

Reflexiones sobre el COVID-19 de un epidemiólogo veterinario

Nacho de Blas

13 de marzo de 2020

Como epidemiólogo veterinario con más de 20 años de experiencia me gustaría aportar mi granito de arena a la comprensión de la situación actual causada por el coronavirus SARS-CoV-2.

La modelización de este tipo de epidemias está perfectamente estudiada por los epidemiólogos desde hace décadas, tanto en poblaciones humanas como animales. Cuando aparece un patógeno por primera vez en una población lo esperable es un rápido incremento de casos (sobre todo hasta que se identifica que el causante es un patógeno nuevo y se dispone de herramientas diagnósticas adecuadas). Esto es lo que se conoce como fase de progresión de la epidemia. La curva alcanzará un pico epidémico y entonces los nuevos casos irán disminuyendo a un ritmo menor al de la fase de progresión (es lo que conocemos como fase de regresión de la epidemia). La curva suele presentar una distribución asimétrica (binomial negativa o Poisson, y no una distribución normal o campana de Gauss como se ha dicho).

La forma de la curva epidémica va a depender de muchos factores, principalmente del famoso coeficiente R_0 que indica la contagiosidad del patógeno, y define cómo de rápida va a ser la aparición de nuevos casos. En el caso del coronavirus SARS-CoV-2 se sitúa entre 2 y 3, lo que quiere decir que cada persona infectada transmitirá el virus a 2-3 personas de su entorno. Pero eso es un promedio, ya que se han descrito en China y Reino Unido supercontagadores con 15-30 contagios. Además, otros factores a considerar son el clima (la radiación ultravioleta destruye a los coronavirus, así que el alargamiento de los días, y el mayor número de horas de sol jugaría a nuestro favor, sobre todo en climas secos), la densidad de población, la permanencia en espacios cerrados (sobre todo con humedades relativas altas), la concentración viral en el ambiente, las exposiciones repetidas al patógeno, la ausencia de inmunidad previa...

La forma de la curva epidémica es uno de los elementos más importantes para predecir los efectos de la epidemia. La superficie bajo la curva representa el número de casos que han enfermado a lo largo del brote, y teóricamente según la ley de Charles-Nicole la epidemia no finalizará hasta que la cantidad de infectados sea el 70-80% de la población.

El quid de la cuestión es conseguir que esa curva se aplane para que los casos se distribuyan en el máximo tiempo posible para que el sistema sanitario los pueda atender adecuadamente, ya que en estos momentos entre el 10 y 20% de los enfermos presentan cuadros graves y necesitan atención especializada (en muchos casos en UCI). Hoy, viernes 13 de marzo, España tiene declarados 190 casos graves de 3.900 casos activos (eso es un 5%) lo que está muy por debajo de lo observado en el resto de países. Y en esta situación relativamente tan favorable ya estamos desbordados. Hay que tener en cuenta que España cuenta con unas 3.700 camas de UCI y que los pacientes con COVID-19 permanecen en UCI durante 3-5 semanas... En cuanto suban los casos a 15.000-20.000 (que es lo esperable) tendremos una demanda de 1.500-4.000 camas de UCI... Ahí está el problema gordo, y por eso los chinos se apresuraron a construir un par de hospitales.

El otro dato preocupante es la letalidad (mal denominada tasa de mortalidad en casi todos los medios de comunicación), ya que en esta enfermedad se sitúa en el 3-6% (aunque en España la letalidad provisional está en el 39%, no hay que preocuparse porque no es un dato válido hasta que finalice la epidemia). La letalidad es la probabilidad de que un enfermo muera y da idea del pronóstico de una enfermedad, mientras que la mortalidad es la probabilidad de que alguien muera. Es decir, una mortalidad del 5% en España supondría aproximadamente 2,3 millones de

muestrados. La mortalidad será el resultado de multiplicar la letalidad por la prevalencia, o proporción de enfermos (en estos momentos en España estamos en 93 casos por millón de habitantes, es decir, 0,0093%).

Para los interesados les recomiendo esta página <https://www.worldometers.info/coronavirus>, donde podrán ver cómo está evolucionando el COVID-19 en distintos países del mundo, y de donde he sacado las cifras que uso en este texto.

