

INFORMACIÓN DIARIA

TABLA DE CONTENIDO

- ⇒ **Hallan anticuerpos "completamente humanos" capaces de bloquear la infección del nuevo coronavirus.**

Fuente: RT. 4 mayo 2020 16:48 GMT. <https://actualidad.rt.com/actualidad/352076-hallan-anticuerpos-humanos-bloquear-coronavirus-celulas>

- ⇒ **Anticuerpo monoclonal humano que bloquea la infección por SARS-CoV-2**

Fuente: Wang, C., Li, W., Drabek, D. et al. A human monoclonal antibody blocking SARS-CoV-2 infection. Nat Commun 11, 2251 (2020). <https://doi.org/10.1038/s41467-020-16256-y>

- ⇒ **Organización Mundial de la Salud. REPORTE –105 (COVID-19)**

Fuente: OMS. Fuente: OMS. https://www.who.int/docs/default-source/coronaviruse/situation-reports/20200502-covid-19-sitrep-103.pdf?sfvrsn=d95e76d8_4

- ⇒ **Análisis genómico a gran escala de 3067 genomas de SARS-CoV-2 revela una geodistribución clonal y una rica variación genética de mutaciones.**

Fuente: Meriem Laamarti, Tarek Alouane, Souad Kartti, M.W. Chemao-Elfihri, Mohammed Hakmi, Abdelmunim Essabbar, et al. bioRxiv 2020.05.03.074567; doi: <https://doi.org/10.1101/2020.05.03.074567>

- ⇒ **El BIG DATA contribuirá a la ansiada vacuna para el SARS-COV-2.**

Fuente: Carlos Cosials Ruiz. <https://www.immedicohospitalario.es/noticia/19080/el-big-data-contribuira-a-la-ansiada-vacuna-para-el-sarscov2>

- ⇒ **Estrategia basada en síntomas para suspender el aislamiento de personas con COVID-19**

Fuente: CDC. 3 mayo 2020. https://www.cdc.gov/coronavirus/2019-ncov/community/strategy-discontinue-isolation.html?deliveryName=USCDC_2067-DM27395

- ⇒ **Estadísticas Cuba**



NOTICIA

**Hallan anticuerpos "completamente humanos" capaces de bloquear la infección del nuevo coronavirus.**

Fuente: RT. 4 mayo 2020 16:48 GMT. <https://actualidad.rt.com/actualidad/352076-hallan-anticuerpos-humanos-bloquear-coronavirus-celulas>

- Equipo de investigadores identifica un anticuerpo monoclonal humano que impide que el virus SARS-CoV-2 infecte células cultivadas. El hallazgo, tal como sugieren los resultados publicados en la revista [Nature](#), supone un importante punto de partida para el desarrollo de un tratamiento contra la enfermedad causada por el nuevo coronavirus.
- La investigación está basada en el trabajo anterior que la comunidad científica desarrolló sobre los anticuerpos dirigidos contra el virus SARS-CoV que surgió en 2002, según explica uno de los conductores del reciente estudio, Berend-Jan Bosch, investigador de la Universidad de Utrecht.
- La aplicación terapéutica que persiguen los investigadores se sustenta en que "tal anticuerpo neutralizante tiene el potencial de alterar el curso de la infección en el huésped infectado, apoyar la eliminación del virus o proteger a un individuo no infectado que está expuesto al virus", según detalla Bosch.
- Grosveld, otro de los co-autores del estudio, explicó que "el anticuerpo identificado en este trabajo es completamente humano, lo que permite un avance más rápido en el desarrollo de la investigación y reduce el potencial de efectos secundarios relacionados con el sistema inmune". Y es que, por lo general, los anticuerpos terapéuticos convencionales se desarrollan primero en otras especies y luego se someten a un tratamiento adicional para adaptarlos a su uso en humanos, que sería innecesario en este caso, suponiendo un significativo ahorro de costes y una ventajosa reducción en los plazos de desarrollo del proyecto.
- "Este descubrimiento proporciona una base sólida para una investigación adicional orientada a caracterizar este anticuerpo y comenzar su desarrollo como un posible tratamiento del covid-19", remarcó Grosveld.

