

# Actualidad y controversia de la zoonosis como origen del SARS-CoV-2

## Actuality and controversy of zoonosis as the origin of SARS-CoV-2

Recibido: mayo 03 de 2021 | Revisado: diciembre 21 de 2021 | Aceptado: diciembre 29 de 2021

<sup>1a</sup>Luis Alejandro Espejo Sotelo

<sup>1b</sup>Johans Neil Tello Arquíñego

Con la presente carta, trataremos de brindar nueva información respecto al origen del SARS-Cov-2, revisando información publicada posteriormente a la del volumen 8 de su revista. La pandemia del Covid 19 producida por el SARS-CoV-2 ha producido a la fecha más de 130 millones de infectados y 2'700,000 muertos a nivel global provocando colapso sanitario y económico (Cabezas 2020). En el artículo de revisión "Enlaces zoonóticos del coronavirus SARS-CoV-2", Vol 8 N°1 pág 68 (Iannacone et al 2020), se dice que esta enfermedad tiene como antecedentes las epidemias del Síndrome Respiratorio Agudo Severo (SARS) y del Síndrome Respiratorio del Oriente Medio (MERS) y en ambos la fuente del virus o reservorio es el murciélago y sus huéspedes intermediarios son la civeta de la Palmera en el caso del SARS y el camello en el caso del MERS (Ye et al., 2020) y en cuanto al SARS-CoV-2 se postula que su reservorio son los murciélagos del género *Rhinolophus affinis* Horsfield (Zhou et al., 2020).

También se afirma que es muy probable que exista un huésped intermediario que es el pangolín porque se ha encontrado una similitud genética fuerte con el SARS-CoV-2 en muestras de biopsia realizadas a este animal (Lam et al. 2020). Hay reportes preliminares que afirman que en el momento del brote de Wuhan estos murciélagos estaban a 900 km del mercado de la ciudad en su hábitat natural en cuevas y árboles (Xiao 2020) y que en diciembre de 2019 no había murciélagos para consumo o comercialización como informaron los residentes de esa zona y surgió la teoría de que eran los pangolines y otros animales infectados que comparten el mismo entorno de los murciélagos los que llevaron la infección al mercado. Otro hecho que se menciona en el artículo es que es improbable que la infección haya salido de algún laboratorio, pero hay una carta de un investigador de Wuhan (Xiao 2020) informando que a 280 metros del mercado de Wuhan está el Wuhan Center for Disease Control & Prevencion y que en ese centro se encontraban decenas de murciélagos traídos de otras partes de China incluyendo los *Rhinolophus affinis*, que portaban el SARS SHC014 y que además se reportaron accidentes como ataques de los murciélagos al personal y contaminación con excretas, además a unos 300 metros se encontraba el hospital de esa zona que ya empezó a reportar los primeros casos de infectados en esta epidemia (Wu et al., 2020).

Un segundo laboratorio está a unos 12 kilómetros del mercado de mariscos y pertenecía al Instituto de Virología de Wuhan de la Academia China de Ciencias (Xiao 2020). Este laboratorio informó que trabajaba con murciélagos *Rhinolophus* que son reservorios naturales para coronavirus del síndrome respiratorio (SARS-CoV) que causó la pandemia de 2002 (Xiao 2020). El investigador principal participó en un proyecto que generó un virus quimérico utilizando el sistema de genética inversa con el SARS-CoV, e informó del potencial que tiene para infectar humanos (Chaturvedi 2020). Entonces existía la posibilidad que el SARS-CoV o su derivado podría filtrarse del laboratorio sumado al hecho de que hay estudios que demuestran la posibilidad que el SARS CoV 2 puede infectar de manera directa al hombre (Chaturvedi 2020).

<sup>1</sup> Universidad Nacional Federico Villarreal. Doctorado en Salud Pública

Correspondencia: neilte25092@hotmail.com

<sup>a</sup> IPRESS de Diálisis "Santa Rosa"

ORCID ID: 0000-0002-3772-8885

<sup>b</sup> Hospital Nacional PNP "Luis N. Sáenz"

ORCID ID: 0000-0002-5339-3755

DOI: <https://doi.org/10.24039/cv2021921337>



En un artículo publicado, los científicos investigaron un virus llamado SHC014 que es un virus como el SARS que infecta a los murciélagos *Rhinolophus affinis*. Los investigadores crearon un virus quimérico (Xiao 2020) compuesto por una proteína de superficie de SHC014 y la columna vertebral de un virus del SARS que se había adaptado para crecer en células de ratones e imitar una enfermedad humana. La quimera resultante infectó las células de las vías respiratorias humanas, a nivel de los receptores ACE2 lo que demuestra que la proteína de superficie del SHC014 tiene la estructura necesaria para unirse a un receptor clave en las células e infectarlas y no es necesaria la intervención de un hospedero intermedio. También causó enfermedades en ratones, pero no los mató (Chaturvedi 2020).

