



SECRETARÍA GENERAL DE
SANIDAD Y CONSUMO

DIRECCIÓN GENERAL DE
SALUD PÚBLICA, CALIDAD E
INNOVACIÓN

**Centro de Coordinación de Alertas
y Emergencias Sanitarias**

INFORME TÉCNICO

Enfermedad por coronavirus, COVID-19

Actualización; 6 de marzo 2020

Resumen de la situación y aportaciones de esta actualización

El 31 de diciembre de 2019, la Comisión Municipal de Salud y Sanidad de Wuhan (provincia de Hubei, China) informó a la Organización Mundial de la Salud sobre un grupo de 27 casos de neumonía de etiología desconocida, con una exposición común a un mercado mayorista de marisco, pescado y animales vivos en la ciudad de Wuhan, incluyendo siete casos graves. El agente causante de esta neumonía fue identificado como un nuevo virus de la familia *Coronaviridae* que posteriormente se ha denominado SARS-CoV-2. El cuadro clínico asociado a este virus se ha denominado COVID-19.

Desde el inicio de la epidemia la fecha de este informe se han detectado más de 95.000 casos, de los cuales más de 10.000 se han detectado fuera de China y el número de fallecidos a nivel global asciende a más de 3.300 fallecidos.

La emergencia de un virus hasta ahora desconocido hace que las primeras medidas se deban tomar en función del conocimiento científico existente con virus y situaciones similares y el principio de precaución. La evolución de los acontecimientos y el esfuerzo conjunto de la comunidad científica mundial, han generado gran cantidad de información que se irá modificando en función de las nuevas evidencias. Este documento pretende hacer un resumen analítico de la evidencia científica disponible hasta el momento en torno a la epidemiología, características microbiológicas y clínicas del COVID-19.

En esta actualización se añaden los hallazgos de la misión de expertos de la OMS a China, las investigaciones derivadas de situaciones epidemiológicas especiales como la del brote ocurrido en el crucero "Diamond Princess", la experiencia clínica y análisis de la mortalidad de las series de casos más largas, los avances acerca del conocimiento del virus y el desarrollo de vacunas

Este informe ha sido actualizado por:

Centro de Coordinación de Alertas y Emergencias Sanitarias (CCAES) en orden alfabético:

Eva Fernández Bretón¹, Lucía García-San Miguel Rodríguez-Alarcón, Susana Monge Corella, Lina Parra Ramírez², Óscar Pérez Olaso, Angélica Ortega Rivera¹, Lidia Redondo Bravo², Adriana Román Vidal¹, M^a José Sierra Moros, Fernando Simón Soria, Berta Suárez Rodríguez.

¹ Médica Interna Residente de Medicina Preventiva y Salud Pública; ²Técnico/a superior de apoyo, contratado por Tragsatec a través de encomienda del Ministerio de Sanidad.

Agencia Española de Medicamentos y Productos Sanitarios

Agustín Portela Moreira

Índice

Resumen de la situación y aportaciones de esta actualización	1
Información epidemiológica	5
Descripción epidemiológica	5
Fuente de infección.....	5
Transmisión	5
Mecanismo de transmisión animal-humano	5
Mecanismo de transmisión humano-humano.....	6
Periodo de incubación e intervalo serial.....	6
Duración de la enfermedad.....	6
Número básico de reproducción y tasa de ataque secundaria.....	6
Transmisión comunitaria y en centros sanitarios	7
Transmisión a partir de casos asintomáticos	7
Carga viral en muestras clínicas	7
Distribución por edad y sexo.....	8
Gravedad y letalidad	8
Información microbiológica	9
Características generales de los coronavirus	9
Características del SARS-CoV-2 y estudios filogenéticos	10
Pruebas diagnósticas desarrolladas	10
Información sobre la enfermedad	11
Casos asintomáticos	11
Sintomatología y evolución clínica.....	12
Características de los casos hospitalizados	12
Información acerca de los casos pediátricos.....	15
Información acerca de COVID-19 en mujeres embarazadas.....	15
Gravedad y complicaciones.....	16

Letalidad.....	17
Tratamiento.....	17
Directrices generales de tratamiento	18
Tratamientos específicos en estudio.....	18
Desarrollo de vacunas frente al SARS-CoV-2	19
Bibliografía	21

Información epidemiológica

Descripción epidemiológica

El 31 de diciembre de 2019, la Comisión Municipal de Salud y Sanidad de Wuhan (provincia de Hubei, China) informó sobre un grupo de 27 casos de neumonía de etiología desconocida, con una exposición común a un mercado mayorista de marisco, pescado y animales vivos en la ciudad de Wuhan, incluyendo siete casos graves. El inicio de los síntomas del primer caso fue el 8 de diciembre de 2019. El 7 de enero de 2020, las autoridades chinas identificaron como agente causante del brote un nuevo tipo de virus de la familia *Coronaviridae* que posteriormente ha sido denominado SARS-CoV-2, cuya secuencia genética fue compartida por las autoridades chinas el 12 de enero (1).

Desde el inicio de la epidemia hasta el 06.03.2020 se han detectado más de 95.000 casos, de los cuales más de 17.000 se han detectado fuera de China y el número de fallecidos a nivel global asciende a más de 3.300.

Los coronavirus son una familia de virus que causan infección en los seres humanos y en una variedad de animales, incluyendo aves y mamíferos como camellos, gatos y murciélagos. Se trata de una enfermedad zoonótica, lo que significa que pueden transmitirse de los animales a los humanos (2). Los coronavirus que afectan al ser humano (HCoV) pueden producir cuadros clínicos que van desde el resfriado común con patrón estacional en invierno hasta otros más graves como los producidos por los virus del Síndrome Respiratorio Agudo Grave (por sus siglas en inglés, SARS) y del Síndrome Respiratorio de Oriente Próximo (MERS-CoV) (3). En concreto, el SARS en 2003 ocasionó más de 8.000 casos en 27 países y una letalidad de 10% y desde entonces no se ha vuelto a detectar en humanos. Desde 2012 se han notificado 2499 casos de MERS-CoV en 27 países (aunque la mayoría de los casos se han detectado en Arabia Saudí), con una letalidad de 34%.

Fuente de infección

Igual que en otros brotes causados por coronavirus, la fuente primaria más probable de la enfermedad producida por el SARS-CoV-2 es de origen animal. En este momento parece claro que el reservorio del virus es el murciélago, mientras que se sigue investigando acerca del animal hospedador intermediario, habiendo controversia entre el pangolín y otros (4,5).

Dada la prevalencia y la amplia distribución de los coronavirus en distintas especies animales, su amplia diversidad genética y la frecuente recombinación de sus genomas, es esperable que se detecten nuevos coronavirus en casos humanos, especialmente en contextos y situaciones donde el contacto con los animales es estrecho (6).

Transmisión

Mecanismo de transmisión animal-humano

El modo en el que pudo transmitirse el virus de la fuente animal a los primeros casos humanos es desconocido. Todo apunta al contacto directo con los animales infectados o sus secreciones. En estudios realizados en modelos animales con otros coronavirus se ha observado tropismo por las células de diferentes órganos y sistemas produciendo principalmente cuadros respiratorios y gastrointestinales (7), lo que podría indicar que la transmisión del animal a humanos pudiera ser a través de secreciones respiratorias y/o material procedente del aparato digestivo.

Mecanismo de transmisión humano-humano

La vía de transmisión entre humanos se considera similar al descrito para otros coronavirus a través de las secreciones de personas infectadas, principalmente por contacto directo con gotas respiratorias de más de 5 micras (capaces de transmitirse a distancias de hasta 2 metros) y las manos o los fómites contaminados con estas secreciones seguido del contacto con la mucosa de la boca, nariz u ojos (8). El SARS-CoV-2 se ha detectado en secreciones nasofaríngea, incluyendo la saliva (9).

Actualmente se desconoce el tiempo de supervivencia de SARS-CoV-2 en el medio ambiente. Los coronavirus humanos pueden permanecer activos en superficies inanimadas hasta 9 días, sin embargo a temperaturas $\geq 30^{\circ}\text{C}$ la supervivencia es más corta. Se estima que la supervivencia del SARS-CoV es de varios días y la del MERS-CoV >48 horas a una temperatura ambiente promedio (20°C) en diferentes superficies. Los coronavirus humanos se inactivan de forma eficiente en presencia de etanol al 95% o de hipoclorito sódico en concentraciones superiores al 0.1% (10,11).

La transmisión aérea o por aerosoles (capaz de transmitirse a una distancia de más de 2 metros) no ha podido ser demostrada en el brote de SARS-CoV-2 en China (4) Sin embargo se cree que esta podría ocurrir durante la realización de procedimientos médicos invasivos del tracto respiratorio (12). Durante el brote de SARS de 2003 se pudo detectar la presencia del virus en el aire de habitaciones de pacientes hospitalizados (13).

Aunque hay una publicación en la que se ha detectado el genoma y el virus infectivo en heces de personas enfermas, la transmisión a través de las heces es otra hipótesis para la cual no existe evidencia en esta epidemia hasta la fecha (4,14,15). Las manifestaciones clínicas gastrointestinales, aunque presentes no son demasiado frecuentes en los casos de COVID-19 (16), lo que indicaría que esta vía de transmisión, en caso de existir, tendría un impacto menor en la evolución de la epidemia.

No hay evidencia suficiente acerca de la transmisión vertical del SARS-CoV-2, aunque los datos de una serie de 9 embarazadas indican la ausencia del virus en muestras de líquido amniótico, cordón umbilical y leche materna (17).

