

¿El SARS CoV-2 fue realmente de origen zoonótico?

Caty Milena Martínez-Bravo^{1*} ; Salim Máttar ; Marco González T¹ 

¹Universidad de Córdoba, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Instituto de Investigaciones Biológicas del Trópico, Montería, Colombia.

*Correspondencia: catymilenam@correo.unicordoba.edu.co

Recibido: Diciembre 2020; Aceptado: Diciembre 2020; Publicado: Diciembre 2020.

Conocer y descifrar los cambios o mutaciones que experimentan los virus en el tiempo es crucial para desarrollar las estrategias de vigilancia epidemiológica del SARS CoV 2. El virus tiene un ARN monocatenario y posee mecanismos de evolución llamados mutaciones, las cuales le confieren eficacia biológica para aumentar su transmisibilidad, modificar su patogenicidad, con lo cual evaden la inmunidad del huésped, modificando así la respuesta antigénica. Hace algún tiempo se creía que los cambios en los coronavirus eran más lentos que en la mayoría de los ARN virus, pero hoy se han observado mutaciones relevantes en SARS CoV-2 (1).

La diseminación de los virus en los ecosistemas vivientes requiere que los microorganismos se adapten a diferentes huéspedes o que los humanos y los animales respondan inmunológicamente al ataque. Este fenómeno genera una carrera por la supervivencia evolutiva de los patógenos que dependen de la capacidad de infectar a nuevos huéspedes y que en algunas ocasiones puedan "saltar" a otras especies. Sin embargo, el sistema inmune del nuevo huésped intentará eliminar a estos patógenos, lo que significa que virus y huéspedes están encerrados en un juego evolutivo destinado a encontrar nuevas estrategias para vencerse mutuamente. Durante este proceso, los virus ARN ganan eficacia biológica y son capaces de evadir los ataques del huésped (2).

Existen más de 200 coronavirus que conviven con los murciélagos sin causarles enfermedad, y muchos de ellos, tampoco causan enfermedades ni en humanos ni en animales. Las evidencias señalan que dentro de los murciélagos ocurren eventos de recombinación, particularmente asociados al gen que codifica para la proteína S (espiga), la cual es la encargada de la interacción y unión al receptor ACE2 (3). Por esta razón se presume que el SARS CoV-2 provino de los murciélagos y que hubo un huésped intermediario en el que probablemente surgieron los mutantes capaces de interactuar con los receptores de las células humanas, tal como ocurrió con la epidemia de SARS CoV en 2003 y MERS en 2013. Pero no está claro aún si el contacto entre los murciélagos y los animales silvestres del mercado de Wuhan en China, facilitaron la entrada del virus en el humano, iniciándose así, la pandemia de COVID-19 (4).

La búsqueda del huésped intermediario ha señalado erróneamente a los animales silvestres como pangolines, serpientes, tortugas y civetas (5). No obstante, las secuencias genéticas no demostraron un salto desde estos animales hacia los humanos (Figura 1).

Como citar (Vancouver).

Martínez-Bravo CM, Máttar S, González TM. ¿El SARS CoV-2 fue realmente de origen zoonótico?. Rev MVZ Córdoba. 2020; 25(3):e2481. <https://doi.org/10.21897/rmvz.2481>



©El (los) autor (es), Revista MVZ Córdoba 2020. Este artículo se distribuye bajo los términos de la licencia internacional Creative Commons Attribution 4.0 (<https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/>), que permite a otros distribuir, remezclar, retocar, y crear a partir de su obra de modo no comercial, siempre y cuando den crédito y licencien sus nuevas creaciones bajo las mismas condiciones.

