

INFORMACIÓN DIARIA

Moscú activará un sistema de control del autoaislamiento en caso de un desarrollo "desfavorable" de la epidemia



- Moscú "está técnicamente preparada" para activar un sistema de control inteligente de desplazamientos de sus ciudadanos **en caso de un desarrollo "desfavorable"** de la situación epidemiológica o si crecen las violaciones del régimen de autoaislamiento.
- Los residentes de la capital deberán recibir un código especializado para confirmar su movimiento por la ciudad. Los códigos que las autoridades de Moscú están considerando implantar serán combinaciones personalizadas de letras y números que los moscovitas podrán obtener a través de sus cuentas personales en el sitio web de la Alcaldía. Se podrán guardar en el teléfono móvil, recibir por correo electrónico o imprimir.

Fuente: <https://actualidad.rt.com/actualidad/348826-moscovitas-recibiran-codigos-confirmar-movimiento>



Identifican en Cataluña un fármaco que bloquea los efectos del coronavirus

- Equipo de investigadores del Instituto de Bioingeniería de Cataluña (IBEC), junto a expertos internacionales, han identificado un fármaco en fase clínica que **bloquea los efectos del virus SARS-Co-V2**, origen de la enfermedad del Coronavirus 2019, en su etapa temprana de infección.
- Para la elaboración de este estudio que se ha publicado hoy en la prestigiosa revista Cell, y en el que ha participado el Instituto Karolinska de Suecia, el Institute of Molecular Biotechnology de la Austrian Academy of Sciences y el Life Sciences Institute (LSI) de la Universidad of British Columbia, entre otros, los investigadores han utilizado miniriñones desarrollados a partir de células madre humanas generados en el IBEC por el equipo de Núria Montserrat. Estos organoides, creados mediante técnicas de bioingeniería, recogen la complejidad del órgano real, lo que les ha permitido descifrar cómo el SARS-Co-V2 interacciona e infecta las células humanas del riñón, además de identificar una terapia dirigida a reducir su carga viral.
- "El uso de organoides humanos nos permite probar de manera muy ágil los tratamientos que ya se están utilizando para otras enfermedades o que están cerca de ser validados. En estos momentos en los que el tiempo apremia, estas estructuras 3D ahorran drásticamente el tiempo que destinaríamos para probar un nuevo medicamento en humanos", destaca las ventajas Núria Montserrat.

Fuente: <http://www.ibecbarcelona.eu/es/expertos-del-ibec-contribuyen-a-identificar-un-farmaco-en-fase-clinica-que-bloquea-los-efectos-de-la-enfermedad-del-coronavirus/>



REPORTE -73 (COVID-19)**DESTACADOS**

- Nuevo país / territorio / reportados de COVID-19 en las últimas 24 horas: Malawi.
- Apoyar y proteger a las personas mayores es asunto de todos: aunque todos los grupos de edad corren el riesgo de contraer COVID-19, las personas mayores enfrentan un riesgo significativo de desarrollar enfermedades graves. Dr. Hans Henri P. Kluge, Director Regional de la OMS para Europa. <http://www.euro.who.int/en/health-topics/health-emergencies/coronavirus-covid-19/statements/statement-older-people-are-at-highest-risk-from-covid-19,-but-all-must-act-to-prevent-community-spread>
- Los puertos, aeropuertos y cruces terrestres requieren un monitoreo cuidadoso. La OMS ha producido dos cursos interactivos en línea para proporcionar orientación para la gestión de los viajeros ilícitos y para gestionar los casos o brotes de COVID-19 a bordo de los buques. <https://extranet.who.int/hslp/training/course/view.php?id=325>

Fuente: https://www.who.int/docs/default-source/coronaviruse/situation-reports/20200403-sitrep-74-covid-19-mp.pdf?sfvrsn=4e043d03_12

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

A nivel mundial 972303 confirmados (75853) 50321 muertes (4822)

Región del Pacífico occidental 108930 confirmados (1304) 3760 muertes (37)

Región de Europa 541808 confirmados (38802) 37103 muertes (3499)

Región del Sudeste Asiático 5881 confirmados (557) 245 muertes (29)

Región del Mediterráneo Oriental 62236 confirmados (4068) 3438 muertes (159)

Región de las Américas 247473 confirmados (30561) 5600 muertes (1061)

Región de África 5263 confirmados (561) 164 muertes (37)

EVALUACIÓN DEL RIESGO DE LA OMS Nivel global Muy alto

Noticias de investigación

El estudio del papel del receptor ACE2 en la infección.

