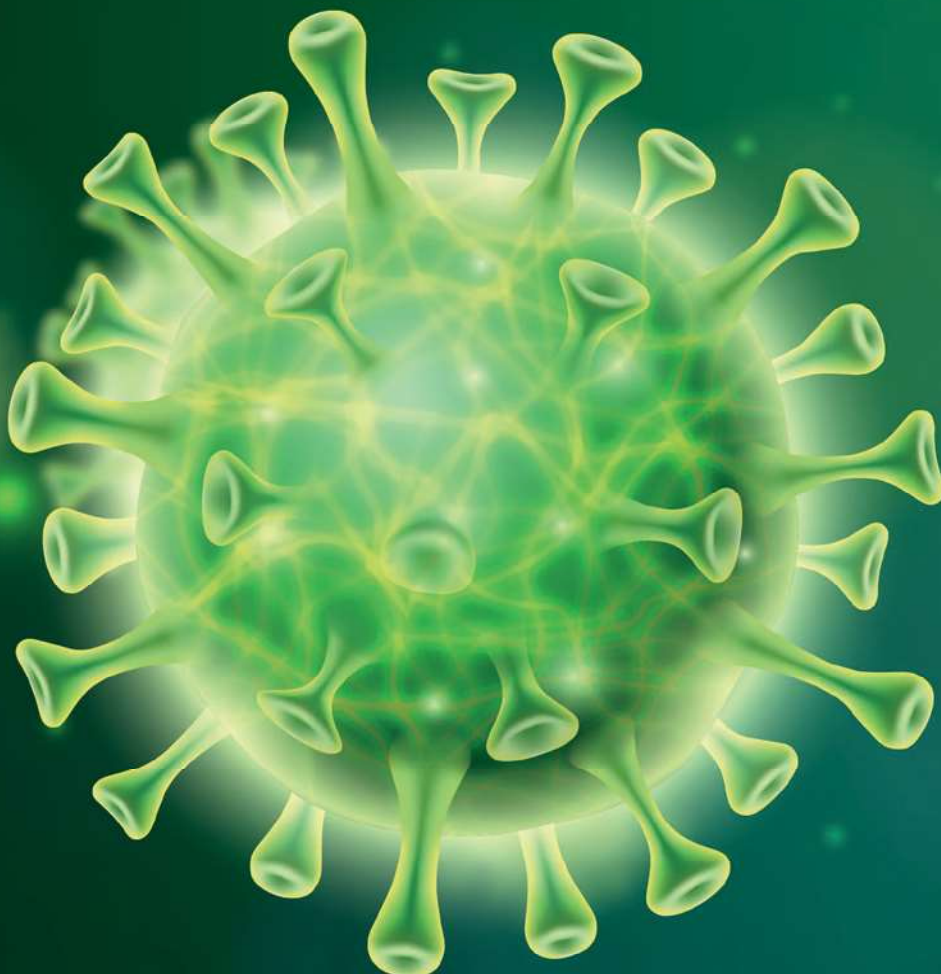


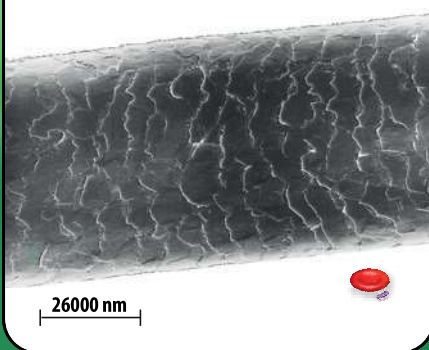
. . . n o t a e s p e c i a l . . .

¿QUÉ NOS PUEDEN DECIR LOS GENES DEL **CORONAVIRUS?**

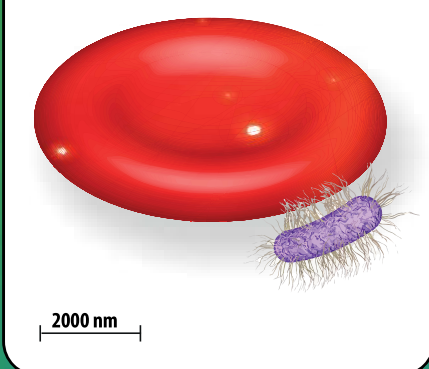
LA HUELLA GENÓMICA
de los
CORONAVIRUS MÁS AUSTRALES DEL MUNDO



