

Una nueva zoonosis viral de preocupación global: COVID-19, enfermedad por coronavirus 2019

A new viral zoonosis of global concern: Coronavirus COVID-19 disease in 2019

D. Katterine Bonilla-Aldana^{1,2,3}, Wilmer E. Villamil-Gómez^{3,4,5}, Ali A. Rabaan⁶, Alfonso J. Rodríguez-Morales^{2,3,7}

PALABRAS CLAVE

Colombia; Enfermedades Raras; Epidemiología; Monitoreo Epidemiológico; Mortalidad; Salud Pública

Los coronavirus (CoV) en sentido amplio son un grupo de virus de ARN de cadena simple con envoltura. Estos pertenecen a la subfamilia *Orthocoronavirinae*, familia *Coronaviridae*, en el orden *Nidovirales*. Se clasifican en cuatro géneros: alfa, beta, gamma y *Deltacoronavirus*. Los dos primeros pueden infectar al ser humano ^(1,2). Los CoV son agentes patógenos que pueden ser transmitidos a los animales y al hombre; tienen una distribución mundial ⁽³⁻⁵⁾.

La infección por CoV en animales particularmente en bovinos, cerdos, perros, entre otros, es conocida desde hace muchas décadas; estos al infectarse pueden presentar diarrea; y de modo especial las aves desarrollan compromiso respiratorio semejante a una bronquitis. Los coronavirus, singularmente los de tipo beta, son zoonóticos es por ello que una completa vigilancia epidemiológica debería incluir también a los animales ya que son hospedadores susceptibles ⁽⁶⁾. Lo último hace parte de las iniciativas de "One Health", que promueve y fomenta el estudio integrado de la salud humana, animal y ambiental ⁽⁷⁾.

En estas patologías virales el papel de la cadena de transmisión animal-humano es de importancia, pero, como se ha observado con varios virus del género *Betacoronavirus*, también se da una transferencia entre humanos ^(1,8).

En los humanos los CoV pueden originar diferentes enfermedades, desde resfriados frecuentes, hasta otras más graves como el síndrome respiratorio agudo grave (causado por el SARS-CoV) y el síndrome respiratorio del oriente medio (causado por el MERS-CoV) (Figura 1). SARS

¹ Semillero de Zoonosis, Grupo de Investigación BIOECOS, Fundación Universitaria Autónoma de las Américas, Pereira, Risaralda, Colombia.

² Grupo de Investigación Salud Pública e Infección, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Tecnológica de Pereira, Pereira, Risaralda, Colombia.

³ Comité de Medicina Tropical, Zoonosis y Medicina del Viajero, Asociación Colombiana de Infectología (ACIN), Bogotá, Colombia.

⁴ Grupo de Investigación Enfermedades Infecciosas y Control de Infecciones, Hospital Universitario de Sincelejo, Sincelejo, Sucre, Colombia.

⁵ Doctorado en Medicina Tropical, Universidad del Atlántico, Barranquilla, Atlántico, Colombia.

⁶ Molecular Diagnostic Laboratory, Johns Hopkins Aramco Healthcare, Dhahran, Arabia Saudita.

⁷ Grupo de Investigación Biomedicina, Facultad de Medicina, Fundación Universitaria Autónoma de las Américas, Pereira, Risaralda, Colombia.

