

COVID-19

Revisión científica semanal

6 al 12 de junio de 2020

Esta revisión científica semanal es un resumen de la evidencia científica nueva y emergente relacionada con la COVID-19 durante el período especificado. Es una revisión de temas y artículos importantes, no una guía para la implementación de políticas o programas. Los hallazgos recopilados están sujetos a cambios a medida que se disponga de nueva información. Recibimos sus comentarios y sugerencias en covid19-eiu@vitalstrategies.org.

TEMAS EN PROFUNDIDAD

Vacuna MMR y COVID-19

Mensaje principal: La COVID-19 aflige y mata a los adultos mayores con mucha más frecuencia que los adultos más jóvenes y a los niños. Algunos observadores han sugerido que las vacunas infantiles podrían desempeñar un papel importante. La COVID-19 grave y fatal puede ser menos frecuente de lo esperado en lugares donde se han realizado campañas recientes de vacunación contra el sarampión, las paperas y la rubéola (MMR). Aunque existe una base biológica plausible para que vacunas como MMR den cierta protección contra la COVID-19, hasta la fecha no hay pruebas que respalden el uso de MMR como una intervención farmacéutica para prevenir o tratar la COVID-19.

El riesgo de la COVID-19 aumenta con la edad. En estudios realizados en múltiples países, hay un punto de inflexión alrededor de los 50 años, después del cual el riesgo de enfermedad grave y mortal aumenta de manera constante y rápida con cada año más de edad. Las personas mayores pueden ser más propensas a morir de COVID-19 por una variedad de razones, que incluyen la presencia de otras afecciones crónicas y cambios relacionados con la edad en el sistema inmunológico. Además, cada nueva generación de niños está expuesta a diferentes vacunas infantiles a medida que los programas de vacunación adoptan nuevos antígenos durante décadas. Estos avances han salvado millones de vidas, en

algunos casos más de las que se esperaba, basándose únicamente en las enfermedades para las que se diseñaron las vacunas. En particular, las vacunas vivas atenuadas para la viruela, la tuberculosis, la poliomielitis y el sarampión, según estudios observacionales y experimentales, parecen tener [efectos beneficiosos no específicos \(es decir, beneficios para la salud, incluida una disminución de la mortalidad más allá de lo esperado por el control de la enfermedad objetivo\)](#). Algunos [observadores han sugerido que la exposición a vacunas vivas específicas](#) podría afectar la susceptibilidad a infecciones múltiples, que incluyen la COVID-19, en la infancia e incluso en años posteriores, y que las dosis de refuerzo de estas vacunas podrían proteger a los adultos de contraer la COVID-19 o de desarrollar una enfermedad grave si la contraen.

La vacuna MMR de virus vivo y atenuado se introdujo en 1971. La mayoría de las personas que son menores de 50 en la actualidad han recibido una dosis; y las menores de 40, al menos dos dosis. Además de los posibles efectos no específicos, algunos virus pueden compartir estructuras comunes que podrían ser objetivos de una respuesta inmune. En estudios de laboratorio no publicados, los investigadores describieron [secuencias de aminoácidos similares de los virus que causan el sarampión, las paperas, la rubéola y la COVID-19](#). En particular, encontraron una secuencia clave en el SARS-CoV-2, el coronavirus que causa la COVID-19, que era un 29% coincidente con el virus de la rubéola y que también estaba presente en el componente del virus de la rubéola atenuado de MMR. Se desconoce si estas similitudes crean una respuesta a la vacuna, y si esa respuesta podría proteger contra la COVID-19 y contra la rubéola.

[En una preimpresión no revisada por pares](#), los investigadores compararon las tasas de mortalidad de la COVID-19 y los niveles históricos de cobertura de la vacuna MMR en cinco países (Italia, Reino Unido, Francia, Estados Unidos, Alemania), y observaron mayor mortalidad en países con menor cobertura. Los investigadores también observaron que varios países con recientes campañas de vacunación MMR suplementaria habían registrado pocos casos de COVID-19 y pocas muertes. Aunque estos hallazgos sugieren una posible conexión, las asociaciones podrían ser coincidentes o relacionadas con otro factor que no se midió. Las observaciones sobre MMR y COVID-19 aún no se han confirmado ni sometido a revisión por pares. Informamos previamente sobre [una asociación similar observada entre la mortalidad por COVID-19 y BCG](#), una vacuna contra la tuberculosis, y concluimos que tales estudios observacionales no proporcionan la evidencia sólida de impacto que se puede obtener de los ensayos experimentales. Se están llevando a cabo [estudios con modelos en animales](#) y al menos [un ensayo clínico](#) para evaluar si la MMR podría proteger contra la infección por COVID-19 o contra los efectos más graves de la enfermedad. Por ahora, no hay evidencia que respalde la administración de dosis adicionales de la vacuna MMR como medida de prevención o tratamiento de la COVID-19, pero todas las razones para garantizar mejoras continuas en la vacuna MMR a nivel mundial. A pesar de la existencia de una vacuna altamente efectiva, el sarampión todavía mata a 100,000 niños al año cuyas comunidades no han sido alcanzadas por los programas de vacunación.