nature
communications

Un anticuerpo monoclonal humano que bloquea la infección por SARS-CoV-2

Fuente: Wang, C., Li, W., Drabek, D. et al. A human monoclonal antibody blocking SARS-CoV-2 infection. *Nat Commun* 11, 2251 (2020). <https://doi.org/10.1038/s41467-020-16256-y>

Los autores presentan un anticuerpo monoclonal humano que neutraliza el SARS-CoV-2 (y el SARS-CoV) en cultivo celular. Este anticuerpo neutralizante cruzado se dirige a un epítipo comunitario en estos virus y puede ofrecer potencial para la prevención y el tratamiento de COVID-19.

REPORTE -105 (COVID-19)



Datos recibidos por las autoridades nacionales de la OMS antes de las 10:00 CEST, 04 de abril de 2020.

Fuente: OMS. https://www.who.int/docs/default-source/coronaviruse/situation-reports/20200504-covid-19-sitrep-105.pdf?sfvrsn=4cdda8af_2

DESTACADOS

- La OMS ha entregado medicamentos adicionales a la República Islámica del Irán como parte del Ensayo de Solidaridad, un esfuerzo global para encontrar un tratamiento efectivo para COVID-19.
- Los equipos de vigilancia de la enfermedad de la poliomielitis están llegando a los lugares más remotos del mundo para abordar la pandemia de COVID-19.

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

A nivel mundial 3 435 894 casos (86108) 239 604 muertes (976)

Región de Europa 1 544 145 casos (25250) 143 987 muertes (1320)

Región de las Américas 1 433 756 casos (49115) 77 827 muertes (582)

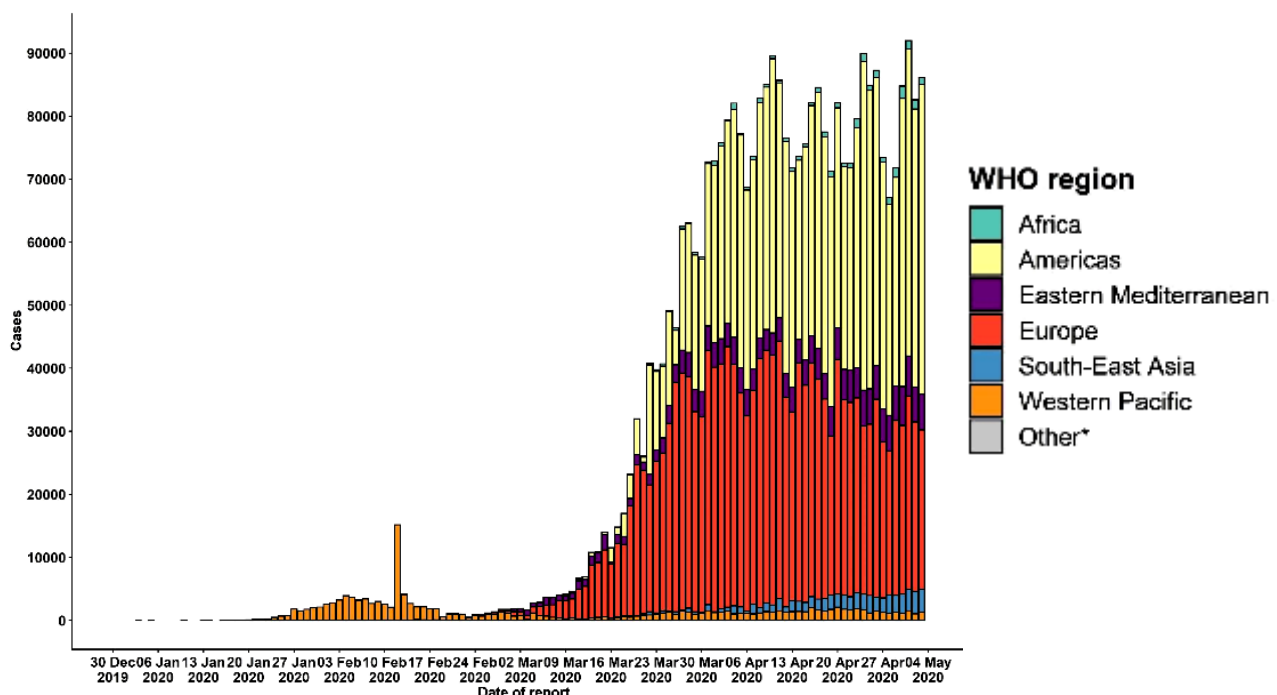
Región del Mediterráneo Oriental 206 299 casos (5690) 7971 muertes (100)

