

# SARS-Cov2: virólogos argentinos describen características del virus circulante

*La doctora Mariana Viegas lidera un equipo de científicos que logró “secuenciar nuevos genomas virales de SARS-CoV2 en 26 pacientes”. En una entrevista brindada al Departamento de Comunicación del Rectorado de la UNNE explicó la importancia de este logro, que entre otras cosas permitirá encontrar una forma de detener el virus y definir una terapia para los enfermos.*

Si bien el coronavirus es un enemigo invisible, cada día que pasa se lo conoce un poco más y por lo tanto es más vulnerable. No es lo mismo enfrentarse a alguien de quien no sabemos de sus fortalezas ni sus debilidades, que a un contrincante susceptible a obstáculos de los más simple que se le pueda plantar.

Mucha gente en todo el mundo trabaja en estos tiempos intentando desenmascarar al SARS-CoV2 y así dejar expuestos sus más íntimos secretos. Desde un pequeño Laboratorio del Hospital de Niños Dr Ricardo Gutiérrez de Capital Federal, un equipo de virólogos del CONICET liderados por la doctora Mariana Viegas, obtuvo nuevas características del virus que circula en la Argentina al lograr “secuenciar nuevos genomas virales de SARS-CoV2 en 26 pacientes”.

Esta aproximación al virus permitió a los investigadores corroborar lo que se está observando a nivel global “este virus no cambia tanto, tiene una tasa de mutación mucho más baja que el virus de la influenza” expresó la doctora Viegas al Departamento de Comunicación del Rectorado de la UNNE.

La secuenciación de los genomas de los virus SARS-Cov-2 que se van aislando de las personas infectadas, permite elaborar un registro de cómo evoluciona el virus, para encontrar una forma de detenerlo y definir una terapia para los enfermos.

El resultado obtenido por el equipo de virólogos argentinos en esta primera etapa del proyecto, se hizo en base al análisis de 26 muestras de pacientes de Provincia y Ciudad



*Doctora Mariana Viegas, lidera un equipo de virólogos del CONICET con base en el Laboratorio del Hospital de Niños Dr Ricardo Gutiérrez de Capital Federal.*

de Buenos Aires. El trabajo logrará cerrarse cuando se estudien entre 900 y 1000 cepas de pacientes de todo el país, sobre todo de aquellas ciudades en donde ya se registra una circulación local del virus.

En ese sentido, la doctora Viegas adelantó que en el plazo de un mes aproximadamente podrá hablar con más certeza respecto del virus que circula en el Chaco, una de las Provincias más afectadas por la pandemia. Con el envío de

muestras, el Chaco es uno de los nodos que participan del proyecto junto con Santa Fe, Tierra del Fuego, Neuquén y Córdoba.

Linaje. Hay determinadas maneras que los científicos en biología proponen para clasificar a los virus. Uno de ellos es catalogarlos por "linaje".

Los SARS-Cov-2 se clasifican en dos grandes linajes A y B, dentro de cada uno de ellos hay sublinajes A1, A2, A3, A4....y B1, B2, B3.....hasta un número elevado y sin límites. Van apareciendo sublinajes cada vez que el ARN del virus cambia de manera sustancial.

*"...este virus tiene una tasa de mutación mucho más baja que el virus de la influenza"*

Se ha visto que el virus que circula en el mundo es en su mayoría es del Linaje B", comentó la doctora Viegas. "En las 26 cepas estudiadas encontramos cepas de varios linajes B1.1, B1.3; B1.5, B1.27. Esto implica que hubo múltiples introducciones de virus a lo largo de los casos importados de ciertas partes del mundo y que se correlacionan con los virus de los países a los que las personas dijeron haber viajado" agregó.

"También hay linajes asociados a linajes de otros países pero con algunos cambios y los asociamos a lo que llamamos "claros genéticos o grupos genéticos de virus". Estos casos puntuales nos está mostrando que podría ser un grupo del virus que ya está instalado en la población".

En síntesis, la primera parte del proyecto mostró que el virus del SARS-Cov-2 circulante pertenece al gran linaje B1, con presencia de algunas cepas con características propias del territorio, pero que no difiere mucho de lo que está circulando en el resto del mundo.

*El trabajo logrará cerrarse cuando se estudien entre 900 y 1000 cepas de pacientes de todo el país*

La segunda etapa del proyecto, que incluirá muestras de las regiones más afectadas por el coronavirus, permitirá hacer una clasificación más precisa de los virus que finalmente están establecidos en las distintas provincias.

Por Juan Monzón Gramajo