

BOLETÍN SEMANAL COVID-19

TABLA DE CONTENIDO

Variación racial / étnica en la expresión génica nasal de la serina proteasa 2 transmembrana (TMPRSS2). *Bunyavanich S, Grant C, Vicencio A. Racial/Ethnic Variation in Nasal Gene Expression of Transmembrane Serine Protease 2 (TMPRSS2). JAMA. 2020, 10 Sep, 2020. [doi:10.1001/jama.2020.17386](https://doi.org/10.1001/jama.2020.17386)*

La aparición del SARS-CoV-2 en Europa y América del Norte. *Worobey M, Pekar J, Larsen B, et al. The emergence of SARS-CoV-2 in Europe and North America. Science. 2020, 10 sep. [DOI: 10.1126/science.abc8169](https://doi.org/10.1126/science.abc8169)*

Inmunidad adaptativa específica de antígeno al SARS-CoV-2 en COVID-19 agudo y asociaciones con la edad y la gravedad de la enfermedad. *Rydzynski Moderbacher C, Ramirez SI, Dan JM, et al. Antigen-specific adaptive immunity to SARS-CoV-2 in acute COVID-19 and associations with age and disease severity. Cell 2020, 16 Sep. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2020.09.038>*

Trayectorias de pacientes entre las personas hospitalizadas por COVID-19. Un estudio de cohorte. *Garibaldi BT, Fiksel J, Muschelli J, et al. Patient Trajectories Among Persons Hospitalized for COVID-19. A Cohort Study. Ann Intern Med. 2020; 22 Sep. <https://doi.org/10.7326/M20-3905>*

Neutrófilos y activación por contacto de la coagulación como posibles impulsores de COVID-19. *Busch MH, Timmermans SAMEG, Nagy M, et al. Neutrophils and Contact Activation of Coagulation as Potential Drivers of Covid-19. Circulation. 2020; 18 Sep. <https://doi.org/10.1161/CIRCULATIONAHA.120.050656>*

Historia de vida inmunitaria, vacunación y dinámica del SARS-CoV-2 durante los próximos 5 años. *Milani GP, Bottino I, Rocchi A, et al. Frequency of Children vs Adults Carrying Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus 2 Asymptomatically. JAMA Pediatr. 2020; 14 Sep. <https://doi.org/10.1001/jamapediatrics.2020.3595>*

Uso de hidroxiclороquina a largo plazo en pacientes con enfermedades reumáticas y desarrollo de infección por SARS-CoV-2: un estudio de cohorte retrospectivo. *Gentrey CA, Humphrey MB, Thind SK, et al. Long-term hydroxychloroquine use in patients with rheumatic conditions and development of SARS-CoV-2 infection: a retrospective cohort study. Lancet Rheumatology. 2020; 21 Sep. [https://doi.org/10.1016/S2665-9913\(20\)30305-2](https://doi.org/10.1016/S2665-9913(20)30305-2)*

La asociación entre el grupo sanguíneo ABO y la infección por SARS-CoV-2: un metaanálisis. *Golinelli D, Boetto E, Maietti E, Fantini MP. The association between ABO blood group and SARS-CoV-2 infection: A meta-analysis. PLoS One 2020 Sep 18;15(9):e0239508. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0239508>*

Resumen Estadística Semanal

Variación racial / étnica en la expresión génica nasal de la serina proteasa 2 transmembrana (TMPRSS2)

Fuente: *Bunyavanich S, Grant C, Vicencio A. Racial/Ethnic Variation in Nasal Gene Expression of Transmembrane Serine Protease 2 (TMPRSS2). JAMA. 2020, 10 Sep, 2020. doi:10.1001/jama.2020.17386*