Tipo de sangre ABO y la COVID-19

Mensaje principal: Los científicos han podido demostrar una relación entre el tipo de sangre, y el riesgo de infección y la gravedad de la enfermedad de la COVID-19. Las personas con tipos de sangre O parecen tener menos probabilidades de tener infección y enfermedad grave, y las personas con tipos de sangre A pueden experimentar una enfermedad más grave. Actualmente, no existe un mecanismo subyacente bien comprendido para estas diferencias. Los hallazgos pueden estar relacionados con otras relaciones previamente demostradas entre diferentes tipos de sangre y factores de coagulación de la sangre o componentes de cascada inflamatoria. Las relaciones que se han suscitado hasta ahora tendrán que ser

estudiadas más a fondo. Las personas de todos los tipos de sangre deben seguir tomando las medidas recomendadas para reducir su riesgo de contraer la COVID-19.

El tipo de sangre ABO de una persona se hereda de ambos padres. Personas de todos los tipos de sangre, A, B, AB y O, se han infectado con el virus SARS-CoV-2 y han desarrollado COVID-19. Sin embargo, informes recientes indican que tener un tipo de sangre u otro puede afectar tanto las posibilidades de infectarse (susceptibilidad), como la gravedad de la infección (gravedad de la enfermedad). No hay evidencia de que el Rh de una persona, es decir, si su tipo de sangre ya sea positivo o negativo, tenga algún efecto sobre su susceptibilidad. Cerca del comienzo de la pandemia, comenzaron a surgir pruebas sobre [factores de riesgo individuales para enfermedades graves](#), como la edad y las afecciones de salud serias coexistentes, incluidas la diabetes y las afecciones cardiovasculares. Ahora, más de seis meses después de la pandemia, los científicos continúan investigando por qué algunos pacientes quedan hospitalizados y necesitan un respirador, mientras que otros infectados con el mismo virus tienen un dolor de garganta autolimitado o tos leve, y otros no se enferman en absoluto. A medida que los virólogos estudian el virus y sus mutaciones para buscar pistas sobre por qué diferentes personas tienen diferentes niveles de enfermedad; otros científicos están mirando a los pacientes en busca de factores huésped que pueden ayudar a explicar el mismo enigma.

En marzo de 2020, comenzaron a aparecer [informes](#) y [análisis retrospectivos](#) en la literatura preimpresa de China, el primer epicentro de la pandemia, sobre una posible asociación entre el tipo de sangre ABO y la COVID-19. Específicamente, los investigadores notaron que había un número desproporcionadamente menor de pacientes con tipos de sangre O hospitalizados con la infección en comparación con la proporción esperada basada en la población general, y un número desproporcionadamente mayor de pacientes con tipos de sangre A. Si bien estos estudios e informes iniciales se basaron en series más pequeñas de pacientes, impulsaron una mayor investigación sobre los factores biológicos del huésped como un determinante potencial de la enfermedad y la gravedad de la enfermedad, y también impulsaron a los investigadores a prestar más atención al tipo de sangre. En abril, surgieron estudios adicionales de [China](#), así como el [Reino Unido](#) y los [Estados Unidos](#), todos respaldando una relación similar con respecto a la susceptibilidad, la gravedad de la enfermedad o ambos, a pesar de las diferencias en las proporciones de los tipos de sangre en todo el mundo.

Estudios y revisiones más amplios respaldan los primeros hallazgos con algunas matices. [Un estudio preimpreso](#) de España e Italia que buscaba abordar si los factores genéticos del huésped podían explicar la variación en la gravedad de la enfermedad reveló que un código genético para el tipo de sangre de una persona estaba estrechamente asociado con la gravedad de la enfermedad, y nuevamente mostraba un mayor riesgo de enfermedad grave para las personas con tipos de sangre A y menores riesgos para los tipos de sangre O.

También ha habido estudios contradictorios. Aunque la mayoría de los estudios han demostrado cierta relación entre una menor susceptibilidad o una menor gravedad de la enfermedad con los tipos de sangre O, otros no han replicado la mayor susceptibilidad o gravedad de la enfermedad de los tipos de sangre A, y han encontrado en cambio que el tipo de sangre O confería menor riesgo general que los tipos de sangre diferentes al O. Uno de esos estudios fue un [informe de 23andMe](#), la compañía de pruebas de ADN, que analizó la infección por COVID-19 autoinformada con y sin hospitalización, y su relación con los tipos de sangre. A partir de los datos sobre 750,000 personas, el estudio concluyó que las personas con tipos de sangre O eran menos susceptibles a contraer COVID-19 y también menos propensas a ser hospitalizadas. En el mismo estudio, no se observó ninguna relación para ningún otro tipo de sangre, específicamente no se observó un mayor riesgo para los tipos de sangre A. El mismo

grupo está reclutando actualmente 10,000 sujetos para un análisis genético más completo para vincular la COVID-19 con los factores genéticos del huésped.

