

Científicas argentinas lograron un descubrimiento clave para conocer las características del “coronavirus argentino”

30/04/2020

Científicas argentinas lograron identificar la secuencia genética del coronavirus de 26 pacientes, lo que permitirá responder cuáles son las características del SARS-CoV2 que circula en el país y a futuro verificar si las vacunas que se desarrollan en otras partes del mundo servirán aquí, informó a Télam la viróloga Mariana Viegas, coordinadora de la investigación.

La noticia fue confirmada en una entrevista a la profesional de la salud que realizó Télam.

El trabajo, desarrollado por un equipo conformado por mujeres, se realizó en el **Laboratorio de Virología del Hospital de Niños Dr. Ricardo Gutiérrez** como integrante del “Consortio interinstitucional para la Secuenciación del genoma y estudios genómicos de SARS-CoV2” creado por el ministerio de Ciencia, Tecnología e Innovación y cuyo objetivo es estudiar unos mil genomas de todo el país.

¿En qué consiste el trabajo que realizaron?

Mariana Viegas: Lo que hicimos fue secuenciar el genoma de cepas de 26 pacientes de Argentina. Y lo que identificamos fueron cuatro linajes diferentes del virus que ya habían sido descritos, con sus características particulares del país.

¿Qué significa ‘secuenciar el genoma’ de un virus?

M.V.: El material genético es la información que tienen todos los organismos sobre cómo está hecho ese organismo y cómo debe comportarse. Ese material está 'codificado' en el genoma, en los seres humanos está en los cromosomas y se traduce en proteínas y otras funciones, lo que se llama ADN. En el caso de este virus esta información está en el ARN (ácido ribonucleico), y nos va a decir cómo este virus es estructuralmente y cómo va a funcionar en un organismo.

La lectura de este genoma nosotros lo traducimos en letras, que combinadas entre sí dan el genoma y que depende de esa combinación van a dar una información.

Entonces, secuenciar un genoma implica poder leer cada una de esas letras que codifica la información de ese virus.

Mencionabas al principio las palabras cepas y linaje, ¿podrás explicar estos conceptos?

La cepa es el virus que se sacó o aisló de un paciente. Cada cepa es única porque corresponde a esa persona, ahora bien las características genéticas de esa cepa pueden ser exactamente iguales a las de otra persona. No es una clasificación. La cepa también se puede "aislar" de un cultivo viral, es decir, de un virus que cultivás en un laboratorio.

Para entender qué es un linaje hay que hablar de mutaciones, que son cambios en los genomas y es algo que hacen todos los virus constantemente. Esto implica que en la descripción que uno hace con las letras de un virus (secuenciación) hay variaciones, es decir, en una cepa tenés una letra en un lugar y en otra cepa tenés otra letra en el mismo lugar.

Esa letra puede cambiar sin producir nada en el virus, eso se llama mutación sinónima, o bien puede implicar un cambio en una proteína del virus y entonces es una mutación no sinónima; éstas son las que tienen importancia para entender el comportamiento del virus.

Ahora bien, para poder clasificar los virus, quienes nos dedicamos a esto, establecemos criterios. Entonces decimos, por ejemplo, cuando los cambios se dan en esta proporción se categorizan así y de ahí viene lo que denominamos linajes genéticos. Entonces, los científicos decimos tales virus que tienen tales cambios son del linaje A, tales del B, etc. Y a la vez fijamos sublinajes dentro de estas ramas: A1, A2, etc.

¿Qué está pasando con el nuevo coronavirus en el mundo a nivel de mutaciones?

Hasta hoy el virus ha cambiado poco, pero cambió. Sin embargo, hasta el momento no han habido cambios genéticos de tal magnitud que uno pueda pensar que para cuando esté lista la vacuna ya no va a servir. Igual nada es hoy cien por ciento seguro porque se trata de un virus que tiene sólo cuatro meses de historia en el ser humano.

¿Cuántos linajes identificados del SARS-Cov-2 existen?

Hay dos linajes A y B, cinco sublinajes del A y nueve del B hasta el momento. El B, que es el que nosotros encontramos, es el que tiene mayor circulación actual en todo el mundo.

Decía que aquí encontraron cuatro linajes diferentes...

Si, encontramos B1, B1.1, B1.3 y B1.5. Nosotros estudiamos tres grupos de pacientes: uno con personas que habían venido de viaje, otro de personas que estuvieron en contacto con viajeros confirmados, por ejemplo, un personal de salud que dijo que se había contagiado de alguien que llegó de viaje, y el tercer grupo de personas que adquirieron la infección por transmisión comunitaria.

Lo que vimos fue que del primer grupo la secuencia del genoma de los virus era similar a la que se habían reportado en otras partes del mundo de dónde esos pacientes habían viajado. En el caso del personal de salud, el virus era igual al de la persona que dijo que se había infectado, con lo cual

comprobamos que era ese el nexo epidemiológico.

Y en el tercer grupo encontramos cepas que se asociaban entre sí pero que no se asocian con otras que circulan en el resto del mundo, lo que podría mostrarnos cuáles son las cepas que están circulando localmente, pero se necesitan analizar muchas más cepas para definirlo.

¿Cuál es el objetivo de la secuenciación genética?

M.V: Con esa información se pueden analizar muchas cosas. Por ejemplo, mapas de cómo el virus se mueve de un lugar a otro; también nos puede permitir estudiar si el virus de una persona que tiene un cuadro más severo tiene alguna característica particular, o si analizamos muchas muestras nos puede servir para saber si el virus va mutando rápido; cuáles se adaptaron a nuestra población.

Por ultimo conocer las características de las cepas locales permitirá saber si una vacuna que se produzca en otra parte del mundo será efectiva aquí.