



Castilla-La Mancha

Boletín Epidemiológico de Albacete

NOVIEMBRE 2021/ Vol. 32 / N° 403



Alcalá del Júcar (Albacete). Autora: M^a Pilar Cárdenas Soriano.

Comentarios Epidemiológicos p. 74

.....

**Estado y Distribución de las Enfermedades
de Declaración Obligatoria p. 81**

Sección de Epidemiología, Dirección Provincial de la Consejería de Sanidad

EVALUACIÓN RÁPIDA DE RIESGO Variantes de SARS-CoV-2 en España: Ómicron (I) 9ª actualización, 18 de enero de 2022*

Resumen de la situación y conclusiones

El día 26.11.2021 la OMS y el ECDC declararon Ómicron como variante de preocupación (VOC). En el momento actual la variante Ómicron está expandiéndose con rapidez a nivel mundial. En España se está produciendo una rápida sustitución de la variante Delta por parte de Ómicron coincidiendo con un incremento exponencial de la incidencia en nuestro país.

La acumulación de la evidencia científica apoya el aumento de la transmisibilidad de Ómicron y su mayor capacidad de escape inmunitario, así como a una menor virulencia y menor riesgo de producir enfermedad grave y fallecimientos que las variantes anteriores.

El riesgo de diseminación de la variante Ómicron en España se considera **muy alto**. Si bien parece consolidarse la evidencia de una menor gravedad reducida de la onda de Ómicron en relación con la de Delta, la combinación de mayor riesgo de transmisión y evasión inmunológica de Ómicron significa que cualquier ventaja en la reducción de la hospitalización y fallecimientos podría potencialmente superarse por mayores tasas de infección en la comunidad. Es por ello que el impacto se considera también **muy alto**.

Debido al contexto epidemiológico actual y a la expansión de la variante Ómicron, se recomienda continuar aumentando los porcentajes de cobertura vacunal y la administración de dosis de refuerzo en poblaciones diana, así como mantener y enfatizar el cumplimiento de las medidas de control no farmacológicas: el uso adecuado de mascarilla, la distancia interpersonal, la ventilación adecuada en los espacios cerrados y la higiene de manos. Para controlar la transmisión en el escenario de riesgo actual, se aconseja reducir el número y la duración de los contactos. Se recomienda por ello establecer límites en el número de participantes en eventos públicos y sociales, así como la protección especial de las personas vulnerables.

La descripción epidemiológica de la circulación de las variantes en España se actualiza con periodicidad semanal en <https://www.mscbs.gob.es/profesionales/saludPublica/ccayes/alertasActual/nCov/situacionActual.htm>

Justificación de la actualización de la evaluación de riesgo

Desde la última actualización, se ha detectado un aumento muy rápido de la proporción de casos debidos a Ómicron en España junto con un aumento muy importante de la incidencia acumulada. Aumentan las evidencias científicas de la asociación con mayor transmisibilidad y escape inmune, así como de una menor asociación con cuadros graves.

Aportaciones de las actualizaciones previas de esta evaluación de riesgo

20.01.2021	Notificación por parte de Reino Unido de una nueva variante de SARS-CoV-2 (VOC B.1.1.7) asociada a una mayor transmisibilidad.
26.01.2021	Nuevas evidencias epidemiológicas acerca de la mayor virulencia y letalidad de VOC B.1.1.7 y también incorpora los estudios de la capacidad neutralizante de los anticuerpos frente a la variante.
04.03.2021	Nuevos datos epidemiológicos en nuestro país, nuevas evidencias científicas de la asociación de las variantes que contengan la mutación E484K, con la reducción a la acción de la inmunidad adquirida de forma natural o tras la vacunación con algunas vacunas.
07.06.2021	Situación epidemiológica muy diferente, con predominio de la variante Alfa (B.1.1.7), desarrollo importante de la integración de la secuenciación genómica en la vigilancia de COVID-19, nuevas evidencias respecto a la variante Delta con expansión en India y Reino Unido y el nuevo sistema de nomenclatura de la OMS.
06.08.2021	Aumento muy importante de la variante Delta y descenso significativo de la variante Alfa. Importante progreso de la cobertura vacunal acompañado de un aumento de la incidencia sobre todo a expensas de niños y jóvenes, aún no vacunados.
30.11.2021	Hegemonía casi total de la circulación de la variante Delta con altas coberturas vacunales poblacionales. Declaración por parte de la OMS y el ECDC el día 26.11.2021 de una nueva VOC denominada Ómicron, con una alta transmisibilidad.
03.12.2021	Actualización de casos de Ómicron detectados a nivel nacional e internacional. Primeras evidencias de escape inmunitario.
21.12.2021	Expansión rápida de Ómicron a nivel nacional; evidencias de enfermedad menos grave.