La cuestión de si existe realmente una relación con la susceptibilidad, la gravedad o ambos puede ser difícil de responder con los datos que están disponibles actualmente. Los estudios que buscan cohortes hospitalizadas tendrán un sesgo hacia la detección de un mayor nivel de gravedad para todos los tipos de sangre. Puede no estar claro si las personas con el tipo de sangre O tienen menos probabilidades de usar respiradores, por ejemplo, porque la gravedad de su enfermedad es menor, o si generalmente son menos susceptibles a la infección, por lo tanto, no son hospitalizadas en primer lugar. A medida que se realicen estudios más amplios, incluidos estudios basados en la población y en la comunidad, es probable que asociaciones más claras sean evidentes.

El hecho de que los [tipos de sangre puedan desempeñar un papel en la susceptibilidad del huésped a la infección](#) no es un concepto novedoso. Las relaciones entre el tipo de sangre y una serie de virus, bacterias y parásitos se han demostrado previamente. Se habían publicado [informes similares](#) como parte de la epidemia de SARS de 2002-2003 que mostraban una menor susceptibilidad a los tipos de sangre O. La idea de que el tipo de sangre de uno puede desempeñar un papel en la gravedad de la enfermedad tampoco es novedosa. El tipo de sangre A de ABO [se ha asociado previamente](#) con un mayor riesgo de síndrome de dificultad respiratoria aguda (SDRA), así como [peores resultados respiratorios en pacientes con sepsis o trauma](#). El tipo de sangre O de ABO, por otro lado, se ha asociado previamente con [un menor riesgo de eventos de coagulación](#), un componente importante que puede ser una fuerza impulsora [en la COVID-19](#).

Estudios epidemiológicos adicionales arrojarán más luz sobre la naturaleza de la relación entre los tipos de sangre y la COVID-19, mientras que la investigación realizada por genetistas y científicos moleculares puede proporcionar información sobre los mecanismos subyacentes de las variaciones en la susceptibilidad y la gravedad de la COVID-19 según el tipo de sangre ABO. Sin embargo, las implicaciones prácticas de estos hallazgos para los pacientes y los médicos son limitadas; las personas de todos los tipos de sangre corren el riesgo de infectarse y pueden morir debido al virus que causa la COVID-19.

¿De dónde viene el SARS-CoV-2?

Mensaje principal: Comprender de dónde proviene un virus y cómo se propaga a la población humana puede ayudar a aislar la fuente del virus y prevenir nuevas infecciones humanas, apoyar el desarrollo de terapéuticas y vacunas, e informar a la respuesta de salud pública para prevenir futuras pandemias.

¿Por qué el origen del SARS-CoV-2 importa?

Ha habido mucha discusión sobre el origen del SARS-CoV-2, el virus que causa la COVID-19. Existe [consenso científico](#) de que el SARS-CoV-2 es una zoonosis, o un patógeno que puede transmitirse entre humanos y animales no humanos. La mayoría de los patógenos humanos pueden infectar, o provienen originalmente de animales no humanos. Los seres humanos con frecuencia interactúan con animales no humanos, incluidos sus mascotas, su ganado y animales salvajes. Además, los animales pueden parecer saludables incluso cuando portan patógenos que pueden enfermar a las personas. Algunas zoonosis se transmiten a los seres humanos a través del contacto directo con los animales (ántrax, gripe, leptospirosis), pero las zoonosis también pueden ser transmitidas por vectores como pulgas, mosquitos y garrapatas (fiebre de las Montañas Rocosas, enfermedad de Lyme, tifus, fiebre amarilla), a través del consumo de alimentos o agua contaminados (salmonelosis, shigelosis, triquinosis), o a través de múltiples vías. [Las tres pandemias más devastadoras de la historia humana, la muerte negra, la gripe](#)

[española de 1918 y el VIH/SIDA, se debieron a la zoonosis.](#) Las zoonosis que surgen recientemente en las poblaciones humanas pueden plantear grandes amenazas para la salud y la economía mundiales, en parte porque muchas personas pueden morir y muchas sociedades pueden verse afectadas a medida que se identifica una nueva enfermedad y se establecen las medidas de respuesta. Además, todas o la mayoría de las personas pueden ser susceptibles porque nunca han estado expuestas al nuevo patógeno. En medio de una pandemia mundial, uno puede preguntarse por qué importan los orígenes del virus causante. Comprender de dónde proviene un virus y cómo se propaga a la población humana puede ayudar a aislar la fuente del virus y prevenir nuevas infecciones humanas, apoyar el desarrollo de terapéuticas y vacunas, e informar a la respuesta de salud pública para prevenir futuras pandemias.

