

# BOLETÍN EPIDEMIOLÓGICO | N.º 105 - Marzo de 2021

COVID-19: vigilancia en América | Variantes del SARS-CoV-2 y circulación en la Argentina | Sputnik V: respuesta humoral en la Argentina | Caracterización de la COVID-19 persistente | Notificaciones breves • RDC: enfermedad por el virus del Ébola • Alemania: enfermedad por virus de Tula (hantavirus) en paciente inmunocompetente

## STAFF

Departamento de  
Epidemiología

### Dirección

DR. DANIEL STAMBOULIAN

### Coordinación y redacción

DRA. LILIÁN TESTÓN

### Edición

LIC. SOLEDAD LLARRULL

Con el aval de FIDEC/FUNCEI

**SUSCRIPCIÓN GRATUITA**  
epidemiologia@funcei.org.ar

### MÁS INFORMACIÓN

Twitter: @EpidemiologiaFUNCEI

www.escalainicial.com.ar

Twitter: @escalainicial

### FUNCEI

French 3037

C1425AWK, CABA (Argentina)

Tel.: 4809 4242 info@funcei.org.ar

www.funcei.org.ar

### FIDEC

2050 Coral Way Suite #407

Miami, Florida 33145

Tel.: 305 854 0075

www.fidec-online.org

## COVID-19 Vigilancia en América

Hasta el 29 de marzo de 2021, la Organización Mundial de la Salud (OMS) informó **55,4 millones de casos confirmados de COVID-19 y 1,3 millones de muertes** por esta enfermedad en la Región de las Américas<sup>1</sup>. Durante las 24 h previas, se notificaron 200.900 nuevos casos y 4447 muertes. En promedio, **la tasa de letalidad es del 2,4 %**<sup>1</sup>.

De los 54 países y territorios, notificaron mayor cantidad de casos los EE. UU. (29,5 millones), el Brasil (11,950 millones), Colombia (2,3 millones), la Argentina (2,2 millones) y México (2,1 millones)<sup>1</sup>. En la Figura 1, se presenta la distribución de casos por país. Mientras que las nuevas infecciones comenzaron a estabilizarse hacia fines de marzo en los EE. UU., mostraban una tendencia en aumento en el estado de Ontario (Canadá) y en México<sup>2</sup>.

Además de ser el país sudamericano que más casos nuevos reporta, **el Brasil tiene el máximo promedio de nuevos casos diarios en el mundo**<sup>3</sup>. Al momento del cierre de este boletín, eran 77.129 nuevos contagios al día. Se han confirmado

12.490.362 casos y 310.550 muertes relacionadas con el coronavirus desde el inicio de la pandemia. La situación en este país ya está afectando a los vecinos: crecen los casos en Venezuela y Bolivia, y es elevada la tasa de ocupación de camas de terapia intensiva en zonas del Perú<sup>2</sup>. Además, se detectó la variante brasileña P.1 del SARS-CoV-2 en varios distritos del Paraguay<sup>4</sup>, cuyas autoridades sanitarias alertaron durante la última semana

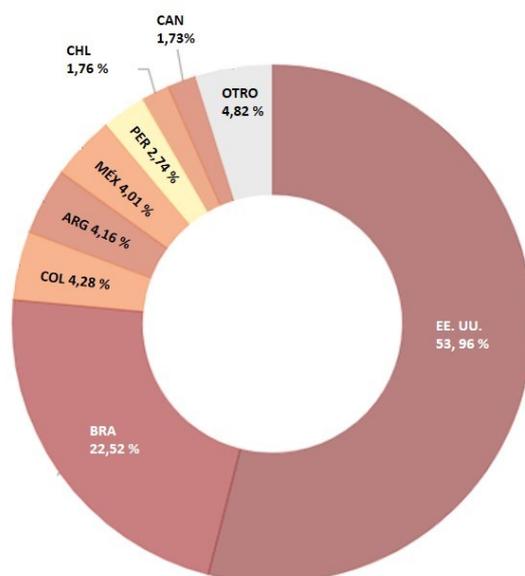


Figura 1. Distribución (en porcentaje) de casos de COVID-19 según el país en América<sup>1</sup>.

que los hospitales estaban desbordados. En el Uruguay, se notificaron **más de mil casos diarios varias veces durante las últimas semanas**, situación que preocupa por ser un país pequeño<sup>2</sup>.

Con una tendencia creciente en la cantidad de casos diarios y con el 95% de las camas de terapia intensiva ocupadas, las autoridades de Chile dispusieron la **cuarentena total a partir del 27 de marzo en toda la Región Metropolitana**<sup>5</sup>. El 28 de marzo, se notificaron 7330 nuevas infecciones y 101 muertes<sup>1</sup>. Hasta esa fecha, los casos totales eran 997.243, y los fallecimientos, 22.754<sup>1</sup>. **Con un promedio de 6472 nuevos contagios diarios, superó el registro máximo de la primera ola**, en junio de 2020<sup>6</sup>.

