



## 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](mailto: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

<b>Actualización semanal de la COVID-19 en Cuba.....</b>	<b>41</b>
<b>Omicron. Características del linaje pango ba.2. Actualización epidemiológica de las variantes SARS-COV-2. (1).....</b>	<b>42</b>
<b>Tablas:.....</b>	<b>48</b>

### ACTUALIZACIÓN SEMANAL DE LA COVID-19 EN CUBA.

Al cierre del día de ayer, 20 de febrero, se encuentran ingresados 9 mil 749 pacientes, sospechosos 6 mil 537, en vigilancia 81 y confirmados activos 3 mil 131.

Para la COVID-19 se realizaron un total de 12 mil 849 muestras para la vigilancia en el día, resultando positivas 562. El país acumula 13 millones 004 mil 475 muestras realizadas y 1 millón 065 mil 947 positivas.

Los 562 casos diagnosticados pertenecen a los grupos de edad: de menores de 20 años, (148), de 20 a 39 años (156), de 40 a 59 años (144) y más de 60 (114).

Del 1 millón 065 mil 947 de pacientes diagnosticados con la enfermedad, se mantienen ingresados 3 mil 131, de ellos 3 mil 095 con evolución clínica estable. Se acumulan 8 mil 491 fallecidos, letalidad de

0,80% vs 1,39% en el mundo y 1,79% en Las Américas; dos evacuados, 57 retornados a sus países, en el día hubo 571 altas, se acumulan 1 millón 054 mil 266 pacientes recuperados (98,9%). Hasta el 20 febrero se reportan 192 países y 32 territorios con casos de COVID-19, asciende a 424 millones 363 mil 34 los casos confirmados (+ 1 millón 507 mil 153) con 68 millones 871 mil 775 casos activos y 5 millones 903 mil 485 fallecidos (+ 7 mil 497) para una letalidad de 1,39% (=).

En la región de las Américas se reportan 147 millones 350 mil 570 casos confirmados (+ 278 mil 150), el 34,72% del total de casos reportados en el mundo, con 32 millones 932 mil 334 casos activos y 2 millones 631 mil 231 fallecidos (+ 3 mil 12) para una letalidad de 1,79% (=).



### OMICRON. CARACTERÍSTICAS DEL LINAJE PANGO BA.2. ACTUALIZACIÓN EPIDEMIOLÓGICA DE LAS VARIANTES SARS-COV-2. (1).

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

La epidemiología global del SARS-COV-2 se caracteriza por la rápida diseminación de la variante Omicron, y la continua disminución de las variantes Delta, Alfa, Beta y Gamma, Lambda o Mu en las seis regiones de la OMS. Dentro de la variante Omicron, el linaje BA.2 incrementa su prevalencia entre las secuencias (GISAID) a nivel mundial.

#### Propagación geográfica y prevalencia de las VOCs

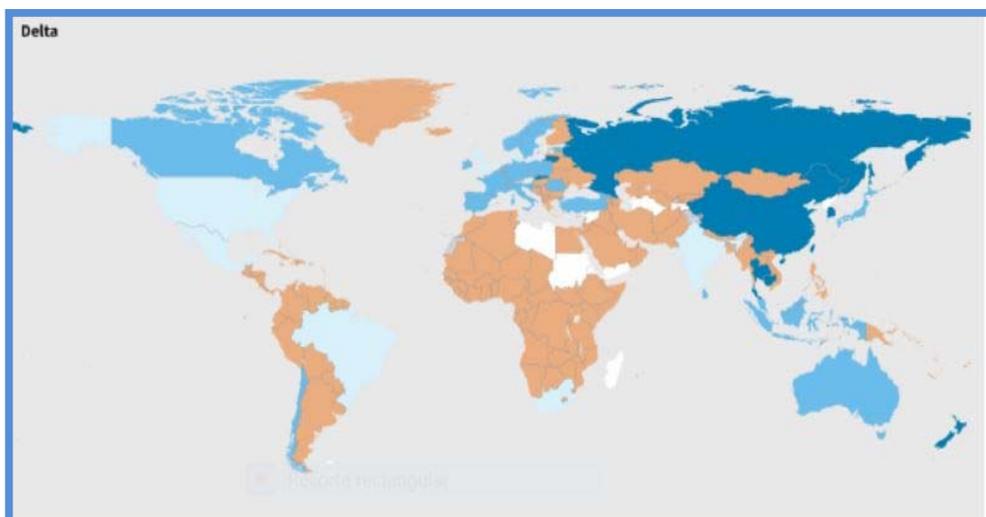
Omicron tiene ya un altísimo porcentaje de prevalencia entre las variantes secuenciadas e informadas. De las 432 470 secuencias tele-enviadas a GISAID a partir de muestras coleccionadas en los últimos 30 días, 425 222 (98,3 %) pertenecían a esta variante.

