zoonosis.ir

مجله بیماری های قابل انتقال بین انسان و حیوان

مقاله مروری

همه گیری کرونا: مطالعه مروری بر ویژگی ها، ارزیابی و درمان کرونا

شادان شجاعت*

دانشکده دامپزشکی، واحد شهرکرد، دانشگاه آزاد اسلامی، شهرکرد، ایران.



***نویسنده مسئول:** shaadaansh@gmail.com

تاریخ دریافت: ۱۴۰۱/۳/۱۶ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۱/۳/۲۷

چکیده

در پایان دسامبر سال ۲۰۱۹، یک بیماری جدید که اتیولوژی آن ناشناخته بود در ووهان چین ظاهر شد و به سرعت به عنوان یک betacoronavirus جدید شناخته شد که دارای ارتباط نزدیک با SARS-CoV و تعدادی دیگر از ویروس‌های کرونای مشابه - SARS بامنشا خفاش می‌باشد. این ویروس از خفاش‌ها منشاء گرفته و از طریق حیوانات واسطه‌ای‌که هنوز ناشناخته اند در ووهان، استان هوبی به انسان منتقل می‌شود. این ویروس به سرعت در کلیه استان‌های چین و با همان سرعت در کشورهای دیگر گسترش یافت که موجب آن شد که مدیرکل سازمان بهداشت جهانی در ۳۰ ژانویه ۲۰۲۰ از بابت سلامتی عمومی اظهار نگرانی نماید. این بیماری از طریق استنشاق یا تماس با قطرات آلوده منتقل می‌شود و دوره کمون آن بین ۲ تا ۱۴ روز است. علائم معمولاً می‌تواند شامل تب، سرفه، گلودرد، تنگی نفس، خستگی، کسالت و غیره باشد. دراین مقاله شیوع ناگهانی و ویژگی‌های شناخته شده ویروس نوپدید SARS-CoV-2، بیماری بالینی ناشی شده از آن، COVID-19 و خلاهای مهم در دانش ما از شناخت ویروس و علت‌های بیماری بررسی شده است.

کلمـات کلیدی: ویروس کرونا، ایمونولوژی، تشخیص، انتقال، درمان.

[Downloaded from zoonosis.ir on 2026-11-19]

[DOR: 20.1001.1.28209982.1401.2.1.4.9]

مقدمه

ویروس COVID-19، سومین ویروس کرونای زئونوتیک پس از SARS-CoV و MERS-CoV است، اما به نظر می‌رسد تنها ویروسی است که از پتانسیل همه گیری برخوردار می‌باشد. این ویروس سریع‌تر از دو گونه اولیه خود یعنی SARS-CoV و سندرم تنفسی خاورمیانه (MERS-CoV) گسترش می‌یابد، اما مرگ و میر کمتری دارد (۱).

کوویدها به خانواده Coronaviridae (زیرخانواده Coronavirinae) تعلق دارند که اعضای آن طیف وسیعی از میزبان‌ها را آلوده می‌کنند و علائم و بیماری‌هایی از سرماخوردگی معمولی تا بیماری‌های شدید و در نهایت کشنده مانند سارس، مرس و در حال حاضر COVID-19 را ایجاد می‌کنند. SARS-CoV-2 یکی از هفت عضو خانواده CoV است که انسان را آلوده می‌کند (۲).

توالی ژنوم کل ویروس که یا مستقیماً ازنمونه‌های بیمار یا از ویروس های کشت شده از تعدادی از بیماران به علت ذات الریه در ووهان بستری بودند، بدست آمده نشان می‌دهد که اتیولوژی عامل بیماری یک betacoronavirus متعلق به کلاد جدید با subgenus (تحت ژن) Sarbecovirus در زیر خانواده Orthocoronavirinae است (۷-۳).

ظهور گونه‌های جدید موجب دامن زده شدن به همه‌گیری شده است، زیرا تفاوت‌های ژنتیکی در ویژگی‌های ویروسی، به‌ویژه در پروتئین اسپایک، بیماری‌زایی، عفونت‌زایی، انتقال‌پذیری، آنتی‌ژنیسیته موجب تغییر در کارایی واکسن می‌شود. چندین گونه از SARS-CoV-2 در طول این بیماری همه‌گیر توصیف شده‌است که در میان آن‌ها تنها تعدادی از آن‌ها با توجه به تأثیرشان بر سلامت عمومی جهانی، ازسوی WHO به عنوان گونه‌های نگران کننده (VOCs) در نظر گرفته شده‌اند.

آلفا (B.1.1.7): که اولین بار در انگلستان (بریتانیا) در اواخر دسامبر ۲۰۲۰ مشاهده شد.

بتا (B.1.351): که اولین بار در آفریقای جنوبی در دسامبر ۲۰۲۰ گزارش شد.

گاما (P.1): که اولین بار در اوایل ژانویه ۲۰۲۱ در برزیل گزارش شد.

دلتا (B.1.617.2): که اولین بار در هند در دسامبر ۲۰۲۰ گزارش شد.

Omicron (B.1.1.529): که اولین بار در آفریقای جنوبی در نوامبر ۲۰۲۱ گزارش شد (۷ و ۸).