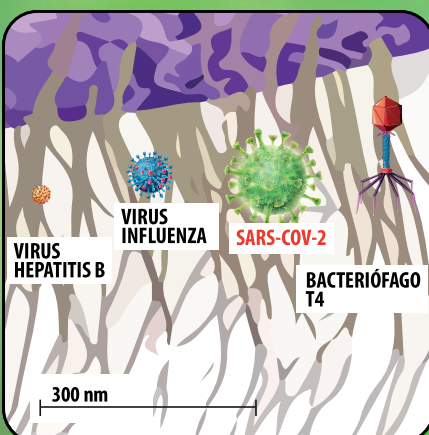
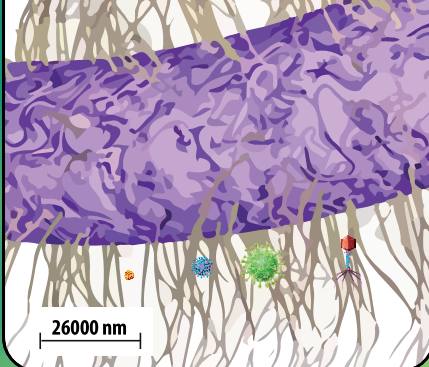
CABELLO HUMANO



GLÓBULO SANGUÍNEO



ESCHERICHIA COLI



¿Qué son los virus?

Antes de hablar del famoso coronavirus, debemos indagar sobre qué son los virus en general: ¿Son células? ¿Son organismos vivos? La realidad, es que los virus se consideran “agentes infecciosos microscópicos acelulares”. Esto quiere decir que no son considerados células. Ni siquiera organismos vivos, ya que no son capaces de “vivir” o funcionar por sí mismos, sino que requieren de una célula u organismo vivo a quien infectar. Una vez que el virus logra infectar, es la célula o el organismo hospedador quien hace todo el trabajo por el virus: le fabrica todos los componentes necesarios para hacer más partículas virales, que después infectarán otras células. ¿Pero entonces, no son organismos vivos? A nosotros nos parece que son demasiado vivos, ya que logran que las células que infectan, ¡trabajen para ellos!

Coronavirus y SARS Cov-2

Existen diferentes tipos de virus. Algunos son capaces de infectar una bacteria, y otros que infectan plantas, insectos y por supuesto animales, como los seres humanos. Los virus causan enfermedades de todo tipo, desde un resfrío común, hasta ébola o hepatitis, entre otras. El SARS Cov-2 es un tipo particular de virus, perteneciente a la familia de los coronavirus y que causa la enfermedad COVID-19. Su nombre viene de las siglas en inglés “Severe Acute Respiratory Syndrome-related Coronavirus” o *Coronavirus relacionado con el Síndrome Respiratorio Agudo Severo*. Como su nombre lo indica, no es el primer coronavirus de este estilo que afecta a humanos, sino el segundo. El SARS original causó una epidemia en el año 2002, de la que poco escuchamos o recordamos porque no alcanzó a nuestro país y, de hecho, fue contenida utilizando las mismas medidas que se aplicaron al comienzo de esta pandemia: aislamiento preventivo y distanciamiento social. Pero el SARS Cov-2 parece venir recargado.

¿Cuál es el origen del SARS-Cov-2?

El primer caso documentado de este *Síndrome Respiratorio Agudo Severo*, se da en la ciudad de Wuhan, China, el 1º de diciembre del 2019. A partir de allí, comenzó a dispersarse rápidamente y el 31 de diciembre, China alerta a la Organización Mundial de la Salud sobre una neumonía de causa desconocida, en muchos casos fatal. El 10 de enero de 2020 no sólo se había identificado el agente causante de dicha enfermedad, sino que se había secuenciado el primer genoma, identificándolo así por primera vez como un co-

