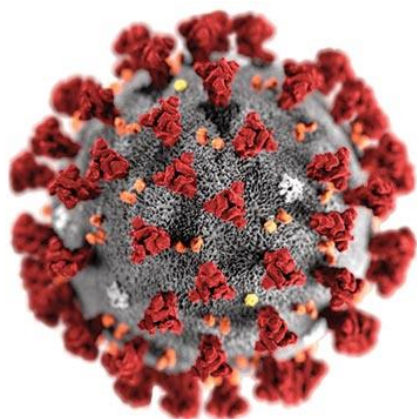


## ИНФОРМАЦИЯ

### КАКВО ЗНАЕМ ВЕЧЕ ЗА НОВИЯ КОРОНАВИРУС SARS-CoV-2, ПРИЧИНИТЕЛ НА ЕПИДЕМИЯТА ОТ ОСТЪР РЕСПИРАТОРЕН СИНДРОМ COVID-19

(към 21.02.2020 г.)



SARS-CoV-2

### According to WHO

The disease caused by  
Novel Coronavirus, SARS-CoV-2

is now officially called

# COVID-19

CO - Corona  
VI - Virus  
D - Disease

[www.microbenotes.com](http://www.microbenotes.com)



### Преглед

*Избухването на епидемията от тежък остър респираторен синдром, причинена от новия коронавирус SARS-CoV-2 (2019-nCoV) е важно напомняне, че глобалната общност трябва да засили националните и международните програми за ранно откриване и отговор на бъдещи огнища на болести.*

### Ролята на геномното секвениране при огнища на вирусни заболявания

Секвенирането на нови вируси помага да се премахне страхът от неизвестното чрез определяне на вирусната геномна последователност и нейното разчитане. Въпреки че са изминали само два месеца от първия доклад на Световната здравна организация (СЗО) за SARS-CoV-2<sup>1</sup> и има още много неизвестни, за този кратък период от време съвременната технология е идентифицирала и характеризирала вируса, секвенирала е пълния му геном и е започнала да описва генетичната еволюция на вируса:

- На 24 януари 2020 г. първата геномна последователност на SARS-CoV-2 е публикувана в New England Journal of Medicine<sup>2</sup>. За първи път в историята на науката пълна секвенция на генома на нов инфекциозен агент е публично достъпна толкова кратко време след първия обявен от СЗО случай.

<sup>1</sup> World Health Organization. Novel Coronavirus (2019-nCoV) situation report 1. January 21, 2020

<sup>2</sup> Zhu et al. A Novel Coronavirus from Patients with Pneumonia in China, 2019. NEJM January 24, 2020

- Към 7 февруари 2020 г. над 80 геномни секвенции на SARS-CoV-2 са публикувани в Глобалната инициатива за споделяне на всички данни за грипни вируси (GISAID) и GenBank, което ще катализира изследванията до разкриване на произхода на новия вирус, епидемиологията и пътищата на предаването му, и ще улесни разработването на диагностични и лечебни стратегии<sup>3</sup>. Толкова ранното разчитане на генома на SARS-CoV-2, предостави безпрецедентен поглед върху динамиката на разпространението на вируса и стратегиите за реагиране.

### **Това, което се знае днес – изводи от секвениране на генома на SARS-CoV-2**

В рамките на по-малко от 60 дни от първото докладване на случаи, световната научна общност вече знае вероятния произход на вируса, доколкото е подобен на сродните вируси, които са по-добре проучени, и какви терапии биха могли да се прилагат.

Анализът на данните от проведенният пълен геномен секвентен анализ показва, че SARS-CoV-2 е групиран в клъстер (най-тясно свързан) с известен SARS-подобен коронавирус при прилепите и това сочи прилепите като най-вероятния негов източник.<sup>45</sup>

Ниската вариабилност сред наличните геномни последователности на SARS-CoV-2, сочи за скорошната му поява в човешката популация, през ноември-декември 2019 г. и бързо откриване след първоначалната инфекция при хората. Клъстерите на свързани инфекции със SARS-CoV-2 предполагат предаване от човек на човек и по-нататъшна еволюция на вируса вътре в човешката популация. Молекулярното моделиране, базирано на данни от секвенирането, разкрива разлики във важния повърхностен протеин на SARS-CoV-2, в сравнение с близкородствените коронавируси при прилепи (само 75% сходство), което потенциално показва механизми за адаптиране към живот в човешкия гостоприемник.<sup>6</sup> Различията в този повърхностен протеин има важно значение за разработване на ваксина, тъй като ваксини срещу SARS, базирани на хомоложния повърхностен протеин, може да не са толкова ефективни срещу SARS-CoV-2.<sup>7</sup>

На този етап, толкова рано от началото на епидемията, няма специфични лекарства за лечение на инфекции с SARS-CoV-2.

