

# LA COVID-19 Y EL LADO OSCURO DE LA PROMISCUIDAD DE LA VIDA

Juli Peretó

**H**ace unos 4.000 millones de años apareció la vida. Quizás en un charco de aguas templadas, como soñó Charles Darwin, unas burbujas moleculares empezaron a hacer copias de sí mismas. Así emergía una continuidad histórica, una transmisión vertical de padres a hijos, de las instrucciones genéticas de estos sistemas primitivos. Pero pronto existieron intercambios de información entre diferentes linajes, transmisiones horizontales de genes.

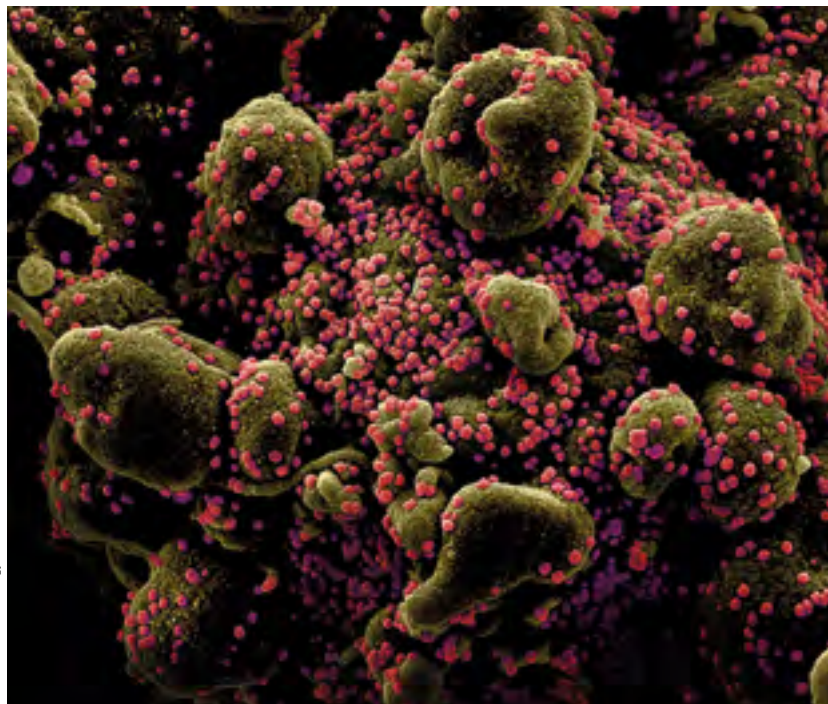
Las transmisiones genéticas vertical y horizontal son dos caras de la misma evolución. La vertical es un pilar fundamental de la teoría propuesta por Darwin, lo que él denominó «principio de divergencia». Esta transferencia genealógica de información genética es la base de la relación arborescente de los seres vivos entre sí: cualquier linaje evolutivo está emparentado con otro a través de un antepasado común situado en el punto de divergencia de las dos ramas que llevan a ellos. Gracias a las técnicas de secuenciación y análisis computacional de genes y genomas podemos ir mucho más allá que Darwin. Hoy extendemos esta biología comparada a cualquier ser vivo, incluyendo los organismos unicelulares más simples o procariontes (arqueas y bacterias). La gran conjetura de Darwin queda confirmada a través de la lectura filogenética de los genomas: toda la vida terrestre comparte un antepasado común universal o LUCA (por las siglas en inglés).

La transferencia horizontal de genes y genomas forma parte de la naturaleza de las cosas y, como no podría ser de otra manera, del canon contemporáneo de la biología evolutiva. Lynn Margulis contribuyó, en la segunda mitad de siglo pasado, a que aceptemos con naturalidad que, además de la transferencia vertical de información genética, la vida es promiscua y, con mucha soltura, intercambia información entre linajes. A veces, esto pasa entre organismos muy alejados evolutivamente, como en el origen de las células complejas con núcleo, o eucariontes, cuando una bacteria y una arquea unieron sus destinos y generaron una diversidad de seres complejos que incluyen, entre otros muchos, los hongos, las plantas y los animales.