متأسفانه هنوز هیچ دارو یا واکسنی برای درمان ویروس‌های کرونای انسانی تایید نشده است. با این وجود، چندین گزینه برای کنترل یا جلوگیری از عفونت‌های نوظهور nCoV-2019 را می‌توان در نظر گرفت، از جمله واکسن‌ها، آنتی‌بادی‌های مونوکلونال، درمان‌های مبتنی بر الیگونوکلئوتید، پپتیدها، درمان‌های اینترفرون و داروهای با مولکول کوچک (۹). در این مطالعه، به جنبه‌های همه گیرشناسی این بیماری، نحوه‌ی انتقال، تشخیص، مشخصات بالینی و درمان، دیدگاه‌های مختلف درمورد واکسن‌ها و اقدامات پیشگیرانه که قبلاً در سطح جهانی برای مقابله با این ویروس همه‌گیر توصیه شده‌اند، پرداخته می‌شود.

مواد و روش‌ها

داده‌های مطالعه مروری حاضر با استفاده از مقالات نمایه شده در پایگاه‌های علمی PubMed، SID، scholar Google و Scopus به دست آمده اند. برای جمع آوری داده ها از کلیدواژه‌های "ویروس کرونا"، "ترپیوتیک"، "ایمونولوژی"، "تشخیص"، "انتقال" و "درمان" استفاده شده است و در پایان ۵۱ مقاله بررسی و در مطالعه حاضر از آنها استفاده شد.

[Downloaded from zoonosis.ir on 2026-11-19]

[DOR: 20.1001.1.28209982.1401.2.1.4.9]

نتـایج

رویدادهای اولیه در تعیین هویت و منشاء ویروس کرونای جدید

ویروس‌های کرونا ویریون‌هایی هستند که پاکت ویروسی دارند. قطر این ذرات ویریونی برابر با ۶۰ تا ۱۴۰ نانومتر است. ساختارهای برگ شبدر مانند گلیکوپروتئین‌ها و پروتئین های سطح این ویروس، ساختمانی "تاج[1]" مانند در آن ایجاد کرده است. این ویروس‌ها نیز به دلیل ساختار تاجی، کرونا ویروس نام گرفته‌اند (۱۰). مطالعات فیلوژنتیک ویروس جدید نشان داد که درحدود ۷۹ درصد نوکلئوتید همولوگ مشترک با SARS-CoV (۴ و ۷) و همچنین ۸۹ درصد نوکلئوتید همولوگ مشترک با دو ویروس کرونای شبیه به SARS جدا شده از خفاش های نعل اسب چینی (*Rhinolophus sinicus*) در شهر ژوشان (۳، ۵ و ۱۱) و ۹۶ درصد همولوگ نوکلئوتیدی مشترک با یک کرونا ویروس سارس مانند نوع سوم از یک واسطه خفاش نعل اسبی (*R. affinis*) را دارا بوده است (۴ و ۱۲). بر اساس تحقیقات انجام شده، ویروس جدید توسط گروه مطالعاتی ویروس کرونای کمیته بین‌المللی طبقه‌بندی ویروس‌ها SARS-CoV-2 (۱۳) و بیماری ناشی از آن توسط WHO به عنوان COVID-19 نامگذاری شد (۱۴). آغاز شیوع بیماری به شکل واضح از بازار ووهان بوده است و متعاقبا برخی از نمونه‌های زیست محیطی مربوط به بخش حیوانات زنده بازار برای SARS-CoV-2 مثبت بود، اما براساس آخرین شواهد، ممکن است واقعاً دربازار ظاهر نشده باشد (۱۵). اولین مورد شناخته شده از عفونت با SARS-CoV-2 یک مرد سالمند ناتوان بودکه در اول دسامبر ۲۰۱۹ دچار علائم شد (۱۶). هیچ یک از اعضای خانواده وی آلوده نشدند و منشأ ویروس او ناشناخته باقی‌ماند. علاوه بر این، از ۴۱ مورد اولیه، ۱۴ مورد هیچ گونه تماسی با بازار غذاهای دریایی نداشتند. در گزارش دیگری، ۵ مورد از ۷ مورد اولیه COVID-19 هیچ ارتباطی با بازار غذاهای دریایی نداشته اند (۱۷). بنابراین، به نظر می‌رسد که به احتمال زیاد ویروس در بازار تشدید شده است، اما ممکن است بازار مکان مبدا نبوده و تنها منبع شیوع باشد. یک مطالعه فیلو-اپیدمیولوژیک اخیر نشان می‌دهدکه احتمالا ویروس در ماه نوامبر درحال گردش بوده اما ناشناخته مانده و از جای دیگری به بازار غذاهای دریایی وارد شده و سپس در آنجا حدت آن تشدید شده است (۱۸). آنزیم تبدیل کننده آنژیوتانسین II (ACE2-II) به عنوان گیرنده سلول برای SARS-CoV و همچنین برای برخی از ویروس‌های کرونا سارس مانند با منشا خفاش شناخته شده است (۱۹). مطالعات توالی نشان می‌دهد که دامنه اتصال گیرنده ویروس SARS-CoV-2 به اندازه کافی مشابه ویروس SARSCoV است و از این رو می‌تواند به شکل موثر از گیرنده humanACE2 برای ورود به سلول‌های انسانی استفاده کند (۶ و ۷). آزمایش‌های عفونی با سلول‌های HeLa که قادر به بیان یا عدم‌بیان ژن ACE2 درانسان، خفاش‌ها، گربه‌ها، خوک‌ها و موش‌ها بوده است، انجام شد و نتایج موید آن بود که ویروس *SARSCoV–2* قادر به استفاده از گیرنده‌های ورودی در تمام سلول‌های بیان کننده ACE2 به غیر از موش‌ها است (۵). مدل سازی مولکولی نشان داده است که میل اتصال SARS-CoV-2 به ACE-2 ممکن است حتی بیشتر از SARS-CoV باشد و بنابراین ممکن است در عفونت سلول‌های انسانی کارآمدتر باشد (۲۰). شواهد حاصل از تحلیل توالی به روشنی نشان می‌دهد که احتمالاً منشاء ویروس خفاش است. احتمالاً یک خفاش نعل اسبی چینی در نقش یک واسطه و مانند SARS-CoV میزبان واسط این بیماری می‌باشد. نزدیکترین توالی نوکلئوتیدی حیوان وحشی شناخته شده به توالی ویروس SARS-CoV-2 از یک خفاش نعل اسبی واسط جدا شده است، اما تفاوت معنی‌داری در دامنه اتصال گیرنده بین این دو ویروس وجود ندارد. مورچه خوارهای مالایی (*Manis javanica*) به عنوان میزبان واسط بالقوه عنوان شده‌اند و ویروس‌های شبه سارس در مورچه خوارهای

