOLÓGICO SEMANTAL

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:

Variantes genéticas de <i>Aedes aegypti</i> (diptera: culicidae) como herramienta para el diseño de estrategias de control eficaces.....	57
Acercas del Boletín Epidemiológico Semanal. IPK.....	62
Tablas:.....	63

VARIANTES GENÉTICAS DE *Aedes aegypti* (DIPTERA: CULICIDAE) COMO HERRAMIENTA PARA EL DISEÑO DE ESTRATEGIAS DE CONTROL EFICACES.

Autores: María del Carmen Marquetti,¹ Andrés Bisset,² Luis Piedra,¹ Eric Camacho¹ Jorge Fraga³

¹ Departamento Control de Vectores. Centro de Investigaciones Diagnóstico y Referencia, Instituto Medicina Tropical Pedro Kouri (IPK)

² Hospital General Docente Enrique Cabrera.

³ Departamento de Ciencia y Tecnología, Instituto Medicina Tropical Pedro Kouri (IPK)

Aedes aegypti (Linneaus, 1762) es considerado el principal vector de arbovirus como el dengue, chikungunya, Zika entre otros (Powell, 2018). Este mosquito es nativo de África y llegó a las Américas en el siglo XVI, presumiblemente durante la trata de esclavos. Los registros históricos de su presencia datan desde hace más de un siglo, reportándose por primera vez en el siglo XIX como vector de la fiebre amarilla (Finlay, 1881). Desde entonces, se ha extendido a la mayoría de las regiones tropicales y subtropicales de las Américas y Asia (Powell et al., 2018). Con la ayuda del movimiento humano y el comercio moderno, junto con los cambios en el clima global, las nuevas introducciones de *Ae. aegypti* en

regiones del mundo son más frecuentes. Como consecuencia, las poblaciones se están estableciendo en nuevas áreas más allá de lo que antes se creía que era el límite de *Ae. aegypti* y poblaciones geográficamente distantes entran en contacto e introducen variantes genéticas que pueden aumentar la aptitud en las condiciones ambientales locales, como aquellas que promueven la resistencia a los insecticidas, la tolerancia al frío o la resistencia a la desecación, así como, en su capacidad vectorial (Powell 2018). Tanto la resistencia a insecticidas como la capacidad vectorial del vector son aspectos donde el conocimiento sobre la genética del mosquito juega un papel fundamental (Powell 2018).

El control de *Ae. aegypti* en Cuba y a nivel mundial se sustenta principalmente en la reducción de sus poblaciones mediante la utilización de insecticidas químicos para detener la transmisión de arbovirus en ausencia de la lentitud de la introducción, distribución y disponibilidad de una vacuna a nivel mundial (Nájera y Zaim (2001); McCarroll y Hemingway (2002); (Thompson et al., 2020); (Bisset et al., 2021). Entre los insecticidas utilizados se encuentran los piretroides, un grupo de insecticidas sintéticos de alta eficacia y baja toxicidad aguda para los vertebrados, lo que garantiza que sigan siendo la primera opción para el control de vectores basado en productos químicos (Baldacchino et al., 2015). Sin embargo, debido al persistente uso generalizado de insecticidas piretroides, las poblaciones resistentes de mosquitos se han convertido en una gran preocupación, en particular con respecto a aquellas especies con mayor impacto en la salud pública, como *Ae. aegypti* (Moyes et al., 2017). Existen informes de desarrollo de resistencia en este mosquito a estos insecticidas relacionadas con posibles variantes genéticas en varias regiones del mundo, como África (Kamgang et al., 2017), América del Sur y Central (Rodríguez et al., 20017) y América del Norte (Kandel et al., 2019). Por su parte, la capacidad vectorial puede expresarse de manera diferente entre cepas de mosquitos o entre especies cercanamente relacionadas, ya que se sabe que dicha capacidad se determina genéticamente en poblaciones diferentes. Esta característica hace que *Ae. aegypti* sea una especie compleja en el sentido de que presenta variaciones morfológicas, fisiológicas y de conducta mucho mayores que la mayoría de otros insectos Tabachnick y Powell (1979).

