

Nuevo CORONAVIRUS

La epidemia

Por Miguel Ángel Cevallos

En diciembre pasado surgió en China un nuevo virus que tiene en alerta a las autoridades de salud del mundo entero. ¿Cómo debemos protegernos si llega a presentarse en nuestro país?

En diciembre de 2019 el Dr. Li Wenliang, del Hospital Central de la ciudad de Wuhan, en la provincia de Hubei, China, advirtió en redes sociales a sus colegas sobre siete pacientes que presentaban una neumonía atípica parecida al síndrome respiratorio agudo grave (SARS, por sus siglas en inglés). Este síndrome causó la muerte de casi 800 personas en el mundo en 2003, en un brote epidémico que surgió en China. La policía obligó a callar al Dr. Wenliang y con ello perdimos la oportunidad de segar en sus inicios la epidemia que ahora nos preocupa.

La situación se agudizó muy pronto y el 12 de diciembre la

Imágenes: G.R.C.CV/fotos: Shutterstock



comisión de salud municipal de la ciudad de Wuhan reportó 27 casos de una neumonía viral poco común; siete de ellos eran de pacientes gravemente enfermos. Lo que llamó la atención de las autoridades fue que la mayor parte de los pacientes había estado en el mismo mercado de pescados y mariscos de Wuhan, donde además se pueden adquirir vivas toda suerte de criaturas que son parte esencial de esa región: insectos, murciélagos, erizos, serpientes, marmotas, ratas de campo y otros animales que se cazan de manera furtiva y se venden ilegalmente.

Al inicio se pensó que la epidemia tuvo su origen en dicho mercado, ya que muchas enfermedades virales surgen del contacto entre animales y humanos (zoonosis). Sin embargo, dado que no todos los pacientes infectados habían estado ahí, cabe la posibilidad de que la epidemia surgiera en otro sitio. Ahora se piensa que lo más probable es que una persona infectada visitara el mercado y contagiara a varios de los clientes. De todas formas el mercado fue cerrado el 1° de enero.

Percibiendo que las cosas se tornarían más serias, el gobierno de China informó de la situación a la oficina local de la Organización Mundial de la Salud (OMS) el 31 de diciembre. Y tenía razón: para el 3 de enero de este año, ya se habían acumulado 17 casos nuevos, dos días des-

pués los enfermos sumaban 59 y para el 16 de febrero se habían confirmado 51 857 enfermos y 1 669 decesos. De ellos, solo 683 casos y tres decesos no son de China. Muy pronto se descubrió que el nuevo virus es capaz de transmitirse persona a persona, pero lo hace menos ágilmente que el SARS y a pesar del enorme número de infectados la enfermedad no es tan letal. Aunque las cifras no son claras todavía, se estima que mueren alrededor del 2% de quienes se infectan. El 31 de enero, la OMS decretó a esta epidemia como una emergencia internacional.

Virus desenmascarado

Ante la gravedad de la situación, los investigadores chinos hicieron todo lo que estaba en sus manos para identificar al agente patógeno. En los primeros días de enero no sólo pudieron aislarlo, cultivarlo e identificarlo, también lograron descifrar su genoma. Las evidencias no dejaron la menor duda de que el responsable de la epidemia es un nuevo coronavirus; de acuerdo con la OMS, los coronavirus son una gran familia de virus causantes de enfermedades que van desde el resfriado común hasta otras más graves como el SARS. Son virus zoonóticos, esto es, que se transmiten entre animales y seres humanos. El nuevo coronavirus se denomina 2019-nCoV y la enfermedad que causa lleva por nombre COVID-2019 (siglas de *Coronavirus Disease* y año en que surgió).

