Коронавирүсийн эмнэл зүйн ба тархвар зүйн шинж тэмдэг

Н.Одонгуа[1], Ц.Наранчимэг[2], Б.Сэвжидмаа[3]

[1]АШУҮИС, СС, НЭМС тэнхим
[2]АШУҮИС, АУС, Хүүхдийн анагаахын тэнхим
[3]АШУҮИС, БиоАС
Утас: 99079129

Үндэслэл: Коронавирүсийн бүлгийн үүсгэгч нь хоруу шинж чанартай бөгөөд амьсгалын замын цочмог өвчлөлийг үүсгэдэг. Эрдэмтдийн судалгаагаар SARS-CoV болон MERS-CoV гэсэн 2 бүлгийн коронавирүсийн тархалттай хүн төрөлхтөн нүүр тулсан байдаг[1]. 2019 оны 12-дугаар сарын эхээр Хятад улсын Хубэй мужийн Ухань хотод шалтгаан тодорхойгүй кластер байдлаар уушгины хатгалгаа бүртгэгдэж эхэлсэн бөгөөд коронавирүсийн 2 бүлгээс өөр байсан тул шинэ коронавирүс буюу 2019-nCoV гэж албан ёсоор ДЭМБ-аас мэдэгдсэн[2]. Хэдхэн долоо хоногийн хугацаанд халдвар маш хурдан тархаж эпидемийн хэмжээнд хүрсэн тул 2020 оны 1 дүгээр сарын 30-ны өдөр ОЛОН УЛСЫН НИЙТИЙН ЭРҮҮЛ МЭНДИЙН ОНЦ БАЙДЛЫГ зарлав.

Түүнчлэн уг вирүсээр үүсгэгдсэн халдварыг COVID-19 хэмээн өвчний нэршилээр бүртгэж, 2020 оны 3 дугаар сарын 11-ний өдөр ПАНДЕМИ буюу ЦАР ТАХАЛ-ын хэмжээнд хүрсэн гэж дүгнэсэн ба өнөөдрийн байдлаар дэлхийн 207 орны 1,214,487 хүн халдвартай нь тогтоогдож, 65,603 нас баралт бүртгэгдээд байна.[3,4]

Коронавирус гэж юу вэ?

Дэлхий дээр альфа (αCoV), бетта (βCoV), дельта (δCoV) ба гамма (γCoV) гэсэн коронавирүсийн 4 төрлийн удмын мэдээлэл оршдог. Сарьсан багваахай ба мэрэгч амьтад альфа (αCoV), бетта (βCoV) коронавирүсийг тээдэг. Уг вирүс нь мембраны, бүрхүүлийн, гадаргуугийн гэсэн 3 төрлийн уургийн бүрхүүлтэй[5]. Хятад, АНУ, Австралийн 19 өвчтөний SARS-CoV2-н РНХ геномыг шинжлэн энэхүү вирүс нь дарааллаараа (sequence) ялгаатай байгааг тогтоосон ба ялгаа нь дан нуклеотидын хэлбэлзэл байсан. SARS-CoV2 нь вирүсийн эсрэг эмэнд устахгүй, шинэ мутацид идэвхтэй шилждэг байна.

Коронавирусийн генетик бүтэц болон түүний гарал үүсэл: Төрөл бүрийн популяцид илэрсэн 103 төрлийн коронавирусийг ялган, тэдгээрийн нуклеотидийн дарааллыг өөр хооронд нь харьцуулан мөн вирусийн эмгэг нөлөө цаашилбал хоруу чанарын үзүүлэлтүүдийг уялдуулан шинэ төрлийн коронавирус нь генетикийн хувьд өөрчлөгдөн мутацид орсон хэлбэр гэж дүгнэн 2 бүлэг болгон хуваасан. Геномын тодорхой байрлалд (SNPs-C251T, S84L) лизин амин хүчлээр кодлогдсон хэлбэрийг L хэлбэр, тус байрлалд серин амин хүчлээр кодлогдсоныг S хэлбэр гэж ангилсан. Тухайн өөрчлөгдсөн мутацийн төрлөөс шалтгаалж вирусийн организмд нөлөөлөх хоруу чанарын хувьд L хэлбэр нь S хэлбэрээс илүү хүнд явцтай. Мутаци хооронд харьцаа нь анх Хятад улсын Хубэй мужийн Ухань хотод халдвар эхлэх үед L хэлбэр 96.3%, S хэлбэр 3.7% байсан бол 2020 оны 1 сарын 07 ны өдрийн байдлаар олон улсад L хэлбэр 62.2%, S хэлбэр 37.8% болж өөрчлөгджээ[6].

