

## Los *Jeilongvirus* como una posible zoonosis

*Jeilongvirus* fue propuesto en 2018 como un nuevo género dentro de la familia *Paramyxoviridae* compuesta por virus de RNA de una sola cadena, con envoltura y de polaridad negativa, que infectan a una amplia gama de hospederos naturales; desde reptiles, aves y peces hasta una variedad de mamíferos, incluidos los seres humanos (1). Los *paramyxovirus* han sido implicados como agentes causales de varias enfermedades humanas, incluyendo paperas (virus de las paperas), sarampión (virus del sarampión) y una colección de infecciones del tracto respiratorio (virus de la parainfluenza humana) (1).

Además de las enfermedades humanas, los *paramyxovirus* también se asocian con múltiples patologías de animales y algunos, incluidos los virus Hendra y Nipah, son altamente patógenos para los seres humanos. Todos los miembros de la familia *Paramyxoviridae* comparten una organización genómica similar, con un solo segmento de RNA de 15 a 21 kb que contiene 6-9 genes virales, típico en los miembros de la orden de los *Mononegavirales* (1).

El avance en los enfoques metagenómicos ha generado múltiples informes de detección de *Jeilongvirus*, después del descubrimiento inicial de la especie en murciélagos y roedores, enriqueciendo la diversidad de especies y el rango de huéspedes dentro del género. Sin embargo, *Jeilongvirus* sigue siendo poco estudiado y su presencia se ha detectado en varios países.

La falta de estudios se debe a que, al parecer, no causan enfermedades en los hospederos o en los seres humanos; sin embargo, estos virus circulan entre estos y pequeños mamíferos, como las ratas, que son abundantes en diversas regiones. Recientemente, también se han detectado en gatos y perros, animales con una estrecha interacción con los seres humanos en casi todo el mundo (1-3).

### Historial del artículo

Recibido: 8 nov 2024

Aceptado: 9 feb 2025

Disponible en línea: 1 may 2025

Copyright © 2025 por autores y Revista Biomédica.

Este trabajo está licenciado bajo las atribuciones de la *Creative Commons* (CC BY).

<http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>

\*Autor para correspondencia:

Fernando I. Puerto,

Centro de Investigaciones Regionales “Dr.

Hideyo Nogüchi”, Unidad Biomédica.

Universidad Autónoma de Yucatán.

ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-9726-2039>

E-mail: [pmanzano@correo.uady.mx](mailto:pmanzano@correo.uady.mx)

<https://revistabiomedica.mx>

Los *Jeilongvirus*, son de interés biológico, particularmente, por ser los últimos miembros descubiertos de la familia *Paramyxoviridae* que tiene al menos cuatro virus que son comunes en los humanos, recientemente aislados de diferentes vectores.

Es necesario tener un plan de seguimiento y actualización clínica, epidemiológica, de investigación y de laboratorio, de manera preventiva para estos virus, y así completar nuestro conocimiento actual sobre una posible zoonosis y sus mecanismos de transmisión, ya que se han encontrado en mosquitos, ratas, equinos y gatos. Con ello, además de abordar la aparición y evolución de este tipo de infecciones poco conocidas, en un futuro poder actuar con un diagnóstico preventivo y posiblemente terapéutico, ya que en la actualidad podemos adelantarnos a una posible evolución rápida de multitud de agentes emergentes. De producirse, podrían comprometer no sólo la salud de los equinos sino de todos los animales mencionados, que se encuentran en todo el planeta. (4, 5).

Los *Jeilongvirus*, que infectan insectos y mamíferos, pueden ser potencialmente patógenos e iniciar un brote epidémico, razón por la cual deben investigarse y demostrar su capacidad de tener múltiples hospederos y, sobre todo, aquellos que tengan interacción constante con los seres humanos.

### **Fernando I. Puerto.**

Centro de Investigaciones Regionales “Dr. Hideyo Nogüchi”, Unidad Biomédica. Universidad Autónoma de Yucatán. ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-9726-2039>

### **Karla Rossanet Dzul-Rosado.**

Centro de Investigaciones Regionales “Dr. Hideyo Nogüchi”, Unidad Biomédica. Universidad Autónoma de Yucatán. ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-3729-3797>

### **Cesar Lugo-Caballero.**

Centro de Investigaciones Regionales “Dr. Hideyo Nogüchi”, Unidad Biomédica. Universidad Autónoma de Yucatán. ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-2437-320X>

## **REFERENCIAS**

1. Vanmechelen B, Bletsa M, Laenen L, Lopes AR, Vergote V, Beller L, *et al.* Discovery and genome characterization of three new jeilongviruses, a lineage of paramyxoviruses characterized by their unique membrane proteins. *BMC Genom.* 2018 Aug;19 (1): 1-11. <https://doi.org/10.1186/s12864-018-4995-0>
2. Ch'ng L, Low DHW, Borthwick SA, Zhang R, Ong ZA, Su YCF, *et al.* Evolution and ecology of Jeilongvirus among wild rodents and shrews in Singapore. *One Health Outlook.* 2023 Dec 18;5(1):19. doi: 10.1186/s42522-023-00094-1.
3. Zhu W, Huang Y, Yu X, Chen H, Li D, Zhou L, *et al.* Discovery and Evolutionary Analysis of a Novel Bat-Borne Paramyxovirus. *Virus.* 2022 Jan; 14 (2): 288. <https://doi.org/10.3390/v14020288>.
4. Molinari-Darold G, Alcindo-Alfieri A, João Pessoa-Araújo JJr, da Cruz TF, Bezerra Bertti KML, Pnheiro da Silva GC *et al.* High genetic diversity of paramyxoviruses infecting domestic cats in Western Brazil. *Transbound Emerg Dis.* 2020 Dec; 68 (6): 3453–62. <https://doi.org/10.1111/tbed.13950>.
5. Miller PJ, Philippa, Boyle DB David, Eaton BT, Wang LF. Full-length genome sequence of Mossman virus, a novel paramyxovirus isolated from rodents in Australia. *Virology.* 2003 Dec; 317 (2): 330-4. <https://doi.org/10.1016/j.virol.2003.08.013>