


PEDRO MORIANO GÓMEZ
Veterinario de Salud Pública

salud pública
y medio ambiente



Coronavirus de Wuhan & COVID-19 (Etiología y Epidemiología)





Los coronavirus son una familia de virus que causan infección en los seres humanos y en una variedad de animales, incluyendo aves y mamíferos como camellos, cerdos, caballos, vacas, equinos, perros, gatos y murciélagos. Se trata de una enfermedad zoonótica, lo que significa que pueden transmitirse de los animales al hombre.

El 31 de diciembre de 2019, la Comisión Municipal de Salud y Sanidad de Wuhan (capital de la provincia de Hubei, China) informó sobre un grupo de 27 casos de neumonía de etiología desconocida, con una exposición común en un mercado mayorista de marisco, pescado y animales vivos en la ciudad de Wuhan, incluyendo siete casos graves. El inicio de los síntomas del primer caso fue el 8 de diciembre de 2019 y el 7 de enero de 2020, las autoridades chinas identificaron como agente causante del brote un nuevo tipo de virus de la familia *Coronaviridae* (que ha sido denominado como nuevo coronavirus, 2019-nCoV).

Otros coronavirus mundialmente conocidos y recientes son el del “Síndrome Respiratorio de Oriente Medio” (MERS-CoV, por sus siglas en inglés, *Middle East Respiratory Syndrome Coronavirus*) y el del “Síndrome Agudo Respiratorio Severo” (SARS-CoV, por sus siglas en inglés, *Severe Acute Respiratory Syndrome*).

El SARS surgió en el año 2002 también en China y ocasionó más de 8.000 casos identificados en 27 países y tuvo una letalidad de 10% y, desde entonces, no se ha vuelto a detectar en humanos.

El MERS se originó en el 2012 en Arabia Saudí y, desde entonces, se han notificado 2499 casos en 27

países, con una letalidad de 34%. La mayoría de los casos se han notificado en Arabia Saudí.

La Organización Mundial de la Salud (OMS) ha anunciado que COVID-19 es la denominación de la neumonía causada por el nuevo coronavirus (2019-nCoV) y que debe escribirse siempre con mayúsculas. El nombre elegido por el Comité Internacional de Taxonomía de Virus viene dado por 'CO', de coronavirus, 'VI' de virus, 'D' de disease (enfermedad en inglés) y '19' por el año de su eclosión.

El director general de la OMS, *Tedros Adhanom Ghebreyesu*, ha afirmado que “*tener un nombre es importante para evitar el uso de otros que pueden ser inexactos o estigmatizar*”. En el caso del MERS, la taxonomía fue criticada por la OMS por estigmatizar un lugar concreto y dio una serie de directrices que impedían catalogar a los coronavirus por nombres geográficos, de persona, animales o tipos de comida y referencias a la cultura o una industria en particular. El nombre de la enfermedad provocada por el actual virus cumple con todos esos requisitos.

Los coronavirus han sido reconocidos en **medicina veterinaria** como causantes de patologías animales desde principios de 1970. A excepción de la bronquitis infecciosa aviar, las principales enfermedades relacionadas con ellos tienen habitualmente una ubicación intestinal, entre ellos están el coronavirus porcino (coronavirus de la gastroenteritis transmisible), el coronavirus bovino, el cual causa diarrea en los animales jóvenes, el coronavirus felino, el cual en su presentación entérica es un patógeno de importancia clínica menor, pe-

La denominación de coronavirus se debe a que las glicoproteínas de la envoltura viral (denominados pleplómeros) tienen forma de maza y son de gran tamaño, los cuales se proyectan desde la envoltura, dando a la partícula un aspecto de corona solar.

ro la mutación espontánea de este virus puede provocar una peritonitis infecciosa felina. También hay dos tipos de coronavirus que infectan a los hurones y otros dos tipos de coronavirus canino (CoVc), uno que causa la enfermedad gastrointestinal leve y uno que causa enfermedad respiratoria, entre otros.