Periodo de incubación e intervalo serial

El periodo de incubación medio es de 5-6 días, con un rango de 1 a 14 días (4).

El intervalo serial medio calculado hasta el momento (tiempo entre casos sucesivos de una cadena de transmisión que presentan el mismo estadio de la enfermedad) es de $7,5 \pm 3,4$ días (18)

Duración de la enfermedad

El tiempo medio desde el inicio de los síntomas hasta la recuperación es de 2 semanas cuando la enfermedad ha sido leve y 3-6 semanas cuando ha sido grave o crítica. El tiempo entre el inicio de síntomas hasta la instauración de síntomas graves como la hipoxemia es de 1 semana, y de 2-8 semanas hasta que se produce el fallecimiento (4).

Número básico de reproducción y tasa de ataque secundaria

El número básico de reproducción R_0 (el promedio de casos secundarios producidos a partir un caso) calculado mediante modelización a partir de datos preliminares disponibles se ha estimado entre 2-3 (18-20). En el brote de Wuhan el R_0 fue de 2-2,5 (4). Sin embargo, este valor es cambiante desde que

comienza la epidemia y disminuye con la aplicación de medidas de Salud Pública como se ha observado en Whan y el resto de China (21,22).

En las agrupaciones de casos en familias en la provincia de Guandong y Sichuan, la tasa secundaria intrafamiliar se estimó entre el 3 y el 10% (4). De forma similar en los casos detectados en EEUU, se ha encontrado que esta tasa es de 0.45% (95% IC = 0.12%–1.6%) entre contactos próximos y de un 10.5% (95% IC = 2.9%–31.4%) para convivientes de una misma familia (23). Por otro lado, en otro estudio en que se describen 9 series de infecciones secundarias como consecuencia de eventos sociales de corta duración (una comida o una visita corta) en China y otros países, el valor de tasa secundaria mucho más alto, de 35% (95 IC: 27-4). Por tanto, por causas aún no conocidas, parece que hay eventos con personas infectadas que muestran una altísima tasa de transmisión del virus frente a otras situaciones en la cual transmisión es mucho menor (24).

Transmisión comunitaria y en centros sanitarios

En el brote de China la transmisión intrafamiliar fue muy frecuente: en la provincia de Guandong y Sichuan, con 344 agrupaciones de casos estudiados, el 78-85% ocurrieron en familias (4).

En el inicio de la epidemia, se publicó una alta transmisión intrahospitalaria a trabajadores sanitarios de los hospitales de Wuhan (40%), que luego fue descendiendo (2% en la serie de Guan) (25). Hasta el 20.02.2020 en China se habían detectado 2.055 trabajadores sanitarios con infección por SARS-CoV-2 confirmada; 88% de ellos procedían de Hubei. Según las conclusiones de la misión de la OMS en China, una vez se tomaron medidas de protección individual adecuadas, la transmisión a sanitarios descendió drásticamente. Entre los 40.000 trabajadores sanitarios que se enviaron a apoyar a los de Hubei se detectaron pocos casos de infección que fueron atribuidos a transmisión comunitaria (4).

Transmisión a partir de casos asintomáticos

En el análisis global del brote en China, la misión de la OMS sugirió que los casos asintomáticos tuvieron poca relevancia en la dinámica de la transmisión. En este contexto, se detectaron un número mínimo de asintomáticos, que posteriormente desarrollaron síntomas (4). En contraste, en el barco Diamond Princess, cuarentenado en Japón, en el que se realizaron pruebas diagnósticas a 3700 pasajeros, el 50 % de los que tuvieron resultados positivos estaban asintomáticos (26).

En contextos sin transmisión comunitaria se han descrito algunos casos en los que pudo ocurrir transmisión a partir de casos asintomáticos. Inicialmente se describió un caso de transmisión a partir de una paciente asintomática en Alemania, que posteriormente desarrolló síntomas (27,28). En una provincia de China con escasa transmisión comunitaria se ha descrito un agrupamiento intrafamiliar en el que se detectaron varios casos secundarios a partir de un caso asintomático procedente de Wuhan. En este agrupamiento, el caso índice, al igual que el de Alemania se encontraba en periodo prodrómico (29). Por último, se han descrito también otros agrupamientos en los que el caso índice estaba asintomático y permaneció asintomático durante el periodo de seguimiento (30–33).

Carga viral en muestras clínicas

Mediante la técnica de RT-PCR se ha observado que los infectados presentan en su mayoría una alta carga viral (entre 10^4 y 10^8 copias de genoma/ml por muestra nasofaríngea o de saliva). El virus se

detecta, por lo general, desde el inicio de los síntomas, alcanza su pico máximo entre los días 5 y 6, y mayoritariamente baja significativamente o desaparece sobre el día 10. No obstante, en algunos casos se han detectado cantidades pequeñas de virus hasta 21 días después del inicio de síntomas. Esta elevada carga viral en nuestras clínicas es uno de los factores que probablemente influye en la alta transmisibilidad de este virus (30,31).

Distribución por edad y sexo

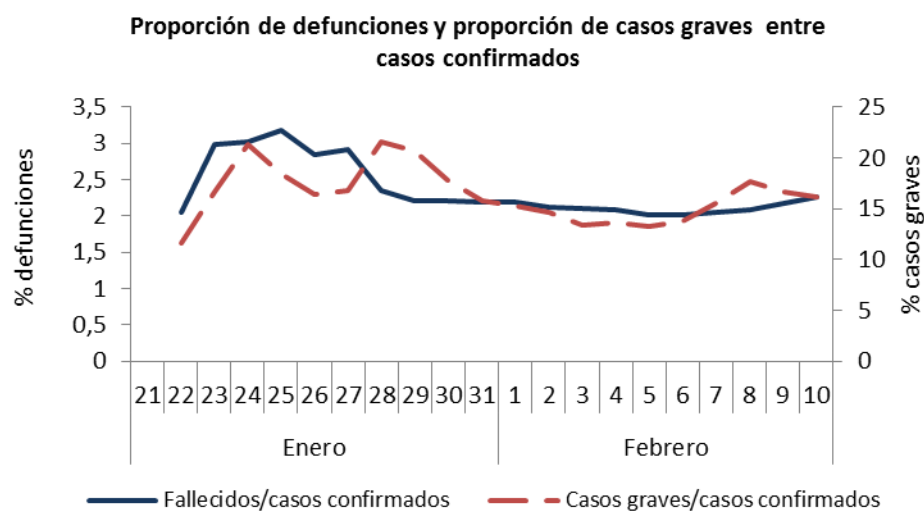
Según información proporcionada por el CDC de China a día 28.01.2020, las edades de los casos confirmados oscilaban entre 9 meses y 96 años. Según información proporcionada por la OMS a fecha 27.01.2020, los casos detectados en países diferentes a China tenían una edad mediana de 45 años, con un rango entre 2 y 74 años siendo el 71% de los casos hombres. La serie más larga publicada el 06.02.2020 describe las características de 1.099 personas que requirieron hospitalización. La media de edad fue de 47 años, 0,9% menores de 15 años, 41,9% mujeres (34).

Gravedad y letalidad

Los datos sobre gravedad de los casos confirmados han ido variando a lo largo del tiempo, lo cual es frecuente durante los brotes de enfermedades emergentes, en los que inicialmente se detectan los casos más graves y a medida que evoluciona se identifican casos más leves. En la serie hospitalaria de Wuhan con los primeros 99 pacientes ingresados, 31% precisaron cuidados intensivos, mientras que en la serie de 1.099 casos ingresados en 532 hospitales en China, 15,7% fueron considerados casos con neumonía grave pero sólo 5% fueron ingresados en UCI y 2,1% requirieron ventilación mecánica (16,34). Por el momento la evidencia es limitada por lo que los datos deben interpretarse con precaución debido a la actualización constante de los mismos.

Hasta la fecha, la proporción de defunciones entre los casos confirmados ha oscilado en torno al 3% en China. En los brotes detectados en otros países se han observado cifras diferentes a las notificadas en China, siendo mayores en algunos países como Irán al comienzo del brote y menores en otros como Corea del Sur o Singapur, lo que puede responder a diferencias en la sensibilidad de los sistemas de vigilancia de cada país. Además, ya que las defunciones se producen al cabo de varios días desde la notificación y los casos nuevos se actualizan cada día, estos cálculos deben interpretarse de forma cautelosa. El tiempo transcurrido entre el diagnóstico y el desenlace (muerte/recuperación), así como el grado de infra-notificación de los casos, especialmente de los menos graves, varía con el tiempo y entre ciudades y países, por lo que una estimación precisa de la letalidad no es posible en la actualidad (35). En las primeras dos series publicadas de casos hospitalizados (n=41 y n=99), la letalidad fue 15% y 11% respectivamente, lo que refleja la situación inicial de la epidemia que se ha comentado (16,36). En la serie hospitalaria de 1.099 casos la letalidad ha sido del 1,35% con un 93,6% de casos aún ingresados, lo que indica que este resultado es muy poco valorable (34). Mediante modelización se ha estimado una letalidad entre los casos hospitalizados de 14% (IC95% 3,9-32%) (37).

Figura 1. Evolución diaria de la proporción de casos graves y fallecidos entre los casos confirmados de COVID-19 en China, desde el 21.01.2020 al 10.02.2020.



