

Los Coronavirus son altamente variables y capaces de cambiar de tropismo celular y hospederos.

Raúl H. Rosadio A.

Decano, Facultad de Medicina Veterinaria, UNMSM

rrosadioa@unmsm.edu.pe

Un novel Coronavirus (Covid-19) pone en riesgo a la salud humana. Esta nueva variante China, capaz de producir severas neumonías, es una estirpe que ha roto la barrera de la especie al pasar de animales silvestres, utilizando un posible hospedero intermedio (mamífero escamado el Pangolin), para infectar al hombre.

Las infecciones por virus genéticamente inestables como los CoV son altamente riesgosos por ser muy propensos a sufrir mutaciones pues los genomas ARN carecen de un sistema de corrección enzimático para detectar y eliminar potenciales errores en la replicación viral. Esta carencia origina las denominadas variantes genéticas que son productos de sustituciones, deleciones e inserciones en la hebra del ARN. Las existencias de variantes, pueden, igualmente producir las denominadas recombinaciones genéticas observadas al ingresar, simultáneamente, dos o más genomas a un mismo hospedero (célula) y generar nuevas estirpes que pueden incrementar sus habilidades patogénicas y aun cambiar de hospedero habitual (rompimiento de la barrera de la especie).

Los coronavirus pertenecen a un grupo muy extenso, con tremenda capacidad evolutiva capaces de infectar a varias especies de animales domésticos, salvajes y aún al humano. La mayoría de las infecciones son específicas del hospedero infectado, pero en las últimas décadas se han reportados infecciones zoonóticas originadas de animales silvestres al parecer directamente del murciélago (virus de síndrome agudo respiratorio, SARS CoV) o utilizando a un intermediario, como el dromedario, en la aparición del síndrome respiratorio del Oriente Medio (MERS CoV).

La gran inestabilidad genómica se expresa, al infectar a animales, la habilidad de utilizar diferentes tejidos para su reproducción y producir cuadros que involucran el tracto digestivo, respiratorio, renal y reproductivo. En humanos, distintas cepas altamente adaptadas ocasionan los conocidos resfríos comunes, pero han comenzado a reportarse infecciones por variantes de patogenicidad más agresiva tales como el CoV productor de síndromes respiratorios agudos conocidos como el SARS CoV, MERS CoV y recientemente el novel CoV.

Los CoVs producen infecciones y/o enfermedades en una vasta población de animales domésticos. Existen variedades de cepas productoras, generalmente, de problemas entéricos y neumónicos en perros, gatos, cerdos, vacas, alpacas y poblaciones avícolas, pero aún no hay reportes sobre presencia en animales silvestres. En el perro, se reportan dos tipos de CoV. Virus del grupo 1 desencadenan procesos diarreicos y los de grupo 2 capaces de producir infecciones del tracto respiratorio alto (traqueobronquitis) conocida como "Tos de las perreras". En cerdos, también se han identificado cepas productoras de la "gastroenteritis trasmisible porcina" (virus TGEV) con predilección por el tracto entérico. Una variante de este virus TGEV dio origen a estirpe con tropismo por

el tracto respiratorio (virus PCRV) mientras que la aparición de cepas, distintas al TGEV, desencadenan severos cuadros diarreicos como el virus de PEDV (diarrea epidémica porcino) y otro nuevo virus de distinto grupo el Delta CoV reportado como PDCoV. La industria porcina nacional tiene experiencia sobre las apariciones de estas variantes y además conoce el riesgo de posibles introducciones de nuevas variantes del PEDV, que circulan en ciertos países asiáticos y mayor agresividad patológica,

En aves, los CoV producen la “Bronquitis Infecciosa” una de las principales causas de pérdidas económicas de la industria avícola en el mundo. Los CoV causantes de esta enfermedad son distintas variantes patogénicas responsables de problemas respiratorios, renales y reproductivos. Las cepas tradicionales, Massachusetts, Connecticut y Arkansas son controladas, entre otras medidas, mediante vacunas homologas. Pero la industria vive constantemente amenazada por presencias de variantes como las “brasileras” que circulan en el atlántico sudamericano y la denominada cepa china Q1, sospechada, rondar en el Pacífico. Estas variantes genéticamente distintas, al infectar aves inmunológicamente desprotegidas ocasionarían enormes pérdidas. La industria, similarmente están en riesgo de introducciones de cepas más agresivas, como cepas QX, provenientes del continente asiático que desafiarían la estabilidad económica de la producción avícola en nuestro continente.

Las mutaciones genéticas en genes codificantes de estructuras virales y responsable de la primera unión del virus con su célula blanco explicarían la habilidad de ciertos virus, como los CoVs, cambiar de célula/tejido blanco (variar de tropismo tisular) o infectar a un hospedero distinto. Esto es observado en otras infecciones virales y al parecer muy particular de los CoVs y explicaría la similitud genómica detectada entre el virus del TGEV, coronavirus canino, el productor de la peritonitis infecciosa felina (FIPV) y el coronavirus humano (HCoV). Esta estrecha relación filogenética y antigénica detectada en tres genes estructurales en estos distintos CoV sugieren posibles mutaciones en el tiempo e implicaría a un posible común origen ancestral. La constante evolución viral buscando nuevos tejidos y/o hospederos son desafíos permanentes para los profesionales encargados de velar por la salud animal y salud pública y frente a los cuales deberemos estar preparados para implementar medidas de prevención y control.