

Virus de Wuhan: detección precoz y una vacuna para frenar la epidemia

Desde diciembre de 2019, un nuevo virus se extiende en Asia. Las cifras de afectados aumentan cada día y las autoridades temen un pico de crecimiento coincidiendo con la próxima celebración del nuevo año chino. Mientras la OMS delibera si decreta o no la emergencia de salud pública, conseguir una vacuna eficaz lo antes posible podrá ser definitivo para frenar esta epidemia.

Luis Enjuanes

23/1/2020 09:00 CEST



Esta semana las autoridades sanitarias de China han comunicado la transmisión del virus de Wuhan entre personas. / [Pixabay](#)

En diciembre del 2019 se inició el **brote** de un nuevo **virus** en la ciudad china de **Wuhan**. Este virus, similar a un **coronavirus** que emergió en 2002 en la provincia de Guangdong (sureste de China), ha infectado por ahora a más de 600 personas, de las cuales 17 han muerto, según fuentes gubernamentales chinas.

La OMS se encuentra en pleno comité de emergencia

para determinar si este brote requiere el lanzamiento de una alerta mundial para prevenir las infecciones

Este virus provoca síntomas similares a los de una **neumonía**, ocasionando fiebre y dificultades respiratorias que pueden terminar en edema pulmonar y muerte, dependiendo de la edad de los pacientes y de si estos tienen algún otro problema médico.

La Organización Mundial de la Salud (OMS) se encuentra en pleno **comité de emergencia** para determinar si este brote viral requiere el lanzamiento de una **alerta mundial** para prevenir las infecciones.

Los virus se reproducen y evolucionan a alta velocidad, particularmente los que tienen un genoma RNA. Cambian tanto que no hay dos virus iguales. Por ello generan una progenie de billones de mutantes, alguno de los cuales infecta a una especie animal distinta de la habitual.

Esto es algo que sucede constantemente, por ello estos virus han pasado muchas veces de los **murciélagos** –animales que hospedan muchos virus peligrosos– al hombre tanto directamente o a través de un hospedador intermedio.

Hasta ahora se conocían **seis miembros** de la familia de los coronavirus. En personas jóvenes y sanas, cuatro de ellos apenas causan un simple resfriado de invierno, normalmente más suave que el producido por el virus de la gripe que reaparece con fuerza en esta estación.

Sin embargo, los otros dos coronavirus son letales para el hombre en la mayoría de los pacientes. Hablamos del **síndrome agudo y grave** (SARS-CoV) y el virus del **síndrome respiratorio de Oriente Medio** (MERS-CoV), que aparecieron en 2002 y 2012, respectivamente.

El nuevo coronavirus de Wuhan es muy parecido al SARS-CoV de 2002: sus genomas tienen una homología superior al 80 %

El nuevo coronavirus de Wuhan es muy parecido al SARS-CoV que emergió en 2002. De hecho, sus genomas tienen una homología superior al 80 %. La ciudad de Wuhan tiene más de 19 millones de habitantes y la alta densidad de su población conlleva un enorme peligro al facilitar la diseminación del virus entre sus habitantes.

Cómo se disemina el virus

Esta semana las autoridades sanitarias de China han comunicado la **transmisión** del virus de Wuhan entre personas, al haberse infectado al menos 14 sanitarios que atendían a los pacientes que portaban el virus.

Por el momento, este virus se ha extendido a **cuatro países de Asia** (China, Japón, Tailandia y Corea del Sur), **EE UU** y se sospecha de un nuevo caso en **Australia**. El primer brote del virus apareció en personas que visitaban un **mercado** de pescado y animales domésticos y silvestres, incluyendo algunos cuya venta está prohibida, como murciélagos, serpientes o civetas.

Cuando el SARS-CoV apareció en 2002, su reservorio natural fueron los murciélagos. De ellos pasó a las civetas, que en algunas zonas de China se servía en los restaurantes como una *delicatesen*, lo que facilitó el paso del virus al hombre.

Ahora, probablemente estemos ante un escenario similar: el coronavirus de Wuhan puede haber pasado de su **reservorio** natural, el murciélago, a un tipo de ciervo, que hoy se considera el mayor sospechoso de haber provocado la epidemia.