Съществува висока степен на сходство в геномните последователности на SARS-CoV-2 и свързаните SARS-CoV, което значи че ще има и сходство в прицелните точки на антивирусните лекарства срещу двата типа вируси, като например ензимите с протеазна и полимеразна активност.<sup>89</sup> Това показва, че инхибиторите, които са активни срещу SARS-CoV протеазата и полимеразата, вероятно ще имат активност и срещу хомоложните ензими в SARS-CoV-2.<sup>10</sup>

<sup>3</sup> Global Initiative on Sharing All Influenza Data (GISAID)

<sup>4</sup> Global Initiative on Sharing All Influenza Data (GISAID)

<sup>5</sup> Carmine Ceraolo and Federico M Giorgi. Genomic Variance of the 2019-nCoV Coronavirus. J Med Virol. 2020 Feb

<sup>6</sup> Carmine Ceraolo and Federico M Giorgi. Genomic Variance of the 2019-nCoV Coronavirus. J Med Virol. 2020 Feb

<sup>7</sup> Lu et al. Genomic Characterization and Epidemiology of 2019 Novel Coronavirus: Implications for Virus Origins and Receptor Binding. Lancet. Jan 30, 2020

<sup>8</sup> Global Initiative on Sharing All Influenza Data (GISAID)

<sup>9</sup> Tseng CT, et al. Immunization with SARS Coronavirus Vaccines Leads to Pulmonary Immunopathology on Challenge with the SARS Virus. PLOS ONE 7(8): 10.1

<sup>10</sup> Carmine Ceraolo and Federico M Giorgi. Genomic Variance of the 2019-nCoV Coronavirus. J Med Virol. 2020 Feb

## **Безпрецедентно глобално сътрудничество за овладяване и контрол на огнището на SARS-CoV-2 – Първата стъпка от многото следващи**

Разкриване на геномната последователност на SARS-CoV-2 даде възможност за разработване на диагностикуми на базата на полимеразно-верижна реакция (PCR), която може да се използва за бързо идентифициране на наличието на вируса в заразените индивиди. Тези тестове са от съществено значение, както за мерките по отношение на пациента, така и за проследяването на случаите. Органите за обществено здраве в **Китай**, бързо разработиха PCR тестове, както и потвърдителни методи, основаващи се на пълен геномен секвентен анализ, за да разберат разпространението на вируса от гр. Ухан в региона и в цялата страна.

Центърът за контрол на заболяванията (CDC) и Администрацията по храните и лекарствата (FDA) в **САЩ** също с голяма бързина изработиха PCR диагностичен панел за SARS-CoV-2. FDA издаде разрешение за спешна употреба и командирова експертите на CDC в различните лаборатории в САЩ.

В **Европа** Европейският център за контрол на заболяванията (ECDC) също препоръчва PCR тестване за SARS-CoV-2.