Durante las últimas tres décadas del siglo XX innumerables estudios de genética de poblaciones se han llevado a cabo con poblaciones naturales de *Ae. aegypti* de las diferentes regiones del mundo, utilizando múltiples marcadores moleculares. Estos estudios han proporcionado información sobre estructura de la población, las tasas de dispersión en la micro y macro-geografía, demostrando que el ambiente, los factores sociales y las intervenciones humanas afectan a

la estructura de la población de este vector (Griffithset al., 1999). Los primeros estudios genéticos se basaron en la técnica de electroforesis en gel de poliacrilamida, así como el uso de marcadores basados en secuenciación de ADN y marcadores isoenzimáticos que fueron ampliamente utilizados en la caracterización genética de dos subespecies *Aedes aegypti formosus* y *Aedes aegypti aegypti*, como lo describen Scott & McClelland, (1975); Tabachnick & Powell, (1978) quienes realizaron estudios de variabilidad genética de poblaciones de mosquitos, usando este tipo de marcador, ya que permite la visualización directa de los cambios en las secuencias de nucleótidos. Además se realizaron estudios usando las técnicas RFLP (Fragmentos de Restricción de longitud polimórfica) (Yan et al., 1998) y AFLP (Amplificación de fragmentos de longitud polimórfica) este último a inicios del siglo XXI (Merril et al., 2005), dando información acerca de la variabilidad y estructuración poblacional de *Ae. aegypti*. Otros estudios realizados han usado micro-satélites, (Ravel et al., 2001 y Costa-Ribeiro et al., 2006) los cuales observaron un proceso de re invasión; resaltando el poder de discriminación y reproducibilidad de ésta técnica. Además, existen trabajos donde se utiliza una de las técnicas más versátiles conocida como RAPD, los estudios realizados por (Gorrochotegui-Escalante et al., 2000) donde se demostró que los sitios de cría varían según las poblaciones de *Ae. aegypti* existentes en varias regiones de México, otros realizados en Colombia y Venezuela llaman también la atención sobre la necesidad de conocer las estructuras genéticas de las poblaciones de *Ae. aegypti* existentes en esos países Ocampo y Wesson, (2004), Herrera et al., (2006). En Brasil se analizó la estructura genética de las poblaciones de *Ae. aegypti* en once localidades de los seis estados federales brasileños, donde se encontró altos niveles de diferenciación genética entre las poblaciones de diferentes estados, así como en las poblaciones de las ciudades en el mismo estado, estos resultados indicaron la importante diferenciación genética de *Ae. aegypti* en dicho país Paduan et al., (2006); (Dos Santos et al., 2006).

A pesar de la utilidad de las técnicas antes descritas en la actualidad se utilizan genes mitocondriales para el análisis de la estructura genética de *Ae. aegypti* éstos han demostrado ser una herramienta validada para el estudio del flujo génico en varios organismos (Da Costa et al., 2006).

En Australia, utilizaron el gen citocromo oxidasa subunidad 1(COI), en 46 muestras de *Ae. aegypti* del norte y algunas islas cercanas, obteniendo 8 haplotipos y una ligera variación genética entre las poblaciones analizadas Lima y Sousa, (2007). En otro estudio se encontraron diferencias genéticas entre las poblaciones de *Ae. aegypti* de los municipios del departamento de Sucre en Colombia donde se registra la presencia de un nuevo haplotipo del gen mitocondrial ND4 de *Ae. aegypti* en ese país (Atencia et al., 2018). En Perú también se ha encontrado la existencia de dos variantes genéticas: una variante perteneciente a la zona costera y otra a la zona sierra-selva (Cáceres y León (2007). Usando marcadores microsatélites (Paupy et al., 2004), estimaron la diferencia génica de *Ae. aegypti* en Cambodia. Dichos análisis sugirieron una migración pasiva del mosquito vector a través de la acción humana la cual explica los patrones de diferenciación avalado por el transporte humano de huevos, larvas y adultos en contenedores a través de rutas comerciales que pueden originar poblaciones geográficamente distantes, pero genéticamente similares (Paupy et al., 2004). En los últimos años, los marcadores genéticos de micro-satélites se han utilizado ampliamente con éxito para estudiar la genética de poblaciones de mosquitos de todo el mundo, a nivel local y global (Gloria-Soria et al., 2016a y 2016b; 2018). La base de datos de micro-satélites que se ha generado en la última década ha resultado útil para identificar el origen de nuevas introducciones de *Ae. aegypti*, como el de California y Washington DC (Gloria-Soria et al., 2018) y Holanda (Brown et al., 2011;

Ibañez-Justicia et al., 2017) y la región del Mar Negro (Kotsakiozi et al., 2018). En Nigeria se realizó un estudio recientemente sobre la caracterización genética de diferentes especies de mosquitos utilizando el ADN mitocondrial como marcador molecular (Iyiola et al., 2021.)