¿Cómo investigan los investigadores los orígenes del SARS-CoV-2 y qué han descubierto?

Existen varias estrategias de investigación que pueden utilizarse para identificar la fuente de una zoonosis como el SARS-CoV-2, el virus que causa la COVID-19. Un método es el análisis epidemiológico de los casos humanos tempranos para establecer posibles contactos infecciosos (sean humanos o no), y limitar el área geográfica y el marco temporal de cualquier evento de contagio. [Muchos de los primeros casos de COVID-19 reportados tenían un vínculo directo con un mercado de mariscos en Wuhan, China,](#) un "mercado húmedo", donde se vendían animales criados en granjas y salvajes. [Las muestras ambientales tomadas del mercado en diciembre de 2019 dieron positivo para el SARS-CoV-2.](#) Aunque esto puede sugerir que el mercado fue la fuente del brote, algunos de los primeros pacientes con COVID-19 no se pudieron vincular epidemiológicamente al mercado. Alternativamente, el entorno del mercado puede haber desempeñado un papel en la amplificación temprana del brote, incluso si el evento de propagación ocurrió en otro lugar.

Un segundo enfoque para identificar la fuente de una zoonosis es realizar un análisis genético. Los virus que son genéticamente similares pueden provenir de una fuente similar. A principios de enero de 2020, los científicos secuenciaron por primera vez el genoma del SARS-CoV-2 y [lo publicaron en línea.](#) Ahora sabemos que el SARS-CoV-2 es un betacoronavirus, o un miembro de un subgrupo de coronavirus que también incluye el SARS-CoV, el virus que causó el síndrome respiratorio agudo severo (SARS), y el MERS-CoV, el virus que causa el síndrome respiratorio de Oriente Medio (MERS). Los murciélagos sirven como especie huésped para muchos betacoronavirus, y el genoma del SARS-CoV-2 es [96% idéntico al genoma de un betacoronavirus de murciélago](#) aislado en China. Aunque los murciélagos probablemente sirven como huéspedes reservorio del betacoronavirus del cual se originó el SARS-CoV-2, una diferencia genética del 4% es significativa. Los genes del SARS-CoV-2 que forman la parte del virus que se une a las células humanas son [similares a los genes de los coronavirus que infectan a los pangolines,](#) un mamífero cubierto de escamas protectoras que se caza por su carne y escamas. Se ha demostrado que el SARS-CoV-2 puede unirse eficazmente no solo a las células humanas sino también a las células de hurones, gatos y varias otras especies animales. Por lo tanto, el progenitor viral del SARS-CoV-2 puede haberse transmitido de murciélagos a otra especie animal en la que la evolución viral ocurrió antes de la transmisión a los humanos. Hay otros ejemplos de esto: el virus del SARS probablemente se originó en los murciélagos y se transmitió a las civetas, un pariente de la mangosta con una apariencia similar a un gato, antes de transmitirse a los humanos. El virus que causa el MERS probablemente se originó en los murciélagos y se transmitió a los camellos antes de contagiarse a los humanos.

¿Por qué no hemos establecido definitivamente la fuente del SARS-CoV-2?

No es raro que se carezca de pruebas definitivas de la especie reservorio (en la que normalmente vive el patógeno) o del método de transmisión de vertido (de animal no humano a humano). Por ejemplo, se necesitaron años de investigación epidemiológica para demostrar que el virus Nipah, una zoonosis que puede causar encefalitis fatal en humanos, puede [infectar a los humanos cuando consumen savia de](#)