Equipo CCAES y expertos consultados

Equipo CCAES (orden alfabético): Esteban Aznar Cano, Lucía García San Miguel Rodríguez-Alarcón, María José Sierra Moros (CIBER de Enfermedades Infecciosas), Fernando Simón Soria (CIBER en Epidemiología y Salud Pública).

Otros expertos y filiación: Centro Nacional de Microbiología, Laboratorio de Virus Respiratorios y Gripe: Inmaculada Casas, Francisco Pozo, María Iglesias-Caballero, Sonia Vázquez-Morón. CIBER en Epidemiología y Salud Pública. Coordinación de la Red de Laboratorios de Secuenciación Genómica (RELECOV).

Centro Nacional de Epidemiología: Amparo Larrauri, Concha Delgado, Jesús Oliva. CIBER en Epidemiología y Salud Pública.

Instituto de Biomedicina de Valencia (CSIC). CIBER en Epidemiología y Salud Pública. Consorcio SeqCOVID: Iñaki Comas Espadas

Universidad de Valencia y FISABIO (Fundación para el Fomento de la Investigación Sanitaria y Biomédica de la Comunitat Valenciana). CIBER en Epidemiología y Salud Pública. Consorcio SeqCOVID: Fernando González Candelas

Introducción

A lo largo del curso de la pandemia se han descrito numerosas variantes del SARS-CoV-2 que muestran diferencias genéticas con la secuencia original del virus. Algunas mutaciones parecen haber surgido de manera independiente en distintas variantes, lo que podría indicar que confieren alguna ventaja adaptativa. Las diferentes mutaciones presentes en las variantes pueden conferirles un mayor impacto en la salud pública a través de varios aspectos (1):

Aumento en la transmisibilidad

Aumento en la gravedad de la infección y/o letalidad

Descenso en la efectividad de la respuesta inmune natural o producida por vacunas

Reducción de la capacidad diagnóstica de las pruebas disponibles

Descenso de la efectividad de los tratamientos

Desde el punto de vista de la vigilancia se consideran variantes de preocupación para la salud pública (VOC, por sus siglas en inglés, Variant of Concern) aquellas que pueden tener un impacto significativo en la situación epidemiológica de nuestro país y para las que existen evidencias de un incremento en la transmisibilidad, la gravedad y/o el escape a la respuesta inmune. Se consideran variantes de interés (VOI, por sus siglas en inglés, Variant of Interest) aquellas que, con una probabilidad menor, podrían también tener un impacto en la situación epidemiológica en España o para las que existen indicios de un incremento en la transmisibilidad, la gravedad y/o el escape a la respuesta inmune con un grado menor de certeza.

En España, a través de la implementación del Protocolo de Integración de la Secuenciación genómica y especialmente la secuenciación de muestras aleatorias se está realizando una vigilancia integral tanto de las variantes conocidas como de la aparición de nuevas variantes que puedan representar un aumento del riesgo (2).

La situación actual se caracteriza en España por el aumento acelerado de la variante Ómicron, que va desplazando de forma rápida a Delta, junto con una elevada cobertura vacunal, superior al 92% de la población general mayor de 12 años. En las últimas semanas los niveles de incidencia de casos de COVID-19 han experimentado un aumento, si bien con un impacto considerablemente menor en cuanto a hospitalizaciones y fallecimientos que en las fases previas de la epidemia. Este menor impacto se ha asociado, en parte, al elevado nivel de efectividad de las vacunas frente a la infección grave (3).

