

En busca de los orígenes del virus que ha puesto en jaque a todo el planeta

El SARS-CoV-2 no ha sido fruto de una manipulación contra las grandes economías gestada en un laboratorio. Los científicos ya han comprobado que se originó por procesos naturales y probablemente se transmitió a las personas desde los murciélagos pasando por diferentes especies. Aún no saben si se convirtió en patógeno para los humanos después de habernos contagiado. Si ese paso sucedió antes, en un animal, la posibilidad de que se produzcan más brotes en el futuro aumentaría.

Adeline Marcos

19/3/2020 13:30 CEST



Lo más probable es que el SARS-Cov-2 se haya transmitido a humanos desde los murciélagos a través de un huésped intermedio, que pudo ser el pangolín u otras especies animales. / Adobe Stock

Cuando el pasado 31 de diciembre se hicieron públicos los primeros casos de una extraña neumonía en Wuhan (China), la comunidad científica supo que se enfrentaba a un virus desconocido. Tras la **secuenciación del genoma**, los investigadores chinos dedujeron que se trataba de un nuevo coronavirus, en concreto el SARS-CoV-2, también llamado HCoV-19.

Los científicos determinan firmemente que el SARS-CoV-2 se originó a través de procesos naturales

De los siete coronavirus que conocemos, el nuevo virus es, junto al SARS-CoV-1 (que causó una epidemia en 2003 en China) y MERS-CoV (que generó un brote en 2012 en Arabia Saudí), uno de los más mortíferos causando problemas respiratorios graves, en especial a pacientes con patologías previas.

Hoy la enfermedad actual del COVID-19 ha alcanzado en tres meses a unas **220.000 personas en todo el mundo** y ha provocado la muerte a unas **9.000 personas**, sobre todo en China e Italia, lo que ha obligado a tomar medidas drásticas para frenar la pandemia.

Para los científicos es vital desentrañar el origen del virus, por eso trabajan desde el primer momento con los datos genómicos ya obtenidos. Un equipo del **Scripps Research Translational Institute en La Jolla**, EE UU, con el investigador [Kristian G. Andersen](#) a la cabeza, ha publicado en la revista [Nature Medicine](#) los probables escenarios por los cuales podría haber surgido y refuta las **teorías conspirativas** sobre su aparición.

“Nuestros análisis muestran claramente que el SARS-CoV-2 **no es una construcción de laboratorio** o un virus manipulado a propósito”, revelan en el trabajo los autores, que han analizado las principales características del virus comparando seis genomas: tres de murciélago, el SARS humano, el del pangolín y el SARS-CoV-2.

El equipo de Andersen, director de Genómica de Enfermedades Infecciosas, comparó los datos disponibles de la secuencia del genoma para las cepas conocidas de coronavirus, y determinó “firmemente que el SARS-CoV-2 se originó a través de **procesos naturales**”, indica Andersen, **referente mundial** sobre epidemiología y evolución de los virus.

Un virus imperfecto

Al analizar el genoma de un virus que no ha ni evolucionado ni cambiado mucho desde que salió de Wuhan, los científicos se centraron, entre otros rasgos del virus, en las **proteínas de espícula**, unas armaduras en su exterior que le permiten agarrarse y penetrar las paredes exteriores de las células humanas y animales, y que están directamente implicadas en la penetración en la célula, a través de un receptor conocido como ACE2.

La estructura molecular del virus difiere de las de los coronavirus ya conocidos y se parece más la de los que se encuentran en murciélagos y pangolines

Pero se fijaron en especial en dos características importantes de esta proteína de espícula: el **dominio de unión al receptor** (RBD, por sus siglas en inglés), un tipo de gancho que se adhiere a las células huésped; y el **lugar de escisión** o transposición, una especie de abridor de latas molecular que permite que el virus abra y penetre las células anfitrionas.

En su estudio, el equipo quiso determinar la probabilidad de que la estructura de esta proteína del virus encajara en ese receptor. “Entonces observaron que esta encaja bastante bien, pero no es perfecta”, manifiesta a SINC **Fernando González Candelas**, catedrático de Genética de la Universidad de Valencia e investigador de [FISABIO](#).