[palmera datilera de macetas de recolección en las que los murciélagos infectados han orinado](#), y ha habido décadas de estudio y debate sobre los [orígenes del VIH. Para que se produzca la transmisión de efectos indirectos, se deben alinear varios procesos dinámicos](#). El patógeno debe estar presente en un punto dado en el tiempo y el espacio, un humano debe entrar en contacto con ese patógeno y el humano debe ser susceptible al patógeno. Para los patógenos que pueden transmitirse fácilmente entre los seres humanos (virus del Ébola, VIH, gripe H1N1), los factores que contribuyen al contagio pueden ser difíciles de desenredar, ya que los nuevos casos humanos pueden estar muy alejados de los eventos de contagio. Cuando hay una transmisión cero o limitada de persona a persona (rabia, virus del Nilo Occidental), los eventos de contagio pueden ser más fáciles de identificar. La transmisibilidad de persona a persona del SARS-CoV-2 ha dado lugar a una diseminación global en solo unos meses, pero el análisis genético del virus SARS-CoV-2 de diferentes pacientes sugiere que el brote comenzó con una o solo unas pocas introducciones en la población humana. Esto está en contraste con el virus del MERS, que no se puede transmitir fácilmente entre las personas; ha habido múltiples [eventos de propagación de camellos a los seres humanos](#). Aunque no se ha identificado ningún coronavirus animal como el progenitor directo del SARS-CoV-2, la diversidad de coronavirus en especies animales no humanas no se ha descrito completamente. Existe [evidencia de una exposición de bajo nivel de la población humana en algunas partes de China a coronavirus relacionados con el virus que causa el SARS](#), lo que sugiere efectos de derrame previos no detectados de coronavirus de murciélago. Se necesitaron años de búsqueda y de muestreo para que los investigadores encontraran [posibles progenitores virales del virus del SARS entre los murciélagos de herradura en un área de China](#).

Sobre la base de nuestro conocimiento actual del origen del SARS-CoV-2, ¿qué medidas se han tomado?

Es importante reconocer los nichos ecológicos críticos llenos de muchas especies animales diferentes. Por ejemplo, los murciélagos comen plagas, polinizan las plantas y dispersan las semillas. [Las economías humanas y la seguridad alimentaria se verían muy afectadas si los murciélagos se extinguieran](#). La investigación muestra que [las actividades humanas](#), como la creciente invasión de hábitats de vida silvestre y el uso de ciertas prácticas de producción de alimentos, crean condiciones que facilitan el contagio de la enfermedad zoonótica. Si las actividades humanas aumentan el riesgo de contagio, tenemos la capacidad de abordar este riesgo. Existen muchos [enfoques de salud pública](#) para reducir la carga de las zoonosis emergentes. La disminución del contacto humano con patógenos potenciales puede reducir el riesgo de que se produzca un derrame zoonótico. Dada la evidencia actual sobre el origen del SARS-CoV-2, se han realizado [esfuerzos para reducir el consumo y el comercio de especies silvestres](#). Quedan por ver los efectos que estas medidas tendrán sobre el comportamiento humano y el riesgo de enfermedad zoonótica.

Preguntas frecuentes

¿Qué sabemos sobre fumar, vapear y la COVID-19?

La COVID-19 puede causar enfermedades respiratorias graves y problemas respiratorios, y estos pueden ser más graves en personas con problemas pulmonares crónicos subyacentes. Fumar es una de las principales causas de problemas pulmonares crónicos y puede afectar la capacidad del aparato inmune de los pulmones para responder a la infección. Pueden pasar meses antes de que haya datos suficientes para definir claramente la relación entre fumar y la COVID-19. En este momento, podría ser perjudicial adoptar una postura indulgente sobre el consumo de tabaco, un hábito mortal que es responsable de millones de muertes cada año, con o sin una pandemia de enfermedades infecciosas. Fumar en sí está asociado con otros factores de riesgo de enfermedades graves de COVID-19, como enfermedades cardíacas, diabetes y presión arterial alta, lo que dificulta analizar la presencia o magnitud de la relación

entre fumar y la COVID-19 solamente. A pesar de que algunos estudios cuestionan la asociación entre fumar y COVID-19, y algunos incluso afirman que se hospitaliza a menos fumadores de lo esperado con la enfermedad, el mensaje de expertos y de las entidades de salud pública es claro y conciso: fumar aumenta el riesgo de infecciones respiratorias y está fuertemente asociado con factores que aumentan la gravedad de la enfermedad en la COVID-19. La OMS afirma: "La investigación disponible sugiere que los fumadores tienen un mayor riesgo de desarrollar resultados graves de COVID-19 y la muerte." Debido a la acción de mano a boca requerida para fumar cigarrillos y vapear o usar cigarrillos electrónicos, puede haber una mayor probabilidad de infectarse de COVID-19 en primer lugar. Vapear o usar cigarrillos electrónicos también puede causar una enfermedad pulmonar grave. El tabaco es perjudicial para la salud, y es probable que el consumo aumente el potencial de peores resultados de COVID-19. Los resultados de cualquier estudio que demuestre lo contrario deben contrastarse estrictamente con décadas de ciencia y conocimiento sobre los riesgos del consumo de tabaco, y una historia similarmente larga de interferencia con la ciencia por parte de la industria tabacalera.

¿Qué es un artículo preimpreso?

