

INFORMACIÓN DIARIA

COVID-19: más datos de Francia sobre hidroxiclороquina, más interrogantes

Véronique Duqueroy . Texto completo: <https://espanol.medscape.com/verarticulo/5905286>

- Estudio polémico dirigido por el Dr. Didier Raoult, sobre la combinación de hidroxiclороquina y azitromicina en pacientes con COVID-19 fue publicado el 20 de marzo, según se reportó en *Medscape Noticias Médicas*. Los últimos resultados del mismo equipo de Marsella, con 80 pacientes, se dieron a conocer el 27 de marzo.
- Los investigadores informan una reducción significativa de la carga viral (83% de los pacientes tuvo resultados negativos en la reacción en cadena de la polimerasa cuantitativa en el día 7, y 93% tuvo resultados negativos en el día 8). Hubo una "mejora clínica, en comparación con la progresión natural". Ocurrió una muerte, y tres pacientes fueron trasladados a las unidades de cuidados intensivos.
- Aunque los datos parecen alentadores, la falta de un grupo de control en el estudio deja desconcertados a los médicos.
- *Medscape* conversó con el Dr. Benjamin Davido, especialista en enfermedades infecciosas en *Raymond-Poincaré Hospital*, en Garches, París, sobre las implicaciones de esos nuevos resultados.

¿Qué piensa sobre los nuevos resultados presentados por el equipo del Dr. Raoult? ¿Confirman la eficacia de hidroxiclороquina?

Estos resultados complementan a los originales, pero no ofrecen nueva información o nuevos datos estadísticos. Son absolutamente superponibles y en general señalan que a los 5 a 7 días de tratamiento muy pocos pacientes eliminan el virus. Pero esa no es la interrogante que todo mundo se plantea.

Aun cuando no necesariamente tengamos que llevar a cabo un estudio aleatorizado, deberíamos al menos comparar el tratamiento, ya sea con otro (que podría ser monoterapia con hidroxiclороquina), o simplemente con el tratamiento habitual. Se necesitaba un grupo de control auténtico.



REPORTE –82 (COVID-19)

DESTACADOS



- Yemen informó su primer caso de COVID-19 en las últimas 24 horas.
- La OMS ha desarrollado la siguiente definición para reportar muertes de COVID: una muerte de COVID-19 se define para fines de vigilancia como una muerte resultante de una enfermedad clínicamente compatible en un caso de COVID-19 probable o confirmado, a menos que haya una causa alternativa clara de muerte que no pueda estar relacionado con la enfermedad COVID (p. ej., trauma). No debe haber un período de recuperación completa entre la enfermedad y la muerte.
- El Director General de la OMS, Dr. Tedros, en conferencia de prensa destacó la cuestión de planificar la transición de las restricciones de quedarse en casa: “La OMS quiere que las restricciones se levanten tanto como cualquiera. Al mismo tiempo, levantar las restricciones demasiado rápido podría llevar a un resurgimiento mortal”.
<https://www.who.int/dg/speeches/detail/who-director-general-s-opening-remarks-at-the-media-briefing-on-covid-19---10-april-2020>
- Actualizada por la OMS su página de preguntas y respuestas sobre COVID-19 para proporcionar información sobre cómo se propaga el virus y cómo está afectando a las personas en todo el mundo.
<https://www.who.int/news-room/q-a-detail/q-a-coronaviruses>
- Hasta la fecha, existe un número limitado de publicaciones e informes nacionales de situación que proporcionan información sobre el número de infecciones de trabajadores de la salud (PS).

