

Perfil de transmisión del SARS-COV-2 en una región sanitaria del Paraguay

Transmission profile of SARS-COV-2 in a health region of Paraguay

Gloria Aguilar ^{1,2}, Gladys Estigarribia ³, Julieta Méndez ³, Zoilo Morel ⁴, Ignacio Ortiz ⁴, Carlos Ríos-González ¹, Teresita Báez Llamosas ⁵, Antonieta Rojas ⁶, Christian Schaerer ⁷, Sergio Muñoz ⁸



Recibido: 03/06/2023

Revisado: 08/06/2023

Aceptado: 21/08/2023

Autor correspondiente

Zoilo Morel, Universidad Nacional de Asunción, Paraguay
morelzoilo@gmail.com

Editor Responsable

Dr. Israel González

Conflictos de interés

Los autores declaran no poseer conflictos de interés.

Fuente de financiación

El proyecto de investigación fue financiado por el Programa Paraguay para el Desarrollo de la Ciencia y Tecnología (PROCIENCIA) del Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACYT)

Este artículo es publicado bajo una [licencia de Creative Commons Reconocimiento 4.0 Internacional](#).



¹Universidad Nacional de Caaguazú, Facultad de Ciencias Médicas, Coronel Oviedo, Paraguay

²Universidad Sudamericana, Facultad de Ciencias de la Salud, Pedro Juan Caballero, Paraguay

³Universidad Nacional de Caaguazú, Instituto Regional de Investigación en Salud, Coronel Oviedo, Paraguay

⁴Universidad Nacional de Asunción, Facultad de Ciencias Médicas, San Lorenzo, Paraguay

⁵Universidad Nacional de Asunción, Asunción, Paraguay

⁶Centro para el Desarrollo de la Investigación Científica, Asunción, Paraguay

⁷Universidad Nacional de Asunción, Facultad Politécnica, San Lorenzo, Paraguay

⁸Universidad de la Frontera, Departamento de Salud Pública, Temuco, Chile

RESUMEN

Introducción: La transmisión viral a menudo se propaga en grupos, donde las infecciones se pueden rastrear hasta un caso índice o una ubicación geográfica, para así poder tomar medidas de prevención al respecto. Entender el perfil de transmisión del SARS-CoV-2 es esencial para desarrollar estrategias efectivas de prevención y control de la enfermedad. **Objetivo:** Determinar el perfil de transmisión del Sars-Cov-2, a partir de clúster con casos índices identificados, en la V región sanitaria (Caaguazú) del Paraguay, entre julio y octubre del 2020. **Metodología:** Se realizó un estudio observacional, descriptivo, de corte transversal, con fichas de notificación de casos de COVID-19 y resultados laboratoriales de la RT_PCR en pacientes diagnosticados con COVID-19 en la V Región Sanitaria entre julio y octubre del 2020. **Resultados:** Fueron identificadas 703 personas con Sars-Cov-2 positivo. El 55,49 % de las personas no reconoció algún nexo de contagio. Con respecto al tipo de evento donde ocurrían con mayor frecuencia los contagios, ocurrieron en Eventos Sociales en 58,14 % de los casos y en el Ambiente Familiar en el 33,89 %. La transmisión secundaria se observó en el 17,40 % de los casos. Fueron identificados 58 Clústers, con una mediana de tamaño de los mismos de 3 (RIQ 2-4), y 267 personas (37,98 %) asociadas a los mismos. **Discusión:** La mayoría de las personas no reconocieron su nexo de contagio, sin embargo, en los que, si conocieron, se puede observar que la participación en eventos sociales fue el principal nexo, por lo que es fundamental realizar este tipo de ejercicios para hacer el seguimiento oportuno de los casos.

Palabras clave: SARS-COV2; Paraguay; Cadena de transmisión.