#### Importante:

Ya se han administrado más de 130 millones de dosis de vacunas contra la COVID-19 en la Región de las Américas. Sin embargo, solo 28 millones de esas dosis se aplicaron en Latinoamérica y el Caribe.

### Situación en la Argentina

Por el aumento de casos en la Argentina (Figura 2)<sup>1,7</sup>, las autoridades nacionales también dispusieron una serie de medidas para contener el avance de la segunda ola. A partir del 27 de marzo, **quedaron suspendidos los vuelos aerocomerciales procedentes del Brasil, de Chile y de México**, debido a la situación epidemiológica en esos países y la circulación de nue-

vas cepas<sup>8</sup>. Se suman así al Reino Unido de Gran Bretaña e Irlanda del Norte, sobre los cuales ya pesaba la suspensión de vuelos hacia la Argentina<sup>9</sup>.

La norma mantiene la **prohibición de arribo de extranjeros con fines turísticos** y contempla asimismo **más controles para los argentinos que regresen del exterior**, ya que se autorizan los vuelos necesarios para el regreso de las personas nacionales y extranjeras residentes” desde el Brasil, Chile y México siempre que hubieran salido del país previo a la entrada en vigencia de las nuevas disposiciones y tuvieran fecha de regreso programada posterior a las 48 h de la entrada en vigencia. Se mantendrá inicialmente una disponibilidad de 2000 plazas diarias de ingreso y egreso en vuelos aerocomerciales internacionales de pasajeros y se establecerá sobre esa base un flujo decreciente y gradual<sup>8</sup>.

#### Requisitos para regresar al país<sup>8,10</sup>

- Contar con una prueba de PCR con resultado negativo y realizada hasta 72 h antes de abordar el avión con destino a la Argentina.
- Realizarse una prueba para SARS-CoV-2 al arribo al país y otra al séptimo día del ingreso, como condición para finalizar el aislamiento obligatorio. El costo de ambas pruebas deberá ser asumido por la persona que ingresa al país.
- Quienes den positivo en la prueba al ingresar al país deberán realizar a continuación el test de PCR para

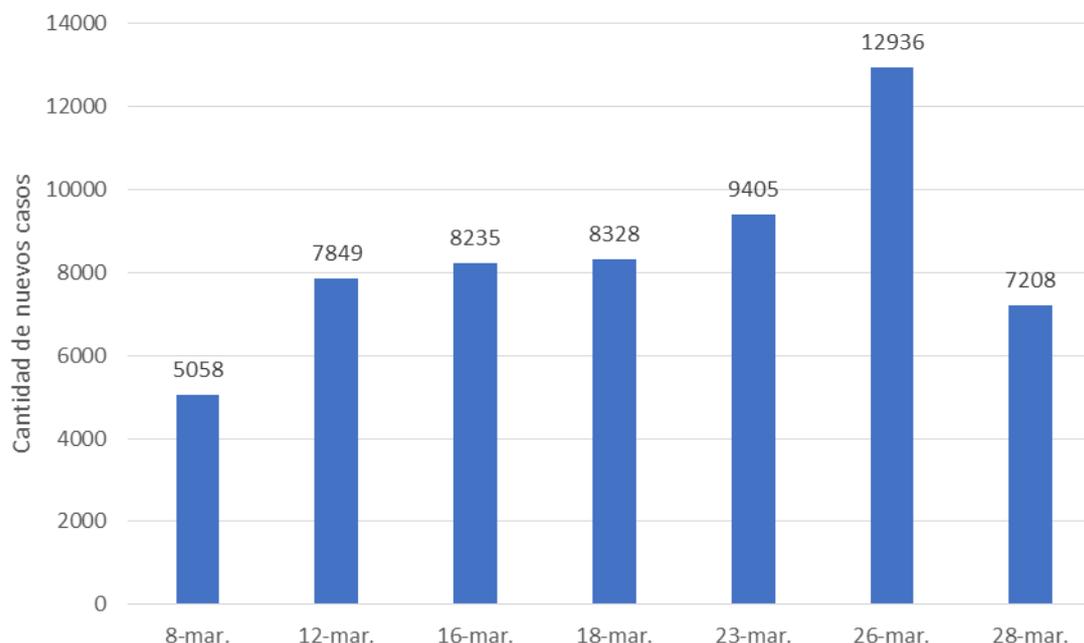


Figura 2. Evolución de nuevos casos de COVID-19 en la Argentina durante marzo de 2021<sup>1,7</sup>.

secuenciación genómica. Además, quienes tengan un resultado positivo en dicha prueba y sus contactos estrechos deberán cumplir el aislamiento en los lugares dispuestos por las autoridades nacionales correspondientes y destinados a tal fin, hasta tanto se efectúe el traslado seguro hasta su localidad de residencia. La estadía en los citados lugares de aislamiento será a cargo de la persona que ingresa al país.