Al analizar esa “construcción” dentro del virus constataron que tenía fallos. De ser manipulado genéticamente, esas estructuras deberían tener otras características para ser mucho mejores, pero el virus no las tiene. “Su diseño no es el que haría un ingeniero con el objetivo de crear un virus que provoque una pandemia”, indica González Candelas.

Un virus que hubiera sido creado en laboratorio no tendría los **desajustes** que se observan en SARS-CoV-2. “Partimos de la idea de que si haces una manipulación para conseguir un determinado objetivo lo que vas a intentar directamente, como todo buen ingeniero, es que tu producto sea el mejor posible”, explica el experto.

Además, la hipótesis de la **evolución natural del virus** fue respaldada por datos sobre la estructura molecular general del SARS-CoV-2, que de ser manipulada hubiera podido construirse a partir de la de otro virus que se sabe que causa enfermedades. Pero no fue así. Según el estudio, su estructura molecular difería sustancialmente de las de los coronavirus ya conocidos y se parecía más a la de virus relacionados que se encuentran en murciélagos y pangolines.

“Ha sido el **proceso azaroso de la evolución** que ha permitido al virus desarrollar una estructura de la espícula y de otras características que le permite invadir células humanas. Al estar en contacto con humanos ha provocado una infección y luego posteriores infecciones que han dado lugar a la epidemia”, subraya el investigador español.

¿De dónde viene el SARS-CoV-2?

“Cualquier patógeno viral para los humanos sale de la nada. En teoría, un virus antiguo de **un reservorio natural** se convertirá en patógeno viral para el ser humano a través de **muchos huéspedes intermedios**”, apunta a SINC **Zhigang Zhang**, investigador en el Laboratorio Estatal clave para la Conservación y Utilización de Recursos Biológicos en la Universidad de Yunnan (China) y autor de un estudio publicado hoy en [Current Biology](#).

“Encontrar el reservorio natural es de gran importancia para detener la propagación del virus”, dice Zhigang Zhang

Según Zhang, el salto directo de los anfitriones originales al humano rara vez ocurre. “Por lo tanto, encontrar el reservorio natural es de gran importancia para **detener la propagación del virus**”, constata el experto. “De hecho, los animales, incluidos los humanos, tienen muchos virus dentro de su cuerpo y la mayoría son inofensivos para sus anfitriones”, continúa.

La respuesta sobre el origen del virus es aún incierta y los científicos barajan varios escenarios. El primero de ellos es que el virus pudo evolucionar a través de la selección natural en un huésped no humano y luego saltó a estos, como ocurrió en otros brotes con las civetas para el SARS y los camellos para el MERS.

En el caso de SARS-CoV-2, como sucede con otros coronavirus, el reservorio más probable son los **murciélagos** (*Rhinolophus affinis*), por la similitud con los virus del propio animal. Pero no existen casos documentados de transmisión directa murciélago-humano. Ahí intervendría un huésped intermedio, que posiblemente estuvo relacionado con murciélago y

humanos.

“El murciélago sería el huésped primario u original, por comparación con los coronavirus de murciélago ya conocidos y que estén emparentados con ellos”, recalca Fernando González Candelas de la UV. Para el científico, el nuevo virus es el que se parece más a los coronavirus de estos animales, aunque “aún no se haya aislado el virus más próximo a él”. Pero también aparecen diferencias.

Para entenderlo, el experto pone el **ejemplo de una escalera**. “Es como querer saltar un escalón de un metro y pensar que de un salto no puedes subirlo. Necesitas dos o tres escalones intermedios, difíciles cada uno, pero posibles. Es cuestión de tiempo que se consiga pasar de la base al escalón superior”, ilustra.



Un ejemplar de pangolín. / nachbarnebenan

Escenario 1: el pangolín como salto intermedio

En esa etapa intermedia de murciélagos a humanos, el virus habría pasado por algún huésped, cuya selección natural le habría predisposto a infectar a humanos, “simplemente porque los receptores son lo suficientemente parecidos como para que luego al saltar a humanos sea mucho más

sencillo”, dice González.

Según González Candelas, el virus no está solo en un linaje, va expandiéndose en todo tipo de organismos a los que puede infectar

En este escenario, las diferentes características del virus habrían evolucionado a su estado actual antes de penetrar en humanos. Como señalan en el estudio de *Nature Medicine*, la epidemia actual habría surgido en cuanto los humanos se habrían infectado. El virus convertido ya en patógeno habría estado listo para propagarse entre las personas.

