



# El mundo está alerta a epidemia por neumonías causadas por coronavirus relacionado al consumo de animales silvestres: La historia se repite.

The world is on an epidemic alert due to coronavirus-related pneumonia caused by wild animal consumption: history repeats itself.

✍ Viviana Cachicas<sup>1</sup>

✉ 1 Sección Microbiología de Alimentos, Subdepartamento Alimentos y Nutrición, Departamento Salud Ambiental, Instituto de Salud Pública de Chile

✉ Autor para correspondencia: Viviana Cachicas, vcachica@ispch.cl

Sr Editor:

China ha sido epicentro de infecciones virales emergentes y reemergentes que han logrado una importancia global. Desde este país, en las últimas décadas se han notificado la influenza aviar en 1997, síndrome respiratorio agudo severo (SARS) en 2003 y síndrome febril con trombocitopenia (SFTS) en 2010 (1). A fin de 2019, una epidemia de SARS con un nuevo coronavirus tiene al mundo alerta. Esta ha sido relacionada con el consumo de animales silvestres, especialmente murciélagos, los cuales se vendían junto a aves, serpientes y productos del mar, en el mercado pesquero “Huanan Seafood Wholesale Market” de la ciudad de Wuhan, provincia de Hubei, China (2). El virus se ha denominado “2019-new coronavirus o 2019nCoV” (3) y el mundo se ha mantenido informado en tiempo real, facilitando intervenciones de salud pública que permitan controlar su rápida propagación. Aproximadamente a 2 meses desde que se registraron los primeros casos confirmados, las muertes llegan a 565, incluyendo un caso fuera de China, con 28.284 casos confirmados, manteniendo a la ciudad de Wuhan en cuarentena y al mundo en alerta (declarada oficialmente por la Organización Mundial de la Salud) (4).

Los coronavirus son virus ARN de hebra simple de sentido positivo, con envoltorio que pertenecen a la subfamilia Coronavirinae, familia Coronaviridae, orden Nidovirales. Los genomas de los coronavirus son los de mayor tamaño entre virus ARN, variando entre 26 a 32 kb, existiendo cuatro géneros cuyo análisis evolutivo ha mostrado que murciélagos y roedores son portadores de la mayoría de los

géneros Alphacoronavirus ( $\alpha$ CoV) y Betacoronavirus ( $\beta$ CoV), mientras que aves son reservorios de la mayoría de los Deltacoronavirus ( $\delta$ CoV) y Gammacoronavirus ( $\gamma$ CoV) (5).

Los coronavirus han traspasado la barrera de las especies para infectar a humanos repetidamente, como fue el caso del SARS-CoV, con una epidemia de aproximadamente 8.000 infecciones y 800 muertes, y más recientemente, el MERS-CoV, el cual desde 2012 ha causado en forma persistente en la Península Arábiga en Medio Oriente una epidemia de SARS. En ambas epidemias, los virus fueron cercanos genéticamente a los virus presentes en murciélagos. Adicionalmente, en el caso de SARS-CoV fueron cercanos a la civeta de las palmeras (*Paguma larvata*) y en el MERS-CoV a camellos (*Camelus dromedarius*), “saltando” a hospederos intermediarios antes de llegar a humanos (5).

Múltiples genomas de aislados clínicos de 2019-nCoV han sido secuenciados con el objetivo de conocer el virus en relación a su hospedero, evolución, patogenicidad, uso de antivirales, estrategias de vacunación y optimización de metodologías de diagnóstico. El grupo de Jasper Chan y cols (5), realizó la primera caracterización genómica del nuevo coronavirus, en este, los árboles filogenéticos de varios dominios de genoma como su orf1a/b, proteína S (spike protein), envoltura, membrana y nucleoproteína, mostraron cercanía del 2019-nCoV con coronavirus de murciélagos, civetas y humanos. Además de un 89% de identidad con SARS-like-CoVZXC21 de murciélago y 82% con SARS-CoV humano, en la secuencia de nucleótidos. Por otro lado, demostraron que, a diferencia de otros coronavirus, el gen

**Copyright © 2020.** Este es un artículo open-access distribuido bajo los términos de la *Creative Commons Attribution License (CC BY)*. El uso, distribución o reproducción en otros foros esta permitido, siempre que el/los Autor/es y el/los dueño/s de los derechos de autor sean acreditados y que la publicación original sea citada, en concordancia con la práctica académica aceptada. No usar, distribuir o reproducir si no se cumplen con estos términos.

**Conflicto de interés.** No se declararon posibles conflictos de interés.

**Financiamiento.** No fue declarado apoyo financiero en la investigación, la autoría y/o en la publicación.

que codifica para la proteína S, es solo compartido en un 40% de identidad de sus aminoácidos y aparece un nuevo marco de lectura denominado orf8 que codifica una nueva proteína secretora.