- El coronavirus 2 (SARS-CoV-2) se transmite por contacto con las vías respiratorias y utiliza serina proteasa 2 transmembrana (TMPRSS2) para facilitar la entrada y propagación viral. El TMPRSS2 expresado por el huésped en el epitelio nasal y bronquial activa la proteína pico del SARS-CoV-2 y escinde el receptor 2 de la enzima convertidora de angiotensina al cual el virus se une, permitiendo que el SARS-CoV-2 ingrese al cuerpo.
- Las diferencias raciales / étnicas en la actividad relacionada con el gen TMPRSS2 en el tejido prostático se han asociado con una incidencia desproporcionadamente más alta de cáncer de próstata en hombres negros que en hombres blancos.
- Se investiga la expresión del gen nasal TMPRSS2 en una cohorte de diversidad racial / étnica.
- Este estudio transversal utilizó epitelio nasal recolectado durante 2015-2018 de individuos dentro del Sistema de Salud Mount Sinai (NY). Las personas sanas y las personas con asma de 4 a 60 años se sometieron a cepillado nasal para investigar los biomarcadores del asma.
- Se cuestionó la raza / etnia autoidentificada dadas las asociaciones previas entre raza / etnia y asma. Se realizó el aislamiento de ARN de cepillados seguido de secuenciación de ARN, alineación de secuencia y normalización. La junta de revisión institucional de Mount Sinai aprobó el estudio.
- Este estudio mostró una expresión significativamente mayor de TMPRSS2 en individuos negros en comparación con otras razas / etnias autoidentificadas. Dado el papel esencial de TMPRSS2 en la entrada de SARS-CoV-2, una mayor expresión nasal de TMPRSS2 puede contribuir a una mayor carga de COVID-19 entre las personas negras.
- Los inhibidores de TMPRSS2, como el mesilato de camostat3, se están sometiendo a ensayos clínicos para probar su utilidad para el tratamiento con COVID-19.
- El hallazgo de variación racial / étnica en la expresión de TMPRSS2 enfatiza que la inclusión de diversos participantes y los análisis estratificados por raza / etnia deben incorporarse en dichos ensayos.
- Las limitaciones de este estudio incluyen su modesto tamaño de cohorte, la restricción a una región metropolitana y el rango de edad de los participantes de 4 a 60 años.

TRATAMIENTO

La aparición del SARS-CoV-2 en Europa y América del Norte.

Fuente: Worobey M, Pekar J, Larsen B, et al. The emergence of SARS-CoV-2 in Europe and North America. *Science*. 2020, 10 sep. [DOI: 10.1126/science.abc8169](https://doi.org/10.1126/science.abc8169)

- La comprensión precisa de la propagación mundial de virus emergentes es de vital importancia para las respuestas de salud pública y para anticipar y prevenir brotes futuros.
- El trabajo presenta el cuándo, dónde y cómo se establecieron las primeras redes de transmisión sostenidas del SARS-CoV-2 en Europa y América del Norte.
- Los resultados sugieren que las intervenciones rápidas impidieron con éxito la introducción temprana del virus en Alemania y Estados Unidos. Otras introducciones posteriores del virus desde China a Italia y al estado de Washington fundaron las primeras redes de transmisión sostenidas de Europa y América del Norte.
- Los análisis demuestran la efectividad de las medidas de salud pública para prevenir la transmisión y muestran que las pruebas intensivas y el rastreo de contactos podrían haber evitado que se estableciera el SARS-CoV-2.

Discusión.