Pero sin embargo el principal problema para elaborar un buen modelo epidemiológico es que nos falta un dato fundamental, y es que ignoramos es la susceptibilidad: la proporción de infectados que desarrolla la enfermedad. Lo esperable a la vista de los resultados actuales sería una susceptibilidad del 1% (es decir que de cada 10.000 personas infectadas, enfermarían de 100 y morirían 5), y lo que querría decir, que en España con 4.000 enfermos habría habido ya 400.000 infectados asintomáticos que podrían estar diseminando el virus sin llegar a padecer nunca la enfermedad (porque se han expuesto a una carga viral baja, tienen el sistema inmune bien preparado, exposición previa a otros coronavirus con una potencial inmunidad cruzada...).

El desafío al que nos enfrentamos al ser una enfermedad nueva, es que el diagnóstico de la enfermedad en estos momentos es exclusivamente de infectados con síntomas mediante una prueba de diagnóstico molecular (RT-qPCR) que busca el virus. Sin embargo, para conocer cuanta gente se ha infectado y saber la probabilidad de enfermar hace falta una prueba serológica (habitualmente un ELISA) que está en desarrollo (hay algún laboratorio que ya tiene alguna prueba experimental). Y hasta que no tengamos esa herramienta cualquier previsión sobre la evolución de la epidemia es muy aventurada.

Por ejemplo, hay algunos epidemiólogos que hablan de un 20% de posibilidad de enfermar entre los infectados, y eso querría decir que la epidemia aparentemente controlada en China y Corea del Sur rebrotaría en el momento que se eliminan las medidas de contención, ya que no se habría alcanzado el suficiente grado de inmunidad poblacional para evitar la propagación descontrolada de la epidemia, y el inicio de la fase de presentación endémica (yo ya descarto a estas alturas la posible erradicación del SARS-CoV-2).

Por último, decir que se trata de un virus RNA que muta con facilidad (es parte de su idiosincrasia para sobrevivir y adaptarse a nuevos hospedadores), aunque no tanto como el de la gripe. El virus lleva varias decenas de mutaciones en las últimas semanas, algo que los epidemiólogos agradecemos mucho ya que nos permite realizar la trazabilidad de la epidemia. Si tenéis curiosidad os recomiendo esta web: <https://nextstrain.org/ncov?c=country>

Allí se ven claramente las mutaciones del virus y las vías de distribución. Por ejemplo, la inmensa mayoría de los casos de EE.UU. proceden de Asia, pero a Mr. Trump le ha dado por cerrar la frontera a Europa (excepto a Reino Unido que casualmente es el punto de entrada principal del virus en Europa desde Asia).

De momento no hay evidencias de que estas mutaciones puntuales conlleven un cambio en la patogenicidad (es decir, en la capacidad para producir un cuadro clínico más o menos grave) ni en la inmunogenicidad del virus (es decir, la capacidad para inducir una respuesta inmune diferente que podría implicar que los infectados pudieran volverse a infectar o que hubiera que ir desarrollando diferentes vacunas conforme evolucione el virus, como en el caso de la gripe).

En resumen, COVID-19 causada por SARS-CoV-2 no es una gripe, aunque presenta muchas características similares (transmisión respiratoria, alta contagiosidad y relativamente baja letalidad), pero tiene otras características que la hacen más peligrosa en el momento actual

(ausencia de inmunidad poblacional previa, alta probabilidad de desarrollar cuadros clínicos graves y ausencia de pruebas de diagnóstico serológico).

Como conclusión, todavía nos faltan datos epidemiológicos importantes para hacer una correcta predicción de la evolución de la epidemia y el impacto de la misma, y por eso mismo hay que ser socialmente responsable y extremar las medidas de control asumiendo el escenario de mayor riesgo.

Este documento es la transcripción casi literal de mensajes enviados por WhatsApp a colegas y amigos, tan sólo se han corregido algunas faltas ortográficas. No pretende ser ningún documento de referencia, sino tan sólo unas reflexiones personales sobre la evolución de la epidemia de COVID-19 en tiempo real. Los datos y resultados que aquí se muestran no han sido sometidos a ninguna revisión por pares, y puede haber errores involuntarios o por causas ajenas a mi voluntad.



Este documento se distribuye bajo [licencia Creative Commons Reconocimiento-NoComercial-CompartirIgual 3.0 España](https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/3.0/es/)