1. crown

[Downloaded from zoonosis.ir on 2026-11-19]
[DOR: 20.1001.1.28209982.1401.2.1.4.9]

توقیف شده در عملیات ضد قاچاق در جنوب چین شناسایی شده است، اما آنها فقط در حدود ۸۵-۹۲ درصد با SARS-CoV-2 همولوژی نشان داده‌اند (۲۱). توالی‌یابی نسل بعدی (NGS)[1] برروی نمونه‌های لاواژ (شست وشو) ریه انجام شد. نمونه از ۱۷ بیمار، بین ۳۰-۲۴ دسامبر ۲۰۱۹ گرفته شد که وجود یک SARS مرتبط با ویروس کرونا را ثابت می‌کرد (۳ و ۷)، اما تا زمانی که توالی در ۱۲ ژانویه سال ۲۰۲۰ گزارش نشد، این اطلاعات به طورگسترده در دسترس نبود. جالب اینجاست که این اولین باری بود که NGS قبل از ایزوله شدن ویروس، به جهانیان نسبت به ویروس زئونوتیکی جدید هشدار می‌داد و نشان می‌داد که باید یک روش جدید برای گزارش شیوع بر اساس NGS به جای جداسازی و شناسایی پاتوژن درنظرگرفته شود (۲۲). جریان اطلاعات بدست آمده در مقایسه با تجربه SARS-CoV در سال ۲۰۰۳، پیشرفت چشمگیری داشته است، اما مهم است که این پیشرفت تداوم یابد؛ زیرا فقدان اطلاعات اولیه در مورد توالی‌ها باعث کند شدن فرایند تشخیص و آمادگی می‌شود. ممکن است که این فقدان اطلاعات اولیه به اعلان موارد نیز تسری پیدا کرده باشد، زیرا بین ۱ تا ۱۷ ژانویه سال ۲۰۲۰ هیچ موردی گزارش نشده است، اما مدل سازی نشان می‌دهد که ممکن است درآن زمان بیش از ۴۵۰ مورد گزارش نشده وجود داشته باشد (۲۳) که در واقع تعدادی از آنها بعداً به صورت واپس نگرانه مورد تأیید قرار گرفتند (۱۷).

انتقال

ویروس‌های کرونا که برای اولین بار در دهه ۱۹۶۰ کشف شد، در پرندگان و پستانداران، به ویژه در خفاش‌ها، گربه‌ها، شترها و موش‌ها یافت می‌شود. انتقال انسان به انسان SARS-CoV-2 در محیط‌های مراقبت از سلامتی، اجتماعی و خانوادگی به طور گسترده نشان داده شده است. درغالب موارد انتقال از طریق مجرای تنفسی از طریق قطرات یا به طور غیرمستقیم از طریق فومیت‌ها و به میزان کمتری از طریق ذرات معلق در هوا انجام می شود. علاوه براین،از آن‌جایی که SARS-CoV و MERS-CoV می توانند دستگاه گوارش انسان را آلوده کنند، بیان شده است که شیوع دهانی-مدفوع ممکن است برای SARS-CoV-2 نیز رخ دهد (۲۴ و ۲۵). تعداد تکثیر (Ro) به طور کلی بین ۲/۰ و ۲/۸ برآورد می‌شود (۲۹-۲۳). اگرچه تعداد تکثیرهای بیشتر در برخی از گزارش‌ها بیان شده است. به نظر می‌رسد میانگین دوره کمون بین ۴/۷۵ تا ۷ روز باشد و در حد بالایی حدود ۱-۱۴ روز (۲۳، ۲۶، ۲۸، ۳۰ و ۳۱). دانش در مورد بار ویروس در حال افزایش است. در یک مطالعه‌ای با بیماران دارای علایم ، بارهای ویروسی بالاتر بلافاصله پس از شروع علائم شناسایی شد که بارهای ویروسی در بینی بیشتر از گلو بود. در یک بیمار بدون علایم، بار ویروسی مشابه بیماران دارای علایم بود (۳۲). در مطالعه دقیق‌تر دوم، طی دو روز متوالی دو بیمار در زمان بستری در بیمارستان، بار ویروس با نمونه‌های سریالی سواب‌های گلو، خلط، ادرار و مدفوع مورد بررسی قرار گرفت که بارهای ویروسی درحدود ۵-۶ روزپس از شروع علائم با 10^4 تا 10^7 تعداد کپی ویروس/میلی لیتر خون به اوج خود رسید. در تحقیقات دیگر نیز بارهای ویروسی موجود درسواب گلو، نمونه‌های خلط و مدفوع در سایر بیماران مورد مطالعه قرار گرفت که مشخص شد بارهای ویروسی درنمونه‌های گلو 10^{11} کپی ویروس/میلی لیتر خون بار بیشتر بوده است اما با یک میانه $۷/۹۹\times10^4$ و $۷/۵۲\times10^5$ درخلط. علاوه بر این، ویروس توسط RT-PCR مدفوع در ۹ مورد از ۱۷ مورد تایید شده شناسایی شد، اما درتیترهای پایین‌تر از نمونه‌های تنفسی (۳۳). مطالعات متعدد نشان می‌دهد که انتقال می‌تواند در طول دوره کمون و از عفونت‌های بدون علامت یا بسیار خفیف رخ دهد (۲، ۳۷- ۳۴). چند سؤال مهم درمورد پویایی انتقال وجود دارد که باید به آنها پاسخ داده شود که این سوالات شامل اطلاعات درباره عفونت در طول دوره کمون؛ طول مدت زمان و بار ویروس طی دوره کمون؛ شیوع و عفونت