Aunque casi todos los coronavirus aislados de murciélagos no han podido unirse al receptor humano clave, SHC014 no es el primero que puede hacerlo. En 2013, los investigadores informaron de esta capacidad, por primera vez, en un coronavirus diferente aislado de la misma población de murciélagos (Chaturvedi 2020). Se pensaba, antes del estudio conjunto de la OMS, que los primeros casos reconocidos de COVID-19 en Wuhan, ocurrieron a principios de diciembre de 2019. La información preliminar de vigilancia de casos de neumonía grave había sugerido que no habían tendencias en las semanas y meses anteriores a estos primeros casos notificados; sin embargo, dado que la infección por SARS-CoV-2 puede ser asintomática o causar solo una enfermedad leve en muchas personas, es probable que otras estuvieran infectadas en el momento del reconocimiento de los primeros casos y que la transmisión podría haber estado ocurriendo en la comunidad antes de principios de diciembre de 2019.

Por lo tanto, es importante investigar la posible aparición de casos anteriores (WHO Global study 2021), entonces quiere decir, muy probablemente, que en ese mes estaban reportando el pico de su primera ola, lo que los lleva a implantar una cuarentena estricta y nombrar como parte del equipo de crisis a científicos del Instituto de Virología de Wuhan, empezando a construir hospitales de campaña para atender a pacientes COVID, para así no saturar sus centros de salud, dando a entender que el brote de la infección se produjo en una zona diferente de Wuhan. Con una posibilidad muy fuerte de que haya sido de manera accidental, de un laboratorio donde se tenían muestras de virus capaces de infectar células humanas produciendo cepas que ya no necesitaban un huésped intermediario en una transmisión zoonótica, sino una transmisión humana directa, propagándose de ahí al mercado, hospital y ciudades alrededor de Wuhan antes de diciembre, para luego tornarse incontrolable, algo que abona esto es que la OMS, ya transcurrido un año, aún no puede establecer de manera categórica el huésped intermediario (WHO Global study 2021).

Los hallazgos refuerzan las sospechas de que los coronavirus de murciélagos capaces de infectar directamente a los humanos (en lugar de necesitar primero evolucionar en un huésped animal intermedio) pueden ser más comunes de lo que se pensaba anteriormente.

Así mismo, en marzo de 2021, se ha dado la declaración del secretario de la OMS, que advierte refiriéndose al informe de la comisión de la OMS sobre el origen del Coronavirus, que no debe descartarse el origen del virus en un laboratorio y que falta investigar más sobre esta posibilidad. En su informe la comisión de la OMS menciona que, aunque son raros, los accidentes de laboratorio ocurren y diferentes laboratorios de todo el mundo están trabajando con los murciélagos que portan Coronavirus. Cuando se trabaja en particular con cultivos de virus, pero también con vacunas de animales o muestras clínicas, los seres humanos pueden infectarse en laboratorios con bioseguridad limitada, con prácticas de gestión de laboratorio deficientes o por negligencia. La cepa CoV RaTG13 conocida más cercana (96,2%) al SARS-CoV-2 detectada en muestras de hisopados anales de murciélagos, se ha secuenciado en el Instituto de Virología de Wuhan. El laboratorio de Wuhan CDC se mudó el 2 de diciembre de 2019 a una nueva ubicación cerca del mercado de Huanan. Tales movimientos pueden ser poco seguros para las operaciones de cualquier laboratorio (WHO Global study 2021).

Otro aspecto que se menciona en el informe de la OMS es que no creen que el brote empezó en Wuhan como sostenidamente se afirma, específicamente en el mercado de especies salvajes, sino que solo fue un centro de amplificación de la epidemia en esa zona, asociándose los primeros casos con este mercado de Huanan, pero también hay un número similar de casos que se asociaron con otros mercados y algunos no se asociaron con ningún mercado. Por lo tanto, actualmente, no se puede sacar una conclusión firme sobre el papel del mercado de Huanan en el origen del brote o cómo se introdujo la infección en el mercado.