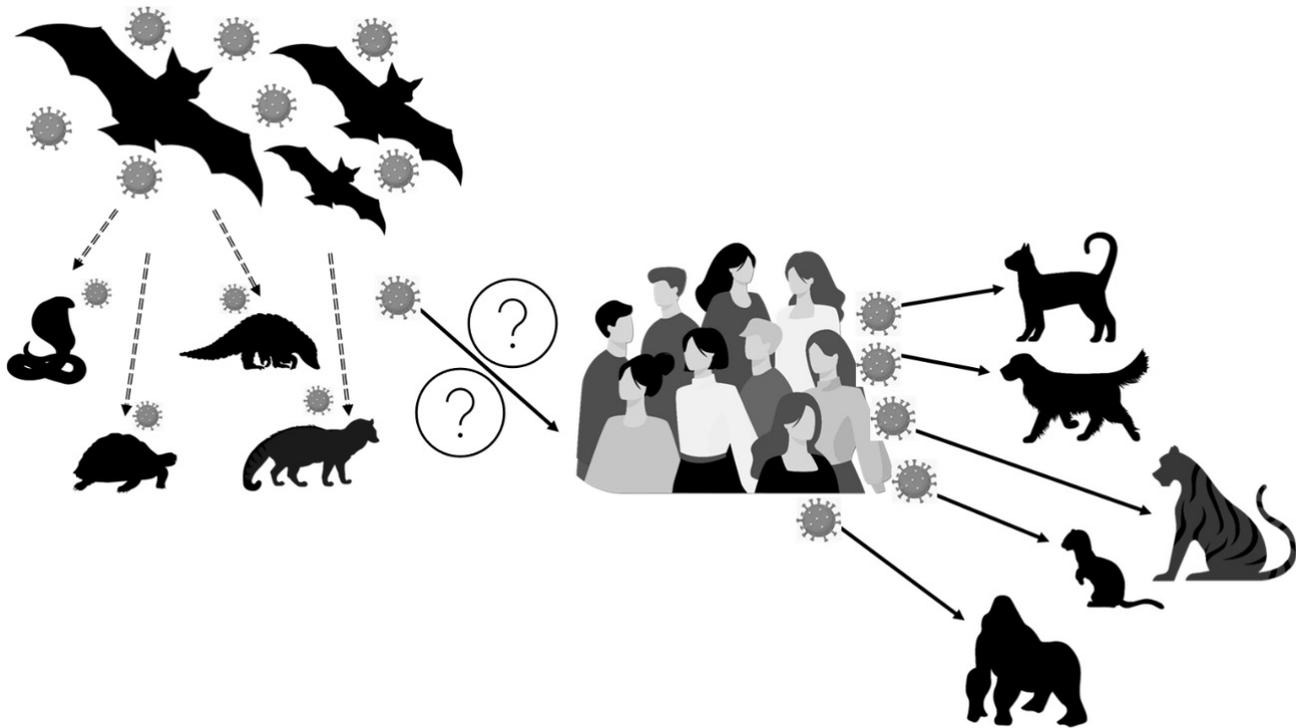


Figura 1. Dispersión de Coronavirus SARS CoV 2 entre especies.

Los humanos infectados con SARS CoV-2 propician la diseminación del virus hacia otras especies como perros, gatos, animales en cautiverio como grandes felinos, gorilas (7), y animales criados para obtener su piel como los visones (8). Con este panorama es importante realizar una vigilancia ecoepidemiológica en los animales que comparten el receptor celular ACE2, sitio en donde el virus SARS CoV-2 entra a las células del huésped. Se deberían estudiar los mustélidos (visones, nutrias, comadrejas y hurones), así como los felinos y diferentes mamíferos silvestres como venados y musarañas (6).

Durante los brotes virales diferentes a SARS CoV-2 que involucraron animales domésticos, se aplicaron medidas drásticas como la eliminación masiva de rebaños de animales de producción como cerdos y aves para evitar la diseminación viral. Sin embargo, cuando está implicada la fauna silvestre no se puede acudir a estas medidas extremas debido a las múltiples funciones ecológicas de importancia económica, como control de plagas, dispersión de semillas o polinización, entre otras. Por lo anterior es crucial conservar los ambientes naturales y educar a la población para el cuidado y protección de la

biodiversidad. La fauna silvestre no es mascota, no es alimento y se debe aprender a convivir con las medidas de precaución que promulguen las autoridades ambientales y de salud.

