

# COVID-19: Una zoonosis esperadamente inesperada

Arturo Yhair Cordero Lezama

Universidad Autónoma del Estado de Hidalgo

[arthurcordero@gmail.com](mailto:arthurcordero@gmail.com)

[orcid.org/0000-0002-5387-6490](https://orcid.org/0000-0002-5387-6490)

Recibido: 27 de mayo de 2020

Aceptado: 5 de julio de 2020

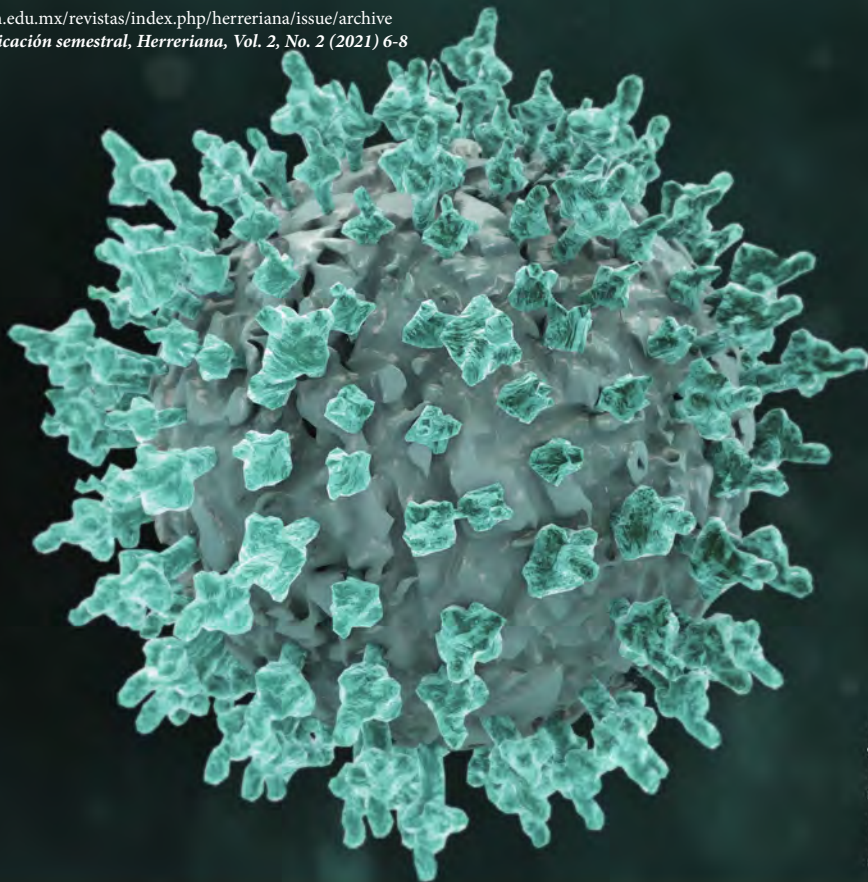


Imagen: Freepik.es

## Resumen

El surgimiento del nuevo coronavirus (SARS-CoV-2) a finales del 2019 en Wuhan, China trajo consigo la aparición de la nueva enfermedad respiratoria COVID-19, misma que ha cobrado la vida de miles de personas en todo el mundo y ha ocasionado diversas problemáticas económicas y sociales. Su transmisión inicial de animales a seres humanos (zoonosis) aún es un misterio. Las acciones para su solución radican en concebir la salud de los seres humanos, de los animales y de los ecosistemas como una sola.

**Palabras clave:** SARS-CoV-2, COVID-19, pandemias, salud.

Las enfermedades zoonóticas, emergentes y reemergentes, han aumentado a nivel mundial debido a varios factores, como la intensificación del comercio, los viajes, el cambio climático, la rápida evolución de los patógenos, la explosión demográfica, el estilo de vida llevado por la humanidad y la agricultura intensiva, entre otros. Dentro del grupo de enfermedades zoonóticas existe una amplia gama de enfermedades infecciosas causadas por bacterias, virus, hongos, parásitos y priones (proteínas infecciosas). En este contexto, debemos decir que las enfermedades emergentes están particularmente asociadas con factores ambientales. Los patógenos zoonóticos comúnmente sufren mutaciones y después de saltar la barrera de la especie optan por adaptarse a las condiciones ambientales hostiles antes de

## Abstract

The emergence of a novel coronavirus (SARS-CoV-2) in late 2019 in Wuhan, China carried the appearance of the new respiratory disease COVID-19, disease which has taken thousands of lives around the world and caused several economic and social problems. Its initial transmission from animals to humans (zoonosis) is still a mystery and the actions for its solution lie in conceiving the health of human beings, animals and ecosystems as one.

