

BOLETÍN SEMANAL COVID-19

TABLA DE CONTENIDO

Determinación del período transmisible del SARS-CoV-2: revisión de la literatura, de marzo a septiembre de 2020. Park M, Pawliuk C, Nguyen T, et al. [Determining the communicable period of SARS-CoV-2: A rapid review of the literature, March to September 2020.](#) Euro Surveill. 2021;26(14):pii=2001506.

SARS-CoV-2 - Anticuerpos específicos en la leche materna después de la vacunación con COVID-19 en mujeres que amamantan. Perl SH, Uzan-Yulzari A, Klainer H, et al. [SARS-CoV-2–Specific Antibodies in Breast Milk After COVID-19 Vaccination of Breastfeeding Women.](#) JAMA. 2021, April 12.

Características genómicas y efecto clínico del linaje emergente SARS-CoV-2 B.1.1.7 en Londres, Reino Unido: secuenciación del genoma completo y estudio de cohorte hospitalario. Frampton D, Rampling R, Cross A, et al. [Genomic characteristics and clinical effect of the emergent SARS-CoV-2 B.1.1.7 lineage in London, UK: a whole-genome sequencing and hospital-based cohort study.](#) Lancet Inf Dis. 2021, April 12.

Tendencias de suicidio en los primeros meses de la pandemia COVID-19: análisis de series de tiempo interrumpido de datos preliminares de 21 países. Pirkis P, John A, Shi S, et al. [Suicide trends in the early months of the COVID-19 pandemic: an interrupted time-series analysis of preliminary data from 21 countries.](#) Lancet. 2021, April 13.

Cambios en la sintomatología, reinfección y transmisibilidad asociados con la variante SARS-CoV-2 B.1.1.7: un estudio ecológico. Graham MS, Sudre CH, May A, et al. [Changes in symptomatology, reinfection, and transmissibility associated with the SARS-CoV-2 variant B.1.1.7: an ecological study.](#) The Lancet Public Health. 2021, April 12.

Effect of Ivermectin on Time to Resolution of Symptoms Among Adults With Mild COVID-19. A Randomized Clinical Trial. López-Medina E, López P, Hurtado IC, et al. [Effect of Ivermectin on Time to Resolution of Symptoms Among Adults With Mild COVID-19: A Randomized Clinical Trial.](#) JAMA. 2021;325(14):1426–1435.

Combinación de anticuerpos neutralizantes cruzados se sinergiza para prevenir la infección por pseudovirus SARS-CoV-2 y SARS-CoV. Liu H, Meng Y, Huang D, et al. [A combination of cross-neutralizing antibodies synergizes to prevent SARS-CoV-2 and SARS-CoV pseudovirus infection.](#)

Cell Host & Microbe. 2021, abril 15.

Investigaciones.

Resumen Estadística Semanal

Determinación del período transmisible del SARS-CoV-2: revisión de la literatura, de marzo a septiembre de 2020.

Fuente: Park M, Pawliuk C, Nguyen T, et al. [Determining the communicable period of SARS-CoV-2: A rapid review of the literature, March to September 2020](#). *Euro Surveill.* 2021;26(14):pii=2001506.

- Las pruebas estándar para la infección por el coronavirus 2 del síndrome respiratorio agudo severo (SARS-CoV-2) se basan en las pruebas de RT-PCR, pero la detección de material genético viral por sí sola no indica un potencial infeccioso en curso.
- La capacidad de aislar el virus completo representa un mejor indicador de la infectividad.
- El objetivo de este estudio fue comprender la literatura actual y comparar los períodos informados de detección positiva de SARS-CoV-2 de estudios que realizaron pruebas de RT-PCR además de experimentos que aislaron el virus completo.
- Se utiliza un enfoque de revisión rápida, los estudios que informaron datos empíricos sobre la duración de los resultados positivos de RT-PCR y / o el aislamiento viral exitoso después de la infección por SARS-CoV-2 en humanos se identificaron a través de búsquedas de literatura científica de la salud revisada por pares y preimpresa. Los artículos se revisaron para determinar su relevancia, luego se extrajeron, analizaron y sintetizaron los datos.