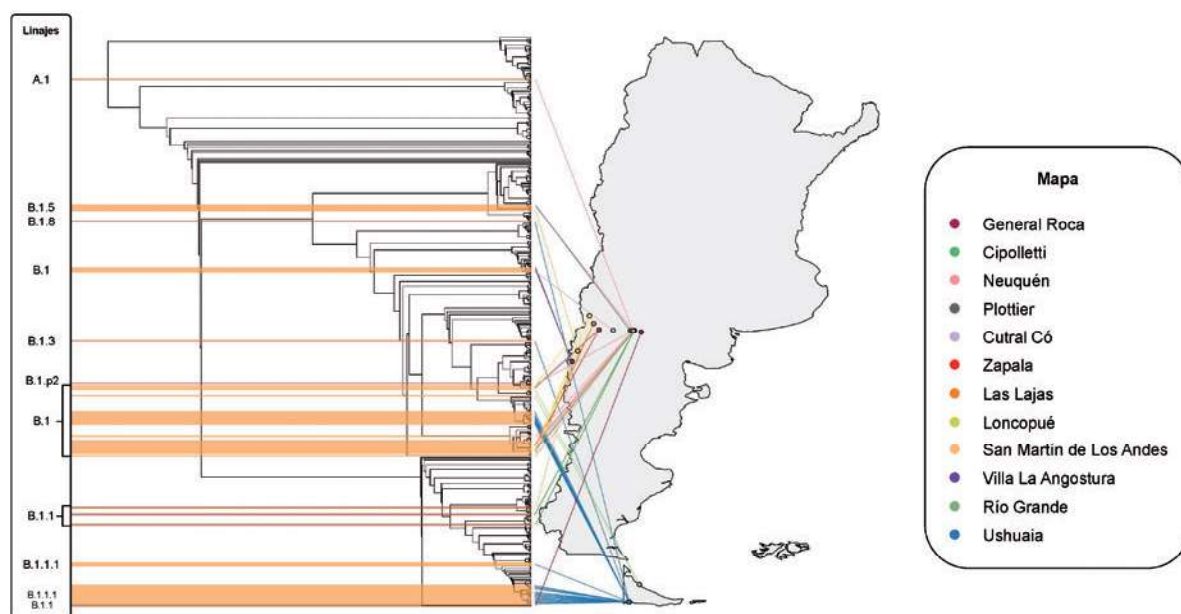


Figura 1. Árbol filogenético de los genomas secuenciados en Patagonia. Se incluyeron además genomas de todo el mundo para poder identificar los diferentes linajes que se indican en la barra de la izquierda.

ronavirus “primo hermano” del primer SARS. Se sospecha que el primer contagio se dio de un animal, aún no sabemos con certeza cuál, a un ser humano. Si bien el coronavirus más parecido al SARS-CoV-2 que se conoce fue aislado de una especie de murciélago, no son suficientemente parecidos como para considerarlo el ancestro inmediato. Es decir, cabe la posibilidad de que exista algún otro animal intermediario.

¿Qué significa secuenciar un genoma?

En primer lugar, debemos explicar ¿Qué es un genoma? La palabra genoma se refiere a la información genética total de un organismo. Es decir, la información que se transmite de una generación a la siguiente y que contiene las “instrucciones” necesarias para que un organismo se desarrolle, funcione y se reproduzca. Desde hace aproximadamente 70 años sabemos con certeza que esa información está contenida en un tipo de sustancia biológica que denominamos ácidos nucleicos. Los llamamos así simplemente porque son sustancias ácidas que se encuentran en el núcleo de las células. La gran mayoría de los organismos poseen genomas que están formados por el ácido nucleico más famoso, el ADN, aunque el genoma de algunos virus, como el coronavirus, son de ARN, una sustancia muy similar al ADN. A pesar de contener información muy compleja, desde el punto de vista químico, ambas sustancias son muy simples ya que están conformadas por solo cuatro

bloques o “letras” diferentes que llamamos nucleótidos y que están unidos linealmente formando una secuencia. De la misma forma que las palabras se pueden formar a partir de las 27 letras del alfabeto, se podría decir que una secuencia de ADN está formada por la combinación de únicamente 4 letras (A, C, G o T). Estas letras son exactamente las mismas en todos los organismos conocidos, incluyendo plantas, animales, hongos, bacterias y virus. Sin embargo, la información que contienen es muy diferente porque el orden en que se unen, es decir la secuencia, es particular de cada uno. El genoma del SARS-CoV-2 tiene 30.000 letras, lo cual es bastante grande para ser un virus, aunque es minúsculo si lo comparamos con el del ser humano, por ejemplo, que tiene casi 3000 millones. Secuenciar el genoma del coronavirus implica determinar el orden preciso de esas 30.000 letras.

¿Por qué nos interesa obtener los genomas del coronavirus que circulan en Tierra del Fuego?