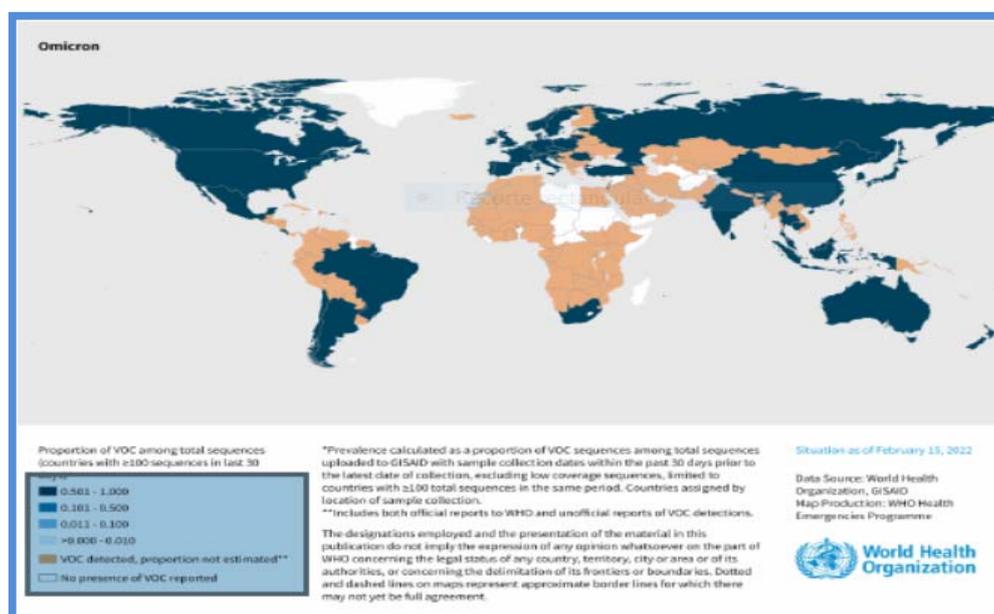
VARIANTES VOCs	15/02/2022	08/02/2022
Total (Secuencias GISAID)	432470	426363
Ómicron	425222 (98,3%)	412265 (96.7 %)
Delta	7191 (1,7%)	13972 (3.3%)
Gamma	NO	2 (<0.1%)
Alfa	NO	2 (<0.1%)
Beta	NO	NO
VOI, Mu. Y Lambda	Lambda 1(<0.1%)	NO

Nota: La distribución global de las variantes VOCs deben ser interpretadas tomando en consideración las limitaciones de la vigilancia

incluyendo las diferencias de capacidades para la secuenciación del SARS- CoV-2 entre los países.

#### Prevalencia de las variantes de preocupación (VOCs) Delta y Omicron en los últimos 30 días, 15 febrero 2022





Desde la designación de B.1.1.529 como una VOC el 26 noviembre de 2021, han sido identificados varios linajes, entre ellos Pango BA.1, BA.1.1, BA.2 y BA.3, monitoreados todos como Omicron por la OMS.

Los datos recientes de Omicron/BA.2 están basados en una búsqueda dirigida a sectores específicos de la literatura y una valoración basada en la estructura aplicada por la Agencia de Seguridad de Salud del Reino Unido (UKHSA, siglas en inglés). En anexo más información en cómo la evidencia fue recogida y evaluada o medida.

### Epidemiología

La prevalencia de BA.2 entre los casos secuenciados (GISAID) a nivel mundial se incrementó de forma sostenida, alcanzando el 21.09 % en la semana 5, de 2022 (3). A Partir del 14 de febrero, 10 países informaron un predominio de BA.2 ( $> 50$  %): Bangladesh, Brunei Darussalam, Porcelana China, Dinamarca, Guam, India, Montenegro, Nepal, Pakistán, Filipinas.