Resultados.

- De los 160 estudios incluidos para el análisis cualitativo, el 84% (n = 135) investigó la duración de las pruebas positivas de RT-PCR solamente, el 5% (n = 8) investigó la duración de los aislamientos virales exitosos, mientras que el 11% (n = 17) incluyó mediciones en ambos.
- Se presentó heterogeneidad significativa en los datos informados, con un tiempo prolongado hasta la eliminación viral cuando se dedujo de las pruebas de RT-PCR en comparación con los aislamientos virales (mediana: 26 frente a 9 días).
- Los hallazgos de esta revisión apoyan un período mínimo de aislamiento de 10 días, pero se identificaron ciertos casos en los que el virus se aisló después de 10 días.
- Dado el tiempo prolongado hasta la eliminación viral de las pruebas de RT-PCR, las investigaciones futuras deben garantizar la presentación de informes estándar de los protocolos y resultados de RT-PCR para ayudar a informar las políticas de prueba destinadas a la eliminación del aislamiento.

| Method of measurement | Number of included studies | Shortest reported duration | Longest reported duration | Longest reported duration | |
|-----------------------|----------------------------|----------------------------|---------------------------|---------------------------|--------------|
| | | | | mean (SD) | median (IQR) |
| Viral isolation | 20 | 2 | 32 | 12.8 (7.3) | 10.5 (10) |
| RT-PCR | 134 | 5 | 95 | 28.9 (15.8) | 25 (19) |

Datos sobre la duración máxima de la transmisibilidad del SARS-CoV-2 de todos los estudios que informaron sobre el aislamiento de virus vivos y la detección de ácido nucleico viral por RT-PCR de muestras respiratorias, marzo - septiembre de 2020 (n = 142)

COMORBILIDAD

SARS-CoV-2 - Anticuerpos específicos en la leche materna después de la vacunación con COVID-19 en mujeres que amamantan.

Fuente: *Perl SH, Uzan-Yulzari A, Klainer H, et al. [SARS-CoV-2–Specific Antibodies in Breast Milk After COVID-19 Vaccination of Breastfeeding Women](#). JAMA April 12, 2021.*

- Se realizó un estudio de cohorte prospectivo de una muestra de conveniencia de mujeres que amamantan pertenecientes a grupos destinatarios de la vacuna que optaron por vacunarse. Los participantes fueron reclutados de todo Israel entre el 23 de diciembre de 2020 y el 15 de enero de 2021, a través de anuncios y redes sociales. Todos los participantes recibieron 2 dosis de la vacuna Pfizer-BioNTech con 21 días de diferencia.

Resultados

- Ochenta y cuatro mujeres completaron el estudio, proporcionando 504 muestras de leche materna. Las mujeres tenían una edad media (DE) de 34 (4) años y los lactantes de 10,32 meses.
- Los niveles medios de anticuerpos IgA anti-SARS-CoV-2 específicos en la leche materna aumentaron rápidamente y se elevaron significativamente a las 2 semanas después de la primera vacuna, cuando el 61,8% de las muestras dieron positivo, aumentando al 86,1% en la semana 4 (1 semana después de la segunda vacuna).
- Los niveles medios permanecieron elevados durante la duración del seguimiento, y en la semana seis, el 65,7% de las muestras dieron positivo.
- Los anticuerpos IgG anti-SARS-CoV-2 específicos permanecieron bajos durante las primeras 3 semanas, con un aumento en la semana 4 (20,5 U / mL; P = 0,004), cuando el 91,7% de las muestras dieron positivo, aumentando al 97% en semanas 5 y 6.
- Ninguna madre o bebé experimentó ningún evento adverso grave durante el período de estudio.
- Cuarenta y siete mujeres (55,9%) informaron un evento adverso relacionado con la vacuna después de la primera dosis de vacuna y 52 (61,9%) después de la segunda dosis, siendo el dolor local la queja más común.
- Cuatro bebés desarrollaron fiebre durante el período de estudio 7, 12, 15 y 20 días después de la vacunación materna. Este estudio encontró una fuerte secreción de anticuerpos IgA e IgG específicos del SARS-CoV-2 en la leche materna durante 6 semanas después de la vacunación.
- La secreción de IgA fue evidente tan pronto como 2 semanas después de la vacunación seguida de un pico en IgG después de 4 semanas (una semana después de la segunda vacuna).
- Los anticuerpos encontrados en la leche materna de estas mujeres mostraron fuertes efectos neutralizantes, lo que sugiere un posible efecto protector contra la infección en el lactante.

