

# Reflexiones sobre un virus con Corona

## *Reflections on a virus with Corona*

Carlos A. Zavaro-Pérez

Universidad Nacional de La Plata

[czavaro@fcnym.unlp.edu.ar](mailto:czavaro@fcnym.unlp.edu.ar)

[orcid.org/0000-0003-3298-7383](https://orcid.org/0000-0003-3298-7383)

Recibido: 24 de febrero de 2021.

Aceptado: 8 de abril de 2021.

### Resumen

La pandemia originada por el coronavirus ha paralizado al mundo con un saldo importante de víctimas y varias cepas que a la fecha han sido identificadas. En este sentido, se analizan algunos aspectos que inciden en la pandemia, enfatizando en los mecanismos de la evolución que impactan tanto en la diversidad de cepas circulantes como en la manera en que inciden en la población. También se discuten algunos aspectos socioculturales que complican la situación actual y que demuestran que más que una crisis del sistema sanitario, hay una crisis de la racionalidad que da cuenta del deterioro del capitalismo global como sistema.

**Palabras clave:** coronavirus, pandemia, mutación, selección natural

### Abstract

The pandemic caused by the coronavirus has paralyzed the world with a significant number of victims and with several strains that have been identified up to date. In this sense, some aspects that affect the pandemic are analyzed, emphasizing the mechanisms of evolution that impact both the diversity of circulating strains, and the way in which they affect the population. Also, some sociocultural aspects that complicate the current situation are discussed, showing also that the crisis in the health system constitutes a crisis of the rationality that accounts for the deterioration of global capitalism as a system.

**Keywords:** coronavirus, pandemic, mutation, natural selection

### Introducción

Las pantallas de los canales de noticias de todo el mundo anunciaban, a fines del 2019, un brote epidémico en el gigante asiático que en muy poco tiempo se convertiría en una de las pandemias más generalizadas, no solo a causa de la alta tasa de contagio del virus, sino también como consecuencia de la hiperconectividad que caracteriza al mundo moderno y a la influencia que ha representado el desarrollo de la aeronavegación en el tránsito de las personas. La pandemia originada por el coronavirus, que ha logrado paralizar al mundo a consecuencia

de una cuarentena sin precedentes que representó la manera más factible de contener los contagios, ha provocado una enorme crisis económica a escala planetaria, sin que a pesar de ello se haya podido disminuir considerablemente el número de casos.

En este contexto, la ciencia ha jugado un rol protagónico en el intento de dar respuestas en tiempo récord a la necesidad de encontrar tratamientos efectivos capaces de garantizar la recuperación de los enfermos en las fases tempranas de la enfermedad y, sobre todo, la obtención de vacunas que garanticen la inmunidad de la población mundial. Una carrera que, no

sin obstáculos, ha conseguido que hoy varios proyectos hayan superado con éxito la fase III de los ensayos clínicos y comiencen a aplicarse. Esto no ha logrado impedir aún el surgimiento de nuevas cepas que representan nuevas incertidumbres respecto de la capacidad de respuesta efectiva que puedan tener los tratamientos y las vacunas como vehículo para imaginar el horizonte de una normalidad posible a corto o mediano plazo.

Ante esta coyuntura, no es extraño preguntarse: ¿cuáles serían las causas biológicas por las que, a pesar de los ingentes esfuerzos en controlar la pandemia, esta sigue constituyendo una carrera contra el virus? La respuesta no puede ser otra que la evolución, ¡hablemos de ella entonces!

### ¿Qué sabemos del virus?

Los virus (vocablo que proviene del latín y que significa toxina) constituyen agentes microscópicos infecciosos cuya estructura está compuesta por una cadena de material genético de DNA o RNA que contiene información hereditaria, protegida por una cubierta de proteínas llamada cápside, que está rodeada, en algunos de ellos, por una bicapa lipídica o envoltura vírica, capaz de protegerlos de los agentes ambientales.

