



Carta al editor:

Las zoonosis emergentes y la infección provocada por el SARS-CoV-2

The emerging zoonotic diseases and infection caused by SARS-CoV-2



¹Dr. Gerardo Rivera Silva

Universidad de Monterrey, Nuevo León, México

<https://orcid.org/0000-0003-2587-5914>

²Est. Oscar León Osornio

Universidad de Monterrey, Nuevo León, México, México

<https://orcid.org/0000-0002-8313-7891>

Recibido
23/12/2020

Corregido
10/01/2021

Aceptado
07/02/2021

RESUMEN

La salud cada día está más correlacionada con el vínculo hombre-animal. La pandemia actual de COVID-19, al parecer es una zoonosis emergente, que tiene como pendiente el de precisar su fuente animal primaria. Por lo que se debe considerar que, para tener un control integral de la misma, se debería enfocar no solo en la intervención en humanos, sino también en los animales y en el medio donde se desenvuelven. Por lo que se requiere de una interacción más estrecha y vinculante entre la medicina humana y la veterinaria para evitar la aparición de nuevas pandemias propiciadas por zoonosis.

PALABRAS CLAVE: Zoonosis; COVID-19; coronavirus.

ABSTRACT

Health is increasingly linked to the human-animal interrelation. The current COVID-19 pandemic as an apparent emerging zoonosis, because is pending to determine its primary animal source. Therefore, we should be considered that, in order to have a comprehensive control of it, we should focus not only on the intervention in humans, but also in animals and in the environment where they develop. Consequently, a closer and more binding interaction between human and veterinary medicine is required to avoid the beginning of new pandemics caused by zoonoses.

KEY WORDS: Zoonoses; COVID-19; coronavirus.

¹Departamento de Ciencias Básicas, Escuela de Medicina, Universidad de Monterrey, San Pedro Garza García, N.L., México, correo: gerardo.rivera@udem.edu

²Estudiante de Medicina Humana, Universidad de Monterrey, San Pedro Garza García N.L., México. Correo: oscar.leono@udem.edu



Señor editor, la pandemia humana de COVID-19, actualmente incesante, tuvo su iniciación en un mercado en Wuhan China en 2019 y; (1) sin embargo, varias de sus particularidades son incógnitas, como: ¿Fue un murciélago o el pangolín u otro animal de donde emergió el SARS-Cov-2?, ¿Qué rol tuvo el mercado de animales de esa ciudad china?

La familia Coronaviridae comprende 2 subfamilias, la Letovirinae y la Orthocoronavirinae, esta última comprende 4 géneros (Alpha, Beta, Delta y Gammacoronavirus), 23 subgéneros y 37 especies (coronavirus). Que se caracterizan por su extraordinaria plasticidad genómica debido a las mutaciones puntuales que presentan, en virtud del tamaño de su genoma (26 a 32 kb, el más grande de los virus ARN, que se corresponde a 15000-20000 nucleótidos); (2) y a su gran capacidad de adaptación, lo que le facilita de pasar de una especie animal a otra. Además, si se agregan rutas favorables para su propagación para salvaguardar su número reproductivo básico (R_0), es suficiente para su preservación y disseminación explosiva (3). Por siglos, estos coronavirus han traspasado la barrera entre especies, y algunos han emergido como patógenos humanos, entre ellos tenemos a HCoV-229E, HCoV-HKU1, HCoV-OC43, y HCoV-NL63 (causan resfriado o diarrea); mientras SARS-CoV, MERS-CoV y el SARS-CoV-2, producen infección grave de vías respiratorias inferiores con dificultad respiratoria severa, y manifestaciones extrapulmonares (4).

En los animales domésticos que son reservorios de estos virus, suelen producir enfermedades respiratorias (gallinas) y/o intestinales (perros, gatos, bovinos,

caballos, cerdos, gallinas, pavos, gallina de guinea, llamas, entre otros), dichos padecimientos pueden ser leves o particularmente graves, ya que pueden afectar otros órganos como el hígado, miocardio o sistema nervioso; empero, también suelen verse afectados animales salvajes (murciélagos, ciervos, antílopes, jirafas, belugas, roedores, visones, entre otros). Sobre el origen del virus SARS-CoV-2, se considera, aunque no está bien determinado, que es debido a la selección natural a partir de las diversas especies virales del género Betacoronavirus, vinculados a la cadena alimentaria. Existen virus de este género que son muy parecidos al SARS-CoV-2, como el virus SARS-CoV-1 originario de murciélagos y que se transmitió a través de la civeta al ser humano, (5) y el BatCoV RaTG13 identificado en murciélagos de la especie *Rhinolophus affinis* y en pangolines *Manis javanica* (6). Ahora falta por determinar como fue el salto del virus causante de COVID-19 de un “huésped animal” hacia al humano (7). El mercado de la ciudad de Wuhan, al parecer fue un punto relevante para la propagación del SARS-CoV2, debido a la alta exposición e interacción que se presentaba entre animales domésticos y salvajes; además, de que estos animales son consumidos, y en algunos casos sin cocimiento adecuado de su carne.

En la actualidad se ha iniciado el proceso de vacunación humana contra la infección del SARS-Cov-2; empero, surge una interrogante: ¿Y cómo se va a actuar con los animales domésticos y/o los animales salvajes, que son reservorio de esta familia de virus, y favorecedores de mutaciones puntuales de estos tipos de virus? Por lo antes mencionado surge el interés genuino de una medicina integrada, entre la

veterinaria y la de humanos, para el mejor control de las zoonosis, ya que se podrían

generar nuevas pandemias en un futuro próximo.

REFERENCIAS

1. Chan JF, Kok KH, Zhu Z, Chu H, To KK, Yuan S, et al. Genomic characterization of the 2019 novel human-pathogenic coronavirus isolated from a patient with atypical pneumonia after visiting Wuhan. *Emerg Microbes Infect.* 2020;9:221-236. <https://doi.org/10.1080/22221751.2020.1719902>
2. Siddell SG, Anderson R, Cavanagh D, Fujiwara K, Klenk HD, Macnaughton MR, et al. Coronaviridae. *Intervirology.* 1984;20(4):181-189. <https://doi.org/10.1159/000149390>
3. Kucharski AJ, Russell TW, Diamond C, Liu Y, Edmunds J, Funk S, et al. Early dynamics of trans-mission and control of COVID-19: a mathematical modelling study. *Lancet Infect Dis.* 2020;20(5):553-558. <https://doi.org/10.3390/v9110346>
4. Cui J, Fang L, Zheng-Li S. Origin and evolution of pathogenic coronaviruses. *Nat Rev Microbiol.* 2019;17(3):181-192. <https://doi.org/10.1038/s41579-018-0118-9>
5. Ksiazek TG, Erdman D, Goldsmith CS, Zaki SR, Peret T, Emery S, et al. A novel coronavirus associated with severe acute respiratory syndrome. *N Engl J Med* 2003. 348:1953-1966. <https://doi.org/10.1056/NEJMoa030781>
6. Zhang T, Qunfu W, Zhigang Z. Probable pangolin origin of SARS-CoV-2 associated with the COVID-19 Outbreak. *Current Biology.* 2020;30(7):1346-1351. <https://doi.org/10.1016/j.cub.2020.03.022>
7. Ye ZW, Yuan S, Yuen KS, Fung SY, Chan CP, Jin DY. Zoonotic origins of human coronaviruses. *Int J Biol Sci.* 2020;16(10):1686-1697. <https://doi.org/10.7150/ijbs.45472>