ABSTRACT

Introduction: Viral transmission often spreads in clusters, where infections can be traced to an index case or a geographic location, in order to take preventive measures in this regard, understanding the transmission profile of SARS-CoV-2 is essential. **Objective:** to determine the transmission profile of Sars-Cov-2, from clusters with identified index cases, in the V health region (Caaguazú) of Paraguay, between July and October 2020. **Methodology:** We carried out an observational, descriptive, cross-sectional study, with notification sheets of COVID-19 cases and laboratory results of the RT_PCR in patients diagnosed with COVID-19 in the V Sanitary Region between July and October 2020. **Results:** We identified 703 people with positive Sars-Cov-2. 55.49% of people did not recognize any contagion link. Regarding the type of event where infections occurred most frequently, was in Social Events in 58.14% of the cases and the Family Environment in 33.89%, secondary transmission was observed in 17.40% of the cases. 58 Clusters were identified, with a median size of 3 (IQR 2-4), and 267 people (37.98%) associated with them. **Discussion:** Most of the people did not recognize their contagion link, however, in those who did know, the main link was because they participated in social events, so it is essential to carry out this type of exercise to do timely follow-up. of the cases.

Keywords: SARS-COV2; Paraguay; Transmission chain.

INTRODUCCIÓN

COVID-19 se ha convertido en la última Pandemia con una crisis global de salud pública, provocando millones de muertes, complicaciones en pacientes y mayor pobreza a nivel mundial (1,2). El SARS-COV-2 difiere de otros virus, no solo por su capacidad patológica, sino también por su mayor transmisibilidad (3-4).

Según el Protocolo de Prevención y Control de Neumonía por Coronavirus emitido por la Comisión Nacional de Salud de China, las infecciones en "Clusters" se definen como dos o más casos confirmados o infecciones asintomáticas en un área pequeña como una familia, una unidad de trabajo, etc., dentro de los 14 días de contagio (5-6).

La transmisión viral a menudo se propaga en grupos, donde las infecciones se pueden rastrear hasta un caso índice o una ubicación geográfica, para así poder tomar medidas de prevención al respecto (5-7). Entender el perfil de transmisión del SARS-CoV-2 es esencial para desarrollar estrategias efectivas de prevención y control de la enfermedad.

En cuanto al perfil de transmisión del virus en Paraguay, se ha demostrado que la transmisión comunitaria es la principal vía de propagación del SARS-CoV-2. Según Montiel G, "el 80 % de los casos confirmados de COVID-19 en Paraguay se relacionaron con contactos intradomiciliarios y comunitarios" (8).

Además, otro estudio realizado por el Ministerio de Salud Pública y Bienestar Social (MSPyBS) encontró que "los casos confirmados de COVID-19 tienen una alta probabilidad de haber estado expuesto a alguien con la enfermedad en los 14 días previos a su aparición de síntomas" (9). Esto sugiere que la transmisión a través de contactos cercanos y la exposición en lugares públicos también son importantes vías de propagación del virus en el país.

Es importante tener en cuenta que, al igual que en otros lugares del mundo, la transmisión del SARS-CoV-2 en Paraguay también puede estar relacionado con la

presencia de personas infectadas asintomáticas o presintomáticas. Por lo tanto, es esencial que se sigan implementando medidas de prevención, como el distanciamiento físico, el uso de mascarillas y la higiene de manos, para reducir la propagación del virus en la comunidad. En el presente trabajo hemos determinado el perfil de transmisión del SARS-CoV-2, a partir de clusters con casos índices identificados, en la V región sanitaria (Caaguazú) del Paraguay durante los meses de entre julio y octubre del 2020.

METODOLOGÍA

Se realizó un estudio observacional, descriptivo, de corte transversal. Se utilizaron fichas de notificación de casos de COVID-19 y resultados laboratoriales de RT_PCR en pacientes diagnosticados con COVID-19 en la V Región Sanitaria entre julio y octubre del 2020. Fueron incluidos en el estudio personas de ambos sexos y todas las edades con COVID confirmados mediante RT-PCR. Fue definido como clúster el nexo/contacto reportado entre 2 o más casos confirmados (5). Se recopilaban los datos de los pacientes (sexo, edad, si presentaba nexo epidemiológico, tipo de evento en el cual se produjo la transmisión y antecedentes de contactos) mediante una hoja de cálculo de Microsoft Office Excel 2016 ©.

