

## Futuras pandemias virales que presumiblemente serán más devastadoras para Homo sapiens que la Covid-19

**Tomás González Villa y Jorge Barros Velázquez**

*Académicos de Número Real Academia de Farmacia de Galicia*

Indudablemente todos los ciudadanos del mundo hemos estado preocupados, incluso asustados, por la pandemia generada por el nido viral (coronavirus) de 2019, que probablemente generará un número de fallecidos no superior al millón de personas en todo el planeta. Si bien estos números representan apenas un 1% de los 100 millones (algunos autores apuntan la cifra de 150 millones, aunque la cifra real probablemente nunca se sabrá) de muertos causados por el infame orthomyxovirus de la gripe de 1918 y sucesivas oleadas pandémicas del mismo grupo de virus ssRNA de 1957 ó 1968. O casi una nimiedad, si se nos permite decirlo (si no fuese por el drama familiar que supone la pérdida de seres queridos), si lo comparamos con los millones de muertos causados por el paramyxovirus del sarampión hasta que Hilleman consiguió una vacuna efectiva en 1964.

Estas pandemias virales son indudablemente importantes y deben preocuparnos como especie, pero no debemos olvidar que constantemente estamos siendo desafiados por una pléyade de virus y sobre todo de bacterias patógenas (no olvidemos que la tuberculosis todavía causaba en el año 2015 en torno a 1,5 millones de muertos al año, y se estima que a día de hoy provoca 600.000 muertes anuales), lo que debe guiarnos en el diseño de estrategias apropiadas para evitar los contagios masivos. Examinando las sucesivas pandemias acaecidas desde los albores del siglo XIX (cuando ya el 90% aproximadamente de las bacterias patógenas podían ser controladas), podemos concluir que como sociedad hemos fracasado en el control pandémico, incluso en el caso actual de covid-19.

Para un virólogo, el mundo de los virus RNA monocatenario es indudablemente apasionante, pero no debería ocasionar estragos en la sociedad. La mayoría de estos agentes exhiben una deriva genética considerable, por la que en cada ciclo replicativo se generan diversas variantes que pueden provocar la aparición de cepas más (o menos) virulentas que la parental y evadir la vacuna que se haya preparado a tal efecto. Los paramyxovirus, aunque posean RNA monocatenario de polaridad negativa, y teóricamente su replicación debería ser más lenta que los de polaridad positiva, lo cierto es que suelen ser considerablemente contagiosos y de propagación aérea, requiriendo períodos de incubación relativamente cortos. En este grupo se encuentra el anteriormente mencionado virus del sarampión, o el de la enfermedad de Newcastle (NDV, de Newcastle upon Tyne, UK), éste muy frecuente en poblaciones avícolas, habiéndose aislado variantes altamente virulentas (hasta el 90% de mortalidad) y otras inocuas. El NDV puede transmitirse a humanos y se ha especulado sobre su inclusión en programas de armamento biológico.

Más recientemente otro preocupante paramixovirus acaba de emerger, saltando nuevamente a los humanos desde otra especie animal. Se trata del virus nipah (VNi), que tiene como reservorio a los quirópteros (murciélagos): en este caso los pertenecientes a la familia Pteropodidae, género Pteropus, también conocidos como zorros voladores. Se han detectado variantes altamente virulentas, comparables al NDV, con un índice de mortalidad que probablemente llegue al 95%. Aunque inicialmente la propagación de VNi se circunscribía al cerdo, finalmente ha saltado al hombre con ese alarmante índice de mortalidad, vinculada a la aparición de una rápida y fatal encefalitis. No deja de ser curioso y preocupante que cada vez estemos encontrando más casos en los que estos mamíferos constituyen el reservorio inicial de virus de elevadísimo riesgo para el ser humano, ya sean rhabdovirus del vampiro, filovirus como los virus de Marburg y Ébola (o el cuevavirus asturiano emparentado con Ébola), o este emergente VNi. Otra cuestión es porqué se está exacerbando el salto de los virus desde otros animales a los humanos: probablemente este problema sea multifactorial, pero cada vez están ganando más terreno las hipótesis vinculadas al cambio climático.

Los orthomyxovirus (con el virus de la gripe a la cabeza), deberían constituir desde nuestro punto de vista el enfoque principal de este escrito. Primero, e indudablemente, por la intensa deriva genética que exhiben, ampliamente conocida y que limita en ocasiones la eficacia de las vacunas desarrolladas contra ellos. En segundo lugar, por sus elevadas tasas de infectividad y de dispersión (casi tan altas como las de los paramyxovirus); y, finalmente, por la cortísima duración de su ciclo productivo. Además, estos virus (los orthomyxovirus de la gripe humana, grupos B y C), tienen la capacidad de propagarse bidireccionalmente entre los humanos y otros animales (como el cerdo), lo que genera modificaciones sucesivas de su virulencia que pueden hacerles especialmente peligrosos e imprevisibles. Además, y como es bien sabido, los orthomyxovirus del grupo A están presentes de modo natural en una variedad de animales (como aves, felinos, équidos, focas o suidos) y, como se indicó anteriormente, exhiben el riesgo de su potencial salto a los humanos, originando así nuevos brotes epidémicos que pueden transformarse en pandemias si no se toman las medidas adecuadas.

Ante la magnitud de tal amenaza, no debemos caer en la autocomplacencia, la planificación a corto plazo, la falta de previsión o la reiteración de antiguos errores. Seamos conscientes de ello y empecemos a desarrollar vacunas frente a estos nuevos virus pandémicos que se nos avecinan para que no nos cojan desprevenidos, como en esta última pandemia.