Región del Pacífico Occidental 152 773 casos (1329) 6258 muertes (29)

Región del Sudeste Asiático 67 673 casos (3626) 2463 muertes (88)

Región de África 30 536 casos (1098) 1085 muertes (21)

EVALUACIÓN DEL RIESGO DE LA OMS Nivel global Muy alto



ARTÍCULO PREPRINTS

Análisis genómico a gran escala de 3067 genomas de SARS-CoV-2 revela una geodistribución clonal y una rica variación genética de mutaciones.

Fuente: Meriem Laamarti, Tarek Alouane, Souad Kartti, M.W. Chemao-Elfihri, Mohammed Hakmi, Abdelomunim Essabbar, et al. bioRxiv 2020.05.03.074567;
 doi: <https://doi.org/10.1101/2020.05.03.074567>

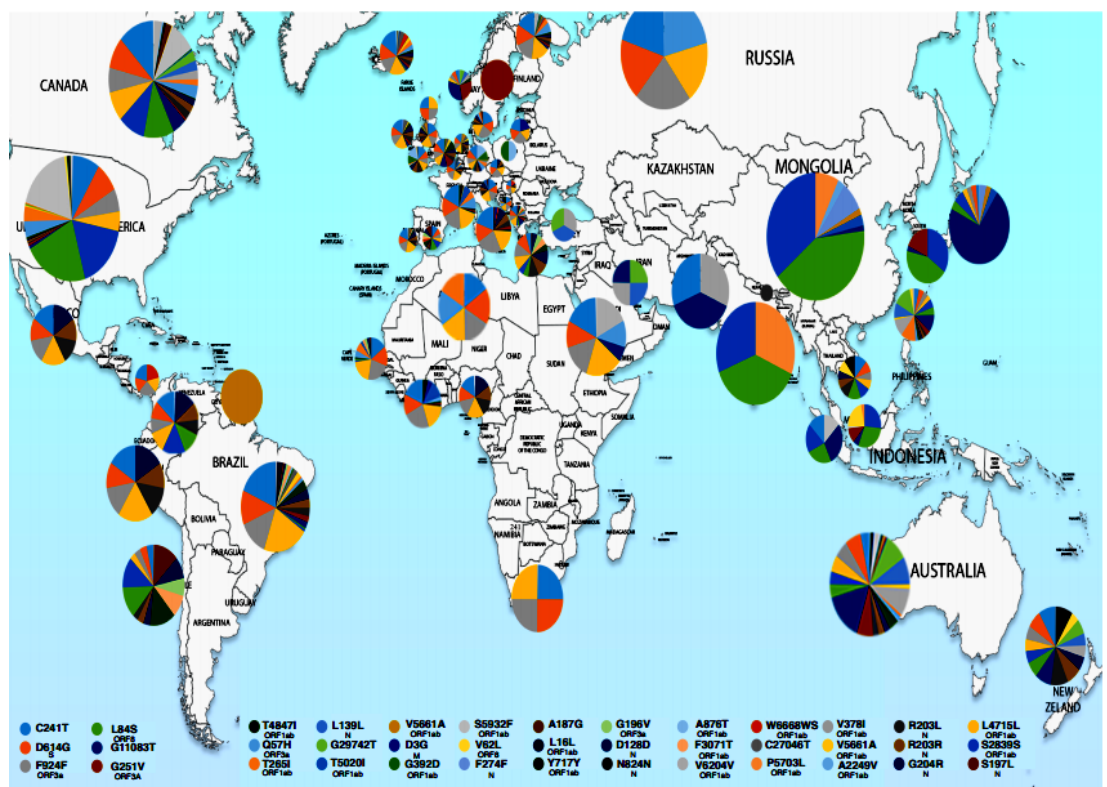
- La pandemia del SARS-CoV-2 ha causado un gran impacto en la salud y la economía de todo el mundo. Comprender la diversidad genética y la evolución del virus se convierten en una prioridad en la lucha contra la enfermedad.
- Este estudio permitió identificar haplotipos específicos de 360 por ubicación geográfica y proporcionar una lista de sitios bajo presión selectiva que podría servir como una vía interesante para futuros estudios.
- Se identifican diez mutaciones de puntos de acceso no sinónimos distribuidas en 357 en seis de los genes del virus con altas frecuencias de alelos mutados.
- Se destaca un aumento en la acumulación de mutaciones en el tiempo extra y los autores revelan la existencia de 359 tres claclados mayores en varias regiones geográficas.
- Los resultados muestran varias facetas moleculares de la relevancia de este virus.

