

El nuevo coronavirus y el desarrollo de la ciencia

El COVID-19, el nuevo coronavirus, circula infectando humanos a velocidades inusitadas, infectando exponencialmente en todo el mundo. La ciencia tiene también un ritmo fluido. Sin embargo, el llamado de alerta es a no interpretar resultados demasiado rápido porque se puede llegar a conclusiones erróneas. Es muy posible que el COVID-19 se auto atenúe y vuelva estacionalmente como una gripe singular, pero ¿cuándo? Lo que si saben los especialistas es que las epidemias normalmente vienen y se van, y el COVID-19 no debería ser la excepción.

El primer infectado por el COVID-19 fue internado en un hospital el 12 de diciembre de 2019 en Wuhan, en la provincia de Hubei, China. La propagación del virus se asoció casi inmediatamente a un mercado de esta ciudad donde se venden peces, mariscos y una diversidad animal única, que incluía erizos, tejones, serpientes, murciélagos y aves. El paciente trabajaba en este mercado y experimentó un síndrome respiratorio severo que incluía fiebre, mareo y tos. A este paciente se le aplicaron test para 26 patógenos respiratorios comunes sin obtener resultados que identificaran el origen de su sintomatología. Para identificar el posible agente causal de la enfermedad, los investigadores colectaron una muestra de líquido de lavado broncoalveolar y se realizó una secuenciación meta-transcriptómica (técnica utilizada para identificar la biodiversidad bacteriana y otros microorganismos en un ecosistema determinado). Con esta secuenciación se obtuvieron 56.565.928 lecturas de 150 pares de bases de longitud, en las que se evidenció que el paciente tenía en sus muestras una buena cantidad de DNA y RNA de origen bacteriano y viral. Se ensamblaron estas lecturas y se reconstruyeron 384.096 transcritos, entre los cuales encontraron uno muy largo con 30.474 pares de bases. Esta secuencia tenía una alta abundancia (repeticiones) y al compararla con la secuencia de otros virus se encontró relación con un aislado de coronavirus similar al SARS de murciélago que se había muestreado previamente en China, con una identidad nucleotídica de 89,1 %. La carga viral, o número de copias del virus, en la muestra de lavado broncoalveolar se midió con técnicas moleculares, obteniendo un número de $3,95 \times 10^8$ copias por ml.

Teniendo la certeza de que se había identificado un nuevo virus, el COVID-19, se realizó un análisis filogenético para determinar las relaciones del nuevo coronavirus. Los investigadores concluyeron que el COVID-19 está más estrechamente relacionado con los coronavirus de murciélago, teniendo una similitud de aminoácidos de 100 % con el murciélago SL-CoVZC45 en las proteínas nsp7 y E. Al parecer, los murciélagos son un posible huésped para el reservorio viral de COVID-19. En el mercado de Wuhan, donde trabajaba el paciente, los murciélagos estaban a la venta cuando se notificó la enfermedad; sin embargo, es necesario realizar más estudios para determinar el reservorio natural del

nuevo coronavirus y la posibilidad de que haya tenido otro huésped intermedio. Así mismo, aparentemente, el pangolín, otro mamífero, podría ser también un candidato de reservorio del virus debido a que la proteína de unión del virus a las células hospederas es el mismo del pangolín y humanos. Esta investigación fue publicada por la revista *Nature* el 3 de febrero de 2020.

Las publicaciones periodísticas dicen que la identificación del agente causal tomó apenas 7 días y que la obtención de la secuencia completa del virus tomó 14 días adicionales. Se desprende de arriba que fue la obtención de la secuencia con la que se identificó el virus, siendo este un hallazgo tremendamente rápido.

A la fecha, se han obtenido más de 1.200 secuencias del virus, incluyendo la de Colombia. Se conocen sus rutas de dispersión, se han estudiado las posibilidades de que el virus haya sido creado por ingeniería genética, se sabe acerca de la evolución natural del mismo, se conoce la forma como se une a la célula huésped y todas sus proteínas, también la base molecular del reconocimiento y la forma de infección; la investigación ha descrito también los cambios mutacionales del virus y, por ende, su naturaleza, tasa de contagio, epidemiología y otros aspectos.

Hoy en día se venden más de 20 kits de diagnóstico del virus en humanos, desde los que utilizan la amplificación de fragmentos del virus utilizando la PCR en tiempo real —que podría tomar de 4 a 6 horas para validar su presencia—, hasta test que identifican anticuerpos para realizar en 15 m. Se sabe que las pruebas de vacunas están en fase clínica en humanos y se prevé tener la vacuna en 8-12 m. Se han registrado desde enero hasta el 25 de marzo de 2020 un total de 6.250 artículos publicados (Google académico). En fin, he dicho que la ciencia tiene un ritmo fluido, pero no es así, va a una velocidad inusitada, no antes vista. La pelea contra el COVID-19 puede ser larga, pero la ciencia debe tener la respuesta pronto: una vacuna y/o tratamientos efectivos.

Javier Hernández Fernández

Editor Revista Mutis

<https://orcid.org/0000-0001-8442-9266>

<https://doi.org/10.21789/22561498.1600>

REFERENCIAS

Lam, T. T., Shum, M. H. S., Zhu, H. C., Tong, Y. G., Ni, X. B., Liao, Y. S., ... & Guan, Y. (2020). Identifying SARS-CoV-2 related coronaviruses in Malayan pangolins. *Nature*. <https://doi.org/10.1038/s41586-020-2169-0>.

Wu, F., Zhao, S., Yu, B., Chen, Y. M., Wang, W., Song, Z. G., ... & Zhang, Y. Z. (2020). A new coronavirus associated with human respiratory disease in China. *Nature*, *579*, 265-269. <https://doi.org/10.1038/s41586-020-2008-3>