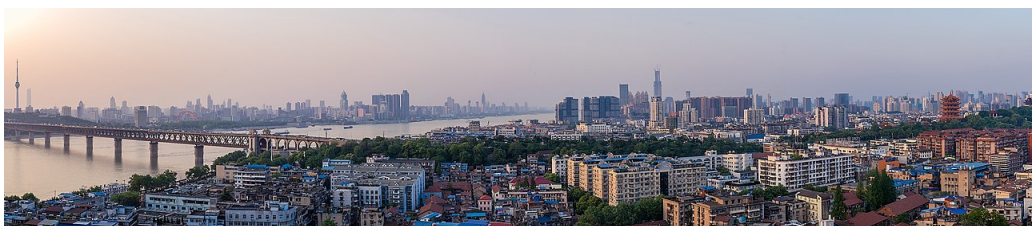
El coronavirus de Wuhan puede haber pasado de su reservorio natural, el murciélago, a un tipo de ciervo, el mayor sospechoso de haber provocado la epidemia

Pero, ¿hay algún hecho especialmente alarmante en este nuevo virus que puede ser mortal para el hombre? Resulta preocupante que en mes y medio

el virus haya infectado a tantas personas que han requerido hospitalización.

Porque eso implica que probablemente existe un número diez veces superior de personas que no han acudido a un hospital, o no se les ha identificado como infectado por este virus. Entre otras cosas, porque causan síntomas clínicos muy parecidos a los del virus de la **gripe**, también en lo más alto de su particular **epidemia** anual. Esto hace que las previsiones teóricas eleven el número de infectados a más de 2000.

Pero lo más preocupante es que este mismo sábado se celebra la gran fiesta del **Año Nuevo Lunar de China**, en la que varios millones de personas se desplazan para reunirse con su familia, como hacemos por Navidad en los países occidentales. Esa puede ser una forma perfecta para repartir el virus por toda China y, desde allí, a otros países.



Vista panorámica de Wuhan. / Wikipedia

Eficacia limitada del contagio

A pesar de las previsiones, hay algunas razones para ser relativamente optimistas en el caso de esta epidemia. La principal es que esta variante del SARS recién aparecida se propaga entre la población humana con una **eficacia limitada**.

Además, los científicos chinos han publicado la **secuencia del genoma** del nuevo virus, lo que ha permitido a los laboratorios de diagnóstico de todos los países diseñar sistemas de análisis que en 3 o 4 horas pueden determinar con toda fiabilidad si un paciente está infectado o no por este virus.

Esta variante del SARS se propaga entre los humanos con eficacia limitada, y los científicos

chinos han publicado ya la secuencia del genoma del nuevo virus

Por otra parte, la disponibilidad de la secuencia del genoma del virus permite trabajar en el diseño de **vacunas** para proteger frente a la infección por el coronavirus de Wuhan, como se está haciendo ya en, al menos, un laboratorio de Carolina del Norte (EE UU).

En España, el Centro Nacional de Biotecnología (CNB-CSIC) de Madrid produjo anteriormente vacunas para el SARS-CoV y el MERS-CoV, y ahora ya están aplicando las mismas tecnologías al caso del virus de Wuhan.

Esto se puede hacer rápidamente mediante la combinación de la síntesis química de los fragmentos del genoma y el ensamblaje de los mismos, creando un virus atenuado que es un candidato a vacuna.

Confiemos en que pronto se consiga la **inmunización** pertinente, se identifique con precisión la especie animal que ha dado origen a la epidemia y se logre la **detección precoz** de las personas infectadas para evitar así que se extienda.

Luis Enjuanes es investigador en el departamento de Biología Celular y Molecular del Centro Nacional de Biotecnología (CNB-CSIC) en Madrid

Derechos: **Creative Commons**.

TAGS

WUHAN | CORONAVIRUS | SARS | EPIDEMIA | VIRUS | VACUNA |
COVID-19 | PANDEMIA | CONTAGIO | SARS-COV-2 |

Creative Commons 4.0

Puedes copiar, difundir y transformar los contenidos de SINC. [Lee las condiciones de nuestra licencia](#)

