

- El Consejo de Salubridad General en su tercera reunión de la sesión permanente, aprobó 4 acuerdos para el levantamiento progresivo de las medidas de contención frente al COVID-19.
- 1.- Se incorporan a la lista de actividades esenciales la construcción, minería y fabricación de equipo de transporte.
- 2.- Se liberan restricciones para actividades escolares y laborales en municipios sin contagio que tengan vecindad con municipios también libres de contagio.
- 3.- Todas las empresas y establecimientos aplicarán medidas sanitarias de manera obligatoria en el entorno laboral, las cuales serán emitidas por @SSalud_mx @Tu_IMSS @STPS_mx
- 4.- A partir del 1 de junio de 2020 la @SSalud_mx definirá un semáforo semanal para cada entidad federativa. Cada color permitirá reanudar ciertas actividades económicas, educativas y sociales con niveles de intensidad específicos.

- Un nuevo coronavirus 26 de diciembre
- En diciembre apareció un grupo de casos de una neumonía misteriosa alrededor de un mercado de mariscos en Wuhan, China. A inicios de enero, los investigadores secuenciaron el primer genoma de un nuevo coronavirus, que aislaron en un hombre que trabajaba en el mercado. Ese primer genoma se convirtió en la referencia para que los científicos rastreen el virus SARS-CoV-2 mientras se propaga por el mundo.

- Un error tipográfico en el ARN 8 de enero
- Una célula infectada por un coronavirus libera millones de nuevos virus, todos con copias del genoma original. A medida que la célula copia ese genoma, a veces comete errores, que generalmente consisten en una sola letra equivocada. Estos errores tipográficos son llamados mutaciones. Mientras los coronavirus se propagan de persona a persona, acumulan más mutaciones al azar.
- El genoma a continuación viene de otro de los primeros pacientes de Wuhan y era idéntico al primer caso, excepto por una mutación. La letra 186 del ARN era u en lugar de c.

- Cuando los investigadores compararon varios genomas del grupo de casos de Wuhan encontraron solo unas pocas mutaciones nuevas, lo que sugiere que los diferentes genomas descendieron de un ancestro común reciente. Los virus acumulan nuevas mutaciones a un ritmo más o menos regular, por lo que los científicos pudieron calcular que el origen del brote fue en China, en algún momento de noviembre de 2019.

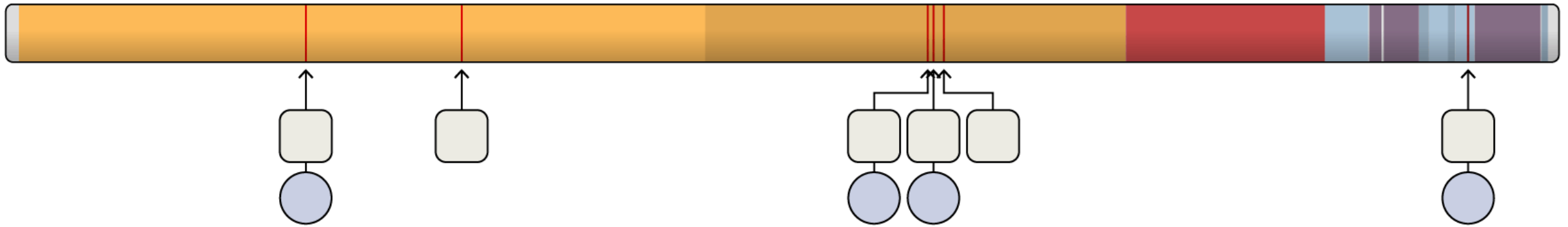
- Un descendiente, dos mutaciones más 27 de febrero
- Fuera de Wuhan, la misma mutación en la letra 186 del ARN se encontró en solo otra muestra, que se recolectó siete semanas después a 965 kilómetros al sur, en Guangzhou, China. La muestra de Guangzhou podría ser descendiente directa de la primera muestra de Wuhan. O podrían ser primos virales que comparten un ancestro común.
- Durante esas siete semanas, el linaje de Guangzhou saltó de persona a persona y pasó por varias generaciones de nuevos virus. Y en el camino, desarrolló dos nuevas mutaciones: dos letras más del ARN cambiaron a u.