Figura 3:

Distribución geográfica de la mutación de puntos críticos en la población estudiada en todo el mundo.

Los gráficos circulares muestran las frecuencias relativas de haplotipo para cada población.

Los haplotipos están codificados por colores como se muestra en la clave.



NOTICIA I+D

**El BIG DATA contribuirá a la ansiada vacuna para el SARS-COV-2.**

Fuente: Carlos Cosials Ruiz. <https://www.immedicohospitalario.es/noticia/19080/el-big-data-contribuir-a-la-ansiada-vacuna-para-el-sarscov2>

- El nuevo coronavirus SARS-CoV-2, causante de la enfermedad Covid-19, también tiene en frente a la moderna tecnología Big Data. El profesor Carlos Cosials, experto de la Universidad Internacional de Cataluña (UIC), estima que la computación y manipulación de datos ayudará de forma decisiva a identificar la síntesis que logre romper la barrera defensiva del virus.
- El profesor Cosials asegura que el Big Data tiene mucho que hacer en este terreno ... *“en el seguimiento de pandemias, como se está viendo y padeciendo, los datos adecuados permiten hacer una gestión mucho más acertada, sobre la cambiante situación y predecir, con la mayor precisión posible, cómo va a ser el comportamiento del avance de la enfermedad”*. *“lo más adecuado es utilizar el análisis de series temporales, especialmente, si se quiere agrupar/enracimar, o “clusterizar”, si se permite el término, las tipologías de sintomatologías o algún otro tipo de análisis donde se busquen comportamientos cercanos”*
- Sobre la hipotética proximidad al final de la fase clínica de la pandemia de Covid-19, Cosials declara que *“al no ser epidemiólogo, solo me atrevo a reiterar que los modelos de inferencia predictivos serán tan fiables como lo bien definido que esté cada modelo acontecido de comportamiento. Para lo que es necesaria una base de referencia de evidencias homónima, normalizada y homogénea que permita un modelo generador de buenas predicciones”*.
- Los modelos de inferencia realizados en plena fase activa de Covid-19 sólo pueden basarse en pandemias anteriores. Mientras que los epidemiólogos podrán definir en el futuro medidas de confinamiento, población a vacunar o nuevas estrategias aptas para otras patologías, una vez que se tenga toda la información posible sobre la presente pandemia.
- Sobre la movilidad personal en los modelos de comportamiento, el profesor asume que la geolocalización es la forma más eficaz para ubicar a los ciudadanos en periodos de fijos restringidos. Mientras que, desde la perspectiva del Big Data, considera que *“cuantos más frecuentes y diversas evidencias existan, mejor será el combate contra el invisible y veloz virus, además de validar las medidas públicas adoptadas”*.

