



CARTA AL EDITOR

Orígenes del SARS-CoV-2: navegando en los genes

Origins of SARS-CoV-2: navigating in genes

Sebastián Iglesias-Osores¹  

¹Universidad Nacional “Pedro Ruiz Gallo”. Facultad de Ciencias Biológicas. Lambayeque, Perú.

Cómo citar este artículo

Iglesias-Osores S. Orígenes del SARS-CoV-2: navegando en los genes. Rev haban cienc méd [Internet]. 2020 [citado]; 19(Supl.): e3311. Disponible en: <http://www.revhabanera.sld.cu/index.php/rhab/article/view/3311>

Recibido: 17 de abril de 2020.

Aprobado: 24 de abril de 2020.

Estimado Editor:

He leído con atención un artículo publicado recientemente en su revista, titulado “Características clínico-epidemiológicas de la COVID-19”,⁽¹⁾ donde se evidencia que la actual pandemia causada por el SARS-Cov-2 está asociada a una alta morbilidad y mortalidad en los pacientes con enfermedades crónicas y ancianos;^(2,3) es este un Coronavirus que durante décadas ha mutado y generado brotes en los humanos.⁽³⁾

Por la prontitud de la declaratoria de la pandemia, sus orígenes se han visto envueltos en el foco de atención, es por esto que quiero referirme a las investigaciones que existen al respecto.

Todos los coronavirus comparten la misma ascendencia evolutiva, el nuevo Coronavirus está emparentado con los betacoronavirus y dentro del linaje Sarbecovirus, específicamente con los que infectan murciélagos.⁽⁴⁾ Otros estudios



indican que posiblemente se debe a una mutación del Coronavirus que infecta pangolines⁽¹⁾ y serpientes⁽⁵⁾. Los análisis filogenéticos muestran una recombinación de Coronavirus de murciélago que comparte el sitio ORF1b.⁽⁵⁾ Hasta la fecha, el pariente más cercano descrito al nuevo coronavirus nCoV-2019 en un huésped no humano es un murciélago SARSr-CoV, llamado RaTG13 (Genbank MN996532,⁽⁴⁾ muestreado de un murciélago *Rhinolophus*

affinis, en la provincia de Yunnan, en 2013. (Figura).

Estos virus tienen una velocidad de mutación muy rápida, la recombinación puede ocurrir dentro de la glicoproteína *Spike* viral, que reconoce un receptor de la superficie celular.⁽⁵⁾ Se debe tener en vigilancia epidemiológica a los coronavirus, ya que muy pronto puede existir un nuevo brote que se pueda convertir en pandemia. Aún faltan más estudios para dilucidar con exactitud los orígenes del SARS-CoV-2.

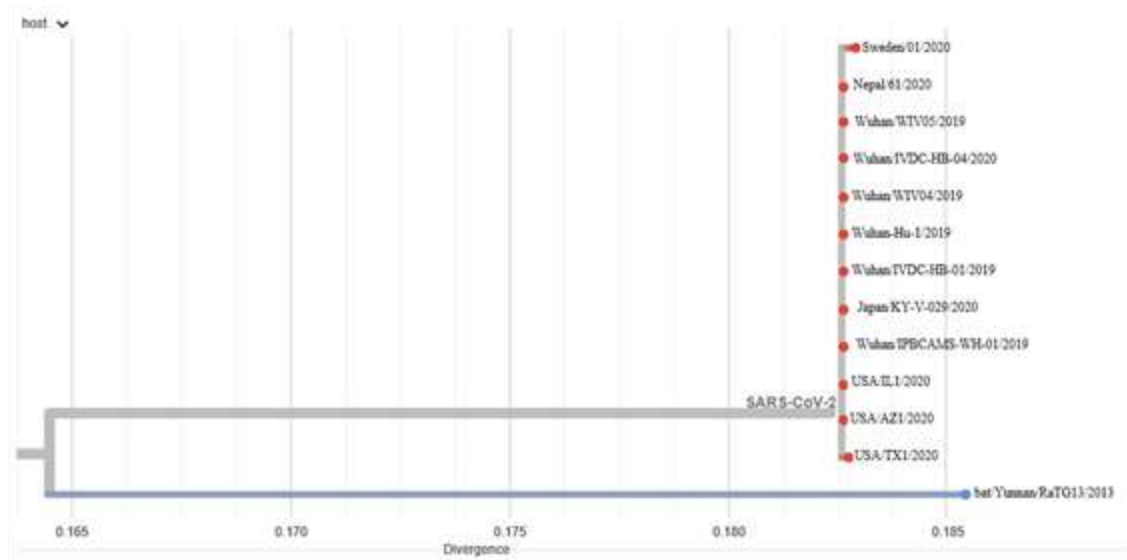


Figura. Vista del clado filogenético de betacoronavirus emparentado de diferentes huéspedes. Adaptado de Nextstrain. 2020.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

1. Pérez Abreu MR, Gómez Tejada JJ, Dieguez Guach RA. Características clínico-epidemiológicas de la COVID-19. Rev Habanera Ciencias Médicas [Internet]. 2020 [Citado 24/05/2020];19(2):1-15. Disponible en: <https://www.revhabanera.sld.cu/index.php/rhab/article/view/3254/2505>

2. Zhang T, Wu Q, Zhang Z. Probable Pangolin Origin

of SARS-CoV-2 Associated with the COVID-19 Outbreak. Curr Biol. 2020;30(7):1346-51.

3. Fehr AR, Perlman S. Coronaviruses: An overview of their replication and pathogenesis. En: Coronaviruses: Methods and Protocols [Internet]. New york: Springer Science Business; 2015.p.1-23. [Citado 24/05/2020]. Disponible en:



https://www.researchgate.net/publication/272836086_Coronaviruses_An_Overview_of_Their_Replication_and_Pathogenesis

4. Zhou P, Yang XL, Wang XG, Hu B, Zhang L, Zhang W, et al. A pneumonia outbreak associated with a new coronavirus of probable bat origin. *Nature*. 2020;579(7798):270-3.

5. Ji W, Wang W, Zhao X, Zai J, Li X. Cross-species transmission of the newly identified coronavirus 2019-nCoV. *J Med Virol* [Internet]. 2020 [Citado 16/05/2020];92(4):433-40. Disponible en: <http://www.onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.1002/jmv.25682>

Conflicto de intereses

El autor declara no tener ningún conflicto de intereses.

