

Una actualización con relación a la zoonosis del SARs-CoV-2 a dos años de la pandemia

An update regarding the zoonosis of SARs-CoV-2 two years after the pandemic

Recibido: 12 de junio de 2022 | Revisado: 15 de junio de 2022 | Aceptado: 17 de junio de 2022

Respuesta a Carta al Editor: Actualidad y controversia de la zoonosis como origen del SARS-CoV-2

José Iannacone^{1,2,A}
Miguel Tejada^{1,B}
Lorena Alvarino^{1,C}
Luz Castañeda^{1,D}

¹Laboratorio de Ecología y Biodiversidad Animal (LEBA), Facultad de Ciencias Naturales y Matemática, Grupo de Investigación en Sostenibilidad Ambiental (GISA), Escuela Universitaria de Posgrado, Universidad Nacional Federico Villarreal. Lima, Perú.

²Laboratorio de Parasitología. Facultad de Ciencias Biológicas. Universidad Ricardo Palma. Lima, Perú.

^Ajoseiannacone@gmail.com (*Correspondencia), <https://orcid.org/0000-0003-3699-4732>

^Btejadagarciamiguelangel@gmail.com: <https://orcid.org/0000-0003-3164-5330>

^Clorenaalvarino@gmail.com: <https://orcid.org/0000-0003-1544-511X>

^Dlcastaneda@unfv.edu.pe: <https://orcid.org/0000-0001-6684-8205>

DOI: <https://doi.org/10.24039/cv20221011433>

En la carta proporcionamos una actualización con relación al rol zoonótico del SARS-CoV-2 (Síndrome Respiratorio Agudo Severo 2) sobre todo al analizar la carta titulada: “Actualidad y controversias de la zoonosis como origen del SARS-CoV-2” (Espejo-Sotelo & Tello-Arquiñe, 2021), que analiza y actualiza el artículo de revisión “Enlaces zoonóticos del coronavirus SARS-CoV-2” (Iannacone et al., 2020). En la mencionada carta se mencionan aportes interesantes con relación a la temática. Sin embargo, a la fecha junio de 2022 se siguen sacando conclusiones controversiales con relación al tema.

En el Trabajo de Iannacone et al. (2020) se señala que es muy probable que exista un huésped intermediario y se involucra al Pangolín malayo (*Manis javanica*) (Mishra et al., 2021; Barroso et al., 2022; Holmes, 2022). Espejo-Sotelo y Tello-Arquiñe (2021), sostienen que los murciélagos pueden infectar de forma directa al hombre y que no es obligatoria la intervención de un hospedero intermediario como el pangolín. Para el 2020, los esfuerzos por identificar de forma específica al hospedero intermediario potencial del SARS-CoV-2 no han sido exitosos (Jo et al., 2020; Borsetti et al., 2021; Mohapatra & Menon, 2022). Sin embargo, la mayoría de la literatura científica al 2022 sigue señalando al pangolín

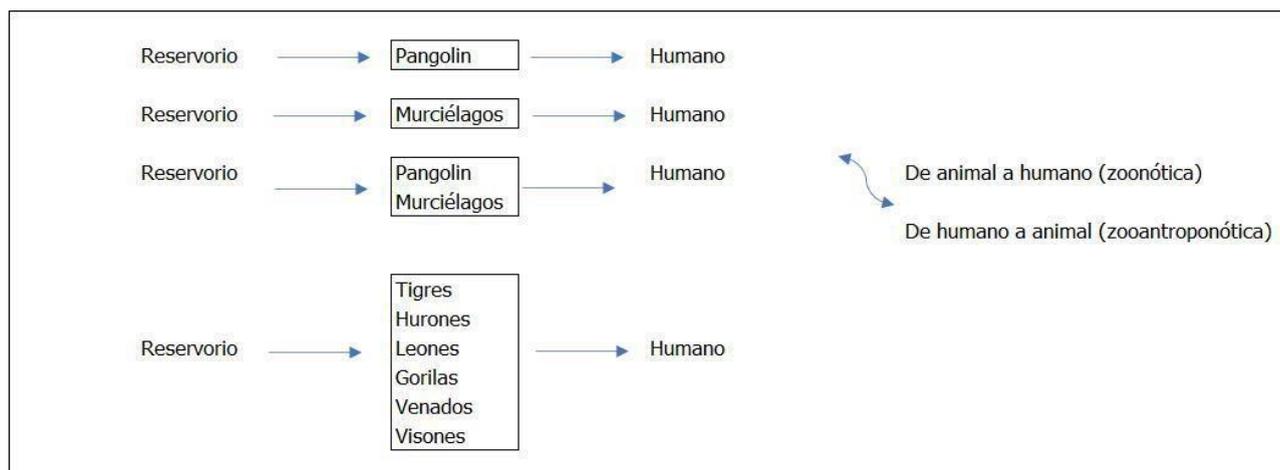
como el posible reservorio y hospedero intermediario del SARS-CoV-2 (Altaf et al., 2022; Barroso et al., 2022; Haley, 2022; Holmes, 2022; Nguyen et al., 2022; Mohapatra & Menon, 2022). Recientemente, se han analizado más de 300 secuencias genómicas de casos infectados con COVID-19 recopilados de diferentes países. Los resultados obtenidos de varios experimentos, haciendo uso de la biología computacional con Inteligencia Artificial que utilizan algoritmos de agrupamiento demuestran que todos los genomas de SARS-CoV-2 examinados pertenecen a un grupo que también contiene genomas de coronavirus de murciélago y pangolín. Esto proporciona evidencia que apoya fuertemente las hipótesis científicas de que los murciélagos y los pangolines son huéspedes probables del SARS-CoV-2 (Nguyen et al., 2022).

