

VIRUS PANDÉMICOS Y ACTIVIDAD HUMANA

*Elizabeth Ortega Soto**

RESUMEN: Los virus nuevos han sido una constante desde el surgimiento de la vida en la Tierra. Estos virus pueden llegar a infectar a los seres humanos y producir pandemias, como la causada por el virus SARS-COV-2. Los virus son parte inevitable de la naturaleza; sin embargo, las actividades humanas son las que determinan su contagio, por lo que es posible desarrollar estrategias para detectar y controlar brotes de enfermedades emergentes y prevenir nuevas pandemias.



PANDEMIC VIRUSES AND HUMAN ACTIVITY

ABSTRACT: Emerging viruses have been constant since life arises on earth. These viruses could infect humans and produce pandemic such as the caused by SARS-COV-2. The emergence of viruses is inherent to nature and cannot be avoided; however, as it spread mainly by human activities, it is possible to develop strategies to detect and control outbreaks of emerging diseases and prevent new pandemics.

PALABRAS CLAVE: enfermedades emergentes, origen de los virus, prevención de pandemias, urbanización.

KEY WORDS: emerging diseases, origin of viruses, pandemic prevention, urbanization.

RECEPCIÓN: 24 de septiembre de 2021.

APROBACIÓN: 07 de diciembre de 2021.

DOI: 10.5347/01856383.0143.000306351

* Laboratorio de Virología, Escuela Nacional de Ciencias Biológicas, IPN.

Se prohíbe su reproducción total o parcial por cualquier medio, incluido electrónico, sin permiso previo y por escrito de los editores.

VIRUS PANDÉMICOS Y ACTIVIDAD HUMANA

El origen de los virus: una pregunta recurrente

A lo largo de la historia, las enfermedades infecciosas han producido un gran número de epidemias y pandemias con efectos devastadores, y la humanidad no ha dejado de preguntarse por el origen de estos males. En las culturas antiguas, se señalaba a los dioses como causa de azotes que enviaban a los hombres como castigo. Otras explicaciones remiten a algún desequilibrio entre los humores del organismo como la causa de la enfermedad.¹ Al aumentar nuestro conocimiento sobre las enfermedades infecciosas fue posible identificar a los agentes etiológicos, sus características, origen e incluso producir fármacos y vacunas, con las que se han erradicado enfermedades como la viruela y se controlan muchas otras como la poliomielitis, el sarampión o las paperas, al disminuir el número de casos y su gravedad. Ahora hemos sufrido la pandemia del virus SARS-COV-2, causante del covid-19, y así como sucedía en la Antigüedad, nos preguntamos cuál es su origen. Muchos siguen considerando el castigo divino como una explicación satisfactoria, mientras que otros proponen que la culpa es totalmente de seres humanos que crearon el virus en algún laboratorio de Estados Unidos o China y lo liberaron de forma deliberada.²

¹ Javier Espino Martín, “Pestes y pandemias en la Antigüedad”, *Estudios* XVIII, núm. 135 (2020): 7-27.

² Dacre Knight, “COVID-19 Pandemic origins: Bioweapons and the history of laboratory leaks”, *Southern Medical Journal* 114, núm. 8 (2021): 465-467.

Lo cierto es que un objetivo de la comunidad científica es determinar su origen,³ lo que puede ser fundamental para evitar que volvamos a encontrarnos con nuevos virus pandémicos.

Si bien las bacterias han producido un gran número de pandemias en poblaciones humanas, las enfermedades producidas por virus han tenido siempre una importancia particular. Hay registros de los estragos de la rabia, la poliomielitis y la viruela en Mesopotamia y en códices antiguos. Muchas infecciones se propagaron en guerras y algunas facilitaron la conquista de nuevos territorios, como la viruela traída a América por los españoles o el virus T-linfotrópico humano (HTLV-1) por el tráfico de esclavos. A principios del siglo xx, la influenza española mató a más personas que la Primera Guerra Mundial y el virus de la fiebre amarilla detuvo en varias ocasiones la construcción del canal de Panamá. Los virus han cambiado nuestro mundo y lo seguirán haciendo.⁴

Una diferencia importante entre los virus y otros agentes etiológicos es que los virus son incapaces de multiplicarse de forma autónoma, sino que tienen que infectar una célula y tomar el control de sus organelos para multiplicarse dentro de ella. Esto se debe a que los virus están compuestos exclusivamente por material genético (ácidos nucleicos como el ADN o el ARN) y proteínas organizadas en estructuras llamadas *cápsides*. Algunos tienen una membrana lipídica que proviene de la célula que infectan⁵ y carecen de aparatos para producir energía, metabolizar compuestos o producir sus componentes. Estas particularidades los sitúan fuera de la definición de los organismos vivos y los coloca entre los entes inanimados hasta el momento en el que infectan a una célula. Esta dualidad ha excitado discusiones en el ámbito biológico y filosófico sobre si los virus están vivos o no.⁶

³ Marion Koopmans *et al.*, “Origins of SARS-COV-2: Window is closing for key scientific studies”, *Nature* 596 (2021): 482-485.