El coronavirus (perteneciente a la familia *Coronaviridae*) es un virus de RNA monocatenario (King *et al.*, 2012), cuya cápside tiene proyecciones puntiagudas semejantes a una corona, lo que

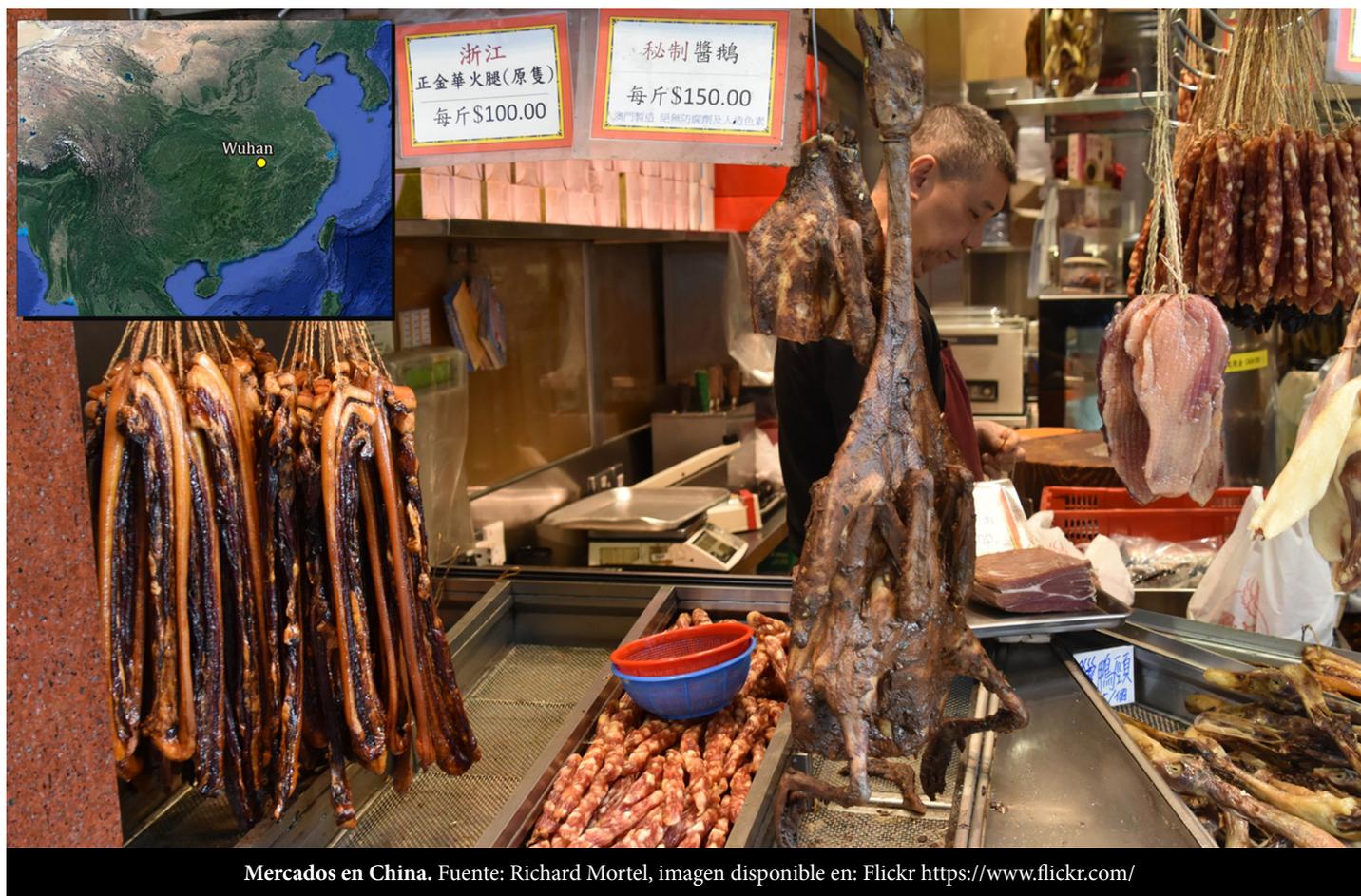
le da nombre. Al ingresar al citoplasma de las células huéspedes libera su material genético y utiliza la maquinaria de esas células, obligándolas a producir en poco tiempo miles de copias de sí mismo.

Si bien el origen de los virus es incierto, algunas teorías los ubican en escenarios ancestrales, pudiendo haberse originado a partir de biomoléculas autorreplicantes existentes en la “sopa primitiva” (Lazcano, 2015), lo que supondría un origen diferente al de los seres vivos -los virus no clasifican como tal, aunque dependen de estos para su subsistencia-. También se acepta que pudieron haberse originado de fragmentos de DNA o RNA nómadas que pudieron haber escapado de un organismo con un DNA más complejo, en tanto otras teorías sostienen haberse originado de las bacterias.

