




Mónica María González¹ <https://orcid.org/0000-0002-7692-9751>¹ Universidad Nacional de Itapúa. Facultad de Medicina. Encarnación, Paraguay. mmgonzalez@postgrado.uni.edu.pyDiana Paola Dressler Sanabria² <https://orcid.org/0000-0002-9298-358X>² Universidad Nacional de Itapúa. Facultad de Medicina. Encarnación, Paraguay. dpdressler@uni.edu.pyLiliana Noelia Talavera Stéfani³ <https://orcid.org/0000-0002-3249-2930>³ Universidad Nacional de Itapúa. Facultad de Ciencias y Tecnología. Encarnación, Paraguay. lilitalavera20@gmail.comSandra Virginia Caballero Gómez⁴ <https://orcid.org/0000-0003-3468-5557>⁴ Ministerio de Salud Pública y Bienestar Social. Hospital Regional de Encarnación. Laboratorio de Biología Molecular. Encarnación, Paraguay. sandracg903@hotmail.comMaría José Arrúa Acosta⁵ <https://orcid.org/0000-0002-0257-293X>⁵ Ministerio de Salud Pública y Bienestar Social. Hospital Regional de Encarnación. Laboratorio de Biología Molecular. Encarnación, Paraguay. mariajoarua@gmail.com

Resumen


La pandemia causada por el virus SARS-CoV-2, desencadenante de la enfermedad Covid-19 se inicia en Wuhan, China. El 7 de marzo de 2020 se detecta en Paraguay el primer caso de infección por este virus, número que fue en aumento durante los meses posteriores hasta detectarse en todo el territorio nacional. El objetivo de este trabajo consistió en evaluar las características epidemiológicas de pacientes infectados con SARS-CoV-2 en muestras del laboratorio de Biología Molecular del Hospital Regional de Encarnación, Itapúa-Paraguay, en el periodo de agosto 2020-enero 2021, utilizando datos epidemiológicos de la Dirección General de Vigilancia de Salud. Se realizó un estudio de tipo descriptivo, prospectivo, de corte transversal, se procesaron 11400 muestras identificadas por la técnica qRT-PCR, de las cuales 2193 resultaron positivas, registrándose mayor prevalencia en los meses de octubre 2020 y enero 2021 en Itapúa. La mayoría de los casos correspondieron al sexo femenino (54,17%). El 85,13% manifestó desarrollar síntomas. Los meses de picos máximos fueron octubre y enero. El rango etario con mayor porcentaje de infectados estuvo comprendido entre 21-30 años. Se identificaron los síntomas más frecuentes, entre ellos dolor de cabeza, congestión nasal, tos y dolor de garganta. La mediana de los valores de Ct disminuyeron en el mes de enero, los valores medios para los genes E y RdRp 2 fueron menores que los de los genes ORF1ab y N. De esta manera, se pudieron describir las características epidemiológicas de los pacientes positivos para la Covid-19 en el periodo analizado.

Palabras claves: Paraguay. Coronavirus. Covid-19. Epidemiología.

Área del conocimiento: Ciencias de la Salud. Medicina.

Correo de Correspondencia: mmgonzalez@postgrado.uni.edu.py

Conflictos de Interés: Las autoras declaran no tener conflictos de intereses

 Este es un artículo publicado en acceso abierto bajo una licencia Creative Commons CC-BY

Fecha de recepción: 25/07/2021

Fecha de Aprobación: 21/12/2021

Página Web: <http://publicaciones.uni.edu.py/index.php/rseisa>

Citación recomendada: González, M. M.; Dressler Sanabria, D. P.; Talavera Stéfani, L. N.; Caballero Gómez, S. V.; Arrúa Acosta, M. J. (2022). Características epidemiológicas de pacientes infectados con SARS-CoV-2 en Itapúa, periodo: agosto 2020 – enero 2021. Revista sobre estudios e investigaciones del saber académico (Encarnación), 16(16): e202205