La información epidemiológica sobre las variantes de SARS-CoV-2 en España se actualiza periódicamente y puede ser consultada en este enlace: <https://www.msbs.gob.es/profesionales/saludPublica/ccayes/alertasActual/nCov/situacionActual.htm>.

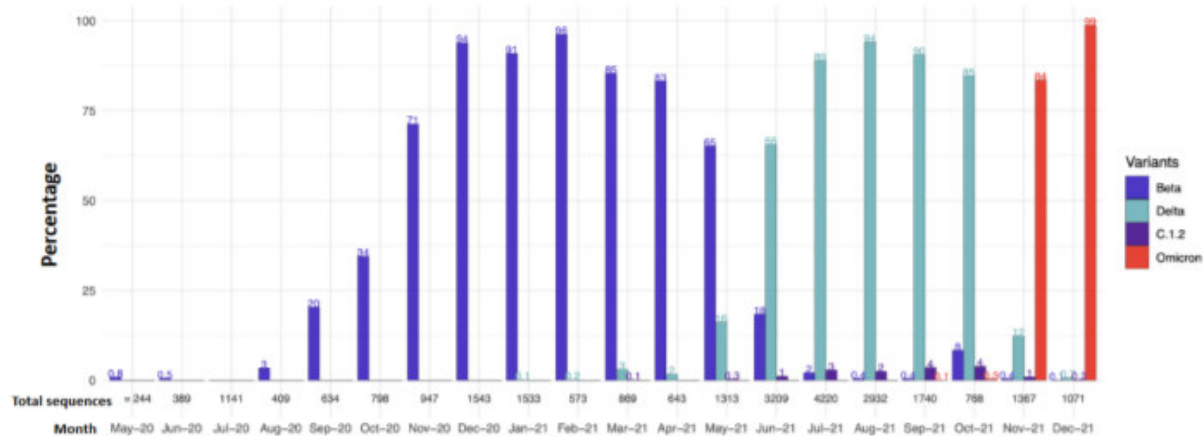
Descripción del evento

El 26 de noviembre, la OMS declaró el linaje B.1.1.529 de SARS-CoV-2 como una nueva variante de preocupación (VOC) nombrándola según el código de nomenclatura vigente como variante Ómicron (4). Desde el mismo día, el ECDC considera también como VOC a la nueva variante (5) y

el día 29 de noviembre, el Comité Técnico Coordinador de la Red de Laboratorios de Secuenciación de SARS-CoV-2 en España tomó esa misma decisión.

Tras la detección de los primeros casos en Botsuana en muestras del 11 de noviembre y posteriormente en Sudáfrica en muestras recogidas a partir del 14 de noviembre, se registró una expansión rápida en la proporción de casos debidos a Ómicron coincidiendo con un aumento de la incidencia (6). Desde finales de junio hasta mediados de noviembre la variante mayoritaria circulante en Sudáfrica era la variante Delta, situación que en pocas semanas se invirtió a favor de Ómicron (Figura 1). En Sudáfrica, con Ómicron siendo la variante dominante, desde la semana 50 de 2021 se han ido reduciendo los casos notificados y en la primera semana de 2022 continúa la tendencia a la baja con un 48% de reducción frente a la semana previa (7).

Figura 1. Proporción de variantes respecto al total de muestras analizadas en Sudáfrica desde mayo de 2020 hasta el 21 de diciembre de 2021



Fuente: National Institute for Communicable Diseases de Sudáfrica (7).

Desde finales de noviembre, numerosos países fuera del continente africano han comunicado casos y brotes por Ómicron. Los primeros casos se detectaron entre viajeros procedentes de la región Sur de África, pero en pocos días el número de casos no asociados a viajes fue en aumento. Varios países europeos notificaron un ritmo de crecimiento rápido en la proporción de casos de Ómicron (8–10). En los países donde Ómicron se ha convertido en la variante dominante, se han notificado grandes aumentos en la incidencia semanal de casos de COVID-19. Por ejemplo, en el Reino Unido, donde la prevalencia de Ómicron el último día de 2021 se estimó en >95 %, se notificaron más de 1,1 millones de casos en la semana 52 de 2021, un aumento del 51 % con respecto a la semana anterior (11). En Dinamarca, donde Ómicron representaba el 90 % de los casos a 28 de diciembre de 2021, se produjo durante la semana 52 un aumento del 47 % en comparación con la semana previa (12). Asimismo, en los EEUU, donde Ómicron representaba más del 95 % de los casos a 7 de enero de 2022, se observó un aumento del 86% en la semana 1 de 2022, respecto a la semana anterior (13).