Los coronavirus constituyen la causa de algunas de las enfermedades respiratorias más comunes que afectan a la población humana. En los últimos años se han hecho famosos por ser responsables de pandemias como el Síndrome Respiratorio de Oriente (identificado en la península Arábiga como MERS-CoV) y los SARS-CoV, entre los que se encuentra el SARS-CoV-2, que posiblemente esté conectado filogenéticamente con una cepa patógena de murciélagos. Cepa que, a pesar de las teorías conspiratorias, pudo haber infectado a los seres humanos por contacto directo con animales intermediarios comercializados en un mercado de la ciudad de Wuhan, en China (Cordero-Lezama, 2021).



Murciélagos. Fuente: Syaibatul Hamdi, imagen disponible en Pixabay: <https://vbay.com/es/>



Mercados en China. Fuente: Richard Mortel, imagen disponible en: Flickr <https://www.flickr.com/>

## El virus y la evolución...

Si el coronavirus que infecta a los humanos está genéticamente relacionado con una cepa que era capaz de enfermar a otros mamíferos, pero no a nuestra especie, entonces o bien somos muy similares a esas especies, o el virus definitivamente mutó. Las mutaciones o cambios en el material genético constituyen uno de los mecanismos de la evolución, un proceso sumamente complejo que es responsable del origen de la enorme diversidad de especies con las que compartimos el planeta. En la comprensión de los mecanismos evolutivos están algunas de las respuestas a las causas de la pandemia.

La recombinación de fragmentos de material genético entre cepas diferentes capaces de originar una híbrida, la transmisión horizontal (Sandín, 2005) y las mutaciones, son algunos de esos mecanismos. Cambios que aparecen en el genoma, como resultado de “errores” azarosos capaces de ocurrir en el proceso de replicación de la molécula de RNA del virus en las células de los hospedadores, permitiría entender y explicar el surgimiento de la diversidad de cepas y variantes que hoy circulan por el mundo a partir de aquella primera que logró infectar a los humanos. Esto significa que en la medida en que el virus se replica, la probabilidad de que aparezcan nuevas variantes aumenta.

Si bien estos cambios estructurales suelen ser -en su mayoría- insignificantes, también es cierto que algunas mutaciones pueden acumularse en cada generación u ocurrir drásticamente, terminando por impactar, por ejemplo, en la capacidad del virus para unirse a las células que infecta e ingresar a ellas, en

la potencialidad de producir copias e incluso en su morbilidad. Novedades evolutivas que pudieron haber derivado de ese tipo de mutaciones, tal como sugieren Crisci y Stuessy (2020) podrían relacionarse con la capacidad de enfermar a nuevos hospedadores, en este caso seres humanos.

La evolución, además, es responsable de la introducción sostenida de cambios en las poblaciones de cualquier especie, incluida la nuestra. En aquellos individuos que son capaces de reproducirse sexualmente, la descendencia no es idéntica a sus progenitores porque el crossing-over, que ocurre en los organismos unicelulares o en las células germinales de aquellos pluricelulares, permite recombinar de manera aleatoria la información existente en los cromosomas homólogos, de tal manera que el DNA que aporta cada uno de los progenitores es diferente en cada uno de los gametos. ¿El resultado?, un nuevo individuo con una combinación genética distinta a la de sus padres y hermanos que aporta variabilidad a las poblaciones que integra y que, con base en ella, tiene capacidades diferenciales de respuesta ante los cambios que puedan ocurrir en el entorno.

Este aspecto, que no solo impacta en el modo en que el virus afecta a la dinámica y estructura de las poblaciones que infecta, también permite repensar uno de los mecanismos de la evolución más relevantes propuesto por Charles Darwin a fines del siglo XIX: la selección natural. La influencia de las condiciones ambientales como factores de selección está directamente vinculada con la variabilidad de las poblaciones, constituyendo un factor decisivo en relación al modo en que estas pueden comportarse ante los factores de selección.