1. Next generation sequencing

[Downloaded from zoonosis.ir on 2026-11-19]

[DOR: 20.1001.1.28209982.1401.2.1.4.9]

درموارد بدون علائم، خطر انتقال عمودی از مادر به جنین و حالت‌های دیگر انتقال، مانند مدفوع ، بزاق و ادرار است. شواهدی مبنی بر این که می‌توان ویروس را از بزاق جدا کرد، وجود دارد (۳۸). در حالی که درخوشه خانواده اولیه هیچ نشانه ای از ویروس در مدفوع یا ادرار پیدا نشد، ازآن زمان توسط PCR در سایر بیماران در مدفوع تشخیص داده شده است و در یک بیمار کشت داده شده است، اما اطلاعات محدودی برای وجود آن در ادرار موجود است (۱۱).

ویژگی‌های بالینی

مشخص شده است که علاوه بر عفونت‌های علامت‌دار کشنده، عفونت‌های بدون علامت و عفونت‌های با حداقل علائم با این ویروس رخ می‌دهند (۲). ویژگی‌های بالینی COVID-19 متفاوت است، از حالت بدون علائم گرفته تا سندرم زجر تنفسی حاد و اختلال عملکرد درچند اندام. علائم بالینی رایج عبارتند از تب (نه در همه موارد)، سرفه، گلودرد، سردرد، خستگی، میالژی و تنگی نفس و ورم ملتحمه. بنابراین، آن‌ها از سایر عفونت‌های تنفسی قابل تشخیص نیستند. دریک زیرمجموعه از بیماران، تا پایان هفته اول بیماری می‌تواند به سمت ذات الریه، نارسایی تنفسی و مرگ پیشرفت کند. گزارش شده است که بیماری در نوزادان وکودکان به طور قابل توجهی خفیف‌تر از همتایان بزرگسال آن‌ها است. به نظر می‌رسد بیماری در کودکان نادر است و در صورت بروز بسیار خفیف می‌باشد، اما نقش کودکان در فرایند انتقال ناشناخته است (۳۹). بیماری شدیدتر و مرگ و میر در افراد مسن بیشتر اتفاق می‌افتد و احتمالاً در افراد مبتلا به بیماری‌های زمینه‌ای مانند دیابت و بیماری‌های قلبی عروقی بیشتر روی می‌دهد (۲).

تست‌های تشخیصی

تشخیص بالینی عمدتاً براساس سابقه بالینی و قرارگرفتن در معرض و یافته‌های آزمایشگاهی و تصویربرداری از قفسه سینه استوار شده است. یافته‌های آزمایشگاهی با توجه به شدت بیماری متفاوت خواهد بود، اما تعداد کم لنفوسیت‌ها معمول است و تعداد کم پایدار با برآیندهای ضعیف تر همراه است (۱۶، ۴۰ و ۴۱). آزمایش برای سایر پاتوژن‌های تنفسی باید انجام شود تا احتمال عفونت‌های ویروسی و باکتریایی حذف شود. تشخیص ویروس براساس PCR انجام شده است و آزمایشات مختلفی به ویژه در پوشش RdRp، پروتئین سنبله (skipe) (S) و نوکلئوکپسید (N) ژن‌ها انجام شده است. سنجش‌های درون خانه در تعدادی از آزمایشگاه‌های عضو شبکه آزمایشگاه بهداشت عمومی (PHLN) در حال استفاده است، و ارزیابی مداوم آن‌ها ادامه دارد. علاوه براین، چندین سنجش تجاری دردسترس با ظرفیت ادعا شده برای شناسایی SARS-CoV-2 نیز وجود دارد که درحال ارزیابی هستند. تقریباً در تمام بیماران و قبل از شروع بیماری بالینی، وجود ویروس در دستگاه تنفسی فوقانی گزارش می‌شود (۳۲). نمونه‌های مورد نظر ترکیبی از nasopharyngeal و oropharyngeal هستند و در صورت داشتن سرفه موثر، خلط نیز دارند. در بیمارانی که عفونت دستگاه تنفسی تحتانی دارند، ویروس ممکن است در نمونه‌های لاواژ خلط یا برونکوآلوئولار حتی اگردر دستگاه تنفسی فوقانی غیرقابل کشف باشد، قابل تشخیص باشد. کاشت ویروس در تعدادی از سلول‌ها از جمله سلول‌های Vero به شکل نسبتا آسان صورت می‌یابد. در صورت لزوم شناسایی ویروس توسط بررسی توالی قابل تأیید است و تعداد زیادی از توالی‌های ژنوم جزئی و کل از طریق GISAID و GenBank در دسترس هستند. آزمایشات PCR از حدود ۲۵ ژانویه به طور فزاینده‌ای در دسترس قرار گرفته است، اما به دلیل گسترش سریع در چین و تعداد بسیار زیاد موارد، دسترسی به موقع به آزمایش به خصوص درمراحل اولیه مشکل ساز شده است که همچنین موجب شده است که تشخیص میزان واقعی عفونت‌های ویروسی و بیماری دشوار شود (۴۲).

