



<p>TÍTULO</p>	<p>Caracterización genómica y epidemiología del nuevo coronavirus 2019: implicaciones para los orígenes del virus y la unión al receptor. (Genomic characterisation and epidemiology of 2019 novel coronavirus: implications for virus origins and receptor binding).</p>
<p>AUTORES</p>	<p>Roujian Lu, Xiang Zhao, Juan Li, Peihua Niu, Bo Yang, Honglong Wu, Wenling Wang, Hao Song, Baoying Huang, Na Zhu, Yuhai Bi, Xuejun Ma, Faxian Zhan, Liang Wang, Tao Hu, Hong Zhou, Zhenhong Hu, Weimin Zhou, Li Zhao, Jing Chen, Yao Meng, Ji Wang, Yang Lin, Jianying Yuan, Zhihao Xie, Jinmin Ma, William J Liu, Dayan Wang, Wenbo Xu, Edward C Holmes, George F Gao, Guizhen Wu, Weijun Chen, Weifeng Shi, Wenjie Tan.</p>
<p>REVISTA</p>	<p>The Lancet</p>
<p>ORIGEN</p>	<p>China</p>
<p>RESUMEN</p>	<p>Métodos: Se analizaron a nueve pacientes de tres hospitales de Wuhan, con neumonía viral y negativos para patógenos respiratorios comunes. Se utilizaron células epiteliales de la vía aérea humana de la superficie apical libres de patógenos para inocular líquidos de lavado broncoalveolar. Se utilizó un Kit de ARN Viral QIAamp y para obtener una secuencia de alta calidad, se filtraron y se alinearon los datos, para después ser ensamblados. Se hizo un análisis filogenético para determinar la historia evolutiva del virus y su posible origen.</p> <p>Resultados: Se obtuvieron 8 secuencias completas y dos parciales de SARS CoV-2. Todas fueron casi idénticas entre sí, con una similitud de 99.9%, donde la mayor diferencia de nucleótidos fue de cuatro mutaciones. El análisis filogenético reveló que SARS CoV-2 es un nuevo betacoronavirus del subgénero Sarbecoviru, que puede clasificarse en tres grupos de antecedentes (clados): 1) dos cepas relacionadas con el SARS-CoV de Rhinolophussp de Bulgaria y Kenia; 2) una cepa con 2019-nCoV de Wuhan y dos cepas similares a SARS derivadas de murciélagos del este de China; y 3) cepas de SARS-CoV de humanos y coronavirus genéticamente similares a SARS de murciélagos, recolectados del suroeste de China.</p>

1





	<p>Discusión: Se identificó el nuevo virus 2019-nCoV, perteneciente al subgénero Sarbecovirus. Este virus fue muy similar a dos cepas de coronavirus derivadas de murciélagos. Ocho de los nueve pacientes analizados habían estado en el mercado de mariscos de Wuhan, por lo que se considera que estuvieron cerca de la fuente original de infección. Al ser muestras prácticamente idénticas (99.9%) se sugiere que el virus se originó en una sola fuente, en un período muy corto y se detectó con relativa rapidez. A pesar de su similitud con los virus de murciélagos, se cree que éstos no son antepasados directos del SARS CoV-2, por lo que se sugiere que otro animal está actuando como un huésped intermedio entre los murciélagos y los humanos, pues el brote se informó por primera vez a fines de diciembre de 2019, cuando la mayoría de las especies de murciélagos en Wuhan están hibernando y no se vendieron ni se encontraron murciélagos en el mercado de mariscos de Wuhan.</p>
<p>HALLAZGOS CLAVE</p>	<ul style="list-style-type: none"> • SARS CoV-2 está relacionado en 88% a dos virus de murciélagos que causan síndrome respiratorio agudo severo, mientras que SARS-CoV está relacionado en 79% y 50% al MERS-CoV. • Aunque los murciélagos podrían ser el huésped original del virus, un animal vendido en los mercados de Wuhan podría representar un huésped intermedio que facilitó la aparición del virus en humanos. • Las secuencias del genoma de SARS CoV-2 en los pacientes analizados son casi idénticas, lo que sugiere que este virus es reciente en humanos.
<p>DATOS SECUNDARIOS</p>	<ul style="list-style-type: none"> • SARS CoV-2 tiene un dominio de unión similar al SARS-CoV, aunque a nivel de todo el genoma está más cercano a bat-SL-CoVZC45 y bat-SL-CoVZXC21 (virus de murciélago). • El virus podría ser capaz de unirse a la enzima convertidora de angiotensina 2 ACE2.
<p>CITA</p>	<p>Lu R, Zhao X, Li J, et al. Genomic characterization and epidemiology of 2019 novel coronavirus: implications for virus origins and receptor binding. The Lancet. Published online January 29, 2020. DOI: 10.1016/S0140-6736(20)30251-8.</p>
<p>DESCARGA</p>	<p>https://www.thelancet.com/journals/lancet/article/PIIS0140-6736(20)30251-8/fulltext</p>

2