## El virus como factor de selección...

¿Es posible entonces que ante un fenómeno azaroso como la exposición a un patógeno letal, las poblaciones naturales puedan modificarse y responder a esta coyuntura adaptándose para garantizar su supervivencia? ¡Claramente no! La selección natural ha sido una de las teorías más polémicas y discutidas, siendo un punto de partida a lo que se conoce como programa adaptacionista (Gould y Lewontin, 2015).

Si bien Darwin en el título de su obra *El origen de las especies por medio de la Selección Natural* en 1859, pone énfasis en este mecanismo, de la lectura de sus textos han surgido dos programas paralelos de investigación, uno el filogenético -que conecta por un origen común a todas las especies de seres vivos, encontrando en el cambio la explicación a la existencia de la diversidad de especies- tal como se puede observar al reconstruir la historia filogenética de las cepas y variantes a partir de la secuenciación de las muestras obtenidas de los pacientes, y otro -quizás el más conocido- el programa adaptacionista, que encuentra en la supervivencia del más apto la posibilidad de dejar descendencia, reconociendo en ella aquellos caracteres que les han permitido sobrevivir, al transmitir esa “aptitud” -contenida en los genes- a la progenie.

En cualquier caso, adaptarse no es una posibilidad ante el cambio, sino que es la diversidad genética que existe en las poblaciones la que le conferiría a unos individuos y no a otros una capacidad diferencial de respuesta ante los factores de selección, entre los que podrían encontrarse agentes como el coronavirus. Esa capacidad de respuesta está impresa en los genes y acumulada de manera aleatoria -a través del tiempo- como parte de los procesos de la microevolución.

La conjunción de factores, entonces, que podrían explicar el fenómeno de la pandemia, incluiría tanto a la diversidad de variantes circulantes -que es difícil de determinar con exactitud porque su número dependería de una tasa de mutación que aún es del todo desconocida-, como a una capacidad diferencial de infestación y morbilidad de cada una que, por otra parte, impactaría diferencialmente en la población humana, debido a que no todos los individuos susceptibles de infectarse responderían de la misma manera ante la enfermedad. Ante esta situación podría esperarse que algunos la cursen de manera asintomática o con síntomas leves que les permitan reponerse en un breve período de tiempo generando inmunidad, mientras que otros inevitablemente mueran. La dinámica contribuye a modular el tamaño de las poblaciones naturales y la variabilidad contenida en la norma de reacción a causa de la selección negativa, aunque no resulta ética cuando se trata de una especie racional como la nuestra.

## Darwinismo Social y algo más...

No hay dudas de que las ideas de Darwin sobre la selección natural revolucionaron la biología del siglo XIX y constituyeron un punto de inflexión en el pensamiento académico respecto del origen de las especies. Su pensamiento suscitó encarnecidas discusiones que no solo abrevaron tiempo después en lo que hoy se reconoce como el paradigma de la biología contemporánea, sino también en disímiles escuelas filosóficas (y metodológicas) que son incluso antagónicas. La selección natural, no obstante,

ha sido objeto de profundos debates sostenidos por fanáticos seguidores y acérrimos detractores.