Un [artículo preimpreso](#) es la versión original o preliminar del artículo de un autor antes de que se haya realizado una revisión por pares y antes de su publicación, a veces en una revista revisada por pares. En la pandemia de la COVID-19, ha habido un aumento sustancial en la cantidad de investigaciones científicas que se realizan y publican, gran parte de ellas en servidores de preimpresión como [medRxiv](#) ([pronunciado "med-archive"](#)), que se centra en las ciencias de la salud. Según [un artículo preimpreso](#), la comunidad científica publicó más de 16,000 artículos científicos relacionados con la COVID dentro de los cuatro meses posteriores al primer caso confirmado, de los cuales al menos 6,000 fueron alojados en servidores de preimpresión.

¿Por qué alguien pondría su investigación en un servidor de preimpresión? Permite compartir la investigación lo más rápido posible y recopilar comentarios antes de su publicación. Al crear una preimpresión, a un artículo se le asigna un identificador de objeto digital (DOI) que se puede vincular a la versión final de una publicación, lo que facilita la cita de la obra. Las preimpresiones se han utilizado comúnmente en otros campos académicos, como la economía, como un medio para compartir análisis preliminares y obtener comentarios críticos de los colegas antes de la publicación final. Hasta la pandemia de la COVID-19, las preimpresiones no eran ampliamente utilizadas ni citadas en la mayoría de los campos de la salud. Sin embargo, es importante recordar que un artículo preimpreso no ha sido examinado por expertos independientes en la materia. La evaluación de los méritos técnicos de un artículo preimpreso requiere experiencia adicional en metodología de investigación y temas relevantes. Por estas razones, medRxiv y otros sitios llevan un importante descargo de responsabilidad sobre los artículos de sus servidores: "Precaución: Las preimpresiones son informes preliminares de trabajos que no han sido certificados por la revisión de pares. No se debe confiar en ellos para guiar la práctica clínica ni el comportamiento relacionado con la salud, y no se deben informar en los medios de comunicación como información establecida." Es importante recordar este descargo de responsabilidad al leer artículos de noticias que cubren hallazgos basados en investigaciones preimpresas solamente. También es importante que cualquier persona que difunda información comunique claramente la fuente de información científica o los resultados y dónde se originaron.

Artículos (Artículos preimpresos anotados, si los hay)

[SARS-CoV-2 Infections and Serologic Responses from a Sample of Navy Service Members – USS Theodore Roosevelt, Abril de 2020](#)

(MMWR, Publicación temprana, 9 de junio)

Mensaje principal: Según la experiencia de un portaaviones de la Armada de los EE. UU., la vigilancia basada en síntomas puede no ser tan efectiva para detectar infecciones de COVID-19 en adultos jóvenes sanos, que pueden tener síntomas leves o nulos. El uso de cubrebocas y la observación del distanciamiento físico se asociaron con menores probabilidades de infección durante un brote de COVID-19 entre el personal de portaaviones, y compartir viviendas o informar el contacto con alguien que se sabe que tiene COVID-19 aumentó las probabilidades de infección. La mayoría (90%) de los participantes del estudio que ya se sabía que tenían una prueba positiva mediante RT-PCR antes de la investigación, que detecta la presencia del virus en sí, mostraron evidencia de seroconversión, es decir, tenían anticuerpos en la sangre detectados mediante pruebas serológicas conocidas como ELISA. En general, el 59,7% de los participantes tuvo una prueba ELISA positiva de anticuerpos, de los cuales el 59,2% también tuvo una prueba positiva de anticuerpos neutralizantes.

- Entre los 1,417 miembros de servicio anteriormente a bordo del USS Theodore Roosevelt o en una base en Guam donde el barco atracó, 382 participaron en un cuestionario de encuesta y proporcionaron muestras de sangre para pruebas de anticuerpos ELISA, de las cuales 267 también proporcionaron muestras para pruebas de antígeno RT-PCR.
- En general, 238 de los participantes dieron positivo por RT-PCR, ELISA o ambos. De estos, 81.5% informó al menos un síntoma, el síntoma más común la pérdida de olfato o sabor (61.3%). Casi una quinta parte (18.5%) de los participantes con infección anterior o actual no informaron síntomas, y solo dos (0.8%) fueron hospitalizados. La evidencia de anticuerpos con ELISA positivo fue evidente en el 90,2% de los participantes del estudio con una prueba de PCR positiva previa conocida. Muchos también dieron positivo para neutralizar anticuerpos.
- Este estudio es limitado porque informa los hallazgos de una muestra de conveniencia que no es representativa de la población general en la demografía de los estilos de vida/trabajo. Además, los datos se recopilaron en un momento único, lo que se prestó a los sesgos de recuperación y de selección, así como la falta de seguimiento.