Se observan diferencias entre regiones. Dentro de Omicron, las diferencias van desde el Sudeste asiático con la prevalencia más alta de BA.2 (el 44.7 %) y Las Américas reportando el más bajo (1 %). (Este análisis se basa en que todas las secuencias enviadas a GISAID con muestras colectadas desde el 13-enero al 11-febrero de 2022. Estas tendencias deben interpretarse con alguna cautela debida a las limitaciones de los sistemas de vigilancia. También debe considerarse las proporciones relativas dentro del crecimiento de los diferentes linajes).

### Algunos países reportan incrementos importantes de BA.2:

- **Sudáfrica** aumentó de un 27 % a un 86% entre el 4 y el 11 de febrero de 2022 (4,5);
- **Reino Unido (6)** seis veces del 17 al 31 enero de 2022 (del 2.2 % al 12 %);
- **Dinamarca** se duplicó desde la semana 52 de 2021 a la semana 2 de 2022 (del 20 % al 45 %) y se convirtió en la variante dominante (66 % de las muestras secuenciadas en la semana 3 de 2022) (7)
- **Estados Unidos de América** se triplicó de 1.2 % durante la semana que finalizó el 29 de enero del 2022 a 3.6 % durante la semana que finalizó el 5 febrero del 2022 (8).

La prevalencia de BA.2 dentro de Omicron parece aumentar tanto en países dentro de la ola creciente como en aquellos que experimentan disminución.

### Las evidencias preliminares de estudios limitados sugieren que BA.2 es más transmisible en comparación con BA.1.

- Las estimaciones de las tasas de crecimiento en Dinamarca indican que BA.2 es un 30 % más transmisible que BA.1. (7)
- Un análisis de los datos de GISAID (9) muestra una ventaja en la tasa de crecimiento de BA.2 sobre BA.1 en los 43 países con suficientes datos de secuencia y cocirculación de los dos linajes, lo que se traduce en una ventaja de transmisión media agrupada (es decir, diferencia relativa en los números de reproducción efectivos) del 84 % (I.C. del 95 %: 68 % - 101 %) en todos los contextos epidemiológicos bajo el supuesto de un tiempo de generación sin cambios.

- En estudios de transmisión en el hogar en Dinamarca y el Reino Unido se obtuvo la tasa de ataque secundario (SAR, de las siglas en inglés) entre los contactos de BA.2 en comparación con BA.1.

- Los investigadores daneses (10) encontraron una SAR más alta para BA.2 en comparación con BA.1 en uno (8 % frente a 6 %), siete (39 % frente a 29 %) y 14 (42 % frente a 36 %) días de seguimiento.

- En el Reino Unido se informaron resultados similares (6) con una SAR más alta para BA.2 (13,4 %; IC del 95 %: 10,7 %-16,8 %) en comparación con BA.1 (10,3 %; IC del 95 %: 10,1 %-10,4 %). Es probable que estas estimaciones cambien con el tiempo a medida que haya más datos disponibles (8).

- Se considera que estas estimaciones cambien con el tiempo, según se incrementen los datos a medida que una mayor cantidad de ellos sean disponibles (8).

- Aún no están claros los factores que impulsan o conducen la ventaja de crecimiento de BA.2 sobre BA.1. Los datos preliminares (11) muestran respuesta de anticuerpos similar para BA.1 y BA.2.

- Esto respalda los hallazgos de un estudio de transmisión en el hogar (10) realizado en Dinamarca. Los resultados demuestran que los casos primarios no vacunados infectados con BA.2 tenían más probabilidades de transmitir la infección a los contactos de toda la vivienda en comparación con BA.1. El incremento relativo en la proporción de BA.2 con BA.1 en contextos con números de casos decrecientes también respalda una mayor transmisibilidad de BA.2 en comparación con BA.1.

#### **Diagnóstico**

En contraste con los linajes Pango BA.1 y BA.1.1 (Omicron), el linaje Pango BA.2 no tiene la delección 69-70 en la proteína S, responsable del fracaso con la diana S-Gene (SGTF) en ciertas pruebas de PCR. Anteriormente se consideró la presencia de SGTF para detectar Omicron, lo que permitió que un proxy distinguiera entre BA.1 y otros VOC, como Delta, en ausencia de secuenciación.