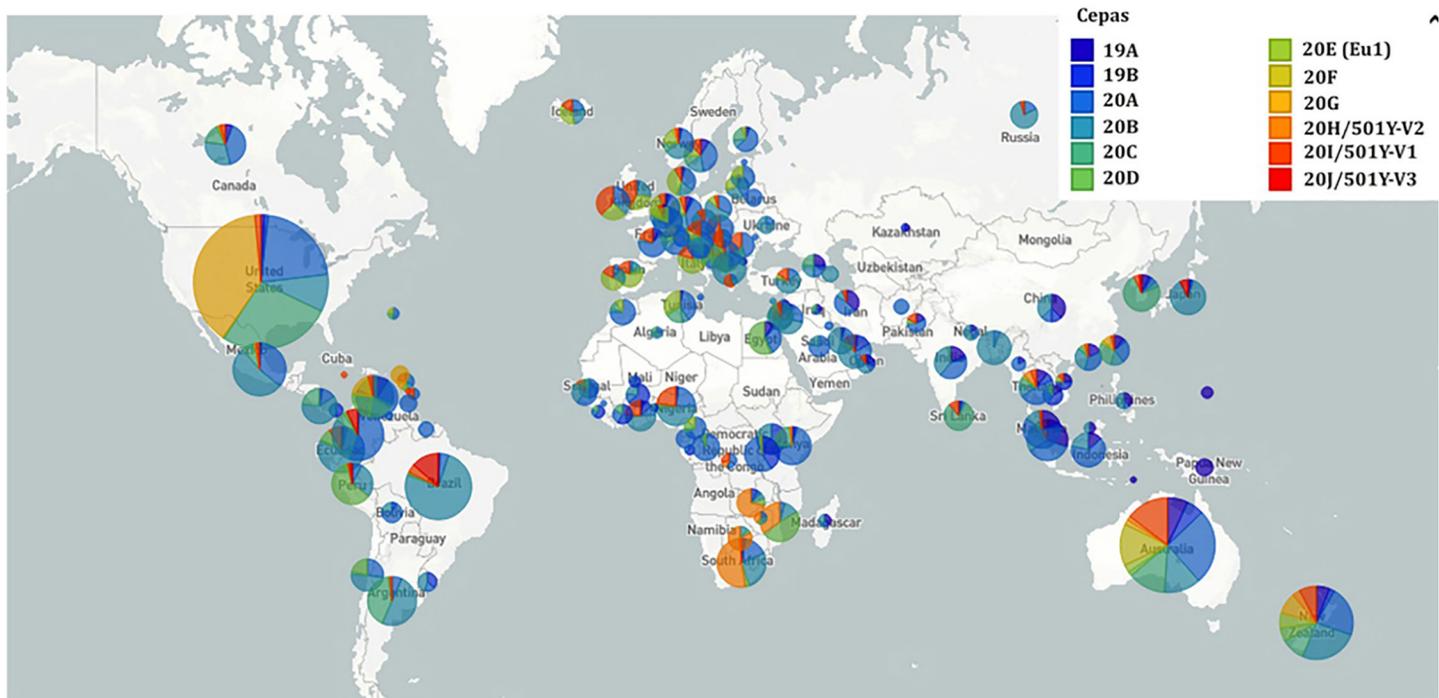
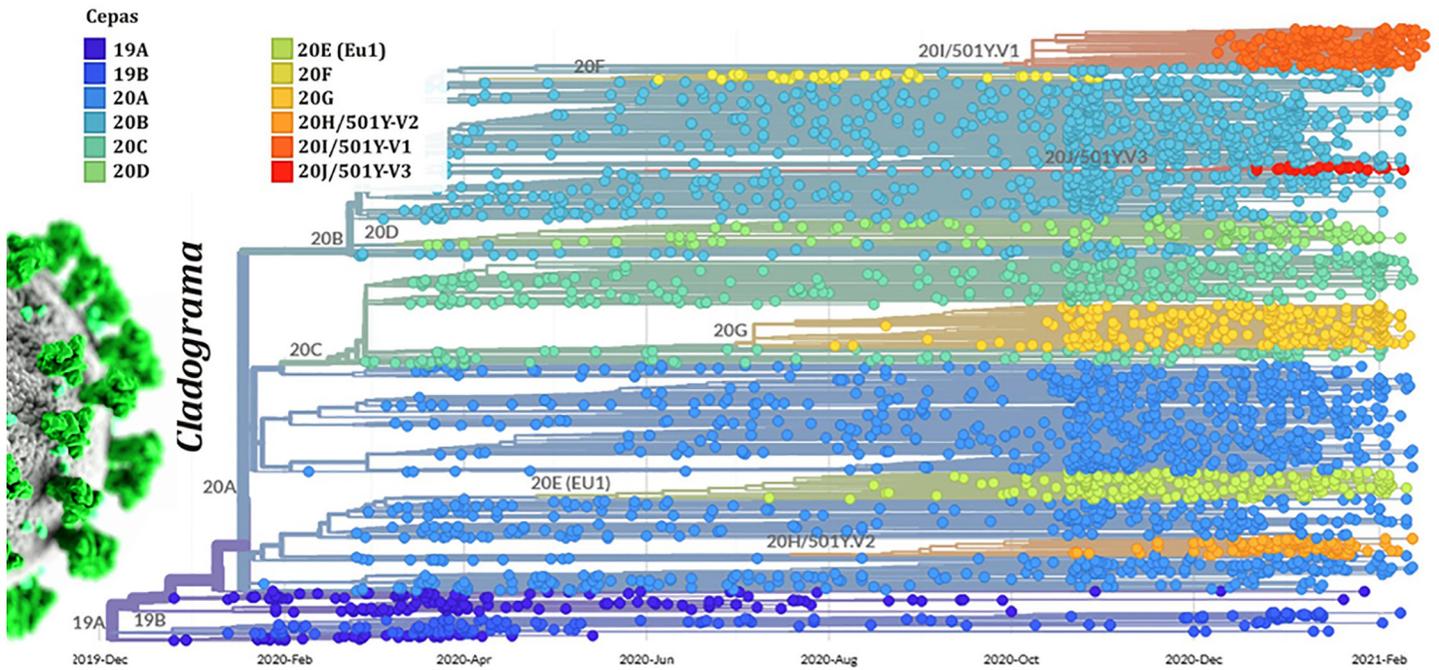
La conjunción de la genética con los factores ambientales que en ocasiones operan como factores de selección, han sido erróneamente extrapolados a muy diversos ámbitos de la sociedad. Esto no es nuevo, ya en la época victoriana a fines del siglo XVIII, un clérigo inglés con gran influencia en la política, la sociología y la economía, de apellido Malthus, había planteado como problema el crecimiento de la población debido a la suposición de que esta crecía de manera geométrica cuando el crecimiento de los recursos para alimentarla respondía a una progresión aritmética. El planteamiento constituyó, además, un argumento esgrimido más recientemente por corrientes neomalthusianas para convalidar guerras y epidemias como posibilidad de solución a la explosión demográfica.