[The Role of Children in the Dynamics of Intra Family Coronavirus 2019 Spread in Densely Populated Area](#) (Pediatric Infectious Disease Journal, 1 de junio)

Mensaje principal: Anteriormente revisamos la evidencia de que los [niños tenían menos probabilidades que los adultos de contraer la infección por COVID-19](#), incluso cuando su exposición es similar. En este estudio, los investigadores calcularon la tasa de ataque por edad de grupos familiares investigados de COVID-19 en Bnei Brak, Israel, un área densamente poblada con familias jóvenes. Los niños de 0 a 4 años tenían un 47% menos de probabilidades de infectarse en comparación con los adultos, y aquellos de entre 5 y 17 años tenían un 61% menos de probabilidades de infectarse. Estos hallazgos se suman a la acumulación de evidencia de riesgo de infección por edad, que será valiosa para informar las decisiones sobre cómo frenar la pandemia.

- Se investigaron 13 grupos familiares de enfermedad de COVID-19. En 12 familias el caso índice fue un adulto; en una familia el primer caso ocurrió en un adolescente infectado en la escuela. No se proporcionó información adicional sobre la transmisión de este adolescente de 14.5 años, y se desconoce si fue la fuente de propagación a otras personas que enfermaron más tarde en el hogar.
- Se completaron las pruebas de PCR SARS-CoV-2 en 94 personas además de las 13 familias. El ARN viral se detectó en:

- 2 de 18 niños menores de 5 años (tasa de ataque 11.8%)
- 13 de 40 niños de 5 a 17 años (tasa de ataque 32.5%)
- 21 de 36 adultos de 18 a 48 años (tasa de ataque 58.3%)
- Incluso en esta comunidad, donde el 42% de la población es menor de 15 años y las condiciones de hacinamiento respaldan altas tasas de ataque dentro de las familias afectadas, los adultos parecen ser los principales impulsores de transmisión.
- Este sitio de estudio puede ser inusual en el bajo número de adultos mayores incluidos en los grupos familiares y no es necesariamente representativo del nivel de riesgo para las personas que viven fuera de un hogar afectado. Las diferencias en las tasas de ataque podrían deberse a factores biológicos o de comportamiento entre niños y adultos, o a una combinación de los dos.

[Occurrence and Timing of Subsequent SARS-CoV-2 RT-PCR Positivity Among Initially Negative Patients \(Clinical Infectious Diseases, 7 de junio\)](#)

Mensaje principal: Los investigadores de dos centros médicos académicos estudiaron la aparición a corto plazo de resultados recientemente positivos SARS-CoV-2 RT-PCR entre 20,912 pacientes que habían dado negativo inicialmente. Los resultados de ambas instituciones sugieren que los resultados de RT-PCR falsos negativos ocurren a una tasa menor que la sugerida en otros estudios.

- En la Universidad de Washington en el estado de Washington y en la Universidad de Stanford en California, se analizaron muestras nasofaríngeas de pacientes adultos y pediátricos para detectar SARS-CoV-2 mediante RT-PCR. Los pacientes se habían presentado a una variedad de entornos clínicos, incluidos los lugares de pruebas para pacientes hospitalizados, ambulatorios y autocontrol. La mayoría de los pacientes probados presentaron posibles síntomas de COVID-19 combinados con factores de riesgo pertinentes (un pequeño subconjunto fue asintomático, sometido a prueba en el entorno preoperatorio). Un subconjunto de pacientes que inicialmente dieron negativo se volvió a analizar dentro de los siete días debido a síntomas persistentes o que empeoraron.
- Las pruebas de RT-PCR de SARS-CoV-2 se realizaron en 23,126 muestras de 20,912 pacientes (8,977 Universidad de Washington, 11,935 Stanford). Los resultados mostraron que 91% (90.7% Universidad de Washington, 91.2% Stanford) de esos pacientes habían dado negativo inicialmente para el SARS-CoV-2. Una pequeña proporción de esos pacientes, 338 (4.1%) de la Universidad de Washington y 268 (2.6%) de Stanford, se sometieron a pruebas repetidas en siete días. En general, el 3.5% de los pacientes que volvieron a analizarse fueron positivos en la segunda prueba: 14 (4.1%) en la Universidad de Washington y ocho (2.8%) en Stanford.
- Una limitación del estudio es que no se pudo determinar la sensibilidad y especificidad de la prueba RT-PCR, debido al diseño del estudio. No se pudo determinar la causa de los resultados falsos negativos, pero la discordancia de algunos resultados podría haberse debido a infecciones recién adquiridas. Además, no estaba claro qué sesgos pueden haber existido en la selección de pacientes para volver a probar frente a aquellos que no se volvieron a probar.