Коронавирусээр халдварлагдсан 9 өвчтөний гуурсан хоолойн алвеолын шүүрлээс вирусийг ялган түүний эсийг ургуулан тухайн эсүүдийн нуклеотидийн дарааллыг Next Generation Sequencing (NGS) технологоор тодорхойлоход хоорондоо 99,98% ийн ижил геномын дарааллыг илрүүлсэн. SARS-CoV2 вирус нь 29844 нуклеотидын дараалалтай ба 7096 амин хүчлийн дарааллаас тогтох вирусийн уургийг нийлэгжүүлнэ. Энэхүү илрүүлсэн геномын дараалал нь 2018 онд Хятадын хойд хэсгээр тархаж байсан амьсгалын замын хүнд хэлбэрийн хам шинж болох SARS төст коронавирус (bat-SL-CoVZC45 ба bat-SL-CoVZXC21)-тэй ойролцоогоор 88%-ийн ижил нуклеотидийн дараалалтай байна. Мөн SARS-CoV (NC_004718.3) – тай 79 %, MERS-CoV (NC_019843.3)-тай 50% ижил нуклеотидийн дараалалтай нь тодорхойлогджээ.[7,8] Одоогийн байдлаар шинэ төрлийн SARS-CoV2 коронавирустай 90% адил геномийн дараалалтай амьтанаар панголин тодроод байна.

Тиймээс SARS-CoV2 вирусийн холбогч уургийн бүтэц нь SARS-CoV болон түүнтэй төстэй бусад вирус тухайлбал панголины коронавирусийн домайн бүтэцтэй төстэй тул тэдгээрийн өвөрмөцөөр холбогддог ангиотэнзин конвертинг энзим 2 рецептортой (ACE2) мөн адил холбогддог болохыг тэмдэглэсэн.[9,10,11]

Шинэ төрлийн коронавирусийн гарал үүсэлийг одоогоор бүрэн талбарлаж чадаагүй. Короновирусийг байгаль дээр тээдэг амьтан сарьсан багваахай бөгөөд сарьсан багваахай агаарт нисэхэд түүний биеийн температур 37- 41 градус болдог ба тухайн үед түүний биеэс хэдэн зуун короновирус ялгаран гардаг. Гэвч түүний агаарт ялгаруулсан вирусууд нь хүнд халдаж өвчин үүсгэдэггүй. Өнөөг хүртэл дэлхий дээр тархсан коронавирусийн халдварууд нь тухайлбал SARS (Severe Acute Respiratory Syndrome) 2003 онд муурны төрлийн амьтнаас, MERS (Middle Eastern Respiratory Syndrome) 2013 онд тэмээнээс хүнд халдварлаж байсан. Өөрөөр хэлбэл сарьсан багваахайн коронавирус завсрын дамжуулагч амьтанаар дамжин тухайн вирусийн ген мутацид орж хүнд халдварлаж ирсэн.

Эмнэл зүй:

Хятад улс: 2020 оны 1-дүгээр сарын 02-ны өдрийн байдлаар лабораторийн шинжилгээгээр COVID-19 гэсэн оношгой 41 хүн эмнэлэгт хэвтсэн. Эдгээр өвчтөний 73 хувь нь эрэгтэй, 13 хувь нь чихрийн шижин, артерийн даралт ихсэх болон зүрх судасны архаг эмгэгтэй байсан. Ухань хотын далайн гаралтай бүтээгдэхүүн худалдаалдаг захаар зорьчсон ба нэг голомтот газраас халдвар авсан байв. 40 хүн халуурсан, 31 хүн хуурай ханиалгасан, 18 хүн булчин өвдөх эсвэл ядрах, 3 хүн толгой өвдөх, 2 хүн цустай ханиалгах, 1 хүн суулгах гэсэн эмнэл зүйн шинж тэмдэгтэй байв.