Monteil et al, Inhibition of SARS-CoV-2 infections in engineered human tissues using clinical-grade soluble human ACE2, *Cell* 2020, DOI: [10.1016/j.cell.2020.04.004](https://doi.org/10.1016/j.cell.2020.04.004)

- Publicaciones recientes han demostrado que, para infectar una célula, los coronavirus utilizan una proteína, denominada S, que se une a un receptor de las células humanas denominado ACE2 (enzima convertidora de angiotensina 2). Teniendo en cuenta que esta unión se ha detectado como puerta de entrada del virus al organismo, evitarla podría constituir una posible diana terapéutica.
- Siguiendo la estrategia, los investigadores se han centrado en entender el papel del receptor ACE2 en organoides humanos porque mimetizan en pocos milímetros muchas de las características de los órganos reales. **El estudio proporciona nuevos conocimientos sobre aspectos clave del SARS-CoV-2 y sus interacciones a nivel celular, y también, sobre cómo el virus puede infectar los vasos sanguíneos y los riñones.**
- Además del pulmón, el receptor ACE2 también se expresa en otros tejidos, entre los que se incluye el corazón, los vasos sanguíneos, el intestino y los riñones, lo que explicaría la disfunción multiorgánica que se observa en los pacientes infectados por SARS-CoV-2. El hecho de que éste receptor se exprese fuertemente en los riñones y que el SARS-CoV-2 se puede encontrar en la orina, es lo que ha llevado al equipo de investigadores a utilizar los organoides renales como modelo de prueba, de cuya creación Montserrat es referente internacional.

Fuente: <http://www.ibecbarcelona.eu/es/expertos-del-ibec-contribuyen-a-identificar-un-farmaco-en-fase-clinica-que-bloquea-los-efectos-de-la-enfermedad-del-coronavirus/>

Google publicará tus datos de ubicación por el covid-19

- [Google](#) está publicando los datos que ya ha recopilado sobre los movimientos de las personas durante la pandemia de [coronavirus](#).
- La compañía expresó que planea publicar una serie de “Informes de movilidad comunitaria” para revelar los tipos de lugares que las personas visitan en 131 países y regiones.
- [Google](#) explicó en su blog que espera que rastrear las tendencias de movimiento a lo largo del tiempo y por geografía pueda ayudar para moldear e informar la respuesta de los gobiernos y los funcionarios de salud pública ante la pandemia de [coronavirus](#).
- Los informes, que contienen datos de dos o tres días previos, buscan detectar tendencias en cómo las personas se comportan y responden al distanciamiento social. Divididos por país y luego por región, los reportes mostrarán si las personas se dirigen a tiendas minoristas y de abarrotes, farmacias, parques, lugares de trabajo y más. También mostrará cuán concurridos eran estos lugares antes de la pandemia.
- No divulgará información que pudiera usarse para identificar a sus usuarios, como la ubicación individual o los contactos.