Características genómicas y efecto clínico del linaje emergente SARS-CoV-2 B.1.1.7 en Londres, Reino Unido: secuenciación del genoma completo y estudio de cohorte hospitalario.

Fuente: Frampton D, Rampling R, Cross A, et al. [Genomic characteristics and clinical effect of the emergent SARS-CoV-2 B.1.1.7 lineage in London, UK: a whole-genome sequencing and hospital-based cohort study](#). *Lancet Inf Dis* 2021, April 12.

- Se describe la aparición de la variante preocupante B.1.1.7 (VOC), incluidas las características virológicas y la gravedad clínica en pacientes contemporáneos con y sin la variante.
- Estudio de cohorte, que secuencia y analiza muestras positivas para SARS-CoV-2 en la PCR que se obtuvieron a partir del 9 de noviembre de 2020, para pacientes ingresados de forma aguda en uno de los dos hospitales el 20 de diciembre de 2020 o antes, en Londres, Reino Unido. para la presencia de mutaciones definitorias de COV.
- Se ajustan los modelos de regresión de Poisson para investigar la asociación entre la infección B.1.1.7 y la enfermedad grave (y la muerte dentro de los 28 días de una prueba positiva y se realizó análisis genómicos complementarios en una cohorte de pacientes con excreción crónica y en una cohorte de pacientes tratados con remdesivir. La carga viral se comparó por proxy, utilizando valores de umbral de ciclo de PCR y profundidades de lectura de secuenciación.
- De 496 pacientes con muestras positivas para SARS-CoV-2 en la PCR y que cumplieron con los criterios de inclusión, 341 tenían muestras que podían secuenciarse. 198 (58%) de 341 tenían infección B.1.1.7 y 143 (42%) tenían infección no B.1.1.7.
- No se encontró evidencia de una asociación entre enfermedad grave y muerte y linaje (B.1.1.7 vs no B.1.1.7) en análisis no ajustados. No se detectaron mutaciones definitorias de COV B.1.1.7 en 123 pacientes inmunodeprimidos con diseminación crónica o en 32 pacientes tratados con remdesivir.
- La carga viral por proxy fue mayor en las muestras B.1.1.7 que en las muestras no B.1.1.7, medida por el valor umbral del ciclo (media $28 \cdot 8$ [DE $4 \cdot 7$] frente a $32 \cdot 0$ [$4 \cdot 8$]; $p = 0 \cdot 0085$) y profundidad de lectura genómica (1280 [1004] vs 831 [682]; $p = 0 \cdot 0011$).
- Existe evidencia emergente de una mayor transmisibilidad de B.1.1.7, y encontramos una mayor carga de virus por proxy para B.1.1.7 en nuestros datos.
- No se identifica una asociación de la variante con enfermedad grave en esta cohorte hospitalizada.

VARIANTE

Tendencias de suicidio en los primeros meses de la pandemia COVID-19: análisis de series de tiempo interrumpido de datos preliminares de 21 países.

Fuente: Pirkis P, John A, Shi S, et al. [Suicide trends in the early months of the COVID-19 pandemic: an interrupted time-series analysis of preliminary data from 21 countries](#). Lancet. 2021, April 13.