El manejo de datos en redes fue realizado a través de Ucinet, RDSAT y Netdraw, mientras que a través de la Aplicación en línea Google Earth fueron descargados los puntos censales geopeados y transformados en formato Shapefile para ser procesados en el software ArcGIS (Arcmap 10.1) de ESRI. Los análisis de datos se realizaron con STATA versión 15.0. El nivel de significación estadística se estableció en $p < 0,05$.

El trabajo estuvo sujeto a las normas del Comité de Ética Institucional, además de las normas éticas internacionales para las investigaciones biomédicas con Sujetos Humanos: Declaración de Helsinki, CIOMS/OMS, Informe Belmont, Código de Núremberg. Todos los participantes del estudio firmaron un consentimiento informado.

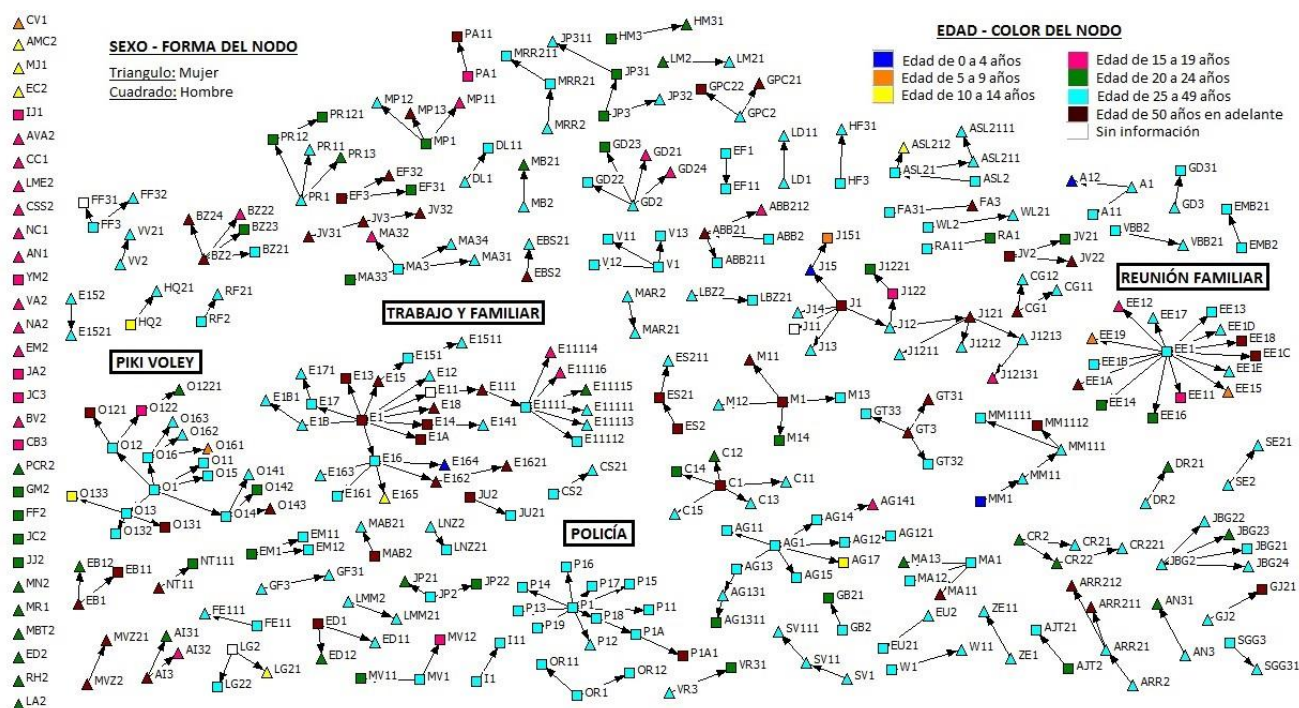
reconoció algún nexo de contagio (Tabla 1). Con respecto al tipo de evento donde ocurrían con mayor frecuencia los contagios, ocurrieron en eventos sociales en 58,14 % de los casos y en el ambiente familiar en el 33,89 % (Tabla 1 y Figura 1).

