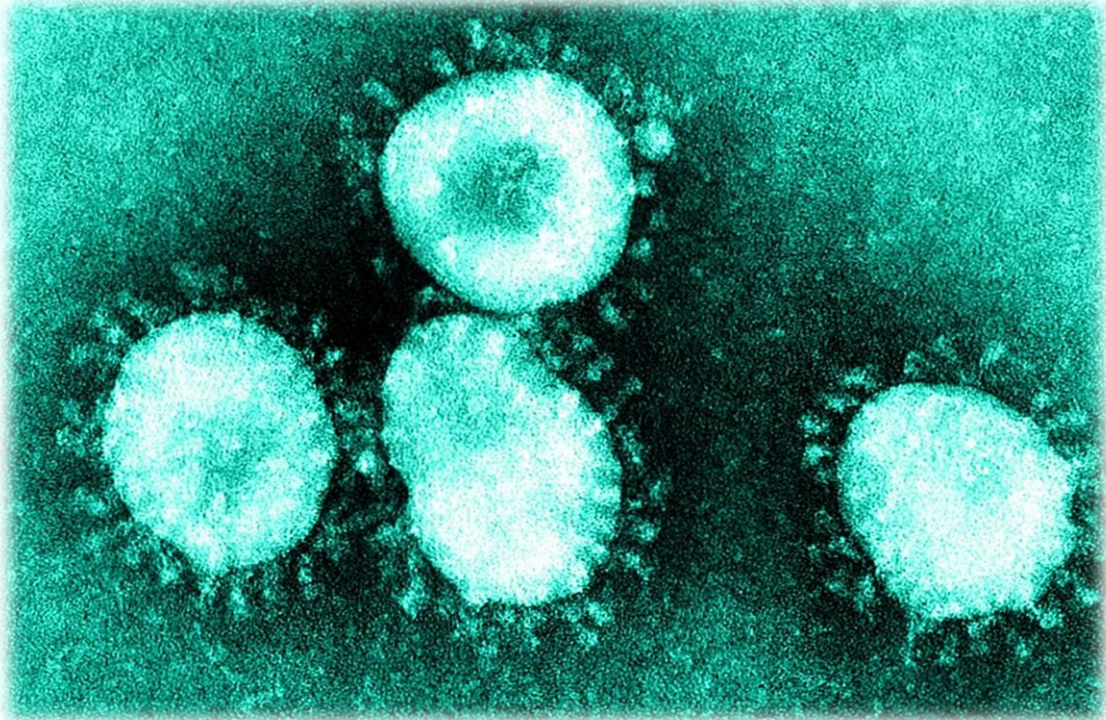


CORONAVIRUS DE MURCIÉLAGOS EN CHINA



Los coronavirus (abreviadamente: CoVs) pertenecen a la Familia *Coronaviridae*, Subfamilia *Orthocoronavirinae*, y Orden *Nidovirinae*. Su denominación [coronavirus] procede del aspecto (bajo ampliación del microscopio electrónico) de corona que le otorgan las glucoproteínas que sobresalen a modo de espigas o espinas.

El genoma de los coronavirus es +ssARN (esto es: una única (s, de single) hebra (s, de strand), enrollada en sentido positivo (+) (hacia la derecha) de ácido ribonucleico (ARN). Los coronavirus tienen el segundo genoma más largo de todos los virus-ARN. Los virus-ARN pertenecen al grupo IV de la [Clasificación de Baltimore](#). A diferencia del ADN-virus, los ARN-virus se duplican directamente en la célula infectada.