- Quienes tengan un resultado negativo en la prueba deberán cumplir con el aislamiento obligatorio en los respectivos domicilios informados a tal fin en su declaración jurada de ingreso al país, por el término de 7 días desde la toma de la muestra del test realizado al momento de ingreso al país.
- De resultar positivo el test practicado al séptimo día de arribo al país, el laboratorio interviniente deberá arbitrar los recaudos para que la autoridad nacional competente secuencie genómicamente la muestra de laboratorio y la autoridad sanitaria local realice el inmediato rastreo de los contactos estrechos del viajero, sobre la base de los mecanismos previstos para la trazabilidad de su ingreso y de traslado al lugar de aislamiento.

#### Bibliografía

1. OPS. Geo-Hub COVID-19 - Information System for the Region of the Americas; 29 de marzo de 2021. Disponible en <https://paho-covid19-response-who.hub.arcgis.com/>
2. OPS. Weekly Press Briefing on the COVID-19 Situation in the Americas; 23 de marzo de 2021. Disponible en <https://www.paho.org/en/media/weekly-press-briefing-covid-19-situation-americas>.
3. Reuters COVID-19 Tracker. Brazil; 29 de marzo de 2021. Disponible en <https://graphics.reuters.com/world-coronavirus-tracker-and-maps/es/countries-and-territories/brazil/>
4. OPS. COVID-19 Situation in the Region of the Americas; 28 de marzo de 2021. Disponible en <https://www.paho.org/en/topics/coronavirus-infections/coronavirus-disease-covid-19-pandemic>.
5. Chile. Ministerio de Salud. Reporte COVID-19: Región Metropolitana estará en cuarentena total a partir del sábado 27 de marzo; 25 de marzo de 2021. Disponible en <https://www.minsal.cl/reporte-covid-19-region-metropolitana-estara-en-cuarentena-total-a-partir-del-sabado-25-de-marzo/>.
6. Reuters COVID-19 Tracker. Chile; 29 de marzo de 2021. Disponible en <https://graphics.reuters.com/world-coronavirus-tracker-and-maps/es/countries-and-territories/chile/>.
7. Argentina. Ministerio de Salud. Informes diarios. Disponible en <https://www.argentina.gob.ar/coronavirus/informes-diarios/reportes/marzo2021>.
8. Argentina. Boletín Oficial de la República Argentina. Cierre De Fronteras. Decisión Administrativa 268/2021; 25 de marzo de 2021. Disponible en <https://www.boletinoficial.gob.ar/detalleAviso/primera/242370/20210326?busqueda=2>.
9. Argentina. Jefatura de Gabinete. Cierre De Fronteras. Decisión Administrativa 219/2021; 12 de marzo de 2021. Disponible en [https://www.argentina.gob.ar/normativa/nacional/decisi%C3%B3n\\_administrativa-219-2021-347847/texto](https://www.argentina.gob.ar/normativa/nacional/decisi%C3%B3n_administrativa-219-2021-347847/texto).
10. Argentina. Ministerio de Salud. Requisitos para viajar hacia la República Argentina. Disponible en <https://bit.ly/3cz2u4S>.

## Variantes del SARS-CoV-2 y circulación en la Argentina

- La mayor circulación del virus en la población aumenta la probabilidad de mutaciones en su genoma.
- Un grupo de virus que comparten el mismo conjunto de mutaciones específicas se denominan *variantes*.
- El interés en ellas radica en que pueden tener mayor transmisibilidad, evadir la respuesta inmunitaria o reducir la eficacia de las vacunas.
- En la Argentina, circulan las variantes del Reino Unido, de Manaus, de Río de Janeiro y una de las de California.
- No se ha detectado aún la variante sudafricana (menor respuesta a la vacunas).

Cuando un virus circula e infecta a gran parte de la población, aumenta la probabilidad de mutaciones en su genoma<sup>1</sup>. **Los virus de ARN, como los coronavirus, mutan con frecuencia**<sup>2</sup>. Un grupo de virus que comparten el mismo conjunto de mutaciones específicas se denominan *variantes*<sup>2</sup>. **La mayoría de las mutaciones tienen poco impacto en la capacidad del virus para infectar y enfermar; pero, según dónde se localicen, estos cambios pueden favorecer la transmisión o derivar en formas más graves de la enfermedad**<sup>1</sup>. Incluso, si se acumulan suficientes mutaciones en un linaje, los virus resultantes pueden adquirir características biológicas específicas de suficiente entidad como para conferir una capacidad funcional y patogenicidad distintiva<sup>2</sup>. Estos linajes constituyen nuevas cepas<sup>2</sup>.