[Downloaded from zoonosis.ir on 2026-11-19]
[DOR: 20.1001.1.28209982.1401.2.1.4.9]

درمان و واکسن

در ابتدا، در اوایل همه‌گیری، درک کووید-۱۹ و مدیریت درمانی آن محدود بود که باعث ایجاد فوریت برای کاهش این بیماری ویروسی جدید با درمان‌های تجربی و دارویی شد. ازآن زمان، با توجه به تلاش‌های شدید محققان بالینی در سطح جهان، پیشرفت‌های قابل توجهی حاصل شده است که نه تنها منجر به درک بهتر COVID-19 و مدیریت آن شده است که همچنین منجر به توسعه درمان‌های جدید و توسعه واکسن در یک کشور شده است. در حال حاضر، درمان تا حد زیادی حمایتی است (۴۳). انواع مختلفی از گزینه‌های درمانی در دسترس هستند که شامل داروهای ضدویروسی (مانندمولنوپیراویر، پاکلووید و رمدسیویر)، آنتی‌بادی‌های مونوکلونال ضد SARS-CoV-2 (مانند باملانیویماب/اتسوییوماب، کازیریویماب/ایم‌دویماب)، داروهای ضد التهابی (دگزامتازون)، عوامل تعدیل کننده ایمنی (مانند باریسیتینیب و توسیلیزوماب) می‌باشد. مجوز استفاده اضطراری داروها صادر شده و توسط (FDA) یا (EUA) در حال ارزیابی و مدیریت COVID-19 می‌باشند (۴۴). در حال حاضر، بیش از هشت پلتفرم فناوری پیشرفته برای تولید واکسن‌های مؤثر علیه کووید-۱۹ استفاده می‌شود. این پلتفرم‌ها شامل فناوری‌های اسید نوکلئیک (DNA و mRNA اصلاح‌شده ژنتیکی)، زیرواحدهای پروتئین، پپتیدها و پروتئین‌های نوترکیب، ناقل‌های ویروسی غیرقابل تکثیر، ناقل‌های ویروسی قابل تکثیر، ذرات ویروس‌مانند، ویروس‌های غیرفعال و ویروس‌های ضعیف‌شده هستند. بیش از ۳۰ واکسن مختلف مجوز استفاده اضطراری را دریافت کرده و یا برای استفاده خارج از آزمایشات بالینی در دسترس قرار گرفته اند. ده واکسن ضد کووید-۱۹ برای استفاده توسط WHO تایید شده است تنها پنج واکسن توسط EMA برای استفاده در اتحادیه اروپا تایید شده است و تنها سه واکسن COVID-19 دارای مجوز FDA یا تایید شده برای استفاده در ایالات متحده هستند (جدول ۱).

جدول ۱. واکسن‌های دارای مجوز

نوع واکسن	سازنده	نام واکسن	رفرنس
mRNA	Pfizer/BioNTech Moderna	BNT162b2 mRNA-1273	(۴۵)
زیر واحد پروتئین	Novavax Serum Institute of India	NVX-CoV2373 Covovax (Novavax formulation)	(۴۵)
ویروس غیرفعال شده	Bharat Biotech, India SinoPharm (Beijing) Sinovac	COVAXIN Covilo / BBIBP-CorV CoronaVac	(۴۵)
ناقل ویروسی غیر تکرار شونده	Janssen (Johnson&Johnson) Oxford/AstraZeneca Serum Institute of India	Ad26. COV AZD1222 Covishield (Oxford/AstraZeneca formulation)	(۴۵)

[Downloaded from zoonosis.ir on 2026-11-19]

[DOR: 20.1001.1.28209982.1401.2.1.4.9]

این پرسش مطرح است که آیا ترکیب دو واکسن کووید-۱۹ متفاوت یا به اصطلاح واکسیناسیون هترولوگ، می‌تواند به یک پاسخ ایمنی قوی‌تر کمک کرده و به یک محافظت برابر یا برتر از واکسیناسیون همولوگ براساس دوز مضاعف واکسن‌های mRNA منجرشود. در حال حاضر داده‌های موجود نشان می‌دهد که دو دور ایمن سازی همولوگ یا هترولوگ در افراد کاملاً واکسینه شده در برابر بیماری شدید محافظت می‌کند (۴۶).