La **denominación** de coronavirus se debe a que las glicoproteínas de la envoltura viral (denominados pleplómeros) tienen forma de maza y son de gran tamaño, los cuales se proyectan desde la envoltura, dando a la partícula un aspecto de corona solar.

Los coronavirus pertenecen a la **familia Coronaviridae**, incluida en el orden *Nidovirales*. Estructuralmente son virus esféricos y tienen un diámetro de 100-160 nm, envueltos y que contienen ARN monocatenario (ssRNA) de polaridad positiva de entre 26 y 32 kilobases de longitud. Poseen una nucleocápside de simetría helicoidal y en su envoltura presenta una estructura glicoproteica (glycoprotein spike), codificada en la región S de su genoma, que es la proteína responsable de la unión con las células de su hospedador y por tanto, responsable del tropismo del virus.

La **familia Coronaviridae** alberga a las subfamilias:

- **Torovirinae**, formada por los géneros *Torovirus* y *Bafinivirus*.

- **Orthocoronavirinae** dividida a su vez en los géneros *Alphacoronavirus*, *Betacoronavirus*, *Gammacoronavirus* y *Deltacoronavirus* (**α**, **β**, **γ**, **δ**, respectivamente), que incluyen más de 20 especies que infectan vertebrados, entre ellos mamíferos y aves.

Actualmente, la hipótesis más extendida sobre el origen de los coronavirus es que el vi-

rus ancestral infectó un murciélago y de ahí pasó a las aves o viceversa. Después, desde el murciélago evolucionaría infectando a otras especies de murciélagos y a otros mamíferos incluyendo humanos, dando lugar a los actuales géneros *Alphacoronavirus* y *Betacoronavirus*. Por el otro lado, desde las aves, el virus evolucionaría infectando a otras especies de aves y ocasionalmente a algunos mamíferos como el leopardo o la ballena beluga dando lugar a los *Gammacoronavirus* y *Deltacoronavirus* (Lau y col., 2015; Woo y col., 2009; Woo y col., 2012)

Del COVID-19 sólo se sabe, de momento, que es un tipo Beta 2B, con un 80% de similitud genética con el SARS-CoV y con otros coronavirus encontrados en murciélagos. El análisis filogenético del 2019-nCoV y los genomas de referencia estrechamente relacionados, han evidenciado la presencia de coronavirus derivados de murciélagos en los cinco subgéneros dentro del género *Betacoronavirus*.

Igual que en otros brotes causados por coronavirus, la fuente de infección primaria más probable de la enfermedad producida por el 2019-nCoV es de origen animal. Hasta la fecha no se ha identificado el reservorio específico del mismo aunque los datos filogenéticos conocidos indican que podría tratarse del murciélago.

En cuanto al MERS-CoV, su reservorio es el camello, del que se infectan las personas al consumir su carne o su leche, pero los camellos lo han adquirido de los murciélagos, que también se mostraron como foco del SARS-CoV y que también son reservorio natural del virus Ébola. Estos mamíferos, por su proximidad



salud pública y medio ambiente

taxonómica al hombre y por su capacidad para volar y morder, suponen una importante fuente de transmisión de enfermedades.

En el viroma del murciélago se albergan hasta 61 virus zoonóticos, así que son reservorios de un gran número de patógenos, sobre todo porque son un grupo zoológico numerosísimo (el mayor de los mamíferos), forman grandes colonias, son muy longevos (hasta 30 años) y tienen un sistema inmune que les hace muy tolerantes a los virus...

El modo en el que pudo transmitirse el 2019-nCoV de la fuente animal a los primeros casos humanos es desconocido. Todo apunta al contacto directo con los animales infectados o sus secreciones. En estudios realizados en modelos animales con otros coronavirus se ha observado tropismo por las células de diferentes órganos y sistemas produciendo principalmente cuadros respiratorios y gastrointestinales, lo que podría indicar que la transmisión del animal a humanos pudiera ser a través de secreciones respiratorias y/o material procedente del aparato digestivo.