Características virológicas

Mutaciones

La variante Ómicron comprende los linajes PANGO BA.1 (anteriormente B.1.1.529), BA.2 y BA.3. El primero es el predominante y la caracterización de la variante a nivel fenotípico corresponde por

tanto a este linaje. Presenta 30 sustituciones en el gen de la espícula, tres deleciones y una inserción respecto al genoma del virus original en el gen de la espícula. La mayor parte de estas mutaciones estaban ya presentes en otras variantes que fueron consideradas como VOC o VOI en otros momentos y algunas de ellas se han relacionado con aumento en la transmisibilidad y disminución en la capacidad de neutralización de los anticuerpos (Tabla 1).

En el resto del genoma hay 23 mutaciones adicionales, hasta un total de 55 cambios en la secuencia de aminoácidos de las proteínas virales respecto a la cepa original de Wuhan.

Tabla 1. Mutaciones presentes en Ómicron y en variantes previas y posibles implicaciones fenotípicas

Mutación	Presente en otras variantes	Posibles implicaciones fenotípicas
A67V	Eta	
Δ69-70	Alfa, Eta	Fallo de amplificación del gen S
G142/Δ143-145	Delta	
G339D, S371L, S373P y S375F		Cercanas al lugar de unión de anticuerpos monoclonales
K417N	Beta	Relacionada con disminución de la capacidad de neutralización de los anticuerpos
N440K	B.1.628	
S477N		Unión al receptor ACE2
T478K	Delta	
E484A		Posición relacionada con disminución de la capacidad de neutralización de los anticuerpos
Q498R		Unión al receptor ACE2. Relacionado con mayor transmisibilidad
N501Y	Alfa, Beta, Gamma	Unión al receptor ACE 2. Mayor transmisibilidad
H655Y	Gamma	Punto de escisión de la furina. Relacionado con mayor la transmisibilidad
N679K	Sublinaje de Gamma	
P681H	Alfa, Mu	
Δ3674-3676 (ORF1)		Posible relación con evasión inmune

Fuente: covariants.org (14)

Impacto sobre técnicas diagnósticas

A pesar de las numerosas mutaciones presentes en la variante Ómicron, la mayoría de las técnicas de PCR utilizadas en el diagnóstico utilizan varias dianas por lo que no es previsible que su sensibilidad se vea afectada de manera importante. No obstante, algunas de las PCRs utilizadas pueden presentar dificultades en la identificación de virus de la variante Ómicron (15).

La deleción 69-70 (presente en los linajes BA.1 y BA.3) conlleva un fallo de amplificación del gen S (SGTF) con algunos sistemas de RT-PCR utilizados para el diagnóstico de SARS-CoV-2, lo que la diferencia de la variante Delta y puede servir como método de cribado rápido para monitorizar la aparición de casos sospechosos de ser positivos a la nueva variante Ómicron. Sin embargo, hay que tener en cuenta que la especificidad de este marcador dependerá de la frecuencia con la que circulen los distintos linajes.

El linaje BA.2, que no presenta ese marcador, ha aumentado su frecuencia en los primeros días de enero de 2022 en varios países como India, Dinamarca o Suecia. Aunque aún no se han detectado casos en España, si este linaje aumentara su prevalencia mientras Delta siga circulando a nivel comunitario, las pruebas de cribado basadas únicamente en este marcador no serán capaces de diferenciar entre los casos de Delta y de BA.2. Además, la delección 69-70 está presente en algunas variantes previas que circulan en frecuencias muy bajas y puede aparecer de manera esporádica en un porcentaje muy pequeño de secuencias de la variante Delta. La detección presuntiva puede realizarse con mayor precisión mediante PCRs capaces de detectar varias mutaciones puntuales. La confirmación requiere la realización de la secuenciación genómica.