- Cuándo importan las mutaciones?
- Las mutaciones a menudo cambiarán un gen sin cambiar la proteína que codifica.
- Las proteínas son largas cadenas de aminoácidos plegadas en diferentes formas. Cada aminoácido está codificado por tres letras genéticas, pero, en muchos casos, una mutación a la tercera letra de un trío seguirá codificando el mismo aminoácido. Estas “mutaciones silenciosas” no cambian la proteína resultante.

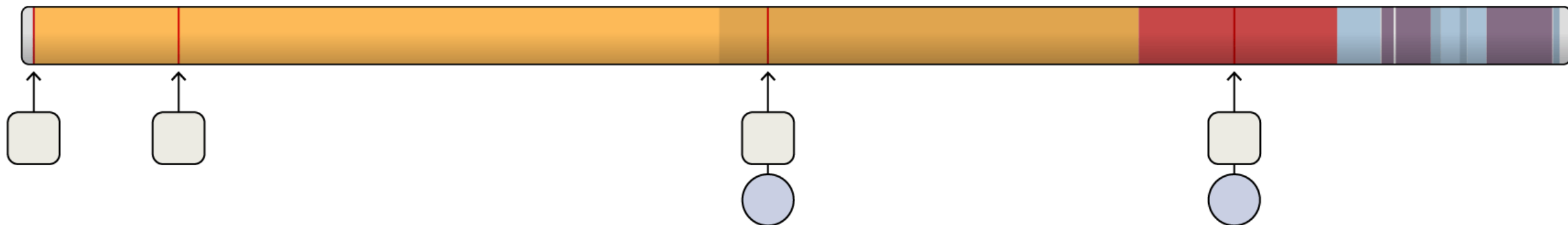
- Las mutaciones “no silenciosas” sí cambian la secuencia de una proteína, y la muestra del coronavirus de Guangzhou obtuvo dos mutaciones no silenciosas.
- Pero las proteínas pueden estar formadas por cientos o miles de aminoácidos. Cambiar un solo aminoácido a menudo no tiene un efecto notable en su forma o en su funcionamiento.

- Algunas mutaciones desaparecen; otras se propagan
- Con el paso de los meses, parte del genoma del coronavirus ha ganado muchas mutaciones. Otra ha ganado pocas, o ninguna. Esta sorprendente variación puede contener pistas importantes sobre la biología del coronavirus.
- Las partes del genoma que han acumulado muchas mutaciones son más flexibles. Pueden tolerar cambios en su secuencia genética sin causar daño al virus. Las partes con pocas mutaciones son más frágiles. Las mutaciones en esas partes pueden destruir el coronavirus al causar cambios catastróficos en sus proteínas. Esas regiones esenciales pueden ser objetivos especialmente adecuados para atacarlo con medicamentos antivirales.

- El primer caso estadounidense 15 de enero
- El 15 de enero, un hombre voló a su casa en el área de Seattle después de visitar a su familia en Wuhan. Después de unos pocos días con síntomas leves, dio positivo por coronavirus. Se convirtió en el primer caso confirmado de la COVID-19 en Estados Unidos.
-
- Una radiografía de los pulmones del paciente mostró neumonía. NEJM
- El genoma de su virus contenía tres mutaciones de una sola letra, también encontrada en el virus en China. Esas mutaciones permitieron a los científicos rastrear la infección del hombre hasta su origen.



- La epidemia oculta de Seattle 24 de febrero
- Cinco semanas después, un estudiante de la escuela secundaria Henry M. Jackson en el condado de Snohomish County, Washington, desarrolló síntomas similares a los de la gripe. Una muestra de su nariz reveló que tenía la COVID-19. Los científicos secuenciaron el genoma a partir de su muestra de coronavirus y encontraron que compartía las mismas mutaciones distintivas encontradas en el primer caso en Washington, pero que también tenía tres mutaciones adicionales.



- Un torrente de virus
- En enero y febrero, más personas llegaron a Estados Unidos con sus propios coronavirus. Algunos virus portaban mutaciones que indicaban que habían llegado de China u otras partes de Asia. Pero en Nueva York, la mayoría de virus que los investigadores aislaron tenían coincidencias genéticas con los virus que circulaban en Europa.
- De Shanghái a Múnich 19 de enero
- El 19 de enero — el mismo día que el primer paciente de Washington dio positivo para el coronavirus— una mujer de Shanghái aterrizó en Múnich. No mucho antes de su viaje, sus padres, de Wuhan, la habían visitado. Cuando llegó a Múnich solo sintió síntomas leves, que ella atribuyó al jet lag.
- La mujer era empleada de un proveedor alemán de autopartes. El día después de llegar a Múnich, asistió a una reunión de la compañía. Varios otros empleados que estuvieron en la reunión se enfermaron de COVID-19. El genoma del coronavirus de un alemán que participó en la reunión tenía mutaciones que lo vinculaban a China.