Abstract

The pandemic caused by the SARS-CoV-2 virus, the triggering factor for the Covid-19 disease, starts in Wuhan, China. In Paraguay, the first case of Covid-19 infection was detected on March 7th, 2020. Since then, the number of cases raised month by month until the virus was spread around the entire country. The objective of this study was to evaluate the epidemiological characteristics of patients with SARS-CoV-2 virus in samples from the Molecular Biology Laboratory of the Regional Hospital of Encarnación, Itapúa-Paraguay from August 2020 until January 2021, using epidemiological data from the General Directorate of Health Surveillance. A descriptive, prospective, cross-sectional study was carried out, 11,400 samples identified by the qRT-PCR technique were processed, of which 2,193 were positive, with a higher incidence in the months of October 2020 and January 2021 in Itapúa. Most of the cases corresponded to the female sex (54.17%). The 85.13% of the patients exhibited symptoms. The months that registered peak cases were October and January. The age range with the highest percentage of infections was from 21 to 30 years old. The identified most frequent symptoms were headaches, nasal congestion, cough, and sore throat. The median of Ct values decreased in January, and the average values for E and RdRp 2 genes were lower than ORF1ab and N genes. On the whole, epidemiology characteristics of Covid-19 positive patients were described in the analyzed period.

Keywords: Paraguay, Coronavirus, Covid-19, Epidemiology.

Introducción

A finales del 2019 se reportó el brote ocasionado por el virus SARS-CoV-2 (*Severe Acute Respiratory Syndrome-CoV-2*) en Wuhan, causante de la enfermedad respiratoria denominada Covid-19 (*Corona Virus Disease* 2019; Millán-oñate *et al.*, 2021; OPS/OMS; Zhu *et al.*, 2020). Según el recuento de la Universidad Johns Hopkins de EE. UU, para el 31 de diciembre del 2020 más de 82,7 millones de personas se infectaron causando más de 1,8 millones de muertes por Covid-19 (Johns Hopkins University and Medicine 2020).

El primer caso de la Covid-19 en Paraguay fue notificado el 7 de marzo de 2020 por el Ministerio de Salud Pública y Bienestar Social. Con respecto al departamento de Itapúa, se diagnostica el primer caso el 05 de abril de 2020 y para inicios de noviembre, según el informe de la Séptima Región Sanitaria se reportaban 368 casos activos de Covid-19, siendo éste el único departamento que se encontraba con un ascenso de casos positivos.

Para finales de enero del año 2021, Itapúa se encontraba en el nivel de transmisión comunitaria 4, con un promedio de 300 casos nuevos confirmados cada dos semanas (MSPYBS 2020a).

En Itapúa, el laboratorio de Biología Molecular del Hospital Regional de Encarnación, es el encargado de la identificación del virus SARS-CoV-2 por medio de la técnica qRT-PCR. Esta técnica es la validada a nivel mundial para el diagnóstico de la Covid-19 (de Carvalho *et al.* 2020). Procesando en su mes de inicio 658 muestras, actualmente ya se encarga de más de 2500 muestras por mes gracias al aumento de las capacidades del laboratorio, tanto de recursos humanos como de infraestructura. Son procesadas muestras de todos los puntos del departamento, tanto de pacientes ambulatorios, internados y prequirúrgicos de diferentes instituciones de salud de Itapúa, así como a pacientes autorreportados a través del *call center*,

convirtiéndose de esta manera en un importante centro para el seguimiento de la evolución de los casos de la Covid-19.

Estudios epidemiológicos de los casos que se presentan en cada región, ciudad y centros de salud son importantes para el monitoreo de la pandemia (Barrientos-Gutiérrez *et al.* 2020) es por ello relevante evaluar las características epidemiológicas de los pacientes infectados con SARS-CoV-2 en muestras del laboratorio de Biología Molecular del Hospital Regional de Encarnación-Itapúa durante los meses de agosto 2020-enero 2021. Esta información podrá ayudar a tomar decisiones rápidas y poder vigilar las variaciones y las distintas formas de abordaje de los problemas en salud al tratarse de una enfermedad nueva y dinámica.