Acceda directamente haciendo clic sobre la imagen.

Cuadro 1. Clasificación de variantes del SARS-CoV-2 realizada por los Centros para el Control y la Prevención de Enfermedades (CDC) en colaboración con un grupo de vinculación entre agencias del Gobierno de los EE. UU.<sup>3</sup>.

Clasificación	Características
<b>Variantes de interés</b> ( <i>variants of interest</i> )	Marcadores genéticos específicos asociados con cambios en la unión al receptor, menor neutralización por anticuerpos (infección previa o vacunación), menor eficacia de los tratamientos, posible impacto en el diagnóstico o aumento pronosticado en la transmisibilidad o gravedad de la enfermedad.
<b>Variantes de preocupación</b> ( <i>variants of concern</i> )	Existe evidencia de una mayor transmisibilidad, casos más graves (mayor cantidad de hospitalizaciones o muertes), reducción significativa en la neutralización por anticuerpos (infección previa o vacunación), menor eficacia de los tratamientos o las vacunas, o fallas de diagnóstico.  <b>Incluye a las variantes B.1.1.7 (Reino Unido), B.1.351 (Sudáfrica) y P.1 (Manaos en Brasil y Japón) y B.1.427 y B.1.429 (California).</b>
<b>Variantes con altas consecuencias</b> ( <i>variants of high consequence</i> )	Clara evidencia de que las medidas de prevención o las intervenciones médicas tienen eficacia significativamente menor con respecto a la observada con las variantes que circularon de forma previa.  <b>No se han detectado este tipo de variantes.</b>

El linaje B.1 emergió en China a principios de la pandemia, se propagó con rapidez por el mundo y se volvió predominante<sup>2</sup>. Desde entonces, han surgido muchas variantes del SARS-CoV-2<sup>2,3</sup>. En colaboración con un grupo de vinculación entre agencias del Gobierno de los EE. UU., los Centros para el Control y la Prevención de Enfermedades (CDC) las clasificaron como se muestra en el Cuadro 1<sup>3</sup>.

Entre las variantes de preocupación, están la B.1.1.7 (Reino Unido), B.1.351 (Sudáfrica) y P.1 (Manaos en Brasil y Japón), que tienen mutaciones que afectan al gen que codifica la proteína *spike*. Comparten la **mutación N501Y** en el dominio de unión al receptor. Las variantes B.1.351 y P.1 presentan, además, las **mutaciones E484K** (asociada con una mayor capacidad para evadir la respuesta inmunitaria, resistencia a la neutralización por anticuerpos monoclonales neutralizantes y sueros policlonales de convalecientes) y **K417N** (relacionada con la transmisibilidad del virus)<sup>3,4</sup>. A continuación, se describen estas variantes y la B.1.427 (California)<sup>3</sup>.

**Variante 20I/501Y.V1 (linaje B.1.1.7; Reino Unido)**

- Aumento de la transmisión: ~50 %.
- Probable aumento en la gravedad con base en las tasas de hospitalización y muerte.
- Mínimo impacto en la neutralización por tratamientos con anticuerpos monoclonales.

- Mínimo impacto en la neutralización por suero de convaleciente y postvacunación.

**Variante 20J/501Y.V3 (linaje P.1; Manaos, en Brasil, y Japón)**

- Impacto moderado en la neutralización por tratamientos con anticuerpos monoclonales.
- Menor neutralización por suero de convaleciente y luego de la vacunación.
- Posibilidad de mayor transmisión (1,4 y 2,2 veces que variantes previas)<sup>2</sup>.

**Variante 20H/501.V2 (linaje B.1.351; Sudáfrica)**

- Aumento de la transmisión: ~50 %.
- Impacto moderado en la neutralización por tratamientos con anticuerpos monoclonales.
- Reducción moderada en la neutralización por suero de convaleciente y postvacunación.

**Variante 20C/S:452R (linaje B.1.427, California)**

- Aumento de la transmisión: ~20 %.
- Impacto significativo en la neutralización por algunos tratamientos.
- Reducción moderada en la neutralización al utilizar suero de convaleciente y luego de la vacunación.

A mediados de marzo, se informó la **aparición de una variante con la doble mutación E484Q y L452R en el estado de Maharashtra, en la India**, uno de los que registra un aumento de casos de COVID-19. Se

detectó esta variante en el 20 % de las 200 secuenciaciones genómicas realizadas en dicho estado. La **mutación L452R** incrementa la capacidad infectiva del virus, según investigaciones de la Universidad de California. Se la detectó en 20 países, pero es la primera vez que se detecta la doble mutación<sup>5</sup>.