Es necesario que mientras se tengan animales bajo cuidado humano como ocurre en zoológicos y zocriaderos, el equipo humano responsable debe atender las medidas de bioseguridad correspondientes (9).

Para realizar la vigilancia epidemiológica oportuna que permita identificar mutaciones en el virus SARS CoV-2, es necesario recurrir a la secuenciación y a su análisis con el fin de caracterizar los aspectos genómicos del virus. Además, la información debe integrarse y completarse con los datos clínicos y epidemiológicos del caso.

La pandemia por SARS CoV-2 ha revelado la necesidad de trabajar integradamente la salud humana y animal bajo el enfoque *One health* como se ha propuesto anteriormente (10). Hay que prestar mucha atención a los animales que nos rodean, ellos podrían ser el puente que nos lleve a un próximo evento zoonótico catastrófico.

REFERENCIAS

1. Vilar S, Isom DG. One Year of SARS-CoV-2: How Much Has the Virus Changed?. *Biology*. 2021; 10(2):91. <https://doi.org/10.3390/biology10020091>
2. Perlman S, Netland J. Coronaviruses post-SARS: Update on replication and pathogenesis. *Nat Rev Microbiol*. 2009; 7(6):439–450. <https://doi.org/10.1038/nrmicro2147>
3. Luis AD, O’Shea TJ, Hayman DTS, Wood JLN, Cunningham AA, Gilbert AT, et al. Network analysis of host-virus communities in bats and rodents reveals determinants of cross-species transmission. *Ecol Lett*. 2015; 18(11):1153–62. <https://doi.org/10.1111/ele.12491>
4. Zhao J, Cui W, Tian BP. The Potential Intermediate Hosts for SARS-CoV-2. *Front Microbiol*. 2020; 11:580137. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2020.580137>
5. Liu P, Chen W, Chen JP. Viral metagenomics revealed sendai virus and coronavirus infection of malayan pangolins (*manis javanica*). *Viruses*. 2019; 11(11):979. <https://dx.doi.org/10.3390%2Fv11110979>
6. Sharun K, Tiwari R, Patel SK, Karthik K, Iqbal Yattoo M, Malik YS, et al. Coronavirus disease 2019 (COVID-19) in domestic animals and wildlife: advances and prospects in the development of animal models for vaccine and therapeutic research. *Hum Vaccin Immunother*. 2020; 16(12):3043-3054. <https://doi.org/10.1080/21645515.2020.1807802>
7. McAloose D, Laverack M, Wang L, Killian ML, Caserta LC, Yuan F, et al. From people to Panthera: Natural SARS-CoV-2 infection in tigers and lions at the Bronx Zoo. *mBio*. 2020; 11(5): e02220-20. <https://doi.org/10.1128/mbio.02220-20>
8. Oude Munnink BB, Sikkema RS, Nieuwenhuijse DF, Jan Molenaar R, Munger E, Molenkamp R, et al. Jumping back and forth: anthroozoonotic and zoonotic transmission of SARS-CoV-2 on mink farms Affiliations. *bioRxiv*. 2020; 09.01.277152 <https://doi.org/10.1101/2020.09.01.277152>
9. Oreshkova N, Molenaar RJ, Vreman S, Harders F, Oude Munnink BB, Van Der Honing RWH, et al. SARS-CoV-2 infection in farmed minks, the Netherlands, April and May 2020. *Euro surveill*. 2020; 25(23):2001005. <http://dx.doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2020.25.23.2001005>
10. Marbán-Castro E, Mattar S, González TM. Las zoonosis reemergentes bajo el enfoque de “Una salud”. *Rev MVZ Córdoba*. 2019; 24(3):7280-7284. <https://doi.org/10.21897/rmvz.1777>