

UNIVERSIDAD DEL SURESTE

UNIDAD A EVALUAR:

UNIDAD 2

MATERIA:

EPIDEMIOLOGÍA II

TEMA DEL TRABAJO:

ENSAYO DE SARS-COV-2

FECHA DE ENTREGA:

30/09/2020

NOMBRE DEL DOCENTE:

SAMUEL ESAU FONSECA FIERRO

NOMBRE DE LA ALUMNA:

JALIXA RUIZ DE A CRUZ

INTRODUCCIÓN.

Los coronavirus fueron descubiertos como patógenos humanos importantes en la década de 1960 animales que causan diversas enfermedades que pueden ir desde un resfriado común hasta una Infección pulmonar. A diciembre de 2019, se habían identificado seis tipos de coronavirus que podrían hacer esto. Causar enfermedades en los seres humanos, incluida la causa de los dos brotes epidémicos. Atrás: el coronavirus del SARS, que apareció por primera vez en 2002, y el MERS-CoV identificado por primera vez en el Medio Oriente en 2012. Finales de diciembre de 2019 identificó un nuevo coronavirus causante de un grupo de casos de neumonía en Wuhan, capital de la provincia de Hubei en China, es como la llama la organización mundial Salud (OMS) en febrero de 2020, Síndrome respiratorio agudo severo Coronavirus 2 (SARS-CoV-2) y la enfermedad que causa COVID-19, que significa enfermedad por coronavirus 2019. Se propagó rápidamente desde Wuhan, causando inicialmente una epidemia, China seguida de un número creciente de casos en todo el mundo, causó la pandemia y emergencia sanitaria actual.

Análisis del genoma del coronavirus SARS-CoV-2, responsable de la enfermedad COVID-19, ha dado respuesta a algunas interrogantes sobre el virus, pero queda por aclarar una de las principales interrogantes, de dónde vino exactamente. Menos de dos meses después del primer caso registrado de una persona infectada con SARS-Cov-2, fueron claramente marcados como coronavirus al analizar la secuencia del virus. Este tipo de virus tiene la capacidad de saltar de una especie a otra y adaptarse, dando lugar a enfermedades infecciosas conocidas como zoonosis, que indican un posible origen animal del virus. De hecho, varios investigadores ya habían advertido que la capacidad de saltar de un tipo de coronavirus a otro es una bomba de tiempo que podría desencadenar una pandemia como la que nos afecta en cualquier momento.

La caracterización del SARS-CoV-2 como coronavirus también confirmó las primeras hipótesis de que el virus podría haberse originado en un mercado de Wuhan que vendía vida silvestre. Desafortunadamente, con el mercado degradándose poco después de que comenzara el brote, fue imposible investigar completamente qué animal podría ser la fuente de infección.

Sin la capacidad de comparar el genoma del SARS-CoV2 con muestras de animales de mercado, los investigadores recurrieron a las bases de datos. El siguiente paso para evaluar el origen del SARS-CoV-2 fue comparar su secuencia con la de otros coronavirus que ya se han identificado en humanos u otras especies de mamíferos. Esta comparación ha aportado información muy relevante sobre sus posibles orígenes, pero también ha suscitado nuevas interrogantes sobre cómo sucedió. Los primeros candidatos de los que provino el SARS-CoV-2 fueron los murciélagos. Estos animales son un reservorio muy importante de coronavirus, y se han encontrado coronavirus muy similares al SARS-CoV-2 en muestras derivadas del SARS-CoV-2. Sin embargo, no se pudo establecer una relación directa entre estos coronavirus y el SARS-CoV-2, lo que indica un posible hospedador intermediario. Un posible candidato es el pangolín. Se han identificado coronavirus que son muy similares al SARS-CoV-2 a partir de muestras de pangolines que han sido rescatados del comercio ilegal, especialmente en un área crítica para la unión del

virus a la célula huésped. Este resultado sugiere que el pangolín es una especie intermedia.

"El papel que jugaron los pangolines en la causa del SARS-CoV-2 (la causa del COVID-19) aún no está claro", dijo Edward Holmes, virólogo evolutivo de la Universidad de Sydney que ayudó a caracterizar la enfermedad, fue el genoma del virus y la investigación sobre su origen. "Es notable, sin embargo, que los virus del pangolín contienen algunas regiones genómicas que están estrechamente relacionadas con el virus humano".

Para abordar el problema, será necesario tomar muestras de coronavirus de murciélagos en la región de Hubei, donde se originó la pandemia COVID-19, así como nuevas muestras de pangolines u otras especies. Aunque todo apunta al virus SARS-CoV-2, que se transmite de un animal, se desconocen los pasos exactos. En la historia de la evolución del virus, todavía faltan partes para dar una imagen detallada de lo que sucedió en cada etapa. Por ejemplo, el genoma de los coronavirus derivados del pangolín muestra una variación en el dominio de unión de la proteína S, que participa en la unión y entrada en las células huésped. Este rasgo también está presente en el SARS-CoV-2 de origen humano, pero no en coronavirus similares aislados de murciélagos. Esto ayudaría al virus a saltar primero de murciélago a pangolín, obtener ese cambio y luego saltar a los humanos. El acertijo sobre el origen del SARS-CoV-2 está incompleto. Holmes espera que el análisis del genoma de otros coronavirus obtenidos de otras especies pueda proporcionar nueva información que agregue algunas de las piezas que faltan en la historia del virus. Hasta ahora, el análisis genómico de muestras ambientales del mercado ha revelado muestras de virus similares a las de los primeros pacientes de Wuhan. Sin embargo, quedan algunas incógnitas. Por ejemplo, Holmes señala que no todos los primeros casos de infecciones virales se asociaron con este mercado. Por tanto, los orígenes del virus pueden ser más complejos.

Una tormenta epidemiológica perfecta. Así es como Holmes y Yong-Zhen Zhang, investigadores de la Universidad Fudan en Shanghai, China, describen COVID-19, la enfermedad causada por el SARS-CoV-2. Ambos autores destacan dos

características del coronavirus que contribuyeron a su nombre: tiene la capacidad de saltar entre especies y es un virus respiratorio altamente virulento.

La capacidad de los coronavirus para saltar de una especie a otra sugiere que el SARS-CoV-2 no será el último en hacer esto. Con esto en mente, investigar el coronavirus SARS-CoV-2 es vital para estar preparados para el futuro.

Holmes y Zhang ya han desarrollado algunos pasos que deben tomarse para prevenir futuras pandemias de coronavirus. Estos incluyen el monitoreo de coronavirus en varias especies de mamíferos, la adopción de medidas contra el comercio ilegal de vida silvestre exótica y la eliminación de mamíferos y aves silvestres de los mercados.

CONCLUSION.

Esta nueva enfermedad, producida por un virus perteneciente al género coronavirus, fue la primera enfermedad viral de tipo epidémico diagnosticada en un tiempo récord gracias a la colaboración de científicos de varios países. Asimismo, fue extraordinariamente posible desarrollar el genoma del virus y con medidas de control tan simples y antiguas como la cuarentena se logró controlar y prevenir la propagación en muchos lugares. Aunque ha causado pánico y ansiedad en todo el mundo, ha habido relativamente pocos casos de SARS-CoV-2 y un número limitado de muertes en comparación con el virus de inmunodeficiencia humana, la tuberculosis, la malaria y la influenza.

BIBLIOGRAFÍA: Amparo tolosa. (01 de abril 2020). acontando el origen del coronavirus SARS-CoV-2. 30/09/2020, de Genotipia Sitio web: <https://genotipia.com/categoria/coronavirus/page/4/>