⁴ John Oxford, Paul Kellam y Leslie Collier, *Human virology* (Londres: Oxford University Press, 2016), 6-7.

⁵ *Ibid.*, 10.

⁶ Moreira y López-García señalan que los virus no pueden ser catalogados dentro del árbol de la vida ya que incluso su reproducción está mediada por una célula, que es la misma que dirige la evolución viral; David Moreira y Purificación López-García, “Ten reasons to exclude viruses from the tree of life”, *Nat Rev Microbiol* (2009): 306-311. Se ha señalado también que la metáfora que coloca a los virus como algo vivo debido a su capacidad de reproducirse es solo una visión

Aun cuando son los agentes etiológicos con la estructura más sencilla y miden apenas algunos nanómetros (entre 20 y 300), los virus son muy diversos y abundantes entre todas las especies conocidas. Esta gran diversidad hace suponer que no necesariamente todos tienen el mismo origen ni surgieron al mismo tiempo, lo que ha dado lugar a diferentes teorías.⁷ La diversidad también es clave para la constante aparición de virus nuevos.

La pregunta inicial sobre el origen de los virus es sumamente difícil de contestar, ya que tiene que ver con el origen de la vida misma. De acuerdo con las teorías más aceptadas del origen de la vida, las condiciones de la Tierra primitiva favorecieron la formación de moléculas complejas como proteínas y ácidos nucleicos. En esta sopa primigenia surgieron moléculas de ARN, las cuales fueron los primeros ácidos nucleicos con la capacidad de duplicarse.⁸ Este ARN pudo haberse asociado con proteínas para generar los primeros ancestros de los virus de ARN. La agrupación pudo haber sido benéfica para ambas moléculas, pues les brindó más estabilidad en el medio ambiente en el que se encontraban. Esta hipótesis se conoce como teoría del virus primero, ya se supone que los ancestros de los virus se formaron antes de que aparecieran las proto-células, las cuales pudieron contener ARN como material genético.⁹

Las condiciones ambientales seguían siendo hostiles para la vida como la conocemos actualmente, pero favorables para la síntesis de nuevas y

antropocéntrica que asigna metas e intenciones a todos los organismos; véase: Marc H. V. van Regenmortel, “The metaphor that viruses are living is alive and well, but it is no more than a metaphor”, *Stud Hist Philos Biol Biomed Sci.* núm. 59 (2016): 117-24. Una opinión más generalizada coloca a los virus entre lo vivo y lo no vivo, incluso como las entidades biológicas más primitivas, cuyo impacto en la evolución de la célula misma es innegable, como explica Sergio Pennazio en “Viruses: are living entities?”, *Theor Biol Forum* 104, núm. 1 (2011): 45-56.

⁷Fizza Mughal, Aeshan Nasair y Gustavo Caetano-Anollés, “The origen and evolution of viruses inferred from fold family structure”, *Archives of Virology*, núm. 10 (2020): 2177-2191.

⁸Los ácidos nucleicos están compuestos por subunidades llamadas nucleótidos (adenina [A], timina [T], guanina [G], citocina [C] y uracilo [U]), que se organizan de forma lineal formando cadenas capaces de interactuar entre sí de forma específica, debido a que los nucleótidos son complementarios: G con C y A con T (para el ADN) y con U (para el ARN). Una vez que se ha formado una cadena, puede servir como molde para que nucleótidos cercanos se unan en sucesión ordenada para formar una segunda cadena complementaria, que a su vez sirve de molde para una nueva cadena con el orden de nucleótidos idéntico a la primera.

⁹Zachary W. Kockler y Dmitry A. Gordenin, “From RNA World to SARS-cov-2: The edited story of RNA viral evolution”, *Cells*, núm. 10 (2021): 1557.

más variadas moléculas, correspondientes a un nuevo tipo de ácido nucleico: el ADN. Este ácido nucleico es más estable que el ARN y pronto comenzó a unirse con proteínas y otras moléculas, como los lípidos. En este punto surgen las células más primitivas, y es posible que algunos virus de ADN tuvieran este mismo origen.