Desde la profundidad de los tiempos geológicos, toda esta evolución celular, procariótica y después eucariótica, ha sido acompañada por los virus, un universo de entidades evolutivas con la habilidad de entrar en las células, parasitar su maquinaria metabólica y hacer copias

de sí mismas. Quizás desde LUCA, si no antes, este intercambio de genes a través de virus acompañó la evolución celular: se conocen virus de arqueas, bacterias o eucariontes y constituyen una diversidad fabulosa (la virosfera o el viroma) todavía muy poco explorada.

Los virus han tenido un papel crucial en la evolución, como atestiguan las improntas que han dejado incrustadas en los genomas celulares. El genoma humano contiene tres veces más de secuencias de origen vírico que de genes humanos. Pero también queremos saber de los virus como causantes de enfermedades, en humanos y en muchos organismos que nos interesan, como son las plantas y los animales domesticados. Si hay algo que tienen en común los virus es una extraordinaria capacidad de mutar. Los virus acumulan cambios genéticos a gran velocidad, a veces moviéndose al filo de su extinción. En esta exploración de diversidad, los virus pueden «aprender» a saltar de una especie a otra. Para eso, tiene que coincidir que el virus



National Institute of Allergy and Infectious Diseases, JIH

Micrografía electrónica de barrido coloreada de una célula apoptótica (en verde oscuro), fuertemente infectada con partículas del virus SARS-CoV-2 (en rojo), aisladas de una muestra de un paciente. Imagen capturada y mejorada en color en el NIAID Integrated Research Facility (IRF) de Fort Detrick, Maryland.

acumule mutaciones que le permitan reconocer las células de otra especie, pero, obviamente, que haya también un contacto físico entre individuos de las diferentes especies. En el caso de los humanos, se habla de zoonosis cuando se produce el salto desde otra especie animal a la nuestra, lo que da lugar a la emergencia de una nueva enfermedad humana. Esta enfermedad emergente puede adquirir proporciones epidémicas si el virus también consigue una buena transmisión entre humanos.

Del mismo modo que en la década de 1960 se erradicaron en Nueva Guinea las prácticas endocaníbales responsables de la transmisión de una enfermedad infecciosa neurológica grave transmitida por unas proteínas llamadas priones (el kuru), nos podemos preguntar si la promiscuidad humana con animales salvajes, asociada a determinadas costumbres o con la depredación de los ecosistemas, se podría eliminar para reducir el riesgo de zoonosis. La convivencia de humanos con aves en el sudeste asiático, el mercadeo de primates no humanos en el África tropical o el tráfico de una diversidad enorme de animales salvajes asociados a las tradiciones culinarias y médicas asiáticas son el escenario de zoonosis descritas en las últimas décadas. Un estudio reciente muestra la correlación entre la sobreexplotación de los ecosistemas, con la consiguiente pérdida de biodiversidad, y la emergencia de nuevas enfermedades virales (Johnson et al., 2020). Y está muy demostrado el origen zoonótico de muchos virus, como el causante del sida, el virus del Ébola, o los que provocan dolencias respiratorias, como el síndrome respiratorio agudo grave (SARS).

El nuevo coronavirus (SARS-CoV-2), causante de la pandemia de COVID-19, es el resultado de la evolución natural a partir de coronavirus presentes en la fauna salvaje, como muestra el estudio detallado de su genoma, que deja como una opción muy improbable que sea el resultado de experimentos de laboratorio (Andersen, Rambaut, Lipkin, Holmes y Harry, 2020). A pesar de las dudas que todavía existen, las pistas científicas actuales señalan el mercado de marisco de Huanan, en Wuhan, como el foco de las primeras infecciones: dos tercios de los primeros 41 pacientes hospitalizados habían estado en el mercado. En este mercado, la amalgama de humanos y animales salvajes era espectacular. El SARS-CoV-2 está emparentado con coronavirus de murciélagos, pero su salto desde el pangolín malayo está bajo sospecha. Varias especies de pangolín están amenazadas y son objeto del mayor tráfico ilegal de animales en Asia. Los murciélagos, por su parte, hace tiempo que se han reconocido como grandes reservorios de virus zoonóticos, y en parti-

cular de coronavirus, en varias partes del planeta (Calisher, Childs, Field, Holmes y Schountz, 2006).