Fuente: https://www.who.int/docs/default-source/coronaviruse/situation-reports/20200411-sitrep-82-covid-19.pdf?sfvrsn=74a5d15_2

SITUACIÓN EN NÚMEROS total (nuevos) casos en las últimas 24 horas

A nivel mundial 1 610 909 confirmados (89 657) 99 690 muertes (6892)
Región de Europa 839 257 confirmados (39 561) 70 565 muertes (4352)
Región de las Américas 536 664 confirmados (43 491) 19 294 muertes (2256)
Región del Pacífico occidental 118 549 confirmados (1302) 4017 muertes (39)
Región del Mediterráneo Oriental 92 226 confirmados (3569) 4771 muertes (164)
Región del Sudeste Asiático 14 161 confirmados (1183) 617 muertes (48)
Región de África 9340 confirmados (551) 415 muertes (33)

EVALUACIÓN DEL RIESGO DE LA OMS Nivel global Muy alto

NOTICIAS DE INVESTIGACIÓN



Estudio de la susceptibilidad a enfermar por COVID-19

tellmeGen . Fuente: https://genotipia.com/genetica_medica_news/estudio-susceptibilidad-covid19/

- En colaboración con el **Instituto de Inmunología de Rostock** (Alemania), liderado por el catedrático **Prof. Dr. Hans-Juergen Thiesen**, en *tellmeGen* se comienza de los **estudios pioneros en genética relacionados con la susceptibilidad a enfermar por COVID-19**.
- El objetivo del estudio es poder identificar marcadores genéticos que relacionen personas con riesgo de sufrir una evolución más severa por coronavirus, independientemente de la edad, sexo, carga viral y comorbilidades.
- Las muestras de pacientes positivos en coronavirus SARS-CoV2 serán enviadas por el Instituto de Inmunología de Rostock , divididas en los siguientes grupos:



1. Grupo I: SARS-CoV2 positivo sin ingreso hospitalario, es decir, asintomáticos o síntomas leves.
 2. Grupo II: SARS-CoV2 positivo con ingreso hospitalario con medidas de oxígeno suplementario.
 3. Grupo III: SARS-CoV2 positivo con ingreso en Unidad de Cuidados Intensivos (UCI).
- En un plazo de 10 días, **tellmeGen** *enviara* los datos genéticos crudos de estos pacientes, con las más de 750.000 mutaciones que detecta el test genético que comercializamos, siendo la forma más barata y rápida de analizar los posibles patrones genéticos. Analizando la información genética de cada paciente, se puede determinar si hay algún patrón genético que sea común a cada grupo de estudio.
 - *tellmeGen* pregunta a sus usuarios si les interesa ceder sus datos para este estudio en concreto. De esta forma, se podrá determinar si entre las 75.000 personas que se han hecho el análisis genético hay positivos en SARS-CoV2 que permitan comparar los resultados con los analizados por el Dr. Hans-Juergen Thiesen. Los datos serán enviados al Instituto de Inmunología para grupos controles.

Acotando el origen del coronavirus SARS-CoV-2

Amparo Tolosa, Genotipia.

https://genotipia.com/genetica_medica_news/origen-coronavirus-sars-cov-2/

El análisis del genoma del coronavirus SARS-CoV-2, responsable de la enfermedad COVID-9, ha proporcionado respuestas a algunas preguntas sobre el virus, pero todavía queda por resolver una de las principales, cuál es su origen exacto.

¿CUÁL ES LA HISTORIA EVOLUTIVA DEL VIRUS?

- Aunque todo apunta a que el virus SARS-CoV-2 surgió por una transferencia desde un animal, los pasos exactos se desconocen. Todavía faltan piezas en la historia evolutiva del virus para completar una imagen detallada de lo ocurrido en cada etapa. Por ejemplo, el genoma de los coronavirus obtenidos del pangolín presenta una variación en el dominio de unión de la proteína S, que interviene en la unión y entrada a las células huésped. Esta característica también está presente en el SARS-CoV-2 obtenido de humanos pero no está en los coronavirus similares aislados de murciélagos. Esto apoyaría que el virus saltara primero de murciélago a pangolín, adquiriera ese cambio y luego saltara a humanos.
- Sin embargo, el genoma de SARS-CoV-2 tiene otra característica ausente en el genoma de los coronavirus aislados de murciélagos y pangolines: una secuencia que favorece la escisión de los péptidos que forman la proteína S. Todavía no se sabe si ese cambio podría haber ocurrido en otra especie antes de la transferencia u ocurrió después, en la especie humana. Dar respuesta a esta cuestión podría ser de interés para determinar la exposición humana previa al SARS-CoV-2 .