Fuente: <https://cnnespanol.cnn.com/2020/04/04/google-publicara-tus-datos-de-ubicacion-para-ayudar-a-combatir-la-pandemia-de-coronavirus/>

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



Zhang and Holmes, A Genomic Perspective on the Origin and Emergence of SARS-CoV-2, Cell (2020), <https://doi.org/10.1016/j.cell.2020.03.035>

Fuente: <https://www.cell.com/action/showPdf?pii=S0092-8674%2820%2930328-7>

Un nuevo coronavirus humano

Los primeros informes de una nueva neumonía (COVID-19) en la ciudad de Wuhan, provincia de Hubei, China, ocurrieron a fines de diciembre de 2019, aunque los análisis retrospectivos han identificado un paciente con inicio de síntomas desde el 1 de diciembre. Debido a que el número de casos de SARS-CoV-2 está creciendo rápidamente y se está extendiendo a nivel mundial, nos abstendremos de citar el número de infecciones confirmadas. Sin embargo, es probable que el número real de casos sea sustancialmente mayor que el informado porque las infecciones muy leves o asintomáticas a menudo se excluirán de los recuentos. Cualquier subestimación de los números de casos obviamente significa que la tasa de letalidad (CFR) asociada con COVID-19 en las regiones más afectadas será menor que la actualmente citada. Los CFR también variarán geográficamente, entre grupos de edad y temporalmente. Aunque estas incertidumbres probablemente no se resolverán sin encuestas serológicas a gran escala, a partir de los datos actuales está claro que el CFR para COVID-19 es sustancialmente más alto que el de la influenza estacional, pero más bajo que el de dos coronavirus estrechamente relacionados que han surgido recientemente en humanos: SARS-CoV, responsable del brote de SARS de 2002–2003, y MERS-CoV que desde 2015 ha sido responsable del brote continuo de MERS centrado en gran medida en la península Arábiga. Sin embargo, también es evidente que el SARS-CoV-2 es más infeccioso que el SARS-CoV y el MERS-CoV y que los individuos pueden transmitir el virus cuando están asintomáticos o presintomáticos, aunque con qué frecuencia sigue siendo incierto.

- Proporciona previamente la primera evidencia genética de que la enzima convertidora de angiotensina 2(ACE2) es el receptor crítico para el SARS-CoV y que ACE2 protege al pulmón de lesiones, Proporcionar una explicación molecular de la insuficiencia pulmonar grave y la muerte por SARS-CoV infecciones ACE2 ahora también ha sido identificado como un receptor clave para las infecciones por SARS-CoV-2 y Se ha propuesto que la inhibición de esta interacción podría usarse en el tratamiento de pacientes con COVID 19. Sin embargo, no se sabe si el ACE2 soluble recombinante humano (hrsACE2) bloquea el crecimiento de SARS-CoV-2.
- El grado clínico hrsACE2 redujo la recuperación de SARS-CoV-2 de Vero células por un factor de 1,000-5,000. Un mouse equivalente rsACE2 no tuvo efecto. También mostramos que el SARS-CoV-2 puede infectar directamente los organoides de los vasos sanguíneos humanos y el riñón humano organoides, que pueden ser inhibidos por hrsACE2. Estos datos demuestran que hrsACE2 puede bloquea significativamente las primeras etapas de las infecciones por SARS-CoV-2.

COMENTARIO. Composición del genoma y divergencia del nuevo coronavirus (2019-nCoV)

Aiping Wu, Yousong Peng, Baoying Huang, Xiao Ding, Xianyue Wang, Peihua Niu, Jing Meng, Zhaozhong Zhu, Zheng Zhang, Jianguan Wang, Jie Sheng, Lijun Quan, Zhanxia Xia, Wenjie Tan, Genhong Cheng, and Taijiao Jiang.

Fuente: <https://www.cell.com/action/showPdf?pii=S1931-3128%2820%2930072-X>
<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S193131282030072X?via%3Dihub>

- Anotación detallada del genoma del coronavirus (2019-nCoV) recientemente descubierto ha revelado diferencias entre el 2019-nCoV y el síndrome respiratorio agudo severo (SARS) o coronavirus similares al SARS. Una comparación sistemática identificó 380 sustituciones de aminoácidos entre estos coronavirus, que pueden haber causado divergencia funcional y patógena de 2019-nCoV.