Las primeras células dieron origen a las bacterias, y se piensa que la agrupación de bacterias o procariotas (células sin núcleo) dio lugar a las células eucariotas (con núcleo). Es probable que, igual que las células primitivas, los virus hubieran evolucionado y se hubieran diversificado. Una segunda hipótesis del origen de los virus es que cuando aparecieron las células como forma de vida, algunas se especializaron en ciertas funciones y perdieron elementos, que se convirtieron en parásitos intracelulares obligados. A esta teoría se le conoce como “reduccionista”. Otra teoría postula que los virus se formaron a partir de células como resultado del “escape” de elementos genéticos. Estas teorías no son excluyentes (ni tampoco la teoría del virus primero), porque diferentes familias de virus pudieron tener orígenes diversos;¹⁰ incluso se han propuesto otros modelos de origen viral que combinan estas tres teorías.¹¹

18 | La interacción entre las primeras células y los virus pudo significar un paso adelante en la evolución de ambos, ya que es muy posible que los ancestros de los virus, que posiblemente se ya se multiplicaban dentro de una célula, pudieron hacerlo de manera más eficiente. Las células primitivas también se pudieron beneficiar de la infección, ya que era una forma de adquirir información genética que pudiera aumentar su super-

¹⁰ Mughal, Nasair y Caetano-Anollés, “The origin and evolution of viruses”, 2177-2191.

¹¹ Kuprovic *et al.* proponen un origen mixto para los virus. Consideran que ciertos genes de la duplicación viral tienen un origen precelular, lo que además explica la existencia de genomas de ARN y ADN y la variedad de estrategias de multiplicación. Por otro lado, se considera que los genes que forman las cápsides (estructurales) fueron tomados gradualmente de células; véase: Mart Krupovic, Valerian V. Dolja y Eugene Koonin, “Origin of viruses: primordial replicators recruiting capsids from hosts”, *Nat Rev Microbiol*, núm. 17 (2019): 449-458. Otro modelo es el simbiogénico o de coevolución, en el cual se propone que en el mundo de ARN se crearon cuatro tipos de protocélulas. Tres evolucionaron en arqueas, bacterias y eucariotas, mientras que el cuarto grupo perdió elementos después de varios ciclos de internalización celular y constituyó los virus; véase: Arshan Nasir, Kyung Mo Kim y Gustavo Caetano-Anollés, “Viral evolution”, *Mobile Genetic Elements*, núm. 2 (2012): 247-252.

vivencia o la de su descendencia. En nuestros genomas, y el de diferentes mamíferos, es posible rastrear genes virales que provienen principalmente de retrovirus pero que también incluyen Filovirus (de la misma familia que el virus del Ébola), Rhabdovirus (como el virus de la Rabia), Reovirus y múltiples virus de ADN como los Parvovirus, Circovirus, Adenovirus entre otros.¹² Muchos elementos virales endógenos son fundamentales para nuestra especie y de otros mamíferos; un ejemplo son genes involucrados en la formación de la placenta como las sincitinas y las proteínas gag.¹³ En definitiva, nuestra vida no sería posible si no fuera por los virus.

Actualmente se observa una gran variedad de organismos, bacterias y virus en ecosistemas donde establecen relaciones sumamente complejas y variadas. Diferentes especies animales conviven entre ellas. Los animales también se relacionan con plantas, principalmente al comerlas. Todos los organismos se infectan cotidianamente con bacterias, virus, etc., y son capaces de transmitir esos agentes patógenos a otros individuos de su misma especie o de especies diferentes al liberarlos al medio ambiente.

Los virus son importantes en la evolución de otros organismos. Cada infección de una nueva célula tiene como resultado la producción y selección de virus nuevos,¹⁴ por lo que todas las especies continúan evolucionando. Cuando un individuo se reproduce, su descendencia presenta variaciones debidas a cambios en el material genético (mutaciones), producidas por errores al sintetizar las cadenas complementarias del ADN. El material genético de los virus no es la excepción, sino que se producen virus ligeramente diferentes en cada nueva generación. Otros mecanismos importantes de evolución viral son las recombinaciones¹⁵ de material

¹² Aris Katzourakis y Robert J. Gifford, "Endogenous viral elements in animal genomes", *PLoS Genetics* 6, núm. 11 (2010).

¹³ John A. Frank y Cédric Feschotte, "Co-option of endogenous viral sequences for host cell function", *Curr Opin Virol*, núm. 25 (2017): 81-89.

¹⁴ En el caso de los virus no es posible hablar de especies. El termino adecuado es *cuasiespecie*, que se refiere a un grupo o colección de genomas virales relacionados entre sí pero que no son iguales y que están sujetos a una variación y una selección continua de las variantes más aptas en un medio ambiente; véase: Raúl Andino y Esteban Domingo, "Viral quasiespecies", *Virology*, núm. 479-480 (2015): 46-51.

¹⁵ Las recombinaciones son cambios en el genoma que no se dan por mutaciones, sino por intercambio de material genético entre secuencias homólogas o la adquisición de secuencias no homólogas entre los genomas que se producen dentro de una célula.

genético, muy comunes en virus de ADN, y los rearrreglos,¹⁶ que ocurren en virus de ARN con genoma segmentado.¹⁷ Estos cambios se acumulan con las generaciones, y dado que los virus se multiplican más rápidamente que otros organismos y la tasa de mutaciones es mayor que la observada en bacterias y células eucariotas, se producen muchas generaciones de virus en un tiempo breve. Los sucesores llegan a diferir tanto del virus progenitor que podemos hablar de la aparición de un nuevo virus.