Компьютер томограф (CT) шинжилгээгээр 41 хүнд уушгины хатгалгааны шинж, 22 хүнд амьсгалын цочмог хямралын хам шинж (АЦХах) илэрч улмаар 8 хоногийн дотор 40 хүнд АЦХах илэрсэн.

22 хүний цусны дэлгэрэнгүй шинжилгээнд лимфопени илэрч, 6 хүний биеийн байдал хүндрэн эрчимт эмчилгээний тасагт эмчлэгдсэн ба IL2, IL7, IL10, GSCF, IP10, MCP1, MIP1A, and TNFα үзүүлэлтүүд ихэссэн байв[6].

Хүснэгт 1. COVID-19-ийн үед илэрсэн эмнэл зүйн шинж тэмдэгүүд[7-11]

Эмнэл зүйн шинж тэмдэг	Chen Lancet 2020 (n=99)	Song Radiol 2020 (n=51)	Chang JAMA 2020 (n=13)	Guan NEJM 2020 (n=1099)	Wang JAMA 2020 (n=138)
Халуурах	83%	96%	92.3%	88.7%	98.6%
Ханиалгах	82%	47%	46.3%	67.8%	59.4%
Амьсгал богиносох	31%			18.7%	31.2%
Булчин өвдөх	11%	31%	23.1%	14.9%	34.8%
Толгой өвдөх	8%	16%	23.1%	14.9%	34.8%
Хоолой өвдөх	5%			13.9%	
Нус гоожих	4%				
Цээжээр хөндүүрлэх	2%				
Суулгах	2%	10%		3.8%	10.1%
Бөөлжих, дотор муухайрах	1%			5%	10.1%

Түүнчлэн судлаач Сун нарын 50,466 хүнийг хамарсан мета анализ судалгаанд CT шинжилгээний 96.6 хувь нь уушгины хатгалгааны, 89.1 хувь нь 37.3 хэмээс дээш халуунтай, 72.2 хувь нь ханиалгах шинж тэмдэгтэй байсныг дурдсан байна[12].

Бусад улс: БНСУ[13], АНУ[14], Франц[15], Канад[16], Тайван[17], Англи[18] ба Сингапур[19] улсуудын COVID-19-ийн үед халдвар авч эмнэлэгт эмчлүүлж буй өвчтөнүүдийн эмнэл зүйн талаар судалгаанууд нийтлэгдсэн ба 1-р хүснэгтээр харуулсан шинж тэмдэгүүдтэй ижил төстэй зүй тогтол ажиглагджээ.

Цусны ийлдэс дэх РНХ нь өвчний хүндрэлтэй шууд хамааралтай байсан ба p-утга 0.0001 байв. Лимфоцит эсийн тоо өвчтөний биеийн байдал хүнд үед 7000мл/Л, мөн Т лимфоцит, CD4+T ба CD8+T эсүүд (332.5, 185.6 ба 124.3 мл/Л) буурсан байв. Түүнчлэн С реактив уураг, альбумины хэмжээ буурсан. Биохимийн үзүүлэлт болох ALT, AST, GGT, AKP үзүүлэлтүүд ихэсч элэгний үйл ажиллагаа алдагдсан байв. IL-2R, TNF-α ба IL-10 (1202.4 pg/mL, 10.9 pg/mL ба 10.9 pg/mL) үзүүлэлтүүд өвчтөний биеийн байдал хүнд үед огцом ихэссэн бол биеийн байдал дунд зэргийн үед уг үзүүлэлтүүд 441.7 pg/mL, 7.5 pg/mL and 6.6 pg/mL хэмжээтэй байв.

Тархвар зүй: Хятад улсын өмнө зүгт байрлах далайн гаралтай хүнсний бүтээглэхүүн худалдаалдаг захад ажилладаг болон үйлчлүүлсэн хүмүүс шалтгаан нь үл мэдэгдэх хатгалгаа өвчнөөр эмнэлэгт хэвтэж эхэлсэн. Улмаар Ухань хотын Эрүүл Мэндийн Комиссын дүгнэлтээр голомтот халдвар гарсан хэмээн уг захыг халдварын эх уурхай гэж үзэн 2019 оны 12-дугаар сарын 30-ны өдөр хадваргүйжүүлэлт хийх шаардлагатай гэсэн шийдвэр гаргаж 2020 оны 1-дүгээр сарын 1-ний өдөр захыг хаасан байна[1].

