

¿Cuál es el origen del SARS-CoV2?

What is the origin of SARS-CoV2?

Cada vez que se produce una pandemia surgen decenas de teorías que atribuyen el origen de los acontecimientos a distintos hechos. La pandemia de COVID-19 que ha azotado a, prácticamente, todo el mundo, no ha sido la excepción.

¿Qué se sabe hasta ahora sobre el origen del virus causante de COVID-19? Las primeras investigaciones sobre el origen de esta enfermedad han determinado que se trata de un nuevo tipo de virus, cuyo origen muy probablemente sea de tipo zoonótico.

Every time a pandemic occurs, dozens of theories emerge to attribute the origin of the event to different facts. The COVID-19 pandemic that has hit virtually all the globe, has been no exception.

What is known so far about the origin of the virus that causes COVID-19? The first investigations on the origin of this disease have determined that it is a new type of virus, the origin of which is most likely zoonotic.

Palabras clave: **Keywords:**

Virus del SRAS	SARS Virus
Infecciones por Coronavirus	Coronavirus Infections
Virosis	Virus Diseases
Pandemias	Pandemics

El origen del virus causante de COVID-19 es motivo de constantes debates en redes sociales; sin embargo, la comunidad científica trabaja intensamente para ofrecer datos sólidos que expliquen el surgimiento de esta pandemia en humanos.

En un artículo publicado en *Nature Medicine* por Kristian G. Andersen *et al.*¹ se ofrecen evidencias genéticas y experimentales que documentan un origen zoonótico del brote, a través de procesos de selección natural entre especies silvestres y el ser humano. El SARS-CoV2 es el séptimo coronavirus conocido con la capacidad de infectar a humanos, y se ha sugerido que este virus pudo haber salido accidentalmente de un laboratorio en Wuhan, China; esta aseveración carece de sustento científico, pero tiene confundida a la opinión pública. Otros rumores sin fundamento corren en redes sociales y no ayudan a esclarecer la verdadera cadena de eventos que llevaron a que el virus fuera capaz de infectar y crear una cadena de transmisión tan eficiente en humanos.

Andersen *et al.* presentan argumentos científicos sólidos que pueden explicar esta cadena de eventos biológicos responsables del brote. La primera observación es que estudios estructurales y bioquímicos muestran que el SARS-CoV-2 se ha adaptado óptimamente para reconocer la proteína humana ACE2 que funciona como receptor para unirse a la membrana de células humanas. Se ha encontrado que la proteína del virus responsable de esta unión tiene un dominio de seis aminoácidos, que es el responsable del reconocimiento de ACE con alta afinidad, pero también se ha encontrado que este dominio presenta alta afinidad para ACE en hurones, gatos y otras especies. Estas observaciones son fuerte evidencia de que el SARS-CoV2 no es producto de una manipulación en laboratorio, sino que tiene origen en otras especies.

Biológicamente es más probable que la adaptación al humano de un virus que naturalmente infecta animales haya sido el resultado de múltiples eventos genéticos que, a través de la selección natural, primero en el huésped animal de origen, lo prepararon para colonizar células humanas, y, posteriormente, procesos de selección en el humano optimizaron esta capacidad de infección y de transmisión.

Javier Torres-López^a

^aInstituto Mexicano del Seguro Social, Hospital de Pediatría "Dr. Silvestre Frenk Freund", Unidad de Investigación Médica en Enfermedades Infecciosas y Parasitarias. Ciudad de México, México

Comunicación con: Javier Torres López
Teléfono: 55 54041782
Correo electrónico: uimeip@gmail.com

Recibido: 01/04/2020

Aceptado: 02/04/2020

Considerando que muchos de los casos tempranos de COVID-19 estuvieron asociados al mercado de animales de Huanan en Wuhan, es muy posible que la especie de origen se comercialice en este local. Estudiando el genoma del SARS-CoV2 pronto se encontró una alta homología con el genoma del SARS-CoV que infecta murciélagos, por lo que este animal es una fuente de origen plausible. Sin embargo, recientemente se encontró que el SARS-CoV que infecta al pangolín, una especie de mamífero en peligro de extinción y que se comercializa en Huanan, tiene una proteína que reconoce ACE humano con mayor afinidad,² y esta óptima afinidad se debe a que su dominio de seis aminoácidos, responsable de reconocer al receptor en células humanas, tiene una mayor homología con la proteína del SARS-CoV2 que el dominio presente en el virus de murciélagos. Esta es una fuerte evidencia de que el primer proceso de selección natural en el animal de origen ocurrió en pangolines y no en murciélagos. Una vez generada una proteína capaz de reconocer el receptor en células humanas, el virus estaba listo para brincar al nuevo huésped, y lo que se necesitaba eran repetidas exposiciones pangolín-humano hasta que la

primera colonización en un ser humano ocurriera; estas condiciones parecen haber sucedido en el mercado Huanan. La segunda selección natural muy probablemente ocurrió a través de procesos adaptativos mediante transmisiones no detectadas entre humano-humano, hasta que ocurrieron los cambios genéticos necesarios para que iniciara la pandemia que nos afecta. Documentar este proceso de selección en el humano es muy complicado, sin embargo, los estudios genómicos de los primeros casos detectados pueden ofrecer alguna evidencia.

En conclusión, las evidencias genómicas y experimentales documentan un proceso de selección natural que permitió el salto del animal de origen (probablemente el pangolín) al ser humano, y son argumentos contundentes contra la sugerencia de que el SARS-CoV2 es resultado de manipulaciones en laboratorio. Andersen *et al.* concluyen que el conocimiento detallado de cómo un virus animal saltó la barrera de las especies (evento zoonótico) para lograr infectar humanos de manera tan exitosa y con alta capacidad de contagio y transmisión, ayudará a prevenir futuros eventos zoonóticos como el que actualmente vivimos.

Referencias

1. Andersen KG, Rambaut A, Lipkin WI, Holmes EC, Garry RF. The proximal origin of SARS-CoV-2. *Nat Med.* 2020:1-3. DOI: 10.1038/s41591-020-0820-9
2. Zhang T, Wu Q, Zhang Z. Pangolin homology associated with 2019-nCoV. *bioRxiv.* DOI: <https://doi.org/10.1101/2020.02.19.950253>.