La mayor parte de las pruebas de detección de antígenos utilizan como diana la proteína de la nucleocápside. A pesar de que la variante Ómicron presenta también mutaciones en esta proteína (algunas de ellas presentes en variables previas), varias pruebas de antígenos han demostrado un buen rendimiento frente a la variante Ómicron (16–20). Sin embargo, un análisis de la sensibilidad analítica de varias pruebas de antígenos realizado en Suiza, encontró una tendencia hacia una menor sensibilidad frente a Ómicron en comparación con otras VOC en seis de las siete pruebas analizadas (21).

Por otro lado, las diferencias en el tropismo de la variante Ómicron por distintos tejidos en el sistema respiratorio, podrían implicar también diferencias en la preferencia de unos tipos de muestras sobre otras para la realización de las pruebas diagnósticas. Un artículo pendiente de revisión encontró una disminución en la sensibilidad de la prueba de antígenos realizada en frotis nasal en casos de Ómicron durante los primeros días de la infección a pesar de que los casos se encontraban en periodo infectivo y mostraban altas cargas virales según la prueba de PCR en saliva (22) y otro estudio llevado a cabo en Sudáfrica encontró una mayor sensibilidad en muestras de saliva que en muestras nasales (23).

Aumento de la transmisibilidad

Ya se han realizado algunas investigaciones acerca del aumento de la transmisibilidad intrínseca de Ómicron. La capacidad de unión de la proteína de la espícula al receptor ACE2 se ha relacionado con la transmisibilidad. A este respecto, modelos estructurales realizados en Reino Unido muestran una alta probabilidad de que las mutaciones presentes en la proteína S de la variante produzcan una mayor afinidad por el receptor ACE2 (24). Un estudio de la Universidad de Hong Kong, aún sin revisar por pares, encontró una mayor capacidad de la variante Ómicron para infectar el tejido bronquial humano que Delta (25). Otro estudio del Reino Unido encontró que Ómicron se replica más rápidamente que la variante Delta en cultivos primarios de vías respiratorias humanas. Esto permite que Ómicron infecte una mayor cantidad de células en el epitelio del tracto respiratorio superior, lo que le confiere una mayor capacidad de transmisión a dosis de exposición más bajas y se traduce en una transmisibilidad intrínseca mejorada (26).

Escape a la inmunidad

Una serie de estudios in vitro han comparado la capacidad de unión o de neutralización de los anticuerpos en sueros de personas convalecientes, vacunadas con diferentes vacunas, y habiendo o no recibido una dosis de refuerzo. Aunque los resultados son difícilmente comparables debido a diferencias en el planteamiento de los estudios, todos coinciden en señalar menor capacidad de neutralización de los anticuerpos pre-existentes frente a la variante Ómicron en comparación con otras variantes. La mayoría señalan también un aumento en los niveles de anticuerpos neutralizantes poco tiempo después de la dosis de refuerzo (27–36). A pesar de las observaciones realizadas sobre la reducción muy significativa sobre la neutralización, hay que tener en cuenta que la respuesta

inmunitaria también tiene otros componentes. Así, las respuestas de las células T de memoria pueden ofrecer una ruta hacia la inmunidad duradera y la protección contra el desarrollo de enfermedad grave, incluso en situaciones en las que se observa una gran reducción de los anticuerpos neutralizantes (37) y los análisis de efectividad vacunal indican que la respuesta ante enfermedad grave se mantiene.

Patogenicidad y virulencia

Se ha observado que la capacidad de replicación de Ómicron es mucho más rápida en las células bronquiales que otras variantes de SARS-CoV-2, mientras que en el pulmón se observa lo contrario (25). La menor capacidad de replicación de Ómicron en el pulmón humano puede ser compatible con una gravedad reducida, pero los determinantes de la enfermedad grave son multifactoriales.