**Keywords:** SARS-CoV-2, COVID-19, pandemics, health.

contagiar a los seres humanos. La interacción entre estos componentes es crucial para entender lo sucedido con el Síndrome Respiratorio Agudo Severo (SARS), el Síndrome Respiratorio del Medio Oriente (MERS) y el COVID-19 (Bonilla *et al.*, 2020b).

A finales de diciembre de 2019 una enfermedad comenzó a afectar a la población de la ciudad de Wuhan, China, y posteriormente se extendió a otros poblados y ciudades de dicho país y del mundo. El COVID-19, había empezado a convertirse en una pandemia tan alarmante como en su momento lo fueron la gripe española en 1918, la gripe asiática de 1957-1958 o la gripe de Hong Kong en 1968, por citar algunos ejemplos (Wu *et al.*, 2020).

## El brote de Covid-19

### ¿Cómo empezó el brote de COVID-19?

A finales de diciembre de 2019, la aparición de una misteriosa neumonía caracterizada por fiebre, tos seca, fatiga y, ocasionalmente, afecciones gastrointestinales fue registrada en un mercado mayorista de mariscos en la ciudad Wuhan, provincia de Hubei, China. Este brote involucró a aproximadamente el 66% del personal que ahí laboraba, por lo que el establecimiento cerró el 1 de enero de 2020, un día después de la alerta epidemiológica emitida por la autoridad de salud local. Tan solo una semana después del brote, el 7 de enero de 2020, se logró aislar el nuevo coronavirus (SARS-CoV-2) de los enfermos. El virus se denominó inicialmente nuevo coronavirus 2019 (2019-nCoV), pero la Organización Mundial de la Salud (OMS) le dio el nombre oficial de COVID-19 el 11 de febrero de 2020. Sin embargo, posteriormente el Grupo de Estudio de Coronavirus le asignó el nombre de SARS-CoV-2 (Ahmad *et al.*, 2020; Wu *et al.*, 2020).

En un sentido amplio, los coronavirus (CoV) son un grupo de virus de RNA de cadena simple y una envoltura de lípidos con proyecciones denominadas glicoproteínas. Pertenecen a la subfamilia Orthocoronavirinae, familia Coronaviridae, en el orden Nidovirales. Vistos en un microscopio electrónico, los viriones (partículas virales infectivas) se reconocen por una pequeña "corona" que presentan a su alrededor y es por ello su denominación. Los coronavirus se clasifican en cuatro géneros: Alfa, Beta, Gamma y Deltacoronavirus. Siendo los dos primeros los que pueden infectar a mamíferos, mientras que los Gamma y Deltacoronavirus infectan mayormente a aves (Bonilla-Aldana *et al.*, 2020a).

Los coronavirus se identificaron a mediados de la década de 1960 y se sabe que las células epiteliales en el tracto respiratorio y gastrointestinal son sus objetivos primarios. Debido a esto, la eliminación viral se produce a través de estos sistemas y la transmisión puede ocurrir a través de fómites (objetos contaminados), por pequeñas gotas en el aire o mediante una transmisión fecal-oral. Hasta la fecha, se ha demostrado que siete

coronavirus infectan a las personas. Los coronavirus humanos comunes Betacoronavirus HCoV-229E y HCoV-NL63, así como Alfacoronavirus HCoV-229E, causan resfriados comunes e infecciones graves del tracto respiratorio inferior en lactantes y ancianos, mientras que el Alfacoronavirus HCoV-NL63 es una causa significativa de bronquiolitis en niños (Ahmad *et al.*, 2020).

## Zoonosis

Los coronavirus son virus zoonóticos, es decir, pueden transmitirse entre animales y seres humanos. En este sentido, en las patologías virales el papel de la cadena de transmisión animal-humano es de gran importancia, pero, como se ha observado con varios virus del género Betacoronavirus, también se da una transferencia entre seres humanos. Los CoV pueden originar diferentes enfermedades en la gente, desde resfriados hasta otras más graves. Por ejemplo, en el 2003 un coronavirus denominado SARS-CoV, que se originó en el sudeste de China, en la provincia de Guangdong, propició la aparición del llamado Síndrome Respiratorio Agudo Severo cuya tasa de mortalidad fue de entre 10% y 15%. Su transmisión conllevó a 8422 infectados con 916 muertes en 29 países de los cinco continentes, por consiguiente, se le denominó como la primera pandemia del siglo XXI (Bonilla-Aldana *et al.*, 2020). A través de diversas investigaciones se demostró que este virus se originó a partir de la transmisión del gato civeta del Himalaya (*Civettictis civetta*). No obstante, otros animales, principalmente murciélagos y mapaches pueden albergar el virus (Bonilla-Aldana *et al.*, 2020a).