Fuente: elaboración propia a partir de los datos publicados por el Center for Disease Control de la República Federal China. <http://weekly.chinacdc.cn/news/TrackingtheEpidemic.htm>

Información microbiológica

Características generales de los coronavirus

Los coronavirus son miembros de la subfamilia *Orthocoronavirinae* dentro de la familia *Coronaviridae* (orden *Nidovirales*) (11). Esta subfamilia comprende cuatro géneros: *Alphacoronavirus*, *Betacoronavirus*, *Gammacoronavirus* y *Deltacoronavirus* de acuerdo a su estructura genética. Los alfacoronavirus y betacoronavirus infectan solo a mamíferos y normalmente son responsables de infecciones respiratorias en humanos y gastroenteritis en animales. Hasta la aparición del SARS-CoV-2, se habían descrito seis coronavirus en seres humanos (HCoV-NL63, HCoV-229E, HCoV-OC43 y HKU1) que son responsables de un número importante de las infecciones leves del tracto respiratorio superior en personas adultas inmunocompetentes, pero que pueden causar cuadros más graves en niños y ancianos con estacionalidad típicamente invernal (38–40). El SARS-CoV y MERS-CoV, ambos patógenos emergentes a partir de un reservorio animal, son responsables de infecciones respiratorias graves de corte epidémico con gran repercusión internacional debido a su morbilidad y mortalidad. El coronavirus (12) SARS-CoV-2 supone el séptimo coronavirus aislado y caracterizado capaz de provocar infecciones en humanos.

Estructuralmente los coronavirus son virus esféricos de 100-160 nm de diámetro, con envuelta y que contienen ARN monocatenario (ssRNA) de polaridad positiva de entre 26 y 32 kilobases de longitud. El genoma del virus SARS-CoV-2 codifica 4 proteínas estructurales: la proteína S (spike protein), la proteína E (envelope), la proteína M (membrane) y la proteína N (nucleocapsid). La proteína N está en el interior del virión asociada al RNA viral, y las otras cuatro proteínas están asociadas a la envuelta viral. La proteína S se ensambla en homotrímeros, y forma estructuras que sobresalen de la envuelta

del virus. La proteína S contienen el dominio de unión al receptor celular y por lo tanto es la proteína determinante del tropismo del virus y además es la proteína que tiene la actividad de fusión de la membrana viral con la celular y de esta manera permite liberar el genoma viral en el interior de la célula que va a infectar (41,42).

Características del SARS-CoV-2 y estudios filogenéticos

Aún no está claro su origen, pero los estudios filogenéticos revisados hasta la fecha de este informe apuntan a que muy probablemente el virus provenga de murciélagos y que de allí haya pasado al ser humano a través de mutaciones o recombinaciones sufridas en un hospedador intermediario, probablemente algún animal vivo del mercado de Wuhan (donde aparte de marisco se vendían otros animales vivos). Se planteó que este animal pudiera ser el pangolín sin que se haya llegado a una conclusión definitiva (5,43).

El virus causante de los primeros 9 casos de neumonía descritos de ciudadanos de Wuhan (China) se aisló de estos pacientes y se secuenció (38). En total, se pudo obtener la secuencia genómica completa de 7 de estas muestras, más dos secuencias parciales de las otras dos muestras. Los genomas completos secuenciados de estos eran prácticamente idénticos entre sí con un porcentaje de homología del 99%, lo que apoya la idea de que es un virus de muy reciente introducción en la población humana. Tras realizar el análisis filogenético de estas secuencias, se observó una alta homología con virus del género *Betacoronavirus*, concretamente un 88% de identidad con dos coronavirus aislados de murciélagos en 2018. Estas secuencias mostraron, sin embargo, una homología de secuencia menor con el virus SARS (79%) y el virus MERS (50%). Esta diferencia con el SARS-CoV se consideró suficiente como para clasificar a este patógeno 2019-nCoV o más recientemente designado como SARS-CoV-2, como un nuevo miembro del género *Betacoronavirus*. Una diferencia notable es que la proteína S del nuevo coronavirus es más larga que sus homologas de murciélago, pero también que las proteínas S del SARS-CoV y MERS-CoV. El SARS-CoV penetra en la célula empleando como receptor a la enzima convertidora de angiotensina 2 (ACE-2), una exopeptidasa de membrana presente en muchas células humanas, entre ellas el epitelio ciliado bronquial y los neumocitos tipo II. Aunque la estructura de la glicoproteína de la envoltura del SARS-CoV-2 es ligeramente diferente de la del SARS-CoV, se ha demostrado *in vitro* que el ACE-2 sigue siendo un receptor válido para el SARS-CoV-2 (45). Además, dos estudios recientes por crioelectro-microscopia electrónica han determinado la estructura de la proteína S unida a la proteína ACE-2 (46,47).

El genoma del virus SARS-Cov-2 es muy estable pues se han secuenciado el genoma de 104 virus, aislados de pacientes entre finales de diciembre y mediados de Febrero y las secuencias son 99.9% homologas (4).

Pruebas diagnósticas desarrolladas

Existe una RT-PCR del gen *RdRp* que detecta y amplifica una región conservada común a todos los betacoronavirus. Para un diagnóstico específico, una vez conocida la secuencia genética del SARS-CoV-2, se han desarrollado varias RT-PCR para detectar regiones de SARS-CoV-2 a partir de muestras respiratorias (frotis nasofaríngeos y orofaríngeos, lavados nasofaríngeos, lavados broncoalveolares, aspirados traqueales y esputos) y suero (48,49).

Se dispone ya de reactivos comerciales de alguna de ellas, con protocolos aprobados para su realización (50–52) y (Tabla 1)

Tabla 1. Protocolos aprobados para el diagnóstico de laboratorio de 2019-CoV

País	Institución	Genes diana
China	China CDC	ORF1ab and N
Alemania	Charité	RdRP, E, N
Hong Kong	HKU	ORF1b-nsp14, N
Japón	Instituto Nacional de Enfermedades Infecciosas. Departamento de Virología III	Pancoronavirus y dianas múltiples, glicoproteína de la envoltura
Tailandia	Instituto Nacional de la Salud	N
Estados Unidos	US CDC	Tres primers de N, RdRP

Las pruebas serológicas pueden resultar de utilidad para la confirmación de la respuesta inmunológica a la infección por un coronavirus. Para una interpretación óptima de los resultados lo ideal sería la obtención de muestras de suero, una en la fase aguda de la enfermedad y otra pasadas 3 o 4 semanas tras la infección. De momento, las pruebas serológicas disponibles no son específicas para el SARS-CoV-2 pero sí para los coronavirus.

Recientemente se ha publicado un estudio donde, al igual que con el SARS-CoV el virus puede detectarse y cultivarse a partir de saliva. Esto indica que la saliva podría constituir una muestra válida para el desarrollo de pruebas rápidas de detección de SARS-CoV-2, (9).

Información sobre la enfermedad

Casos asintomáticos

En la serie más larga publicada por Centro de Control de Enfermedades de China, en la que se describen las características de todos los casos detectados en China continental desde el inicio del brote hasta el 11 de febrero de 2020 (72.314 casos), el 1,2% de los casos fueron asintomáticos (53). Estos casos se detectaron en el contexto de búsquedas exhaustivas en brotes intrafamiliares (4,32,33,54) y algunos acabaron desarrollando síntomas (54). Los casos asintomáticos son más frecuentes en niños (26) y se ha observado que algunos de ellos presentan alteraciones radiológicas pulmonares, como opacidades multifocales y alteraciones analíticas, como la elevación de la fosfatasa alcalina (29,55).

El informe preliminar sobre las actuaciones del crucero Diamond Princess cuarentenado en el puerto de Yokohama por las autoridades japonesas tras detectar un caso de coronavirus. En el barco había un total de 3711 personas incluida la tripulación, se hicieron 3011 pruebas incluidas las repetidas y 619 fueron positivas. En este contexto, el 51% de las personas a las que realizó una prueba de PCR con resultado positivo estaban asintomáticas. Los resultados son preliminares y aún falta por determinar el número exacto de personas realmente asintomáticas durante todo el proceso, ya que se señala que en el momento de tomar las muestras algunas podrían estar en el final de la sintomatología y otras en los pródromos (26).

Sintomatología y evolución clínica

En el informe de la misión de la OMS en China se describen los síntomas y signos más frecuentes 55.924 casos confirmados por laboratorio, que incluyen: fiebre (87,9%), tos seca (67,7%), astenia (38,1%), expectoración (33,4%), disnea (18,6 %), dolor de garganta (13,9%), cefalea (13,6%), mialgia o artralgia (14,8%), escalofríos (11,4%), náuseas o vómitos (5,0%), congestión nasal (4,8%), diarrea (3,7%), hemoptisis (0,9%) y congestión conjuntival (0,8%) (4).

Características de los casos hospitalizados

Se han publicado siete series clínicas de casos hospitalizados en China, con 5, 41, 52, 99, 138, 1.099 y 72.314 casos respectivamente (16,25,56,29,36,53,57).

Las características clínicas de los casos ingresados en cuatro de las series, se describen en la tabla 2. Los síntomas más frecuentes en el momento del ingreso en todas las series son la fiebre, la astenia y la tos. En la serie de Wang la fiebre era el síntoma más común, mientras que en la de Guan et al. se señala que sólo el 43,8% de los pacientes tenían fiebre en el momento del ingreso, aunque durante su estancia en el hospital la gran mayoría la desarrollan. Además, Yang et al hacen referencia a que el 11% de los pacientes críticamente enfermos no presentaban fiebre al inicio de los síntomas (56). El patrón radiológico más frecuente en todas las series fue el infiltrado alveolar (tabla 2).