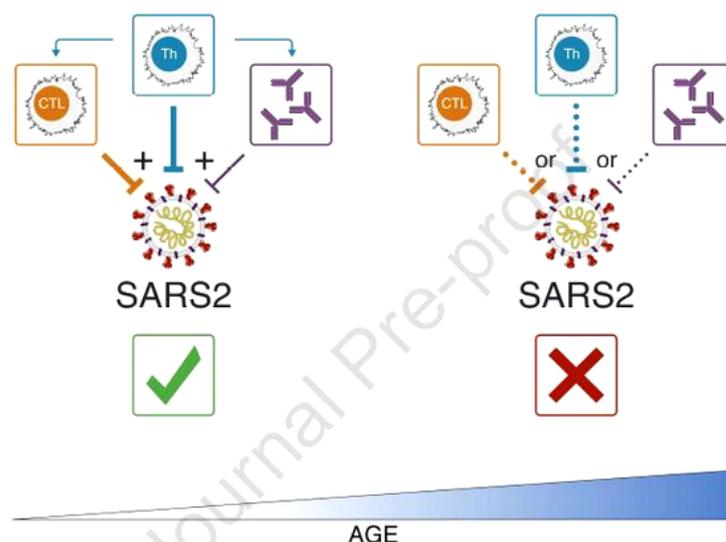
- Los hallazgos destacan el valor de establecer arquitecturas intensivas de vigilancia respiratoria de virus a nivel comunitario, como el Estudio de la gripe de Seattle, durante un período pre-pandémico. El valor de detectar los casos temprano, antes de que se conviertan en un brote, no puede subestimarse en una situación de pandemia.
- Los esfuerzos de vigilancia y los análisis genómicos ayudaron posteriormente a cerrar la brecha entre el inicio de la transmisión comunitaria sostenida y las medidas de mitigación en el estado de Washington, en comparación con otros lugares como la ciudad de Nueva York.
- Debido a que la tasa de evolución del SARS-CoV-2 es más lenta que su tasa de transmisión, muchos genomas idénticos se están extendiendo rápidamente. Esta similitud genética impone limitaciones a algunas inferencias, como el cálculo de la proporción de casos importados a transmisiones locales en un área determinada.
- Se ha demostrado que, debido a esta tasa lenta, cuando tan solo una mutación separa a los virus, esta diferencia puede proporcionar suficiente información para probar hipótesis cuando se emplean los métodos apropiados.
- Tener esto en cuenta nos colocará en una mejor posición para comprender el SARS-CoV-2 en los próximos años.

Inmunidad adaptativa específica de antígeno al SARS-CoV-2 en COVID-19 agudo y asociaciones con la edad y la gravedad de la enfermedad.

Fuente: Rydzynski Moderbacher C, Ramirez SI, Dan JM, et al. Antigen-specific adaptive immunity to SARS-CoV-2 in acute COVID-19 and associations with age and disease severity. *Cell* 2020, 16 Sep. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2020.09.038>

- Se dispone de conocimientos limitados sobre la relación entre las respuestas inmunitarias específicas de antígeno y la gravedad de la enfermedad COVID-19.
- Completan un examen combinado de las tres ramas de la inmunidad adaptativa al nivel de células T CD4 + y CD8 + específicas de SARS-CoV-2 y respuestas de anticuerpos neutralizantes en sujetos agudos y convalecientes.
- Las células T CD4 + y CD8 + específicas del SARS-CoV-2 se asociaron cada una con una enfermedad más leve. Las respuestas inmunitarias coordinadas específicas del SARS-CoV-2 se asociaron con una enfermedad más leve, lo que sugiere funciones para las células T CD4 + y CD8 + en la inmunidad protectora en COVID-19.
- En particular, la coordinación de las respuestas específicas del antígeno del SARS-CoV-2 se interrumpió en individuos > 65 años. La escasez de células T vírgenes también se asoció con el envejecimiento y los malos resultados de la enfermedad.
- Una explicación parsimoniosa es que las respuestas coordinadas de linfocitos T CD4 +, linfocitos T CD8 + y anticuerpos son protectoras, pero las respuestas descoordinadas con frecuencia no logran controlar la enfermedad, con una conexión entre el envejecimiento y las respuestas inmunitarias adaptativas deterioradas al SARS-CoV-2.

Resumen gráfico



Trayectorias de pacientes entre las personas hospitalizadas por COVID-19. Un estudio de cohorte.

Fuente: Garibaldi BT, Fiksel J, Muschelli J, et al. Patient Trajectories Among Persons Hospitalized for COVID-19. A Cohort Study. *Ann Intern Med.* 2020; 22 Sep. <https://doi.org/10.7326/M20-3905>

- Los factores de riesgo para la progresión del coronavirus 2019 (COVID-19) a enfermedad grave o muerte están poco explorados en las cohortes de EE. UU.
- Se determinan los factores de ingreso hospitalario que predicen enfermedad grave o muerte por COVID-19.
- Los autores realizan un estudio de cohorte retrospectivo en cinco hospitales en el área de Maryland y Washington, DC. 832 admisiones COVID-19 consecutivas del 4 de marzo al 24 de abril de 2020, con seguimiento hasta el 27 de junio de 2020.
- Los resultados primarios fueron muerte y una combinación de enfermedad grave o muerte.