[Dos terceras partes del genoma](#) codifican dos proteínas de gran tamaño, designadas como ORF1a Y ORF1b, que se traducen en la enzima polimerasa vírica (RdRp); y otras cuatro proteínas denominadas estructurales: S (S*pike*), E (Envoltura), M (Membrana), y N (Nucleocápside). [El acrónimo ORF es Open ReadinFrame]. [El acrónimo RdRp es RNA-dependent-RNA-polymerase]. Esas dos terceras partes del genoma contienen también la información para la síntesis de otras proteínas, a que se catalogan como «accesorias». Mientras las proteínas ORF1a, ORF1b y las cuatro proteínas estructurales (S, E, M, N) se mantienen invariantes entre las distintas especies de coronavirus, la longitud del genoma vírico es en gran medida función del número y tamaño de las proteínas «accesorias» que codifican. La presencia de estas proteínas «accesorias» parece ser fundamental para la adaptación del virus a hospedadores específicos. La taxonomía de los coronavirus es extraordinariamente compleja, debido a la recombinación, inserción y delección génica que da lugar a nuevas especies.

Según la [International Committee of Taxonomy of Viruses](#) (ICTV) existen cuatro géneros: α , β , δ , γ , que engloban a 38 especies encuadradas en la Subfamilia [*Orthocoronavirinae*]. El número de especies continuará aumentando, dado que existe un sinnúmero de especies que todavía no se han clasificado. Los géneros α y β infectan preferentemente a mamíferos; y los géneros δ y γ son infectivos para las aves.

Desde el año 2002 tres β -coronavirus altamente patógenos han causado dos epidemias ([SARS-Covid-1](#), [MERS-Covid](#)) y una pandemia ([SARS-Covid-2](#)) todavía en curso (mayo 2020). Los tres brotes se han originado en distintas áreas de la República Popular China; y las tres se expandieron desde su foco originario: SARS-Covid-1 afectó en 2002-2003 a algo más de 8.000 personas, con una mortalidad del 10%; [MERS-Covid](#) (desde 2013) afectó a 27 países con 2.249 casos confirmados microbiológicamente, y una mortandad del 35% aproximadamente. [Probablemente la mortalidad fuese inferior, dado que solo se contabilizaron los casos confirmados en laboratorio]. MERS-Covid afectó de preferencia a Arabia Saudí, sobre todo a los cuidadores y criadores de camellos. El hombre se contagió de los camellos, y éstos animales contrajeron el virus por mordeduras de murciélagos en los oasis. De hecho los primeros casos se produjeron en el oasis de *Al Hassa*, el mayor del mundo, próximo al Golfo Pérsico. Los brotes de SARS-Covid-1 (2002-2003) de expansión limitada, y de MERS-Covid compartían el hecho de ser neumonías atípicas graves (muy graves en el caso del MERS-Covid), pero también se observaban algunas diferencias significativas: la sintomatología gastrointestinal y el fallo renal en el caso del MERS (*Middle East Respiratory Syndrome*). Al parecer, el MERS-Covid tenía afinidad por un receptor (DPP4, de Dipeptidil-Peptidasa-4), muy abundante en el tracto gastrointestinal y en el tejido renal, además del tracto respiratorio inferior.

El SARS-Covid-2 (responsable de la actual pandemia) se parece más al SARS-Covid-1 de 2002, si bien ha adquirido la *habilidad* de transmitirse directamente entre humanos por vía respiratoria y fómites, hecho que ha dado lugar a su expansión pandémica.

Otros coronavirus (α -CoVid-229, α -Covid-NL63 y HKU1) son responsables de cuadros clínicos respiratorios leves a moderados, más parecidos a resfriados comunes. Prácticamente toda la Humanidad se ha contagiado por alguno, o varios, de estos virus a

lo largo de sus vidas. Estas infecciones respiratorias, generalmente leves, tienen su época álgida durante el otoño e invierno.

Los coronavirus también han causado epidemias entre animales domésticos y salvajes. Desde 2017 el SADS-Covid causó la muerte en China de más de 20.000 lechones. El α -coronavirus designado PEDV (Porcine Epidemic Diaorrhoea Viruses), el δ -coronavirus TGEV (Transmissible Gastroenteritis Epidemic Viruses) junto con el antes mencionado SADS (Severe Acute Diaorrhoea Syndrome) causaron un gravísimo trastorno a la industria porcina en China; e, incidentalmente, a la industria farmacéutica internacional, ya que la mayoría de la heparina (medicamento anticoagulante) se obtiene a partir de la producción porcina en la República Popular China.