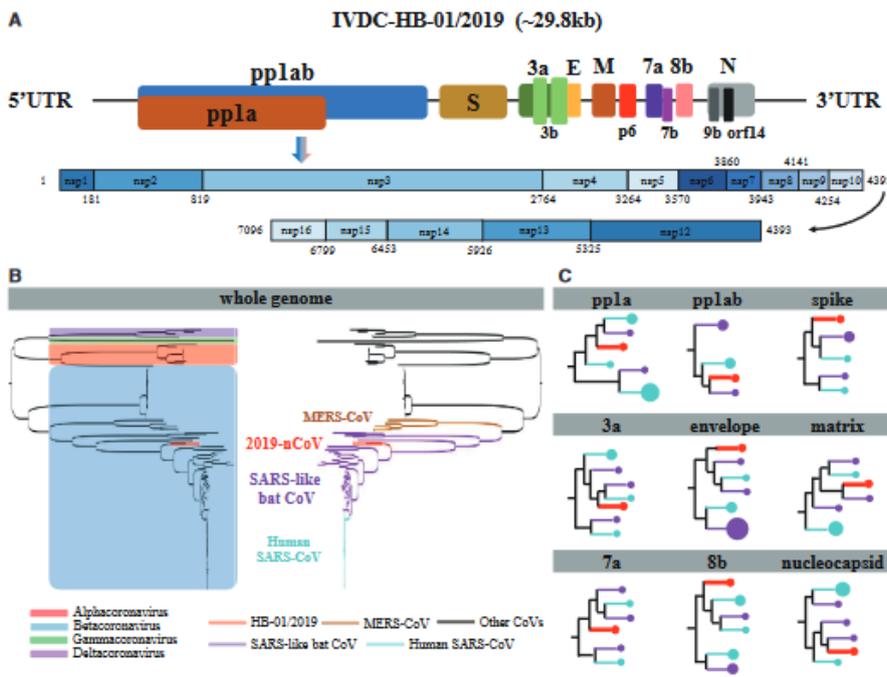


Figura 1. Composición del genoma y árbol filogenético para 2019-nCoV

(A) Diagrama esquemático de la organización del genoma y las proteínas codificadas de pp1ab y pp1a para la cepa IVDC-HB-01/2019 (HB01).

El gen más grande, es decir, el orf1ab, codifica la proteína pp1ab que contiene 15 nsps (nsp1-nsp10 y nsp12-nsp16).

La proteína pp1a codificada por el gen orf1a

también contiene 10 nsps (nsp1-nsp10).