El pasado 5 de enero, algunos investigadores del Centro Clínico de Salud Pública de Shanghai y de la Escuela



El 31 de enero, la Organización Mundial de la Salud decretó la epidemia del nuevo coronavirus como una emergencia internacional.

de Salud Pública de la Universidad de Fudan depositaron las secuencias genómicas del nuevo agente patógeno en una base internacional de datos, el GenBank, para que científicos de otras partes del mundo puedan contribuir a entender y resolver el problema. Con el análisis de estos datos se determinó que el patógeno estaba estrechamente emparentado con otros dos coronavirus que en el pasado reciente han causado graves problemas: uno de ellos, responsable de la epidemia de SARS que surgió en China en 2002 y que mató al 10 % de las personas que se contagiaron y el otro, el causante del síndrome respiratorio de Medio Oriente (MERS, por sus siglas en inglés) que surgió en la península arábiga en 2012 y mató al 30 % de los infectados. Los coronavirus se llaman así porque cuando se observan al microscopio electrónico parecen coronitas vistas desde arriba. Por cierto, sus “picos” son fundamentales para que el virus pueda iniciar la infección.

En este momento ya se cuenta con muchas secuencias genómicas del 2019-nCoV de distintos pacientes. Con ellas, los investigadores han diseñado métodos moleculares de diagnóstico, basados en la amplificación de regiones específicas del genoma del coronavirus. Estos métodos son una herramienta clave para controlar la epidemia.

El origen de la epidemia

Los coronavirus usualmente infectan a una gama amplia de animales. En algunos la infección ocurre sin causarles

mayor daño, probablemente debido a que han evolucionado juntos por miles de años y que con el tiempo han logrado limar sus asperezas. A estos animales que permiten la reproducción limitada del virus sin que los enferme se les llama *reservorios*. En el caso del coronavirus responsable del SARS, el reservorio fueron las civetas y en el caso del coronavirus del MERS, los camellos y los dromedarios. Con estos datos en mente, se tiene la certeza de que la primera víctima de esta nueva epidemia se contagió por estar en contacto estrecho con un animal silvestre y no necesariamente dentro del mercado de Wuhan. Por ello las autoridades chinas han prohibido el tráfico y la venta de animales silvestres.

Para que un virus de un animal pueda infectarnos, tiene que pasar por una serie de mutaciones que le permitan infectar células humanas y replicarse en ellas. En un inicio, estas mutaciones permiten al virus “saltar” del animal al humano. No obstante, la infección es deficiente y los contagios entre humanos son poco comunes. Para que el patógeno pueda transmitirse ágilmente de humano a humano se necesita que el virus adquiera nuevas modificaciones en su genoma. Cuando esto ocurre, puede surgir una epidemia. En algunas ocasiones, los virus adquieren otras mutaciones que aumentan todavía más su capacidad de infectar. El problema es que nuestro sistema inmune no está preparado para combatir el nuevo patógeno; es decir, no tenemos defensas específicas contra la enfermedad que produce.

El análisis del genoma del 2019-nCoV también sugiere que este nuevo virus es un “híbrido”. Por una parte, es claro que está emparentado con coronavirus que viven en los murciélagos, al igual que el virus causante del SARS. Por la otra, se encontró que una fracción de su genoma surge de otro coronavirus presente en una especie animal aún por identificar. La fracción involucrada es precisamente la que tiene que ver con los elementos que forman los picos del virus y que, como ya mencioné, tienen un papel crucial en los primeros pasos de la infección.

Un grupo multidisciplinario de investigadores chinos sugirió que las serpientes podrían ser ese reservorio, pero

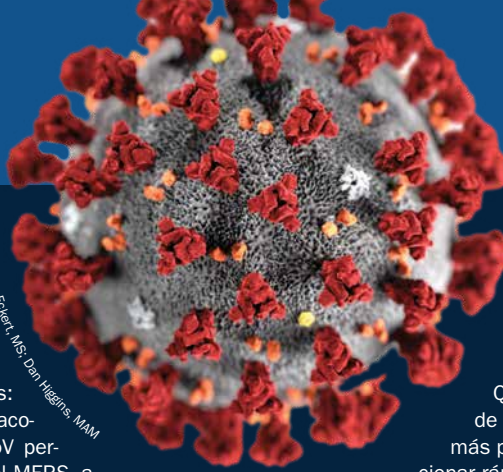




¿QUÉ ES UN CORONAVIRUS?