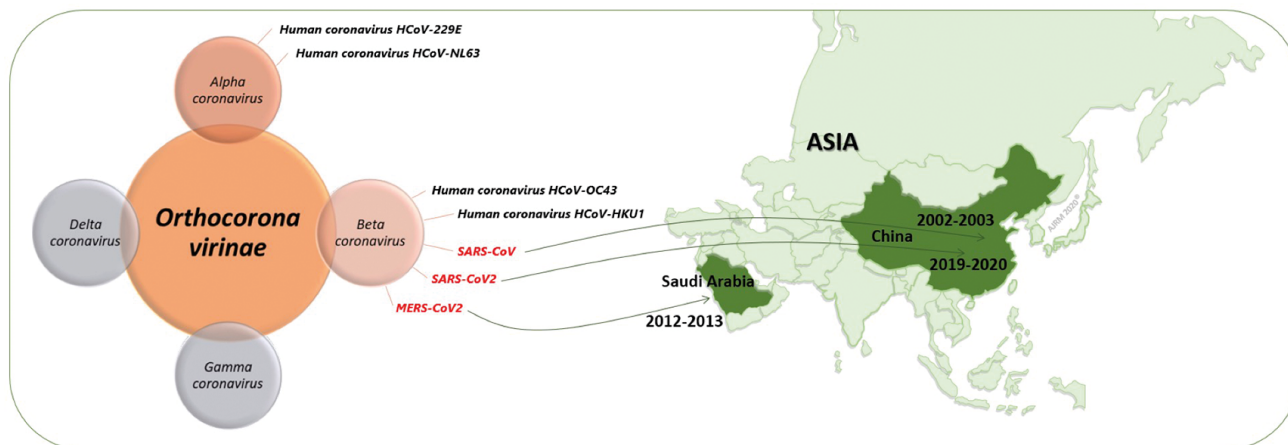


Figura 1. Géneros de coronavirus de la familia Orthocoronavirinae. Se destacan los que afectan a los humanos, en particular, los tres que pueden producir una patología severa y se incluye su origen geográfico en Asia. Fuente: creación propia

fue identificado por primera vez a finales del 2002 en Guangzhou (Guangdong, China), cuando provocó 8.422 casos y 916 muertes en 29 países de los cinco continentes, por consiguiente, se denominó la primera pandemia del siglo XXI ^(2,9,10).

En investigaciones posteriores se demostró evidencias que el SARS-CoV se originó a partir de la transmisión del gato civeta del Himalaya (*Civettictis civetta*). Sin embargo, pueden existir otras especies de animales, principalmente murciélagos y mapaches, (*Paguma larvata*) que albergan el virus ^(8,11).

Por otra parte el MERS-CoV originado en Arabia Saudita en el año 2012, rápidamente se extendió a varios países, notificándose en el continente asiático, africano, europeo y americano. Posterior a la identificación del virus, se confirmaron los vínculos epidemiológicos entre los casos de los humanos y los camellos (Figura 2), que dieron como resultado el aislamiento del virus ⁽¹²⁻¹⁴⁾.

Previo a estos CoV, se han identificado otros cuatro más que generalmente, causan enfermedad respiratoria leve o moderada, como son HCoV-NL63, HCoV-229E, HCoV-OC43 y HCoV-HKU1 (Figura 1) ^(5,9,15-17). En pacientes inmunosuprimidos como aquellos con infección por VIH/SIDA, pueden evolucionar, incluso, hasta la muerte, como se ha reportado recientemente en Sucre: un caso de coinfección con virus sincitial respiratorio humano (VSR) ⁽¹⁸⁾.



Figura 2. Camellos hospedadores intermediarios del MERS-CoV en Arabia Saudita. Fuente: crédito A. Rabaan

Un nuevo coronavirus, designado como 2019-nCoV, surgió en Wuhan, China, a finales del año 2019, causando manifestaciones respiratorias, digestivas y sistémicas que afectan la salud humana. El mencionado virus pertenece a la familia *Betacoronavirus*, puede infectar neumocitos tipos 2 y células epiteliales bronquiales ciliadas. Adicionalmente, hasta el momento los datos plantean que los murciélagos son la causa inicial del brote actual de CoV (2019nCoV), que se originó en un “mercado húmedo o de alimentos marinos” (19-21). Este nuevo coronavirus, al 16 de febrero del 2020, ha causado ya casi 70.000 casos de infección y más de 1.600 muertes (< 3 %).

Estudios realizados han demostrado que son virus de ARN monocatenarios fáciles de mutar, lo cual aumenta la diversidad de especies y le da la capacidad de adaptarse rápidamente a nuevos hospedantes. Estos animales podrían amplificar el virus y propagarlo a través de las secreciones y heces. Los casos de SARS-CoV y COVID-19 son ocasionados por el contacto con animales obtenidos en un mercado.

La Organización Mundial de la Salud declaró al problema como una emergencia sanitaria de preocupación internacional y, además, le denominó “Enfermedad por Coronavirus 2019” (COVID-19). Posteriormente, el Grupo de Estudio de Coronavirus le asignó al virus el nombre de SARS-CoV2 (2,22,23).