-En escenarios donde Omicron es la variante de circulación dominante, el empleo de este

enfoque de detección podría permitir cierta distinción entre BA.1 (SGTF) y BA.2 en el que el resultado sería positivo con la diana S-gene (SGTP) (6). Este enfoque solo es posible en entornos donde la prevalencia de Omicron es muy alta y debe tenerse en cuenta que la secuenciación es la única forma de confirmar definitivamente una variante en particular.

-Tras el análisis de las secuencias disponibles públicamente, se descubrió que varias pruebas de antígenos, anticuerpos y PCR funcionaban igual de bien en la detección de infecciones por SARS-CoV-2 causadas por BA.1 y BA.2. (12).

-Otro estudio encontró diferencias en la sensibilidad de varios ensayos de PCR para detectar los linajes Pango BA.1 y BA.2 (de 0 % al 100 %) (13). Se realizan más estudios para comprender completamente el impacto de los linajes de Pango/ Omicron en los ensayos de diagnóstico. Hay otras mutaciones/delecciones en Omicron que pueden superponerse con los objetivos o diana del cebador o la sonda de los kits de PCR disponibles en el mercado, lo que induce a la falla de detección de la diana.

-Como ejemplo es la información de la falla del objetivo o diana del gen N (NGTF) en individuos con infección confirmada por secuenciación con la variante Omicron (incluidos BA.1 y BA.2) debido a la delección ERS31-33, que define el linaje, pero no en aquellos infectados con la variante Delta. (14).

-Esto implica que los ensayos de PCR multigénicos que se dirigen a esta región del gen N como diana pueden considerarse como una forma de detectar Omicron (NGTF) para distinguirlo de otras VOC, incluido Delta (NGTP) en entornos donde hay reemplazo incompleto de Delta por Omicron.

#### **Gravedad de la Enfermedad**

Existen evidencias limitadas sobre la gravedad de BA.2 en relación con BA.1 u otros linajes de Pango/ Omicron.

- En el Reino Unido, durante las últimas semanas, con el incremento de la proporción de BA.2 ha ocurrido una disminución constante en el número de hospitalizaciones y muertes (15).

- En los Estados Unidos de América (8) hubo disminuciones en las hospitalizaciones e incrementos en el número de muertes en semanas sucesivas. En este contexto, durante la semana que terminó el 8 de febrero se reportó una reducción del 5,9% en el número de nuevas muertes, comparadas con la dominante. Con el cambio de BA.2 como la variante dominante, ocurrió un incremento reciente en el número de hospitalizaciones y muertes en el país (16).

- En Nepal, como se publicó el 1 de febrero de 2022, diez de las once muestras secuenciadas en la Universidad de Katmandú, Nepal, eran del linaje BA.2. (17). Sin embargo, la cantidad de pacientes hospitalizados en el valle de Katmandú ha ido disminuyendo desde un pico el 23 de enero

**Impacto en la inmunidad, neutralización**

- Un estudio (preprint) que incluyó a ocho personas con antecedentes de infección por SARS-CoV-2 y 24 personas que habían recibido la serie primaria de vacunas y un refuerzo con Pfizer BioNTech-Comirnaty mostró títulos de anticuerpos neutralizantes similares a BA.1 y BA.2. 11(11)

**Vacunación**

- Los resultados preliminares de un estudio de casos y controles con prueba negativa en el Reino Unido no encontraron diferencias en la eficacia de la vacuna contra la enfermedad sintomática entre BA.1 y BA.2, 25 semanas después de dos dosis de la serie primaria (9 % [I.C. 95 %: 7- 10] frente al 13 % [I.C. 95 %: 26-40] o dos semanas después de una dosis de vacuna adicional de refuerzo (63 % [I.C. 95 %: 63-64] frente al 70 % [I.C. 95 %: 58-79] (19).

- En un estudio sobre la transmisión en el hogar realizado en Dinamarca, los resultados preliminares mostraron que los casos

semana anterior que terminó el 1 de febrero de 2022.