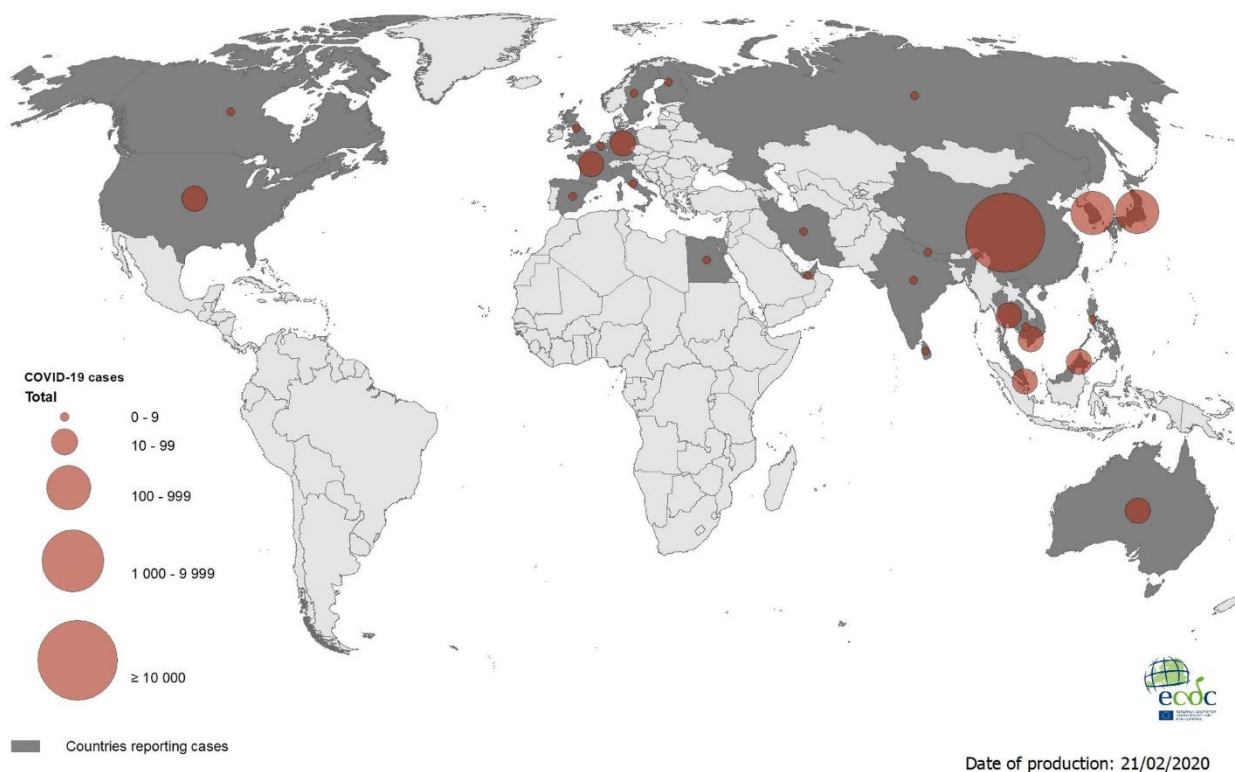
Докладите от **Африка** показват, че засега няма положителни случаи на SARS-CoV-2. Липсата на потвърдени диагнози обаче може да се дължи на ограничения капацитет за изследване, а не на истинската епидемиологична ситуация с вируса. Остава безпокойството от потенциалния риск от въвеждане на SARS-CoV-2 в Африка чрез пътувания на емигранти, а в началото на февруари 2020 г. лидерите в Африканския съюз и Центъра за контрол на болестите на Африка проведоха обучение за ръководители на лаборатории и персонал в Дакар, Сенегал за създаване на експертен капацитет в страната и на целия африкански континент.

### **Предаване на вируса и вирулентност**

Взаимодействията вирус-човек и вирусните характеристики като инфекциозност, вирулентност и предаване на SARS-CoV-2 понастоящем все още не са добре разбрани. Според доклада за ситуацията на СЗО, учените зависят предимно от докладите от Китай. Предаването от човек на човек по дихателен път, темпът на разпространение и описанието на симптомите при заразените индивиди предполагат, че SARS-CoV-2 е доста заразен. Въпреки това, с ограничената информация, с която разполагат учените, все още е твърде рано да се направи заключение за истинската преносимост на този нов вирус.

Поради предположенията за високата степен на предаване/преносимост на вируса, здравните власти в Китай предприеха категорични действия като ограничиха ежедневните дейности в много региони в Китай и ограничиха пътуването до и от Китай. В докладите на СЗО се съобщава за не толкова голям брой случаи извън Китай (1073 потвърдени случая към 21 февруари 2020 г.), но тъй като в много страни има ограничен достъп до тестове за SARS-CoV-2, истинската епидемиология на вируса най-вероятно е потенциално подценена.

Капацитетът за тестване и прилагане на система за надзор вътре в държавите се изгражда с бързи темпове по целия свят, като през следващите седмици се очаква вече да има много по-добро разбиране на истинския мащаб и обхват на огнището, както и регионалната динамика извън Китай.