RESULTADOS

Fueron identificadas 703 personas con Sars-Cov-2 positivo, con una mediana de 34 años (RIQ: 26-46), sin diferencia en sexo (M/H: 50,78 % / 49,22 %). En cuanto a la edad, el mayor porcentaje de contagiados se halla en el grupo comprendido entre 20 y 39 años, con el 57,11 % de los casos. El 55,49 % de las personas no

TABLA 1. CARACTERÍSTICAS DE LAS PERSONAS CON SARS-COV-2 POSITIVO EN LA V REGIÓN SANITARIA. PERIODO JULIO A OCTUBRE DEL 2020 (N=703).

Edad, mediana (RIQ)	n	%
0-9	9	1,29
10-19	46	6,59
20-29	194	27,79
30-39	205	29,32
40-49	111	15,90
50-59	61	8,74
≥ 60	72	10,32
Sexo		
Femenino	357	50,78
Masculino	346	49,22
Nexo epidemiológico		
No	389	55,49
Sí	312	44,51
Tipo de evento		
Social	175	58,14
Familiar	102	33,89
Trabajo	24	7,97
Transmisión secundaria		
No	580	82,60
Sí	123	17,40

FIGURA 1. PERFIL DE TRANSMISIÓN, IDENTIFICANDO SEXO Y GRUPOS ETARIOS.


La transmisión secundaria se observó en el 17,4 % de los casos. Fueron identificados 58 Clusters, con una mediana de tamaño de los mismos de 3 (RIQ 2-4), y 267 personas (37,98 %) asociadas a los mismos. Los eventos sociales fueron los lugares de mayor contagio (Figura

2), entre personas de 15 a 29 años en su mayoría (Figura 3). Reconocimos a 6 Supercontagadores, siendo todos hombres, en su mayoría entre 25 y 49 años de edad, en eventos familiares y sociales (Figura 1, Figura 2, Figura 3).

FIGURA 2. PERFIL DE TRANSMISIÓN, IDENTIFICANDO EVENTOS.