- La pandemia de COVID-19 está teniendo profundas consecuencias en la salud mental de muchas personas. Este trabajo evalúa el efecto temprano de la pandemia COVID-19 en las tasas de suicidio en todo el mundo.
- Se obtuvieron datos sobre suicidios en tiempo real de países o áreas dentro de países a través de una búsqueda sistemática en Internet y el recurso a nuestras redes y la literatura publicada.
- Entre el 1 de septiembre y el 1 de noviembre de 2020, se buscaron en los sitios web oficiales de los ministerios de salud, las agencias policiales y las agencias de estadísticas administradas por el gobierno o equivalentes de estos países, utilizando los términos de búsqueda traducidos como "suicidio" y "causa de muerte", antes ampliar la búsqueda en un intento de identificar datos a través de otras fuentes públicas. Se incluyeron datos de un país o área determinados si provenían de una fuente oficial del gobierno y estaban disponibles a nivel mensual desde al menos el 1 de enero de 2019 hasta el 31 de julio de 2020.
- Utilizaron un análisis de series de tiempo interrumpido para modelar la tendencia de los suicidios mensuales antes del COVID-19 en cada país o área dentro de un país, comparando el número esperado de suicidios derivados del modelo con el número observado de suicidios en los primeros meses de la pandemia. Se obtuvieron datos de 21 países.
- Los índices de tasas (RR) y los IC del 95% basados en el número de suicidios observado versus el esperado no mostraron evidencia de un aumento significativo en el riesgo de suicidio desde que comenzó la pandemia en ningún país o área.
- Hubo evidencia estadística de una disminución en el suicidio en comparación con el número esperado en 12 países o áreas: Nueva Gales del Sur, Australia; Alberta, Canadá; Columbia Británica, Canadá; Chile; Leipzig, Alemania; Japón; Nueva Zelanda; Corea del Sur; California, EE.UU.; Illinois (condado de Cook), EE. UU.; Texas (cuatro condados), EE. UU. y Ecuador.
- Este es el primer estudio que examina los suicidios que ocurren en el contexto de la pandemia de COVID-19 en varios países. En los países de ingresos altos y medianos altos, las cifras de suicidios se han mantenido sin cambios o disminuyeron en los primeros meses de la pandemia en comparación con los niveles esperados basados en el período prepandémico.

Cambios en la sintomatología, reinfección y transmisibilidad asociados con la variante SARS-CoV-2 B.1.1.7: un estudio ecológico.

Fuente: *Graham MS, Sudre CH, May A, et al. [Changes in symptomatology, reinfection, and transmissibility associated with the SARS-CoV-2 variant B.1.1.7: an ecological study. The Lancet Public Health. 2021, April 12.](#)*