El Fondo Mundial por la Naturaleza (WWF) ha reclamado el cierre de todos los mercados que se nutren del tráfico ilegal de animales salvajes (WWF, 2020). El 24 de febrero de 2020 el gobierno chino anunció la prohibición del consumo de animales salvajes no acuáticos para la alimentación (la gastronomía *Ye wei*, un esnobismo entre la pujante clase mediana-alta china). Sin embargo,

todavía se permite su comercio relacionado con la medicina tradicional, una ventana a través de la cual quizás se cuele alguna otra pandemia del futuro. Por supuesto, el uso presuntamente «medicinal» de las escamas de pangolín o de los excrementos de murciélago no ayudarán a evitarlo.

La humanidad del Antropoceno afronta retos fabulosos, como la crisis climática o la emergencia de nuevas enfermedades que, embarcadas en aviones, se globalizan rápida-

mente. Cómo afirma Sir Martin Rees (2018), no tenemos dónde escondernos si hay una pandemia o un colapso económico o del suministro de alimentos. Para afrontar estos retos es necesario repensar muchos aspectos de nuestra vida cotidiana, de nuestras escalas de valores, de nuestras prácticas económicas y culturales, en fin, de nuestra coexistencia con el resto de la naturaleza y, especialmente, de nuestro respeto por los animales no humanos. La vida es promiscua y esto ha modelado la biodiversidad a lo largo de la evolución, incluyendo a los humanos. Pero nuestra responsabilidad como especie consciente es evitar que el lado oscuro de esta promiscuidad provoque daños y dolores evitables. Aprendamos de la pandemia de COVID-19 para anticiparnos a la próxima zoonosis que, quién sabe, puede ser todavía más devastadora. ☺

#### REFERENCIAS

- Andersen, K. G., Rambaut, A., Lipkin, W. I., Holmes, E. C., & Harry, R. F. (2020). The proximal origin of SARS-CoV-2. *Nature Medicine*, 26, 450–452. doi: [10.1038/s41591-020-0820-9](https://doi.org/10.1038/s41591-020-0820-9)
- Calisher, C. H., Childs, J. E., Field, H. E., Holmes, K. V., & Schountz, T. (2006). Bats: Important reservoir hosts of emerging viruses. *Clinical Microbiology Reviews*, 19, 531–545. doi: [10.1128/CMR.00017-06](https://doi.org/10.1128/CMR.00017-06)
- Johnson, C. K., Hitchens, P. L., Pandit, P. S., Rushmore, J., Evans, T. S., Young, C. C. W., & Doyle, M. M. (2020). Global shifts in mammalian population trends reveal key predictors of virus spillover risk. *Proceedings of the Royal Society B*, 28720192736. doi: [10.1098/rspb.2019.2736](https://doi.org/10.1098/rspb.2019.2736)
- Rees, M. (2018). *On the future. Prospects for humanity*. Princeton University Press: Princeton and Oxford.
- WWF. (2020). Why we must close high risk wildlife markets. World Wildlife Fund. Disponible en <https://www.worldwildlife.org/stories/why-we-must-close-high-risk-wildlife-markets>

**JULI PERETÓ**. Catedrático de Bioquímica y Biología Molecular de la Universitat de València, vicedirector del Instituto de Biología Integrativa de Sistemas I²SysBio (UV – CSIC) y miembro numerario del Institut d'Estudis Catalans.