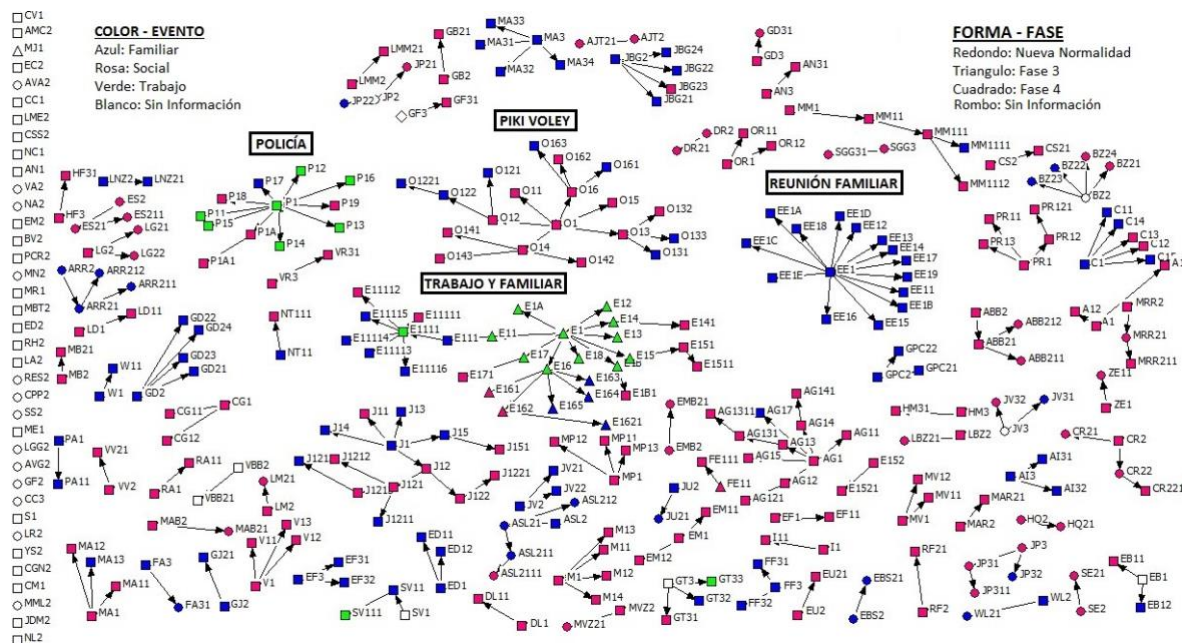
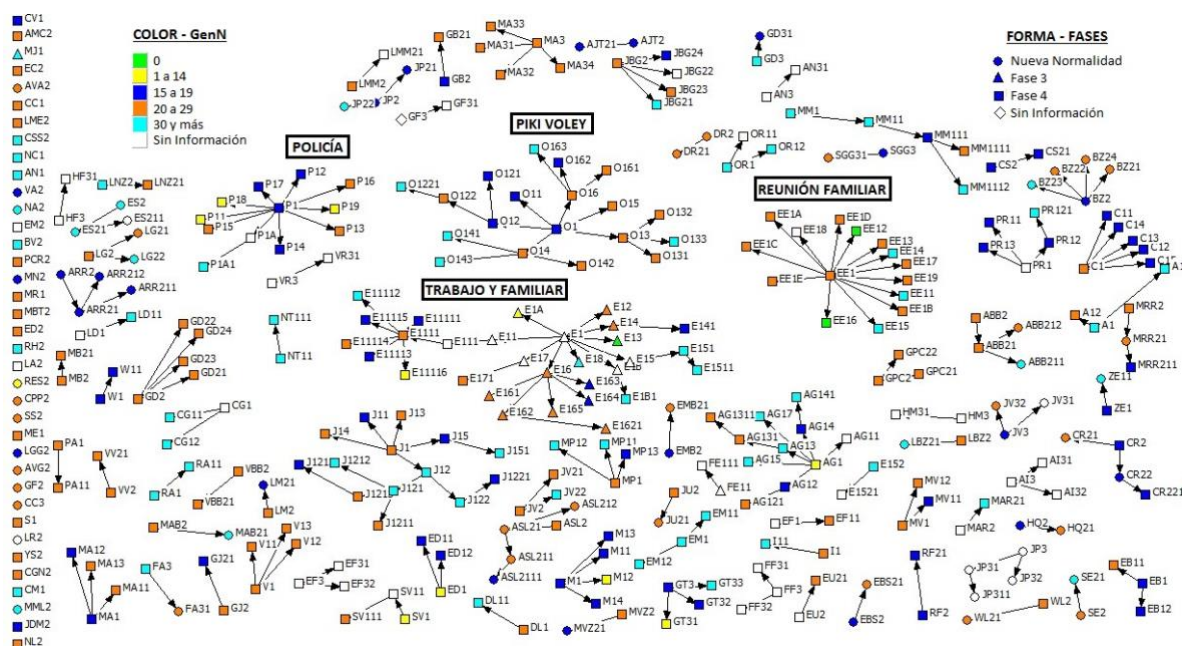


FIGURA 3. PERFIL DE TRANSMISIÓN, IDENTIFICANDO GRUPOS ETARIOS Y EVENTOS.



DISCUSIÓN

La transmisión del síndrome respiratorio agudo severo coronavirus 2 (SARS-CoV-2), que causa la enfermedad por coronavirus 2019 (COVID-19), requiere que se administre una dosis mínima pero aún desconocida de virus competente para la replicación en un sitio anatómico vulnerable en un huésped susceptible. Una combinación de características virales, del huésped y ambientales afecta la transmisión.

La transmisión del Sars-Cov-2 se presenta con un flujo

característico entre los diferentes grupos etarios. Durante la Pandemia del COVID-19 en Francia, el grupo comprendido entre 20 y 50 años de edad presentó una proporción de resultados positivos superior a otros grupos de edad (9), al igual que en otros países como Estados Unidos (10). En nuestro trabajo hemos encontrado que el mayor porcentaje de contagiados se encontró en el grupo comprendido entre 20 y 39 años, coincidente con la literatura.