Los murciélagos del orden Chiroptera con más de 1400 especies (Haley, 2022), son posiblemente los reservorios entre los mamíferos más importante para los virus zoonóticos, con ejemplos notables que incluyen los coronavirus SARS-CoV-1 y SARS-CoV-2 (Salas-Asencios et al., 2020; Holmes, 2022; Van Brussel & Holmes, 2022; Voskarides, 2022). Se han detectado cinco coronavirus relacionados con el SARS-CoV-2 en muestras fecales agrupadas recolectadas de murciélagos (*Rhinolophus pusillus*, *Rhinolophus stheno* y *Rhinolophus malayanus*) en dos estudios de un solo jardín botánico tropical en la provincia de Yunnan, China (Van Brussel & Holmes, 2022). Estos mismos autores argumentan que, aunque la riqueza de diferentes especies de virus en general en los murciélagos es alta, estos virus rara vez establecen una infección humana exitosa y que la mayoría de los virus de murciélagos clasificados como zoonóticos no se transmiten directamente de los murciélagos a los humanos. Más bien, la transmisión de murciélagos a humanos involucra rutinariamente un huésped animal intermedio, y varias de las familias virales que aparecen regularmente en los estudios del viroma en murciélagos, aún no se han extendido a las poblaciones humanas (Van Brussel & Holmes, 2022).

Desde la publicación de Iannacone et al. (2020), se han incrementado las investigaciones que involucran a especies de mamíferos silvestres, mascotas, y ganado, capaces de presentar alta susceptibilidad al SARS-CoV-2 y con posible potencial zoonótico o antropozootico (Clayton et al., 2022). Se ha encontrado este virus en tigres malayos (*Panthera tigris jacksoni*) (Grome et al., 2022), en hamsters (Haagmans & Koopmans, 2022), en hurones (*Mustela putorius furo*) (Barroso et al., 2022), en leones (*Panthera leo*) (Barroso et al., 2022), gorilas (*Gorilla gorilla*) (Barroso et al., 2022), en venado de cola blanca (*Odocoileus virginianus*) (Barroso et al., 2022), y en granjas de visones (Neovision vison) (Barroso et al., 2022). De igual forma se ha observado baja susceptibilidad al SARS-CoV-2 en otras especies de venados (Holding et al., 2022). Recientemente, Clayton et al. (2022) han realizado una investigación exhaustiva de la posible transmisión de animal a humano (zoonótica) y de humano a animal (zooantroponótica) y, la posible propagación del SARS-CoV-2 dentro de las especies animales (Figura 1).

Figura 1

Resumen de la transmisión de animal a humano (zoonótica) y de humano a animal (zooantroponótica) y, la posible propagación del SARS-CoV-2 dentro de las especies animales.



Iannacone et al. (2020) han argumentado que es improbable que la infección por SAR-CoV-2 haya salido de algún laboratorio. Sin embargo, Espejo-Sotelo y Tello-Arquiñego (2021) argumentan la posibilidad del origen del virus de un laboratorio y que falta investigar más respecto. Actualmente en el 2022, este es un tema de alta preocupación y muy controversial, los debates han sido, y siguen siendo muy discutidos, a menudo violentos y agresivos e inmersos en el ámbito de la política, los conflictos geoestratégicos y los intereses personales que se van apoderando del análisis científico (Dawood et al., 2022). Entre las dos hipótesis principales del origen del virus se tienen un origen natural a través del modelo de "desbordamiento" ("spillover") o un origen por fuga de laboratorio (Borsetti et al., 2021; Ruiz-Medina et al., 2021; Dawood et al., 2022; Frutos et al., 2022a). Muchas publicaciones recientemente han analizado la teoría del origen natural del virus SARS-CoV-2 y lo han confrontado con la teoría de la fuga de laboratorio. Este último, comprende teorías contradictorias, una es la fuga de un virus natural y la otra, la fuga de un virus modificado genéticamente. En la teoría de la fuga de laboratorio se vincula al SARS-CoV-2 con el incidente de la mina Mojiang en 2012, durante el cual seis mineros se enfermaron y tres murieron. Sin embargo, el análisis de los informes clínicos, señala que el diagnóstico no es el de COVID-19 o SARS. SARS-CoV-2 no estaba presente en la mina Mojiang (Frutos et al., 2022b). También se tienen argumentos en contra de la explicación de la fuga del laboratorio. Estas son narrativas que expresan diversas opiniones y también contradicciones. Si el virus está diseñado, no puede ser la fuga accidental de un virus natural y viceversa. Es decir, no son conclusiones científicas basadas en evidencia sólida (Frutos et al., 2022b).

