

Advierten que nuevo virus descubierto en China está a “un pequeño paso” de desencadenar una pandemia

Josefa Zepeda

Aunque muchos no lo recuerdan, el SARS-CoV-2, el coronavirus que produce el Covid-19 sigue rondando, mutando y dando lugar a nuevas variantes que continúan afectando la salud pública global. La más reciente en llamar la atención se llama NB.1.8.1 y ya está generando preocupación en Asia y Estados Unidos.

Detectada inicialmente en China, Hong Kong y Taiwán, la variante NB.1.8.1 ha provocado un repunte significativo en las hospitalizaciones, el peor en al menos un año, según las autoridades de Hong Kong.

Nuevo virus descubierto en China está a “un pequeño paso” de desencadenar una pandemia

Pero ahora no es una mutación la que preocupa a los científicos, sino, un nuevo coronavirus descubierto en China.

Científicos estadounidenses afirman que un nuevo grupo de virus, bautizados HKU5-CoV-2, están a sólo una “pequeña” mutación de poder infectar y causar brotes en humanos, incluida una nueva pandemia.

Según un estudio de científicos de la Universidad Estatal de Washington (WSU, su sigla en inglés), el Instituto Tecnológico de California y la Universidad de Carolina del Norte y publicado en la revista *Nature Communications*, existe un grupo de virus de murciélagos estrechamente relacionados con el mortal coronavirus del Síndrome respiratorio del Oriente Medio (MERS-CoV) que podría estar a una pequeña mutación de distancia de poder propagarse a las poblaciones humanas y potencialmente causar la próxima pandemia.

El estudio examinó un grupo poco estudiado de coronavirus, conocido como merbecovirus (el mismo subgénero viral que incluye el MERS-CoV), para comprender mejor cómo infectan las células huésped.

El equipo de investigación descubrió que, si bien es poco probable que la mayoría de los merbecovirus representen una amenaza directa para las personas, pero un subgrupo, conocido como HKU5, presenta características preocupantes.

“Los merbecovirus, y en particular los virus HKU5, no se habían estudiado mucho, pero nuestro estudio muestra cómo estos virus infectan las células”, afirmó en un comunicado Michael Letko, virólogo de la Facultad de Medicina Veterinaria de la WSU, quien colaboró en la dirección del

Investigadores estadounidenses afirman que HKU5-CoV-2 está a sólo una “pequeña” mutación de poder infectar y causar brotes en humanos.



► No es una mutación la que preocupa a los científicos, sino un nuevo coronavirus.

estudio. “También descubrimos que los virus HKU5 podrían estar a un paso de propagarse a los humanos”.

Durante las últimas dos décadas, los científicos han catalogado las secuencias genéticas de miles de virus en animales salvajes, pero, en la mayoría de los casos, se sabe poco sobre si estos virus representan una amenaza para los humanos.

El laboratorio de Letko, en la Escuela de Salud Global Paul G. Allen de la WSU, se centra en cerrar esa brecha e identificar virus potencialmente peligrosos.

En su último estudio, el equipo de Letko se centró en los merbecovirus, que han re-

cibido poca atención, salvo el MERS-CoV, un coronavirus zoonótico detectado por primera vez en 2012 y que se transmite de los dromedarios a los humanos. Provoca una enfermedad respiratoria grave y tiene una tasa de mortalidad de aproximadamente el 34 %.

Según explicaron los científicos en su estudio, al igual que otros coronavirus, los merbecovirus dependen de una proteína de la espícula para unirse a los receptores e invadir las células huésped.

El equipo de Letko utilizó partículas similares a virus que contenían solo la porción de la espícula responsable de la unión

a los receptores y probó su capacidad para infectar células en el laboratorio.

Si bien parece improbable que la mayoría de los merbecovirus puedan infectar a los humanos, se ha demostrado que los virus HKU5, que se han encontrado en Asia, Europa, África y Oriente Medio, utilizan un receptor huésped conocido como ACE2, el mismo que utiliza el virus SARS-CoV-2 que causa la Covid-19.

Una pequeña diferencia: los virus HKU5, por ahora, solo pueden utilizar el gen ACE2 en murciélagos, pero no utilizan la versión humana con la misma eficacia.

Al examinar los virus HKU5 presentes en Asia, donde su huésped natural es el murciélago doméstico japonés (*Pipistrellus abrami*), los investigadores demostraron algunas mutaciones en la proteína de la espícula que podrían permitir que los virus se unan a los receptores ACE2 en otras especies, incluidos los humanos.

Virus documentados

Investigadores de otro estudio publicado a principios de este año analizaron un virus HKU5 en China cuya transmisión a visones ya se ha documentado, lo que demuestra la posibilidad de que estos virus crucen las barreras entre especies.

“Estos virus están tan estrechamente relacionados con el MERS, que debemos preocuparnos si alguna vez infectan a los humanos”, dijo Letko. “Si bien aún no hay evidencia de que hayan pasado a las personas, existe la posibilidad, y por eso vale la pena vigilarlos”.

El equipo también utilizó inteligencia artificial para explorar los virus. La investigadora postdoctoral de la WSU, Victoria Jefferson, utilizó un programa llamado AlphaFold 3 para modelar cómo la proteína de pico HKU5 se une a la ECA2 a nivel molecular, lo que podría ayudar a comprender mejor cómo los anticuerpos podrían bloquear la infección o cómo el virus podría mutar.

Hasta este momento, este tipo de análisis estructural requería meses de trabajo de laboratorio y equipo especializado. Con AlphaFold, Jefferson generó predicciones precisas en minutos. Los resultados coincidieron con los documentados recientemente por un equipo de investigación que utilizó métodos tradicionales.

Letko señaló que el estudio y sus métodos podrían utilizarse para futuros proyectos de investigación y ayudar en el desarrollo de nuevas vacunas y tratamientos. ●