بحث

با گذشت دو سال از یک بیماری همه گیر که تقریباً باعث مرگ ۶ میلیون نفر شده و درسراسر جهان ۷/۹ میلیارد نفر را تحت تأثیر قرارداده است، همه ما از خود می‌پرسیم که این همه‌گیری چه زمانی پایان می‌یابد؟ دلیلی برای خوش بینی وجود دارد. از یک‌سو، رئیس آژانس بهداشت سازمان ملل متحد گفته است که: « شاید سال ۲۰۲۲ سالی باشد که جهان به مرحله حاد همه‌گیری کووید-۱۹ پایان دهد». دکتر آنتونی فائوچی، مدیر NIAID و مشاور ویژه رئیس جمهور ایالات متحده جو بایدن، در جریان مجمع جهانی اقتصاد داووس گفت: «از آن‌جایی که طبق داده‌های موجود، نوع اومیکرون بسیار قابل انتقال بوده، اما احتمال کمتری دارد که به اندازه برخی از انواع قبلی، بیماری شدید ایجاد کند، این می‌تواند نشان دهنده گذار از فصل همه‌گیری COVID-19 به یک فاز آندمیک باشد. از سوی دیگر،گذار از یک مرحله همه گیر به مرحله آندمیک تنها در صورتی امکان پذیر است که کمپین‌های جهانی واکسیناسیون ادامه یابد و نوع دیگری با مقاومت در برابر استراتژی‌های ایمن سازی کنونی ظاهر نشود (۴۶). SARS-CoV-2 هفتمین Corona virus شناخته شده است که انسان را آلوده می‌کند و سومین ویروس زئونوتیکی بعد از SARS-CoV و MERS-CoV است (۲). چندین سال از اپیدمی جهانی سارس گذشته است و همه‌گیری کنونی *SARS-CoV-2*/COVID-19 یادآور این نکته است که چگونه پاتوژن‌های جدید می‌توانند به سرعت در میان جمعیت انسانی ظهور کرده و گسترش پیدا کنند و درنهایت باعث ایجاد بحران‌های شدید در عرصه بهداشت عمومی شوند. خفاش‌ها، به ویژه خفاش‌های نعل اسب چینی میزبان تعدادی از ویروس های کرونای جدید، هستند و تعدادی از این ویروس‌های کرونای نوپدید می‌توانند به طور مؤثر از ارتولوگ‌های متعدد گیرنده سارس و ACE2 انسانی به طور مؤثری استفاده کرده و به طور موثر در سلول‌های راه‌های هوایی انسان تکثیر شوند (۴۹-۴۷).

نتیجه گیری کلـــی و پیشنهادها

تحقیقات بیشتری باید برای ایجاد مدل‌های حیوانی برای SARS-CoV-2 انجام شود تا تکثیر، پویایی، انتقال و بیماری‌زایی در انسان بررسی شود که این می‌تواند به توسعه و ارزیابی استراتژی‌های درمانی باالقوه در برابر اپیدمی‌های CoV مشترک بین انسان و دام کمک کند. روندهای کنونی نشان می‌دهد، شیوع کوویدهای ویروسی در آینده به دلیل تغییرات آب و هوایی وجود دارد و شرایط اکولوژیکی می‌تواند بر تماس بین انسان و حیوان تاثیر بگذارد. بازارهای حیوانات زنده، مانند بازار غذاهای دریایی ووهان چین، شرایط ایده آلی را برای تماس بین گونه‌های حیات وحش با پرندگان اهلی، خوک‌ها و پستانداران نشان می‌دهد که به طور قابل توجهی احتمال انتقال بین‌گونه‌ای عفونت‌های CoV را افزایش می‌دهد و می‌تواند به دلیل ترکیبات ژنتیکی نوپدید در این ویروس‌ها خطرات بالایی برای انسان داشته باشد.

[Downloaded from zoonosis.ir on 2026-11-19]
[DOR: 20.1001.1.28209982.1401.2.1.4.9]

تقــدیر و تشــکر

از تمامی کسانی که در نگارش این مقاله یاری رسانده‌اند تشکر می‌نماییم.

تعارض منافع

هیچ‌گونه تضاد منافعی بین نویسندگان وجود ندارد و این مقاله با اطلاع و هماهنگی آنها ارسال شده است.