- Un análisis realizado en Dinamarca no mostró diferencias en el riesgo de hospitalización entre los infectados con BA.2 y con BA.1, mientras la primera no era

junto con las cifras en cuidados intensivos y el uso de ventilación mecánica, que también muestran signos iniciales de disminución.

- En Sudáfrica, BA.2 ahora representa el 86% de todas las secuencias y los ingresos hospitalarios continúan en disminución (18).

En general, no hay diferencia en la gravedad cuando se observan países donde BA.2 es dominante y aquellos donde BA.1 es dominante.

primarios infectados con BA.2 que habían recibido dos dosis de vacuna (OR = 0,60; IC del 85%: 0,42-0,85) y los casos primarios infectados con BA.2 que habían recibido una dosis de refuerzo (OR = 0,62; IC del 95 %: 0,42-0,91) tenían menos probabilidades de infectar a los contactos domésticos en comparación con los casos primarios infectados con BA.1.

No hubo diferencia en la susceptibilidad para contactos domésticos vacunados y no vacunados de casos primarios que estaban infectados con BA.1 o BA.2.

Esto sugiere que la vacunación es al menos igualmente eficaz para prevenir la adquisición de BA.2 y podría ser más eficaz para prevenir la transmisión de BA.2 en comparación con BA.1.

**Tratamiento**

No hay evidencia suficiente sobre las diferencias en la eficacia de las opciones de tratamiento para BA.2 en comparación con otros linajes de Pango/ Omicron.

**Resumen de la Evaluación de las evidencias de la Variante BA.2 comparada con BA.1**

Indicator	Assessment	Confidence level	Rationale for assessment
Transmissibility	Red	Moderate	Evidence from Denmark and the UK indicating higher growth rates of BA.2 when compared to BA.1.7
Disease severity	Green	Low	No evidence of increase in severity of BA.2 relative to BA.1
Immune escape	Green	Moderate	Similar vaccine effectiveness on BA.2 and BA.1. Comparable neutralizing antibody titres against BA.1 and BA.2 in both previously infected and booster vaccinated individuals
Impact on detection capacity	Green	Low	No difference in diagnostic accuracy of some PCR, antigen and antibody tests that were assessed.
Impact on therapeutics			Insufficient data on differences in effectiveness of current treatments between BA.2 and other Pango lineages

\*Refer to the UKHSA [framework](#) on risk assessment for SARS-CoV-2 variants and Annex 3.

El resumen de la evidencia se realizó con base en el marco de evaluación de riesgos implementado por la Agencia de Seguridad de Salud del Reino Unido (UKHSA).

- Después de la evaluación, a cada indicador se le asignó uno de cuatro colores: rojo, ámbar, amarillo y verde.

- El rojo implica una diferencia en el indicador entre BA.2 y BA.1.

- Ámbar\* implica que hay una diferencia en el indicador entre BA.2 y BA.1 en 18 determinados subgrupos de población.

- El amarillo implica que hay evidencia limitada que sugiere una diferencia en el indicador entre

BA.2 y BA.1.

- Verde implica que no hay diferencia en el indicador entre BA.2 y BA.1.

- Gris, implica que no hay datos suficientes sobre el indicador.

#### Calificación de confianza

- “**Baja**” cuando había poca evidencia o de mala calidad, incertidumbre o puntos de vista conflictivos entre los expertos o ninguna experiencia con incidentes similares anteriores;

- “**Moderado**” cuando hubo evidencia de calidad adecuada, incluidos resultados consistentes publicados solo en literatura gris, fuentes confiables, suposiciones hechas sobre analogía y acuerdo entre expertos u opinión de al menos 2 expertos confiables; y

- “**Alto**” cuando hubo evidencia de buena calidad, múltiples fuentes confiables, verificadas, concurrencia de opiniones de expertos y experiencia de incidentes similares anteriores.

#### Referencias

1.

<https://www.who.int/publications/m/item/weekly-epidemiological-update---15-Feb-2022>

<https://www.who.int/publications/m/item/weekly-epidemiological-update---08-Feb-2022>. Dra. Suset Oropesa Fernández. CIDR.

Informe al grupo operacional de la COVID-19. Instituto Pedro Kourí (IPK).

