

# COVID-19 ETKENİ

Gizem KAYNAR BEYAZ<sup>1</sup>

# 1. BÖLÜM

## 1. TARİHÇE VE GENEL BİLGİ

COVID-19 klinik adlandırılmasının temelini meydana getiren Coronavirüsler ilk olarak 1947 de bildirilmiş ve patogenez şeması 1970'te ilk olarak raporlanmıştır. Kedi köpek gibi evcil hayvanların yanı sıra sığır, domuz, at, sıçan ve hindi gibi pek çok canlı türünü etkileyebilen bu aileye ait virüsler insanlarda ise yaygın olarak bulunmakta ve Rinovirüslerden sonra soğuk algınlığının ikinci en sık sebebi olarak bilinmekteydiler. Soğuk algınlığı semptomları ile klinik oluşturan bu ailenin virüsleri; 2000' li yılların başlarında SARS olarak bilinen 'Akut Solunum Sendromu' ile çok daha ağır seyreden bir dizi semptomlar bütünü ile hayatımıza girdi. Bu durumu 2012 yılından itibaren MERS olarak bilinen 'Orta Doğu Solunum Sendromu' izledi ve artık coronavirüslerin hayvanlar aleminde karşılıklı geçişler sağladığına dair kanıtlar ortaya çıktı.

2019' un sonbaharından itibaren, Çin/Wuhan kentinde daha önce benzer semptomlar göstermeyen bir solunum yolu enfeksiyonu kliniği görülmeye başladı. Çin bilim insanları olası etkenleri değerlendirdiler ve nihayetinde 2019'un sonlarına gelindiğinde ise yeni SARS-CoV-2 adı verilen etken klinik hastalık COVID-19 olarak adlandırıldı. Dünya Sağlık Örgütü (DSÖ) Ocak 2020 yılında bu yeni virüse 2019-yeni koronavirüs (2019-nCoV) adını verdi.

Coronaviridea alt ailesinde yer alan Koronavirüsün 4 ana kategorisi, Yunan harfleri alfa, beta, delta ve gama ile bilinir. Yalnızca ilk iki koronavirüs ailesinin insanları enfekte edebildiği bilinmektedir. Pek çok alt cins ve kabileye ayrılan Betakoronavirüsler ailesinde Sarbecovirüs alt cinsi içerisinde yer almaktadır.

Yedi farklı insan koronavirüsü (HCoV'ler) tanımlanmıştır: Bunların içerisinde SARS-CoV , MERS-CoV ve şimdi SARS-CoV -2 hariç hepsi, dünya çapında dağılan basit insan patojenleri gibi görünmektedir ve özellikle çocuklarda

<sup>1</sup> Uzm. Dr., Çocuk Sağlığı ve Hastalıkları, T.C Sağlık Bakanlığı Şehit Profesör Dr İlhan VARANK Eğitim ve Araştırma Hastanesi, İstanbul. gizemkaynar@mail.com.

Soğuk algınlığı semptomları ile seyreden koronavirüsler insan-insan geçişi ile yayılsa da SARS ile virüsün hayvan-insan (özellikle yarasa) geçebildiği görülmüştür. Koronavirüslerin doğal konağı ve gelişimyeri yarasalardır ve insan patojen virüslerin yarasa kaynaklı olduğu bilinmektedir.

Virüs, temel olarak damlacık yoluyla bulaşmaktadır. Temel olarak damlacık yoluyla, hayvan-insan, insan-insana yayılabilmektedir. Zarflı yapılarından dolayı ,dezenfektanlara ve dış ortama duyarlı olsalarda 2019-nCoV' un özellikle cansız objelerin üzerinde bir süre canlı kalabildiği gösterilmiştir. Bu durum damlacık yoluyla bulaş gösteren virüsün enfekte objeler ile temas sonrası ellerin göze, buruna, ağıza ulaşabilmesini sağlamaktadır.