Resultados.

- La edad media de los pacientes fue de 64 años (rango, 1 a 108 años). El 47% eran mujeres, el 40% eran negros, el 16% eran latinos y el 21% eran residentes de hogares de ancianos. Entre todos los pacientes, 131 (16%) murieron y 694 (83%) fueron dados de alta (523 [63%] tenían enfermedad leve a moderada y 171 [20%] tenían enfermedad grave). De las muertes, 66 (50%) fueron residentes de hogares de ancianos. De 787 pacientes ingresados con enfermedad leve a moderada, 302 (38%) progresaron a enfermedad grave o muerte: 181 (60%) al día 2 y 238 (79%) al día 4. Los pacientes tenían probabilidades marcadamente diferentes de progresión de la enfermedad en el base de la edad, residencia de ancianos, condiciones comórbidas, obesidad, síntomas respiratorios, frecuencia respiratoria, fiebre, recuento absoluto de linfocitos, hipoalbuminemia, nivel de troponina y nivel de proteína C reactiva y las interacciones entre estos factores. Utilizando solo los factores presentes al ingreso, un modelo para predecir la progresión de la enfermedad intrahospitalaria tenía un área bajo la curva de 0,85, 0,79 y 0,79, en los días 2, 4 y 7, respectivamente.
- Limitación: El estudio se realizó en un solo sistema de salud.

Conclusión:

- Una combinación de variables demográficas y clínicas está fuertemente asociada con la enfermedad grave por COVID-19 o la muerte y su inicio temprano.
- La Calculadora de riesgo para pacientes hospitalizados (CIRC) COVID-19, que utiliza factores presentes en el momento de la admisión, puede informar las decisiones clínicas y de asignación de recursos.

Neutrófilos y activación por contacto de la coagulación como posibles impulsores de Covid-19.

Fuente: Busch MH, Timmermans SAMEG, Nagy M, et al. *Neutrophils and Contact Activation of Coagulation as Potential Drivers of Covid-19. Circulation. 2020 Sep 18. <https://doi.org/10.1161/CIRCULATIONAHA.120.050656>*

- Pieter van Paassen y sus colegas de Maastricht / Países Bajos han realizado un análisis exhaustivo de la vía intrínseca de la coagulación para caracterizar su papel en COVID-19.
- Al estudiar simultáneamente los posibles desencadenantes de la vía intrínseca en 228 pacientes, los autores pudieron identificar los neutrófilos, las trampas extracelulares de neutrófilos (NET) y la activación del complemento como posibles impulsores de esta compleja enfermedad inmunotrombótica.
- Esto indica que la hipercoagulabilidad y los eventos trombóticos son impulsados por NETosis, activación por contacto y complemento.
- La relación triangular con sus múltiples bucles de retroalimentación de amplificación insta a estrategias terapéuticas de múltiples objetivos para amortiguar de manera efectiva la respuesta inmunotrombótica.