Más de la mitad de las personas participantes del estudio no reconoció algún nexo de contagio, coincidente con otros trabajos donde el 59 % de toda la transmisión provino de pacientes asintomáticos, con el 35 % de personas presintomáticas y el 24 % de personas que nunca desarrollaron síntomas (11).

Los datos sugieren que ciertos entornos específicos favorecen grandes grupos de infección, como los eventos religiosos, bares, trabajos, hospitales, colegios, shoppings, congresos, deportes, vuelos comerciales, entre otros (12-16). En el presente trabajo, hemos hallado que la transmisión se produce con mayor frecuencia en eventos sociales y deportivos, además del ambiente familiar.

La transmisión secundaria se observó en el 17,4 % de los casos, identificando 58 Clusters, de sexo masculino y en edades entre 25 y 49 años en su mayoría, que tuvieron contacto en eventos sociales, lo que coincide con diferentes trabajos (5-6,12,16).

En este estudio se pudo reconocer a seis supercontagadores, siendo todos hombres, en su mayoría entre 25 y 49 años de edad, que tuvieron contacto en eventos familiares y sociales. Los supercontagadores pueden ser de ambos sexos, dependiendo de varios factores para la transmisión de SARS-CoV-2: como las características del virus, el huésped, y los factores ambientales de ventilación (12,17).

Se pudo apreciar que el virus tiene una dinámica de transmisión heterogénea: la mayoría de las personas no transmiten el virus, mientras que algunas causan muchos casos secundarios en grupos de transmisión llamados "eventos de superpropagación". Entre las limitaciones del estudio es posible destacar, que los datos provinieron de fuentes secundarias, por lo que algunas fichas clínicas pudieron ser rechazadas, y el ejercicio fue realizado en una sola región sanitaria, por lo tanto, es necesario realizar otro estudio, con un aumento en el tamaño muestral y la inclusión de otras regiones sanitarias donde el contexto epidemiológico lo requiera.

A modo de conclusión, es posible destacar que la mayoría de las personas no reconocieron su nexo de contagio, sin embargo, en los que, si reconocieron, se puede observar que la participación en eventos sociales fue el principal ambiente de contacto. Es necesario por lo tanto que las políticas y prácticas basadas en evidencia deben incorporar el conocimiento acumulado sobre la transmisión del SARS-CoV-2 para ayudar a educar al público y frenar la propagación de este virus.

AGRADECIMIENTOS

A todas las personas que colaboraron refiriendo los datos necesarios. A la Dra. Lorena Ocampos (Directora de la V Región Sanitaria), a la Dra Paola Bogado (Bioquímica Regional), a la Dra Mariel Bogado (Jefa de Laboratorio), a la Dra Isabel Duré (Vigilancia Sanitaria) por su valiosa colaboración técnica.

CONTRIBUCIÓN DE LOS AUTORES

Todos los autores han participado en la redacción de manuscrito, revisión del borrador y aprobación de la versión final.