- La variante B.1.1.7 del SARS-CoV-2 se identificó por primera vez en diciembre de 2020 en Inglaterra. El objetivo es investigar si los aumentos en la proporción de infecciones con esta variante están asociados con diferencias en los síntomas o el curso de la enfermedad, tasas de reinfección o transmisibilidad.
- Se realizó un estudio ecológico para examinar la asociación entre la proporción regional de infecciones con la variante SARS-CoV-2 B.1.1.7 y los síntomas notificados, el curso de la enfermedad, las tasas de reinfección y la transmisibilidad.
- Los datos sobre los tipos y la duración de los síntomas se obtuvieron de informes longitudinales de usuarios de la aplicación COVID Symptom Study que informaron una prueba positiva para COVID-19 entre el 28 de septiembre y el 27 de diciembre de 2020.
- Se estimó la frecuencia de una posible reinfección. Desde el 28 de septiembre hasta el 27 de diciembre de 2020, 36920 usuarios de la aplicación Estudio de síntomas COVID informaron pruebas positivas de COVID-19 cuya región se conocía y que informaron como saludables al registrarse en la aplicación.
- No encontraron cambios en los síntomas informados o la duración de la enfermedad asociados con B.1.1.7.
- Se identificaron posibles reinfecciones en 249 de 36509 usuarios de la aplicación que informaron una prueba de hisopo positiva antes del 1 de octubre de 2020, pero no hubo evidencia de que la frecuencia de reinfecciones fue mayor para la variante B.1.1.7 que para las variantes preexistentes.
- Las ocurrencias de reinfección se correlacionaron más positivamente con el aumento regional general de casos (correlación de Spearman $0.56-0.69$ para el sureste, Londres y el este de Inglaterra) que con el aumento regional en la proporción de infecciones con B.1.1.7 (correlación de Spearman $0.38-0.56$ en las mismas regiones), lo que sugiere que B.1.1.7 no altera sustancialmente el riesgo de reinfección.
- Se encontró un aumento multiplicativo en el R_t de B.1.1.7 por un factor de 1.35 (95% CI $1.02-1.69$) en relación con las variantes preexistentes.
- R_t cayó por debajo de 1 durante los bloqueos regionales y nacionales, incluso en regiones con altas proporciones de infecciones con la variante B.1.1.7.
- La falta de cambios en los síntomas identificados en este estudio indica que la infraestructura de pruebas y vigilancia existente no necesita cambiar específicamente para la variante B.1.1.7. además, dado que no hubo un aumento aparente en la tasa de reinfección, es probable que las vacunas sigan siendo eficaces contra la variante B.1.1.7.

ENSAYO

Effect of Ivermectin on Time to Resolution of Symptoms Among Adults With Mild COVID-19. A Randomized Clinical Trial.

Fuente: López-Medina E, López P, Hurtado IC, et al. [Effect of Ivermectin on Time to Resolution of Symptoms Among Adults With Mild COVID-19: A Randomized Clinical Trial](#). JAMA. 2021;325(14):1426–1435.

- Ensayo aleatorizado, doble ciego, realizado en un solo sitio en Cali, Colombia.
- Los posibles participantes del estudio se identificaron mediante un muestreo aleatorio simple de la base de datos electrónica del departamento de salud del estado de pacientes con COVID-19 sintomático confirmado por laboratorio durante el período de estudio.
- Se inscribió a un total de 476 pacientes adultos con enfermedad leve y síntomas durante 7 días o menos (en casa u hospitalizados) entre el 15 de julio y el 30 de noviembre de 2020, y se les dio seguimiento hasta el 21 de diciembre de 2020.
- Los pacientes fueron aleatorizados para recibir ivermectina, 300 µg / kg de peso corporal por día durante 5 días (n = 200) o placebo (n = 200).

Resultados

- El resultado primario fue el tiempo transcurrido hasta la resolución de los síntomas dentro de un período de seguimiento de 21 días. También se recopilaron los eventos adversos solicitados y los eventos adversos graves.
- Entre los 400 pacientes que fueron aleatorizados en la población de análisis primario (mediana de edad, 37 años [rango intercuartílico {IQR}, 29-48]; 231 mujeres [58%]), 398 (99,5%) completaron el ensayo.
- La mediana del tiempo hasta la resolución de los síntomas fue de 10 días (IQR, 9-13) en el grupo de ivermectina en comparación con 12 días (IQR, 9-13) en el grupo de placebo (índice de riesgo para la resolución de los síntomas, 1,07 [IC del 95%, 0,87 a 1,32]; p = 0,53 mediante la prueba de rango logarítmico).
- Para el día 21, el 82% en el grupo de ivermectina y el 79% en el grupo de placebo habían resuelto los síntomas.
- El evento adverso solicitado más común fue el dolor de cabeza, informado por 104 pacientes (52%) que recibieron ivermectina y 111 (56%) que recibieron placebo.
- El evento adverso grave más común fue el fallo multiorgánico, que se produjo en 4 pacientes (2 en cada grupo).
- Entre los adultos con COVID-19 leve, un ciclo de 5 días de ivermectina, en comparación con placebo, no mejoró significativamente el tiempo hasta la resolución de los síntomas.