3. GISAID. Timecourse of Omicron variant sublineage distribution: analysis update (2022-02-08). Accessed February 9, 2022. <https://www.epicov.org/epi3/frontend#>

4. World Health Organization. Weekly epidemiological update on COVID-19 - 8 February 2022. Published online 2022. Accessed February 14, 2022. <https://www.who.int/publications/m/item/weekly-epidemiological-update-on-covid-19---8-february-2022>

5. Network for Genomic Surveillance in South Africa. SARS-CoV-2 Sequencing Update: 4 February 2022. Published online 2022. Accessed February 9, 2022. <https://www.nicd.ac.za/wp-content/uploads/2022/02/Update-of-SA-sequencing-data-fromGISAID-4-Feb-2022.pdf>

6. Network for Genomic Surveillance in South Africa. SARS-CoV-2 Sequencing Update: 11 February 2022.; 2022. Accessed February 14, 2022. <https://www.nicd.ac.za/wp-content/uploads/2022/02/Update-of-SA-sequencing-data-from-GISAID-11Feb-2022.pdf>

7. United Kingdom Health Security Agency. Technical briefing 35: SARS-CoV-2 variants of concern and variants under investigation in England. Published online 2022. Accessed February 4, 2022.

[https://assets.publishing.service.gov.uk/government/uploads/system/uploads/attachment\\_data/file/1050999/TechnicalBriefing-35-28January2022.pdf](https://assets.publishing.service.gov.uk/government/uploads/system/uploads/attachment_data/file/1050999/TechnicalBriefing-35-28January2022.pdf)

8. Statens Serum Institute. Risk assessment of Omicron BA.2. Published online 2022. Accessed February 8, 2022. <https://en.ssi.dk/-/media/arkiv/subsites/covid19/risikovurderinger/2022/risk-asesment-of-omicron-ba2.pdf?la=en>

9. CDC. COVID Data Tracker. Centers for Disease Control and Prevention. Published March 28, 2020. Accessed December 21, 2021. <https://covid.cdc.gov/covid-data-tracker>

10. Campbell F, Archer B, Laurenson-Schafer H, et al. Increased transmissibility and global spread of SARS-CoV-2 variants of concern as at June 2021. *Eurosurveillance*. 2021;26(24). doi:10.2807/1560-7917.ES.2021.26.24.2100509
11. Lyngse FP, Kirkeby CT, Denwood M, et al. Transmission of SARS-CoV-2 Omicron VOC Subvariants BA.1 and BA.2: Evidence from Danish Households. *Infectious Diseases (except HIV/AIDS)*; 2022. doi:10.1101/2022.01.28.22270044
12. Yu J, Collier A ris Y, Rowe M, et al. Comparable Neutralization of the SARS-CoV-2 Omicron BA.1 and BA.2 Variants. *Infectious Diseases (except HIV/AIDS)*; 2022. doi:10.1101/2022.02.06.22270533
12. Roche. Viruses mutate over time, and SARS-CoV-2 is no exception. Published 2022. Accessed February 4, 2022. [https://www.roche.com/dam/jcr:4a1598e3-5e79-4e79-86fa4ca6008d452f/en/20220106\\_Mediastatement\\_in\\_response\\_to\\_new\\_variants\\_of\\_COVID.pdf](https://www.roche.com/dam/jcr:4a1598e3-5e79-4e79-86fa4ca6008d452f/en/20220106_Mediastatement_in_response_to_new_variants_of_COVID.pdf)
13. Sharma D, Ye C, Lippi G, et al. In Silico Evaluation of the Impact of the Omicron Variant on the Sensitivity of RT-QPCR Assays for SARS-CoV-2 Detection Using Whole Genome Sequencing. In Review; 2022. doi:10.21203/rs.3.rs-1220446/v1
14. Harankhedkar S, Chatterjee G, Rajpal S, et al. N Gene Target Failure (NGTF) for Detection of Omicron: A Way out for the 'Stealth' Too? *Infectious Diseases (except HIV/AIDS)*; 2022. doi:10.1101/2022.01.28.22269801
15. United Kingdom Health Security Agency. Coronavirus (COVID-19) in the UK. Published 2022. Accessed February 9, 2022. <https://coronavirus.data.gov.uk/details/healthcare>
16. Statens Serum Institute. Ugentlige tendenser: covid-19 og andre luftvejsinfektioner-Uge 5 2022. Published online 2022. Accessed February 14, 2022. <https://www.ssi.dk/-/media/cdn/files/covid19/tendensrapport/rapport/ugentlige-tendensercovid19-andre-luftvejs-uge5-2022-4md8.pdf?la=da>
17. World Health Organization. Focused COVID-19 Media Monitoring, Nepal. Published online 2022. Accessed February 14, 2022. [https://reliefweb.int/sites/reliefweb.int/files/resources/Focused%20COVID19\\_Media%20Monitoring\\_3%20February%202022.pdf](https://reliefweb.int/sites/reliefweb.int/files/resources/Focused%20COVID19_Media%20Monitoring_3%20February%202022.pdf)
18. National Institute for Communicable Diseases. NICD National COVID-19 Hospital Surveillance: 10 February 2022. Published online 2022. Accessed February 14, 2022. <https://www.nicd.ac.za/wp-content/uploads/2022/02/NICD-COVID-19-DailySentinel-Hospital-Surveillance-Report-National-20220210.pdf>
19. United Kingdom Health Security Agency. COVID-19 vaccine surveillance report – week 5. Published online 2022. Accessed February 4, 2022. [https://assets.publishing.service.gov.uk/government/uploads/system/uploads/attachment\\_data/file/1052353/Vaccine\\_surveillance\\_report\\_-\\_week\\_5.pdf](https://assets.publishing.service.gov.uk/government/uploads/system/uploads/attachment_data/file/1052353/Vaccine_surveillance_report_-_week_5.pdf)