Халдвар тээгч: Coronaviridae хэмээх вирүсийн том бүлэг болох Корона вирүс нь амьтадын дунд эргэлтэнд байдаг патоген шинжтэй бөгөөд хүнд халдварлаж зоонозын гаралтай эмгэг үүсгэдэг. Сарьсан багваахай нь корона вирүсийг тээгч бөгөөд хөхтөн амьтан ба тэмээгээр уг вирүс мутацид орж хүнд халдварлаж өвчин үүсгэсэн. Анх 2003 онд SARS-CoV (амьсгалын цочмог халтай хам шинж), мөн 2012 онд MERS-CoV (ойрхи дорнодын амьсгалын замын хам шинж)-ийн дэгдэлт дэлхий дахинд бүртгэгдсэн. Шинэ корона вирүс буюу SARS-CoV2 нь өмнөх дэгдэлт үүсгэсэн вирүсийн бүлэг бөгөөд ангиотензин хувиргагч фермент (ACE2)-н уургийн бүтцээр дамжин хүний эс рүү нэвтрэн ордог. SARS-CoV2 молекулын бүтцийн 99% нь панголин хэмээх хэвлээр явагчийн тээдэг корона вирүсийн бүтэцтэй ижил байсан бөгөөд одоогоор халдвар дамжуулагчийг судалсаар байна.[20,21]

Халдвар дамжих зам: Далайн бүтээгдэхүүн худалдаалдаг захын худалдагч, ачаа зөөвөрлөгч нар урт хугацаанд вирүсийн халдварт өртөж байсан бөгөөд энэ захаас бүтээгдэхүүн худалдан авсан хүмүүс богино хугацаанд халдварт өртөж амьтанаас хүнд халдвар (зооноз) дамжуулагч болсон хэмээн Чен нарын судлаачид дүгнэсэн[7]. Халдварын голомт бүртгэгдсэн өдрөөс хойш вирүсийн халдвар авсан 4 гэр бүлийн гишүүд бүртгэгдсэн. Эдгээр хүмүүсийн аль нь ч уг захаар яваагүй байсан ба хүнээс хүнд халдвар дамжих замаар халдвар авсан нь тодорхой болсон[22].

Халдвар авсан хүн ханиалгах, найтаах үед SARS-CoV2 вирүс хүний шүлсээр дамжин гадаад орчинд цацагдан дуслын замаар халдвар дамжуулдаг. Түүнчлэн нулимс, өтгөнд вирус агуулагдаж буйг тодорхойлсон.[12,23] Мөн вертикал байдлаар ахуйн хэрэглээний эд зүйлс болох төмөр, хуванцар, мод, хувцасаар дамжин халдвар тархах боломжтой.

Эхний халдварын дайралтын дараагаар маш олон хүн бусад улс орон руу аяллаар явж халдварын хоёр дахь давалгааг бий болгон пандемийн байдалд хүргэв. Цаашид ретроспектив аргаар судлах шаардлагатайг олон судлаачид онцолж байна.

Нууц үе: COVID-19 уушгины хатгалгаа гэж оношлогдсон 425 өвчтөний халдварын нууц хугацаа 5.2 өдөр (95% CI, 4.1 to 7.0) байсан ба үлдсэн хүмүүст 12.5 өдөр хүртэл

Хүснэгт 2. Халдварын нууц үе

Эх сурвалж	Хугацаа
Li	5.2 өдөр (95% CI, 4.1 to 7.0)
Liu [24]	4.8 өдөр, 2-11 өдрийн хооронд хэлбэлзэл бүртгэгдсэн
Guan [25]	Дундаж утга 3 өдөр, 0-24 өдрийн хооронд хэлбэлзэл бүртгэгдсэн
Backer [26]	6.4 өдөр (95% CI, 5.6 - 7.7)
Xu [27]	Дундаж утга 4 өдөр, 3-5 өдрийн хооронд хэлбэлзэл бүртгэгдсэн

Халдвар авсан байдал ба Нас баралт: COVID-19-ын нас баралтын хувь Хятад улсад 3.9% хувьтай байгаа бол бусад улсын хувьд харилцан адилгүй байна. Нас баралтанд нас, хүйс, архаг өвчин (чихрийн шижин, артерийн даралт ихсэлт, зүрх судасны өвчлөл) гэсэн хүчин зүйлс нөлөөлж байна. Түүнчлэн насны бүлгээр нас баралтын хувийг авч үзвэл 60-аас дээш настай хүмүүст эрсдэл өндөр байна[28].