A pesar que se ha realizado muchos estudios con respecto al dengue por ser la enfermedad viral transmitida por artrópodos de mayor importancia en humanos (Bhatt, 2013) todavía, la única alternativa ante la presencia de brotes y epidemias de esta enfermedad es el control del vector. Sin embargo, cada día se hace más evidente que para mantener efectivo dicho control, es necesario conocer la genética y el flujo génico que hay entre las poblaciones del mosquito, y entender como está formada su población, es decir, si es una población monotípica o si presenta polimorfismo genético. Dicha información podría permitir la discriminación entre sub poblaciones resistentes a insecticidas y permitirá analizar la dispersión de estas sub poblaciones. Además permitirá establecer marcadores moleculares propios de *Ae. aegypti* resistentes o sensibles a insecticidas. También nos daría información acerca de la diversidad genética del vector y nos permitirá determinar si la capacidad vectorial para la transmisión del virus está correlacionada con el polimorfismo genético.

En Cuba no existen trabajos sobre la composición genética de las poblaciones de *Ae. aegypti*, lo que justifica investigar acerca de la caracterización genética de las poblaciones de este mosquito en el país, ya que el hallazgo de potenciales variables poblacionales contribuirá para comprender su adaptación ecológica, a partir de la estructura genética y dinámica poblacional del vector, que pueda aportar herramientas útiles para el diseño de estrategias de control vectorial eficaces, que ayuden a la disminución de los índices de infestación de *Ae. aegypti*, y al control del dengue y otras arbovirosis transmitidas por este mosquito en el país.

Referencias Bibliográficas

1. Powell JR. *Mosquito-Borne Human Viral Diseases: Why Aedes aegypti?*
2. *Am Trop Med Hyg* 2018. **98**(6): p. 1563-1565.
3. Finlay CJ. *El mosquito hipotéticamente considerado como agente de transmisión de la fiebre amarilla. [Reprinted in: Medical Classics 2. 1938;6:590.] Anales de la Real Academia de Ciencias Médicas Físicas y Naturales de la Habana. 1881;18:147-169*
4. Powell JR, Gloria-Soria A, Kotsakiozi P. *Recent history of Aedes aegypti: Vector genomics and epidemiology records. Bioscience. 2018;68(11): 854-860.*
5. Nájera JA, Zaim M. *Malaria vector control: Insecticides for indoor residual spraying. Geneva: World Health Organization. 2001.*
6. McCarroll L, Hemingway J. *Can insecticide resistance status affect parasite transmission in mosquitoes? Insect Biochem Mol Biol. 2002;32:1345-51.*
7. Thompson R, Martín Del Campo J, and Constenla D. *A review of the economic evidence of Aedes-borne arboviruses and Aedes-borne arboviral disease prevention and control strategies. Expert Review of Vaccines 2020; 19(2): 143-162. <https://doi.org/10.1080/14760584.2020.1733419>*
8. Bisset JA, Marquetti MC, Montada D, Hernández N, Leyva M, Fuentes O, Castex M, Menéndez Z, García I, Castillo M, Mendizábal ME, Peraza I, Valdés V. *Aportes científicos del instituto Pedro Kouri a la vigilancia de Aedes aegypti (Díptera: Culicidae) en Cuba 1982-2020. Rev Cubana Med Trop; 2021:73(3)*
9. Baldacchino F, Caputo B, Chandre F, Drago A, della Torre A, Montarsi F, Rizzoli A. *Control methods against invasive Aedes mosquitoes in Europe: a review. Pest Manag Sci. 2015;75(11):1471-85.*
10. Moyes CL, Vontas J, Martins AJ, Ng LC, Koou SY, Dusfour I, Raghavendra K, Pinto J, Corbel V, David JP, Weetman D. *Contemporary status of insecticide resistance in the major Aedes vectors of arboviruses infecting humans. PLoS Negl Trop Dis. 2017;11(7):e0005625.*
11. Kamgang B, Yougang AP, Tchoupo M, Riveron JM, Wondji C. *Temporal distribution and insecticide resistance profile of two major arbovirus vectors Aedes aegypti and Aedes albopictus in Yaoundé, the capital city of Cameroon. Parasit Vectors. 2017; 10 (1): 469.*
12. Rodríguez MM, Crespo A, Bisset JA, Hurtado D, Fuentes I. *Diagnostic doses of insecticides for adult Aedes aegypti to assess insecticide resistance in Cuba. J Am Mosq Control Assoc. 2017;33:142-144.*
13. Kandel Y, Vulcan J, Rodriguez SD, Moore E, Chung HN, Mitra S, Cordova JJ, Martinez KJ, Moon AS, Kulkarni A, Ettestad P, Melman S, Xu J, Buenemann M, Hanley KA, Hansen IA. *Widespread insecticide resistance in Aedes aegypti (L.) from New Mexico, USA. PLoS One. 2019; 14 (2): e0212693, <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0212693>*
14. Tabachnick WJ and Powell JR. *A worldwide survey of genetic variation in the yellow fever mosquito, Aedes aegypti. Genet Res 1979; 34:215-29.*
15. Griffiths, A.J., W.M. Gelbart, J.H. Miller, y R.C. Lewontin. *Modern Genetic Analysis. W. H. Freeman and Company, New York, EEUU, 1999.*
16. Scott, J. A., Borgdon, W. C., & Collins, F. H. (1993). *Identification of single specimens of Anopheles gambiae complex by the polymerase chain reaction. Amer J of Trop Med and Hyg 1993; 9: 520-529.*
17. Tabachnick WJ, Powell JR. *Genetic structure of the last African domestic populations of Aedes aegypti. Nature 1978; 272(5656): 535-7 <https://doi:10.1038/272535A0>*