Los coronavirus son un grupo de virus patógenos que suelen afectar a las aves, a los mamíferos y a otros vertebrados. Usualmente producen infecciones en vías respiratorias, aunque pueden afectar el aparato gastrointestinal y a veces también el sistema nervioso. Los coronavirus pertenecen a la subfamilia de los Coronavirinae que incluye cuatro géneros: los alphacoronavirus, los betacoronavirus, los gammacoronavirus, y los deltacoronavirus. El virus 2019-nCoV pertenece, junto con los virus que producen el SARS y el MERS, a los betacoronavirus. Muchos de los resfriados que sufrimos año con año los producen algunos alphacoronavirus, pero las infecciones que inducen suelen ser leves y de rápida recuperación.

CDC / Anissa Eberhart, MS; Dan Higgins, MAM



El genoma de los coronavirus está compuesto por una sola y larga molécula de ARN. De hecho, estos virus tienen uno de los genomas de ARN más grandes que se conocen. Que el genoma de estos virus sea de ARN es relevante ya que los hace más propensos a mutar y por ello a evolucionar rápidamente.

Los coronavirus poseen 4 proteínas estructurales importantes, pero la proteína que forma los picos (proteína S) determina qué huésped y qué organismo podrá infectar.

TRANSMISIÓN

Los coronavirus humanos se transmiten de una persona infectada a otras a través del aire al toser o estornudar, al tocar o estrechar la mano de una persona infectada o al tocar un objeto o superficie con el virus y luego tocarse la boca, la nariz o los ojos.



SÍNTOMAS



Fiebre

Dolor de cabeza y malestar general

Tos y/o estornudos

Dificultad para respirar

MEDIDAS DE PREVENCIÓN



Lavarse frecuentemente las manos con agua y jabón durante mínimo 20 segundos o usar un gel desinfectante a base de alcohol.



Evitar tocarse los ojos, la nariz y la boca con las manos sin lavar.



Evitar el contacto cercano con personas con síntomas de resfriado o gripe.



Al toser o estornudar cubrirse la nariz y boca con un pañuelo desechable y luego tirarlo a la basura o usar el ángulo interno del brazo.

EL USO CORRECTO DEL TAPABOCAS

Si estás sano, sólo necesitas usar tapabocas si estás atendiendo a alguna persona de la que se sospecha podría estar infectada con el nuevo coronavirus.

- Evita tocar el tapabocas cuando lo estés usando; si lo haces vuelve a lavarte las manos.
- Cambia el tapabocas en cuanto se humedezca y tíralo de inmediato en un bote de basura que tenga tapa. Nunca reutilices un tapabocas.
- Los tapabocas solo son efectivos si se utilizan en combinación con la limpieza frecuente de las manos con gel a base de alcohol o agua y jabón.



- Quítate el tapabocas tocando únicamente las tiras de atrás o las tiras que se sujetan a las orejas y lávate las manos.
- Antes de ponerte un tapabocas lava tus manos con agua y jabón o con un gel a base de alcohol.
- Cubre bien la boca, la nariz y la barbilla con el tapabocas.
- Usa tapabocas si estás tosiendo y estornudando.



TRATAMIENTO

No hay ningún tratamiento antiviral específico contra el 2019-nCoV. Las personas infectadas con el virus solo reciben medicamentos para aliviar los síntomas.

