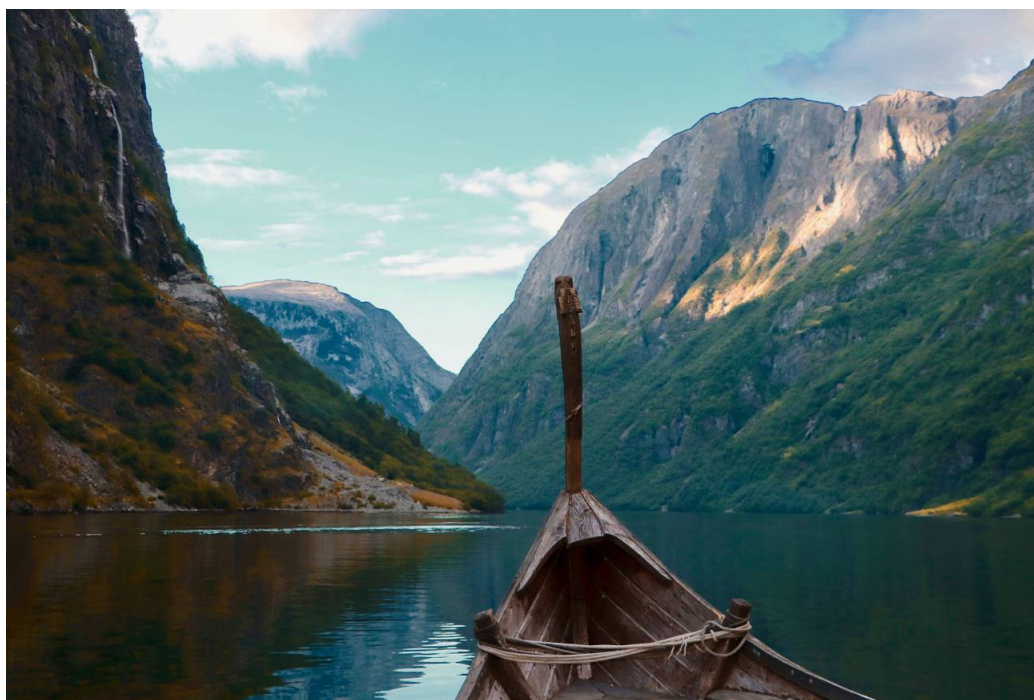


Los vikingos desvelan las evidencias genéticas más antiguas del virus de la viruela

Hace 40 años, la viruela se convirtió en la primera y, hasta ahora, única enfermedad en ser erradicada en todo el mundo. Sin embargo, su origen y evolución siguen sin estar claros. Un equipo internacional ha reconstruido el genoma del patógeno a partir de dientes y huesos humanos de la época vikinga, en el año 600 d.C. La presencia del virus en esta fecha lo sitúa unos mil años antes de la evidencia más antigua que se tenía hasta el momento.

[Adeline Marcos](#)

23/7/2020 20:00 CEST



El virus de la viruela ya estaba presente entre las poblaciones vikingas. / Pixabay

Las marcas cutáneas observadas en la momia de Ramsés V, fallecido en el año 1757 a.C., sugieren que el antiguo Egipto pudo ser una región donde ya circulaba el **virus de la viruela** (*Variola major virus* o VARV). Pero a pesar de estas observaciones y de los registros escritos, esta antigüedad no está aún demostrada.

Hasta ahora, la referencia genética más antigua de este virus databa del

siglo XVII, época a la que pertenece una **momia lituana** de la que se aisló una secuencia genómica del virus. Sin embargo, tanto el origen como la evolución del virus, que solo en el siglo XX causó entre 300 y 500 millones de muertes en todo el mundo, siguen siendo un misterio.

Una nueva investigación, publicada ahora en la revista *Science*, aporta evidencias unos 1.000 años más antiguas de las que se tenían, gracias a la secuenciación del genoma del virus en 11 individuos que vivieron durante la edad vikinga (entre los años 600 y 1000) al norte de Europa. El trabajo ha permitido, además, la reconstrucción casi completa del genoma del virus en cuatro de ellos a partir de dientes y huesos humanos.

Las últimas cepas pandémicas del virus que circularon durante el siglo pasado difieren genéticamente de las que se han encontrado ahora en los vikingos

“La viruela ya circulaba ampliamente en el año 600 en esa región y, por lo tanto, en el resto del continente. Esto refuta las afirmaciones de que el virus solo se introdujo y fue endémico después de la época medieval”, señala a SINC **Martin Sikora**, profesor en el [Instituto Globe](#) de la Universidad de Copenhague en Dinamarca y autor principal del estudio.

En el siglo XX, la enfermedad –con una mortalidad de más del 30 %– se convirtió en una de las más virulentas y devastadoras de la historia, pero fue la primera y única en ser eliminada en toda la población humana, según certificó la Organización Mundial de la Salud ([OMS](#)) en 1980. Sin embargo, esas últimas cepas pandémicas que circularon durante el siglo pasado difieren genéticamente de las que se han encontrado ahora en los vikingos.