Los hallazgos de laboratorio se describen en la Tabla 3. El principal marcador de inflamación fue la proteína C reactiva. Las alteraciones en la coagulación, especialmente del dímero D y del tiempo de protrombina fueron más frecuentes en pacientes con mayor gravedad. Alrededor de un tercio de los casos también tuvieron marcadores positivos de citolisis hepática. La linfopenia grave fue el hallazgo hematológico más frecuente en los pacientes críticos (mediana 630/mm³) (56).

En las series publicadas, la presencia de comorbilidades osciló entre un 23,2% y 51,0%; siendo la enfermedad cardiovascular (en particular la hipertensión arterial) y la diabetes las más frecuentes entre los hospitalizados, si bien estas series incluyen casos de distinta gravedad y no son claramente interpretables (tabla 4).

La duración desde el inicio de la enfermedad hasta presentar disnea fue de 5 días, para precisar hospitalización fue 7 días y desde el inicio de la enfermedad hasta presentar SDRA fue 8 días (25).

Tabla 2. Características clínicas y radiológicas de los casos de COVID-19 hospitalizados de cuatro series de casos.

Características clínicas	Serie de Yang et al (n=52) *	Serie de Chen et al (n=99)	Serie de Wang et al (n=138)	Serie de Guan et al (n=1009)
Signos y síntomas				
Fiebre al ingreso	98,0	83,0	98,6	43,1
Tos	77,0	82,0	59,4	67,7
Astenia/Malestar	35,0	ND	69,6	38,1
Anorexia	ND	ND	39,9	ND
Mialgias	11,5	11,0	34,8	14,8
Disnea	63,5	31,0	31,2	18,6
Expectoración	ND	ND	26,8	33,4
Dolor de garganta	ND	5,0	17,4	13,9
Diarrea	ND	2,0	10,1	3,7
Náuseas/vómito	4,0	2,0	10,1	5,0
Mareo	ND	ND	9,4	ND
Cefalea	6,0	8,0	6,5	13,6
Escalofríos	ND	ND	ND	11,4
Hallazgos Radiológicos				
Infiltrados alveolares unilateral	ND	25,0		46,0
Infiltrados alveolares bilaterales	ND	75,0	100	ND
Infiltrados intersticiales	ND	ND		13,0
Patrón de vidrio esmerilado	ND	14,0		50,0

*Serie de pacientes críticamente enfermos

ND: sin datos

Fuente: Elaboración propia basada en los estudios de Yang, Chen, Wang y de Guan et al (16,25,56,57).

Tabla 3. Hallazgos de laboratorio en el momento del ingreso de los casos de COVID-19 hospitalizados

Características analíticas	Serie de Chen et al (n=99)	Serie de Guan et al (n=1.099)
Hematimetría rutinaria		
Leucocitosis	24,0	5,9
Leucopenia	9,0	33,7
Neutrofilia	38,0	ND
Linfopenia	35,0	82,1
Trombopenia	12,0	36,2
Trombofilia	4,0	ND
Anemia	51,0	ND
Coagulación		
TTP disminuido	16,0	ND
TTP prolongado	6,0	ND

TP disminuido	30,0	ND
TP prolongado	5,0	ND
Dímero D elevado	36,0	46,4
Bioquímica		
Hipoalbuminemia	98,0	ND
AST elevada	35,0	22,2
ALT elevada	28,0	21,3
Hiperbilirrubinemia	18,0	10,5
BUN elevado	6,0	ND
Creatinina elevada	3,0	1,6
CK elevada	13,0	13,7
Mioglobina elevada	15,0	ND
LDH elevada	76,0	41,0
Hiperglucemia	52,0	
Marcadores de infección		
PCT elevada	6,0	5,5
VSG elevada	85,0	ND
Interleuquina elevada	52,0	ND
Ferritina elevada	63,0	ND
PCR elevada	86,0	60,7

TTP: tiempo parcial de tromboplastina, TP: tiempo de protrombina, AST: aspartato aminotransferasa, ALT: alanina aminotransferasa, LDH: deshidrogenasa láctica, PCT: procalcitonina, VSG: velocidad de eritrosedimentación, PCR: proteína C reactiva, ND: sin datos

Fuente: Elaboración propia basada en el estudio de Chen y Guan et al (16,57).

Tabla 4. Comorbilidades de los casos confirmados de COVID-19, porcentajes.

Comorbilidades	Chen et al (n=99)	Wang et al (n=138)	Guan et al (n=1.009)	China-CDC (n=44.672)
Cualquiera	51,0	46,4	23,2	26
Hipertensión	ND	31,2	14,9	12,8
EPOC	ND	2,9	1,1	2,4
Diabetes /otras	13,0	10,1	7,4	5,3
Enfermedades cardiovasculares	40,0*	14,5	2,5	4,2
Enfermedad cerebrovascular		5,1	1,4	ND
Cáncer	1,0	7,2	0,9	0,5
Enfermedad renal crónica	ND	2,9	0,7	ND
Inmunosupresión	ND	1,4	0,2	ND
Enfermedad digestiva	11,0	ND	ND	ND

* Incluye Enfermedad cerebrovascular, ND: sin datos

Fuente: Elaboración propia basada en los estudios de Chen, Wang y de Guan et al (16,25,53,57).

Información acerca de los casos pediátricos

En el brote de China se observó una tasa de ataque muy baja en menores de 18 años, aunque en los estudios de contactos se detectaron de forma frecuente. Entre 44.672 casos confirmados en China, sólo 416 se detectaron en niños de 0 a 9 años (0,9%) y 549 en niños de 10-19 años (1,2%). Por lo observado en estos casos, la enfermedad ha sido mucho más leve: sólo 2,5% y 0,2% de los menores desarrollan enfermedad grave o crítica. En el brote de China no se han podido documentar casos de transmisión de niños a adulto (4).

En series de casos pediátricos, se ha descrito afectación en niños con una clínica leve o ausencia de síntomas, incluso con carga viral alta (29,58,59). En un niño de 10 años se ha descrito la presencia de opacidades pulmonares en vidrio esmerilado de predominio distal y periférico en la tomografía, a pesar de no tener sintomatología alguna durante todo el curso de la infección (29).

Información acerca de COVID-19 en mujeres embarazadas

Existen muy pocos datos disponibles de embarazadas afectas de COVID-19, pero parece que las embarazadas no son más susceptibles de infectarse por coronavirus, de hecho este nuevo coronavirus parece afectar más a hombres que mujeres.

En un estudio reciente resumen las características de 9 mujeres en el tercer trimestre del embarazo con COVID-19, en un momento muy cercano al parto (17). El rango de edad fue de 26-40 años y ninguna de ellas tenía enfermedades crónicas asociadas, aunque una había desarrollado hipertensión durante el embarazo y otra preeclampsia y otra tenía coinfección por gripe. Las manifestaciones clínicas de la enfermedad coinciden con las series descritas previamente (7 fiebre, 4 tos, 3 mialgias, 2 dolor de garganta y 1 diarrea). Cinco de ellas tuvieron linfopenia, 6 elevación de la PCR y solo una paciente tuvo elevación importante de transaminasas (AST 1263 U/L y ALT 2093 U/L), sin fallo hepático. El hallazgo radiológico más frecuente en el estudio tomográfico (8 casos) fue el patrón en vidrio esmerilado. Ninguna embarazada tuvo neumonía grave ni requirió ventilación mecánica. En todos los casos se realizaron cesáreas. Se observaron complicaciones en el momento del parto en 6 casos: 2 por rotura prematura de membranas, 2 partos pretérmino y 2 el sufrimiento fetal. Sin embargo, no se presentaron muertes fetales, muertes neonatales ni asfixia perinatal. En 6 casos, las muestras de líquido amniótico obtenido por aspiración directa en el momento del parto, la sangre del cordón umbilical, la leche materna y el aspirado faríngeo en el recién nacido mediante RT-PCR fueron negativas para SARS-CoV-2. No hay información acerca de si posteriormente los recién nacidos desarrollaron síntomas.

En una segunda serie de 9 embarazadas con 10 niños, los síntomas se iniciaron antes del parto en 4 casos, dos en el mismo día del parto y posparto en 3 casos. La clínica fue similar a las no embarazadas, principalmente fiebre y tos. En 6 casos se detectó alteración del bienestar fetal, 7 fueron cesáreas y 6 niños nacieron prematuros. El síntoma principal de los recién nacidos fue distrés respiratorio en 6, 2 tuvieron fiebre, alteración de la función hepática en 2, un caso de taquicardia, un caso con vómitos y un neumotórax. En el momento de la publicación 5 recién nacidos estaban sanos, uno había fallecido y 4 permanecían hospitalizados pero estables. Se recogió muestra orofaríngea de 9 de los 10 niños y en todos los casos los resultados de la PCR para SARS-CoV-2 fue negativa (60).

De estas dos publicaciones podemos extrapolar, con la máxima precaución, dado el número limitado de casos, que:

- La neumonía en las pacientes embarazadas no parece ser más grave que en el resto de grupos de población
- No hay evidencia de la transmisión intrauterina del SARS-CoV-2 en mujeres que adquieren la infección durante el tercer trimestre de embarazo.
- La infección perinatal por SARS-CoV-2 puede tener efectos adversos sobre los recién nacidos, como pérdida del bienestar fetal, parto prematuro, distrés respiratorio, trombocitopenia acompañado de alteración de la función hepática e incluso muerte.