En el caso específico del SARS-COV-2, se piensa que el origen más plausible es un ancestro circulante en murciélagos, que evolucionó y se volvió capaz de infectar a seres humanos por contacto directo o consumo de animales silvestres. Incluso se especula si es producto de una manipulación en algún laboratorio veterinario. En cambio, se ha descartado su liberación premeditada, así como su uso como arma biológica.¹⁸

Virus y enfermedades emergentes

La aparición de virus nuevos es un fenómeno constante en la Tierra. Se calcula que se conoce solo una ínfima proporción de los virus existentes, por lo que es difícil hacerse una idea de la cantidad de virus nuevos que aparecen en un periodo determinado. Sin embargo, observamos que periódicamente aparecen virus nuevos entre la población humana, los cuales pueden causar una enfermedad hasta entonces no reconocida, a la que llamamos “enfermedad infecciosa emergente”. El termino también se aplica a una enfermedad ya conocida pero que aumenta su incidencia

¹⁶ Los rearrreglos ocurren cuando dos virus diferentes de genoma segmentado infectan a una misma célula. Como resultado, es posible que la progenie viral presente una mezcla de segmentos provenientes de ambos progenitores. El ejemplo más común de recombinación es el virus de la influenza, cuyo genoma tiene ocho segmentos de ARN. Algunas cepas de este virus infectan preferentemente a seres humanos, mientras que otras infectan aves, pero todas las cepas son capaces de infectar a los cerdos. Cuando un cerdo se contagia con cepas aviares y humanas, es posible que la progenie tenga una mezcla de genes de los virus aviares y humanos, lo que favorece el paso de cepas aviares a seres humanos y viceversa.

¹⁷ John J. Dennehy, “Evolutionary ecology of virus emergence”, *Ann. N. Y. Acad. Sci.*, núm. 1389 (2017): 124-146.

¹⁸ Koopmans *et al.*, “Origins of SARS-COV-2”, 482-485.

o su distribución.¹⁹ Algunos ejemplos son el virus del Ébola, cuya primera aparición ocurrió en África en 1976; el virus de la inmunodeficiencia humana (VIH), descubierto en 1981; y los coronavirus causantes del síndrome respiratorio agudo grave (SARS), la enfermedad respiratoria del Medio Oriente (MERS) y la enfermedad por el nuevo coronavirus o covid-19 (SARS-COV-2), que surgieron en 2002, 2012²⁰ y 2019.

Los virus emergentes son productos evolutivos, pero factores ecológicos favorecen su presencia en una nueva especie.²¹ Estos factores son, por ejemplo, cambios demográficos, de comportamiento, agregación de poblaciones, variaciones climáticas o de las condiciones ambientales, modificación de la distribución de vectores y otros. Todos esos cambios propician la interacción de diferentes especies, lo que puede dar como resultado que un virus llegue a un individuo de una especie que antes no había infectado.²² Una de las principales interacciones entre especies es cuando un animal se alimenta de otro, pues de esta forma introduce en su sistema digestivo todas las bacterias y virus que infectaban a su presa. Otras interacciones pueden ser el contacto directo con secreciones de otras especies.

Una vez que un virus encuentra un nuevo hospedero, se presentan diferentes escenarios. Uno es que el huésped no sea susceptible al virus, es decir, que no tenga los receptores²³ específicos del virus y no se infecte. En este caso, el virus tiene muy pocas posibilidades de producir una enfermedad en esa nueva especie. El escenario opuesto es que la infección del nuevo huésped sea muy agresiva y que cause una enfermedad

¹⁹Paolo Calistri *et al.*, “The components of ‘One World-One Health’ approach”, *Transbound Emerg Dis* 60, núm. 2 (2013): 4-13.

²⁰Paolo Calistri, Nicola Decaro y Alessio Lorusso, “SARS-COV-2 pandemic: Not the first, not the last”, *Microorganisms* 9 (2021): 433.

²¹P. Daszak, A.A. Cunningham y A.D. Hyatt, “Anthropogenic environmental change and the emergence of infectious diseases in wildlife”, *Acta Tropica* 78 (2001): 103-116.

²²Dennehy, “Evolutionary ecology of virus emergence”, 124-146.