### Географско разпространение на COVID-19 по света

Засега все още не може да се определи вирулентността на SARS-CoV-2 или да се прецени колко опасен е вирусът за отделните групи пациенти, използвайки само данни от геномното секвениране. Въз основа на съобщенията, коефициентът на смъртност е приблизително 2 – 3% (към 21 февруари 2020 г. са регистрирани 2121 свързани с вируса смъртни случаи от Китай при 74 675 заразени), въпреки че тази цифра е силно зависима от правилно установената причина за смъртта (свързаност с вируса) и точността на докладване, както и е базирана на информацията, споделена от китайските власти.

За приблизителните 1073 случая на заразени в 26 държави, докладвани извън Китай, има 8 смъртни случаи – Ислямска република Иран (2), на международен кораб (Япония) (2), Република Корея (1), Филипините (1), Япония (1) и Франция (1). Твърде рано е да се направят изводи колко опасен е новият вирус за различните популации на пациентите, както и ролята на ко-инфекциите върху смъртността на пациентите. Ако отчитането е точно, изглежда, че при огнищата на SARS-CoV-2 може да се очаква по-скоро сходно протичане с това при годишните грипни вируси, отколкото с това, което се наблюдава при епидемиите от SARS-CoV в миналото.

От решаващо значение за разбирането, както на преносимостта, така и на вирулентността е да се диагностицират с точност заразените с SARS-CoV-2 пациенти и да се вземат предвид други ко-инфекции, които могат да присъстват. Поради приликите между SARS-CoV-2 и други вируси, и поради потенциала за съвместна инфекция, китайските власти интегрират метода на пълното геномно секвениране при диагностиката на пациентите за потвърждаване на положителни случаи с SARS-CoV-2 и откриване на нови мутации на вируса.

Все още има много работа, която изисква сътрудничеството на учените по целия свят, за да се подкрепят стратегиите за подобряване на откриването и проследяването на епидемиологията, еволюцията и вирулентността на SARS-CoV-2.



## Заклучения

Макар толкова скоро след началото на тази епидемия, вече се знае много за вируса SARS-CoV-2: пълният геном, генетичните разлики с по-рано характеризираните вируси, вариациите на прицелните места за терапия и научната общност започва да разбира преносимостта и вирулентността на новия вирус. Бързото идентифициране и секвениране на SARS-CoV-2 даде възможност за характеризиране на вируса и разработване на диагностични методи и първоначално хвърли оптимистична светлина върху глобалния отговор срещу SARS-CoV-2. Въпреки това, става все по-ясно, че ще бъде голямо предизвикателство да се проследи и ограничи разпространението на този нов вирус поради неговата често „мълчалива“ природа или клинично представяне, напомнящо за други инфекции на дихателните пътища.

Тъй като сега вирусът се разпространи извън мястото си на произход в Ухан, провинция Хубей, Китай, се очаква, че са необходими нови стратегии за надзор, за да се идентифицират кълстерите (групите) от потенциални инфекции, които да определят мерките за намеса. През следващите няколко седмици продължаващата работа по задълбоченото характеризиране на вируса и въздействието на епидемията ще доведат до по-пълно разбиране, което да помогне на световните екипи от експерти да ограничат разпространението на SARS-CoV-2 и да намалят вредите.

**От своя страна ЦОРХВ** продължава да следи ситуацията с разпространението на новия коронавирус и своевременно ще информира потребителите, компетентните институции и всички заинтересовани страни.



*Други научни становища и актуална информация от областта на здравето, хуманното отношение и благосъстоянието на животните, антимикробната резистентност, както и оценка на риска по цялата хранителна верига може да намерите на сайта на Центъра за оценка на риска по хранителната верига:*

<http://corhv.government.bg/>

<http://corhv.government.bg/?cat=28>

<http://corhv.government.bg/?cat=27>

<http://corhv.government.bg/?cat=71>

## Източник:

What We Know Today about Coronavirus SARS-CoV-2 and Where Do We Go from Here by Michael Oberholzer, PhD, Phil Febbo, MD -February 19, 2020; Genetic Engineering & Biotechnology News (GEN) Magazine (publication of Mary Ann Liebert, Inc.); <https://www.genengnews.com/insights/what-we-know-today-about-coronavirus-sars-cov-2-and-where-do-we-go-from-here/>

Изготвил: д-р Мадлен Василева

Център за оценка на риска по хранителната верига, 21.02.2020 г.

гр. София, 1618, бул. "Цар Борис III" № 136  
<http://corhv.government.bg>, [corhv@mzh.government.bg](mailto:corhv@mzh.government.bg)  
тел. 02/4273056

Ф-НК-7.6-5/0