فهرست منابع

[1]. He F, Deng Y, Li W. Coronavirus disease 2019: What we know? Journal of medical virology. 2020;92(7):719-725.
[2]. Mackenzie JS, Smith DW. COVID-19: a novel zoonotic disease caused by a coronavirus from China: what we know and what we don't. Microbiology Australia. 2020;41(1):45-50.
[3]. Zhu N, Zhang D, Wang W, et al. A novel coronavirus from patients with pneumonia in China, 2019. New England journal of medicine. 2020;
[4]. Zhou P, Yang X-L, Wang X-G, et al. A pneumonia outbreak associated with a new coronavirus of probable bat origin. Nature. 2020;579(7798):270-273.
[5]. Ren L-L, Wang Y-M, Wu Z-Q, et al. Identification of a novel coronavirus causing severe pneumonia in human: a descriptive study. Chinese medical journal. 2020;133(09):1015-1024.
[6]. Lu R, Zhao X, Li J, et al. Genomic characterisation and epidemiology of 2019 novel coronavirus: implications for virus origins and receptor binding. The lancet. 2020;395(10224):565-574.
[7]. Wu F, Zhao S, Yu B, Chen Y, Wang W, Song Z. A novel coronavirus associated with human respiratory disease in China. Nature. 2020;579(7798):265-269.
[8]. Cascella M, Rajnik M, Aleem A, Dulebohn SC, Di Napoli R. Features, evaluation, and treatment of coronavirus (COVID-19). Statpearls [internet]. 2022.
[9]. Nadeem MS, Zamzami MA, Choudhry H, et al. Origin, potential therapeutic targets and treatment for coronavirus disease (COVID-19). Pathogens. 2020;9(4):307.
[10]. Richman DD, Whitley RJ, Hayden FG. Clinical virology. John Wiley & Sons; 2020.
[11]. Chan JF-W, Yuan S, Kok K-H, et al. A familial cluster of pneumonia associated with the 2019 novel coronavirus indicating person-to-person transmission: a study of a family cluster. The lancet. 2020;395(10223):514-523. 30154-9.
[12]. Ceraolo C, Giorgi FM. Genomic variance of the 2019-nCoV coronavirus. Journal of medical virology. 2020;92(5):522-528.
[13]. Gorbalenya AE, Baker SC, Baric RS, et al. severe acute respiratory syndrome-related coronavirus: The species and its viruses–a statement of the Coronavirus Study Group. BioRxiv. 2020. https://doi.org/10.1101/2020.02.07.937862
[14]. Coronavirus N. Situation Report–221. 2020. World Health Organization, 2020c Disponível em: https://www who int/docs/default-source/coronaviruse/situation-reports/20200201-sitrep-12-ncov pdf. 2019.
[15]. Chinese Center for Disease Control and Prevention China's CDCdetects a large number of new coronaviruses in the South China seafood market in Wuhan. Accessed 22 February 2020, 2020. https://www.chinacdc.cn/yw_9324/202001/t20200127_211469.html
[16]. Huang C, Wang Y, Li X, et al. Clinical features of patients infected with 2019 novel coronavirus in Wuhan, China. The lancet. 2020;395(10223):497-506.
[17]. Li Q, Guan X, Wu P, et al. Early transmission dynamics in Wuhan, China, of novel coronavirus–infected pneumonia. New England journal of medicine. 2020;
[18]. Yu W-B, Tang G-D, Zhang L, Corlett RT. Decoding the evolution and transmissions of the novel pneumonia coronavirus (SARS-CoV-2/HCoV-19) using whole genomic data. Zoological research. 2020;41(3):247.
[19]. Ge X-Y, Li J-L, Yang X-L, et al. Isolation and characterization of a bat SARS-like coronavirus that uses the ACE2 receptor. Nature. 2013;503(7477):535-538.
[20]. Chen Y, Guo Y, Pan Y, Zhao ZJ. Structure analysis of the receptor binding of 2019-nCoV. Biochemical and biophysical research communications. 2020;525(1):135-140.

[Downloaded from zoonosis.ir on 2026-11-19]

[DOR: 20.1001.1.28209982.1401.2.1.4.9]