Los primeros análisis del genoma de SARS-CoV-2 apuntan a que no hay evidencias de que haya sido creado o manipulado. La estructura del genoma no es la que correspondería a la manipulación de un genoma.

No hay nada que indique que ha sido creada a partir del patrón de otro virus. Además, su secuencia no está optimizada para dar lugar a proteínas con mayor afinidad a su receptor en el huésped. “Simplemente, no hay evidencias de que SARS-CoV-2, la causa de COVID19, surgiera de un laboratorio”, señala Holmes.

“En realidad este es el tipo de evento natural de emergencia de una enfermedad del que los investigadores del área como yo mismo llevamos alertando durante muchos años”.

COMENTARIO



Una perspectiva genómica sobre el origen y el surgimiento del SARS-CoV-2

Zhang y Holmes. Cell. 2020; 181, abril (2020), <https://doi.org/10.1016/j.cell.2020.03.035>

La pandemia en curso de un nuevo coronavirus humano, el SARS-CoV-2, ha generado una enorme preocupación global. Los autores participan en la secuenciación inicial del genoma del virus.

Se describe lo que revelan los datos genómicos sobre la aparición del SARS-CoV-2 y se discuten lagunas en la comprensión de sus orígenes.

El documento aborda sobre el nuevo coronavirus humano, comparaciones entre SARS-CoV-2 y otros coronavirus, los orígenes zoonóticos del SARS-CoV-2 y la evolución genómica en curso de SARS-CoV-2 .

Conclusiones

- Parece inevitable que el SARS-CoV-2 se convierta en el quinto coronavirus endémico en la población humana (junto con HKU1, NL63, OC43 y 229E) y uno que se está extendiendo actualmente en una población totalmente susceptible.
- Los coronavirus tienen claramente la capacidad de saltar los límites de las especies y adaptarse a los nuevos hospedadores, por lo que es sencillo predecir que surgirán más en el futuro, aunque no está claro por qué los coronavirus poseen esta capacidad en comparación con otros virus de ARN.
- La vigilancia de los coronavirus de los animales debe incluir otros animales, además de los murciélagos, ya que el papel de los huéspedes intermedios es de gran importancia, pues proporcionan una vía más directa para que el virus surja en humanos.



| | | | |
|-----------------------------------|----------------------|-----------------------|-----------------------------------|
| 669 | 2302 | 92 | 18 |
| Casos confirmados por laboratorio | Casos hospitalizados | Pacientes recuperados | Muertes asociadas a la enfermedad |

<https://temas.sld.cu/coronavirus/covid-19/>



Casos acumulados 669

Casos en el día 49

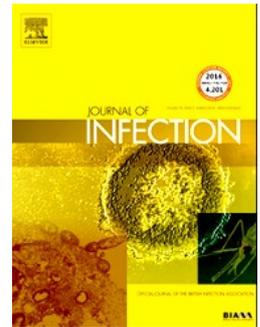
<https://salud.msp.gob.cu/?p=4564>

- Se encuentran ingresados en hospitales para vigilancia clínico epidemiológica 2 mil 302 pacientes. Otras 8 mil 348 personas se vigilan en sus hogares, desde la Atención Primaria de Salud.
- Para COVID-19 se estudiaron mil 895 casos, resultando positivas 49 muestras. El país acumula 15 mil 57 muestras realizadas y 669 positivas. Por tanto, al cierre del día de ayer se confirman 49 nuevos casos, para un acumulado de 669 en el país.
- Los 49 nuevos casos confirmados fueron cubanos. De ellos, uno tiene fuente de infección en el extranjero, fueron contactos de casos confirmados 35, uno fue contacto de viajero procedente del exterior y se investiga la fuente de infección d
- De los 49 casos confirmados, el 44.8% (22) se encontraban asintomáticos. Del total, 23 pertenecen al género femeninos (46.9%) y 26 al masculino (53.0%). Los grupos de edad más afectados son: de 40 a 59 años, y 60 y más con 15 cada uno, para un 30.6% respectivamente, seguido del grupo de 20 a 40 años con 11 casos (22.4%) y los menores de 20 años con 8 casos (16.3%).