²³Los receptores son moléculas en la superficie de la célula que son reconocidas por los virus. Estas moléculas son como las cerraduras de una célula, y los virus tienen proteínas que pueden ser el análogo de una llave. Si las proteínas virales son capaces de reconocer de forma específica a los receptores, podrán ingresar a la célula e infectarla. La célula también tiene que poder permitir la duplicación viral, es decir, tiene que contar con los organelos necesarios para sintetizar todos los componentes de un virus y multiplicarlo.

grave e incluso la muerte.²⁴ Aunque este escenario es contrario al anterior en cuanto a la gravedad del patógeno y el efecto en el individuo, en términos demográficos una infección por un virus tan letal tiene pocas posibilidades de establecerse en una población, si bien al pasar de un sujeto a otro podría evolucionar y adaptarse a las características del nuevo huésped. Un tercer escenario es que un virus infecte a un individuo y que se transmita a otros generando virus mutantes que difieran tanto por su virulencia²⁵ como por su facilidad de dispersión entre individuos de esa especie. Esta variabilidad ayuda a que el virus se establezca en una nueva población y que su transmisión sea cada vez más sencilla,²⁶ lo que da como resultado una interacción estable entre el virus y su hospedero. Esta interacción es la que favorece la evolución tanto del virus como del hospedero, pues el patógeno libra a los individuos más resistentes y propaga los virus más aptos para mantener su población.²⁷

Dadas las complejas interacciones entre diferentes especies animales, los virus con potencial zoonótico²⁸ son un foco importante de atención, por su posibilidad de generar infecciones emergentes y de convertirse en virus pandémicos al establecerse en la población.²⁹ Se calcula que el 75% de las enfermedades emergentes son producidas por virus zoonóticos.³⁰ Las fuentes más comunes de virus zoonóticos son los roedores, los primates no humanos y los murciélagos.

²⁴ En este caso, la interacción entre el virus y el individuo infectado se llama “infección fatal”.

²⁵ La virulencia es la medida de la capacidad de un agente etiológico de producir una infección (patogenicidad). Un virus poco virulento causa una infección leve, con enfermedad ligera o incluso asintomática, mientras que un agente muy virulento causa una enfermedad grave o incluso la muerte.

²⁶ Rosa M. Estebes-Reboredo, “Teorías del origen del SARS-COV-2, claves e incógnitas de una enfermedad emergente”, *Rev Esp Salud Pública* 94 (2020): e1-10.

²⁷ Jane Flint *et al.*, *Principles of virology. II: Pathogenesis and control* (Washington, DC: Wiley, 2020), 363-368.

²⁸ Las zoonosis son infecciones en seres humanos causadas por virus que tienen una relación estable con un huésped no humano.

²⁹ Se habla de una pandemia cuando una enfermedad se extiende a muchos países. La pandemia difiere de una epidemia porque esta última está menos extendida, aunque puede ocasionar un número elevado de casos si afecta a una gran cantidad de individuos.

³⁰ Louise H Taylor, Sophia M. Latham y Mark E. Woolhouse, “Risk factors for human disease emergence”, *Philos Trans R Soc Lond B Biol Sci* 356, núm. 1411 (2001): 983-9.

Los roedores transmiten numerosos virus a los seres humanos. Algunos ejemplos son los virus Lassa, Junín, Machupo y el virus sin nombre. Estos virus pasan a los seres humanos por contacto con las excreciones de animales infectados. La enfermedad que causan suele ser grave y producir la muerte, por lo que no se han diseminado ampliamente entre la población humana, aunque han causado brotes importantes como el del virus Lassa ocurrido en Sierra Leona en 1969, con la explotación de minas superficiales de diamantes y el crecimiento de pueblos contiguos,³¹ o el virus sin nombre de 1993 en Estados Unidos, cuando el aumento de la temperatura y las precipitaciones causadas por el Niño hicieron que la población de ratones se triplicara en 1992 y se multiplicara por 20 en 1993.³²

Los primates no humanos también pueden ser una fuente importante de virus zoonóticos. Entre los virus que se han identificado en diferentes especies de primates tenemos una gran cantidad de arbovirus.³³ El virus de la inmunodeficiencia humana se originó de un virus de inmunodeficiencia de simio, y una vez que se estableció en la población humana se diseminó por contacto sexual. Aunque oficialmente se detectó en 1981, la primera prueba positiva de VIH data de 1959, por lo que es probable que su introducción a la especie humana haya ocurrido entre 1915 y 1931. Al principio, es probable que el virus haya estado muy disperso en zonas rurales de África, hasta que algunos trabajadores migraron a las ciudades en búsqueda de mejores oportunidades de vida y llevaron el virus, que luego se diseminó a otros lugares del mundo. En Europa, el primer registro de un caso parecido al VIH es de Noruega en 1966. Para principios de la década de 1980 ya se había diseminado por varias regiones, principalmente de Europa y Estados Unidos.³⁴

³¹ Flint, *Principles of virology*, 370-371.

³² Dennehy, "Evolutionary ecology of virus emergence", 124-146.

³³ Virus que se transmiten por la picadura de un mosquito, como los que causan el dengue, el zika, la fiebre amarilla y el chikungunya. Gabriel Carrillo-Bilbao, Sarah Martín-Solano y Claude Saegerman, "Zoonotic blood-borne pathogens in non-human primates in the neotropical region: A systematic review", *Pathogens*, 10 (2021): 1009.

