

Coronavirus zoonótico SARS-CoV-2: La búsqueda del misterioso hospedero intermediario

The zoonotic coronavirus SARS-CoV-2: Searching for the mysterious intermediate host

Señor Editor:

La pandemia de Enfermedad por Coronavirus (COVID-19) ha producido millones de contagiados y cientos de miles de muertos en todo el mundo. Actualmente todos los sistemas sanitarios del mundo están en estado de alerta debido al impacto en la salud física y mental que esta pandemia puede producir en las personas (1,2). No es el primer coronavirus que nos ataca; estos agentes patógenos son conocidos desde finales de la década de 1930 (3) y han producido en humanos las epidemias de Síndrome Respiratorio Agudo Severo (SARS) y Síndrome Respiratorio del Medio Oriente (MERS), las cuales tienen su origen en animales (3,4). De esta forma, el objetivo de esta carta al editor es referirse a los aspectos zoonóticos de COVID-19, discutir cuál es el reservorio animal del coronavirus causante, destacando porqué es tan importante identificar su hospedero intermediario.

Se sabe que el eminente patólogo alemán Rudolph Virchow (1821-1902) reconoció un nexo entre ciertas enfermedades humanas y animales, acuñando el término “zoonosis” para indicar que las enfermedades infecciosas poseían vínculos entre la salud animal y la salud humana (5). Hoy en día el término zoonosis hace referencia a ciertas enfermedades causadas por agentes etiológicos tales como parásitos, bacterias, hongos, virus y priones, que se transmiten desde un reservorio animal, generalmente asintomático (4), a los humanos y viceversa (6). Se sabe que los coronavirus tienen

una capacidad demostrada para saltar los límites entre especies y adaptarse a nuevos hospederos (7).

El SARS-CoV-2, inicialmente denominado 2019-nCoV y que es el agente etiológico causante de COVID-19, es un coronavirus zoonótico (figura 1), según lo demuestran diversos estudios (4,6,7,8). Al analizar las secuencias genómicas de longitud completa de pacientes infectados en una etapa temprana del brote de COVID-19 (8), se encontró que la secuencia de SARS-CoV-2 es casi idéntica y comparte 79,6% de identidad de secuencia con SARS-CoV, coronavirus causante de SARS (8). Además, SARS-CoV-2 es 96% idéntico a nivel de genoma completo en comparación a un coronavirus de murciélago, particularmente de la especie *Rhinolophus affinis* (murciélago de herradura) (8). También se demostró que SARS-CoV-2 utiliza el mismo receptor que SARS-CoV en su proceso de entrada a las células. Este receptor es la enzima convertidora de angiotensina II (ACE2) (8).

Para SARS-CoV-2 se ha propuesto que existe muy probablemente un hospedero intermediario (o amplificador) entre murciélagos y seres humanos (7). Dentro de él este coronavirus habría adquirido algunas o todas las mutaciones necesarias para una transmisión eficiente hacia los humanos (7). Entre los candidatos propuestos destacan serpientes, civetas de las palmeras u otro animal silvestre comercializado en mercados chinos (4).

¹ Departamento de Ciencias Químicas y Biológicas, Facultad de Ciencias de la Salud; Programas de Magíster en Ciencias Químico Biológicas y Programa de Doctorado en Educación, Universidad Bernardo O’Higgins, Santiago, Chile.

^a Biólogo, Profesor de Estado en Química;

^b Magíster y Doctor en Ciencias.

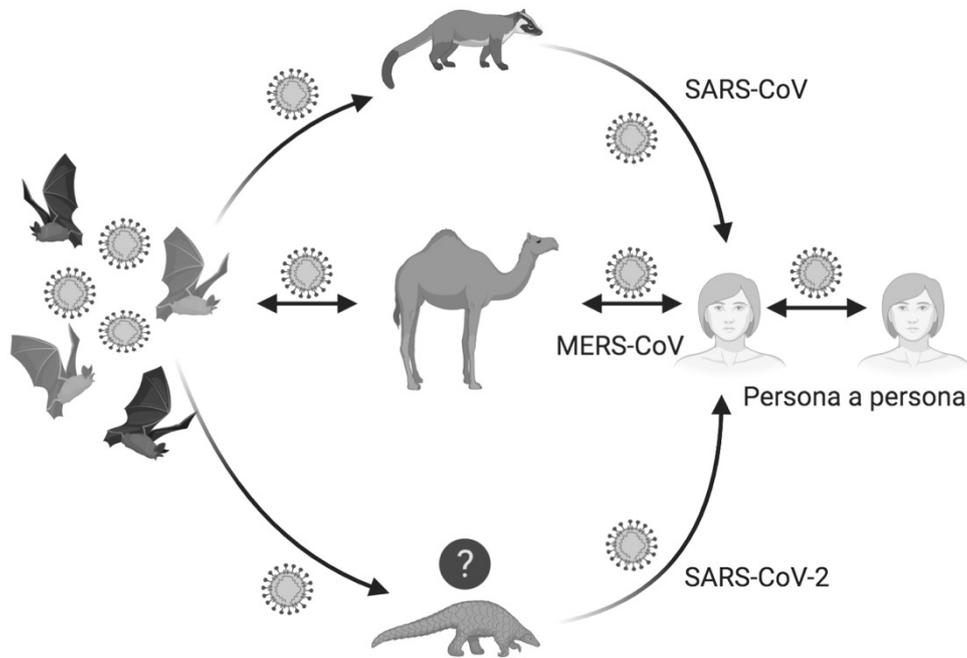


Figura 1. Coronavirus como agentes zoonóticos. Se sabe que SARS-CoV puede ser transmitido desde murciélagos a humanos mediante un intermediario que serían las civetas. Por su parte, MERS-CoV tendría a camélidos como su intermediario. En el caso de SARS-CoV-2, se ha propuesto el pangolín como animal intermediario, pero son necesarios más estudios para confirmar esta afirmación. Figura creada utilizando *BioRender.com*.