[21]. Lam TT-Y, Jia N, Zhang Y-W, et al. Identifying SARS-CoV-2-related coronaviruses in Malayan pangolins. Nature. 2020;583(7815):282-285.
[22]. Wang L-F, Anderson DE, Mackenzie JS, Merson MH. From Hendra to Wuhan: what has been learned in responding to emerging zoonotic viruses. The lancet. 2020;395(10224): e33-e34.
[23]. Zhao S, Musa SS, Lin Q, et al. Estimating the unreported number of novel coronavirus (2019-nCoV) cases in China in the first half of January 2020: a data-driven modelling analysis of the early outbreak. Journal of clinical medicine. 2020;9(2):388
[24]. Leung WK, To K-f, Chan PK, et al. Enteric involvement of severe acute respiratory syndrome-associated coronavirus infection. Gastroenterology. 2003;125(4):1011-1017.
[25]. Zhou J, Li C, Zhao G, et al. Human intestinal tract serves as an alternative infection route for Middle East respiratory syndrome coronavirus. Science advances. 2017;3(11): eaao4966
[26]. Wu JT, Leung K, Leung GM. Nowcasting and forecasting the potential domestic and international spread of the 2019-nCoV outbreak originating in Wuhan, China: a modelling study. The lancet. 2020;395(10225):689-697. 27.
[27]. Tuite AR, Fisman DN. Reporting, epidemic growth, and reproduction numbers for the 2019 novel coronavirus (2019-nCoV) epidemic. Annals of Internal Medicine. 2020;172(8):567-568.
[28]. Ryu S, Chun BC, of Epidemiology KS. An interim review of the epidemiological characteristics of 2019 novel coronavirus. Epidemiology and health. 2020;42
[29]. Imai N. Report 3: Transmissibility of 2019-nCoV. WHO Collaborating Centre for Infectious Disease Modelling, MRC Centre for Global Infectious Disease Analysis, J-IDEA, Imperial College London, UK. 2020.
[30]. Cowling BJ, Leung GM. Epidemiological research priorities for public health control of the ongoing global novel coronavirus (2019-nCoV) outbreak. Eurosurveillance. 2020;25(6):2000110.
[31]. Backer JA, Klinkenberg D, Wallinga J. Incubation period of 2019 novel coronavirus (2019-nCoV) infections among travellers from Wuhan, China, 20–28 January 2020. Eurosurveillance. 2020;25(5):2000062. Euro Surveill. 25. doi:10.2807/1560-7917.ES.2020.25.5.2000062
[32]. Zou L, Ruan F, Huang M, et al. SARS-CoV-2 viral load in upper respiratory specimens of infected patients. New England journal of medicine. 2020;382(12):1177-1179.
[33]. Pan Y, Zhang D, Yang P, Poon LL, Wang Q. Viral load of SARS-CoV-2 in clinical samples. The Lancet infectious diseases. 2020;20(4):411-412.
[34]. Hoehl S, Rabenau H, Berger A, et al. Evidence of SARS-CoV-2 infection in returning travelers from Wuhan, China. New England journal of medicine. 2020;382(13):1278-1280.
[35]. Yu P, Zhu J, Zhang Z, Han Y. A familial cluster of infection associated with the 2019 novel coronavirus indicating possible person-to-person transmission during the incubation period. The Journal of infectious diseases. 2020;221(11):1757-1761.
[36]. Bai Y, Yao L, Wei T, et al. Presumed asymptomatic carrier transmission of COVID-19. Journal of the American Medical Association. 2020;323(14):1406-1407
[37]. Pan X, Chen D, Xia Y, et al. Asymptomatic cases in a family cluster with SARS-CoV-2 infection. The Lancet infectious diseases. 2020;20(4):410-411.
[38]. To K, Tsang O, Yip CC-Y, et al. Consistent Detection of 2019 Novel Coronavirus in Saliva, Clinical Infectious Diseases. An Official Publication of the Infectious Diseases Society of America; 2020.
[39]. Singhal T. A review of coronavirus disease-2019 (COVID-19). The indian journal of pediatrics. 2020;87(4):281-286.
[40]. Chen N, Zhou M, Dong X, et al. Epidemiological and clinical characteristics of 99 cases of 2019 novel coronavirus pneumonia in Wuhan, China: a descriptive study. The lancet. 2020;395(10223):507-513.
[41]. Wang D, Hu B, Hu C, et al. Clinical characteristics of 138 hospitalized patients with 2019 novel coronavirus–infected pneumonia in Wuhan, China. Jama. 2020;323(11):1061-1069.
[42]. Xiao SY, Wu Y, Liu H. Evolving status of the 2019 novel coronavirus infection: Proposal of conventional serologic assays for disease diagnosis and infection monitoring. Journal of medical virology. 2020;92(5):464.
[43]. Organization WH. Clinical management of severe acute respiratory infection (SARI) when COVID-19 disease is suspected: interim guidance, 13 March 2020. 2020.
[44]. Coopersmith CM, Antonelli M, Bauer SR, et al. The surviving sepsis campaign: research priorities for coronavirus disease 2019 in critical illness. Critical care medicine. 2021;49(4):598-622.
[45]. Alexandridi M, Mazej J, Palermo E, Hiscott J. The coronavirus pandemic–2022: viruses, variants & vaccines. Cytokine & growth factor reviews. 2022;
[46]. Lu S. Heterologous prime–boost vaccination. Current opinion in immunology. 2009;21(3):346-351.

[Downloaded from zoonosis.ir on 2026-11-19]
[DOR: 20.1001.1.28209982.1401.2.1.4.9]

[47]. Menachery VD, Yount BL, Debbink K, et al. A SARS-like cluster of circulating bat coronaviruses shows potential for human emergence. Nature medicine. 2015;21(12):1508-1513.
[48]. Hu B, Zeng L-P, Yang X-L, et al. Discovery of a rich gene pool of bat SARS-related coronaviruses provides new insights into the origin of SARS coronavirus. PLoS pathogens. 2017;13(11):e1006698.
[49]. Dhama K, Khan S, Tiwari R, et al. Coronavirus disease 2019–COVID-19. Clinical microbiology reviews. 2020;33(4): e00028-20.

[Downloaded from zoonosis.ir on 2026-11-19]

[DOR: 20.1001.1.28209982.1401.2.1.4.9]

"This journal is following of Committee on Publication Ethics (COPE) and complies with the highest ethical standards in accordance with ethical laws".

zoonosis.ir

مجله بیماری های قابل انتقال بین انسان و حیوان

Review Article

The corona pandemic: a review of corona features, evaluation, and treatment

Shadan Shojaat*

Faculty of Veterinary Medicine, Shahrekord Branch, Islamic Azad University, Shahrekord, Iran.



***Corresponding author:** shaadaansh@gmail.com

Received: 2022/06/06 Accepted: 2022/06/17

Abstract

At the end of December 2019, a new disease of unknown etiology appeared in Wuhan. It was quickly identified as a new betacoronavirus related to SARS-CoV and several other bat-like SARS-like coronaviruses. This virus originated from bats and was transmitted to humans through an intermediary animal in Wuhan, Hubei Province. The virus rapidly spread to all provinces in China and some countries overseas. The Director General of the World Health Organization declared a Public Health Emergency of International Concern on 30 January 2020. The disease is transmitted through inhalation or contact with infected droplets, and the incubation period is between 2 and 14 days. Symptoms are usually fever, cough, sore throat, shortness of breath, fatigue, lethargy, etc. This article describes the sudden outbreak and known properties of the newly emerging virus, SARS-CoV-2. Moreover, the resulting clinical disease, COVID-19, comments on essential gaps in our knowledge of the virus and its causes.

Keywords: Coronavirus, immunology, diagnosis, transmission, treatment.

How to cite this article: Shojaat S. The corona pandemic: a review of corona features, evaluation, and treatment. 2022; 2 (1):26-36.

[Downloaded from zoonosis.ir on 2026-11-19]

[DOR: 20.1001.1.28209982.1401.2.1.4.9]