La vía de transmisión entre humanos se considera similar al descrito para otros coronavirus a través de las secreciones de personas infectadas, principalmente por contac-

to directo con gotas respiratorias de más de 5 micras (capaces de transmitirse a distancias de hasta 2 metros) y las manos o los fómitem contaminados con estas secreciones seguido del contacto con la mucosa de la boca, nariz u ojos.

Según los datos preliminares, el **período de incubación** más frecuente se ha estimado entre 4 y 7 días con un promedio de 5 días, habiéndose producido un 95% de los casos a los 12,5 días desde la exposición. Sin embargo, en base al conocimiento de otros *Beta-coronavirus*, MERS-CoV y SARS-CoV, y con los datos de los casos detectados en Europa en este brote, se considera que podría ser desde los 2 hasta los 14 días.

Hasta el momento no existe evidencia respecto a la transmisión a partir de pacientes asintomáticos o durante el periodo de incubación. Inicialmente se describió un caso de transmisión a partir de una paciente asintomática en Alemania, si bien posteriormente se comprobó que la información

era incorrecta y ha sido corregida por las autoridades alemanas.

Dentro de los factores sociales que condicionan la transmisión, debemos tener en cuenta que el concepto de zoonosis no existe en muchas culturas, como en gran parte de los países asiáticos. En estas regiones la "buena comida" se considera un evento social, con casos evidentes de riesgo, como el consumo de carne cruda o poco hecha, de leche cruda, de sangre o de animales salvajes. En los mercados de Wuhan se comen animales salvajes que se matan in situ, además de perros, monos, camellos, ranas, serpientes, escorpiones, civetas (que transmiten el SARS), erizos, marmotas, conejos, tejones... Todo tiene que ver con cuestiones culturales, y en China una de ellas es la de exhibir sus capacidades económicas, y eso está relacionado con comer gran parte de estos animales, lo que es un símbolo del estatus social.

Además, la ciudad de Wuhan, con una densidad de población de 11 millones de habitantes en un área de 8467 km², facilita, junto a otros factores como la pobreza, el transporte de personas, las migraciones, la alimentación y las interacciones con animales, una alta exposición a las enfermedades transmisibles.

En cuanto a **datos epidemiológicos** de la enfermedad, a fecha de **25 de febrero de 2020**, hay 2.698 fallecidos y 80.250 casos en todo el mundo, la mayoría en China (con 77.754 casos registrados). La enfermedad se ha extendido en casi dos meses a 37 países, lo que demuestra su extraordinaria capacidad de transmisión, pero lo cierto es que no tiene una gran tasa de letalidad.