Una reciente investigación muestra que los pangolines, ampliamente traficados para propósitos de alimentación o de medicina tradicional china, podrían ser los animales intermediarios (9,10). Este estudio se enfocó en una especie de pangolín (*Manis javanica*), encontrando que el genoma del coronavirus identificado en esta especie tiene entre 85,5% a 92,4% de similitud de secuencia con SARS-CoV-2 (9). Más aún, SARS-CoV-2, exhibe una similitud de secuencia muy alta con los coronavirus presentes en las muestras tomadas de pangolín de Guangdong (Cantón), específicamente en el dominio de unión al receptor ACE2 (9).

¿Cuál es la importancia de identificar a la especie animal intermediaria? La identificación del hospedero intermediario de SARS-CoV-2 es muy relevante para

comprender el origen de la emergencia de la pandemia actual y para prevenir eventos epidémicos similares en el futuro. Indudablemente, los descubrimientos en el área de genómica y filogenética serán de gran relevancia para la prevención y el control del origen de SARS-CoV-2. Precisar la fuente de origen de este coronavirus también es fundamental para prevenir brotes epidémicos de otros patógenos relacionados, así como para aportar datos relevantes para la obtención de una vacuna para SARS-CoV-2. Finalmente, la búsqueda de este hospedero intermediario debe incluir los esfuerzos colaborativos de médicos y otros profesionales de la salud humana, así como médicos veterinarios, biólogos y profesionales del medioambiente bajo el enfoque de “Una Sola Salud” (*One Health*), concepción holística que integra la salud humana, animal y ambiental (4,6), y que

CARTA AL EDITOR / LETTER

recuerda el concepto de “Una Medicina” de Virchow (5), propuesta que no fue adecuadamente reconocida en su tiempo.

Manuel E. Cortés^{1,a,b}

Correspondencia:

Prof. Dr. Manuel Enrique Cortés Cortés
Departamento de Ciencias Químicas y Biológicas,
Facultad de Ciencias de la Salud, Campus Rondizzoni,
Universidad Bernardo O’Higgins.
General Gana # 1702 (C.P. 8370854), Santiago, RM,
Chile.
Correo electrónico: cortesmanuel@docente.ubo.cl
Teléfono: +56 2 24772244

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

1. Rodríguez-Morales AJ, Sánchez-Duque JA, Hernández Botero S, et al. Preparación y control de la enfermedad por coronavirus 2019 (COVID-19) en América Latina. *Acta Medica Peru.* 2020; 37(1):3–7. DOI: <https://doi.org/10.35663/amp.2020.371.909>
2. Pérez-Then E. Nuevo coronavirus 2019-nCoV: Impacto en salud global. *Cienc y Salud.* 2020; 4(1):5–9. DOI: <https://doi.org/10.22206/cysa.2020.v4i1.pp5-9>
3. Ye Z-W, Yuan S, Yuen K-S, Fung S-Y, Chan C-P, Jin D-Y. Zoonotic origins of human coronaviruses. *Int J Biol Sci.* 2020; 16(10):1686–97. DOI: 10.7150/ijbs.45472
4. Cortés ME. Coronavirus como amenaza a la salud pública. *Rev Med Chil.* 2020; 148(1):124–6. <http://dx.doi.org/10.4067/S0034-98872020000100124>
5. Schultz M. Rudolf Virchow. *Emerg Infect Dis.* 2008; 14(9):1480–1.
6. Cortés ME. Enfermedad por coronavirus 2019 (COVID-19): Importancia de la comunicación científica y de la enseñanza actualizada de las zoonosis. *Rev Peru Investig Salud.* 2020; 4(2): 87–8. DOI: <https://doi.org/10.35839/repis.4.2.697>
7. Zhang Y-Z, Holmes EC. A Genomic perspective on the origin and emergence of SARS-CoV-2. *Cell.* 2020; 181(2): 223–7.
8. Zhou P, Yang X-L, Wang X-G, Hu B, Zhang L, Zhang W, et al. A pneumonia outbreak associated with a new coronavirus of probable bat origin. *Nature.* 2020; 579(7798):270–3. doi: 10.1038/s41586-020-2012-7
9. Lam TT-Y, Shum MH-H, Zhu H-C, Tong Y-G, Ni X-B, Liao Y, et al. Identifying SARS-CoV-2 related coronaviruses in Malayan pangolins. *Nature.* 2020. (por publicarse). Doi: <https://doi.org/10.1038/s41586-020-2169-0>
10. Tolosa A. Acotando el origen del coronavirus SARS-CoV-2. Valencia: *Genética Medica News*; 2020. (Citado el 18 de abril de 2020). Disponible en: https://genotipia.com/genetica_medica_news/origen-coronavirus-sars-cov-2/

Recibido: 20/04/2020