18. Yan G, Romero-Severson J, Walton M, Chadee DD and Severson DW. Population genetics of the yellow fever mosquito in Trinidad: comparisons of amplified fragment length polymorphism (AFLP) and restriction fragment length polymorphism (RFLP) markers. *Mol Ecol* 1999; 8:951-6.
19. Merrill SA, Ramberg FB; Hagedorn HH. Philogeography and population structure of *Aedes aegypti* in Arizona. *Am J Trop Med Hyg* 2005; 72(3): 304-310.
20. Ravel S, Monteny N, Velasco-Olmos D, Escalante-Verdugo J and Cuny GA. Preliminary study of the population genetics of *Aedes aegypti* (Diptera: Culicidae) from Mexico using microsatellite and AFLP markers. *Acta Trop* 2001; 78:241-50.
21. Costa CV, Paduan KS, Ribolla EM, Lourenco-de-Oliveira R. Temporal analysis of mitochondrial gene (NDH4) in *Aedes aegypti* populations from endemic and non-endemic areas in Brazil. Rio de Janeiro, Brazil. Departamento de Entomología, FIOCRUZ. 2006.
22. Gorrochotegui-Escalante N, Gómez-Machorro C, Lozano-Fuentes S, Fernández-Salas I, Muñoz ML, Farfan-Ale JÁ, Garcia-Rejon J Beaty BJ, Black IV, William C. Breeding structure of *Aedes aegypti* populations in Mexico varies by region. *Amer Society of Trop Med and Hyg* 2002 66(2); 213–222.
23. Ocampo C & Wesson D. Population dynamics of *Aedes aegypti* from a dengue hyperendemic urban setting in Colombia. *Am J Trop Med Hyg* 2004; 71 (4): 506-513.
24. Herrera F, Urdaneta L, Rivero J, Zoghbi N, Ruiz J, Carrasquel G, Martínez J, Pernaete J, Villegas P, Montoya A, Rubio-Palis Y, Rojas E. Population genetic structure of the dengue mosquito *Aedes aegypti* in Venezuela. *Mem Insti Oswaldo Cruz, Rio de Janeiro*. 2006; 101(6): 625-633.
25. Paduan K, Ribolla P. Mitochondrial DNA polymorphism and heteroplasmy in populations of *Aedes aegypti* in Brazil. *J Med Entomol* 2008;45:59-67. <https://doi.org/10.1093/jmeden/45.1.59>
26. Dos Santos Paduan, Karina. Araújo-Júnior, João P. Ribolla, Paulo E.M. Genetic variability in geographical populations of *Aedes aegypti* (Diptera, Culicidae) in Brazil elucidated by molecular markers. *Brazilian Society of Genetics. Genetics and Molecular Biology* 2006; 29(5): 391- 395
27. Da Costa-Ribeiro M, Lourenço-de-Oliveira R, Failloux A. Low gene flow of *Aedes aegypti* between dengue-endemic and dengue-free areas in Southeastern and Southern Brazil. *Am J Trop Med Hyg* 2007;77:303-9. <https://doi.org/10.4269/ajtmh.2007.77.303>
28. Lima RS Jr, & Scarpassa VM. Evidence of two lineages of the dengue vector *Aedes aegypti* in the Brazilian Amazon based on mitochondrial DNA ND4 gene sequences. *Genet Mol Biol* 2009; 32(2): 414-422.
29. Atencia MC, Pérez MJ, Caldera SM, Jaramillo MC, Bejarano EE. Variabilidad genética de *Aedes aegypti* en el departamento de Sucre, Colombia, mediante el análisis de la secuencia de nucleótidos del gen mitocondrial ND4. *Biomédica* 2018; 38:267-76.
30. Cáceres OA, León W. Variantes genéticas de *Aedes aegypti* y su asociación con el serotipo del virus dengue en su área endémica del Perú. Instituto Nacional de Salud. Centro de Información y documentación científica de Perú. Series de Informes Técnicos No.96, 2007.
31. Paupy C, Orsoni A, Mousson L and Hube K. Comparisons of Amplified Fragment Length Polymorphism (AFLP), Microsatellite, and Isoenzyme Markers: Population Genetics of *Aedes aegypti* (Diptera: Culicidae) from Phnom Penh (Cambodia). *J Med Entomol* 2004; 41(4):664-71.
32. Gloria-Soria A, Kellner DA, Brown JE, González-Acosta C, Kamgang B, Lutwama J and Powell JR. Temporal genetic stability of *Stegomyia aegypti* (= *Aedes aegypti*) populations. *Med Vet Entomol* 2016a;30(2): 235-240.
33. Gloria-Soria A, Ayala D, Bheecarry A, Calderon-Arguedas O, Chadee DD, Chiappero M, Coetzee M, Bin Elahee K, Fernandez-Salas I, Kamal HA and Kamgang B. Global genetic diversity of *Aedes aegypti*. *Mol Ecology* 2016b;25 (21):5377-5395.