Dos estudios observaron que la eficiencia de escisión de Ómicron es menor que la del virus de Wuhan (WT) y Delta lo que llevaría a una fusogenicidad deteriorada (particularmente en tejido pulmonar) y una menor formación de sincitios, lo que podría estar en relación con una menor patogenicidad (25,26). La escisión eficiente de la proteína de la espícula es especialmente importante para la entrada del virus dependiente de TMPRSS2 en las células humanas. Las células que expresan TMPRSS2 son más abundantes en el tracto respiratorio inferior, en comparación con el tracto respiratorio superior. Por lo tanto, la variante Ómicron parece entrar preferentemente a las células del tracto respiratorio superior a través de la vía endosómica (independiente de TMPRSS2) (25,38).

Hasta la fecha, se han utilizado dos modelos animales para evaluar la gravedad. Los ratones que expresan ACE2 humana tienen significativamente menos pérdida de peso, recuperarse más rápido y tener menos patología pulmonar cuando se infectan con Ómicron en comparación con Delta o WT (39). Utilizando un modelo de hámster sirio (*M. auratus*) se observó que los animales infectados con Ómicron muestran menos signos clínicos y tienen una enfermedad más leve (40,41). La carga viral en los tejidos pulmonares también es menor en animales infectados por Ómicron en comparación con Delta o WT en ambos modelos animales.

*Información disponible en:

<https://www.sanidad.gob.es/profesionales/saludPublica/ccayes/alertasActual/nCov/documentos/20220118-ERR.pdf>

**ESTADO DE LAS ENFERMEDADES DE DECLARACIÓN OBLIGATORIA EN LAS SEMANAS 41 A 44 DE 2021 (del 11 de octubre al 7 de noviembre de 2021).
PROVINCIA DE ALBACETE**