Desde la microbiología de alimentos, la validación para detección de 2019-nCoV en muestras clínicas, basada en PCR en tiempo real, ha sido un avance importante. La caracterización de parámetros de validación como sensibilidad (genes E, RdRp y N), límites de detección (~3,9 copias del genoma por reacción para el gene E y 3,6 para el RdRp), estabilidad química de los reactivos en control negativos (120 repeticiones), reacción cruzada con otros 310 coronavirus y exclusividad con otros 297 muestras clínicas positivas con otras enfermedades respiratorias de origen viral, basada en secuencias del genoma, podría ser extrapolada a diversas matrices alimentarias, permitiendo verificar matrices en ISO 15216-1 (de interés particular para cada región) en periodos cortos. Similar a lo realizado para Norovirus y Hepatitis A (6).

Considerando que los primeros casos confirmados estuvieron expuestos a diversos animales silvestres, como animales de origen marino, aves, serpientes y murciélagos, entre otros, el determinar el posible reservorio del 2019-nCoV, es uno de los grandes desafíos pendientes. A la fecha, no se ha aislado el virus desde muestras ambientales, siendo lo más cercano el estudio de realizada por Ji Wei y cols (1), donde compararon genomas enfocados en la proteína S por recombinación homóloga, anteriormente descrita en virus como Dengue, VIH y hepatitis B y C. Específicamente, utilizaron más de una decena de secuencias de 2019-nCoV desde aislados clínicos comparándolas con 276 secuencias de genomas de la proteína S de  $\beta$ CoV de diferentes orígenes geográficos de diversos continentes, sugiriendo a las serpientes como hospedero intermedio, y más lejanamente a otras especies, como marmotas, erizos de tierra, pangolines, murciélagos, aves y humanos. Si bien esta es una primera aproximación a la determinación del reservorio de 2019-nCoV, aun estos resultados requieren validación mediante aislados ambientales.

De este modo, desde la investigación y evaluación del riesgo en alimentos, esta epidemia ha mostrado nuevamente los grandes peligros zoonóticos presentes en matrices alimentarias, especialmente en matrices exóticas, las cuales en el actual mundo globalizado pueden traspasar rápidamente fronteras, acentuando la necesidad de una vigilancia de laboratorio a nivel global. En el caso específico de 2019-nCoV, es necesaria una caracterización viral sistemática en las matrices alimentarias de riesgo para comprender la evolución y emergencia de virus potencialmente infecciosos.

Sin lugar a dudas no existe el “Riesgo Cero” cuando se trata de enfermedades de origen viral transmitida por alimento, pero iniciativas mundiales bien ilustradas y activas, con el concepto actual “One World One Health” y “One-human-environment-animal-health”(7), son fundamentales para la gestión de la salud pública y no repetir la historia.

## AGRADECIMIENTOS

Agradezco a Cesar Conejeros, del departamento de Asuntos Científicos del Instituto de Salud Pública de Chile, por su apoyo en la búsqueda de información.

## REFERENCIAS

1. Ji W, Wang W, Zhao X, Zai J, Li X. Homologous recombination within the spike glycoprotein of the newly identified coronavirus may boost cross-species transmission from snake to human. *J Med Virol* [Internet]. 2020 Enero 22;jmv.25682. Disponible en: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.1002/jmv.25682>
2. Hui DS, I Azhar E, Madani TA, Ntoumi F, Kock R, Dar O, et al. The continuing 2019-nCoV epidemic threat of novel coronaviruses to global health — The latest 2019 novel coronavirus outbreak in Wuhan, China. *Int J Infect Dis* [Internet]. 2020 Feb;91:264–6. Disponible en: <https://linkinghub.elsevier.com/retrieve/pii/S1201971220300114>
3. Balboni A, Battilani M, Prosperi S. The SARS-like coronaviruses: The role of bats and evolutionary relationships with SARS coronavirus. *New Microbiol*. 2012 Enero 1;35:1–16.
4. Centro Europeo para la Prevención y Control de Enfermedades (ECDC). Novel coronavirus in China [Internet]. Pneumonia cases associated with novel coronavirus, China. 2020 [citado 2020 Enero 29]. Disponible en: <https://www.ecdc.europa.eu/en/novel-coronavirus-china>
5. Chan JF-W, Kok K-H, Zhu Z, Chu H, To KK-W, Yuan S, et al. Genomic characterization of the 2019 novel human-pathogenic coronavirus isolated from a patient with atypical pneumonia after visiting Wuhan. *Emerg Microbes Infect* [Internet]. 2020 Dec;9(1):221–36. Disponible en: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/31987001>
6. Corman VM, Landt O, Kaiser M, Molenkamp R, Meijer A, Chu DK, et al. Detection of 2019 novel coronavirus (2019-nCoV) by real-time RT-PCR. *Euro Surveill* [Internet]. 2020 Enero;25(3):10.2807/1560-7917.ES.2020.25.3.2000045. Disponible en: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/31992387>
7. van Helden PD, van Helden LS, Hoal EG. One world, one health. Humans, animals and the environment are inextricably linked—a fact that needs to be remembered and exploited in our modern approach to health. *EMBO Rep* [Internet]. 2013/05/17. 2013 Jun;14(6):497–501. Disponible en: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/23681441>