

VIRUSFERA



En enero (2020) los virólogos chinos aislaron el virus que causaba una [neumonía atípica de rápida propagación en la metrópoli de Wuhan](#), provincia de Hubei. El nombre de la enorme ciudad (más de 11 millones de habitantes) ha entrado en la Historia. A principios de marzo, el virus fue bautizado: [SARS-CoV-2](#), y apodado Covid-19 (Coronavirus 2019, ya que los primeros casos de esta neumonía atípica se notificaron a finales del año 2019).

El mundo de los virus es tan inmenso que a veces se le describe como *virusfera*. Hasta hoy en día, se tiene certeza de la existencia de cientos de miles, tal vez millones de virus distintos, la mayoría todavía innominados; probablemente hay muchos más, tal vez billones, esperando ser descubiertos.

Los primeros virus se identificaron a finales del siglo XIX, descubriéndose su implicación en diversas infecciones, algunas muy graves, desde la [rabia](#) a la [poliomielitis](#). Los virus [sólo pueden vivir en el interior de células](#). Ello complicó y retrasó su aislamiento y cultivo *in vitro*. Conforme

se profundizaba en su investigación se descubrían insospechadas sutilezas biológicas.

Tras décadas de arduo trabajo, el International [Committee on the Taxonomy of Viruses](#) ha oficializado la existencia de 6.828 especies de virus. La cifra puede parecer elevada, pero compárese con las 380.000 especies de escarabajos identificadas por los entomólogos.

La búsqueda de nuevos virus se ha sofisticado; ahora se escudriñan fragmentos de material genético (ADN o ARN) en muestras (agua, barro, ceno, sangre) y, mediante sofisticados programas informáticos se establece si se trata de genes virales.

[Matthew Sullivan](#), virólogo de la universidad de Ohio, Estados Unidos, a la manera de los grandes exploradores de los siglos XV y XVI, recorrieron los mares del mundo [recogiendo muestras para su análisis](#) en busca de material genético viral. Algunas muestras pertenecían a virus conocidos; otros muchos eran *nuevos*. En este viaje por los océanos del mundo, realizado en el año 2016, el equipo de *Matthew Sullivan* identificó alrededor de 15.000 nuevas especies de virus.

Al finalizar su viaje oceánico pensaron que sería difícil hallar nuevas especies víricas. Muy alejados de la realidad, la mejora de la tecnología llevó a que el [número de especies víricas identificadas en el año 2019](#) superase las doscientas mil.

Existe el convencimiento de que incluso esta cifra, 200.000, es exigua para el verdadero número de virus existentes. Probablemente no se llegue a conocer jamás, de igual manera que no podemos imaginar el número de estrellas existentes en el universo, suponiendo que sea finito.

Sin embargo, la descripción formal de un nuevo virus es una tarea meticulosa e inevitablemente lenta. Cuando se descubrió el virus causante de la neumonía (hoy pandemia) de Wuhan, el [SARS-Covid-19](#), se halló que tenía una forma aproximadamente esférica, de la que sobresalían una suerte de *espinas* (glucoproteínas) de la *cápside* vírica. Ello hizo posible encuadrar este virus en la familia taxonómica de coronavirus a la pertenecen otras 38 especies conocidas. De éstas, 6

infectan al hombre, cuatro dando lugar a infecciones de las vías respiratorias altas (HCov 229E, NL63, OC43 y HKU1) (los habituales resfriados). y tres causando infecciones de las vías respiratorias bajas con probable complicación neumónica (SARS-Covid-1, MERS-Covid, y la actual SARS-Covid-2).

El siguiente objetivo fue aislar los genes del virus. Ello permitiría conocer la estructura de las glucoproteínas que sobresalen de su núcleo esferoide. El actual virus pandémico es similar al que dio origen al brote de [SARS del año 2002](#), que infectó a unas 8.000 personas en 26 países con una mortalidad aproximada del 10%. Por esta razón, al virus que desencadenó la epidemia de 2002 se le designó como SARS-Covid-1, mientras el actual que se inició en Wuhan en diciembre de 2019 se denomina SARS-Covid-2 (o: Covid-19). La gran diferencia entre ellos es la facilidad de contagio del actual SARS-Covid-2.

A pesar de la enorme variedad vírica, apenas 250 especies infectan a los humanos, una fracción verdaderamente insignificante de toda la *virusfera*.

Los virus infectan (casi siempre de forma inocua) a todos los seres vivos, desde los modestos procariotas (células sin núcleo definido) a todos los seres eucariotas (con núcleo verdadero, como se infiere de su etimología), desde los unicelulares hasta los animales y plantas más complejos.

La diversidad es tan grande que resulta abrumadora. En una publicación ([Microbiology and Molecular Biology Review](#)) del 4 de marzo (2020) se menciona que, como mínimo, 100 millones de especies víricas infectan a los organismos procariotas. Algunos investigadores estiman inconsistente esta cifra aproximada; probablemente existan millones de procariotas hoy ignorados; y (¿?) billones de virus que los infecten o convivan con ellas. En verdad, el mundo de lo visible es un minúsculo atisbo del submundo de lo invisible al ojo humano.

La ciencia sólo puede aspirar a descubrir patrones generales de la inabordable complejidad vírica.

La zoología y la botánica usan el sistema de clasificación establecido por el sueco [Carl von Linné](#) en la década de 1700. Una vez que se clasifica, una especie permanece inamovible, al menos en nuestra escala temporal, no en el *calendario evolutivo*. Sin embargo, los virus intercambian genes con rapidez y facilidad, y, por esta razón, es arriesgado encuadrarlos a un taxón determinado. La línea entre distintas especies de virus es difusa.

Incluso existen virus «sin sentido». Un ejemplo es un nuevo virus aislado de las aguas de un lago. Se le denominó [Yaravirus](#). De los 74 genes que constituían su genoma, 68 no se han encontrado en ningún otro virus. Para los virólogos, este hallazgo no tiene explicación.

Al objeto de soslayar el problema taxonómico, se ha desarrollado la *mega-taxonomía*, una forma particular de clasificar la inmensa variedad vírica. Se fundamenta en ordenar los distintos virus según el número de genes diferenciales que porten, y en la *propensión* a intercambiarlos.

Este sistema de *mega-taxonomía* se ha mostrado más lógico de lo que sus autores pensaron cuando se les ocurrió. No obstante, continúan existiendo virus inclasificables, especies *outsider* incluso para la *mega-taxonomía*. Tal fue el caso del *Yaravirus* comentado en párrafos previos.

En cualquier caso, la *virusfera* (el conjunto de todos los virus existentes, conocidos muchos, ignorados muchos más) es un rompecabezas, un inmenso desafío intelectual. Tres coronavirus infecciosos han surgido en las dos primeras décadas del presente siglo. El último, por ahora, mantiene confinada a casi una tercera parte de la Humanidad y amenaza con desbaratar las estructuras sociales, políticas y económicas del mundo actual. Los microbios, en sus distintas formas (bacterias *multirresistentes*, hongos, virus y priones) parecen resurgir de un cierto letargo para convertirse en amenazas impresionantes para nuestro *modus vivendi*.

Zaragoza, a 27 de marzo de 2020

Dr. José Manuel López Tricas

Farmacéutico especialista Farmacia Hospitalaria

Farmacia Las Fuentes

Florentino Ballesteros, 11-13
50002 Zaragoza