Imágenes: Shutterstock





Sólo hay una forma de combatir una epidemia: identificar la fuente inicial del virus y cortar todas las cadenas de contagio.

pronto se demostró que sus conclusiones fueron prematuras. Recientemente, los doctores Liu-Chen y Chen publicaron en la revista *Viruses* un análisis del virus de los pangolines y encontraron coronavirus muy parecidos al 2019-nCoV, lo que apunta a que quizá el reservorio sea este pequeño mamífero que se trafica ilegalmente en China para utilizarlo en la medicina tradicional de ese país. Los pangolines no estaban en las listas de animales que se vendían en el mercado de mariscos de Wuhan, quizá porque su tráfico se castiga con 10 años de cárcel.

¿Qué tan peligroso es el nuevo coronavirus?

Uno de los problemas con esta nueva epidemia es no sólo que los síntomas de la enfermedad varían mucho, sino que también cambia el tiempo en el que se presentan: en algunos de los infectados los síntomas ocurren a los dos días y en otros hasta los 14. Para dificultar las cosas, en un inicio los pacientes tienen síntomas que pueden confundirse fácilmente con una gripe: fiebre y tos, frecuentemente acompañados de dolor muscular, dolor de cabeza y fatiga. Los pacientes de la tercera edad o aquellos que tienen alguna enfermedad subyacente como la diabetes o la hipertensión pueden presentar dificultades para respirar e incluso necesitar ayuda mecánica para hacerlo. En el peor de los casos la infección resulta mortal.

No hay mucho que hacer ante una infección por el 2019-nCoV, ya que no

existen antivirales específicos ni vacunas. Lo que toca a los médicos es mitigar la gravedad de los síntomas y permitir que el sistema inmune de los enfermos combata al patógeno invasor. Aun así, algunos investigadores chinos están probando toda suerte de antivirales para determinar si alguno ayuda, entre ellos los que funcionan contra el virus del ébola. La OMS y muchos investigadores alrededor del mundo están trabajando a contra reloj para desarrollar una vacuna, pero se estima que tardaría al menos un año en estar lista.

¿Y ahora qué?

Sólo hay una forma de combatir una epidemia: identificar la fuente inicial del virus (el reservorio) y cortar todas las cadenas de contagio. Es fácil decirlo, pero muy difícil llevarlo a cabo ya que hay que tomar en cuenta numerosos factores y escenarios. En el caso del nuevo coronavirus, como los síntomas iniciales se pueden confundir con los de una gripe, se necesita un sistema de diagnóstico rápido y preciso que permita descartar a aquellos que no lo tienen y aislar y cuidar a quienes sí se infectaron, evitar nuevos contagios y gastar eficientemente los recursos con los que se cuenta. Si bien ya existe un método de diagnóstico de la infección por 2019-nCoV, este requiere de aparatos sofisticados, técnicos calificados y condiciones que eviten que los propios técnicos se infecten, lo cual resulta costoso.

En México, nuestro Instituto de Diagnóstico y Referencia Epidemiológicos (INDRE) tiene los equipos y el personal para enfrentar la situación, al menos en sus inicios. Si los casos se presentan con la magnitud y velocidad con que están ocurriendo en China, estaríamos en problemas y más teniendo en cuenta que el sistema de salud de nuestro país ha sufrido recortes y la distribución de medicamentos no es lo suficientemente ágil. Urge desarrollar un método de diagnóstico rápido que no requiera de aparatos sofisticados y pueda llevarse a cabo en clínicas poco equipadas.

En febrero pasado en China se decidió incluir como casos de COVID-2019 a aquellos pacientes a quienes se les detecte una infección pulmonar por medio



de tomografía computarizada, un estudio médico costoso, aunque no hayan sido diagnosticados con pruebas genómicas. La medida hasta ahora sólo se aplica en la provincia de Hubei.

El segundo problema, y probablemente el más importante, es contar con las instalaciones suficientes y adecuadas para aislar y tratar a los enfermos en función de la capacidad de transmisión del virus. Si este es poco contagioso habrá pocos enfermos que aislar y que tratar. Si es muy contagioso, el número de enfermos será tan grande que difícilmente se tendrán los recursos suficientes para contender con la epidemia.