Gravedad y complicaciones

La mayor experiencia acerca de COVID-19 procede del brote de China. En este contexto, 80% de los casos confirmados tuvieron sintomatología leve a moderada (incluyendo casos de neumonía leve), 13,8% tuvieron un curso clínico grave (disnea, taquipnea $\geq 30/\text{min}$, saturación $\text{O}_2 \leq 93\%$, $\text{PaO}_2/\text{FiO}_2 \leq 300$, y/o infiltrados pulmonares de $\geq 50\%$ de los campos radiológicos en 24-48%) y 6,1% presentaron un curso crítico (insuficiencia respiratoria, shock séptico y /o fallo multiorgánico). En esta situación no se pudo determinar el porcentaje de personas asintomáticas (4).

De la serie de 1.099 casos hospitalizados, 37 sufrieron distrés respiratorio del adulto, 11 shock séptico, 6 fallo renal, 1 coagulación intravascular diseminada y 1 rabdomiolisis, mientras que en la serie de 99 casos hospitalizados, 23 requirieron ingreso en UCI, 17 sufrieron síndrome de distrés respiratorio del adulto, 3 fallo renal, 8 daño pulmonar agudo, 4 shock séptico y 1 neumonía asociada a ventilación mecánica. En el momento de publicar las series de Wang y Guan, 58 y 1029 casos permanecían ingresados respectivamente, por lo que las cifras de letalidad están subestimadas.

Tabla 5. Complicaciones de los casos de COVID-19 hospitalizados en las tres series de casos más largas.

Complicaciones	Serie de Chen et al (n=99) número	Serie de Wang et al (n=138) número	Serie de Guan et al (n=1099) número (%)
SDRA	17	22	37(3,4)
Fallo renal	3	10	6(0,5)
Fallo multiorgánico	4	11	11(1,0)
Ventilación mecánica	17	17	67(6,1)
Diálisis	9	2	9(0,8)
Circulación extracorpórea	3	4	5(0,5)
Muerte	11	6	15(1,4)

SDRA: distrés respiratorio del adulto

Fuente: Elaboración propia basada en los estudios de Chen, Wang y de Guan et al (16,25,34).

Según la serie de Chen et al, las coinfecciones por otros virus parecen muy poco frecuentes (en esta serie no hubo ninguna), mientras que sí se describen ocasionalmente coinfecciones por bacterias y hongos (1 y 4 % respectivamente)(16).

Letalidad

Según la serie publicada por el CDC Chino con un total de 1.023 muertes entre los casos confirmados (44.672) la letalidad bruta fue 2,3%. El grupo de edad ≥ 80 años tuvo la letalidad más alta de todos los grupos de edad con 14,8%. Los pacientes que no presentaban comorbilidades tuvieron una tasa de letalidad de 0.9%, frente a los pacientes con comorbilidades que tuvieron tasas mucho más altas: 10.5% para aquellos con enfermedad cardiovascular, 7.3% para diabetes, 6.3% para enfermedad respiratoria crónica, 6.0% para hipertensión, y 5.6% para el cáncer. La tasa de letalidad también fue muy alta para los casos clasificados como críticos (insuficiencia respiratoria, shock séptico y/o disfunción / fallo multiorgánico) con un 49% (53).

Tabla 6. Mortalidad general y por grupos entre los casos confirmados en el brote de China, en dos momentos sucesivos del brote. Datos no ajustados.

	China CDC (53) (n = 44.672) %	Misión OMS (4) (n = 55.924) %
Letalidad bruta	2,29 (n=1.023)	3,78 (n=2.114)
Edad		
0-9	-	ND
10-19	0,2	ND
20-29	0,2	ND
30-39	0,2	ND
40-49	0,4	ND
50-59	1,3	ND
60-69	3,6	ND
70-79	8,0	ND
≥ 80	14,8	21,9
Sexo		
Hombre	2,8	4,7
Mujer	1,7	2,8
Comorbilidades		
No comorbilidades	0,9	1,4
Enf. cardiovascular	10,5	13,2
Hipertensión	6,0	8,4
Diabetes	7,3	9,2
Enf. respiratoria crónica	6,3	8,0
Cáncer	5,6	7,6

Tratamiento

No existe un tratamiento específico para esta enfermedad hasta la fecha y por lo tanto es fundamental asegurar un tratamiento de soporte precoz. Sin embargo la OMS ha publicado una guía de recomendaciones de tratamiento fundamentada en la evidencia tras el tratamiento del SARS, MERS-CoV o gripe grave (61).

Directrices generales de tratamiento

1. Inicio precoz del tratamiento de soporte a los pacientes con síndrome de distrés respiratorio del adulto (SDRA), dificultad respiratoria, hipoxemia o shock.
2. Administrar antimicrobianos empíricos para tratar los posibles agentes etiológicos del SDRA: iniciar dentro de la primera hora de tratamiento especialmente para pacientes con síntomas de sepsis, aunque se sospeche COVID-19. El desescalado o suspensión se realizará en base a los resultados microbiológicos y el curso clínico.
3. Administrar un inhibidor de la neuraminidasa **sólo cuando hay circulación local del virus de la gripe u otros factores de riesgo para gripe** como el antecedente de viajes o exposición a virus de la gripe no estacional. El coronavirus no produce neuraminidasa, por tanto, los inhibidores de neuraminidasa no son efectivos para SARS-CoV-2.
4. No administrar corticoesteroides sistémicos de forma rutinaria para el tratamiento del SDRA o de la neumonía viral fuera de los ensayos clínicos a menos que sean indicado por otra razón: una revisión sistemática de estudios observacionales que utilizaron corticoesteroides en pacientes con SARS no encontró beneficios significativos en la supervivencia, mientras que su uso sí se asoció a efectos adversos como la necrosis avascular, psicosis y diabetes(62). El uso de corticoides también se ha relacionado con la mayor incidencia de infección y el retraso en la eliminación del virus de las vías respiratorias inferiores (63,64).
5. El tratamiento debe ser adaptado a las condiciones de cada persona y sus comorbilidades.

Tratamientos específicos en estudio

- **Inhibidores de la neuraminidasa**

El oseltamivir oral también se está utilizando ampliamente para COVID-19 o casos sospechosos en los hospitales de China. Hasta la fecha no existen datos disponibles de que sea efectivo en el tratamiento de COVID-19, pero como se ha hecho en otros contextos, dado que estamos en plena epidemia de gripe estacional, se considera que muchos casos sospechosos podrían beneficiarse de este tratamiento (61,65). Actualmente no está recomendado su uso y no está financiado en nuestro país, por lo que los inhibidores de la neuraminidasa no deben utilizarse rutinariamente.

- **Análogos de nucleósidos**

Los análogos de nucleósidos como la ribavirina y favipiravir también podrían representar una opción terapéutica frente a COVID-19. La ribavirina inhibe *in vitro* el crecimiento de virus tanto de ADN como de ARN, tales como mixovirus, paramixovirus, arenavirus, bunyavirus, virus del herpes, adenovirus y poxvirus (66). El favipiravir ha demostrado su eficacia frente a los virus de la gripe, West Nile, fiebre amarilla, enterovirus y virus de la fiebre del Valle del Rift entre otros. Durante el brote de SARS en 2004 la experiencia en 41 casos clínicos tratados con lopinavir/ritonavir comparados con 111 históricos tratados con ribavirina mostró grandes diferencias en la evolución clínica adversa (muerte o SADR): 2.4% vs 28.8%, $p < 0.001$, respectivamente (67). Por analogía de ambos virus, este tratamiento podría ser eficaz frente a COVID-19.

El remdesivir se está considerando como un medicamento de uso potencial para el tratamiento de COVID-19. En los experimentos en ratones infectados con MERS-CoV se observó una reducción

significativa de la viremia frente al grupo control, así como la reducción del daño pulmonar (68). La eficacia y la seguridad del Remdesivir en pacientes con COVID-19 aún no está confirmada por investigaciones clínicas(69). En la actualidad, se está desarrollado ensayo clínico para la evaluación de su eficacia en pacientes con COVID-19 y ya se encuentra registrado (COVID-19 leve a moderado: NCT04252664; COVID-19 grave: NCT04257656).

- **Inhibidores de la proteasa**

La Comisión Nacional de Salud de la República Popular de China en sus directrices de tratamiento está suministrando como terapia antiviral el Interferon- α inhalado (5 millones dos veces al día) y la combinación de lopinavir/ritonavir (400mg/100mg dos veces al día) basados en el amplio espectro antiviral del interferón α y a la actividad *in vitro* del lopinavir/ritonavir frente a COVID-19. Hasta el momento no se tienen datos de la eficacia clínica de estos tratamientos (70).

- **Anticuerpos monoclonales**

Los anticuerpos monoclonales tienen un buen valor terapéutico para las infecciones virales y podrían llegar a ser medicamentos útiles en COVID-19, especialmente basados en el estudio prospectivo aleatorizado y controlado publicado por Mulangu et al encontró que la administración del triple anticuerpo monoclonal REGN-EB3 y el anticuerpo monoclonal simple MAb114 pueden reducir significativamente la mortalidad de los pacientes con Ébola (71) y que se podría extrapolar a los pacientes con COVID-19(70).

- **Otros medicamentos**

Actualmente otros medicamentos han mostrado efectividad *in vitro* frente a SARS-CoV-2, como el péptido de fusión (EK1), el abidol (inhibidor de la quinasa), los inhibidores de la síntesis de ARN (como el TDF, 3TC), y algunos grupos de antiinflamatorios; sin embargo no existen ensayos clínicos que lo confirmen (70).