Tabla 1. Características basales de 228 pacientes con Covid-19

	Normal Range	Mild (n=54)	Moderate (n=68)	Progressive/severe (n=106)	Overall P
M/F		29/25	42/26	78/28 [†]	0.03
Age, yr.		62 (±16)	69 (±13) [†]	69 (±12) [†]	0.003
Days from illness onset		7 (5-11)	7 (5-14)	7 (5-14)	0.88
SBP, mmHg		130 (±18)	138 (±22)	138 (±25)	0.09
DBP, mmHg		80 (70-89)	83 (75-87)	80 (70-88)	0.65
Heart rate, bpm		90 (±21)	89 (±18)	96 (±20)	0.08
Body temperature, °C		37.6 (±0.8)	38.1 (±1.0) [†]	38.1 (±1.0) [†]	0.009
Fever, %		10, 19	24, 36	36, 40 [†]	0.03
SARS-CoV-2, Ct		31 (±4)	29 (±5)	29 (±5)	0.15
Medical history					
Hypertension, %		16, 30	27, 40	35, 33	0.48
Diabetes, %		12, 22	10, 15	25, 24	0.37
CVA, %		7, 13	8, 12	15, 14	0.94
Cardiac disease, %		15, 28	23, 34	32, 30	0.76
COPD/asthma, %		9, 17	16, 24	13, 12	0.08
None, %		14, 26	16, 24	28, 26	0.96
Platelets, ×10 ⁹ /L	130-350	225 (±97)	213 (±88)	209 (±66)	0.55
Leukocytes, ×10 ⁹ /L	3.5-11.0	5.9 (5.1-8.5)	6.6 (4.7-9.0)	7.5 (5.8-10.1) [†]	0.006
Neutrophils, ×10 ⁹ /L	1.4-7.7	4.5 (3.5-6.3)	5.0 (3.4-7.4)	5.9 (4.6-8.1) [†]	0.02
Lymphocytes, ×10 ⁹ /L	1.1-4.0	1.2 (0.7-1.5)	0.8 (0.6-1.2) [†]	0.7 (0.5-1.1) [†]	<0.001
AST, U/L	<35	38 (27-55)	49 (36-64) [†]	54 (39-79) [†]	<0.001
LDH, U/L	<250	273 (±91)	362 (±142) [†]	480 (±191) [†]	<0.001
Serum creatinine, μmol/L	60-115	83 (61-110)	86 (71-112)	92 (71-121)	0.26
Albumin, g/L	32.0-47.0	34 (31-38)	34 (30-36)	29 (26-32) [†]	<0.001
CRP, mg/L	<10	57 (17-96)	66 (39-123)	101 (56-179) [†]	<0.001
Coagulation factors		n/N=48/54	n/N=66/68	n/N=103/106	
PKa:CIINH, nM	≤0.3	2.0 (0.8-3.9)	2.2 (0.9-4.8)	1.9 (1.0-3.5)	0.68
High PKa:CIINH		43, 89%	59, 89%	93, 90%	1.00
FXIa:AT, pM	≤42	24.4 (17.4-36.2)	25.3 (19.8-36.4)	30.0 (22.2-65.2) [†]	0.002
High FXIa:AT		7, 15%	13, 20%	40, 39% [†]	0.002
FXIa:α1AT, pM	≤248	391 (309-625)	513 (395-751)	547 (403-809) [†]	0.007
High FXIa:α1AT		41, 85%	63, 96%	102, 99% [†]	0.002
FIXa:AT, pM	≤56	53.8 (33.0-80.9)	63.7 (43.4-91.4)	85.8 (61.7-126.7) [†]	<0.001
High FIXa:AT		20, 42%	42, 64% [†]	83, 81% [†]	<0.001
TAT, ng/mL	≤5	4.2 (3.0-5.8)	5.5 (3.7-10.2)	8.7 (4.9-21.6) [†]	<0.001
High TAT		19, 40%	35, 53%	77, 75% [†]	<0.001
Vascular damage					
vWF:Ag, %	<160	337 (±153)	383 (±148)	462 (±161) [†]	<0.001
High vWF:Ag		43, 90%	64, 97%	100, 97%	0.11
Neutrophils					
C5a, ng/mL	≤21.1	15.4 (9.0-25.4)	21.9 (16.5-29.7) [†]	22.1 (10.8-31.6) [†]	0.02
High C5a		29, 63%	50, 89% [†]	71, 74% [†]	0.007
Extracellular histone H3, n/N		0/44	8/65 [†]	14/102 [†]	0.02
In vitro NETosis, n/N		0/5	0/5	9/9 [†]	<0.001

Historia de vida inmunitaria, vacunación y dinámica del SARS-CoV-2 durante los próximos 5 años.

