TÍTULO	**Infecciones por coronavirus - más que un resfriado común.** (Coronavirus Infections-More Than Just the Common Cold).
AUTORES	Catharine I. Paules, Hilary D. Marston, Anthony S. Fauci.
REVISTA	Journal of the American Medical Association
ORIGEN	China
RESUMEN	**Objetivo:** Proporcionar información relacionada con el origen y la naturaleza de COVID-19, así como sobre su evolución en el tiempo. **Material y métodos:** Durante muchos años, el coronavirus humano (HCoV) fue considerado un patógeno intrascendente que causaba el típico resfriado común en personas sanas. Sin embargo, en el siglo XXI, 2 HCoV altamente patógenos surgieron de reservorios animales y han causado epidemias mundiales con tasas de mortalidad y morbilidad alarmantes. En diciembre de 2019, una nueva especie de coronavirus, al cual denominaron SARS CoV-2, fue reconocido en Wuhan, China y hasta el momento sigue causando graves padecimientos y muertes. Al ser un virus nuevo, hay poco conocimiento sobre él y ha evolucionado muy rápido. Lo que se sabe de los coronavirus es que son virus ARN positivos, grandes y envueltos, que se pueden dividir en 4 géneros: alfa, beta, delta y gamma; de los cuales, alfa y beta tienen la capacidad de infectar a los humanos. Cuatro especies de coronavirus (HCoV 229E, NL63, OC43, and HKU1) son endémicas y representan de 10 a 30% de las infecciones del tracto respiratorio superior en adultos. En el siglo XXI se han presentado 3 brotes de coronavirus que, debido a su veloz transmisión, se han convertido en pandemias, provocando un importante número de muertes. En el anexo único se muestra una tabla con la información más relevante sobre cada uno de los 3 coronavirus mencionados. **Resultados:** Dadas las similitudes encontradas entre el nuevo coronavirus SARS CoV-2 y las enfermedades respiratorias anteriores provocadas por SARS-CoV y MERS-CoV, los investigadores biomédicos, decidieron utilizar estas dos últimas como prototipos, es decir, fungen como base para tomar medidas tanto de prevención como de desarrollo de

Autoría del documento: Luz Elizabeth Ortiz Guzmán. **Edición:** Isaac Deneb Castañeda Alcántara. **Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Anáhuac México**. Descargado de: Observatorio Anáhuac de Salud Pública, 2020. Atribución No Comercial 2.5 México (CC BY-NC 2.5 MX). Usted es libre de compartir, copiar y redistribuir este material en cualquier medio o formato, adaptar, transformar y construir a partir de este material original, bajo los siguientes términos: **Atribución.** Debe dar crédito de manera adecuada e indicar si se han realizado cambios. Puede hacerlo en cualquier forma razonable, pero no de forma tal que sugiera que usted es propietario de la información. **No Comercial**. Usted no puede hacer uso del material con propósitos comerciales. Catedra Carlos Peralta en Salud Pública. Contacto: arturo.cervantes@anahuac.mx; isaac.castaneda@anahuac.mx

FUENTE: CDC Centers for Disease Control and Prevention

	equipos para obtener pruebas de diagnóstico del virus, con la finalidad de reconocer de manera temprana los casos que se presenten y aislarlos adecuadamente. **Conclusiones:** A pesar de que la trayectoria de este nuevo brote es impredecible, es importante considerar que para tener respuestas efectivas y reducir al máximo el número de contagios y muertes a nivel global, es necesario que los sistemas de salud pública desarrollen e implementen estrategias de prevención efectivas de manera oportuna, ya que con los 3 brotes mencionados, queda demostrado que aun cuando se conoce una familia viral, ésta puede evolucionar al grado que puede convertirse en una enfermedad infecciosa emergente, por la cual los sistemas de salud pública del mundo deben estar preparados para combatirla.
HALLAZGOS CLAVE	En los 3 tipos de epidemias, se identificó que el reservorio principal de los coronavirus es el murciélago y la transmisión se dio por el contacto de este animal con los humanos.
DATOS SECUNDARIOS	• La pérdida económica mundial derivada de la pandemia de SARS-CoV en 2003 se estima en hasta 100 billones de dólares. • Se está evaluando la actividad de algunos antivirales de amplio espectro tales como el remdesivir (inhibidor de la ARN polimerasa), lopinavir/ritonavir e interferón beta. Anteriormente fueron probados en modelos animales para controlar el MERS-CoV. • Durante el SARS, los investigadores pasaron de obtener la secuencia genómica de SARS-CoV a un ensayo clínico de fase 1 de una vacuna de ADN en 20 meses y desde entonces se ha comprimido esa línea de tiempo a 3.25 meses para otras enfermedades virales. Para SARS CoV-2, esperan moverse aún más rápido, utilizando tecnología de vacuna derivada de un ARN mensajero (ARNm). • Científicos del Instituto Nacional de Alergias y el Centro de Investigación de Enfermedades Infecciosas y Vacunas han utilizado modelos de aproximación de vacunas que habían utilizado para SARS-Cov y MERS-CoV. • Algunos investigadores se están preparando para construir vectores virales y vacunas de subunidades.