Combinación de anticuerpos neutralizantes cruzados se sinergiza para prevenir la infección por pseudovirus SARS-CoV-2 y SARS-CoV.

Fuente: Liu H, Meng Y, Huang D, et al. [A combination of cross-neutralizing antibodies synergizes to prevent SARS-CoV-2 and SARS-CoV pseudovirus infection.](#)

Cell Host & Microbe. 2021, abril 15.

- Los coronavirus han causado varias epidemias y pandemias humanas, incluida la enfermedad actual del coronavirus 2019 (COVID-19).
- Las vacunas profilácticas y los anticuerpos terapéuticos ya han demostrado una sorprendente eficacia contra COVID-19. Sin embargo, persisten las preocupaciones sobre la deriva antigénica en el SARS-CoV-2, así como las amenazas de otros sarbecovirus.
- Los anticuerpos de neutralización cruzada contra los virus relacionados con el SARS brindan oportunidades para abordar tales inquietudes.
- En el trabajo se informa sobre las estructuras cristalinas de un anticuerpo de neutralización cruzada CV38-142 en complejo con los dominios de unión al receptor de SARS-CoV-2 y SARS-CoV.
- El reconocimiento del sitio de glicosilación N343 y las interacciones mediadas por agua facilitan la reactividad cruzada de CV38-142 con los virus relacionados con el SARS, lo que permite que el anticuerpo se adapte a la variación antigénica en estos virus.
- CV38-142 crea sinergia con otros anticuerpos de neutralización cruzada, en particular COVA1-16, para mejorar la neutralización de SARS-CoV y SARS-CoV-2, incluidas las variantes circulantes de preocupación B.1.1.7 y B.1.351.
- Este estudio proporciona información valiosa para el diseño de vacunas y terapias para abordar la deriva antigénica actual y futura en el SARS-CoV-2 y proteger contra los coronavirus zoonóticos relacionados con el SARS.

Destacados

- Estructuras de rayos X y EM de CV38-142 con RBD y picos de SARS-CoV-2 y SARS-CoV.
- El glucano N343 y las aguas ligadas facilitan la reactividad cruzada con los virus relacionados con el SARS.
- CV38-142 sinergiza con anticuerpos del sitio conservado CR3022, en particular COVA1-16.
- Estos dos anticuerpos neutralizantes cruzados neutralizan las variantes preocupantes del SARS-CoV-2.

INVESTIGACIONES

Evidencia genética de la asociación entre la gravedad de la epidemia de COVID-19 y el momento de las intervenciones no farmacéuticas.

Ragonnet-Cronin, M., Boyd, O., Geidelberg, L. et al. [Genetic evidence for the association between COVID-19 epidemic severity and timing of non-pharmaceutical interventions](#). *Nat Commun*. 2021.

Se lleva a cabo un análisis filogenético de más de 29.000 secuencias de genoma completo del SARS-CoV-2 disponibles públicamente de 57 ubicaciones para estimar el tiempo en que la epidemia se originó en diferentes lugares. Las estimaciones se examinaron en relación con las fechas de las intervenciones más estrictas en cada lugar, así como con el número de muertes acumuladas por COVID-19 y las estimaciones filodinámicas del tamaño de la epidemia. Se informa que el tiempo transcurrido entre el origen de la epidemia y la intervención máxima se asocia con diferentes medidas de gravedad de la epidemia y explica el 11% de la varianza en las muertes informadas un mes después de la intervención más estricta. Los lugares donde se implementaron intervenciones no farmacéuticas fuertes anteriormente experimentaron una morbilidad y mortalidad de COVID-19 mucho menos severas durante el período de estudio.

Aleatorización mendeliana de todo el genoma que se puede tomar acción mediante fármacos identifica oportunidades de reutilización para COVID-19.

Gaziano, L., Giambartolomei, C., Pereira, A.C. et al. [Actionable druggable genome-wide Mendelian randomization identifies repurposing opportunities for COVID-19](#). *Nat Med* 2021.