Desarrollo de vacunas frente al SARS-CoV-2

Las vacunas han demostrado ser medicamentos muy eficaces para el control de enfermedades infecciosas. Por ello, desde el inicio de la aparición del virus SARS-CoV-2 en humanos se han puesto en marcha muchas iniciativas con la intención de desarrollar, lo más rápidamente posible, vacunas seguras y eficaces. Experimentación previa en modelos animales realizadas con vacunas frente a los virus SARS y MERS ha mostrado que vacunas basada en la proteína S inducen anticuerpos que previenen una infección posterior por el correspondiente virus salvaje (72,73). Alguna de las vacunas experimentales frente a SARS y MERS se ensayaron posteriormente en humanos en ensayos clínicos fase I (74–76), que son ensayos que incluyen menos de 50 personas y sólo permiten aportar datos iniciales de seguridad. Ninguna de estas vacunas entró posteriormente en ensayos de fases 2 y 3, que hubieran permitido valorar la respuesta inmune inducida y la protección conferida frente a la enfermedad, y por eso el desarrollo de ensayos clínicos en humanos frente al virus SARS-CoV-2 empieza prácticamente desde cero.

Basados en la experimentación con los virus SARS y MERS, la mayoría de las vacunas que se están desarrollando frente al SARS-CoV-2 están basadas en la proteína S, que es la proteína que se une al receptor celular y media la actividad de fusión de membranas. Entre las aproximaciones en estudio están vacunas basadas en: 1) proteína S recombinante purificada, bien como proteína completa, como un fragmento o como proteína de fusión; 2) proteína S expresada *in vivo* a partir de un virus recombinante, en una aproximación similar a la utilizada con las vacunas frente Ébola (77), en los cuales las proteína del virus Ébola se expresan a partir de un virus de la estomatitis vesicular (VSV Ervebo®) (78), un adenovirus humano (Ad3, Ad5 y Ad26) o de chimpancé (ChAd3), o un virus vacunal recombinante (cepa MVA), y 3) proteína S expresada a partir de una vacuna basada en ácidos nucleicos (mRNAs o DNA) (79,80). Las vacunas basadas en ácidos nucleicos son fáciles de fabricar y por eso su desarrollo se encuentra muy avanzado, y casi con toda seguridad empezarán ensayos de Fase I en Abril del presente año.

Una dificultad para el desarrollo de las vacunas frente al virus SARS-CoV-2, es que la experimentación en animales con vacunas frente a SARS y MERS mostró que alguna de ellas inducía una respuesta inmune que producía un daño inmunopatológico (caracterizado por eosinofilia) en los pulmones cuando el animal vacunado se desafiaba con el correspondiente virus salvaje (81–84). Este daño parece estar relacionado con la inducción de una respuesta inmune de tipo Th2, y parece ser similar a un fenómeno descrito desde hace tiempo para vacunas de sarampión y del virus respiratorio sincitial (85). El mecanismo por el cual determinadas vacunas frente al virus SARS puedan inducir este fenómeno no está claro y además no se sabe cómo trasladar la repercusión clínica de este efecto observado en animales a humanos. En cualquier caso el desarrollo clínico de cualquier vacuna frente a virus SARS-CoV-2 debe tener en cuenta este aspecto. Se está trabajando muy activamente en desarrollar un modelo animal que reproduzca la enfermedad humana que produce el SARS-CoV-2 donde probar la eficacia e inmunopatología inducida por cualquier vacuna experimental antes de ensayarla en humanos. El hecho de que el virus SARS-CoV-2 tenga como receptor la proteína ACE-2, hace muy probable que animales transgénicos que expresan este receptor humano sean de gran utilidad (86).

Bibliografía

1. Wuhan seafood market pneumonia virus isolate Wuhan-Hu-1, complete genome. 23 de enero de 2020 [citado 7 de febrero de 2020]; Disponible en: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/MN908947.3>
2. Novel Coronavirus (2019-nCoV) situation reports [Internet]. [citado 23 de enero de 2020]. Disponible en: <https://www.who.int/emergencies/diseases/novel-coronavirus-2019/situation-reports>
3. Paules CI, Marston HD, Fauci AS. Coronavirus Infections—More Than Just the Common Cold. JAMA [Internet]. 23 de enero de 2020 [citado 6 de febrero de 2020]; Disponible en: <https://jamanetwork.com/journals/jama/fullarticle/2759815>
4. World health Organization. Report of the WHO-China Joint Mission on Coronavirus Disease 2019 (COVID-19) [Internet]. 2020. Disponible en: <https://www.who.int/docs/default-source/coronaviruse/who-china-joint-mission-on-covid-19-final-report.pdf>
5. Cyranoski D. Mystery deepens over animal source of coronavirus. Nature. marzo de 2020;579(7797):18-9.
6. Cui J, Li F, Shi Z-L. Origin and evolution of pathogenic coronaviruses. Nat Rev Microbiol. 2019;17(3):181-92.
7. Saif LJ. Animal coronavirus: lessons for SARS [Internet]. National Academies Press (US); 2004 [citado 6 de febrero de 2020]. Disponible en: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK92442/>
8. Hung LS. The SARS epidemic in Hong Kong: what lessons have we learned? J R Soc Med [Internet]. agosto de 2003 [citado 6 de febrero de 2020];96(8):374-8. Disponible en: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC539564/>
9. To KK-W, Tsang OT-Y, Chik-Yan Yip C, Chan K-H, Wu T-C, Chan JMC, et al. Consistent detection of 2019 novel coronavirus in saliva. Clin Infect Dis Off Publ Infect Dis Soc Am. 12 de febrero de 2020;
10. Kampf G, Todt D, Pfaender S, Steinmann E. Persistence of coronaviruses on inanimate surfaces and its inactivation with biocidal agents. J Hosp Infect. 6 de febrero de 2020;
11. World health Organization. Water, sanitation, hygiene and waste management for COVID-19 [Internet]. 2020. Disponible en: https://apps.who.int/iris/bitstream/handle/10665/331305/WHO-2019-NCoV-IPC_WASH-2020.1-eng.pdf?sequence=1&isAllowed=y
12. European Centre for Disease Prevention and Control. Infection prevention and control for the care of patients with 2019-nCoV in healthcare settings [Internet]. 2020 feb. Disponible en: Infection prevention and control for the care of patients with 2019-nCoV in healthcare settings
13. Booth TF, Kournikakis B, Bastien N, Ho J, Kobasa D, Stadnyk L, et al. Detection of airborne severe acute respiratory syndrome (SARS) coronavirus and environmental contamination in SARS outbreak units. J Infect Dis. 1 de mayo de 2005;191(9):1472-7.
14. Yeo C, Kaushal S, Yeo D. Enteric involvement of coronaviruses: is faecal-oral transmission of SARS-CoV-2 possible? Lancet Gastroenterol Hepatol. 19 de febrero de 2020;

15. Holshue ML, DeBolt C, Lindquist S, Lofy KH, Wiesman J, Bruce H, et al. First Case of 2019 Novel Coronavirus in the United States. *N Engl J Med* [Internet]. 31 de enero de 2020 [citado 6 de febrero de 2020];0(0):null. Disponible en: <https://doi.org/10.1056/NEJMoa2001191>
16. Chen N, Zhou M, Dong X, Qu J, Gong F, Han Y, et al. Epidemiological and clinical characteristics of 99 cases of 2019 novel coronavirus pneumonia in Wuhan, China: a descriptive study. *Lancet Lond Engl*. 30 de enero de 2020;
17. Chen H, Guo J, Wang C, Luo F, Yu X, Zhang W, et al. Clinical characteristics and intrauterine vertical transmission potential of COVID-19 infection in nine pregnant women: a retrospective review of medical records. *The Lancet* [Internet]. 12 de febrero de 2020 [citado 13 de febrero de 2020];0(0). Disponible en: [https://www.thelancet.com/journals/lancet/article/PIIS0140-6736\(20\)30360-3/abstract](https://www.thelancet.com/journals/lancet/article/PIIS0140-6736(20)30360-3/abstract)
18. Li Q, Guan X, Wu P, Wang X, Zhou L, Tong Y, et al. Early Transmission Dynamics in Wuhan, China, of Novel Coronavirus–Infected Pneumonia. *N Engl J Med* [Internet]. 29 de enero de 2020 [citado 6 de febrero de 2020]; Disponible en: <https://doi.org/10.1056/NEJMoa2001316>
19. Wu JT, Leung K, Leung GM. Nowcasting and forecasting the potential domestic and international spread of the 2019-nCoV outbreak originating in Wuhan, China: a modelling study. *The Lancet* [Internet]. 31 de enero de 2020 [citado 6 de febrero de 2020];0(0). Disponible en: [https://www.thelancet.com/journals/lancet/article/PIIS0140-6736\(20\)30260-9/abstract](https://www.thelancet.com/journals/lancet/article/PIIS0140-6736(20)30260-9/abstract)
20. Riou J, Althaus CL. Pattern of early human-to-human transmission of Wuhan 2019 novel coronavirus (2019-nCoV), December 2019 to January 2020. *Eurosurveillance* [Internet]. 30 de enero de 2020 [citado 6 de febrero de 2020];25(4):2000058. Disponible en: <https://www.eurosurveillance.org/content/10.2807/1560-7917.ES.2020.25.4.2000058>
21. Huang LL, Shen SP, Yu P, Wei YY. [Dynamic basic reproduction number based evaluation for current prevention and control of COVID-19 outbreak in China]. *Zhonghua Liu Xing Bing Xue Za Zhi Zhonghua Liuxingbingxue Zazhi*. 1 de marzo de 2020;41(4):466-9.
22. Zhang S, Diao M, Yu W, Pei L, Lin Z, Chen D. Estimation of the reproductive number of Novel Coronavirus (COVID-19) and the probable outbreak size on the Diamond Princess cruise ship: A data-driven analysis. *Int J Infect Dis IJID Off Publ Int Soc Infect Dis*. 22 de febrero de 2020;
23. Burke RM. Active Monitoring of Persons Exposed to Patients with Confirmed COVID-19 — United States, January–February 2020. *MMWR Morb Mortal Wkly Rep* [Internet]. 2020 [citado 4 de marzo de 2020];69. Disponible en: <https://www.cdc.gov/mmwr/volumes/69/wr/mm6909e1.htm>
24. Liu Y, Eggo RM, Kucharski AJ. Secondary attack rate and superspreading events for SARS-CoV-2. *Lancet Lond Engl*. 27 de febrero de 2020;
25. Wang D, Hu B, Hu C, Zhu F, Liu X, Zhang J, et al. Clinical Characteristics of 138 Hospitalized Patients With 2019 Novel Coronavirus-Infected Pneumonia in Wuhan, China. *JAMA*. 7 de febrero de 2020;
26. Field Briefing: Diamond Princess COVID-19 Cases, 20 Feb Update [Internet]. [citado 4 de marzo de 2020]. Disponible en: <https://www.niid.go.jp/niid/en/2019-ncov-e/9417-covid-dp-fe-02.html>
27. Rothe C, Schunk M, Sothmann P, Bretzel G, Froeschl G, Wallrauch C, et al. Transmission of 2019-nCoV Infection from an Asymptomatic Contact in Germany. *N Engl J Med* [Internet]. 30 de enero de 2020 [citado 4 de febrero de 2020];0(0):null. Disponible en: <https://doi.org/10.1056/NEJMc2001468>