34. Gloria-Soria A, Lima A, Lovin DD, Cunningham JM, Severson DW and Powell JR. Origin of a high latitude population of *Aedes aegypti* in Washington, DC. *Am J Trop Med Hyg* 2018;98 (2):445.
35. Brown JE, McBride CS, Johnson P, Ritchie S, Paupy C, Bossin H, Lutomiah J, Fernandez-Salas I, Ponlawat A, Cornel AJ and Black IV WC. Worldwide patterns of genetic differentiation imply multiple 'domestications' of *Aedes aegypti*, a major vector of human diseases. *Proceedings of the Royal Society Biological Sciences* 2011; 278(1717): 2446-2454.
36. Ibañez-Justicia A, Gloria-Soria A, Den Hartog W, Dik M, Jacobs F and Stroo A. The first detected airline introductions of yellow fever mosquitoes (*Aedes aegypti*) to Europe, at Schiphol International airport, the Netherlands. *Parasites & Vectors* 2017;10(1): 1-9.
37. Kotsakiozi P, Gloria-Soria A, Schaffner F, Robert V, Powell JR. *Aedes aegypti* in the Black Sea: recent introduction or ancient remnant? *Parasites & Vectors* 2018; 11: 396. <https://doi.org/10.1186/s13071-018-2933-2>
38. Yyiola OA, Kamaldeen-Ibrahim AT, Shaibu RD, Shitu O, Fadipe TO, Adelaja OJ, Tijani MK, Afolabi HA. Molecular characterization and phylogenetic analysis of collected mosquitoes (Diptera: Culicidae) from Northcentral Nigeria using mitochondrial COI and ribosomal IGS gene regions. *J Basic and Appl Zoology* 2021;82:59 <https://doi.org/10.1186/541936-021-00252-9>
39. Bhatt S. The global distribution and burden of dengue. *Nature*, 2013. 496(7446): p. 504-7.

!! Saludos y bienvenidos al Boletín Epidemiológico del IPK !!