En este sentido, el darwinismo social (Vicén, 1984) termina extrapolando de forma acrítica al seno de nuestra sociedad el mecanismo que explica el modo en que son moduladas las frecuencias génicas en las poblaciones naturales, a partir de la variabilidad contenida en los individuos que la integran. La perspectiva contribuye a justificar el fatalismo de clases, obviando el rol que la cultura ha desempeñado en el proceso de hominización y humanización (Carbonell y Hortolà, 2015) inscrito en la historia de nuestra especie.

La transposición reduccionista de esta perspectiva a la lógica del capitalismo, donde existe una marcada diferencia de clases que condena a la exclusión a un número importante de personas de la clase trabajadora poco remunerada: a los pobres, indigentes, negros y a los inmigrantes -un sector de la población que a menudo ha estado excluido de cualquier posibilidad de progreso- es inadmisibles bajo el ethos que nos define como sujetos sociales, por lo que bajo este sistema de valores sería inaceptable considerar al azar como fundamento de la desigualdad.

En el contexto de la actual pandemia, la crisis del sistema de salud y de la economía ha conseguido visibilizar esa desigualdad. En los países periféricos, que integran la nómina de los llamados países subdesarrollados, el desfaldo del que han sido víctimas por años por parte de los países centrales ha contribuido a multiplicar la pobreza, el acceso al hábitat y a un trabajo digno en un vasto sector de la sociedad. Esto ha erosionado en los últimos tiempos la oferta de salud, ya que el acceso de la población a hospitales, a medicamentos y a las vacunas es una rareza, en particular teniendo en cuenta que, en muchos de ellos, una parte de la población enferma y muere de patologías que hoy parecieran extintas en los países del primer mundo.

También aquellos considerados como los más “desarrollados”, en particular Estados Unidos, Reino Unido, Italia y España, a pesar de tener un sistema de salud robusto, han encabezado la lista de los más afectados por el número exorbitante de casos registrados, a tal punto que los médicos han tenido que enfrentarse al dilema de elegir a qué paciente dejar morir (Algañaraz, 2020) por carecer de respiradores para todos. Esta situación da cuenta de que la crisis sanitaria causada por la pandemia y convertida a su vez en una crisis económica es resultado del deterioro de la racionalidad con que aceptamos y legitimamos las decisiones que sustentan a la sociedad en que vivimos y que definitivamente se devela como una crisis del capitalismo global (Zavaro, 2020) como sistema.



**Relaciones filogenéticas de las nuevas cepas y variantes del SARS COV-2 y su distribución en el mundo.**  
Fuente: Carlos Zavaro a partir de datos e información disponible en: Nextstrain <https://nextstrain.org/sars-cov-2/> bajo licencia CC-BY-4.0 e imagen del Centro para el Control y Prevención de Enfermedades -CDC-

La premisa del origen común nos permite reconstruir la historia del virus SARS COV-2 a partir de la secuenciación de las cepas circulantes y sus variantes. Los cambios (mutaciones) en el genoma dan cuenta de su evolución en el cladograma y permiten obtener un mapa filogenético de la pandemia. Ubicar geográficamente las cepas también permite explicar fenómenos migratorios que han influido en la escalada que ha tenido a nivel mundial.



