



PANDEMIA COVID-19: EMERGENCIA MUNDIAL

CARRAL LÓPEZ, JESÚS ALFONSO¹; RODRÍGUEZ OSORIO, MAURICIO¹; COSME

CHÁVEZ, MONTSERRAT¹; SEDEÑO MONGE, VIRGINIA¹

¹ FACULTAD DE MEDICINA, UNIVERSIDAD POPULAR AUTÓNOMA DEL ESTADO DE PUEBLA.

alfonso.flores01@upaep.edu.mx

INTRODUCCIÓN

Un nuevo brote de coronavirus, causante de epidemia por neumonía se inició el 8 de diciembre de 2019 en Wuhan, Hubei China, el 31 de diciembre reportaron los casos a la Organización Mundial de la Salud (OMS), y la secuencia del genoma completo de una nueva cepa de virus coronaviridae, llamado inicialmente 2019-nCoV (SARS-CoV-2 por el Comité de Taxonomía de virus). Por la tasa de letalidad e incidencia el 13 de febrero de 2020, la OMS declaró a la enfermedad causada por este virus llamada COVID-19 como emergencia de salud pública mundial (1). Por la similitud (96% de identidad) entre el coronavirus del murciélago y 2019-nCoV se reportó que probablemente los murciélagos sean los principales reservorios; especulándose que SARS CoV fue transmitido a humanos de animales exóticos en el brote hace 18 años (3). En México el 28 de febrero se confirmó el primer caso (2).

OBJETIVO

Dar a conocer los principales datos epidemiológicos y estructurales de SARS-CoV-2. Los coronavirus pertenecen al orden Nidovirales, familia *Coronaviridae*, y subfamilia *Coronaviridae*, esta última dividida en 4 géneros: Alfa, Beta, Gamma y Delta. Seis especies de betacoronavirus afectan humanos, 4 causan síntomas de resfriado común, las otras dos especies; coronavirus del síndrome respiratorio agudo severo (SARS-CoV) y coronavirus del síndrome respiratorio de medio oeste (MERS-CoV) son zoonóticos, y fueron los patógenos responsables de las pandemias de 2002 en China y 2012 en Medio Oriente, respectivamente. Los coronavirus son virus envueltos con diámetro de 60 a 100 nm, forma redonda u oval, genoma ARN cadena simple, sentido positivo, con un peso de 60 a 30 Kb; codifica cuatro proteínas estructurales: glicoproteína espiga (S), de envoltura (E), de membrana (M) y nucleocápside (N) y 16 proteínas no estructurales que participan



en la transcripción y replicación viral como helicasa y ARN polimerasa dependiente de ARN. La proteína S se enlaza al receptor humano funcional; enzima convertidora de angiotensina (ECA2), expresado en pulmón, corazón, riñón e intestino. El virus invade membranas mucosas, ingresando a los pulmones y órganos que expresan ACE2, causando la llamada "tormenta de citocinas", provocando daño tisular extenso, dificultad respiratoria aguda e insuficiencia orgánica múltiple. Las manifestaciones clínicas más comunes en pacientes con SARS-CoV-2 son: fiebre (85-95%), fatiga (70%), tos seca (59%), mialgias (35%), anorexia (40%), cefalea, dolor de garganta, esputo, hemoptisis y diferentes síntomas en aparatos y sistemas, los síntomas de gravedad suelen ser disnea, hipoxia y llegando a grados letales como sepsis, shock séptico consecuente a neumonía bilateral; se pueden presentar complicaciones como coagulopatías, rhabdomiólisis, hiponatremia y acidosis. Los síntomas que ayudan a diferenciar entre SARS y MERS son náuseas, vómitos y diarrea (4).

Se han descrito posibles tratamientos, como inhibidores de: glicosilación (Cloroquina e hidroxiclороquina), de proteasas (Lopinavir, ritonavir), de la fusión de membranas hospedero-virus (Umifenovir) y de la polimerasa; Favipavir, remdesivir, además de plasmas convalecientes de pacientes recuperados, siendo estos dos últimos los más prometedores hasta el momento.

Palabras clave: coronavirus, ACE2, síntomas, tratamiento

REFERENCIAS

- [1] Mahase E. China coronavirus: WHO declares international emergency as death toll exceeds 200. BMJ. 2020;368:m408, doi:10.1136/bmj.m408
- [2] Lineamiento estandarizado para la Vigilancia Epidemiológica y por Laboratorio de Enfermedad por 2019-NCOV. Secretaría de Salud. Subsecretaría de Prevención y Promoción de la Salud. Dirección General de Epidemiología. 2020. [Internet] [Fecha de acceso 8 de febrero 2020] Disponible en: www.gob.mx/salud
- [3] Zhou P, Yang X-L, Wang X-G, Hu B, Zhang L, Zhang W, et al. A pneumonia outbreak associated with a new coronavirus of probable bat origin. Nature. 2020, doi:10.1038/s41586-020-2012



- [4] Gulati A, Pomeranz C, Qamar Z, et al. A Comprehensive Review of Manifestations of Novel Coronaviruses in the Context of Deadly COVID-19 Global Pandemic [published online ahead of print, 2020 May 11]. *Am J Med Sci.* 2020;doi:10.1016/j.amjms.2020.05.006