Este boletín se edita, semanalmente, en la Subdirección de Vigilancia Epidemiológica y es un producto del Instituto "Pedro Kourí" (IPK). Se elabora a partir de los datos proporcionados por las Direcciones Provinciales de Salud del país, acerca de las Enfermedades de Declaración Obligatoria (EDO) como: Fiebre Tifoidea, Tuberculosis, Lepra, Meningitis Meningocócica, Tétanos, Sífilis, blenorragia, etc. Se incluyen datos actualizados acerca de la morbilidad, mortalidad, letalidad, etc. de enfermedades

relevantes en los momentos actuales. En nuestro Boletín Epidemiológico puede encontrar informaciones y noticias muy actualizadas acerca de lo más interesante sobre Epidemiología, VIH/SIDA y Medicina, en general, que llegan a las agencias de prensa internacionales. Se promocionan, además, cursos, eventos, talleres, etc. de las especialidades Biomédicas, que se llevarán a cabo en nuestro Centro y otros existentes en nuestro país.

Enfermedades de Declaración Obligatoria: Hepatitis
Número de casos en la semana y acumulados hasta: 22/02/25

PROVINCIAS	CASOS DE LA SEMANA		CASOS ACUMULADOS		TASAS ACUMULADAS	
	2024	2025	2024	2025	2024	2025 *
PINAR DEL RIO	4	-	13	10	8.20	6.95
ARTEMISA	-	-	-	-	1.36	1.36**
MAYABEQUE	-	2	-	10	11.02	11.02**
LA HABANA	10	33	35	288	20.85	207.01
MATANZAS	2	-	4	37	14.07	147.86
VILLA CLARA	1	4	18	38	27.17	64.74
CIENFUEGOS	-	-	-	-	49.87	49.87**
S. SPIRITUS	2	-	12	37	5.68	19.66
CIEGO DE AVILA	-	-	-	-	6.52	6.52**
CAMAGÜEY	-	3	1	24	17.04	460.06
LAS TUNAS	-	1	3	6	1.90	4.14
HOLGUIN	-	-	-	3	13.07	13.07**
GRANMA	-	-	3	2	1.75	1.23
SANTIAGO DE CUBA	1	5	6	20	3.97	13.97
GUANTANAMO	-	-	1	3	1.81	5.70
ISLA DE LA JUVENTUD	-	-	-	-	-	._**
CUBA	20	48	96	478	12.96	72.14

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: 26/02/25

TIPOS DE BROTES	SEMANAS		BROTES ACUMULADOS		TASA ACUMULADA	
	2024	2025	2024	2025	2024	2025
Alimentos	1	2	9	3	0.08	0.03
Ciguatera *	1	-	2	-	0.02	-
Hepatitis viral **	-	-	6	7	0.05	0.07
EDA	-	-	-	2	-	0.02
IRA	-	1	8	1	0.07	0.01
Agua	-	-	1	-	0.01	-
Varicela	7	1	19	7	0.17	0.07

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: 22/02/25**

ENFERMEDADES	EN LA SEMANA		ACUMULADOS		TASAS	
	2024	2025	2024	2025	2024	2025*
FIEBRE TIFOIDEA	-	-	-	-	0.02	0.02**
SHIGELLOSIS	-	1	22	11	1.16	0.65
D. AMEBIANA AGUDA	-	-	-	2	-	-.**
TUBERCULOSIS	18	32	108	173	8.06	14.43
LEPRA	1	2	17	16	1.39	1.47
TOSFERINA	-	-	-	-	-	-.**
ENF. DIARREICAS AGUDAS	2499	2316	19242	16907	1461.09	1427.53
M. MENINGOCÓCCICA.	2	-	2	1	0.08	0.05
MENINGOCOCCEMIA	-	-	-	-	-	-.**
TÉTANOS	-	-	-	-	-	-.**
MENINGITIS VIRAL	35	31	334	150	15.71	7.88
MENINGITIS BACTERIANA	8	3	37	23	2.22	1.54
VARICELA	396	166	1766	1019	79.51	51.28
SARAMPIÓN	-	-	-	-	-	-.**
RUBÉOLA	-	-	-	-	-	-.**
HEPATITIS VIRAL	20	48	96	478	12.96	72.14
PAROTIDITIS	-	-	-	-	-	-.**
PALUDISMO IMPORTADO	-	-	3	-	0.09	0.09**
LEPTOSPIROSIS	10	1	35	4	1.46	0.19
SÍFILIS	143	178	990	1010	68.77	78.42
BLENORRAGIA	59	58	273	316	22.75	29.44
INFECC. RESP. AGUDAS	62459	60095	439729	389978	23198.70	22996.53

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 María Galindo Santana.	MsC. Carlos Luis Rabeiro Martínez
PROCESAMIENTO ESTADÍSTICO: Téc. Irene Toledo Rodríguez	DrC. Gilda Teresa Torano 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>