Bu makale sonrasında (Temmuz 2020 sonu), dünyanın neredeyse her ülkesinde ve bölgesinde 17.8 milyondan fazla insanı etkiledi ve 685 binden fazla ölüme neden oldu. Pekçok araştırma , in vitro ve invivo çalışmaya rağmen halen pekçok bilinmeye sahip bu yeni virüs insanoğlu hayatına dahil oldu ve artık tüm dünyayı tehdit etmesinden dolayı acil olarak etkin tedavi ve aşı geliştirilmesi gerekliliği ortaya çıkmıştır.

## **KAYNAKLAR:**

1. American Society for Microbiology. 2019 Novel Coronavirus (2019- nCoV) Update: Uncoating the Virus. Available on: <https://asm.org/Articles/2020/January/2019-Novel-Coronavirus-2019-nCoV-Update-Uncoating>
2. Hoang VM, Hoang HH, Khuong QL, La NQ, Tran TTH. Describing the pattern of the COVID-19 epidemic in Vietnam. *Glob Health Action*. 2020;13(1):1776526. doi:10.1080/16549716.2020.1776526
3. Alagaili AN, Briese T, Mishra N, et al. Middle East respiratory syndrome coronavirus infection in dromedary camels in Saudi Arabia [published correction appears in MBio. 2014;5(2):e01002-14. Burbelo, Peter D [added]]. *mBio*. 2014;5(2):e00884-14. Published 2014 Feb 25. doi:10.1128/mBio.00884-14
4. Guan Y, Zheng BJ, He YQ, et al. Isolation and characterization of viruses related to the SARS coronavirus from animals in southern China. *Science*. 2003;302(5643):276-278. doi:10.1126/science.1087139
5. Lu R, Zhao X, Li J, et al (2020). Genomic characterisation and epidemiology of 2019 novel coronavirus: implications for virus origins and receptor binding. *Lancet*, Epub 2020/02/03. doi: 10.1016/S0140-6736(20)30251-8.
6. Prabakaran P, Gan J, Feng Y, et al. Structure of severe acute respiratory syndrome coronavirus receptor-binding domain complexed with neutralizing antibody. *J Biol Chem*. 2006;281(23):15829-15836. doi:10.1074/jbc.M600697200
7. Li F. Evidence for a common evolutionary origin of coronavirus spike protein receptor-binding subunits. *J Virol*. 2012;86(5):2856-2858. doi:10.1128/JVI.06882-11
8. Ge XY, Li JL, Yang XL et al (2013). Isolation and characterization of a bat SARS-like coronavirus that uses the ACE2 receptor. *Nature*, 503: 535-538.
9. Wang Q, Wong G, Lu G, Yan J, Gao GF. MERS-CoV spike protein: Targets for vaccines and therapeutics. *Antiviral Res*. 2016;133:165-177. doi:10.1016/j.antiviral.2016.07.015

10. Hu D, Zhu C, Ai L, et al. Genomic characterization and infectivity of a novel SARS-like coronavirus in Chinese bats. *Emerg Microbes Infect.* 2018;7(1):154. Published 2018 Sep 12. doi:10.1038/s41426-018-0155-5
11. Chan JFW ,Yuan S ,Kok KH et al. A familial cluster of pneumonia associated with the 2019 novel coronavirus indicating person-to-person transmission: a study of a family cluster. *Lancet.* 2020; (published online Jan 24) [https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(20\)30154-9](https://doi.org/10.1016/S0140-6736(20)30154-9)
12. Zhu N, Zhang D, Wang W, et al. A Novel Coronavirus from Patients with Pneumonia in China, 2019. *N Engl J Med.* 2020;382(8):727-733. doi:10.1056/NEJMoa2001017
13. Lu R, Zhao X, Li J, et al. Genomic characterisation and epidemiology of 2019 novel coronavirus: implications for virus origins and receptor binding. *Lancet.* 2020;395(10224):565-574. doi:10.1016/S0140-6736(20)30251-8