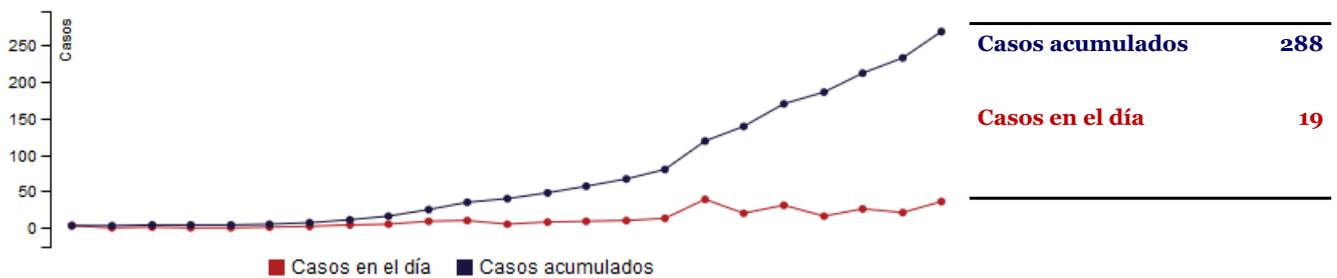
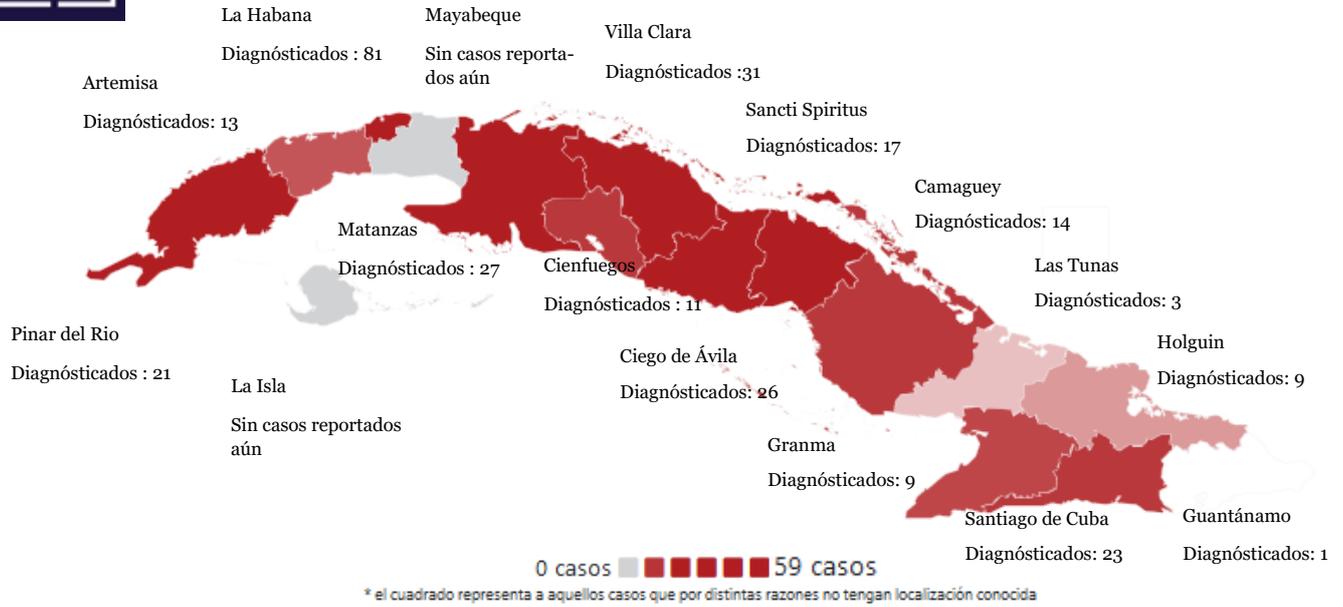
Las proteínas estructurales están codificadas por los cuatro genes estructurales, incluidos los genes de espiga (S), envoltura (E), membrana (M) y nucleocápside (N). Los genes accesorios se distribuyen entre los genes estructurales. Los genes codificadores de proteínas del genoma de 2019-nCoV fueron predichos por los servidores en línea de GeneMarkS (<http://exon.gatech.edu/GeneMark/genemarks.cgi>) y ORFfinder (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/orffinder/>) con verificación manual.

(B) Relación filogenética basada en el genoma completo de la cepa HB01 y otros coronavirus. Todas las cepas virales se clasificaron por género y tipo, que se presentan en los árboles filogenéticos esquemáticos izquierdo y derecho, respectivamente. Los cuatro géneros de los coronavirus, incluidos el alfacoronavirus (rojo), el betacoronavirus (azul), el gammacoronavirus (verde) y el deltacoronavirus (violeta) están bloqueados en el árbol filogenético izquierdo. El coronavirus MERS (marrón), el coronavirus de murciélago similar al SARS (violeta), el coronavirus SARS humano (azul claro) y la cepa HB01 (roja) se destacan por líneas de diferentes colores en el árbol filogenético derecho.

(C) Árboles filogenéticos esquemáticos de genes individuales para la cepa HB01. Las especies de coronavirus se colorearon de la misma manera que (B). La cantidad de cepas en el clado filogenético se denota por el área de los círculos.



288	3 343	15	6
Casos confirmados por laboratorio	Casos sospechosos hospitalizados	Pacientes recuperados	Muertes asociadas a la enfermedad



Hasta el cierre del día 3 de abril, en Cuba se encuentran ingresados 3 mil 343 pacientes, de ellos mil 602 sospechosos y 266 confirmados. Otras 18 mil 314 personas se vigilan en sus hogares, desde la Atención Primaria de Salud.