Materiales y métodos

Se realizó una investigación observacional descriptivo, prospectivo de corte transversal en el departamento de Itapúa-Paraguay. Se utilizaron datos del Laboratorio de Biología Molecular del Hospital Regional de Encarnación correspondientes al periodo agosto 2020 – enero 2021, incluyéndose pacientes de ambos sexos, de todas las edades con resultados positivos para SARS-CoV-2. Los datos epidemiológicos de los pacientes positivos se obtuvieron a partir la página de la Dirección General de Vigilancia de Salud (DGVS).

El laboratorio de Biología Molecular realizó la identificación viral a partir de muestras respiratorias mediante la técnica qRT-PCR. Se utilizó el Kit VIASURE, de agosto a enero 2021, y el kit STAT-NAT® Covid-19 B desde enero 2021. En el caso del primer kit, las regiones target se encuentran en los genes ORF1ab y N, mientras que, en el segundo, las regiones target se encuentran una en el gen E, y dos en el gen RdRP.

El criterio utilizado por el laboratorio para informar la detección del virus SARS-CoV-2 en la muestra

del paciente es la detección de alguna de las regiones target con un valor de $Ct \leq 38$, junto con criterios clínicos y epidemiológicos, este valor permite diagnosticar como positivo al paciente para la enfermedad de Covid-19. Se calculó la prevalencia de la Covid-19 en los diferentes sexos, y los meses con mayor frecuencia de la enfermedad. Se calcularon porcentajes para las variables categóricas y estadísticos descriptivos para las cuantitativas. Para el caso del Ct fueron representados los valores en un gráfico de cajas. El análisis se realizó utilizando el software Rstudio (vs 1.4.1106), paquete base y paquete ggplot2.

Resultados y discusión

El servicio de Biología Molecular del HRE procesó un total de 11400 muestras en el periodo incluido en el presente estudio, con una prevalencia del 22% (2510) de casos positivos para SARS-CoV-2. En este periodo se procesaron también muestras de otros departamentos, incluidos Central, Misiones y Caazapá, dichas muestras no fueron incluidas en el análisis. Del total de casos positivos que se detectaron en el laboratorio de Biología Molecular, el 87,37% (2193) correspondieron a pacientes residentes en el departamento de Itapúa (Tabla 1).

Tabla 1.
Resumen de muestras procesadas en el Laboratorio de Biología Molecular del HRE durante el periodo de estudio.

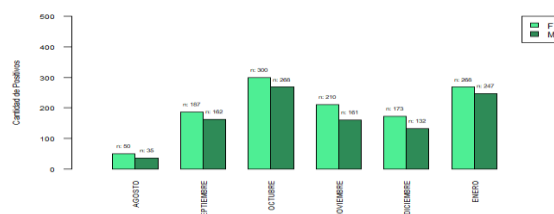
Año	Mes	Muestras procesadas	Positivos	Positivos-Itapúa	*NC	Negativos
2020	Agosto	658	85	85	0	573
	Septiembre	1397	359	349	0	1038
2020	Octubre	2273	607	568	80	1586
2020	Noviembre	2035	373	371	102	1560
2020	Diciembre	2437	487	305	85	1865
2021	Enero	2600	599	515	81	1929
		11400	2510	2193	348	8551

Fuente: Dirección General de Vigilancia de la Salud MSPyBS.

*NC: No concluyente.

En cuanto a la distribución por sexo de los casos positivos durante los meses estudiados se observa una mayor frecuencia en mujeres, hecho que se reporta en todos los meses que fueron incluidos en análisis (Figura 1). Correspondiendo al sexo femenino el 54,17% (1188) de los casos analizados, en concordancia con lo observado a nivel país, donde para enero del 2021, del total de casos confirmados a esa fecha (133.227) se describía una mayor prevalencia en mujeres (51%) que en hombres (49%) (MSPYBS 2021). En trabajos realizados en otros países de Sur América, como por ejemplo de los primeros 116 974 casos en Argentina, se observa un mayor porcentaje de casos en el sexo masculino 50,7% (59.056) (Rearte et al. 2020), coincidente con un trabajo realizado en el Hospital Clínico Universidad de Chile donde se registraron 768 hombres (56%) y 604 mujeres (44%) (Simian M. and Cifuentes D., 2020), en tanto que la Red Nacional de Vigilancia Epidemiológica de España reporta en enero que el 52,5% de los casos corresponde al sexo femenino (RENAVE 2021).