La Organización Mundial de la Salud (OMS), a través del programa de secuenciación genómica del SARS-CoV-2, colabora con el seguimiento de los cambios virales. La base de datos pública GISAID es una colaboración global que permite a los científicos conocer dicha variabilidad. **La OMS recomienda que todos los países realicen secuenciaciones para monitorizar las variantes que circulan<sup>1</sup>.**

### Variantes en la Argentina<sup>4</sup>

Con el objetivo de vigilar y describir la introducción, circulación y establecimiento de variantes, el proyecto PAIS (Proyecto Argentino Interinstitucional de Genómica de SARS-CoV-2) realiza la secuenciación del gen que codifica para la proteína *spike*.

En su último informe, presentaron los resultados de la secuenciación de las muestras que se describen en el Cuadro 2, en el que también se detallan las variantes y mutaciones encontradas.

Sumando estas muestras, desde el 26 de octubre de 2020 hasta el 15 de marzo de 2021 se analizaron en total 943 muestras obtenidas durante la vigilancia activa en la Argentina, con los siguientes resultados:

- La **variante 501Y.V1 (Reino Unido)** se identificó en 26 casos (2,75 %).
- La **variante 501Y.V3 (P.1, Manaos)**, en 11 casos (1,16 %).
- La **mutación S\_E484K** en forma aislada en 79 casos (8,39 %), 35 de ellos confirmados como **linaje P.2 (Río de Janeiro)**.
- Las **mutaciones S\_L452R/Q/M** en 46 casos, 3 de ellos confirmados como **variante CAL.20C (linaje B.1.427, California)**.

**No se ha detectado aún la combinación de mutaciones de la variante 501Y.V2 (Sudáfrica).** Podría estar asociada al escape inmunitario, y es posible

Cuadro 2. Últimas muestras analizadas en la Argentina y variantes o mutaciones encontradas<sup>4</sup>.

Zona y período de muestreo	Cantidad de muestras	Variante/mutación
CABA y provincia de Buenos Aires Del 01/02/21 al 14/03/21	297  Antecedente de viaje: no (ni contacto estrecho con viajeros).	<b>501Y.V1 (Reino Unido):</b> 16 casos (13 de la CABA y 3 del GBA oeste), 3 son <b>contactos estrechos</b> de los casos reportados, y los demás serían casos de <b>transmisión en la comunidad</b> .
		<b>501Y.V3 (P.1, Manaos):</b> 3 casos de la CABA, 2 con <b>nexo epidemiológico</b> entre sí.
		<b>Mutación S_L452R (linajes B.1.427 y B.1.429 de California):</b> 7 casos, todos serían de <b>transmisión comunitaria</b> . En 2 casos, se identificó la <b>variante CAL.20C (B.1.427, California)</b> ; los demás están en análisis.
		<b>Mutación S_E484K solo combinada con D614G:</b> 37 muestras (CABA; GBA zonas sur y oeste del Gran Buenos Aires; Lobos y Mercedes, en la provincia de Buenos Aires; y Villa Dolores, en Córdoba). Todos los casos serían de <b>transmisión comunitaria</b> . En 35 se identificó la <b>variante P2 (Río de Janeiro)</b> .
		<b>Mutación S_L452Q:</b> 31 casos (CABA; zonas sur y oeste del GBA), sin nexo epidemiológico entre sí. Serían infecciones adquiridas en la comunidad.
Provincia de Córdoba Del 05/02/21 al 15/03/21	16  Algunas personas tenían antecedente de viaje, y las demás eran sus contactos estrechos.	<b>501Y.V1 (Reino Unido):</b> 6 casos, 4 con antecedente de viaje y 2 contactos estrechos.
		<b>501Y.V3 (P.1, Manaos):</b> 6 casos, 1 con antecedente de viaje y 5 contactos estrechos.

que las variantes Manaos y Río de Janeiro compartan esta característica, dado que presentan mutaciones en común.

**La emergencia de futuras variantes solo podrá prevenirse deteniendo la propagación del virus por medio de las medidas ya conocidas:** higiene de manos, utilización de barbijo, distancia física, ventilación de ambientes y evitar espacios de mucha concurrencia. Garantizar la vacunación es un paso crítico para detener la pandemia. **Cuánta más gente se vacune, se espera que la circulación viral decrezca y, de esta manera, habrá menos mutaciones.**

### ¿Qué impacto tienen las nuevas variantes en las vacunas?<sup>1</sup>

Se espera que tanto las vacunas en desarrollo como las aprobadas provean, al menos, algo de protección contra las nuevas variantes, ya que estas vacunas generan una amplia respuesta inmunitaria que involucra anticuerpos e inmunidad celular. Los cambios o mutaciones virales no harán que las vacunas sean completamente inefectivas; pero, si se demuestra que su eficacia disminuye, sería posible cambiar su composición para proteger contra las nuevas variantes. A medida que avanza el conocimiento sobre el virus y la enfermedad, los investigadores y desarrolladores de vacunas deberán contemplar la evolución del SARS-CoV-2 incorporando más de una cepa viral, dosis de refuerzo y todo cambio que sea necesario.