³⁴ Philip D Welsby, "A personal historical perspective of HIV", *Postgrad Med J* 1137 (2020): 408-411.

Los murciélagos son otros portadores de virus zoonóticos. Estos quirópteros suman más de 1230 especies y son hospederos de más de 200 virus de 28 familias diferentes, incluidos los coronavirus. Las diferentes especies de murciélagos están distribuidas en Europa, Asia y África, principalmente.³⁵ El hecho de que los murciélagos estén infectados con un virus con potencial zoonótico no es suficiente para que el virus llegue a los seres humanos. Es necesario que haya otra especie, llamada “reservorio”,³⁶ que es decisiva para que las proteínas virales evolucionen y se adapten a sus posibles receptores en seres humanos. Es probable que el SARS surgido en 2002 haya pasado a los seres humanos por contacto con civetas, las cuales fueron infectadas por el contacto con heces de murciélago. Otra posibilidad es que el virus haya pasado de las civetas a otros animales antes de los seres humanos o que las civetas se hayan infectado al mismo tiempo que los seres humanos, por los contactos entre diferentes especies en el mercado de Guangzhou y Shenzhen donde se originó el brote. El MERS es otro ejemplo de coronavirus que produjo un brote en seres humanos cuando el virus pasó de los murciélagos a los camellos, los que luego infectaron a los seres humanos. Otros coronavirus, como hcov-nl63 y hku1 (causantes de enfermedades respiratorias no graves en seres humanos) también provienen de murciélagos.³⁷

24

Se considera que el SARS-COV-2 pudo pasar de los murciélagos a los seres humanos mediante una infección previa del pangolín malayo (*Manis javanica*), aunque es posible que otras especies hayan sido reservorios del virus, como los felinos o algunos reptiles, como tortugas y serpientes. Estudios relacionados con el genoma del virus indican que es el resultado de mutaciones y recombinaciones del coronavirus más cercano (Bat-Cov-RaTG13), que se han sucedido a lo largo de 46 años.³⁸ Oficialmente, el virus apareció en Wuhan el 8 de diciembre del 2019; sin embargo, en algunos estudios se indica que es posible que el virus se encontrara

³⁵ Roger Frutos *et al.*, “Emergence of bat-related betacoronaviruses: Hazard and Risks”, *Front. Microbiol* 12: 591535 (2021).

³⁶ Huésped en el que usualmente vive el agente y por lo tanto es la fuente del patógeno. El reservorio permite que el patógeno sobreviva en la naturaleza entre epidemias.

³⁷ Jie Cui, Fang Li y Zheng-Li Shi, “Origin and evolution of pathogenic coronaviruses”, *Nat Reviews* 17 (2019): 181.

³⁸ Esteves-Reboredo, “Teorías del origen del SARS-COV-2”: e1-10.

circulando entre la población humana desde octubre de ese año. En el caso del SARS, en algunos estudios moleculares se señala que comenzó a circular entre cuatro y siete años antes de que fuera reconocido en 2003. También se han detectado anticuerpos específicos contra el MERS en muestras de sueros de camellos obtenidas en la década de 1980. Cabe suponer, pues, que estos virus circulaban en la naturaleza mucho tiempo antes de ser detectados. Una vez que se da un brote en una región densamente poblada y con gran movilidad, se facilita la propagación del virus y se declara virus emergente. Es posible que en el futuro surjan otros coronavirus con un comportamiento similar.³⁹

Factores que determinan la aparición de enfermedades emergentes

La aparición de una enfermedad no solo es determinada por factores biofísicos, sino también por las relaciones espaciales y sociales propias del entorno o el ecosistema. Los tres principales factores que favorecen la aparición y dispersión de nuevos virus son la movilización y el cambio demográfico (urbanización), la infraestructura y la gobernanza.⁴⁰ Estos factores propios de la actividad humana modifican aspectos del entorno, como el clima, la presencia o extinción de diferentes especies, la contaminación ambiental, etc.⁴¹ Nuestras actividades nos han llevado al encuentro con nuevos virus y además hemos favorecido su diseminación.

La expansión de los asentamientos humanos en tierras que eran parte de la selva tropical y los bosques húmedos propicia el encuentro con nuevas enfermedades infecciosas. Se calcula que desde 1980 hemos perdido más de 178 millones de hectáreas de bosque, principalmente en África y Sudamérica,⁴² lo que coincide con una mayor frecuencia en la aparición de diferentes virus.

³⁹ Roger Frutos *et al.*, “Emergence of bat-related betacoronaviruses: Hazard and risks”, 1-18.

⁴⁰ Creighton Conolly, Roger Kail y S. Harris Ali, “Extended urbanisation and the spatialities of infectious disease: Demographic change, infrastructure and governance”, *Urban Studies* 58, núm. 2 (2021): 245-263.

⁴¹ Daszak, “Anthropogenic environmental change and the emergence of infectious diseases in wildlife”, 103-116.