Continúa en la página 6

NOTICIA I+D**El BIG DATA contribuirá a la ansiada vacuna para el SARS-COV-2.**

Fuente: Carlos Cosials Ruiz. <https://www.immedicohospitalario.es/noticia/19080/el-big-data-contribuira-a-la-ansiada-vacuna-para-el-sarscov2>

- La calidad de todo análisis radica en la calidad de los datos y evidencias que se tengan de partida, dado que, según palabras de Cosials, *“la tecnología y ciencia del Big Data (macrodatos, según la Fundeu) implican que la manipulación de los datos se hace de forma masiva e intensiva, sin interrogar la calidad de los datos. Lo que no implica que, en la determinación del modelo, los científicos de macrodatos hayan desestimado una ardua y artesanal tarea de cribado y normalización de los datos de entrada y su correcta manipulación, mediante la ingeniería de variables, para asegurar que el modelo infiera, automáticamente, de forma correcta”*.
- El entrevistado distingue tres formas de manejar y poseer la información en la Ciencia de los Datos: la comunal asiática encabezada por China, en la que los datos son del Estado; la humanista europea, donde pertenecen al ciudadano; y la “salvaje” americana, en la que el dato es objeto de lucro.
- Sobre la capacidad de predecir los riesgos de rebrotes futuros de pandemia, Cosials entiende que *“dependerá de la forma de modelizar el comportamiento, las características y particularidades del virus actual, sin olvidar el peligro de que no se detecte una mutación significativa”*.
- Cosials se muestra confiado en la contribución del Big Data al hallazgo de una vacuna para el nuevo coronavirus, aunque no con la rapidez que requiere una sociedad que piensa que todo va tan rápido como las fotos de Instagram.

Porque, como argumenta el profesor

“para la elaboración de una vacuna, como cualquier otro fármaco, se precisa generar muchas combinaciones, con las que encontrar el mecanismo capaz de romper la barrera defensiva del virus.

Las capacidades actuales de computación y manipulación de datos, como ocurre con los pronósticos meteorológicos, es tan potente que permitirá la obtención, aunque sea sintética, de la mejor combinación con la que conformar la vacuna”.

INFORME CORTO**Estrategia basada en síntomas para suspender el aislamiento de personas con COVID-19**

Fuente: CDC. 3 mayo 2020. https://www.cdc.gov/coronavirus/2019-ncov/community/strategy-discontinue-isolation.html?deliveryName=USCDC_2067-DM27395

- En el contexto de la transmisión comunitaria donde las pruebas continuas no son prácticas, la evidencia disponible en este momento indica que se puede implementar una estrategia provisional basada en el tiempo transcurrido desde el inicio de la enfermedad y desde la recuperación para establecer el final del aislamiento. La aplicación práctica de una estrategia basada en síntomas no puede prevenir todas las infecciones.
- En este momento, los datos son limitados con respecto a cuánto tiempo las personas eliminan el ARN del SARS-CoV-2 infeccioso después de la infección. Los hallazgos clave se resumen aquí:
 1. La carga viral medida en muestras de las vías respiratorias superiores disminuye después del inicio de la enfermedad (datos no publicados de los CDC, Midgely 2020, Young 2020, Zou 2020, Wölfel 2020).
 2. En este momento, el virus de replicación competente no se ha cultivado con éxito más de 9 días después del inicio de la enfermedad. La probabilidad estadísticamente estimada de recuperar virus competentes en replicación se aproxima a cero en 10 días (datos no publicados de los CDC, Wölfel 2020, Arons 2020).
 3. A medida que disminuye la probabilidad de aislar virus competentes para la replicación, se puede detectar IgM e IgG anti-SARS-CoV-2 en un número creciente de personas que se recuperan de la infección (Wölfel 2020).
 4. Los intentos de cultivar virus a partir de muestras de las vías respiratorias superiores no han tenido éxito en gran medida cuando la carga viral está en rangos bajos pero detectables (es decir, valores de Ct superiores a 33-35) (datos no publicados de los CDC).
 5. Después de la recuperación de una enfermedad clínica, muchos pacientes ya no tienen ARN viral detectable en las muestras de las vías respiratorias superiores. Entre aquellos que continúan teniendo ARN detectable, las concentraciones de ARN detectable 3 días después de la recuperación generalmente están en el rango en el que los CDC no han aislado de manera confiable el virus competente en replicación (datos no publicados de CDC, Young 2020).