Fuente: Milani GP, Bottino I, Rocchi A, et al. Frequency of Children vs Adults Carrying Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus 2 Asymptomatically. JAMA Pediatr. 2020; 14 Sep. <https://doi.org/10.1001/jamapediatrics.2020.3595>

- La trayectoria futura de la pandemia de COVID-19 depende de la dinámica de la inmunidad adaptativa contra el SARS-CoV2; sin embargo, las características sobresalientes de la respuesta inmune provocada por la infección natural o la vacunación aún son inciertas.
- Usaron modelos epidemiológicos simples para explorar estimaciones de la magnitud y el momento de los casos futuros de COVID-19 dada la diferente eficacia protectora y duración de la respuesta inmune adaptativa al SARS-CoV-2, así como su interacción con vacunas e intervenciones no farmacéuticas.
- Se encontró que las variaciones en la respuesta inmune a las infecciones primarias por SARS-CoV-2 y una posible vacuna pueden conducir a paisajes inmunes dramáticamente diferentes y cargas de casos críticamente severos, que van desde epidemias sostenidas hasta casi la eliminación.
- Los hallazgos ilustran las posibles complejidades en la dinámica futura de Covid-19 y destacan la importancia de la caracterización inmunológica más allá de la medición de las infecciones activas para proyectar adecuadamente el panorama inmunológico generado por las infecciones por SARS-CoV-2.

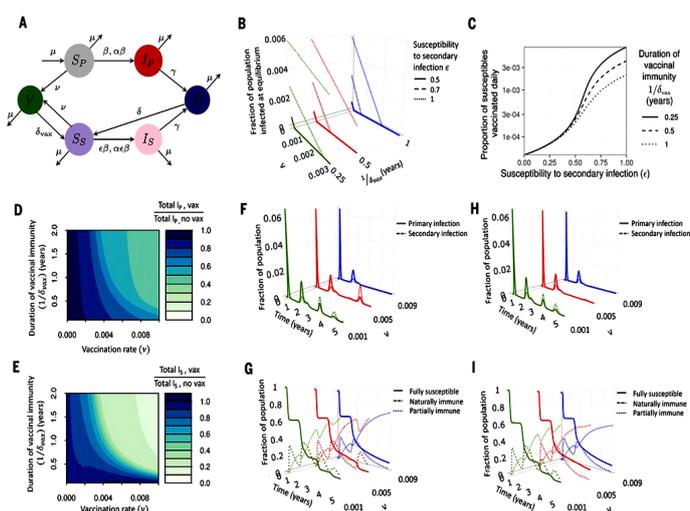


Fig. 3 Impacto de la vacunación y la inmunidad vacunal sobre la dinámica de la enfermedad.

(A) Diagrama de flujo modelo modificado que incorpora una clase V vacunada (37).

(B) Fracción total infectada de la población en equilibrio en función de la tasa de vacunación v para diferentes valores de la duración de la inmunidad vacunal ($1 / \delta_{vax} = 0.25$ años: líneas verdes, $1 / \delta_{vax} = 0.5$ años: líneas rojas, y $1 / \delta_{vax} = 1$ año: líneas azules) y la susceptibilidad a la infección secundaria ($\epsilon = 0.5$: líneas continuas, $\epsilon = 0.7$: líneas discontinuas y $\epsilon = 1$: líneas punteadas).

(C) Proporción diaria de susceptibles que deben ser vacunados para lograr un estado libre de enfermedad en equilibrio en función de ϵ para diferentes valores de la duración de la inmunidad vacunal ($1 / \delta_{vax} = 0.25$ años: línea continua, $1 / \delta_{vax} = 0.5$ años: línea discontinua y $1 / \delta_{vax} = 1$ año: línea discontinua).

En (B) y (C) la transmisibilidad relativa de las infecciones secundarias y la duración de la inmunidad natural se toman como $\alpha = 1$ y $1 / \delta = 1$ año, respectivamente, y la tasa de transmisión se deriva del valor medio de NYC estacional- números de reproducción semanales basados en ($R_{0} = 1,75$). (D) y (E) La relación del número total de infecciones primarias y secundarias. (E) con vacunación versus sin vacunación durante los años 1.5-5.