REFERENCIAS

1. Mallah SI, Ghorab OK, Al-Salmi S, Abdellatif OS, Tharmaratnam T, Iskandar MA, et al. COVID-19: breaking down a global health crisis. *Ann Clin Microbiol Antimicrob.* 2021;20(1):35. <https://doi.org/10.1186/s12941-021-00438-7>
2. Alkire S, Nogales R, Quinn NN, Suppa N. Global multidimensional poverty and COVID-19: A decade of progress at risk? *Soc Sci Med.* 2021;291:114457. <https://doi.org/10.1016/j.socscimed.2021.114457>
3. Petersen E, Koopmans M, Go U, Hamer DH, Petrosillo N, Castelli F, et al. Comparing SARS-CoV-2 with SARS-CoV and influenza pandemics. *Lancet Infect Dis.* 2020;20:e238–e44. [https://doi.org/10.1016/S1473-3099\(20\)30484-9](https://doi.org/10.1016/S1473-3099(20)30484-9)
4. How COVID-19 Spreads. Centers for Disease Control and Prevention. [URL](https://www.cdc.gov/media/releases/2020/s110520-covid-19-spreading.html).
5. Wu J, Chen X, Gong L, Huo S, Gao X, Nie S, et al. Epidemiological and clinical features of SARS-CoV-2 cluster infection in Anhui Province, Eastern China. *Int J Infect Dis.* 2022;117:372–377. <https://doi.org/10.1016/j.ijid.2021.04.064>
6. Yu S, Cui S, Rui J, Zhao Z, Deng B, Liu C, et al. Epidemiological Characteristics and Transmissibility for SARS-CoV-2 of Population Level and Cluster Level in a Chinese City. *Front Public Health.* 2022;9:799536. <https://doi.org/10.3389/fpubh.2021.799536>
7. Furuse Y, Sando E, Tsuchiya N, Miyahara R, Yasuda I, Ko YK, et al. Clusters of Coronavirus Disease in Communities, Japan, January–April 2020. *Emerg Infect Dis.* 2020;26(9):2176–9. <https://doi.org/10.3201/eid2609.202272>
8. Montiel G, Acosta P, Mercedes M, et al. Epidemiological and clinical characteristics of COVID-19 in Paraguay. *Plos One.* 2021;16(3):e0248102. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0248102>
9. Ministerio de Salud Pública y Bienestar Social de Paraguay. Estudio de Investigación de Contactos en Casos Confirmados de COVID-19 en Paraguay. Informe Final. 2020. [URL](https://www.mspbs.gov.py/informacion-y-comunicacion/comunicacion-y-transparencia).
10. Tran Kiem C, Bosetti P, Paireau J, Crépey P, Salje H, Lefrancq N, et al. SARS-CoV-2 transmission across age groups in France and implications for control. *Nat Commun.* 2021;12(1):6895. <https://doi.org/10.1038/s41467-021-27163-1>
11. Oster AM, Caruso E, DeVies J, Hartnett KP, Boehmer TK. Transmission Dynamics by Age Group in COVID-19 Hotspot Counties - United States, April–September 2020. *MMWR Morb Mortal Wkly Rep.* 2020;69(41):1494–1496. <https://doi.org/10.15585/mmwr.mm6941e1>

12. Johansson MA, Quandelacy TM, Kada S, Prasad PV, Steele M, Brooks JT, et al. SARS-CoV-2 Transmission From People Without COVID-19 Symptoms. *JAMA Netw Open*. 2021;4(1):e2035057. <https://doi.org/10.1001/jamanetworkopen.2020.35057>
13. Majra D, Benson J, Pitts J, Stebbing J. SARS-CoV-2 (COVID-19) superspreader events. *J Infect*. 2021;82(1):36-40. <https://doi.org/10.1016/j.jinf.2020.11.021>
14. Shim E, Tariq A, Choi W, Lee Y, Chowell G. Transmission potential and severity of COVID-19 in South Korea. *Int J Infect Dis*. 2020;93:339-44. <https://doi.org/10.1016/j.ijid.2020.03.031>
15. Coronavirus: German slaughterhouse outbreak crosses 1000 | DW | 20.06.2020. DW.COM. 2020. [URL](https://www.dw.com/es/coronavirus-german-slaughterhouse-outbreak-crosses-1000/a-55844444).
16. Fontanet A, Tondeur L, Grant R, Temmam S, Madec Y, Bigot T, et al. SARS-CoV-2 infection in schools in a northern French city: a retrospective serological cohort study in an area of high transmission, France, January to April 2020. *Eurosurveillance*. 2021;26(15):2001695. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2021.26.15.2001695>
17. Adam DC, Wu P, Wong JY, Lau EHY, Tsang TK, Cauchemez S, et al. Clustering and superspreading potential of SARS-CoV-2 infections in Hong Kong. *Nat Med*. 2020;26(11):1714-1719. <https://doi.org/10.1038/s41591-020-1092-0>
18. Meyerowitz EA, Richterman A, Gandhi RT, Sax PE. Transmission of SARS-CoV-2: A Review of Viral, Host, and Environmental Factors. *Ann Intern Med*. 2021;174(1):69-79. <https://doi.org/10.7326/M20-5008>