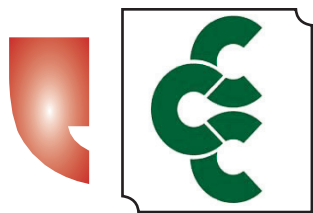


Gerardo Gamba*
 ■ Consejo Consultivo de Ciencias



* Miembro activo de los institutos Nacional de Ciencias Médicas, del de Nutrición Salvador Zubirán y de Investigaciones Biomédicas de la UNAM

Origen del SARS-CoV-2, causante de la pandemia

Las teorías de conspiración sobre el origen del SARS-CoV-2 se generan y diseminan con gran velocidad. Hace algunos días recibí un video de una hora de duración, disponible en Youtube, perfectamente bien hecho, en el que se presenta evidencia para suponer que el virus fue creado por el partido comunista de China. La premisa que da inicio al video es que el Partido Comunista Chino es “malvado”. **Los malvados son los que hicieron el video.** La pandemia que estamos viviendo de por sí ya tiene a la población llena de miedo y a esto agregarle que fue provocada intencionalmente hace que el miedo se convierta en terror.

La aparición del SARS-CoV-2 es el resultado de una mutación espontánea de un virus que ya existía, pero que no tenía la capacidad de infectar a los humanos. Con la mutación adquirió esa capacidad. Se ha analizado la comparación de secuencias del SARS-CoV-2 con los virus de la misma familia, Bat-RaTG13 que infecta murciélagos, el coronavirus que infecta al pangolín y el SARS-CoV de humanos y de murciélagos. Entre estos virus la similitud es mayor al 96%. Los cambios que ocurrieron en el SARS-CoV-2 se localizan en dos sitios claves, ambos localizados en alguna parte de la proteína conocida como espiga.

Uno de los cambios fue en la secuencia que permite al virus unirse con su receptor, que resulta ser una proteína de membrana que tenemos los humanos conocida como enzima convertidora de angiotensina 2 (ECA2) y que es parte del sistema renina angiotensina que tiene un papel importante en la regulación de la presión arterial. En este sitio hay seis aminoácidos que se conocen del SARS-CoV que son importantes para la unión del virus con la ACE2. Cinco de estos seis aminoácidos difieren entre el SARS-CoV y el SARS-CoV-2, lo que permitió al SARS-CoV-2 unirse con mucho más afinidad a la ACE2.



Sin embargo, los análisis computacionales que existen predicen que estos cambios no serían los ideales para unirse al receptor.

El otro cambio en SARS-CoV-2 es el de una inserción de cuatro aminoácidos entre la unión de las regiones S1 y S2 de la proteína espiga, a unos 200 aminoácidos de distancia del sitio de unión. Esta inserción generó un sitio de corte por una proteasa (enzimas que cortan proteínas). El corte en este sitio probablemente hace que, con el cambio de cinco aminoácidos del sitio de unión, se logre una conformación diferente que permite al virus unirse con mejor afinidad al receptor y quizá tenga que ver con la transmisibilidad.

Es imposible que alguien hubiera podido predecir que exactamente con cinco mutaciones puntuales en el sitio de unión, junto con la inserción de cuatro aminoácidos 200 residuos más adelante, se podría lograr que un virus de animales obtuviera la capacidad de infectar a los humanos, que fuera tan transmisible y que

La aparición del SARS-CoV-2 es el resultado de una mutación espontánea de un virus que ya existía, pero que no tenía la capacidad de infectar a los humanos

produjera la enfermedad tan grave que produce en el 5% de los infectados. Estas mutaciones, como ha sucedido a lo largo de millones de años, tuvieron que haber ocurrido en forma estocástica.

El virus RaTG13 del murciélago es 96% idéntico al SARS-CoV2, pero no tiene las mutaciones puntuales en el sitio de unión a la ACE2; el SARS-CoV-2 del pangolín sí tiene estas mutaciones. Nótese, sin embargo, que ninguno de los dos tiene la inserción que genera el sitio de corte entre las proteínas S1 y S2. **El pangolín es un animal salvaje que se trafica ilegalmente en China porque su carne se considera una exquisitez y las escamas se utilizan para hacer productos de la medicina tradicional. En octubre de 2019, el Centro de Rescate de Vida Salvaje de la provincia de Cantón en China informó de la muerte de dos pangolines con neumonía y del cual aislaron el SARS-CoV-2 que afecta a este animal.**

Lo que falta por saber es si la selección natural ocurrió en animales antes de la transmisión a humanos (zoonosis) o ya en el humano después de la transmisión. Esto tiene implicaciones importantes porque si las mutaciones ocurrieron antes de la transmisión al humano,

entonces el animal (quizá pangolines) podría seguir generando nuevos brotes. En cambio, si primero ocurrió la transmisión y ya en el humano ocurrieron las mutaciones que generaron la infectividad y transmisibilidad, entonces la probabilidad de que la zoonosis vuelva a ocurrir es muy baja.

Uno de los hechos más ciertos que tenemos en biología, por lo que reconocemos a Charles Darwin como el más importante científico de la historia, es que los fenómenos biológicos que ocurren en el planeta a través del tiempo, obedecen siempre a la teoría de la selección natural. Darwin propuso que las especies del planeta hemos evolucionado a lo largo de millones de años con base en la selección natural, que se refiere a la capacidad de adaptarse al medio. Si la adaptación es adecuada, la especie puede sobrevivir por más tiempo y por lo tanto, reproducirse y prevalecer. Si la adaptación es mala, con el tiempo la especie desaparece.

Ahora vemos claramente ambas caras de la moneda. Por un lado, **las mutaciones ocurridas en SARS-CoV-2 le permitieron al virus adaptarse mejor a un ambiente en el que antes no podía prevalecer (el humano). Es decir, una mutación que le dio una ventaja para adaptarse a un ambiente que ya existía.**

Por el otro lado, estamos viendo claramente que hay una variabilidad enorme en el efecto que causa en el humano. Desde quien cursa asintomático (aún no sabemos el porcentaje), quienes desarrollan un cuadro leve a moderado y se curan (80–90%) y quienes desarrollan un cuadro muy grave, del cual logran salir gracias a la terapia intensiva o desafortunadamente fallecen.

En este caso lo que cambió (para nosotros), es el medio ambiente y hay quienes tienen mejor o peor posibilidad de adaptación, seguramente por cuestiones genómicas que tenemos desde hace miles de años y que hasta hoy que apareció el SARS-CoV-2 se revelan.