“El virus que circulaba durante la era vikinga era genéticamente bastante diferente de las últimas cepas pandémicas del siglo XX. Estas se dividieron hace unos 1.700 años y luego se extinguieron en algún momento después de la era vikinga”, continúa Sikora.

Según **Antonio Alcamí**, investigador en el [Centro de Biología Molecular Severo Ochoa](#) del CSIC y la Universidad Autónoma de Madrid, que publica en

la revista un artículo en perspectiva sobre esta investigación, la cepa que ha logrado ser secuenciada desapareció y no llegó hasta nuestros días. “La que llegó fue otra”, afirma a SINC.

Reconstruyendo la evolución del virus

Los linajes de VARV hallados en los vikingos representan un clado hermano diverso, ahora extinto, del virus de la viruela moderno. Este pudo haberse extendido al norte de Europa durante siglos antes de convertirse en la cepa altamente virulenta y mortal del siglo pasado. “El virus causante de la viruela existió en una forma muy diferente, al menos genéticamente, durante un período de más de 400 años”, apunta a SINC **Terry Jones**, investigador en el [Centro de la Evolución de Patógenos](#) del departamento de Zoología de la Universidad de Cambridge.

“El virus causante de la viruela existió en una forma muy diferente, al menos genéticamente, durante un período de más de 400 años”, apunta
Terry Jones

Los científicos asumen que el virus surgió en un animal, concretamente en un roedor, y que posiblemente pasó a través de un animal intermedio, como por ejemplo una vaca, al ser humano. “No se sabe dónde sucedió esto ni cuándo. Puede que el virus se haya transmitido a los humanos muchas veces, sin una transmisión sostenida entre ellos. Ese es lo que sucede ahora con la viruela de los monos, como se observa en una docena de países en África central y occidental”, recalca Jones.

El estudio permite hacer el seguimiento de los cambios genéticos que han ocurrido durante la evolución del virus, desde un ancestro común con las cepas animales más cercanas y después de la división de las cepas en la era vikinga. “Esta información nos dice cómo el virus se ha adaptado a nivel molecular a los humanos durante su historia y, por tanto, también por qué pudo volverse tan virulento”, subraya Sikora.

Variola major virus no solo fue muy virulento, sino que perdió 29 genes

respecto a un virus ancestral. Entre el año 600 y 1000, sin embargo, el virus solo había perdido la mitad. Con este hallazgo se observa un “fenómeno único” en virología. “El virus no solo ha mantenido su virulencia, sino que ha perdido mucho genes. En el caso de los virus secuenciados ahora, estos han perdido la mitad de los genes, y esto sugiere que en ese momento el virus estaba a mitad de camino entre algo que tenía todos los genes y el virus del siglo XX”, explica Alcamí.

Lecciones aprendidas para el SARS-CoV-2

Este estudio arroja ciertas similitudes con el **SARS-CoV-2**, el virus responsable de la pandemia actual. Las epidemias de enfermedades causadas por zoonosis animales han afectado a las poblaciones humanas mucho antes de lo que se pensaba. “El brote actual de coronavirus es solo otro ejemplo de esto”, señala a SINC Sikora.

Los virólogos han estado diciendo durante muchos años “que debemos estar atentos a la posibilidad de zoonosis y que se debe invertir más en vigilancia”, alerta el investigador

“Sabemos que existe una variedad de virus potencialmente peligrosos en animales con los que los humanos entran a menudo en contacto (roedores para la viruela, murciélagos para coronavirus; o animales intermedios). Los hallazgos actuales profundizan en la importancia de la vigilancia y la búsqueda de especies reservorio”, asevera Jones.

El investigador pone nuevamente de ejemplo la viruela del mono: “Es claramente peligrosa, puede saltar a los humanos, ¡pero aún no sabemos de qué especie proviene!”, lamenta. Sus hallazgos publicados ahora en *Science* hacen hincapié en lo que los virólogos han estado diciendo durante muchos años; “que debemos estar atentos a la posibilidad de zoonosis y que se debe invertir más en vigilancia”, alerta el investigador.

Por otra parte, según Alcamí, cuando un virus salta de un animal al ser humano es muy común que sea muy virulento desde el primer momento,

como se ha observado en otras enfermedades como el **ébola** o la **COVID-19**. “Ocurre esto porque el patógeno no se ha acostumbrado al sistema inmunitario humano y no sabe gestionar la situación”, cuenta.

Sin embargo, para el experto “es la transmisión lo que dicta el futuro de un virus, más que que la virulencia o la atenuación”. En definitiva, partiendo del caso conocido del virus de la viruela –que no ha perdido su virulencia a lo largo de los años–, el experto asegura que “no es seguro que un virus como el SARS-CoV-2 vaya a atenuarse. Es necesario estar atentos”, concluye.

Referencias:

B. Mühlemann et al. “Diverse variola virus (smallpox) strains were widespread in northern Europe in the Viking Age” [Science](#) 23 de julio de 2020

A. Alcamí. “Was smallpox a widespread mild disease?” [Science](#) 23 de julio de 2020

Derechos: **Creative Commons**.

TAGS

COVID-19 | VIRUS | VIRUELA | PANDEMIA | CEPAS | EVOLUCIÓN |

Creative Commons 4.0

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

