

**INVESTIGACION:** Como se busca el misterioso caso cero que origino la tragedia mundial.

**Martín De Ambrosio**

22 de septiembre de 2020 • LA LACION

Entre los muchos **secretos** que aún guarda la [pandemia de coronavirus](#), uno tiene que ver con el **primer caso**: quién fue el humano en quien se dio el salto de un virus que es habitual en los **murciélagos** -desde una [especie intermediaria](#), que podría ser un pangolín o no- y encendió un reguero que más de diez meses después no consigue apagarse.

La ciencia tiene algunas herramientas para intentar el rastreo y para evaporar incertidumbres, pero por ahora sólo logra plantearse hipótesis e intenta convivir con lo que todavía no se sabe. ¿Pudo haber sucedido más de una vez el salto del animal al humano? **¿Pudo haber ocurrido antes de 2019 y en otro lugar?** ¿Es importante saber quién fue el primer infectado?

## **El contexto**

El escenario inicial no varió. En la ciudad de Wuhan, médicos entrenados para detectar casos atípicos encontraron una neumonía singular en pacientes graves hacia diciembre del año pasado. Advirtieron que no cuadraba con ningún virus previamente conocido, se encendieron las alarmas, se iniciaron cuarentenas y el resto es historia conocida. Los medios locales sostuvieron que el primer caso se remontaba al 17 de noviembre (una persona de 55 años, según el periódico [South China Morning Post](#)), pero la comunicación científica -publicada en las revistas [Cell](#) y [The Lancet](#)- se restringe a un caso del 1 de diciembre: ese sería el primer enfermo.

El problema, y es algo que complica también el control de la enfermedad, es que por cada caso con síntomas hay otros sin síntoma alguno y otros con síntomas menores, que son virtualmente indistinguibles de resfríos. De modo que el primer paciente infectado y detectado por su gravedad por el sistema de salud chino pudo no haber sido el primer caso, sino el décimo o acaso el vigésimo. **¿Entonces, es imposible el rastreo?** No del todo. Aquí es donde sale en socorro la genética, que busca **hacer el camino al revés**: analizar a la inversa las secuencias de ARN que circulan en el presente para hallar al primer SARS-CoV-2 a partir del cual se dieron todas las mutaciones y llegar al "padre" o al ancestro desde donde salen los virus que fueron contagiando sucesivamente a decenas de millones de humanos. Así es que se puede determinar, o ir determinando progresivamente, un origen.



El mercado de Wuhan

El concepto clave es **la mutación**, que no es otra cosa que los cambios que se dan en cada replicación viral. "Los estudios bioinformáticos a partir del análisis de las secuencias genómicas indican que el comienzo de la diversificación del SARS-CoV-2 en el humano dataría de mediados o fines de noviembre de 2019", escribieron los investigadores del Instituto de Investigaciones en Bacteriología y Virología Molecular (IBAVIM, UBA/Conicet) Carolina Torres y Horacio Campos en el reciente [Boletín del XIII Congreso Argentino](#)

[de Virología](#). Como los propios autores se encargan de remarcar, la estimación de noviembre de 2019 corresponde "al comienzo de la transmisión humano-humano y no al momento del salto de especie al humano, que pudo haber sucedido previamente una o más veces sin que ocurra un ciclo sostenido de transmisión entre humanos". Ese eslabón aún falta.

"Es posible que nunca se sepa porque tal vez fue alguien que no llegó nunca al sistema de salud", plantea Torres a LA NACION. Pero sí se puede "acercar el bochín, estimar la fecha desde la que se comenzó a diversificar el virus".

Se puede estimar la fecha desde la que se comenzó a diversificar el virus.

Otra posibilidad es analizar muestras de sangre tomadas antes, de octubre y noviembre de 2019 por ejemplo, para **comprobar si ya había anticuerpos que indicaban que ese salto se había dado**. El científico de Columbia Ian Lipkin, célebre por participar en el film Contagio, trabaja en ese desafío con funcionarios chinos. "Yo creo que pronto, quizá en los próximos meses, habrá alguna novedad en referencia a las muestras de los primeros individuos infectados, o a los reservorios o intermediarios implicados", concluye Torres. Algo sí se modificó en estos meses: el mercado de mariscos de Wuhan tal vez no haya sido el lugar donde se dio el salto sino, apenas, el escenario donde existió el primer brote. "Se hicieron un montón de pruebas, con análisis de todos los animales y no encontraron nada. Sí encontraron el virus en muestras de ambiente, como puertas y demás, pero no en animales. Así que no hay evidencias de que el salto haya sido ahí. La reconstrucción actual indicaría que fue anterior y que el mercado fue el lugar de un brote",

explica Humberto Debat, virólogo e Investigador del [INTA](#) en la ciudad de Córdoba, a LA NACION.