ENFERMEDADES	CIE –OMS 9ª-Rev.	CASOS DECLARADOS		ACUMULACIÓN DE CASOS		MEDIANA 2016-2020		ÍNDICE EPIDÉMICO	
		2021	2020	2021	2020	SEM	AC	SEM	AC
F. TIFOIDEA/PARATIFOIDEA	002.0,002.1,002.2,002.3,002.9	0	0	0	0	0	1	1.00	0.00
DISENTERÍA	004	0	0	0	0	0	2	1.00	0.00
GRIPE	487	107	39	305	3784	39	6034	2.74	0.05
TUBERCULOSIS RESPIRAT.	011-012	1	0	20	9	1	19	1.00	1.05
SARAMPIÓN	055	0	0	0	0	0	0	1.00	1.00
RUBEOLA	056	0	0	0	0	0	0	1.00	1.00
VARICELA	052	12	14	66	128	18	495	0.67	0.13
CARBUNCO	022	0	0	0	0	0	0	1.00	1.00
BRUCELOSIS	023	0	0	4	0	0	0	1.00	(+)
HIDATIDOSIS	122	0	0	0	0	0	0	1.00	1.00
FIEBRE EXANT. MEDITERR.	082.1	0	0	4	3	0	2	1.00	2.00
SÍFILIS	091	1	1	10	4	0	4	(+)	2.50
INFECCIÓN GONOCÓCICA	098,0,098,0,098	6	0	18	14	3	18	2.00	1.00
ENFER. MENINGOCÓCICA	036	0	0	2	0	0	2	1.00	1.00
PAROTIDITIS	072	0	0	17	37	3	37	0.00	0.46
E.I.S. PNEUMONIAE	320.1	2	0	6	23	1	40	2.00	0.15
TOS FERINA	033	0	0	0	0	0	0	1.00	1.00
HEPATITIS A	070.0,070.1	0	0	3	2	2	14	0.00	0.21
HEPATITIS B	070.2,070.3	0	0	3	0	0	0	1.00	(+)
HEPATITIS VÍRICAS OTRAS	070.4-070	0	0	3	0	0	0	1.00	(+)
LEGIONELOSIS	482.8	1	2	11	8	0	8	(+)	1.38
MENINGITIS TUBERC.	013.0	0	0	0	1	0	0	1.00	1.00
TUBERCULOSIS OTRAS	010,013.1-013.9,014-018	0	0	0	1	0	1	1.00	0.00
DIFTERIA	032.0,032.1,032.2,032.3,032.8,032.9	0	0	0	0	0	0	1.00	1.00
LEPRA	030,030.1,030.2,030.3,030.8	0	0	0	0	0	0	1.00	1.00
PALUDISMO	084.0,084.1,084.2,084.3,084.4,084.5	0	0	2	1	0	2	1.00	1.00
POLIOMIELITIS	045.0,045.1,045.2,045.9	0	0	0	0	0	0	1.00	1.00
RABIA	071	0	0	0	0	0	0	1.00	1.00
TÉTANOS/T. NEONATAL	037 / 771.3	0	0	0	0	0	0	1.00	1.00
TRIQUINOSIS	124	0	0	0	0	0	0	1.00	1.00
CÓLERA	001.0,001.1,001.9	0	0	0	0	0	0	1.00	1.00
FIEBRE AMARILLA	060.0,060.1,060.9	0	0	0	0	0	0	1.00	1.00
PESTE	020.0,020.1,020.2,020.3,020.4,020.5,020.8,020.9	0	0	0	0	0	0	1.00	1.00
TIFUS	080	0	0	0	0	0	0	1.00	1.00
BOTULISMO	005.1	0	0	0	0	0	0	1.00	1.00
RUBEOLA CONGÉNITA	771.0	0	0	0	0	0	0	1.00	1.00
SÍFILIS CONGÉNITA	090.0,090.1,090.2,090.3,090.4,090.5,090.6,090.7,090.9	0	0	0	0	0	0	1.00	1.00
E. INV. POR H. I.	038.4,041.5	0	1	0	5	0	6	1.00	0.00
NEUMONÍA	480-486 (excluida 482.2 y .8)	90	52	585	944	87	1250	1.03	0.47
NUEVAS ENFERMEDADES DE DECLARACIÓN OBLIGATORIA									
CAMPILOBACTERIOSIS	008.5	4	6	51	48	16	230	0.25	0.22
F. CHLAM. TRACHOMATIS	099.4	3	1	21	11	2	14	1.50	1.50
DENGUE	061	0	0	0	0	0	0	1.00	1.00
FIEBRE Q	083.0	0	0	2	0	0	0	1.00	(+)
GIARDIASIS	007.1	1	1	1	1	1	1	1.00	1.00
LEISHMANIASIS	085.0-085.5,085.9,	1	1	1	3	0	1	(+)	1.00
LISTERIOSIS	027.0	0	0	4	3	0	5	1.00	0.80
SALMONELOSIS	003.0	6	5	101	50	18	169	0.33	0.60
YERSINIOSIS	008.4	0	0	5	1	0	9	1.00	0.56
VIRUS CHIKUNGUNYA	066.3	0	0	0	0	0	0	1.00	1.00
HEPATITIS C	070.4,070.5	0	0	2	3	0	1	1.00	2.00
HERPES ZOSTER	053.0	149	158	1786	1676	158	1744	0.94	1.02
(+) Casos sobre mediana cero. Un índice epidémico > 1,25 indica que la incidencia es alta Un índice epidémico 0,75 - 1,25 indica que la incidencia es media Un índice epidémico < 0,75 indica que la incidencia es baja									