⁴² Calistri, Decaro y Lorusso, “SARS-COV-2 pandemic”, 433.

La densidad de los asentamientos urbanos también facilita la transmisión de enfermedades producidas por mosquitos. Esto puede deberse a un mayor volumen de los insectos⁴³ o bien a factores climáticos como el aumento de la temperatura. Virus como los que causan el zika, el dengue o el chikunguña atacan en particular los barrios pobres y atestados, ya que la transmisión de las enfermedades se favorece en lugares muy poblados, con condiciones sanitarias deficientes y falta de agua potable, entre otros factores.⁴⁴

En 2014 se presentó el mayor brote del virus del Ébola, no solo por un gran número de casos (28 331 casos y 11 310 muertes), sino también porque se extendió a diferentes países como Guinea, Sierra Leona, Estados Unidos y algunos europeos. Se considera que una de las causas de la gravedad de este brote es que se originó en una región urbana densamente poblada y con grandes movimientos de personas.⁴⁵ El aumento en la infraestructura carretera y la movilidad en África durante el brote de Ébola de 2014 también fue un factor decisivo para la transmisión del virus.

Se prevé que para 2050, más de dos terceras partes de la población mundial viva en 43 megaciudades, donde también se presentarán la mayor parte de las epidemias. El crecimiento demográfico también incrementa la demanda de insumos, principalmente alimentos. Las presiones por extender las tierras agrícolas redoblan la deforestación, lo que promueve la aparición de nuevos virus. Un ejemplo es el virus Nipah, en Malasia, que surgió por la producción de cerdos en zonas cercanas al hábitat natural de los murciélagos que sirven como reservorios de este patógeno.⁴⁶

Igualmente, la creciente facilidad de moverse por el planeta ha estimulado la dispersión de virus que en el pasado habrían quedado limitados a una pequeña región. El ejemplo más actual es la rápida expansión

⁴³ Antonios Kolimenakis *et al.*, “The role of urbanisation in the spread of aedes mosquitoes and the diseases they transmit—A systematic review”, *PLoS Negl Trop Dis* 15, núm. 9 (2021).

⁴⁴ Calistri, Decaro y Lorusso, “SARS-COV-2 pandemic”, 433.

⁴⁵ Elizabeth Ortega y Blanca Lilia Barrón, “Brote de ébola 2014 en África Occidental y sus riesgos para México”, *Investigación en discapacidad* 4, núm. 1 (2015): 9-15.

⁴⁶ Calistri, Decaro y Lorusso, “SARS-COV-2 pandemic”, 433.

del SARS-COV-2, debida a la movilidad de personas entre diferentes países de los cinco continentes. El virus SARS también viajó en vuelos internacionales. Está bien documentado el caso de un médico de Guangdong quien, después de haber tratado pacientes de SARS, se contagió y se hospedó en un hotel en Hong Kong el 21 de febrero del 2003. El médico tuvo contacto con al menos 12 huéspedes del hotel, que se infectaron y transmitieron el virus en Vietnam, Singapur, Taiwán y Canadá. En Toronto, el virus se diseminó rápidamente en los hospitales cuando aún no se conocía la enfermedad y produjo un gran número de casos.⁴⁷ Otro ejemplo son los virus que causan el zika y el chikunguña en América, como resultado de la gran afluencia de turistas asiáticos a encuentros deportivos celebrados en Brasil en 2014.⁴⁸

Como vimos, el movimiento de la población rural a las ciudades también favorece la dispersión de enfermedades. En general, las personas migran en condiciones poco favorables, se instalan en casas sin servicios adecuados y tienen un acceso limitado a la atención médica,⁴⁹ lo que dificulta la detección oportuna de enfermedades emergentes.

Control de los virus emergentes

No es posible evitar la aparición de virus emergentes, pero sí cabe tomar medidas para evitar que se dispersen entre la población humana y causen pandemias como la del SARS-COV-2. La mayoría de las enfermedades emergentes, principalmente de tipo zoonótico, producen brotes de pocos casos en seres humanos y desaparecen sin originar epidemias o pandemias a menos que se establezca un ciclo urbano de la enfermedad, lo que requiere forzosamente la intervención humana. Por lo anterior, es necesario preparar una “maquinaria administrativa para la prevención

⁴⁷ Moira Chang-Yeung y Rui-Heng Xu, “SARS: Epidemiology”, *Respirology*, núm. 8 (2003): S9-S14.

⁴⁸ Zaira A. Arellano-Anaya y Blanca L. Barrón, “Chikungunya y zika en América y México”, *Investigación en discapacidad*, núm. 6 (2017): 57-68.