En la actualidad, nuevos elementos de la fauna han aparecido como componentes zoonóticos con el transcurrir de la Pandemia, como en los criaderos de visones, donde han ocurrido brotes de SARS-CoV-2 en granjas de peletería por contacto con trabajadores infectados, ya que se han notificado casos de transmisión del virus a los humanos en Europa; una mención especial merece la situación de los visones, los que han sido hallados infectados en granjas peleteras de Países Bajos, Dinamarca, España, Italia, Estados Unidos, Suecia, Grecia y Lituania. Inicialmente, se observaron altas tasas de mortalidad en los criaderos y los animales infectados presentaron signos respiratorios y gastrointestinales (Hammer et al., 2021). Entre mayo y noviembre de 2020 se detectaron en Países Bajos y en Dinamarca, humanos infectados con variantes del SARS-CoV-2 asociadas con visones de cría, y algunos estudios sugieren que el virus podría haber evolucionado en los criaderos (Oreshkova et al., 2020).

La siembra de SARS-CoV-2 en poblaciones de visones ha demostrado que estos animales también son altamente susceptibles y la evidencia actual disponible no puede descartar la posibilidad de que los visones sean una fuente principal de SARS-CoV-2. Nosotros, con la presente misiva, tratamos de brindar una actualización respecto al origen zoonótico del SARS-CoV-2 ya que las publicaciones al respecto se siguen realizando de manera continua.

**Fuente de financiamiento:** Este trabajo fue autofinanciado por los autores.

**Conflicto de Interés:** Los autores declaran que no existe ningún potencial conflicto de interés relacionado con el mismo.

### Referencias Bibliográficas

- Cabezas, C. (2020). Pandemia del COVID-19: tormentas y retos. *Rev Peru Med Exp Salud Publica*, 37(4),603-604. doi: <https://doi.org/10.17843/rpmesp.2020.374.6866>
- Chaturvedi, P., Ramalingam, N., & Singh, A. (2020). Is COVID-19 man-made? *Cancer Res Stat Treat*, 3(1), 284-286.
- Hammer, A.S., Quaade, M.L., Rasmussen, T.B., Fonager, J., Rasmussen, M., & Mundbjerg, K. (2020). SARS-CoV-2 transmission between mink (*Neovison vison*) and humans, Denmark. *Emerg Infect Dis*, Feb 2020 [date cited]. <https://doi.org/10.3201/eid2702.203794>.
- Iannacone, J., Tejada, M., Alvaríño, L., & Castañeda, L. (2020). Enlaces zoonóticos del coronavirus SARS-CoV-2. *Cátedra Villarreal*, 8(1), 67-80.
- Lam, T.T.Y., Shum, M.H.H., Zhu, H.C., Tong, Y.G., Ni, X.B., & Liao, Y. (2020). Identifying SARS-CoV-2 related coronaviruses in Malayan pangolins. *Nature*, (por publicarse). Doi: <https://doi.org/10.1038/s41586-020-2169-0>.
- Oreshkova, N., Molenaar, R.J., Vreman, S., Harders, F., Oude-Munnink, B.B., & Hakze-van der Honing, R.W.(2020). SARS-CoV-2 infection in farmed minks, the Netherlands, April and May 2020. *Euro Surveill*. doi:10.2807/1560-7917.ES.2020.25.23.2001005pmid:32553059.
- Xiao, B. & Xiao, L. (2020). The possible origin of 2019 n-CoV corona virus. *Preprint. Feb 2020*. Doi: 10.13140/RG.2.2.21799.29601.
- World Health Organization. (2020). WHO-convened Global Study of Origins of SARS-CoV-2: China Part Joint WHO-China Study. 14 January-10 February 2021 Joint Report.
- Wu, F., Zhao, S., & Yu, B. (2020). A new coronavirus associated with human respiratory disease in China. *Nature*, 579(1), 265-269. <https://doi.org/10.1038/s41586-020-2008-3>.
- Ye, Z.W., Yuan, S., Yuen, K.S., Fung, S.Y., Chan, C.P., & Jin, D.Y. (2020). Zoonotic origins of human coronaviruses. *Int J Biol Sci*, 16(1), 1686 - 1697. doi:10.7150/ijbs.45472

Zhou, P., Yang, X.L., & Wang, X.G. (2020). A pneumonia outbreak associated with a new coronavirus of probable bat origin. *Nature*, 579(1), 270–273. doi:<https://doi.org/10.1038/s41586-020-2012-7>.