### Bibliografía

1. OMS. The effects of virus variants on COVID-19 vaccines; 1 de marzo de 2021. Disponible en <https://www.who.int/news-room/feature-stories/detail/the-effects-of-virus-variants-on-covid-19-vaccines>.
2. Asociación Española de Pediatría. Variantes del SARS-CoV-2 y vacunas de la COVID; 18 de febrero de 2021. Disponible en <https://vacunasaep.org/profesionales/noticias/coronavirus-nuevas-variantes-y-vacunas#definicion>.
3. CDC. Clasificaciones y definiciones de las variantes del SARS-CoV-2; 24 de marzo de 2021. Disponible en <https://espanol.cdc.gov/coronavirus/2019-ncov/cases-updates/variant-surveillance/variant-info.html>.
4. Proyecto País. Reporte N° 18: Vigilancia de variantes de SARS-CoV-2 en la CABA, provincia de Buenos Aires y provincia de Córdoba. Actualización al 25/03/2021; 29 de marzo de 2021. Disponible en <http://pais.qb.fcen.uba.ar/files/reportes/pais-reportes18.pdf>.
5. Mudur GS. COVID-19: double mutation variant fuels fear; 17 de marzo de 2021. Disponible en <https://www.telegraphindia.com/india/covid-double-mutation-variant-fuels-fears/cid/1809715>.

## Sputnik V: respuesta humoral en la Argentina

- Se compararon los títulos de anticuerpos IgG contra la proteína *spike* en personas con antecedentes de infección por el SARS-CoV-2 o sin ellos, que recibieron las dos dosis de la vacuna.
- La vacuna indujo una respuesta humoral en todos los voluntarios 21 días después de la segunda dosis.
- La mediana del título de anticuerpos en personas previamente infectadas que recibieron una sola dosis fue ocho veces superior al valor correspondiente en voluntarios sin antecedentes de infección que recibieron las dos dosis.
- El aumento en el título de IgG anti-*spike* y neutralizantes en individuos con exposición previa al virus que recibieron una dosis fue superior a la observada en individuos no infectados que recibieron dos dosis.
- La infección previa genera memoria inmunitaria, que se evidencia tras aplicarse la primera dosis de la vacuna.

En enero de 2021, la Argentina inició el proceso de vacunación masiva contra la COVID-19. La vacuna Sputnik V fue la primera en aplicarse y la más utilizada en el país al comienzo de la campaña. Por este motivo, el Ministerio de Salud de la Provincia de Buenos Aires; el Ministerio de Ciencia, Tecnología e Innovación de la Argentina; el Instituto Leloir; el Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), y la Universidad Nacional de La Plata llevan a cabo un estudio para evaluar la respuesta inmunitaria en las personas vacunadas. Los primeros resultados parciales se publicaron el 3 de marzo de 2021<sup>1</sup>.

Se efectuó un análisis longitudinal en una población de 142 individuos vacunados. Se realizaron más de tres mil determinaciones en muestras de suero extraído en los siguientes momentos:

- Antes de la vacunación (nivel basal).
  - A los 21 días de aplicada la primera dosis.
  - A los 21 días de aplicada la segunda dosis.
- El estudio continuará tomando muestras a los 3 y 6 meses de aplicada la primera dosis<sup>1</sup>.

La cohorte empleada en esta etapa era personal sanitario de 18 a 59 años del subsector público de

Cuadro 3. Comparación de títulos de anticuerpos IgG anti-spike en individuos que recibieron la vacuna Sputnik V en la Argentina<sup>1</sup>.

Dosis	Títulos IgG anti-spike (mediana)	
	Grupo 1 Sin infección previa	Grupo 2 Con infección previa
Primera dosis	200 (n = 103)	12.800 (n = 22)
Segunda dosis	1600 (n = 49)	No se observaron incrementos signifi- cativos (n = 22)

la provincia de Buenos Aires. Se la dividió del siguiente modo:

- Personas sin antecedentes de infección por el SARS-CoV-2 (grupo 1).
- Personas con antecedentes de infección por el SARS-CoV-2 (grupo 2).

En el Cuadro 3, se compara el título de anticuerpos IgG contra la proteína *spike* del SARS-CoV-2 en estos grupos<sup>1</sup>. La mediana del título de anticuerpos en personas previamente infectadas que recibieron una sola dosis de la vacuna fue **ocho veces superior** al valor correspondiente en voluntarios sin antecedentes de infección que recibieron el esquema completo de vacunación (dos dosis) (Figura 3).