Зураг 1. Халдвар хамгийн их тархсан байдлыг харьцуулах нь

Хүснэгт 3. Нас баралтын хувийг наснаар бүлгээр ангилан батлагдсан тохиолдолыг нас баралтын тоонд харьцуулах нь

Нас, жилээр	Оношлогдсон тохиолдол N (%)	Нас баралт N (%)	Нас баралтын хувь (%)
Нийт хүн	44,672	1,023	2.3
0-9	416 (0.9)	-	-
10-19	549 (1.2)	1 (0.1)	0.2
20-29	3,619 (8.1)	7 (0.7)	0.2
30-39	7,600 (17.0)	18 (1.8)	0.2
40-49	8,571 (19.2)	38 (3.7)	0.4
50-59	10,008 (22.4)	130 (12.7)	1.3
60-69	8,583 (19.2)	309 (30.2)	3.6
70-79	3,918 (8.8)	312 (30.5)	8.0
≥80	1,408 (3.2)	208 (20.3)	14.8

Ном зүй:

1. *Wu P, Hao X, Lau EHY, Wong JY, Leung KSM, Wu JT, Cowling BJ, Leung GM. Real-time tentative assessment of the epidemiological characteristics of novel coronavirus infections in Wuhan, China, as at 22 January 2020. Euro Surveill. 2020 Jan;25(3).*
2. *(https://www.who.int/china/news/detail/09-01-2020-who-statement-regarding-cluster-of-pneumonia-cases-in- wuhan-china)*
3. *(https://www.who.int/dg/speeches/detail/who-director-general-s-opening-remarks-at-the-media-briefing-on-covid-19---11-march-2020)*
4. *Chan JF, Kok KH, Zhu Z, Chu H, To KK, Yuan S, Yuen KY. Genomic characterization of the 2019 novel human-pathogenic coronavirus isolated from a patient with atypical pneumonia after visiting Wuhan. Emerg Microbes Infect. 2020 Dec;9(1):221-236.*
5. *Tang et al. On the origin and continuing evolution of SARS-CoV-2. 2020. National Science Review*
6. *Lu et al. Genomic characterisation and epidemiology of 2019 novel coronavirus: implications for virus origins and receptor binding. 2020 Lancet 2020; 395: 565–74*
7. *Marchler-Bauer A, Bo Y, Han L, et al. CDD/SPARCLE: functional classification of proteins via subfamily domain architectures. Nucleic Acids Res 2017; 45: D200–03*
8. *Zhou, P. et al. Nature https://doi.org/10.1038/s41586-020-2012-7 (2020)*
9. *Wu, F. et al. 2020. A new coronavirus associated with human respiratory disease in China. Nature https://doi.org/10.1038/s41586-020-2008-3 (2020)*
10. *Kristin G. Andersem et al. 2020. The proximal origin of SARS-CoV-2. Nature Medicine*
11. *Huang C, Wang Y, Li X, Ren L, Zhao J, Hu Y, Zhang L, Fan G, Xu J, Gu X, Cheng Z, Yu T, Xia J, Wei Y, Wu W, Xie X, Yin W, Li H, Liu M, Xiao Y, Gao H, Guo L, Xie J, Wang G, Jiang R, Gao Z, Jin Q, Wang J, Cao B. Clinical features of patients infected with 2019 novel coronavirus in Wuhan, China. Lancet. 2020 Jan 24.*
12. *Chen Q, Liang M, Li Y, Guo J, Fei D, Wang L, He L, Sheng C, Cai Y, Li X, Wang J, Zhang Z. Mental health care for medical staff in China during the COVID-19 outbreak. Lancet Psychiatry. 2020 Feb 18.*
13. *Song F, Shi N, Shan F, Zhang Z, Shen J, Lu H, Ling Y, Jiang Y, Shi Y. Emerging Coronavirus 2019-nCoVPneumonia. Radiology. 2020 Feb 6:200274.*