(F a I) Series de tiempo de las diversas clases inmunes representadas para diferentes valores de la tasa de vacunación v . La fila superior ((F) y (H)) contiene la serie de tiempo de infecciones primarias (IP, líneas continuas) y secundarias (IS, líneas discontinuas), mientras que la fila inferior ((G) e (I)) contiene el tiempo serie de subpoblaciones totalmente susceptibles (SP, líneas continuas), naturalmente inmunes (R, líneas discontinuas) y parcialmente inmunes (SS, líneas punteadas). (D) a (I), la susceptibilidad relativa a la infección secundaria, la transmisibilidad relativa de las infecciones secundarias y la duración de la inmunidad natural se toman como $\epsilon = 0,7$, $\alpha = 1$ y $1 / \delta = 1$ año, respectivamente. La vacunación se introduce 1,5 años después del inicio de la epidemia (es decir, durante la semana 79) después de un período de 40 semanas de distanciamiento social durante el cual la fuerza de la infección se redujo al 60% de su valor original durante las semanas 16 a 55.

Uso de hidroxiclороquina a largo plazo en pacientes con enfermedades reumáticas y desarrollo de infección por SARS-CoV-2: un estudio de cohorte retrospectivo.

Fuente: Gentrey CA, Humphrey MB, Thind SK, et al. Long-term hydroxychloroquine use in patients with rheumatic conditions and development of SARS-CoV-2 infection: a retrospective cohort study. *Lancet Rheumatology*. 2020; 21 Sep. [https://doi.org/10.1016/S2665-9913\(20\)30305-2](https://doi.org/10.1016/S2665-9913(20)30305-2)

- La hidroxiclороquina es uno de varios agentes que se están evaluando en el tratamiento del síndrome respiratorio agudo severo por coronavirus 2 (SARS-CoV-2).
- El objetivo fue examinar si los pacientes con afecciones reumatológicas que reciben terapia crónica con hidroxiclороquina tienen menos riesgo de desarrollar una infección por SARS-CoV-2 que aquellos que no reciben hidroxiclороquina.
- Este estudio de cohorte retrospectivo incluyó información anónima de todos los veteranos en la base de datos administrativa clínica de la Administración de Salud de los Veteranos de EE. UU. De 18 años o más con artritis reumatoide, lupus eritematoso sistémico o afecciones reumatológicas asociadas.
- Se calculó una puntuación de propensión para cada paciente, y cada paciente que estaba recibiendo hidroxiclороquina se comparó con dos pacientes que no estaban recibiendo hidroxiclороquina (controles).
- El criterio de valoración principal fue la proporción de pacientes con infección por SARS-CoV-2 confirmada por PCR entre los que recibieron hidroxiclороquina crónica frente a los pacientes con propensión compatible que no recibieron hidroxiclороquina crónica entre el 1 de marzo y el 30 de junio de 2020.
- Los resultados secundarios fueron el ingreso hospitalario asociado con el SARS -Infección por CoV-2; requisito de cuidados intensivos asociado con la infección por SARS-CoV-2; mortalidad asociada con la infección por SARS-CoV-2; y tasas generales de cualquier ingreso hospitalario y mortalidad (es decir, todas las causas).
- Se realizó un análisis de regresión logística multivariante para determinar las variables independientes para el desarrollo de la infección activa por SARS-CoV-2.

Resultados.

- La hidroxiclороquina no se asoció con un efecto preventivo contra la infección por SARS-CoV-2 en un gran grupo de pacientes con afecciones reumatológicas.

La asociación entre el grupo sanguíneo ABO y la infección por SARS-CoV-2: un metaanálisis.