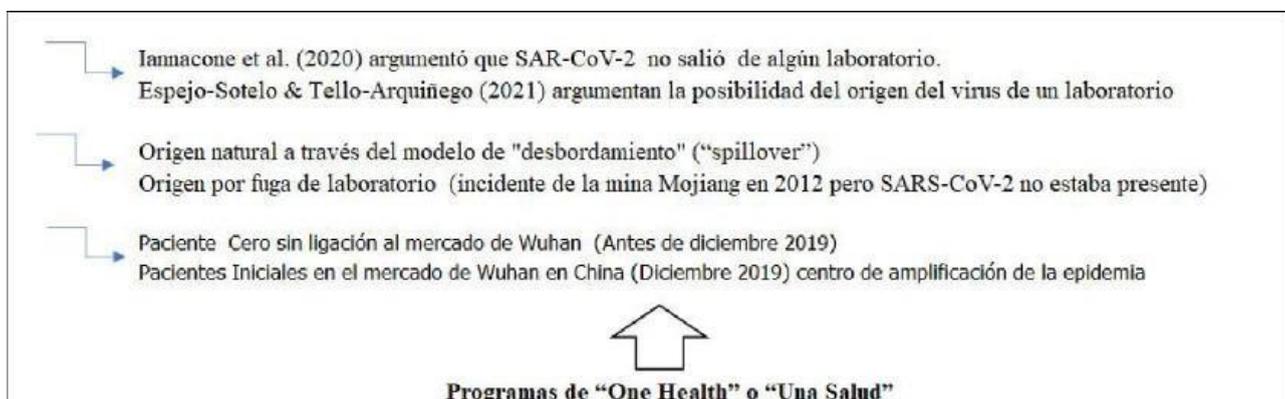
No existe un origen determinado para ninguna especie animal o vegetal, simplemente un proceso evolutivo y selectivo en el que el azar y el entorno juega un papel fundamental. Lo mismo es cierto para los virus (Frutos et al., 2022a).

Espejo-Sotelo y Tello-Arquiñego (2021) argumentan que el mercado de Wuhan en China no fue el inicio del brote, sino que solo fue un centro de amplificación de la epidemia en la zona. La evidencia en retrospectiva concuerda con estos autores, pues se señala un caso anterior a diciembre del 2019 de COVID-19, el cual es señalado como el posible paciente cero, que no presentó asociación con mercados de alimentos marinos o silvestres (Lu et al., 2020).

Todos estos estudios resaltan la necesidad urgente de establecer programas de "One Health" o "Una Salud" (Destoumieux-Garzón et al., 2018) que nos permita monitorear la vida silvestre, el ganado y las mascotas y sus rutas comerciales para rastrear más de cerca el virus SARS-CoV-2 en las poblaciones animales (Mishra et al., 2021) y otras posibles transmisiones zoonóticas en el futuro (Figura 2).

Figura 2

Resumen de la actualización con relación a la zoonosis del SARS-CoV-2 a dos años de la pandemia.