## Abdicar como corolario...

La historia de nuestra civilización da cuenta de la impronta que ha tenido la corona como insignia de poder. El simbolismo implícito en ella, que define a un sector privilegiado de la sociedad respecto a una mayoría que vive en condiciones profundamente desiguales, constituye la metáfora más acertada para repensar una salida posible a la pandemia. Entre las medidas más difundidas para frenarla, el lavado de manos ha sido prioritario debido a que el jabón logra disolver la capa lipídica que, semejante a la corona que le da nombre al virus, le protege. Disolver la corona es destruir literalmente el virus. Eliminar las coronas es, entonces, la forma más acertada para lograr afrontar el dilema al que nos enfrentamos porque en la medida en que persista la desigualdad en el acceso al sistema sanitario, a los tratamientos y en especial a las vacunas -a nivel mundial- se incrementa la posibilidad de que el virus continúe mutando, interfiriendo incluso en la futura eficacia de las vacunas conocidas. Solo cuando el acceso a estas constituya un hecho fáctico e igualitario, podremos pensar en el final de la pandemia, y sobre todo en una sociedad más justa, equitativa y humanitaria a futuro. He ahí quizás uno de los grandes aprendizajes que debería dejarnos esta experiencia. 

## Referencias

- Algañaraz, J. 2020. Dramático testimonio. Coronavirus en Italia. “Como en una guerra, tenemos que decidir a quién salvar”, admite un médico. *Diario Clarín*, Mundo. Recuperado el 9 de marzo de 2020 en: <https://bit.ly/2VsaEni>
- Carbonell, E. y Hortolà, P. 2015. Hominización y humanización, dos conceptos clave para entender nuestra especie. *Revista Atlántica Mediterránea de Prehistoria y Arqueología Social*, 15 (1): 7-11.
- Cordero-Lezama, A. 2021. Covid-19: Una zoonosis inesperadamente inesperada. *Herreriana*, 2 (2): 6-8. Recuperado de: <https://doi.org/10.29057/h.v2i2.6125>.
- Crisci, J. y Stuessy, T. F. 2020. Ecology and COVID #2: Evolutionary Biology and Questions Regarding the Coronavirus. *The Ecological Society of America*. Recuperado de: <https://bit.ly/3fKHnfu>
- Gould, S. J. y Lewontin, R. C. 2015. Las enjutas de San Marcos y el paradigma panglossiano: una crítica del programa adaptacionista. *Investigación Ambiental Ciencia y Política Pública*, 7 (1): 81-95.
- King, A. M., Adams, M. J., Carstens, E. B., y Lefkowitz, E. J. 2012. Virus taxonomy. Ninth Report of the International Committee on Taxonomy of Viruses, pp. 486-487.
- Lazcano, A. 2010. Origen y evolución de los virus: ¿Genes errantes o parásitos primitivos? En: Fernández, G., Bustos-Jaimes, I., Castañeda-Patlán, C., Guevara-Fonseca, J., Romero-Álvarez, I. y Vázquez-Meza, H. (eds.). *Mensaje Bioquímico*, Vol. XXXIV, 2010, pp. 73-84. Recuperado de: <http://repositorio.fcencias.unam.mx:8080/xmlui/bitstream/handle/11154/140382/Origenyevolde%20virusgeneserranteso2010.pdf?sequence=1>
- Sandín, M. 2005. La transformación de la Evolución. *Boletín de la Real Sociedad Española de Historia Natural. Sección Biológica*, 100 (1-4): 139-167. Recuperado de: <http://www.somosbacteriasyvirus.com/transformacion.pdf>
- Vicén, F. G. 1984. El darwinismo social: Espectro de una ideología. *Anuario de Filosofía del Derecho*, 1: 163-176.
- Zavaro, C. 2020. Racionalidades, paradojas y sinsentidos en torno a la pandemia. *Ludus Vitalis*, 28 (53): 185-189. Recuperado de: <http://ludus-vitalis.org/ojs/index.php/ludus/index>