SEM: N° de casos declarados semanas 41 - 44

AC: N° de casos acumulados hasta el 7 de noviembre de 2021

**DECLARACIÓN TOTAL DE LAS ENFERMEDADES DE DECLARACIÓN OBLIGATORIA.
SEMANAS 41 - 44. AÑO 2021.**

SEMANAS EPIDEMIOLÓGICAS 2021	NUMÉRICAS	INDIVIDUALIZADAS (POR ZONAS DE SALUD)
SEMANA 41	GRIPES: 20 NEUMONÍAS: 23 VARICELAS: 5 HERPES ZOSTER: 41	<ul style="list-style-type: none"> - 1 INF. GONOCÓCICA (ALBACETE Z - III) - 1 INF. GONOCÓCICA (ALBACETE Z - IV) - 1 INF. GONOCÓCICA (ALBACETE Z - V B) - 2 E.N.I. (ALBACETE Z - IV) - 1 CAMPILOBACTERIOSIS (ALBACETE Z - VI) - 1 CAMPILOBACTERIOSIS (ALBACETE Z - VIII) - 1 CHLAMYDIA (ALBACETE Z - III) - 2 CHLAMYDIA (ALBACETE Z - V B) - 1 SALMONELOSIS (ALBACETE Z - VI) - 1 SALMONELOSIS (ALMANSA) - 1 SALMONELOSIS (VILLARROBLEDO)
SEMANA 42	GRIPES: 16 NEUMONÍAS: 22 VARICELAS: 2 HERPES ZOSTER: 50	<ul style="list-style-type: none"> - 1 TUBERCULOSIS RESPIRATORIA (ALBACETE Z - III) - 1 INF. GONOCÓCICA (ALBACETE Z - VI) - 1 CAMPILOBACTERIOSIS (ALBACETE Z - VIII) - 2 SALMONELOSIS (ALBACETE Z - VIII)
SEMANA 43	GRIPES: 32 NEUMONÍAS: 17 VARICELAS: 2 HERPES ZOSTER: 28	<ul style="list-style-type: none"> - 1 SÍFILIS (CHINCHILLA DE MONTEARAGÓN) - 1 INF. GONOCÓCICA (ALBACETE Z - IV) - 1 GIARDIASIS (ALMANSA) - 1 LINFOGRANULOMA VENÉREO (CHINCHILLA DE M) - 1 SALMONELOSIS (CHINCHILLA DE M.)
SEMANA 44	GRIPES: 40 NEUMONÍAS: 28 VARICELAS: 3 HERPES ZOSTER: 31	<ul style="list-style-type: none"> - 1 INF. GONOCÓCICA (HELLÍN 1) - 1 LEGIONELOSIS (RIOPAR) - 1 CAMPILOBACTERIOSIS (ALBACETE Z - VIII) - 1 LEISHMANIASIS (CASAS IBÁÑEZ) - 1 LEPTOSPIROSIS (HELLÍN 2)

ENFERMEDADES DE DECLARACIÓN OBLIGATORIA*

1. Botulismo	31. Infección gonocócica
2. Brucelosis	32. Infección por el VIH/SIDA
3. Campilobacteriosis	33. Legionelosis
4. Carbunco	34. Leishmaniasis
5. Cólera	35. Lepra
6. Criptosporidiosis	36. Leptospirosis
7. Dengue	37. Linfogranuloma venéreo
8. Difteria	38. Listeriosis
9. Encefalitis transmitida por garrapatas	39. Paludismo
10. Encefalopatías espongiiformes transmisibles humanas	40. Parotiditis
11. Enfermedad invasora por <i>Haemophilus influenzae</i>	41. Peste
12. Enfermedad meningocócica	42. Poliomiélitis/PFA en menores de 15 años
13. Enfermedad neumocócica invasora	43. Rabia
14. Enfermedad por virus Chikungunya	44. Rubéola
15. Fiebre amarilla	45. Rubéola congénita
16. Fiebre del Nilo occidental	46. Salmonelosis
17. Fiebre exantemática mediterránea	47. Sarampión
18. Fiebre Q	48. Síndrome Respiratorio Agudo Grave
19. Fiebre recurrente transmitida por garrapatas	49. Shigellosis
20. Fiebre tifoidea / Fiebre paratifoidea	50. Sífilis
21. Fiebres hemorrágicas víricas	51. Sífilis congénita
22. Giardiasis	52. Tétanos/Tétanos neonatal
23. Gripe/Gripe humana por un nuevo subtipo de virus	53. Tos ferina
24. Hepatitis A	54. Toxoplasmosis congénita
25. Hepatitis B	55. Triquinosis
26. Hepatitis C	56. Tuberculosis
27. Herpes Zóster	57. Turalemia
28. Hidatidosis	58. Varicela
29. Infección por <i>Chlamydia trachomatis</i>	59. Viruela
30. Infección por cepas de <i>E. coli</i> productoras de toxina Shiga o Vero	60. Yersiniosis.

* Orden SSI/445/2015, de 9 de marzo

NOTA: Todas estas enfermedades excepto GRIPE, VARICELA, NEUMONÍA y HERPES ZOSTER son de declaración **INDIVIDUALIZADA**. Además, debe comunicarse de forma **URGENTE**, la aparición de brotes de cualquier etiología.