Figura 1.
Gráfico de barra con la distribución de casos positivos según sexo para los meses de agosto-enero.



Fuente: Dirección General de Vigilancia de la Salud MSPyBS.

Con respecto a la prevalencia en diferentes edades, los grupos de 21-30 y 31-40 años presentaron el mayor número de casos confirmados, en concordancia con lo reportado a nivel país (MSPYBS 2020b). Según los datos publicados por el *Chinese Center for Disease Control and Prevention* en febrero de 2020 la mayoría de los infectados estuvieron entre 30 y 69 años (77,8%), Team, (2021), mientras que en Argentina entre los primeros casos reportados al inicio de la pandemia, el grupo etario que presentó el mayor número de casos confirmados fue el de 30-39 años, con 26.232 (22,4%), Rearte et al. (2020), tendencia que coincide con el presente trabajo, indicando una mayor prevalencia en jóvenes adultos, probablemente debido a la mayor actividad social y laboral de los mismos y a las restricciones en cuanto a clases presenciales en los colegios, lo que limita la movilidad de los niños.

Al cotejar los datos del total de pacientes positivos para SARS-CoV-2 con sus respectivos informes en la dirección de vigilancia, se determinó que 1867 (85,13%) de ellos manifestaron tener síntomas, 185 (8,43%) fueron asintomáticos y 141 (6,42%) personas no contaban con datos respecto a la presencia o no de síntomas.

Los síntomas más comunes reportados en este estudio, dolor de cabeza, congestión nasal, tos, dolor de garganta, rinorrea, fiebre referida y mialgias, son la mayoría coincidentes con los reportados en diferentes estudios. Guan y colaboradores (2020), ya en noviembre de 2019 mencionan como síntomas más comunes a la fiebre (43,8%) y tos (67,8%), mientras que la diarrea se menciona como infrecuente (3,8%), lo cual también se pudo observar en el presente trabajo, donde dicho síntoma se presentó en el 15,09% de los casos. Es importante resaltar que para este estudio los datos fueron obtenidos de las fichas epidemiológicas de los pacientes, por lo que es importante tener en cuenta

que la frecuencia de reporte de síntomas puede estar sesgada ya que en muchas ocasiones los pacientes no son lo suficientemente claros y honestos con los síntomas a la hora de completar dichas fichas. Además, la anosmia y disgeusia no estaban contempladas entre los síntomas que se listaban en las fichas de los pacientes por lo que no pudieron ser incluidas dentro del estudio.

Desde agosto fueron utilizados los genes ORF 1ab y N para la identificación del SARS-CoV-2, un total de 1835 muestras fueron procesadas utilizando estos genes blancos, desde diciembre se inicia la utilización de los genes E y Rdrp, ambos test fueron utilizados en simultáneo desde diciembre hasta enero. Un total de 1835 muestras fueron procesadas con el primer abordaje y 343 utilizando el segundo en la figura 3 podemos observar un gráfico de cajas donde se representan los valores de Ct para cada uno de los genes según los meses analizados, en ambos casos se puede observar una disminución de la mediana del Ct en el transcurso de los meses, siendo el mes de enero el que tuvo una mediana de Ct menor en comparación con los otros meses.