Fuente: Golinelli D, Boetto E, Maietti E, Fantini MP. The association between ABO blood group and SARS-CoV-2 infection: A meta-analysis. PLoS One 2020 Sep 18;15(9):e0239508. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0239508>

- En la actualidad, la evidencia existente sobre la asociación entre la infección por SARS-CoV-2 y el polimorfismo del grupo sanguíneo ABO es preliminar y controvertida.
- Se investiga en este metanálisis, la asociación y determinan las probabilidades de que las personas positivas al SARS-CoV-2 tengan un grupo sanguíneo específico en comparación con los controles.
- Los autores realizan una búsqueda sistemática en las bases de datos MEDLINE y LitCovid para los estudios publicados hasta el 15 de julio de 2020.
- Siete estudios cumplieron los criterios de inclusión para el metanálisis, incluido un total de 13 subgrupos de poblaciones (7503 casos positivos de SARS-CoV-2 y 2962160 controles).
- Analizan las probabilidades de tener cada grupo sanguíneo entre los pacientes positivos al SARS-CoV-2 en comparación con los controles.
- Se utilizaron modelos de efectos aleatorios para obtener el odds ratio (OR) global combinado y realizaron análisis de subgrupos y de sensibilidad para explorar la fuente de heterogeneidad y consistencia de los resultados.
- Los resultados del metanálisis indican que las personas positivas para el SARS-CoV-2 tienen más probabilidades de tener el grupo sanguíneo A (OR combinado 1,23, IC del 95%: 1,09-1,40) y menos probabilidades de tener el grupo sanguíneo O (OR combinado = 0,77 , IC del 95%: 0,67 a 0,88).
- Se necesitan más estudios para investigar los mecanismos en la base de esta asociación, que pueden afectar la cinética de la pandemia según la distribución de grupos sanguíneos dentro de la población.

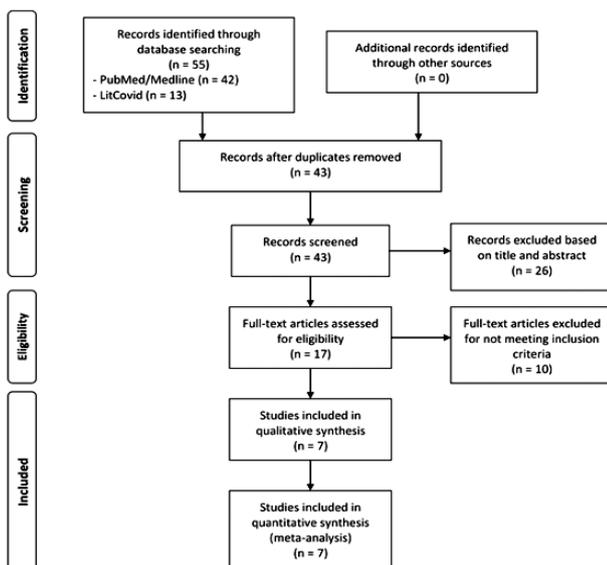


Fig 1. Diagrama de flujo de la búsqueda sistemática de literatura para el metaanálisis.

<https://doi.org/10.1371/journal.pone.0239508.g001>

RESUMEN ESTADÍSTICA SEMANAL

Viernes 18 septiembre 2020	
Casos en el día	51
Casos acumulados	5 055
Casos activos	656
Fallecidos	2
Sábado 19 septiembre 2020	
Casos en el día	36
Casos acumulados	5 091
Casos activos	562
Fallecidos	2
Domingo 20 septiembre 2020	
Casos en el día	50
Casos acumulados	5 141
Casos activos	561
Fallecidos	1

Lunes 21 septiembre 2020	
Casos en el día	81
Casos acumulados	5 222
Casos activos	597
Fallecidos	1
Martes 22 septiembre 2020	
Casos en el día	48
Casos acumulados	5 270
Casos activos	568
Fallecidos	1
Miércoles 23 septiembre 2020	
Casos en el día	40
Casos acumulados	5 310
Casos activos	577
Fallecidos	-
Jueves 24 septiembre 2020	
Casos en el día	40
Casos acumulados	8 404
Casos activos	572
Fallecidos	-

LA HABANA