También el mercado aviar mundial sufrió graves pérdidas económicas debido a un γ -coronavirus (IBV, de [Aviar] Infectious Bronchitis Viruses).

Otros coronavirus también han desencadenado elevada mortandad entre los visones (MCov, M por *mink*, visón en inglés) y las ballenas (BWCov-SW1).

RELACIÓN ENTRE CORONAVIRUS Y MURCIÉLAGOS

Los murciélagos son un Orden zoológico muy amplio, la quinta parte de todos los mamíferos existentes. Tienen vidas muy prolongadas en relación a su tamaño. Por ejemplo el murciélago de Siberia puede vivir más de 40 años. Son los únicos mamíferos voladores, agrupándose en grandes comunidades, de las que cambian con frecuencia. Además se hallan en todos los continentes, excepto la Antártida. Todas estas características, y probablemente otras no conocidas, los convierten en reservorios de múltiples virus.

Desde un punto de vista zoológico pertenecen al Orden *Chiropterae* (quirópteros), con dos Subórdenes: *Yinpterochiropterae* y *Yangochiropterae*. El Suborden

Yinpterochiropterae tiene a su vez dos Familias: *Pteropodidae* (mega-murciélagos) y *Rhinolophoidea* (micro-murciélagos). El segundo Suborden (*Yangochiropterae*) se clasifica en trece Familias.

El hecho de ser mamíferos voladores ejerce una presión de selección favorable a su coexistencia con numerosos virus, mientras su capacidad migratoria (muy superior a la de otros mamíferos) los vincula con muy graves enfermedades humanas, dado que comparten hábitats. No solo los coronavirus patógenos antes mencionados son transportados por murciélagos. Otros virus incluyen: los *lisavirus* (causante de la [rabia](#), también mortal para los propios quirópteros), *henipavirus* (virus [Nipah](#) y [Hendra](#)) y *filovirus* (a los que pertenecen los virus *Marburg*, [ébola](#), y *Mengla*).

En la epidemia del SARS-Covid-1 (2002-2003) se descubrió que la versión más grave de la enfermedad se asociaba con la interacción del virus con el receptor ACE (Angiotensin Convertasee Enzyme) presente en las células del epitelio pulmonar inferior. Esto mismo está sucediendo con el actual (2020) virus pandémico SARS-Covid-2.

Los murciélagos son portadores de 10 de 17 especies del género α ; y de 7 de 12 especies del género β , los dos géneros que infectan a los humanos.

¿Por qué todos los brotes (hasta ahora) surgen en China?

China es el tercer país más extenso del mundo, pero el más poblado. Tiene una enorme diversidad bioclimática. Además, en la clasificación taxonómica de los coronavirus 22 de las 38 especies conocidas han sido catalogadas por científicos chinos. Otros aspectos importantes es que en el ámbito rural, todavía muy empobrecido, los animales domésticos prácticamente *conviven* con los humanos aumentando el riesgo de contagio directo epizoótico (animal → hombre). Existe un último aspecto *cultural*: en la tradición culinaria china se considera que el valor nutritivo de la

carne, pescado y marisco aumenta si transcurre poco tiempo entre la matanza o captura y el consumo.

La relación entre coronavirus y murciélagos es de enorme trascendencia, no solo por la pandemia actual, sino porque es prioritario anticiparse a otros virus, actuales o todavía no surgidos, con capacidad para desencadenar pandemias. A tal fin, es fundamental el estudio de la homología genómica entre los coronavirus infecciosos conocidos y aquellos que circulan libremente en el mundo animal, y son potencialmente epizoóticos.

Zaragoza, a 5 de mayo de 2020

Dr. José Manuel López Tricas
Farmacéutico especialista Farmacia Hospitalaria
Farmacia Las Fuentes
Florentino Ballesteros, 11-13
50002 Zaragoza