⁴⁹ Michael Xiaoliang Tong *et al.*, “Infectious diseases, urbanization and climate change: Challenges in future China”, *International Journal of Environmental Research and Public Health* 12, núm. 9 (2015): 11 025-11 036.

de las enfermedades”, la cual pueda tomar las medidas necesarias para la detección y contención de virus emergentes.⁵⁰

Recientemente se ha acuñado el término “una salud”, para referirse a la interacción entre los seres humanos, los animales y el medio ambiente, y a los esfuerzos cooperativos y multidisciplinarios locales, nacionales y mundiales para conservar la salud de todos estos factores. La Organización Mundial de la Alimentación, la Organización Mundial de Sanidad Animal, la Organización Mundial de la Salud, el Fondo de las Naciones Unidas para la Infancia y el Sistema de las Naciones Unidas para la Gripe, entre otras organizaciones, han firmado acuerdos estratégicos para reducir los riesgos de enfermedades emergentes mediante el concepto “un mundo, una salud” y han señalado objetivos importantes, como emprender la vigilancia epidemiológica de los virus circulantes en la naturaleza antes de que se observen casos en seres humanos; acumular capacidad para prevenir, detectar y responder a brotes de enfermedades emergentes; promover la colaboración entre agencias y diferentes sectores; y llevar a cabo investigaciones estratégicas para la prevención de enfermedades emergentes.⁵¹

La pandemia actual por SARS-COV-2 muestra que falta mucho por hacer respecto de las enfermedades emergentes, ya que no contamos con la suficiente preparación para enfrentar problemas de salud pública de esta naturaleza. No se tiene la capacidad de detectar ni declarar los brotes de forma temprana ni hay coordinación internacional para tomar medidas eficaces que eviten su diseminación. Los esfuerzos para el control del covid-19 se centraron en encontrar estrategias de tratamiento y sintetizar vacunas, sin que se haya hecho mucho en el campo de la prevención.⁵² Es urgente idear estrategias de contención de brotes producidos por enfermedades emergentes. En China se ha establecido un sistema de vigilancia de enfermedades en tiempo real coordinado con el Centro Estadounidense de Control y Prevención de Enfermedades, y se ha destacado la importancia de invertir en mejorar el sistema de salud y capacitar al personal.⁵³

⁵⁰ Frutos *et al.*, “Emergence of bat-related betacoronaviruses”, 1-18.

⁵¹ Calistri *et al.*, “The components of ‘One World-One Health’ approach”, 4-13.

⁵² Frutos *et al.*, “Emergence of bat-related betacoronaviruses”, 1-18.

⁵³ Xiaoliang *et al.*, “Infectious diseases, urbanization and climate change”, 11 025-11 036.

Una de las principales tareas para el futuro cercano será establecer normas de salud animal y zoonosis, con el fin de detectar enfermedades que puedan afectar a los seres humanos. Se debe favorecer la investigación de las enfermedades zoonóticas e integrarla a los programas de control de enfermedades humanas para identificar factores de riesgo y mejorar las medidas de vigilancia epidemiológica.⁵⁴ Es importante también el análisis de los brotes anteriores para emprender acciones que prevengan enfermedades. El estudio comparativo de la propagación del SARS-COV-2 en la población humana y los brotes de SARS y MERS será fundamental para identificar los factores determinantes. El estudio de la evolución del SARS-COV-2 ayudará a identificar fuentes de transmisión que no se habían considerado y descartar las que no tienen muchos efectos. El análisis de las variantes virales también proporcionará información de mutaciones recurrentes, lo que servirá para pronosticar las cepas futuras (de forma similar a como se hace con el virus de la influenza para la producción de vacunas) y variantes que pudieran ser motivo de alarma por su virulencia o velocidad de transmisión.⁵⁵

A mediano y largo plazo es importante mejorar la planeación de las ciudades, los sistemas de salud y la calidad de vida de los pobladores, garantizar el suministro de agua potable, manejar los desechos y mantener los sistemas de drenaje.⁵⁶

Los costos de enfrentar una enfermedad emergente son muy altos, no solo en el sector salud, sino también por el trastorno de las actividades económicas y sociales. Por el gran impacto de las enfermedades nuevas, las acciones de mitigación y control no solo competen a los ministerios de salud, sino también a los de medio ambiente, agricultura y otros.⁵⁷ Si bien el surgimiento de virus en la naturaleza está fuera de nuestras manos, en cambio es posible modificar las actividades humanas que propician las pandemias de estos patógenos.

⁵⁴ *Ibid.*

⁵⁵ Lucy van Dorp *et al.*, “COVID-19, the first pandemic in the post-genomic era”, *Current Opinion in Virology* 50 (2021): 40-48.

⁵⁶ Xiaoliang *et al.*, “Infectious diseases, urbanization and climate change”, 11 025-11 036.

⁵⁷ William B Karesh *et al.*, “Ecology of zoonoses: natural and unnatural histories”, *Lancet* 380 (2012): 1936-45.

Se prohíbe su reproducción total o parcial por cualquier medio, incluido electrónico, sin permiso previo y por escrito de los editores.