La reconstrucción indicaría que fue anterior y que el mercado fue el lugar de un brote.

Según distintos trabajos publicados en revistas prestigiosas, en la provincia de Hubei, donde está Wuhan, hay relativamente pocos coronavirus en los murciélagos y los que se han secuenciado son de alguna manera distantes del SARS-CoV-2. La similitud encontrada, de 96 o 97%, que parece mucho, en realidad representa más de 20 años de evolución, dice un estudio de Cell. "Tenemos información todavía fragmentada", indica Torres. "Algunos coronavirus son de animales que están muy lejos físicamente, a cientos de kilómetros. Faltan eslabones en el medio. Se está tratando de ver en muestras clínicas humanas, de noviembre, de octubre y para atrás. Y por otro lado, también en muestras de animales", agrega.

## **¿Y si llegó antes?**

Las informaciones de veracidad espinosa salen a veces de las propias usinas académicas. Parece ser el caso de un informe generado por la [Universidad de Barcelona](#) en el que se sostenía que se había detectado el SARS-CoV-2 en aguas residuales de la ciudad catalana en una fecha tan temprana como marzo de 2019, algo improbable tanto por epidemiología (ningún caso grave detectado) como por la misma evolución del virus. Por tratarse de algo inusitado, y con una cuota de morbo añadido, generó noticias en todo el mundo, pese a que su grado de evidencia era, por lo menos, bajo. Y se sumó a otros

reportes de posibles casos antes de los primeros de China. "Hay un factor común en estos casos rimbombantes de coronavirus previos a Wuhan: siempre fueron estudios flojos de papeles", dice Debat.

Jerónimo Cello, un investigador argentino que trabaja en el Centro de Enfermedades Infecciosas de la [Universidad Stony Brook](#) en los Estados Unidos, coincide en que las pruebas son débiles, pese a que reivindica la calidad del científico principal del trabajo, Albert Bosch. "Encontraron trazas del virus, pero hasta donde sé es una sola parte del genoma que buscaban y no otras partes que tendrían que haberse revelado", afirma. Si el virus llevara conviviendo con humanos ocho meses más de los que se pensaba, eso se podría ver al analizar los genes. Y lo cierto es que no se refleja.

Este virus muta la mitad de lo que lo hace el de la influenza porque tiene un sistema muy rudimentario de corrección de errores.

En cambio, **sí podría ser que los "casos cero" de cada país fueran previos a los primeros detectados, pero el nexa con China hipotéticamente debería poder reconstruirse.** "Se podría hacer una extrapolación con recuperación ancestral para saber si provino de ahí. De hecho, con 176 genomas se hicieron estudios y se determinó que el ancestro común de todos los virus secuenciados en el planeta puede ser de los primeros días de noviembre, en consonancia con los primeros sintomáticos de China", explica Debat. La clave está en la tasa de mutación del virus. "Este virus muta la mitad de lo que lo hace el de la influenza porque tiene un sistema muy rudimentario de corrección de errores: se puede hacer un árbol genómico para mostrar cómo cambia con el tiempo y así remontar el camino", completa Cello.

## **Por qué es importante conocer el caso cero**

El que durante mucho tiempo se creyó que era el primer caso, o paciente cero, del VIH-sida finalmente no era. Después de que el virus apareciera tempranamente en el Congo y de ahí saltara a Nueva York, se estimó que Gaëtan Dugas, un trabajador de una aerolínea fallecido en 1984, había sido quien diseminó el virus por Manhattan. Décadas después, por análisis genéticos, se supo que Dugas era sólo una de varias personas contagiadas. Por eso, para algunos científicos, incluso "paciente cero", como concepto, es algo tóxico. En el caso de la actual pandemia, importa menos la persona individual que el acto de la primera infección **para que ese mapeo permita tomar decisiones.**

Entonces, ¿quién pudo haber sido el caso cero? Torres imagina un escenario: "Hipotéticamente, debió haber sido alguien que tuvo contacto con un animal o alguien que vive en zona donde un murciélago excretó el virus, que vive en materia fecal, y posiblemente tomó alguna hoja de un árbol, quizá para hacerse una infusión, y así pudo haber llegado a estar en contacto". **Conocerlo con certeza es importante no sólo por curiosidad científica sino para que se haga algo al respecto.** Por ejemplo, cambiar alguna práctica y que no vuelva a suceder.