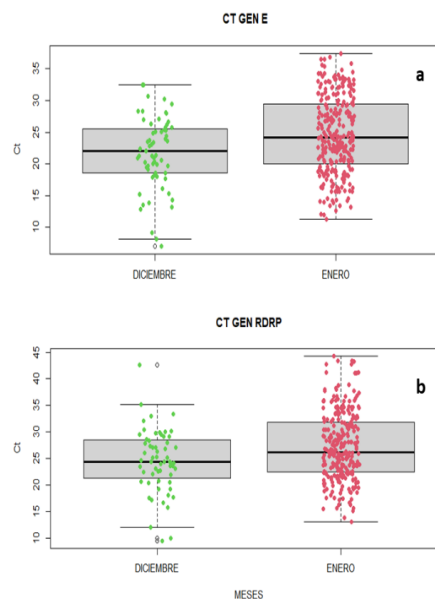
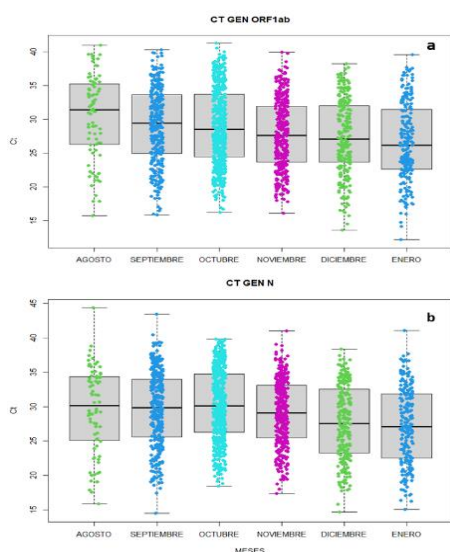
En cuanto a este trabajo y los valores de Ct de las personas infectadas, con ambas metodologías se observó un amplio rango entre las personas positivas en todos los meses, existiendo pacientes con valores de Ct extremos. Considerando lo mencionado en párrafos anteriores, y la utilización de este valor como un indicador de por ejemplo el nivel de contagiosidad y/o pronóstico clínico en determinadas situaciones, se considera importante la utilización de este valor por parte del médico, junto a otros criterios clínicos, en conjunto con otros datos importantes, como ser fechas de contacto o inicio de síntomas para tomar decisiones en cuanto a cada paciente, es importante resaltar que hasta este momento este valor no es descrito en los informes laboratoriales que emite el ministerio. También en pacientes hospitalizados por Covid-19, se menciona

que el valor de Ct al ingreso es una herramienta valiosa para predecir el desarrollo de insuficiencia respiratoria en los mismos, un estudio controlado, realizado en pacientes hospitalizados encontró asociación de valores de Ct por debajo de 25 con un mayor riesgo de insuficiencia respiratoria (de la Calle et al. 2021).

Si bien hay discrepancias entre la asociación del valor umbral (Ct) con la carga viral y su utilización en la determinación de la fase de la enfermedad y predicciones clínicas (Dahdouh et al. 2021; Kelleni 2021; Walsh et al. 2020), La Scola y colaboradores (2020), reportan que pacientes con valores de Ct mayores o iguales a 34 ya no son contagiosos mientras que en otros estudios mencionan que muestras con la variante S-variant SARS-CoV-2, linaje B.1.1.7, extendida en reino unido, estaba asociada con valores de Ct bajos para ORF1ab y N y cargas virales altas (Kidd et al. 2021). A pesar de que existe una gran variación de este valor en cada muestra, en los informes reportados por el Ministerio de Salud el mismo no es incluido.

Figura 2.

Boxplot de los genes utilizados para el diagnóstico. a) Genes ORF1ab y N según meses. b) Genes N y RdRP2 según meses.



Fuente: Dirección General de Vigilancia de la Salud MSPyBS.

Conclusión

Se describieron las características epidemiológicas de los pacientes positivos para la Covid-19 en el periodo analizado.

En todos los meses hubo una mayor prevalencia de mujeres, hecho atribuido a cuestiones socioculturales en cuanto a la predisposición a acudir a las consultas médicas y a realizarse la prueba qRT-PCR ante la presentación de síntomas sugerentes de Covid-19.

En el periodo analizado los picos de casos estarían relacionados con actividades sociales en fechas festivas.

El grupo etario más afectado son los jóvenes adultos, hecho atribuido a una mayor circulación y aglomeración de estos ya sean por motivos laborales, sociales o de estudio.