Referencias bibliográficas

- Altaf, M., Abbasi, A.M., Amjad, M.S., Naseer, S. & Umair, M. (2022). Wildlife as a Source of SARS-CoV-2 Evolution- A Review. *Pakistan Journal of Zoology*, 54, 1899-1904.
- Barroso, R.; Vieira-Pires, A.; Antunes, A. & Fidalgo-Carvalho, I. (2022). Susceptibility of pets to SARS-CoV-2 infection: Lessons from a Seroepidemiologic survey of cats and dogs in Portugal. *Microorganisms*, 10, 345.
- Borsetti, A., Scarpa, F., Maruotti, A., Divino, F., Ceccarelli, G., Giovanetti, M., & Ciccozzi, M. (2021). The unresolved question on COVID-19 virus origin: The three cards game?. *Journal of Medical Virology*, 94, 1257–1260.
- Dawood, A., Al-Rrassam, Z. & Altobje, M. (2022). Did the SARS-CoV-2 come from wild, mutagenic or artificial type? Complete genome analysis. *Research Journal of Science and Technology*, 14, 21-29.
- Destoumieux-Garzón, D., Mavingui, P., Boetsch, G., Boissier, J., Darriet, F., Duboz, P., Fritsch, C., Giraudoux, P., Le Roux, F., Morand, S., Paillard, C., Pontier, D., Sueur, C. & Voituron, Y. (2018). The One Health concept: 10 years old and a long road ahead. *Frontiers in Veterinary Science*, 5, 14.
- Espejo-Sotelo, L. y Tello-Arquiñego, J. (2021). Actualidad y controversia de la zoonosis como origen del SARS-CoV-2. *Cátedra Villarreal*, 9, 1-4.
- Frutos, R., Pliez, O., Gavotte, L. & Devaux, C. (2022a). There is no “origin” to SARS-CoV-2. *Environmental Research*, 207, 112173.
- Frutos, R., Javelle, E., Barberot, C., Gavotte, L., Tissot-Dupont, H., & Devaux, C. (2022b). Origin of COVID-19: Dismissing the Mojiang mine theory and the laboratory accident narrative. *Environmental Research*, 204, 112141.
- Grome, H., Meyer, B., Read, E., Buchanan, M., Cushing, A., Sawatzki, K., Levinson, K.J., Thomas, L., Perry, Z., Uehara, A., Tao, Y., Queen, K., Tong, S., Ghai, R., Fill, M., Jones, T., Schaffner, W., & Dunn, J. (2022). SARS-CoV-2 Outbreak among Malayan Tigers and Humans, Tennessee, USA, 2020. *Emerging Infectious Diseases*, 28, 833-836.
- Haagmans, B., & Koopmans, M. (2022). Spreading of SARS-CoV-2 from hamsters to humans. *The Lancet*, 399, 1027-1028.
- Haley, P. (2022). From bats to pangolins: new insights into species differences in the structure and function of the immune system. *Innate Immunity*, 28, 107–121.
- Holding, M., Otter, A., Dowall, S., Takumi, K., Hicks, B., Coleman, T., Hemingway, G., Royds, M., Findlay-Wilson, S., Curran-French, M., Vipond, R., Spron, H., & Hewson, R. (2022). Screening of wild deer populations for exposure to SARS-CoV-2 in the United Kingdom, 2020–2021. *Transboundary and Emerging Diseases*, 10.1111.
- Holmes, E. (2022). COVID-19—lessons for zoonotic disease. *Science*, 375, 6585.
- Iannacone, J., Tejada, M., Alvariano, L., y Castañeda, L. (2020). Enlaces zoonóticos del coronavirus SARS-COV-2. *Cátedra Villarreal*, 8, 67-80.
- Lu, D. (2020). The hunt to find the coronavirus pandemic's patient zero. *New Scientist*, 245, 3276.
- Mishra, J., Mishra, P., & Arora, N. (2021). Linkages between environmental issues and zoonotic diseases: with reference to COVID-19 pandemic. *Environmental Sustainability*, 4, 455–467.
- Mohapatra, S., & Menon, N. (2022). Factors responsible for the emergence of novel viruses: An emphasis on SARS-CoV-2. *Current Opinion in Environmental Science & Health*, 27, 100358.
- Nguyen, T., Abdelrazek, M., Nguyen, D., Aryal, S., Nguyen, D., Reddy, S., Nguyen, Q., Khatami, A., Nguyen, T.T., Hsu, E., & Yang, S. (2022). Origin of novel coronavirus causing COVID-19: A computational biology study using artificial intelligence. *Machine Learning with Applications*, 9, 100328.
- Ruiz-Medina, B., Varela-Ramirez, A., Kirken, R., & Robles-Escajeda, E. (2021). The SARS-CoV-2 origin dilemma: Zoonotic transfer or laboratory leak?. *BioEssays*, 44, 2100189.

Salas-Asencios, R., Iannacone, J., Guillén-Oneeglio, A., Tantaléan-Da Fieno, J., Alvariño-Flores, L., Castañeda-Pérez, L., y Cuellar-Ponce de León, L. (2020). Coronavirus covid-19: conociendo al causante de la pandemia. *The Biologist (Lima)*, 18, 9-27.

Van Brussel, K., & Holmes, E. (2022). Zoonotic disease and virome diversity in bats. *Current Opinion in Virology*, 52, 192–202.

Voskarides, K. (2022). SARS-CoV-2: tracing the origin, tracking the evolution. *BMC Medical Genomics*, 15, 62.