[Public Attitudes, Behaviors, and Beliefs Related to COVID-19, Stay-at-Home Orders, Nonessential Business Closures, and Public Health Guidance —United States, New York City, and Los Angeles, 5 al 12 de mayo de 2020](#)

(MMWR, Publicación temprana, 12 de junio)

Mensaje principal: Una encuesta realizada entre adultos en la ciudad de Nueva York (NYC), Los Ángeles (LA) y alrededor de los Estados Unidos a principios de mayo mostró el apoyo mayoritario a las medidas sociales y de salud pública (PHSM) destinadas a reducir el riesgo y la transmisión de COVID-19. Este tipo de información, centrada en actitudes, comportamientos y creencias en torno a las restricciones

establecidas durante la pandemia, puede ayudar a guiar la aceptabilidad y viabilidad de restricciones continuas durante la reapertura.

- Del 5 al 12 de mayo, se invitó a más de 4,000 adultos a participar en una encuesta en línea que midió opiniones sobre las órdenes de quedarse en casa, el distanciamiento físico, los cierres de negocios no esenciales, los cobertores faciales, evitar grandes reuniones y si sus estados estaban cumpliendo con el equilibrio adecuado de restricciones. De estos invitados, 2,221 cumplieron con los criterios y completaron la encuesta, 1,676 de la cohorte de Estados Unidos, 286 de la cohorte de Nueva York y 259 de la cohorte de Los Ángeles.
- Hubo un amplio apoyo en las tres cohortes (EE. UU., Nueva York y Los Ángeles) para las órdenes de quedarse en casa y los cierres de negocios (79.4%, 86.7%, 81.5% respectivamente), y la mayoría de las personas en cada cohorte informaron que siempre o con frecuencia usaron cobertores faciales (74.1%, 89.6%, 89.8% respectivamente). Los encuestados también mostraron el apoyo al equilibrio de restricciones de su jurisdicción (84.3%, 89.7% y 79.7% respectivamente). La mayoría de las personas informaron que no se sentirían seguras si se levantaran las estrategias de mitigación en todo el país en el momento de la encuesta (74.3%, 81.5%, 73.4%, respectivamente).
- Siempre hay limitaciones para los datos de la encuesta. En particular, los datos sobre la adherencia a los comportamientos son autoinformados. Además, los afroamericanos estaban insuficientemente representados entre las personas que respondieron a la encuesta. Los encuestados también se limitaron a personas con acceso a un dispositivo informático e Internet y estaban dispuestos a participar en una encuesta en línea.

Clusters of Coronavirus Disease in Communities, Japón, enero a abril de 2020

(EID, Publicación temprana, 10 de junio)

Mensaje principal: Este estudio de los grupos de COVID-19 en Japón reveló que, además de los entornos de atención médica, muchos grupos ocurrieron en lugares con mucha respiración cerca, incluidas fiestas de karaoke, animaciones, bares y gimnasios. Los pacientes de casos primarios fueron generalmente más jóvenes, pero ninguno tenía menos de 20 años. Más de la mitad de la transmisión del caso primario ocurrió antes de la aparición de los síntomas.

- El análisis incluyó 2,875 casos confirmados de transmisión local en 61 grupos de 5 o más personas infectadas en un evento o lugar común fuera de la vivienda. De los 2,875 casos, 1,760 (61%) tenían vínculos epidemiológicos con casos conocidos (y notablemente ~ 40% no). La mayoría (64%) de los grupos involucraron 5 a 10 casos.
- Los grupos ocurrieron en una variedad de lugares, incluidos centros de atención de la salud (30%), otros centros de atención (16%), restaurantes o bares (16%), lugares de trabajo (11%) y otros lugares como conciertos, ensayos de coro, fiestas de karaoke, gimnasios y un avión.
- En entornos no relacionados con la atención de la salud, había 22 probables pacientes de casos primarios que se creía que habían contribuido a los nuevos grupos. De estos, 11 (50%) tenían entre 20 y 39 años, que generalmente era más joven que otros pacientes con casos, pero ningún caso primario tenía menos de 20 años. Nueve (41%) eran presintomáticos o asintomáticos en el momento de la transmisión; de aquellos que eran sintomáticos, solo 1/13 (8%) tenía tos.
- De los 16 casos primarios con fechas claras de transmisión a otros pacientes, 9 (56%) tuvieron transmisión 1 a 3 días antes del inicio de la enfermedad, 4 (25%) en el día del inicio de la enfermedad y solo 3 (19%) tuvieron transmisión 1 a 3 días después del inicio de la enfermedad.
- Las limitaciones del estudio incluyeron el sesgo de recuperación ya que algunos pacientes del caso no pudieron revelar el historial de contacto ni los vínculos epidemiológicos, y la información se obtuvo solo a través de entrevistas.

Cita sugerida: Cash-Goldwasser S, Kardooni S, Kachur SP, Cobb L, Bradford E and Shahpar C. Weekly COVID-19 Science Review 2-8 May 2020. Resolve to Save Lives. 12 de mayo de 2020. Disponible en <https://preventepidemics.org/coronavirus/weekly-science-review/>