Continúa en la página 8



INFORME CORTO

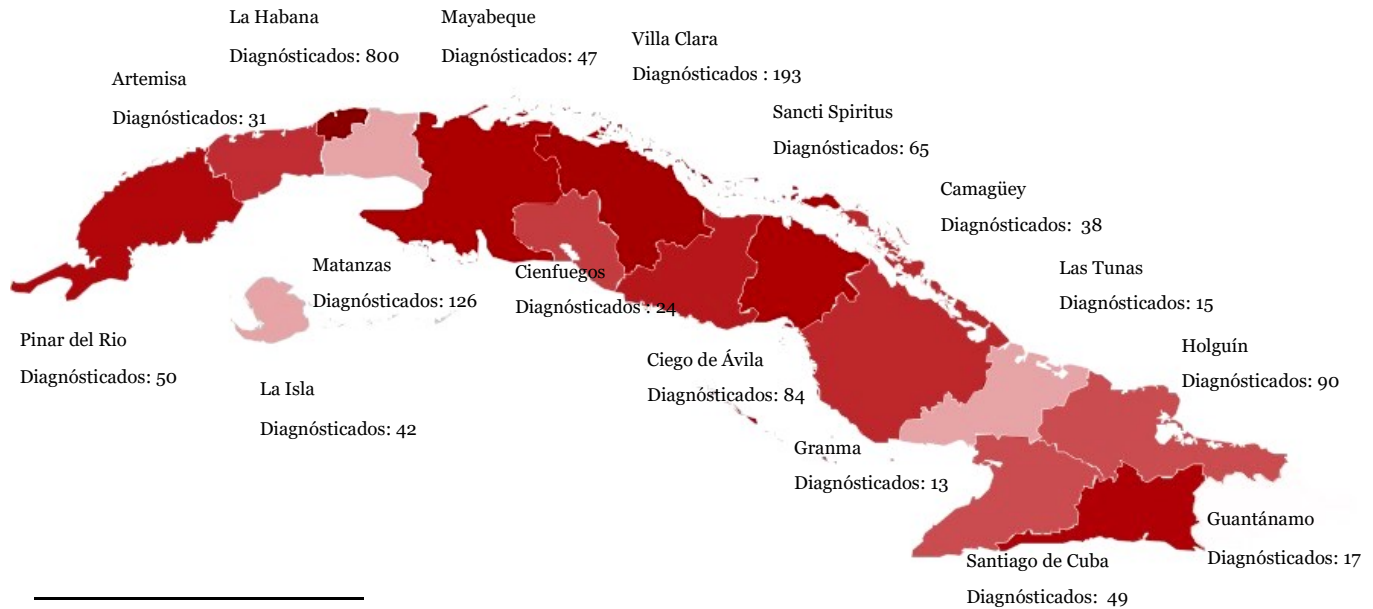
Estrategia basada en síntomas para suspender el aislamiento de personas con COVID-19