El enfoque de intervención de COVID-19 debe hacerse bajo la óptica de *One Health* (7), esto si se tiene en cuenta que un animal tan importante como el murciélago (24), tenga pocos estudios de prevalencia para identificar la presencia del SARS-CoV2. Si se fortalece la vigilancia de estos animales podemos intervenir de manera importante, su ocurrencia en la población de humanos susceptibles, esto se puede lograr al entender que este COVID-19 es una enfermedad zoonótica. Hay que fortalecer los sistemas de salud pública de los países integrando la comprensión de las relaciones entre el animal-hospedador, humano-susceptible y medio ambiente, un manejo único interdisciplinario, buena comunicación y coordinación, con unas políticas de salud pública robustas (25).

Por último, se ha realizado un gran esfuerzo para identificar los coronavirus en las poblaciones animales, con el fin de entender y controlar el riesgo de transmisión zoonótica. Lo que ha dado lugar al descubrimiento de

numerosas especies en diferentes animales. El SARS-CoV2 es una zoonosis viral que, al 16 de febrero del 2020, no se ha confirmado en Colombia ni América Latina, sin embargo múltiples casos sospechosos se han investigado y todos han sido descartados. Por esto, los profesionales de la salud, especialmente, los de la medicina humana y veterinaria, deben estar atentos ante esta nueva zoonosis viral que se originó en animales, pero que se transmite también entre seres humanos, principalmente por vía respiratoria (2).

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

1. Cui J, Li F, Shi ZL. Origin and evolution of pathogenic coronaviruses. *Nat Rev Microbiol.* 2019;17(3):181-92. DOI 10.1038/s41579-018-0118-9.
2. Millan-Oñate J, Rodríguez-Morales AJ, Camacho-Moreno G, Mendoza-Ramírez H, Rodríguez-Sabogal IA, Álvarez-Moreno C. A new emerging zoonotic virus of concern: the 2019 novel Coronavirus (COVID-19). *Infectio.* 2020;24(3). DOI 10.22354/in.v24i3.848.
3. Li G, Fan Y, Lai Y, Han T, Li Z, Zhou P et al. Coronavirus Infections and Immune Responses. *J Med Virol.* 2020;1-9. DOI 10.1002/jmv.25685.
4. Liu WJ, Zhao M, Liu K, Xu K, Wong G, Tan W et al. T-cell immunity of SARS-CoV: Implications for vaccine development against MERS-CoV. *Antiviral Res.* 2017;137:82-92. DOI 10.1016/j.antiviral.2016.11.006.
5. Rodríguez-Morales AJ, Bonilla-Aldana DK, Balbin-Ramon GJ, Paniz-Mondolfi A, Rabaan A, Sah R et al. History is repeating itself, a probable zoonotic spillover as a cause of an epidemic: the case of 2019 novel Coronavirus. *Infez Med.* 2020;28(1):3-5.
6. Mattar S, González M. Zoonotic emergence of coronavirus: A potential public risk for Latin America. *Rev MVZ Cordoba.* 2018;23(3):6775-7. DOI 10.21897/rmvz.1408.
7. Bonilla-Aldana DK, Suarez JA, Franco-Paredes C, Villcarromero S, Mattar S, Gomez-Marin JE et al. Brazil burning! What is the potential impact of the Amazon wildfires on vector-borne and zoonotic emerging diseases? - A statement from an international experts meeting. *Travel Med Infect Dis.* 2019;31:101474. DOI 10.1016/j.tmaid.2019.101474.
8. De Wit E, van Doremalen N, Falzarano D, Munster VJ. SARS and MERS: recent insights into emerging