La reutilización de fármacos proporciona un enfoque rápido para satisfacer la necesidad urgente de terapias para abordar el COVID-19. Se realizó un análisis de aleatorización mendeliana, derivando instrumentos genéticos basados en datos transcriptómicos y proteómicos para 1.263 proteínas procesables que están dirigidas por medicamentos aprobados o en la fase clínica de desarrollo de medicamentos. Utilizando estadísticas resumidas de la Host Genetics Initiative y el Million Veteran Program, se estudiaron a 7.554 pacientes hospitalizados con COVID-19 y > 1 millón de controles. Se encontraron resultados significativos de aleatorización mendeliana para tres proteínas (ACE2, $P = 1.6 \times 10^{-6}$; IFNAR2, $P = 9.8 \times 10^{-11}$ e IL-10RB, $P = 2.3 \times 10^{-14}$) usando loci de rasgos cuantitativos de expresión cis genéticos instrumentos que también tenían pruebas sólidas de colocalización con hospitalización por COVID-19. Para desenredar la señal de loci de rasgos cuantitativos de expresión compartida para IL10RB e IFNAR2, realizaron exploraciones de asociación de todo el fenoma y análisis de enriquecimiento de la vía, lo que sugirió que es más probable que IFNAR2 desempeñe un papel en la hospitalización por COVID-19. Los hallazgos dan prioridad a los ensayos de fármacos dirigidos a IFNAR2 y ACE2 para el tratamiento temprano de la COVID-19.

RESUMEN ESTADÍSTICA SEMANAL

| Viernes 09 abril 2020 | |
|------------------------------|--------|
| Casos en el día | 1 040 |
| Casos acumulados | 85 572 |
| Casos activos | 5 105 |
| Fallecidos | 5 |
| Altas en el día | 1 042 |
| Sábado 10 abril 2020 | |
| Casos en el día | 959 |
| Casos acumulados | 86 531 |
| Casos activos | 5 211 |
| Fallecidos | 6 |
| Altas en el día | 847 |
| Domingo 11 abril 2020 | |
| Casos en el día | 854 |
| Casos acumulados | 87 385 |
| Casos activos | 49 64 |
| Fallecidos | 8 |
| Altas en el día | 1 095 |

| Lunes 12 abril 2020 | |
|--------------------------------|--------|
| Casos en el día | 1 013 |
| Casos acumulados | 88 445 |
| Casos activos | 4826 |
| Fallecidos | 9 |
| Altas en el día | 1 187 |
| Martes 13 abril 2020 | |
| Casos en el día | 959 |
| Casos acumulados | 89 404 |
| Casos activos | 4 759 |
| Fallecidos | 11 |
| Altas en el día | 84 114 |
| Miércoles 14 abril 2020 | |
| Casos en el día | 1 004 |
| Casos acumulados | 90 408 |
| Casos activos | 4 740 |
| Fallecidos | 4 |
| Altas en el día | 1 007 |
| Jueves 15 abril 2020 | |
| Casos en el día | 1 040 |
| Casos acumulados | 91 448 |
| Casos activos | 4 750 |
| Fallecidos | 9 |
| Altas en el día | 1 021 |

ENLACES DE INTERÉS

Shen X, Tang H, Pajon R, et al. [Neutralization of SARS-CoV-2 Variants B.1.429 and B.1.351](#). NEJM. 2021, april.

Greinacher A, Thiele T, Warkentin TE, et al. [Thrombotic Thrombocytopenia after ChAdOx1 nCov-19 Vaccination](#). NEJM 2021, april.

Chmielewska et al. [Effects of the COVID-19 pandemic on maternal and perinatal outcomes: a systematic review and meta-analysis](#). The Lancet Global Health. 2021.

Experts Discuss COVID-19—[Variants and Vaccine Efficacy, Immunosuppressed Patients, and More](#). JAMA. 2021, april 14.