Se identificaron los síntomas más comunes autorreportados en las fichas epidemiológicas. Sin embargo, para realizar generalizaciones se sugiere la realización de un estudio interdisciplinario controlado que incluya un cuestionario orientado de

la sintomatología. Además, a fin de estimar correctamente el porcentaje de asintomáticos, se recomienda realizar el test a todos aquellos que reporten ser casos sospechosos y no solamente a aquellos que presenten síntomas.

Las personas infectadas presentaron valores de Ct variables, observándose un amplio rango en los resultados en todos los meses, considerando la utilidad de este valor, se destaca la necesidad de incluirlo en los informes laboratoriales para que el médico junto a otros criterios pueda utilizarlo como un indicador.

Se considera necesario realizar un seguimiento del comportamiento general de estos valores a lo largo de los meses, como un indicador de la introducción de posibles variantes, las cuales deben ser identificadas por secuenciación.

Bibliografía

Barrientos, T., Alpuche, C., Lazcano, E., Pérez, C., & Rivera, J. (2020). La Salud Pública En La Primera Ola: Una Agenda Para La Cooperación Ante Covid-19. *Salud Publica de Mexico* 62(5),598–606. doi: 10.21149/11606.

de Carvalho, A., Scavuzzi, V., Cezarotti, M., Cavalcanti P., Silveira, R., Timbó, F., Matos, T., et al. (2020). Epidemiology, Diagnosis, Treatment, and Future Perspectives Concerning SARS-COV-2: A Review Article [Epidemiología, Diagnóstico, Tratamiento y futuras perspectivas concernientes al SARS-COV-2: artículo de revisión]. *Revista Da Associacao Medica Brasileira* 66(3), 370–74. doi: 10.1590/1806-9282.66.3.370.

Dahdouh, E., F.; Lazaro, M.; Romero, J.; Mingorance, C., & Garcia, J. (2021). Ct Values from SARS-CoV-2 Diagnostic PCR Assays Should Not Be Used as Direct Estimates of Viral Load [valores de Ct de los

ensayos de PCR de diagnóstico de SARS-CoV-2 no deben usarse como estimaciones directas de la carga viral]. *Journal of Infection* 82(3), 414–51.

Guan, W., Zheng, N., Wen, L., Chun, O., Jian, H., Hong, L., Chun, L., et al. (2020). Clinical Characteristics of Coronavirus Disease 2019 in China [Características clínicas de la enfermedad del Coronavirus 2019 en China]. *New England Journal of Medicine* 382(18),1708–20. doi: 10.1056/nejmoa2002032.

Johns Hopkins University and Medicine. (2020). Coronavirus Resource Center. Retrieved (<https://coronavirus.jhu.edu/map.html>).

Kelleni, T. (2021). SARS CoV-2 Viral Load Might Not Be the Right Predictor of COVID-19 Mortality. [La carga viral del SARS CoV-2 podría no ser el predictor adecuado de la mortalidad por COVID-19] *Journal of Infection* 82(2):e35. doi: 10.1016/j.jinf.2020.08.018.

Kidd, M., Richter, A., Best, A., Cumley, N., Mirza, J., Percival, B., Megram, O. et al. (2021). S-Variant SARS-CoV-2 Lineage B.1.1.7 Is Associated with Significantly Higher Viral Loads in Samples Tested by ThermoFisher TaqPath RT-QPCR. [El linaje B.1.1.7 del SARS-CoV-2 variante S se asocia con cargas virales significativamente más altas en muestras analizadas por ThermoFisher TaqPath RT-QPCR] *The Journal of Infectious Diseases* 1–16.

de la Calle, C., Lalueza, A., Mancheño ,M., de la Calle, G., Lora, J., Arrieta, E., García, A. et al. (2021). Impact of Viral Load at Admission on the Development of Respiratory Failure in Hospitalized Patients with SARS-CoV-2 Infection [Impacto de la carga viral al ingreso en el desarrollo de insuficiencia respiratoria