- coronaviruses. *Nat Rev Microbiol.* 2016;14(8):523-34. DOI 10.1038/nrmicro.2016.81.
9. Rodríguez-Morales AJ, MacGregor K, Kanagarajah S, Patel D, Schlagenhauf P. Going global – Travel and the 2019 novel coronavirus. *Travel Med Infect Dis.* 2020;101578. DOI 10.1016/j.tmaid.2020.101578.
 10. Wang C, Horby PW, Hayden FG, Gao GF. A novel coronavirus outbreak of global health concern. *Lancet.* 2020. DOI 10.1016/S0140-6736(20)30185-9.
 11. Plowright RK, Parrish CR, McCallum H, Hudson PJ, Ko AI, Graham AL et al. Pathways to zoonotic spillover. *Nat Rev Microbiol.* 2017;15(8):502-10. DOI 10.1038/nrmicro.2017.45.
 12. Yin Y, Wunderink RG. MERS, SARS and other coronaviruses as causes of pneumonia. *Respirology.* 2018;23(2):130-7. DOI 10.1111/resp.13196.
 13. Al-Tawfiq JA, Gautret P. Asymptomatic Middle East Respiratory Syndrome Coronavirus (MERS-CoV) infection: Extent and implications for infection control: A systematic review. *Travel Med Infect Dis.* 2019;27:27-32. DOI 10.1016/j.tmaid.2018.12.003.
 14. Al-Tawfiq JA, Zumla A, Memish ZA. Travel implications of emerging coronaviruses: SARS and MERS-CoV. *Travel Med Infect Dis.* 2014;12(5):422-8. DOI 10.1016/j.tmaid.2014.06.007.
 15. Biscayart C, Angeleri P, Lloveras S, Chaves T, Schlagenhauf P, Rodríguez-Morales AJ. The next big threat to global health? 2019 novel coronavirus (2019-nCoV): What advice can we give to travellers? - Interim recommendations January 2020, from the Latin-American society for Travel Medicine (SLAMVI). *Travel Med Infect Dis.* 2020;101567. DOI 10.1016/j.tmaid.2020.101567.
 16. Bonilla-Aldana DK, Holguin-Rivera Y, Cortes-Bonilla I, Cardona-Trujillo MC, García-Barco A, Bedoya-Arias HA et al. Coronavirus infections reported by ProMED, February 2000–January 2020. *Travel Med Infect Dis.* 2020;101575. DOI 10.1016/j.tmaid.2020.101575.
 17. Bonilla-Aldana DK, Quintero-Rada K, Montoya-Posada JP, Ramirez S, Paniz-Mondolfi A, Rabaan A et al. SARS-CoV, MERS-CoV and now the 2019-novel CoV: Have we investigated enough about coronaviruses? - A bibliometric analysis. *Travel Med Infect Dis.* 2020;101566. DOI 10.1016/j.tmaid.2020.101566.
 18. Villamil-Gomez WE, Sanchez A, Gelis L, Silveira LA, Barbosa J, Otero-Nader O et al. Fatal human coronavirus 229E (HCoV 229E) and RSV-Related pneumonia in an AIDS patient from Colombia. *Travel Med Infect Dis.* 2020;101573. DOI 10.1016/j.tmaid.2020.101573.
 19. Lu H, Stratton CW, Tang YW. Outbreak of Pneumonia of Unknown Etiology in Wuhan China: the Mystery and the Miracle. *J Med Virol.* 2020. DOI: 10.1002/jmv.25678.
 20. Huang C, Wang Y, Li X, Ren L, Zhao J, Hu Y, et al. Clinical features of patients infected with 2019 novel coronavirus in Wuhan, China. *The Lancet.* 2020;395. DOI 10.1016/S0140-6736(20)30183-5.
 21. Liu SL, Saif L. Emerging Viruses without Borders: The Wuhan Coronavirus. *Viruses.* 2020;12(2). DOI 10.3390/v12020130.
 22. Liu Y, Gayle AA, Wilder-Smith A, Rocklöv J. The reproductive number of COVID-19 is higher compared to SARS coronavirus. *J Travel Med.* 2020. DOI 10.1093/jtm/taaa021.
 23. Velavan TP, Meyer CG. The Covid-19 epidemic. *Trop Med Int Health.* 2020. DOI 10.1111/tmi.13383.
 24. Wang LF, Anderson DE. Viruses in bats and potential spillover to animals and humans. *Curr Opin Virol.* 2019;34:79-89. DOI 10.1016/j.coviro.2018.12.007.
 25. WHO [internet]. WHO: Ginebra; 1998. [Consultado 2020 ene]. Disponible en: <http://www.who.int/features/qa/one-health/en/>