- Esta combinación de viejas y nuevas mutaciones sugerían que el estudiante no se había contagiado de alguien que había llegado recientemente de otro país. En cambio, el coronavirus probablemente estuvo circulando sin ser detectado en el área de Seattle durante aproximadamente cinco semanas, desde mediados de enero.
- A partir de entonces, los virus con un vínculo genético al grupo de Washington han aparecido en al menos 14 estados de Estados Unidos y varios países, así como en nueve casos del crucero Grand Princess.

- Transmisión temprana en California 26 de febrero
- Una versión diferente del coronavirus también circulaba subrepticamente en California. El 26 de febrero, el CDC anunció que un paciente en el condado de Solano, sin vínculos conocidos con ningún caso anterior ni viajes al extranjero había dado positivo.
- Una muestra tomada al día siguiente reveló que el virus no tenía las mutaciones distintivas encontradas en el estado de Washington. En cambio, tenía una única mutación que lo distinguía del genoma original de Wuhan. Eso indica que llegó a California de China a través de una introducción separada.

- Bienvenido a Nueva York 1 de marzo
- El primer caso confirmado de COVID-19 en Nueva York fue anunciado el 1 de marzo, después de que una mujer que vivía en Manhattan se infectó al visitar Irán. De todos los virus que los científicos han estudiado desde entonces en Nueva York, ninguno tiene las mutaciones en el genoma de su coronavirus. Eso indica que su infección no formaba parte de una cadena continua de transmisiones.
- En cambio, la mayoría de los coronavirus de Nueva York que los científicos han secuenciado muestran vínculos genéticos con los coronavirus en Europa. Otros vienen de Asia, y hay otros que pueden haber llegado de distintas partes de Estados Unidos.

- Reintroducciones y deportaciones Marzo y abril
- Pronto, Estados Unidos y Europa se convirtieron en nuevas fuentes de introducción para otros países. Decenas de guatemaltecos enviados en vuelos de deportación desde Estados Unidos luego dieron positivo para el virus, y los coronavirus que transportan mutaciones que surgieron en Europa se han reintroducido en Asia.

- Un virus de mutación lenta
- En este punto de la pandemia, los genomas de coronavirus con 10 o menos mutaciones son comunes, y solo un pequeño número tiene más de 20 mutaciones, que es todavía menos de una décima parte del porcentaje del genoma.

- Con el tiempo, los virus pueden evolucionar a nuevas cepas. En otras palabras: a linajes virales que son significativamente diferentes entre sí. Desde enero, los investigadores han secuenciado muchos miles de genomas de SARS-CoV-2 y rastreado todas las mutaciones que han surgido. Hasta ahora, no han encontrado evidencia convincente de que las mutaciones hayan tenido un cambio significativo en cómo nos afecta el virus.

- De hecho, los investigadores han encontrado que el coronavirus está mutando de manera relativamente lenta en comparación con otros virus. Cada mes, un linaje de coronavirus puede adquirir solo dos mutaciones de una letra.
- En el futuro, el coronavirus puede incorporar algunas mutaciones que lo ayuden a evadir nuestro sistema inmunitario. Pero la lenta tasa de mutación del coronavirus significa que estos cambios surgirán en el transcurso de los años.
- Eso es un buen augurio para las vacunas actualmente en desarrollo para la COVID-19. Si las personas se vacunan en 2021 contra el nuevo coronavirus, quizás puedan disfrutar de una protección que dure años.

- Lo que no sabemos
- Los investigadores solo han secuenciado una pequeña fracción de los coronavirus que hoy infectan a más de tres millones de personas en todo el mundo.
- La secuenciación de más genomas descubrirá más capítulos en la historia del virus, y los científicos están particularmente expectantes por estudiar las mutaciones de regiones donde se han secuenciado pocos genomas, como África y América del Sur.