Además hay que considerar la velocidad con que aparecen los síntomas. Si una persona se enferma pronto y se aísla, las posibilidades de que siga contagiando a otros disminuyen. Pero si se vuelve contagiosa antes de que aparezcan los primeros síntomas, las dificultades aumentan, como se sospecha que esté ocurriendo actualmente en China.

Ese país ya está actuando con un brío envidiable para hacer frente a la epidemia. Por ejemplo, para mitigar la transmisión de la enfermedad no sólo ha puesto a algunos enfermos en cuarentena sino a ciudades enteras en las que el tránsito de personas y de insumos ahora está controlado. Se estima que el número de personas bajo estas restricciones ronda los 50 millones. También es loable que el gobierno chino esté construyendo hospitales en tiempo récord para tratar a los pacientes afectados por la nueva enfermedad.

En este mundo globalizado en el que una persona puede viajar de un lado al otro del mundo en pocas horas, la epidemia del coronavirus no sólo es un problema de China sino de todos los países. China tiene vuelos que llegan a 50 destinos internacionales, incluyendo México. En un intento de disminuir la transmisión dentro y fuera de China, el aeropuerto de Wuhan está cerrado desde el 23 de enero (pero no otros aeropuertos). De hecho, en el momento en que escribo este artículo ya hay casos confirmados en 25 países, pero la mayoría de ellos están vinculados a viajes a China. Si se toman medidas adecuadas en todos los aeropuertos que reciban vuelos de allá, habrá más oportunidades



El futuro de la epidemia no solo depende de las acciones gubernamentales, también de nuestras acciones personales.

de contender con la enfermedad, aunque todavía no es claro qué tan efectivas serán tales medidas. Como precaución algunas aerolíneas europeas han cancelado todos sus vuelos a China. Lo que debemos evitar es que se formen nuevas cadenas de contagio locales, tarea seguramente difícil.

¿Y qué hago yo?

El futuro de la epidemia no solamente depende de las acciones gubernamentales; nuestras acciones personales pueden determinar drásticamente el curso de la epidemia y las recomendaciones de la OMS son simples: lávate las manos frecuentemente, no te toques los ojos, la nariz o la boca con las manos sucias, cuando tosas o estornudes cúbrete la boca con un pañuelo desechable o con el ángulo interno del codo, no entres en contacto con personas que sepas que están enfermas. Si caes enfermo tú y tu familia deben tomar con muchísima seriedad lo que indica la OMS y que puedes encontrar en el siguiente enlace: <https://bit.ly/2SGpiVe/>.

Los hospitales deben redoblar sus procedimientos para evitar la transmisión nosocomial del virus ya que muchos de los contagios del SARS y del MERS ocurrieron en estas instituciones y al parecer la nueva epidemia no es una excepción. De hecho, el Dr. Li Wenliang, quien primero dio la alarma sobre el 2019-nCoV, murió víctima de la infección a inicios de febrero. Mi último consejo: mantente bien informado y obedece las instrucciones de las autoridades de salud.

¡Cuídate! 🐼

MÁS INFORMACIÓN



- “Consejos para la población acerca de los rumores sobre el nuevo coronavirus (2019-nCoV)”, Organización Mundial de la Salud: www.who.int/es/emergencias/diseases/novel-coronavirus-2019/advice-for-public/myth-busters
- “Enfermedad por nuevo coronavirus 2019-nCoV”, Secretaría de Salud: www.gob.mx/cms/uploads/attachment/file/532749/07_febrero_2020_AE-Nuevo_Coronavirus_2019_nCoV.pdf

GUÍA DEL MAESTRO

Descarga la guía didáctica para abordar el tema de este artículo en el salón de clases. www.comoves.unam.mx



Miguel Ángel Cevallos, frecuente colaborador de *¿Cómo ves?*, es doctor en investigación biomédica básica y especialista en genética molecular bacteriana. Trabaja en el Centro de Ciencias Genómicas de la UNAM.