14. *Chang, Lin M, Wei L, Xie L, Zhu G, Dela Cruz CS, Sharma L. Epidemiologic and Clinical Characteristics ofNovel Coronavirus Infections Involving 13 Patients Outside Wuhan, China. JAMA. 2020 Feb 7.*
15. *Guan WJ, Ni ZY, Hu Y, Liang WH, Ou CQ, He JX, Liu L, Shan H, Lei CL, Hui DSC, Du B, Li LJ, Zeng G, Yuen KY, Chen RC, Tang CL, Wang T, Chen PY, Xiang J, Li SY, Wang JL, Liang ZJ, Peng YX, Wei L, Liu Y, Hu YH, Peng P, Wang JM, Liu JY, Chen Z, Li G, Zheng ZJ, Qiu SQ, Luo J, Ye CJ, Zhu SY, Zhong NS; China Medical Treatment Expert Group for Covid-19. Clinical Characteristics of Coronavirus Disease 2019 in China. N Engl J Med. 2020 Feb 28.*
16. *Wang D, Hu B, Hu C, Zhu F, Liu X, Zhang J, Wang B, Xiang H, Cheng Z, Xiong Y, Zhao Y, Li Y, Wang X, Peng Z. Clinical Characteristics of 138 Hospitalized Patients With 2019 Novel Coronavirus-Infected Pneumonia in Wuhan, China. JAMA. 2020 Feb 7.*
17. *Sun P, Qie S, Liu Z, Ren J, Li K, Xi J. Clinical characteristics of 50466 hospitalized patients with 2019-nCoV infection. J Med Virol. 2020 Feb 28.*
18. *Ki M, -nCoV TFF. Epidemiologic characteristics of early cases with 2019 novel coronavirus (2019-nCoV) disease in Republic of Korea. Epidemiol Health. 2020 Feb 9.*
19. *Hoehl S, Berger A, Kortenbusch M, Cinatl J, Bojkova D, Rabenau H, Behrens P, Böddinghaus B, Götsch U, Naujoks F, Neumann P, Schork J, Tiarks-Jungk P, Walczok A, Eickmann M, Vehreschild MJGT, Kann G, Wolf T, Gottschalk R, Ciesek S. Evidence of SARS-CoV- 2 Infection in Returning Travelers from Wuhan, China. N Engl J Med. 2020 Feb 18.*
20. *Bernard Stoecklin S, Rolland P, Silue Y, Mailles A, Campese C, Simondon A, Mechain M, Meurice L, Nguyen M, Bassi C, Yamani E, Behillil S, Ismael S, Nguyen D, Malvy D, Lescure FX, Georges S, Lazarus C, Tabaï A, Stempfelet M, Enouf V, Coignard B, Levy-Bruhl D, Investigation Team. First cases of coronavirus disease 2019 (COVID-19) in France: surveillance, investigations and control measures, January 2020. Euro Surveill. 2020 Feb;25(6).*
21. *Silverstein WK, Stroud L, Cleghorn GE, Leis JA. First imported case of 2019 novel coronavirus in Canada, presenting as mild pneumonia. Lancet. 2020 Feb 13. pii: S0140-6736(20)30370-6.*
22. *Huang WH, Teng LC, Yeh TK, Chen YJ, Lo WJ, Wu MJ, Chin CS, Tsan YT, Lin TC, Chai JW, Lin CF, Tseng CH, Liu CW, Wu CM, Chen PY, Shi ZY, Liu PY. 2019 novel coronavirus disease (COVID-19) in Taiwan: Reports of two cases from Wuhan, China. J Microbiol Immunol Infect. 2020 Feb 19.*
23. *Lillie PJ, Samson A, Li A, Adams K, Capstick R, Barlow GD, Easom N, Hamilton E, Moss PJ, Evans A, Ivan M, Phe Incident Team, Taha Y, Duncan CJA, Schmid ML; Airborne HCID Network. Novel coronavirus disease (Covid-19): the first two patients in the UK*

