

## El SARS-CoV-2 lleva entre 70 y 40 años en los murciélagos y lo más probable es que saltara directamente a humanos

Un análisis genealógico alerta de que el nuevo coronavirus existe desde hace décadas en murciélagos, y por tanto pueden haber aparecido otros linajes con capacidad de infectar humanos. El equipo de investigación pide un sistema de vigilancia capaz de detectar nuevos patógenos en tiempo real.

Mónica G. Salomone

30/7/2020 08:15 CEST



Murciélago *Rhinolophus affinis*. / Adobe Stock

El origen del coronavirus **SARS-CoV-2** sigue siendo uno de los secretos mejor guardados de la biología. Desvelarlo es importante para prevenir futuras oleadas de COVID-19 y también para acallar teorías conspiranoicas.

Se supo muy pronto al inicio de la **pandemia** que el nuevo coronavirus comparte más del 96% de su **genoma** con un coronavirus que infecta **murciélagos**. Ahora, [un trabajo](#) de un equipo internacional ha intentado reconstruir el árbol genealógico del SARS-CoV-2.

---

## El SARS-COV-2 lleva décadas circulando indetectado entre los murciélagos, según el nuevo estudio

Una versión previa del artículo ya se difundió a finales de marzo en el [repositorio de preprints BiorXiv](#), y ahora el estudio, una vez revisado, se ha publicado en el último número de la revista *Nature Microbiology*. Sus resultados determinan que el **linaje** de ambos coronavirus se separó hace entre 40 y 70 años. Esto significa que el SARS-CoV-2 lleva bastantes décadas circulando indetectado entre los murciélagos.

Eso “se ve claramente en nuestros análisis”, escriben en su artículo los autores, que además lanzan una advertencia: en ese tiempo se pueden haber diferenciado más linajes con los rasgos adecuados para infectar a los humanos.

“Este largo periodo de divergencia sugiere que hay linajes víricos en murciélagos con potencial zoonótico que no han sido muestreados”, se afirma en el texto.

Además, son virus con una alta capacidad de intercambiar material genético entre sí, lo que implica, según los autores, que “será difícil identificar virus con el potencial de causar **brotes** importantes en humanos antes de que estos emerjan”. Es necesario, por tanto, disponer de un “sistema de vigilancia de enfermedades humanas en tiempo real que rápidamente pueda identificar y clasificar patógenos”.

---

Tienen una alta capacidad de intercambiar material genético, lo que implica que “será difícil identificar virus que puedan causar brotes importantes en humanos antes de que estos emerjan”

El nuevo análisis no apoya la hipótesis —aunque tampoco la descarta— de que el **pangolín** fuera un paso intermedio en el salto de murciélagos y

humanos. Tampoco las serpientes. “La evidencia actual es consistente con que la evolución del virus en murciélagos haya dado lugar a [variantes] capaces de replicarse en el tracto respiratorio superior tanto del humano como del pangolín”, escriben los autores.

Uniendo estos nuevos resultados a lo ya conocido, el primer firmante de este trabajo, **Maciej F. Boni**, de la Universidad del Estado de Pensilvania (EE UU), explica a SINC que el escenario más probable es el de un virus de una población de murciélagos de la provincia de Yunnan, en el sureste de China, “de donde proceden los virus con parentesco más próximo” al SARS-CoV-2, que salta directamente a humanos.

Muchos expertos [han descartado ya un origen artificial del virus](#) mediante manipulación genética, dado que una operación así dejaría huellas inequívocas en el genoma que no están en el nuevo coronavirus. Boni considera “improbable” también la hipótesis de la fuga de un laboratorio: “Si el virus hubiera escapado de un entorno de laboratorio, los primeros individuos afectados habrían sido los empleados del centro y sus familias”, comenta. “No vimos esto en los 44 casos originales de finales de diciembre de 2019”.

Sobre cuándo se produjo el salto a humanos, Boni remite a otros análisis de genomas virales ya publicados por otros investigadores, que indican noviembre de 2019 como fecha más probable. Es un elemento más a favor de que fue un error la detección del virus en muestras de [aguas fecales de Barcelona de marzo de 2019](#).

---

Maciej F. Boni considera “improbable” la hipótesis de la fuga de un laboratorio: “Si el virus hubiera escapado de uno de estos entornos los primeros afectados habrían sido los empleados del centro y sus familias”

## Un genoma tipo mecano

Dibujar el árbol genealógico del nuevo coronavirus no es fácil porque

intercambia material genético muy fácilmente y “regiones distintas del genoma del virus pueden tener ancestros distintos”, señala el coautor del trabajo. El genoma de estos virus es como un mecano **Frankenstein**, ensamblado con piezas de distinta procedencia.

Para dibujar al árbol genealógico evitando este obstáculo, Boni y sus colegas emplearon tres técnicas diferentes con el fin de identificar partes del genoma del virus que se han mantenido estables, sin sufrir estos intercambios genéticos.

Tras comparar genomas de virus del mismo subgénero —sarbecovirus— que el nuevo coronavirus, las tres técnicas empleadas indican que este comparte un linaje ancestral con su pariente conocido más próximo, catalogado como RaTG13. Cada técnica da una fecha probable para la separación: 1948, 1969 y 1982. De ahí la conclusión de que el SARS-CoV-2 debe llevar décadas evolucionando en murciélagos.

Los investigadores también examinaron el origen de la **proteína** RBD, que es la que abre la puerta de las células humanas al encajar con su receptor, la proteína ACE2. Ya se había visto que RBD es genéticamente más parecida a la de virus que infectan al pangolín que a otras del virus de murciélagos RaTG13, por eso se sospecha del pangolín como huésped intermedio.

Pero lo que se ve en este trabajo es que el SARS-COV-2, RaTG13 y otros virus del pangolín comparten un linaje vírico **ancestral** —un antiguo antecesor común— y no que el SARS-CoV-2 haya evolucionado también en el pangolín.

#### Referencia:

Maciej F. Boni, Philippe Lemey et al “[Evolutionary origins of the SARS-CoV-2 sarbecovirus lineage responsible for the COVID-19 pandemic](#)”. *Nature Microbiology* (julio, 2020).

Derechos: **Creative Commons**.

Creative Commons 4.0

Puedes copiar, difundir y transformar los contenidos de SINC. [Lee las condiciones de nuestra licencia](#)