En el trabajo de Zhang se plantea la posibilidad de que este huésped intermedio sea el **pangolín** por las muestras de pulmón analizadas y en las que se detectó por primera vez la existencia de un CoV similar al SARS-CoV, coincidiendo con el inicio de la epidemia. “Conjeturamos que los pangolines malayos muertos pueden llevar un nuevo CoV estrechamente relacionado con el SARS-CoV-2”, recalcan en el estudio de *Current Biology* publicado hoy.

Según detalla a SINC el investigador chino, el camino de la infección que ha provocado el brote sería el siguiente: en la base estaría el **murciélago** (con resistencia o levemente susceptible al virus), seguido de múltiples especies cruzadas, entre las cuales el **pangolín** podría ser una víctima y susceptible al virus, antes de llegar al **humano**, aún más susceptible al virus y en contacto con animales para la obtención de herramientas, alimentos, caza y otros usos, incluidos los comercios ilegales.

A pesar de los hallazgos, ante la imposibilidad de realizar más experimentos a falta de la muestra original, el equipo chino recalca que aún se debate si las especies de pangolín son buenas candidatas para el origen del SARS-CoV-2.

“Teniendo en cuenta la amplia propagación de SARS-CoV en reservorios naturales, como murciélagos, camellos y pangolines, nuestros hallazgos serían significativos para encontrar nuevos huéspedes intermedios de SARS-CoV-2 para bloquear la transmisión entre especies”, concluyen.

Según González Candelas, el virus va expandiéndose en todo tipo de organismos a los que puede infectar. “El pangolín sería otro, no solamente en la escalera que llega al humano, pero en una escalera colateral cuyo final no sabemos cuál es”, añade, teniendo en cuenta que “la evidencia que existe no es lo suficientemente fiable o robusta como para dar eso por aceptado”.

Escenario 2: desarrollado en humanos

El otro escenario que explicaría el origen del SARS-CoV-2 es que, sin descartar los escalones intermedios, una **versión no patógena del virus** pudo saltar de un huésped animal a los humanos, pasando desapercibida, y **evolucionar a su estado patógeno** actual dentro de la población humana.

Una versión no patógena del virus pudo saltar de un huésped animal a los humanos, pasando desapercibida, y evolucionar a su estado patógeno actual dentro de la población humana

Así, para explicar por qué este virus funciona tan bien en humanos, el equipo de Kristian Andersen sugiere que el último paso sucede en nuestro organismo cuando la proteína de espícula evoluciona ya en un huésped humano. “La última fase, la que de verdad hace que este virus sea muy infectivo en humanos, habría permitido que el virus se haya adaptado a humanos en humanos primero”, declara González Candelas.

“A partir de ese momento, al pasar de humano a humano, el ajuste es mucho mejor”, señala el investigador español. De este modo, a las personas a las que les llega el virus todavía no muy bien adaptado a humanos no sufren demasiada enfermedad. “No tienen una sintomatología que llame la atención ni desarrollan neumonía, pero el virus en ellos se adapta”, indica el experto.

Una vez adaptado, con los mecanismos de infección que conocemos, puede haber pasado a otro humano. “En ese momento se iniciaría la cadena de transmisiones que da lugar a la epidemia”, dice González Candelas.

Pero para los científicos aún es difícil, si no imposible, saber cuál de los escenarios es el más probable en el caso del SARS-CoV-2. Lo que sí saben es que, si el virus llegó a los humanos en su forma de patógeno actual desde una fuente animal, la posibilidad de que se produzcan más brotes en el futuro aumentaría porque la cepa que causa la enfermedad podría seguir circulando entre los animales.

Sin embargo, según el coautor del estudio de *Nature Medicine*, **Andrew Rambaut**, de la Universidad de Edimburgo, las posibilidades de que se produzca otra epidemia disminuyen si un coronavirus no patógeno entra en la población humana y luego desarrolla propiedades similares al SARS-CoV-2.

Derechos: **Creative Commons**

TAGS

VIURS | PATÓGENO | PANGOLÍN | MURCIÉLAGO | COVID-19 | SARS-COV-2 |
EPIDEMIA | PANDEMIA | ORIGEN | HUMANOS | GENOMA |

Creative Commons 4.0

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