28. Kai Kupferschmidt. Study claiming new coronavirus can be transmitted by people without symptoms was flawed. *Science* [Internet]. 3 de febrero de 2020; Disponible en: <https://www.sciencemag.org/news/2020/02/paper-non-symptomatic-patient-transmitting-coronavirus-wrong>
29. Chan JF-W, Yuan S, Kok K-H, To KK-W, Chu H, Yang J, et al. A familial cluster of pneumonia associated with the 2019 novel coronavirus indicating person-to-person transmission: a study of a family cluster. *Lancet Lond Engl*. 24 de enero de 2020;
30. Pan Y, Zhang D, Yang P, Poon LLM, Wang Q. Viral load of SARS-CoV-2 in clinical samples. *Lancet Infect Dis*. 24 de febrero de 2020;
31. Zou L, Ruan F, Huang M, Liang L, Huang H, Hong Z, et al. SARS-CoV-2 Viral Load in Upper Respiratory Specimens of Infected Patients. *N Engl J Med*. 19 de febrero de 2020;
32. Huang R, Xia J, Chen Y, Shan C, Wu C. A family cluster of SARS-CoV-2 infection involving 11 patients in Nanjing, China. *Lancet Infect Dis*. 28 de febrero de 2020;
33. Bai Y, Yao L, Wei T, Tian F, Jin D-Y, Chen L, et al. Presumed Asymptomatic Carrier Transmission of COVID-19. *JAMA* [Internet]. 21 de febrero de 2020 [citado 6 de marzo de 2020]; Disponible en: <https://jamanetwork.com/journals/jama/fullarticle/2762028>
34. Clinical characteristics of 2019 novel coronavirus infection in China [Internet]. [citado 11 de febrero de 2020]. Disponible en: <https://www.medrxiv.org/content/10.1101/2020.02.06.20020974v1>
35. Battegay M, Kuehl R, Tschudin-Sutter S, Hirsch HH, Widmer AF, Neher RA. 2019-novel Coronavirus (2019-nCoV): estimating the case fatality rate - a word of caution. *Swiss Med Wkly*. 27 de enero de 2020;150:w20203.
36. Huang C, Wang Y, Li X, Ren L, Zhao J, Hu Y, et al. Clinical features of patients infected with 2019 novel coronavirus in Wuhan, China. *Lancet Lond Engl*. 24 de enero de 2020;
37. Wu P, Hao X, Lau EHY, Wong JY, Leung KSM, Wu JT, et al. Real-time tentative assessment of the epidemiological characteristics of novel coronavirus infections in Wuhan, China, as at 22 January 2020. *Euro Surveill Bull Eur Sur Mal Transm Eur Commun Dis Bull*. enero de 2020;25(3).
38. Paules CI, Marston HD, Fauci AS. Coronavirus Infections-More Than Just the Common Cold. *JAMA*. 23 de enero de 2020;
39. Galanti M, Birger R, Ud-Dean M, Filip I, Morita H, Comito D, et al. Longitudinal active sampling for respiratory viral infections across age groups. *Influenza Other Respir Viruses*. 2019;13(3):226-32.
40. Killerby ME, Biggs HM, Haynes A, Dahl RM, Mustaquim D, Gerber SI, et al. Human coronavirus circulation in the United States 2014-2017. *J Clin Virol Off Publ Pan Am Soc Clin Virol*. 2018;101:52-6.
41. Lu R, Zhao X, Li J, Niu P, Yang B, Wu H, et al. Genomic characterisation and epidemiology of 2019 novel coronavirus: implications for virus origins and receptor binding. *Lancet Lond Engl*. 30 de enero de 2020;
42. Wu C, Liu Y, Yang Y, Zhang P, Zhong W, Wang Y, et al. Analysis of therapeutic targets for SARS-CoV-2 and discovery of potential drugs by computational methods. *Acta Pharm Sin B* [Internet]. 27 de

- febrero de 2020 [citado 5 de marzo de 2020]; Disponible en:
<http://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S2211383520302999>
43. Paraskevis D, Kostaki EG, Magiorkinis G, Panayiotakopoulos G, Sourvinos G, Tsiodras S. Full-genome evolutionary analysis of the novel corona virus (2019-nCoV) rejects the hypothesis of emergence as a result of a recent recombination event. *Infect Genet Evol* [Internet]. 1 de abril de 2020 [citado 7 de febrero de 2020];79:104212. Disponible en:
<http://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1567134820300447>
 44. Munster VJ, Koopmans M, van Doremalen N, van Riel D, de Wit E. A Novel Coronavirus Emerging in China - Key Questions for Impact Assessment. *N Engl J Med*. 24 de enero de 2020;
 45. Zhou P, Yang X-L, Wang X-G, Hu B, Zhang L, Zhang W, et al. A pneumonia outbreak associated with a new coronavirus of probable bat origin. *Nature*. 3 de febrero de 2020;
 46. Yan R, Zhang Y, Li Y, Xia L, Guo Y, Zhou Q. Structural basis for the recognition of the SARS-CoV-2 by full-length human ACE2. *Science* [Internet]. 4 de marzo de 2020 [citado 5 de marzo de 2020]; Disponible en: <https://science.sciencemag.org/content/early/2020/03/03/science.abb2762>
 47. Wrapp D, Wang N, Corbett KS, Goldsmith JA, Hsieh C-L, Abiona O, et al. Cryo-EM structure of the 2019-nCoV spike in the prefusion conformation. *Science* [Internet]. 19 de febrero de 2020 [citado 5 de marzo de 2020]; Disponible en:
<https://science.sciencemag.org/content/early/2020/02/19/science.abb2507>
 48. Aitichou M, Saleh SS, McElroy AK, Schmaljohn C, Ibrahim MS. Identification of Dobrava, Hantaan, Seoul, and Puumala viruses by one-step real-time RT-PCR. *J Virol Methods*. marzo de 2005;124(1-2):21-6.
 49. World health Organization. Novel Coronavirus (2019-nCoV) technical guidance: Laboratory testing for 2019-nCoV in humans [Internet]. Disponible en:
<https://www.who.int/emergencies/diseases/novel-coronavirus-2019/technical-guidance/laboratory-guidance>
 50. Corman VM, Landt O, Kaiser M, Molenkamp R, Meijer A, Chu DK, et al. Detection of 2019 novel coronavirus (2019-nCoV) by real-time RT-PCR. *Euro Surveill Bull Eur Sur Mal Transm Eur Commun Dis Bull*. enero de 2020;25(3).
 51. Charité, Berlin. Diagnostic detection of 2019-nCoV by real-time RT-PCR [Internet]. 2020. Disponible en: https://www.who.int/docs/default-source/coronaviruse/protocol-v2-1.pdf?sfvrsn=a9ef618c_2
 52. Centers for Disease Control and Prevention. Real-Time RT-PCR Panel for Detection 2019-Novel Coronavirus [Internet]. 2020 feb. Disponible en: <https://www.cdc.gov/coronavirus/2019-ncov/downloads/rt-pcr-panel-for-detection-instructions.pdf>
 53. The Novel Coronavirus Pneumonia Emergency Response Epidemiology Team. Vital Surveillances: The Epidemiological Characteristics of an Outbreak of 2019 Novel Coronavirus Diseases (COVID-19). *China CDC Wkly* [Internet]. febrero de 2020; Disponible en:
<http://weekly.chinacdc.cn/en/article/id/e53946e2-c6c4-41e9-9a9b-fea8db1a8f51>
 54. Pan X, Chen D, Xia Y, Wu X, Li T, Ou X, et al. Asymptomatic cases in a family cluster with SARS-CoV-2 infection. *Lancet Infect Dis*. 19 de febrero de 2020;

