



TÍTULO	Otra década, otro coronavirus (Another decade, another coronavirus)
AUTORES	Stanley Perlman
REVISTA	The New England Journal of Medicine
FECHA	20 febrero 2020
ORIGEN	China
RESUMEN	<p>Objetivo: Realizar una revisión del comportamiento de los virus respiratorios emergentes como SARS, MERS y COVID-19 que han sucedido en estas últimas décadas.</p> <p>Material y métodos: Revisión de los virus emergentes que han causado brotes como el síndrome respiratorio agudo severo SARS-COV, síndrome respiratorio del Medio Oriente MERS-COV y 24 de enero se identificó a COVID19 con 800 casos y una tasa de mortalidad del 3%.</p> <p>Resultados: Esta es la tercera vez que un coronavirus de origen zoonótico infecta a poblaciones humanas. COVID-19 se identificó en Wuhan, China en personas expuestas en un mercado de mariscos y animales exóticos. Se secuenció el genoma viral el cual es 75 a 80% idéntico al SARS-COV y con varios coronavirus de murciélagos; esta relación se estableció ya que afecta al mismo receptor (enzima convertidora de angiotensina humana 2 -hACE2-) y al unirse mejor a su receptor optimiza la replicación y mejora la virulencia.</p> <p>Los eventos de concentración se vieron implicados en la transmisión del COVID-19. Realizar control de la infección tanto en la población como en los hospitales.</p> <p>Conclusiones: Ante el surgimiento de nuevos virus respiratorios emergentes se deben realizar medidas de salud pública, la valoración de una cuarentena, enfocados en un diagnóstico oportuno y estricto cumplimiento de las precauciones universales en los entornos de atención médica para la exitosa reducción de la transmisión.</p>

1





<p>HALLAZGOS CLAVE</p>	<p>Es probable que COVID-19 se comporte como SARS-COV. Se ha identificado que hace una mejor unión a hACE2, con una gran probabilidad de que el virus se disemine sistémicamente.</p>
<p>DATOS SECUNDARIOS</p>	<ul style="list-style-type: none"> • La transmisión es de persona a persona por medio de grandes gotas, aerosoles y fómites. • Se identificó que COVID-19 crece mejor en células epiteliales de las vías respiratorias humanas que en células de cultivo de tejido. • La identificación del virus permitirá el desarrollo de reactivos diagnósticos y desarrollo de terapias antivirales. • La secuencia del genoma facilita el desarrollo de ensayos cuantitativos con RT-PCR para el diagnóstico temprano y ensayos serológicos para evaluar la infección en humanos y fuentes de zoonosis. • SARS-COV y MERS-COV infectan las células epiteliales de las vías respiratorias inferiores, por consecuencia, la transmisión será mayor cuando los pacientes presenten sintomatología clínica. • La adaptación de coronavirus es por el ARN polimerasa, por lo que puede sufrir mutaciones y eventos de recombinación. • La obtención de muestra de autopsias ayudará a establecer la patogénesis de la infección. • Se identifica como posible origen zoonótico del virus por medio de murciélagos.
<p>CITA</p>	<p>Perlman S. Another Decade, Another Coronavirus. New England Journal of Medicine. 2020;382(8):760–2.</p>
<p>DESCARGA</p>	<p>https://www.nejm.org/doi/full/10.1056/NEJMe2001126</p>

2

Fin del documento

Fuente:

NEJM