El genoma de un virus u organismo puede considerarse también como una huella genética, algo que lo identifica, algo así como las huellas dactilares, que son únicas para cada individuo. De igual forma, esta huella genética es única para los distintos coronavirus que circulan en distintas partes del mundo. ¡Ojo! Todos son coronavirus, pero no son idénticos entre sí.

¿Y por qué es así? A partir del primer contagio y a medida que el virus se fue propagando y se fueron contagiando nuevas personas, el virus fue haciendo copias de sí mismo, es decir, copias de su genoma. Pero estas copias no siempre son perfectas, eventualmente ocurren “errores” de copiado a los cuales llamamos mutaciones. Estas mutaciones hacen que el genoma de un virus inevitablemente cambie con el tiempo, en otras palabras, que evolucione. Las mutaciones además son responsables del origen de nuevas variedades del virus, que se conocen como linajes. Utilizando el genoma de los virus de distintos pacientes de todo el mundo podemos estudiar la evolución del coronavirus para entender mejor cómo y cuánto cambia o evoluciona. Esa *historia evolutiva* la podemos representar gráficamente en un esquema con forma de árbol que llamamos filogenia. Sería algo parecido a una genealogía familiar, donde podemos encontrar una rama o tronco principal que representa el origen del virus y que a medida que avanza el tiempo se va ramificando en los diferentes linajes genéticos o variedades (FIGURA 1). Y una de las preguntas que nos hacen con mayor frecuencia a los que trabajamos en estos temas es: ¿Y qué tiene que ver todo esto con la vacuna? Bueno, algo que va a ser importante verificar es si las vacunas que eventualmente estén disponibles serán efectivas contra todas las ramas del árbol filogenético del coronavirus o si tendrá mayor efectividad contra algunas ramas en particular. Y si queremos verificar si las vacunas serán efectivas contra las **cepas** de coronavirus que circulan en Argentina, lo primero que hay que hacer es secuenciar su genoma para ver en qué ramas del árbol filogenético se ubican.

Estas filogenias o historias evolutivas tienen muchas otras utilidades también. Por ejemplo, a partir del árbol filogenético podemos ver qué países comparten las mismas ramas con Argentina y de ese modo hacer deducciones acerca de desde dónde llegó el virus al país. Lo mismo se puede hacer a una escala geográfica más pequeña dentro de Argentina, o dentro de una provincia o dentro de una ciudad para investigar cómo se generó una cadena de contagios. En definitiva, podemos contrastar los datos genómicos con datos epidemiológicos para entender mejor como es la circulación y de esa manera diseñar mejores medidas para contenerlo. Es posible incluso hacer estudios para asociar la severidad de la enfermedad con las características genéticas o variedades virales.

▪ Nuestro aporte como científicos:

Proyecto PAIS

Los científicos argentinos intentamos aportar nuestro granito de arena a través del desarrollo y puesta en funcionamiento de diferentes proyectos con relación a la pandemia. Nosotros en particular, formamos parte del denominado Proyecto Argentino Interinstitucional de genómica de SARS-CoV-2 (Proyecto PAIS). Un proyecto multidisciplinario conformado por decenas de investigadores de todo el país, liderado por la Dra. Mariana Viegas del Hospital de Niños Ricardo Gutiérrez de la Ciudad de Buenos Aires. El objetivo del proyecto es secuenciar al menos 1000 genomas de SARS-CoV-2 de pacientes de toda la Argentina, procesar los datos y analizar los resultados. Durante el mes de junio, mediante un trabajo en conjunto entre el CADIC, el Hospital Regional Ushuaia y la UNTDF, fuimos capaces de aportar al Proyecto PAIS secuenciando más de 50 genomas patagónicos correspondientes al primer brote de COVID-19. De esa secuenciación se pudo determinar entre otras cosas que se habían producido al menos 7 introducciones independientes del virus en la provincia de Tierra del Fuego. . 🔍

GLOSARIO

CEPAS: virus que se aísla de un paciente en particular. Cada cepa es única porque corresponde a un individuo.

• Páginas web:

Proyecto Argentino Interinstitucional de genómica de SARS-CoV-2 <http://pais.qb.fcen.uba.ar/index.php>



LECTURA
SUGERIDA

SANTIAGO G. CEBALLOS

CPA-UNTDF / CADIC-CONICET
sceballos@untdf.edu.ar

CRISTINA F. NARDI

ICPA-UNTDF / CONICET

DANIEL A. FERNÁNDEZ

CADIC-CONICET

página

19