Autoría del documento: Luz Elizabeth Ortiz Guzmán. **Edición:** Isaac Deneb Castañeda Alcántara. **Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Anáhuac México**. Descargado de: Observatorio Anáhuac de Salud Pública, 2020. Atribución No Comercial 2.5 México (CC BY-NC 2.5 MX). Usted es libre de compartir, copiar y redistribuir este material en cualquier medio o formato, adaptar, transformar y construir a partir de este material original, bajo los siguientes términos: **Atribución.** Debe dar crédito de manera adecuada e indicar si se han realizado cambios. Puede hacerlo en cualquier forma razonable, pero no de forma tal que sugiera que usted es propietario de la información. **No Comercial**. Usted no puede hacer uso del material con propósitos comerciales. Catedra Carlos Peralta en Salud Pública. Contacto: arturo.cervantes@anahuac.mx; isaac.castaneda@anahuac.mx

FUENTE: CDC Centers for Disease Control and Prevention

CITA	Paules C, Marston H, Fauci A. Coronavirus Infections - More Than Just the Common Cold pdf icon [2 pages]. JAMA. Published online January 23, 2020. DOI: 10.1001/jama.2020.0757.
DESCARGA	https://jamanetwork.com/journals/jama/fullarticle/2759815

Anexo único. Datos sobre origen y esparcimiento de diferentes variantes de coronavirus en el siglo XXI.

Nombre específico	Especie involucrada	Año	Vector	Lugar	Forma de Propagación	Síntomas comunes	Índice de mortalidad	Infectados a nivel mundial	Muertes a nivel mundial
SARS-CoV	SARS (Síndrome Respiratorio Agudo Grave) betaHCoV	2002	Contacto humano-animal en un mercado	Guangdong Province, China	Viajes internacionales	• Fiebre • Tos • Disfemia • Diarrea líquida	10%	8,098	774
MERS-CoV	MERS (Síndrome Respiratorio de Oriente Medio) beta-CoV	2012	Esputo de un hombre en Arabia Saudita que murió por falla respiratoria	Arabia Saudita	NA	• Pulmonía atípica • Falla aguda en riñones • Síntomas gastrointestinales	36%	2,494	858
2019-nCoV	SARS (Síndrome Respiratorio de Oriente Medio) nCoV	2019	Personas que acudieron a un mercado de mariscos con especies vivas	Wuhan, China	Viajes internacionales	• Fiebre • Tos • Dolor de garganta • Diarrea	Por definir	Por definir	Por definir

Fin de documento

Autoría del documento: Luz Elizabeth Ortiz Guzmán. **Edición:** Isaac Deneb Castañeda Alcántara. **Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Anáhuac México**. Descargado de: **Observatorio Anáhuac de Salud Pública, 2020.** Atribución No Comercial 2.5 México (CC BY-NC 2.5 MX). Usted es libre de compartir, copiar y redistribuir este material en cualquier medio o formato, adaptar, transformar y construir a partir de este material original, bajo los siguientes términos: **Atribución.** Debe dar crédito de manera adecuada e indicar si se han realizado cambios. Puede hacerlo en cualquier forma razonable, pero no de forma tal que sugiera que usted es propietario de la información. **No Comercial**. Usted no puede hacer uso del material con propósitos comerciales. Catedra Carlos Peralta en Salud Pública. Contacto: arturo.cervantes@anahuac.mx; isaac.castaneda@anahuac.mx

FUENTE: CDC Centers for Disease Control and Prevention