Fuente: CDC. 3 mayo 2020. https://www.cdc.gov/coronavirus/2019-ncov/community/strategy-discontinue-isolation.html?deliveryName=USCDC_2067-DM27395

6. No se ha descrito una correlación clara entre la duración de la enfermedad y la duración del desprendimiento post-recuperación de ARN viral detectable en muestras de las vías respiratorias superiores (datos no publicados de los CDC, Midgely 2020, Wölfel 2020).
 7. El virus infeccioso no se ha cultivado a partir de orina ni se ha cultivado de manera confiable a partir de heces (datos no publicados de los CDC, Midgely 2020, Wölfel 2020). Estas fuentes potenciales representan un riesgo mínimo de transmisión de infección y cualquier riesgo puede mitigarse lo suficiente mediante una buena higiene de las manos.
- Para un patógeno emergente como el SARS-CoV-2, los patrones y la duración de la enfermedad y la infectividad no se han descrito completamente. Sin embargo, los datos disponibles indican que la eliminación del ARN del SARS-CoV-2 en las muestras de las vías respiratorias superiores disminuye después de la aparición de los síntomas.
 - A los 10 días después del inicio de la enfermedad, la recuperación del virus competente para la replicación en cultivo viral (como indicador de la presencia de virus infeccioso) disminuye y se acerca a cero. Aunque las personas pueden producir muestras positivas para PCR durante hasta 6 semanas (Xiao, 2020), se desconoce si estas muestras positivas para PCR representan la presencia de virus infecciosos.
 - Después de la recuperación clínica, muchos pacientes no continúan eliminando el ARN viral de SARS-CoV-2. Entre los pacientes recuperados con ARN detectable en muestras de las vías respiratorias superiores, las concentraciones de ARN después de 3 días generalmente están en rangos donde los virus no han sido cultivados de manera confiable por los CDC. Estos datos se han generado a partir de adultos en una variedad de grupos de edad y con una gravedad variable de la enfermedad. Los datos de niños y bebés no están disponibles actualmente.
 - LA estrategia puede aplicarse a la mayoría de las personas recuperadas, los CDC reconocen que hay circunstancias bajo las cuales hay una tolerancia especialmente baja para el desprendimiento de SARS-CoV-2 posterior a la recuperación y el riesgo de transmitir la infección. Las entidades que promulgan tales políticas deberían hacerlo explícitamente, con una justificación clara y en coordinación con las autoridades locales de salud pública.

| 1685 | 2267 | 954 | 69 |
|-----------------------------------|----------------------|-----------------------|-----------------------------------|
| Casos confirmados por laboratorio | Casos hospitalizados | Pacientes recuperados | Muertes asociadas a la enfermedad |

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



Casos acumulados 1685

Casos en el día 17

<https://salud.msp.gob.cu/?p=5088>

- Para COVID-19 se estudiaron 2 mil 169 muestras, resultando 17 muestras positivas. El país acumula 57 mil 711 muestras realizadas y mil 685 positivas (2,9%). Por tanto, al cierre del día de ayer se confirman 17 nuevos casos, para un acumulado de mil 685 en el país.
- Los 17 nuevos casos confirmados fueron cubanos. De ellos, 10 (58,8%) fueron contactos de casos confirmados y en 7 (41,1%) no se precisa la fuente de infección.
- De los 17 casos diagnosticados, 10 (58,8%) fueron mujeres y hombres 7 (41,2%). Los grupos de edades más afectados fueron: los de 40 a 60 años con 7 casos (41%), seguido de los de más de 60 años con 6 (35,3%). El 47,1% (8) de los casos positivos fueron asintomáticos.
- De los mil 685 pacientes diagnosticados con la enfermedad, 660 se mantienen como casos activos y 652 presentan evolución clínica estable. Se reportan 69 fallecidos (ninguno en el día de ayer), dos evacuados y 954 altas (78 más en el día de ayer). Se reportan tres pacientes en estado crítico y cinco pacientes en estado grave.