Paises y zonas de riesgo COVID-19, 26.02.2020

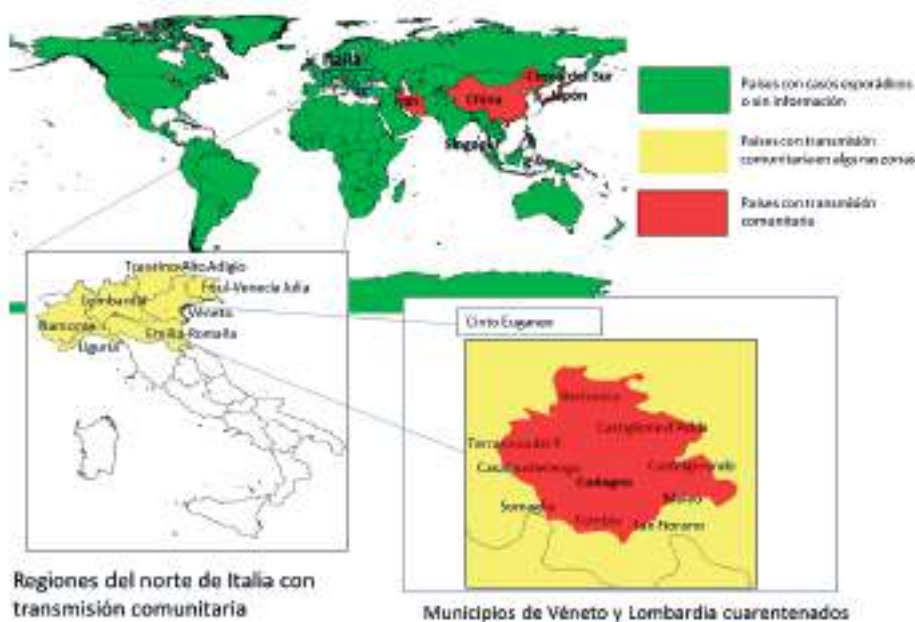


Imagen 1. Fuente: Centro de Coordinación de Alertas y Emergencias. Ministerio de Sanidad

La OMS ha informado de que la tasa de letalidad del COVID-19 es de entre el 0,8% y el 3,9% en China, y de alrededor del 1,3% fuera de China. En China, ha habido 2.663 muertes de un total de 77.754 casos registrados (3,42% del total), según los últimos datos, es decir, el 96,6% de los casos se curan.

Fuera de China se han registrado, hasta la fecha, 2.496 casos (en España 3 confirmados y 1 pendiente de confirmación) con un total de 35 fallecidos (tasa letalidad del 1,3%).

En Italia se han notificado 263 casos y 6 fallecidos. Hasta el momento en la Unión Europea y Reino Unido, se han confirmado 308 casos en 8 países (263 en Italia, 16 en Alemania, 12 en Francia, 12 en Reino Unido, 3 en España, 1 en Suecia y 1 en Bélgica) y 7 fallecidos, 1 en Francia y 6 en Italia.

Por hacer una comparativa con una enfermedad vírica más conocida y con una sintomatolo-

gía parecida, tenemos la gripe estacional. Con respecto a ésta y según ha publicado el Centro Nacional de Epidemiología, a través del Sistema de Vigilancia de la Gripe en España, en la temporada 2018-2019 la gripe causó en nuestro país 490.000 casos no graves atendidos en atención primaria, 35.300 hospitalizaciones por gripe confirmada, 2.500 ingresos en las unidades de cuidados intensivos y 6.300 muertes. Por lo tanto, comparando los datos anteriores y en términos globales, podríamos decir que el virus de la gripe estacional tiene una tasa de letalidad mayor que el 2019-nCoV. No obstante, si es cierto que para el COVID-19 no se dispone aún de vacuna como medida preventiva frente a la enfermedad.

De acuerdo con la OMS, una correcta comunicación de riesgos y la participación comunitaria en la misma, ayudan a prevenir las “infodemias” (la cantidad excesiva de información sobre un problema que hace difícil hallar una solución), aumenta la confianza en la respuesta y la probabilidad de que se sigan las recomendaciones sanitarias, reduce al mínimo y ayuda a gestionar los rumores y los malentendidos, que son perjudiciales para las respuestas y pueden conducir a una mayor propagación de la enfermedad.

Por lo tanto podemos concluir que estamos ante una nueva zoonosis emergente que, tras la notificación por parte de la OMS del COVID-19, se reitera la importancia actual de los virus emergentes y su relación con la salud pública y la vida silvestre. El salto de especie ha sido evidente y la transmisión de humano a humano genera preocupación e incertidumbre. Por todo lo anterior y, en el enfoque One Health, se deben proyectar y consolidar equipos de trabajo interdisciplinar e intersectorial que se ocupen del estudio, de la vigilancia, de los cambios y adaptaciones, así como de los posibles reservorios y huéspedes secundarios, y también, de las medidas de prevención y control para impedir la diseminación de esta nueva enfermedad.

Para más información:

En el Colegio Oficial de Veterinarios de Badajoz, se podrá consultar la bibliografía completa correspondiente a este artículo para todos aquellos interesados.