- en pacientes hospitalizados con infección por SARS-CoV-2]. *European Journal of Clinical Microbiology and Infectious Diseases* (II). doi: 10.1007/s10096-020-04150-w.
- Millán, J., Rodríguez, A., Camacho, G., & Mendoza, H. (2021). A New Emerging Zoonotic Virus of Concern : The 2019 Novel Coronavirus (SARS CoV-2) [Un nuevo virus zoonótico emergente preocupante: el nuevo coronavirus de 2019]. *Infectio* 24(3), 187–92.
- Ministerio de Salud Pública y Bienestar Social. (2020^a). Pruebas Para La Detección de Antígenos de SARS-COV-2. Retrieved February 9, 2021 (<https://www.mspbs.gov.py/dependencias/portal/adjunto/06462e-DetecciondeAntigenos.pdf>).
- Ministerio de Salud Pública y Bienestar Social. (2020b). *REPORTE PARAGUAY MSPBS COVID19* (<https://www.mspbs.gov.py/dependencias/portal/adjunto/06470e-reportes.pdf>).
- Ministerio de Salud Pública y Bienestar Social. (2021). Reporte Coronavirus/COVID-19 en Paraguay del 31 de enero del 2021. Retrieved April 20, 2021 (<https://www.mspbs.gov.py/dependencias/portal/adjunto/a1685e-31deEnero.pdf>).
- OPS/OMS. (2020). Actualización Epidemiológica Nuevo Coronavirus (COVID-19). *Organización Panamericana de La Salud* 1–9.
- Rearte, A., Baldani, A., Barcena, P., Domínguez, C., Laurora, M., Pesce, M., Rojas, M. et al (2020). Características Epidemiológicas de Los Primeros 116 974 Casos de Covid-19 En Argentina, 2020. *Revista Argentina de Salud Pública* 12:1–9.
- RENAVE. (2021). *Informe N° 60. Situación de COVID-19 En España. Casos Diagnosticados a Partir 10 de mayo.*
- La Scola, B., Le Bideau, M., Andreani, J., Grimaldier, C., Colson, P., Gautret, P., & Raoult, D. (2020). Viral RNA Load as Determined by Cell Culture as a Management Tool for Discharge of SARS-CoV-2 Patients from Infectious Disease Wards [Carga de ARN viral determinada por cultivo celular como herramienta de gestión para el alta de pacientes con SARS-CoV-2 de salas de enfermedades infecciosas]. *European Journal of Clinical Microbiology and Infectious Diseases* 39(6):1059–61. doi: 10.1007/s10096-020-03913-9.
- Simian M, & Cifuentes, M. (2020). Caracterización Epidemiológica de Pacientes Con Covid-19 En El Hospital Clínico Universidad de Chile. *Rev. Hosp. Clin. Univ. Chile* 31(2), 103–8.
- Team, The Novel Coronavirus Pneumonia Emergency Response Epidemiology. (2021). The Epidemiological Characteristics of an Outbreak of 2019 Novel Coronavirus Diseases (COVID-19) [Las características epidemiológicas de un brote de nuevas enfermedades por coronavirus de 2019] *China CDC* 2:3.
- Walsh, A., Jordan, K., Clyne, B., Rohde, D., Drummond, L., Byrne, P., Ahern, S. et al. (2020). SARS-CoV-2 Detection, Viral Load and Infectivity over the Course of an Infection [Detección de SARS-CoV-2, carga viral e infectividad durante el curso de una infección]. *Journal of Infection* 81(3), 357–71. doi: 10.1016/j.jinf.2020.06.067.
- Zhu, N., Zhang, D., Wang, W., Li, X., Yang, B., Song, J., Zhao, J. et al (2020). A Novel Coronavirus from Patients with Pneumonia in China, 2019. [Un nuevo coronavirus de

González, M. M.; Dressler Sanabria, D. P.; Talavera Stéfani, L. N.; Caballero Gómez, S. V.; Arrúa Acosta, M. J. Características epidemiológicas de pacientes infectados con SARS-CoV-2 en Itapúa, periodo: agosto 2020 – enero 2022

pacientes con neumonía en China, 2019].

New England Journal of Medicine

382(8):727–33. doi: 10.1056/nejmoa2001017.