En conclusión, la vacuna indujo una respuesta **humoral contra la proteína *spike* en el 100% de los voluntarios 21 días después de la segunda dosis**, pero el **aumento en el título de IgG anti-*spike* y neutralizantes en individuos con exposición previa al**

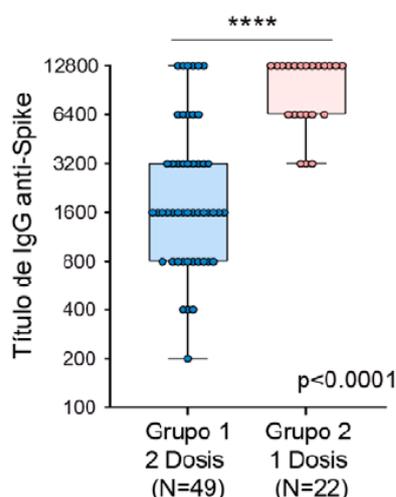


Figura 3. Comparación de títulos de anticuerpos IgG contra la proteína *spike* del SARS-CoV-2 en dos grupos vacunados con Sputnik V en la Argentina<sup>1</sup>.

**virus que recibieron una dosis fue superior al observado en individuos sin antecedentes de infección que recibieron dos dosis.** La infección previa genera memoria inmunitaria, que se evidencia con la primera dosis de la vacuna y la reactivación de las células de memoria para producir mayor título de anticuerpos que en individuos no infectados previamente.

Sobre la base de los datos obtenidos en el trabajo, **los autores sugirieron revisar el esquema de vacunación para individuos previamente expuestos al SARS-CoV-2, ya que aplicarles una sola dosis de Sputnik V no impactaría en su respuesta humoral y permitiría liberar dosis para otros usos prioritarios.**

### Bibliografía

1. Ministerio de Salud de la Provincia de Buenos Aires; Ministerio de Ciencia, Tecnología e Innovación; Instituto Leloir; CONICET; INBIRS-UNLP. Empleo de la vacuna Sputnik V en Argentina: Evaluación de respuesta humoral frente a la vacunación. Informe parcial Enero-Marzo 2021; 3 de marzo de 2021. Disponible en <https://bit.ly/39L6Zl3>.

## Caracterización de la COVID-19 persistente (*long COVID*)

La enfermedad provocada por el SARS-CoV-2 plantea importantes incógnitas que requieren investigaciones a lo largo del tiempo. **La mayoría de las personas infectadas se recuperan por completo, pero algunos pacientes tienen síntomas que persisten durante semanas o hasta meses** luego de superar la fase aguda de la infección. **Incluso las personas que presentaron formas leves de la COVID-19 y no consultaron o recibieron el alta sin necesidad de hospitalización pueden experimentar síntomas persistentes o aun tardíos.** Se denomina a este cuadro clínico *COVID-19 persistente* (en inglés, *long COVID*)<sup>1</sup>.

La Organización Mundial de la Salud advierte sobre los efectos graves a largo plazo y llama a los gobiernos a reconocer dichas secuelas y a garantizar el acceso a los servicios de salud. Además, se han establecido grupos de trabajo para construir un consenso sobre la definición COVID-19 persistente, ya que hay posiciones diferentes<sup>1,2</sup>.

En un reciente estudio publicado como *preprint* (sin revisión de pares aún), se estimó la **prevalencia luego de la COVID-19 de 205 síntomas relacionados con 10 órganos y sistemas**<sup>2</sup>. Los investigadores encuestaron a 3762 personas de 56 países, el 91,6% de las cuales no necesitó hospitalizarse por la infección. Solo

el 27% habían recibido confirmación del diagnóstico por pruebas de PCR.

En total, **2454 personas tuvieron síntomas durante, por lo menos, seis meses.** Luego de este período, los síntomas más frecuentes fueron **fatiga, malestar general, disfunción cognitiva (confusión mental), trastornos del sueño, cefaleas, palpitaciones**<sup>2</sup>. Los tres primeros fueron también los más frecuentes en el análisis general.

El estudio destaca los síntomas neurológicos (confusión mental, trastornos del lenguaje, desconcentración) en pacientes con resultados normales de la resonancia magnética nuclear. La reducción en la capacidad para trabajar por la disfunción cognitiva, además de otros síntomas debilitantes, se traduce en pérdidas de horas de trabajo o empleos, y en la dificultad para recuperar el estado previo a la infección por el SARS-CoV-2. **Para atender a estas personas, se requiere un equipo interdisciplinario, y aún no está claro qué proporción de pacientes tienen COVID-19 persistente ni si esta durará meses o años.**

#### Bibliografía

1. Redacción ConSalud. COVID-19 prolongado: la OMS insta a los países a desarrollar programas de rehabilitación; 20 de febrero de 2021. Disponible en [https://www.consalud.es/pacientes/especial-coronavirus/covid-19-prolongado-oms-insta-paises-desarrollar-programas-rehabilitacion\\_92717\\_102.html](https://www.consalud.es/pacientes/especial-coronavirus/covid-19-prolongado-oms-insta-paises-desarrollar-programas-rehabilitacion_92717_102.html).
2. Davis H, Assaf G, McCorkell L, et al. Characterizing Long COVID in an International Cohort: 7 months of symptoms and their impact. MedRxiv. <https://doi.org/10.1101/2020.12.24.20248802>.