with person to person transmission. J Infect. 2020 Feb 28.
24. *Young BE, Ong SWX, Kalimuddin S, Low JG, Tan SY, Loh J, Ng OT, Marimuthu K, Ang LW, Mak TM, Lau SK, Anderson DE, Chan KS, Tan TY, Ng TY, Cui L, Said Z, Kurupatham L, Chen MI, Chan M, Vasoo S, Wang LF, Tan BH, Lin RTP, Lee VJM, Leo YS, Lye DC; Singapore 2019 Novel Coronavirus Outbreak Research Team. Epidemiologic Features and Clinical Course of Patients Infected With SARS-CoV- 2 in Singapore. JAMA.2020 Mar 3.*
25. *(https://www.nature.com/articles/d41586-020-00364-2)*
26. *(https://www.nature.com/articles/d41586-020-00180-8)*
27. *Chan JF, Yuan S, Kok KH, To KK, Chu H, Yang J, Xing F, Liu J, Yip CC, Poon RW, Tsoi HW, Lo SK, Chan KH, Poon VK, Chan WM, Ip JD, Cai JP, Cheng VC, Chen H, Hui CK, Yuen KY. A familial cluster of pneumonia associated with the 2019 novel coronavirus indicating person-to-person transmission: a study of a family cluster. Lancet. 2020 Jan 24.*
28. *Zhang W, Du RH, Li B, Zheng XS, Yang XL, Hu B, Wang YY, Xiao GF, Yan B, Shi ZL, Zhou P. Molecular and serological investigation of 2019-nCoV infected patients: implication of multiple shedding routes. Emerg Microbes Infect. 2020 Dec;9(1):386-389.*
29. *(https://www.biorxiv.org/content/10.1101/2020.01.25.919787v1.full)*
30. *(https://www.medrxiv.org/content/10.1101/2020.02.06.20020974v1.full.pdf)*
31. *(https://www.medrxiv.org/content/10.1101/2020.01.27.20018986v2)*
32. *Li Q, Guan X, Wu P, Wang X, Zhou L, Tong Y, Ren R, Leung KSM, Lau EHY, Wong JY, Xing X, Xiang N, Wu Y, Li C, Chen Q, Li D, Liu T, Zhao J, Li M, Tu W, Chen C, Jin L, Yang R, Wang Q, Zhou S, Wang R, Liu H, Luo Y, Liu Y, Shao G, Li H, Tao Z, Yang Y, Deng Z, Liu B, Ma Z, Zhang Y, Shi G, Lam TTY, Wu JTK, Gao GF, Cowling BJ, Yang B, Leung GM, Feng Z. Early Transmission Dynamics in Wuhan, China, of Novel Coronavirus-Infected Pneumonia. N Engl J Med. 2020 Jan 29.*
33. *Johns Hopkins University dashboard (https://gisanddata.maps.arcgis.com/apps/opsdashboard/index.html#/bda7594740fd40299423467b48e9ecf6)*

Vital signs and epidemiological characteristics of corana virus (COVID19)

Odongua N[1], Naranchimeg Ts[2], Sevjidmaa B[3]

[1]MNUMS, School Of Public Health
[2]MNUMS, School of Medicine, department of pediatrics
[3]MNUMS, School of Bio-Medicine
Tel: 99079129

Coronaviruses are common human pathogens, causing generally-mild acute respiratory illnesses known as the common cold. Prior to December 2019 when clusters of pneumonia cases with unknown aetiology were detected in Wuhan, China, only two additional strains of coronaviruses had caused outbreaks of severe acute respiratory disease in humans: the severe acute respiratory syndrome coronavirus (SARS-CoV) and Middle East respiratory syndrome coronavirus (MERS-CoV). On 9 January 2020, a novel coronavirus, 2019-nCoV (temporary name), was officially identified as the cause of an outbreak of viral pneumonia in Wuhan. In the following weeks, the virus spread rapidly within China, and an increasing number of cases appeared in other countries.

On January 30th 2020, the International Health Regulations (2005) Emergency Committee agreed that the outbreak meets the criteria for a Public Health Emergency of International Concern the disease was named COVID-19 by WHO on February 11 2020 and the virus named SARS-CoV-2 by the International Committee on Virus Taxonomy on the same day. On March 11 2020, WHO characterised COVID-19 as a pandemic. According to WHO, a total of 1,214,487 cases has been confirmed globally in 207 countries, including 65,603 deaths.