

Coronavirus 2020

Angélica Gonçalves Silva Belasco^I

ORCID: 0000-0002-0307-6225

Cassiane Dezoti da Fonseca^{II}

ORCID: 0000-0002-2118-8562

^IProfesor asociado del Departamento de Enfermería Clínica y Quirúrgica de la Escola Paulista de Enfermagem de la Universidade Federal de São Paulo. São Paulo, São Paulo, Brasil.

^{II}Profesor Adjunto del Departamento de Enfermería Clínica y Quirúrgica de la Escola Paulista de Enfermagem de la Universidade Federal de São Paulo., São Paulo, Brasil.

Cómo citar este artículo:

Belasco AGS, Fonseca CD. Coronavirus 2020.
Rev Bras Enferm. 2020;73(2):e2020n2.
doi: <http://dx.doi.org/10.1590/0034-7167-2020730201>

Autor correspondiente:

Angélica Gonçalves Silva Belasco
E-mail: abelasco@unifesp.br

Las enfermedades infecciosas emergentes y reemergentes son desafíos constantes para la salud pública en todo el mundo. Los casos recientes de neumonía de causa desconocida en Wuhan, China, han llevado al descubrimiento de un nuevo tipo de Coronavirus (2019-nCoV), que son virus de RNA envueltos, comúnmente encontrados en humanos, otros mamíferos y aves, capaces de causar enfermedades respiratorias, entérico, hepático y neurológico⁽¹⁾.

Hasta la fecha, hay seis especies conocidas de Coronavirus que causan enfermedades en humanos. Cuatro de estos (229E, OC43, NL63 y HKU1) causan síntomas comunes de gripe en personas inmunocompetentes, y dos especies (SARS-CoV y MERS-CoV) causan síndrome respiratorio agudo severo con altas tasas de mortalidad⁽²⁾.

Es probable que otros coronavirus afecten periódicamente a los humanos debido a la alta prevalencia de infecciones, la distribución generalizada del virus, la diversidad genética, la recombinación frecuente de coronavirus y el aumento de la interfaz humano-animal⁽¹⁻²⁾.

El 2019-nCoV, llamado *Novel Coronavirus-Infected Pneumonia* (NCIP), se confirmó mediante lavado broncoalveolar, secuenciación del genoma completo, PCR y cultivo en pacientes hospitalizados en Wuhan, China. El análisis completo del genoma del virus lo enmarcó en el género beta-coronavirus, que también incluye SARS-CoV, descubierto en humanos, murciélagos y otros animales salvajes⁽³⁾.

Con respecto a las características epidemiológicas y clínicas de los casos confirmados de 2019-nCoV en la ciudad de Wuhan, China, una cohorte retrospectiva de 41 pacientes demostró que el 66% (27 pacientes) tenía contacto directo con un gran mercado de mariscos y animales. La edad promedio fue de 49 años, con una prevalencia masculina. Se consideraron signos y síntomas importantes de 2019-nCoV: fiebre (98%), tos seca (76%), disnea (55%), mialgia o fatiga (44%) y linfopenia (63%)⁽⁴⁾.

En este contexto, las secreciones respiratorias se consideraron el principal medio de propagación del virus. El análisis de cultivo de células epiteliales de las vías respiratorias humanas, la microscopía electrónica y la secuenciación completa del genoma del cultivo sobrenadante se compartieron con la Organización Mundial de la Salud, con el objetivo de vigilar y detectar la infección de 2019-nCoV a nivel mundial y en China⁽¹⁾.

En resumen, la evolución viral y la patogenicidad de 2019-nCoV aún se desconocen. Aunque con una baja letalidad de alrededor del 3%, la transmisibilidad es alta⁽¹⁾. Sin embargo, los estudios infieren la posible transmisibilidad animal-humano y humano-humano.

Por lo tanto, la ausencia de vacuna contra 2019-nCoV refuerza entre la población, en general, la adopción de medidas para prevenir la infección, recomendadas por la OMS, como la higiene de manos, evitar ambientes cerrados y el contacto con personas de la región donde el brote ha comenzado. Para los profesionales de salud, el uso de gafas o careta, mascarilla quirúrgica/N95, delantal, guante de procedimiento y lavado de manos debe usarse para brindar asistencia a casos sospechosos o confirmados de infección para 2019- nCoV.

REFERENCIAS

1. Zhu N, Zhang D, Wang W, Xingwang Li, Yang B, Song J, et al. A novel Coronavirus from patients with pneumonia in China, 2019. *N Eng J Med* 2020; 1-7. doi: 10.1056/NEJMoa2001017
 2. Cui J, Li F, Shi ZL. Origin and evolution of pathogenic coronaviruses. *Nat Rev Microbiol* 2019; 17: 181-92. doi: 10.1038/s41579-018-0118-9
 3. Tan WJ, Zhao X, Ma XJ. A novel coronavirus genome identified in a cluster of pneumonia cases: Wuhan, China 2019-2020. *China CDC Weekly* 2020;2:61-2. doi: 10.1056/NEJMoa2001017
 4. Huang C, Wang Y, Li X, Ren L, Zhao J, Hu Y, et al. Clinical features of patients infected with 2019 novel coronavirus in Wuhan, China. *Lancet*. 2020;pii:S0140-6736(20)30183-5. doi: 10.1016/S0140-6736(20)30183-5
-