Para el año 2012 se suscitó la aparición de otro brote similar al del SARS-CoV del 2003, el MERS-CoV causante del Síndrome Respiratorio de Oriente Medio, un Betacoronavirus emergente causante de una enfermedad respiratoria aguda grave en humanos. Este virus se extendió a lo largo de siete países de la península arábiga y su mortalidad entre los pacientes con infección confirmada por laboratorio fue aproximadamente de 30 a 40%. Se ha supuesto que su transmisión se dio por el contacto entre humanos y dromedarios. En este sentido, los casos primarios de infección por MERS-CoV probablemente asociados con exposiciones zoonóticas acontecieron en entornos comunitarios, lo que conllevó a una transmisión secundaria entre seres humanos (Oboho *et al.*, 2015).

Las manifestaciones clínicas iniciales del SARS y el MERS generalmente no son específicas, excepto que la mayoría de los pacientes presentan fiebre y síntomas respiratorios (Wu *et al.*, 2020).

Antes de que surgiera el brote de MERS-CoV, un estudio realizado por investigadores de la Universidad de Hong Kong en el 2007 ya había advertido la presencia de virus similares al SARS-CoV en murciélagos de herradura. El riesgo de que nuevos brotes se intensificaran con la cultura culinaria de consumo de mamíferos exóticos en el sur de China hizo que varios autores lo consideraran como una bomba de tiempo (Cheng *et al.*, 2007). No obstante, a pesar de la advertencia realizada en dicha publicación, las acciones de prevención de futuros brotes fueron nulas.

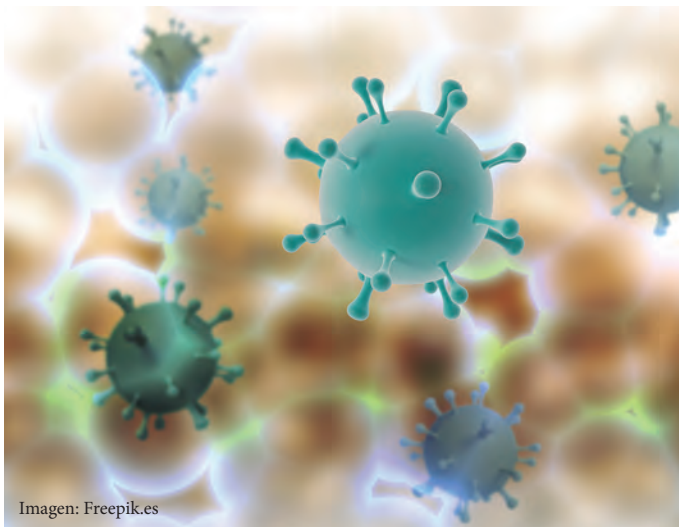


Imagen: Freepik.es

## La pandemia y sus consecuencias


Actualmente, la pandemia de COVID-19 ha afectado a prácticamente todo el mundo y el origen del virus causante de la misma, así como su transmisión aún son tópicos llenos de interrogantes. Inicialmente, se sugirió que las serpientes serían el posible huésped de este virus, pero posteriormente hallazgos de similitud genómica demostraron que este nuevo coronavirus es parecido a los virus SARS de murciélagos. Esto dio pie a que se respaldara la hipótesis de que los murciélagos y no las serpientes podrían ser los reservorios clave del SARS-CoV-2. Otros estudios establecen similitud del genoma del SARS-CoV-2 con el del virus Pangolín-CoV, presente en pangolines (mamíferos que habitan, entre otros lugares, el sudoeste de Asia). No obstante, dicha similitud es inferior que la que guarda el SARS-CoV-2 con el CoV-RaTG13 de murciélagos, la cual es del 96.2% (Guo *et al.*, 2020; Zhang *et al.*, 2020).

Conociendo lo anterior, es conveniente señalar que a pesar de que se ha teorizado que el SARS-CoV-2 surgió como resultado de la manipulación en laboratorio de un coronavirus similar al SARS-CoV relacionado, la evidencia científica sugiere que esto es improbable ya que, si se hubiera realizado la manipulación genética, probablemente se habría utilizado uno de los varios sistemas de genética inversa disponibles para los Betacoronavirus. Sin embargo, los datos genéticos muestran que el SARS-CoV-2 no se deriva de ningún esqueleto de virus usado previamente (Andersen *et al.*, 2020).

