

Hallan el primer coronavirus similar al MERS en murciélagos de América del Sur

André Juliao

25/03/2025

33 0

Cuota



El nuevo virus, detectado en el estado de Ceará, en Brasil, exhibe semejanzas con el causante del síndrome respiratorio de Oriente Medio, identificado en 2012. La realización de los experimentos con miras a descubrir si es capaz de infectar a los humanos están previstos para este mismo año.

Una colaboración entre investigadores de los estados de São Paulo y de Ceará, en Brasil, y de la Universidad de Hong Kong, en China, resultó en el descubrimiento de un nuevo

coronavirus en murciélagos, el primero en América del Sur íntimamente relacionado con el causante del síndrome respiratorio de Oriente Medio (MERS, por sus siglas en inglés).

El referido estudio salió publicado en el *Journal of Medical Virology*.

“Aún no podemos afirmar si tiene la capacidad de infectar a los humanos. Sin embargo, encontramos partes de la proteína de la espícula del virus [que se une a las células de mamíferos y pone en marcha la infección] que sugieren una potencial interacción con el receptor que utiliza el MERS-CoV. Para saber más, estamos planeando realizar experimentos en Hong Kong este mismo año”, comenta Bruna Stefanie Silverio, primera autora del estudio.

Silverio realizó su maestría en la Escuela Paulista de Medicina de la Universidad Federal de São Paulo (EPM-Unifesp) con una beca de la FAPESP y actualmente lleva adelante su doctorado en dicha institución.

En total, los investigadores identificaron siete coronavirus en muestras de cinco murciélagos recolectadas por el Laboratorio Central de Salud de Ceará (Lacen), en la ciudad de Fortaleza, la capital del estado de Ceará, con relieve para la gran diversidad genética de coronavirus hallada. Los animales pertenecían a dos especies (*Molossus molossus* y *Artibeus lituratus*), una insectívora y otra frugívora.

En el marco de otro estudio realizado por los grupos del Lacen-Fortaleza y de la Unifesp, se hallaron variantes del virus de la rabia de los títies en murciélagos (lea más en: agencia.fapesp.br/50228).

“Los murciélagos son importantes reservorios de virus, por eso deben ser objeto de una vigilancia epidemiológica constante. Este monitoreo permite detectar a los virus en circulación, y anticipar los potenciales riesgos de su transmisión a otros animales e incluso a los humanos”, recuerda Ricardo Duraes-Carvalho, docente de la EPM-Unifesp y director de tesis de Silverio.

El investigador coordina el proyecto intitulado “Murciélagos: vigilancia epidemiológica, filodinámica de alta resolución, búsqueda y diseño de péptidos de interés biotecnológico en virus emergentes y reemergentes”, apoyado por la FAPESP.

Similar al MERS-CoV

El coronavirus causante del MERS se detectó por primera vez en 2012 en Arabia Saudita, y provocó más de 800 muertes, con casos registrados en 27 países.

Los científicos brasileños lograron identificar una secuencia genética con un 71,9 % de similitud con el genoma del MERS-CoV. El gen que codifica a la proteína de la espícula

presentó un 71,74 % de identidad con la espícula del MERS-CoV, aislado en humanos en Arabia Saudita en el año 2015.

Para verificar si la misma puede unirse a las células humanas, será necesario concretar experimentos en laboratorios con un alto nivel de bioseguridad. La realización de estas pruebas está programada para este mismo en la Universidad de Hong Kong.

Silverio se prepara para cursar una pasantía en la Escuela de Salud Pública de dicha institución, en donde estará dirigida por el investigador Leo L. M. Poon, coautor del trabajo ahora publicado.

Otro virus, el mismo murciélago

En el marco de un trabajo previo, publicado en la misma revista, los investigadores identificaron un virus emergente en humanos, el gemykibivirus, descubierto en el mismo muestreo realizado en el Lacen-Fortaleza.

Los investigadores encontraron una gran semejanza con un gemykibivirus detectado en muestras del líquido cefalorraquídeo humano. El mismo virus también apareció en muestras de bancos de sangre, lo que había dado origen a un trabajo encabezado por investigadores del estado de São Paulo apoyados por la FAPESP, vinculados al Hemocentro de la ciudad de Ribeirao Preto y al Instituto Butantan.

En trabajos anteriores, ya se había informado acerca de la presencia de este gemykibivirus en pacientes con VIH, sepsis de origen desconocido, pericarditis recurrente y casos de diarrea y encefalitis de causa no explicada. Pero es la primera vez que se detecta este virus en murciélagos.

El virus hallado demandó el desarrollo de nuevos iniciadores o primers, pequeños tramos de ADN que se unen a determinadas partes de los genomas que se pretende conocer. En este caso, los primers se desarrollaron específicamente con base en la secuencia genética del gemykibivirus detectado en humanos.

“La falta de secuencias víricas disponibles en bancos de datos impidió que pudiésemos analizar más a fondo estos virus. Al mismo tiempo, el hecho de haber detectado agentes virales tan poco conocidos convierte a nuestro trabajo en una base para la realización de futuras investigaciones”, afirma Silverio.

Para Duraes-Carvalho, “nuestros estudios muestran la importancia de sistematizar, optimizar e integrar este tipo de análisis, con la participación de diversos sectores, para generar datos en plataformas unificadas que puedan utilizarse en los sistemas de salud, en el monitoreo e incluso en la prevención de nuevas epidemias y pandemias”, culmina diciendo... **(Agencia FAPESP).**