PRUEBA PREVIA DE DIARIO

Perfil de anticuerpos específicos contra el SARS-CoV-2: primer informe

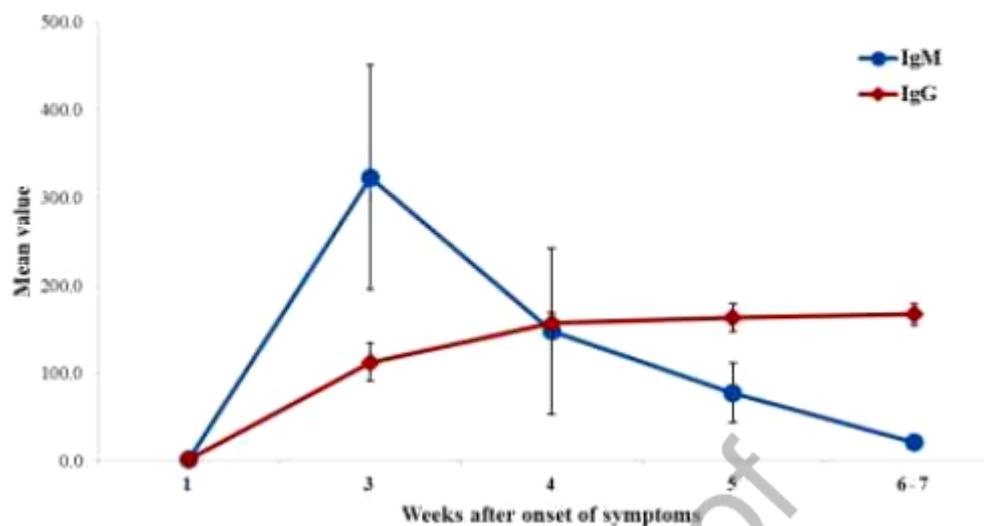
Ai Tang Xiao, Chun Gao, Sheng Zhang. *Journal of Infection*. 2020.
doi: <https://doi.org/10.1016/j.jinf.2020.03.012>



Destacados

- El perfil de anticuerpos específicos contra virus en sangre puede ayudar al diagnóstico y reflejar el curso de la enfermedad.
- El estudio preliminar exploró el perfil dinámico de IgM e IgG.
- La IgM sérica contra el SARS-COV-2 dura más de un mes, lo que indica la replicación prolongada del virus en pacientes infectados.

Figure 1. Timeline of IgM and IgG Antibodies level to SARS-CoV-2 from the Onset of Symptoms



INTELIGENCIA ARTIFICIAL

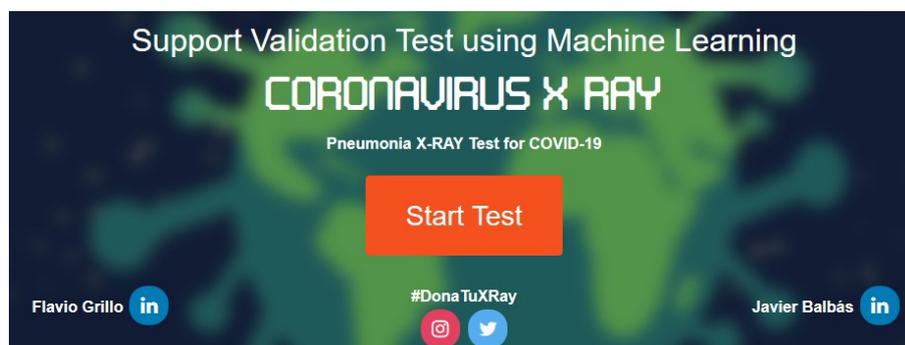
SUPPORT VALIDATION TEST USING MACHINE EARNING

PNEUMONIA X-RAY

Disponible en: <https://www.coronavirusxray.com/>
<https://www.espanaesvoz.es/jovenes-espanoles-desarrollan-un-sistema-que-detecta-el-covid-19-en-radiografias/>