**Cuba, Enfermedades de Declaración Obligatoria (EDO) Seleccionadas.**  
**Número de casos en la semana y acumulados hasta: 05/02/22**

ENFERMEDADES	EN LA SEMANA		ACUMULADOS		TASAS	
	2021	2022	2021	2022	2021	2022*
<b>FIEBRE TIFOIDEA</b>	-	-	-	-	-	._**
<b>SHIGELLOSIS</b>	1	1	11	3	0.32	0.09
<b>D. AMEBIANA AGUDA</b>	-	-	-	-	0.01	0.01**
<b>TUBERCULOSIS</b>	5	12	32	49	3.77	5.78
<b>LEPRA</b>	1	5	7	11	0.72	1.14
<b>TOSFERINA</b>	-	-	-	-	-	._**
<b>ENF. DIARREICAS AGUDAS</b>	1254	1942	7732	10617	936.07	1287.12
<b>M. MENINGOCÓCCICA.</b>	-	-	-	-	0.04	0.04**
<b>MENINGOCOCCEMIA</b>	-	-	-	-	-	._**
<b>TÉTANOS</b>	-	-	-	-	-	._**
<b>MENINGITIS VIRAL</b>	18	14	89	64	5.54	3.99
<b>MENINGITIS BACTERIANA</b>	2	4	8	17	0.95	2.01
<b>VARICELA</b>	147	117	931	669	34.98	25.17
<b>SARAMPIÓN</b>	-	-	-	-	-	._**
<b>RUBÉOLA</b>	-	-	-	-	-	._**
<b>HEPATITIS VIRAL</b>	50	14	199	73	11.62	4.27
<b>PAROTIDITIS</b>	-	-	-	-	-	._**
<b>PALUDISMO IMPORTADO</b>	-	-	2	-	0.08	0.08**
<b>LEPTOSPIROSIS</b>	-	-	3	-	0.13	0.13**
<b>SÍFILIS</b>	77	103	350	450	33.88	43.62
<b>BLENORRAGIA</b>	55	53	253	173	15.79	10.81
<b>INFECC. RESP. AGUDAS</b>	44136	70326	225032	494179	25529.79	56142.23

**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**

<b>DIRECTOR:</b> Dr. Manuel E. Díaz González.	<b>JEFES DE INFORMACIÓN:</b>
<b>EDITOR:</b> DrC. Belkys Maria Galindo Santana.	
<b>PROCESAMIENTO ESTADÍSTICO:</b> Téc. Irene Toledo Rodríguez	

Teléfono; (53-7) 2807625 y 2020652 Fax: (53-7) 2046051 y (53-7) 2020633

Internet: <http://instituciones.sld.cu/ipk>