55. Hu Z, Song C, Xu C, Jin G, Chen Y, Xu X, et al. Clinical Characteristics of 24 Asymptomatic Infections with COVID-19 Screened among Close Contacts in Nanjing, China. medRxiv [Internet]. 25 de febrero de 2020 [citado 6 de marzo de 2020];2020.02.20.20025619. Disponible en: <https://www.medrxiv.org/content/10.1101/2020.02.20.20025619v2>
56. Yang X, Yu Y, Xu J, Shu H, Xia J, Liu H, et al. Clinical course and outcomes of critically ill patients with SARS-CoV-2 pneumonia in Wuhan, China: a single-centered, retrospective, observational study. Lancet Respir Med [Internet]. 24 de febrero de 2020 [citado 6 de marzo de 2020];0(0). Disponible en: [https://www.thelancet.com/journals/lanres/article/PIIS2213-2600\(20\)30079-5/abstract](https://www.thelancet.com/journals/lanres/article/PIIS2213-2600(20)30079-5/abstract)
57. Guan W, Ni Z, Hu Y, Liang W, Ou C, He J, et al. Clinical Characteristics of Coronavirus Disease 2019 in China. N Engl J Med [Internet]. 28 de febrero de 2020 [citado 6 de marzo de 2020]; Disponible en: <https://www.nejm.org/doi/10.1056/NEJMoa2002032>
58. Cai JH, Wang XS, Ge YL, Xia AM, Chang HL, Tian H, et al. [First case of 2019 novel coronavirus infection in children in Shanghai]. Zhonghua Er Ke Za Zhi Chin J Pediatr. 4 de febrero de 2020;58(0):E002.
59. Kam K-Q, Yung CF, Cui L, Lin Tzer Pin R, Mak TM, Maiwald M, et al. A Well Infant with Coronavirus Disease 2019 (COVID-19) with High Viral Load. Clin Infect Dis Off Publ Infect Dis Soc Am. 28 de febrero de 2020;
60. Clinical analysis of 10 neonates born to mothers with 2019-nCoV pneumonia - Zhu - Translational Pediatrics [Internet]. [citado 6 de marzo de 2020]. Disponible en: <http://tp.amegroups.com/article/view/35919/28274>
61. World health Organization. Clinical management of severe acute respiratory infection when novel coronavirus (nCoV) infection is suspected [Internet]. 2020 ene. Disponible en: [https://www.who.int/publications-detail/clinical-management-of-severe-acute-respiratory-infection-when-novel-coronavirus-\(ncov\)-infection-is-suspected](https://www.who.int/publications-detail/clinical-management-of-severe-acute-respiratory-infection-when-novel-coronavirus-(ncov)-infection-is-suspected)
62. Stockman LJ, Bellamy R, Garner P. SARS: Systematic Review of Treatment Effects. PLOS Med [Internet]. 12 de septiembre de 2006 [citado 6 de febrero de 2020];3(9):e343. Disponible en: <https://journals.plos.org/plosmedicine/article?id=10.1371/journal.pmed.0030343>
63. Corticosteroids as Adjunctive Therapy in the Treatment of Influenza: An Updated Cochrane Systematic Review and Meta-analysis. - PubMed - NCBI [Internet]. [citado 6 de febrero de 2020]. Disponible en: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/31743228>
64. Delaney JW, Pinto R, Long J, Lamontagne F, Adhikari NK, Kumar A, et al. The influence of corticosteroid treatment on the outcome of influenza A(H1N1pdm09)-related critical illness. Crit Care Lond Engl. 30 de marzo de 2016;20:75.
65. Bleibtreu A, Jaureguiberry S, Houhou N, Boutolleau D, Guillot H, Vallois D, et al. Clinical management of respiratory syndrome in patients hospitalized for suspected Middle East respiratory syndrome coronavirus infection in the Paris area from 2013 to 2016. BMC Infect Dis [Internet]. 16 de julio de 2018 [citado 6 de febrero de 2020];18(1):331. Disponible en: <https://doi.org/10.1186/s12879-018-3223-5>
66. Li H, Wang YM, Xu JY, Cao B. [Potential antiviral therapeutics for 2019 Novel Coronavirus]. Zhonghua Jie He He Hu Xi Za Zhi Zhonghua Jiehe He Huxi Zazhi Chin J Tuberc Respir Dis. 5 de febrero de 2020;43(0):E002.

67. Chu CM, Cheng VCC, Hung IFN, Wong MML, Chan KH, Chan KS, et al. Role of lopinavir/ritonavir in the treatment of SARS: initial virological and clinical findings. *Thorax*. marzo de 2004;59(3):252-6.
68. Sheahan TP, Sims AC, Leist SR, Schäfer A, Won J, Brown AJ, et al. Comparative therapeutic efficacy of remdesivir and combination lopinavir, ritonavir, and interferon beta against MERS-CoV. *Nat Commun*. 10 de enero de 2020;11(1):222.
69. Agostini ML, Andres EL, Sims AC, Graham RL, Sheahan TP, Lu X, et al. Coronavirus Susceptibility to the Antiviral Remdesivir (GS-5734) Is Mediated by the Viral Polymerase and the Proofreading Exoribonuclease. *mBio*. 06 de 2018;9(2).
70. Lu H. Drug treatment options for the 2019-new coronavirus (2019-nCoV). *Biosci Trends*. 28 de 2020;
71. Mulangu S, Dodd LE, Davey RT, Tshiani Mbaya O, Proschan M, Mukadi D, et al. A Randomized, Controlled Trial of Ebola Virus Disease Therapeutics. *N Engl J Med*. 12 de 2019;381(24):2293-303.
72. Honda-Okubo Y, Barnard D, Ong CH, Peng B-H, Tseng C-TK, Petrovsky N. Severe acute respiratory syndrome-associated coronavirus vaccines formulated with delta inulin adjuvants provide enhanced protection while ameliorating lung eosinophilic immunopathology. *J Virol*. marzo de 2015;89(6):2995-3007.
73. Deng Y, Lan J, Bao L, Huang B, Ye F, Chen Y, et al. Enhanced protection in mice induced by immunization with inactivated whole viruses compare to spike protein of middle east respiratory syndrome coronavirus. *Emerg Microbes Infect*. 4 de abril de 2018;7(1):60.
74. Modjarrad K, Roberts CC, Mills KT, Castellano AR, Paolino K, Muthumani K, et al. Safety and immunogenicity of an anti-Middle East respiratory syndrome coronavirus DNA vaccine: a phase 1, open-label, single-arm, dose-escalation trial. *Lancet Infect Dis*. septiembre de 2019;19(9):1013-22.
75. Lin J-T, Zhang J-S, Su N, Xu J-G, Wang N, Chen J-T, et al. Safety and immunogenicity from a phase I trial of inactivated severe acute respiratory syndrome coronavirus vaccine. *Antivir Ther*. 2007;12(7):1107-13.
76. Martin JE, Louder MK, Holman LA, Gordon IJ, Enama ME, Larkin BD, et al. A SARS DNA vaccine induces neutralizing antibody and cellular immune responses in healthy adults in a Phase I clinical trial. *Vaccine*. 25 de noviembre de 2008;26(50):6338-43.
77. Matz KM, Marzi A, Feldmann H. Ebola vaccine trials: progress in vaccine safety and immunogenicity. *Expert Rev Vaccines*. diciembre de 2019;18(12):1229-42.
78. Agencia Europea del Medicamento (EMA). ERVEBBO. Ficha técnica o resumen de las características del producto [Internet]. Disponible en: https://www.ema.europa.eu/en/documents/product-information/ervebo-epar-product-information_es.pdf
79. World health Organization. R&D Blueprint [Internet]. Disponible en: <https://www.who.int/blueprint/priority-diseases/key-action/novel-coronavirus/en/>.
80. The Coalition for Epidemic Preparedness Innovations (CEPI). [Internet]. Disponible en: <https://cepi.net/>

81. Wang Q, Zhang L, Kuwahara K, Li L, Liu Z, Li T, et al. Immunodominant SARS Coronavirus Epitopes in Humans Elicited both Enhancing and Neutralizing Effects on Infection in Non-human Primates. *ACS Infect Dis.* 13 de 2016;2(5):361-76.
82. Agrawal AS, Tao X, Algaissi A, Garron T, Narayanan K, Peng B-H, et al. Immunization with inactivated Middle East Respiratory Syndrome coronavirus vaccine leads to lung immunopathology on challenge with live virus. *Hum Vaccines Immunother.* 2016;12(9):2351-6.
83. Tseng C-T, Sbrana E, Iwata-Yoshikawa N, Newman PC, Garron T, Atmar RL, et al. Immunization with SARS coronavirus vaccines leads to pulmonary immunopathology on challenge with the SARS virus. *PloS One.* 2012;7(4):e35421.
84. Bolles M, Deming D, Long K, Agnihothram S, Whitmore A, Ferris M, et al. A double-inactivated severe acute respiratory syndrome coronavirus vaccine provides incomplete protection in mice and induces increased eosinophilic proinflammatory pulmonary response upon challenge. *J Virol.* diciembre de 2011;85(23):12201-15.
85. Polack FP. Atypical measles and enhanced respiratory syncytial virus disease (ERD) made simple. *Pediatr Res.* julio de 2007;62(1):111-5.
86. Tseng C-TK, Huang C, Newman P, Wang N, Narayanan K, Watts DM, et al. Severe acute respiratory syndrome coronavirus infection of mice transgenic for the human Angiotensin-converting enzyme 2 virus receptor. *J Virol.* febrero de 2007;81(3):1162-73.