© 2020 Flavio Grillo and Javier Balbas

- Sitio Web con Inteligencia artificial para testar con placas radiográficas la Covid-19.
- Jóvenes estudiantes crean la iniciativa www.coronavirusxray.com, una página web que importa un modelo de inteligencia artificial capaz de diferenciar entre radiografías de tórax de neumonías en pacientes positivos en COVID-19 frente a neumonías causadas por otras enfermedades ya sean víricas o bacterianas. Sus nombres son Flavio Grillo y Javier Balbás, jóvenes estudiantes en Ingeniería de Sistemas de Telecomunicación.
- El modelo está en desarrollo y ha sido entrenado con un total de 7.678 radiografías, resultando en una precisión de 97,9% según su matriz de confusión.
- Si bien es cierto que el porcentaje de la prueba de precisión es elevado, para optimizar el modelo en casos prácticos necesitan que hospitales o instituciones certificadas les cedan más radiografías.
- Ésta es una fabulosa iniciativa para luchar contra el COVID-19 desde el sector tecnológico, ideada por jóvenes emprendedores españoles.
- Las radiografías positivas en COVID-19, ya sea una sola, o muchas, se pueden ceder y participar a través de team@coronavirusxray.com
-



Noticia



El CRG estandariza el análisis de datos de COVID-19 para ayudar a las iniciativas internacionales de investigación

Centro de Regulación Genómica. Disponible en: https://genotipia.com/genetica_medica_news/crg-coronavirus/

- Investigadores del Centro de Regulación Genómica (CRG) han lanzado una nueva base de datos para ayudar a las iniciativas de investigación internacional que estudian COVID-19.
- Recurso público y gratuito (<https://covid.crg.eu/>) que pueden utilizar investigadores de todo el mundo para estudiar cómo las diferentes variaciones del virus crecen, mutan y producen proteínas.
- Eva Novoa, investigadora del CRG en Barcelona refiere:

«Los científicos trabajan sin tregua para comprender el SARS-CoV-2, el virus que causa COVID-19, para encontrar sus puntos débiles y vencerlo. Se está publicando una gran cantidad de datos científicos en todo el mundo»

«Sin embargo, algunas de las tecnologías que utilizamos para estudiar el SARS-CoV-2, como la secuenciación de ARN mediante nanoporos, son tan nuevas que los resultados de un artículo no son comparables a otro debido a los diferentes estándares y metodologías utilizadas. Estamos tomando todos estos datos y analizándolos para que cumplan con un estándar más universalmente comparable. Esto ayudará a los investigadores a detectar con mayor rapidez y precisión los puntos fuertes y débiles del coronavirus».

Para comprender cómo crece, muta y se replica el coronavirus, los científicos tienen que secuenciar el ARN de COVID-19. La secuencia de ARN revela información crucial sobre las proteínas que produce el virus para invadir las células humanas y replicarse, lo que a su vez informa a los gobiernos sobre la tasa de infección y la gravedad de la pandemia.

Para estandarizar el análisis de los datos públicos de secuenciación mediante nanoporos de SARS-CoV-2, los investigadores del CRG en Barcelona están utilizando MasterOfPores, programa informático desarrollado por el grupo de Eva Novoa y la Unidad de Bioinformática del CRG. El software se describió por primera vez en *Frontiers in Genetics*.

Julia Ponomarenko, Jefa de la Unidad de Bioinformática del CRG, refiere:

«El Internet, la creciente cultura de ciencia abierta, el intercambio de datos y los preprints han transformado el panorama de la investigación. En años pasados tardaríamos meses en configurar la infraestructura necesaria para investigar un virus emergente, pero ahora se puede hacer en solo unos días gracias a los nuevos modelos computacionales científicos».