## Notificaciones breves

### República Democrática del Congo: enfermedad por el virus del Ébola

El 21 de marzo de 2021, recibió el alta el último paciente con enfermedad confirmada por el virus del Ébola en la República Democrática del Congo (RDC). **De mantenerse sin nuevos casos durante los 42 días siguientes, se podrá declarar finalizado el brote, que se inició solo 37 días antes**<sup>1</sup>. En cambio, la epidemia anterior comenzó en 2018 y terminó en junio de 2020<sup>1</sup>.

**La reaparición del ébola en la RDC no es inesperada, ya que es una enfermedad endémica en ese país, y se sabe que animales de la región actúan como reservorio del virus.** El ministro de Salud declaró el nuevo brote el 7 de febrero de 2021, tras confirmarse un caso en la provincia de Kivu del Norte. Era una mujer de 42 años, cuyo esposo había sobrevivido a la enfermedad en septiembre de 2020. La paciente

visitó, como mínimo, tres centros de salud de dos zonas sanitarias distintas y fue enterrada en una tercera sin que se tomaran precauciones para evitar contagios. Se identificaron luego 117 contactos de este caso índice<sup>2</sup>.

Mientras continúa la vigilancia epidemiológica de cara al posible cese epidémico en la RDC, **55 personas con antecedentes de viaje a la zona del brote están en observación en los EE. UU.** Son 44 residentes del estado de Ohio y 11 del estado de Kentucky. Aunque se evaluó que **el riesgo de infección fue bajo en todos los casos, y ninguno ha presentado síntomas,** deberán permanecer hasta tres semanas bajo seguimiento para descartar que se hayan infectado, de acuerdo con los Centros para el Control y la Prevención de Enfermedades (CDC, por sus siglas en inglés) de ese país<sup>3</sup>.

#### Bibliografía

1. CGTN Africa. DR Congo releases last known Ebola patients from North Kivu treatment centers; 23 de marzo de 2021. Disponible en <https://africa.cgtn.com/2021/03/23/dr-congo-releases-last-known-ebola-patients-from-north-kivu-treatment-centers/>.
2. OMS. Enfermedad por virus del Ébola- República Democrática del Congo; 10 de febrero de 2021. Disponible en <https://www.who.int/csr/don/10-february-2021-ebola-drc/es/#:~:text=El%207%20de%20febrero%20de,provincia%20de%20Kivu%20del%20Norte>.
3. Taylor L, Grieve P. 44 Ohioans Being Monitored for Potential Ebola Exposure; 22 de marzo de 2021. <https://spectrumnews1.com/oh/columbus/news/2021/03/22/44-ohioans-being-monitored-for-potential-ebola-exposure>.

### Alemania: enfermedad por virus de Tula (hantavirus) en paciente inmunocompetente<sup>1</sup>

En Alemania, se diagnosticó por medio de pruebas moleculares la infección por el virus de Tula (TULV, por sus siglas en inglés) en un **paciente inmunocompetente de 21 años.** Reside en Hamburgo y había sido **hospitalizado por presentar síntomas y signos típicos de la enfermedad por hantavirus:** fiebre, debilidad muscular, cefalea y dolor abdominal de un día de evolución, trombocitopenia y aumento de la proteína C reactiva, esplenomegalia y linfadenopatías cervicales.

El TULV pertenece a la familia *Hantaviridae* y se lo ha aislado de roedores en diferentes partes de Eurasia. **Las especies portadoras tienen una amplia distribución en varias partes de Europa.** Aunque suele considerarse que el TULV no es un patógeno humano, en 2003 ya se lo había detectado en un paciente inmunocomprometido con enfermedad grave por hantavirus. Así, **sería la segunda vez que se lo diagnostica mediante técnicas moleculares. La capacidad del TULV para causar enfermedad aun en individuos sanos alerta sobre su patogenicidad.**

#### Bibliografía

1. Hofmann J, Kramer S, Herrlinger KR, et al. Tula virus as causative agent of hantavirus disease in immunocompetent person, Germany. Emerg Infect Dis. 2021;27(4):1234-7. Disponible en [https://wwwnc.cdc.gov/eid/article/27/4/20-3996\\_article](https://wwwnc.cdc.gov/eid/article/27/4/20-3996_article).