## One Health

La pandemia de COVID-19 debe entenderse como la consecuencia de un desperfecto entre la salud de los seres humanos, la salud del resto de los seres vivos y la salud del ecosistema. En este sentido, la Organización Mundial de Sanidad Animal (OIE) desarrolló el concepto “One Health” o “Una Salud”, concepto que, a resumidas cuentas, se refiere a que la salud humana y la salud animal son interdependientes y están vinculadas a la salud de los ecosistemas en los que existen. Prevé e implementa este concepto para muchas otras organizaciones, como un enfoque global colaborativo para comprender los riesgos para la salud humana, animal y ecosistémica como un todo. Esta iniciativa es de gran importancia para entender que, en las enfermedades zoonóticas, los animales y el medio ambiente tienen relaciones significativas y relevantes para su aparición tanto en animales como en seres humanos. Además, el conocimiento profundo de las relaciones entre el huésped, el patógeno (agente que causa la enfermedad) y el medio ambiente junto a la ecología es crucial para contrarrestar a los patógenos infecciosos (Bonilla *et al.*, 2020b).

Es conveniente abordar la problemática del COVID-19 bajo la óptica de One Health, y así tener un pleno conocimiento de la prevalencia de coronavirus en animales como los murciélagos. Debe entenderse al COVID-19 de forma integral, considerando la relación entre los diferentes factores ambientales, la salud de la fauna y de los seres humanos para lograr una intervención adecuada contra esta enfermedad zoonótica, cuya advertencia de ocurrencia ya se había dado varios años atrás. Por ello, se deben imponer políticas de salud pública robustas que eviten el brote de este tipo de enfermedades y cambiar paradigmas acerca del consumo de ciertos animales, que, aunque forme parte de

una cultura culinaria muy antigua, es conveniente eliminar para el bien común. Teniendo en cuenta este tipo de acciones, podemos evitar otra zoonosis como la actual que ha causado la pandemia de COVID-19, misma que ha traído consigo miles de muertes alrededor del mundo, temores de una inminente crisis y recesión económica, distanciamiento social, autoaislamiento, restricciones en los viajes, pérdida de empleos y aumento de la pobreza (Nicola *et al.*, 2020). 



Pangolín. Imagen de: wallpaperflare.com

## Referencias

- Ahmad, T., Khan, M., Haroon, Musa, T. H., Nasir, S., Hui, J., Bonilla-Aldana, D. K. y Rodríguez-Morales, A. J. 2020. COVID-19: Zoonotic aspects. *Travel Medicine and Infectious Disease*, 36:101607.
- Andersen, K. G., Rambaut, A., Lipkin, W. I., Holmes, E. C. y Garry, R. F. 2020. The proximal origin of SARS-CoV-2. *Nature Medicine*, 26 (4): 450-452.
- Bonilla-Aldana, D. K., Villamil-Gómez, W. K., Rabaan A. A. y Rodríguez-Morales, A. J. 2020a. Una nueva zoonosis viral de preocupación global: COVID-19, enfermedad por coronavirus 2019. *Iatreia*, 33 (2): 107-110.
- Bonilla-Aldana, D. K., Dhama, K., Rodríguez-Morales, A. J. 2020b. *Advances in Animal and Veterinary Sciences*, 8 (3): 234-236.
- Cheng, V. C. C., Lau, S. K. P., Woo, P. C. Y. y Yuen, K. Y. 2007. Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus as an Agent of Emerging and Reemerging Infection. *Clinical Microbiology Reviews*, 20 (4): 660-694.
- Guo, Y. R., Cao, Q. D., Hong, Z. S., Tan, Y.Y., Chen, S. D., Jin, H. J., Tan, K. S., Wang, D. Y. y Yan, Y. 2020. The origin, transmission and clinical therapies on coronavirus disease 2019 (COVID-19) outbreak – an update on the status. *Military Medical Research*, 7:11.
- Nicola, M., Alsafi, Z., Sohrabi, C., Kerwan, A., Al-Jabir, A., Iosifidis, C., Agha, A. y Agha, R. 2020. The socio-economic implications of the coronavirus pandemic (COVID-19): A review. *International Journal of Surgery*, 78: 185-193.
- Oboho, I. K., Tomczyk, S. M., Al-Asmari, A. M., Banjar, A. A., Al-Mugti, H., Aloraini, M. S., Alkhalidi, K. Z., Almohammadi, E. L., Alraddadi, B. M., Gerber, S., Swerdlow, D. L., Watson, J. T. y Madani, T. A. 2015. 2014 MERS-CoV Outbreak in Jeddah - a Link to Health Care Facilities. *The New England Journal of Medicine*, 372 (9): 846-854.
- Wu, Y. C., Chen, C. S. y Chan, Y. J. 2020. The outbreak of COVID-19: An overview. *Journal of the Chinese Medical Association*, 3: 217-220.
- Zhang, T., Wu, Q. y Zhang, Z. 2020. Probable Pangolin Origin of SARS-CoV-2 Associated with the COVID-19 Outbreak. *Current Biology*, 30 (7):1346-1351.