

Inach junto a otros equipos colaboradores

Equipo chileno logra secuenciar el genoma de la influenza aviar

● Un equipo multidisciplinario asociado al Programa Nacional de Ciencia Antártica ha logrado un avance significativo en la comprensión de esta enfermedad altamente patógena (HPAIV H5N1) en la Antártica.

Crónica
periodistas@elpinguino.com

Un equipo multidisciplinario de científicas y científicos chilenos asociados al Programa Nacional de Ciencia Antártica (Procien) ha logrado un avance significativo en la comprensión de la influenza aviar altamente patógena (HPAIV H5N1) en Antártica: secuenciar su genoma completo.

Esto fue posible gracias al trabajo colaborativo de investigadoras e investigadores del Instituto Antártico Chileno (Inach), la Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias de la Universidad de Chile (Favet UChile) y la Facultad de Medicina de la Pontificia Universidad Católica de Chile (Medicina UC), quienes han podido tra-

zar el origen de este virus en el territorio antártico.

Este grupo fue creado para responder a la contingencia en Antártica. Durante el verano austral se realizó un esfuerzo de vigilancia sanitaria, completando finalmente la secuenciación del genoma de influenza H5N1 HPAIV, un hallazgo notable que, sin duda, aporta valiosa información sobre la presencia del virus en el continente más austral del planeta.

La expedición tuvo una duración de cuatro meses, desde diciembre de 2023 hasta marzo de 2024, donde el equipo realizó una vigilancia intensiva del virus y se identificaron aves infectadas con H5N1 HPAIV, las cuales fueron confirmadas posteriormente por el Servicio Agrícola y Ganadero (SAG). En concreto, fueron casos de skuas polares (*Stercorarius macormicki*) en la isla James Ross, cerca de la base Mendel de la República Checa, que en primera instancia fueron confirmadas por el laboratorio de influenza de Inach/Favet en la base Escudero, en isla Rey Jorge, y luego secuenciadas exitosamente por Medicina UC.

El Dr. Marcelo González, jefe del departamento científico del Inach y líder de esta iniciativa, resaltó la importancia de identificar especies



Benjamín Bennett, Gabriela Muñoz, Naomi Ariyama y Bárbara Berazay.

clave en la diseminación del virus. “La skua polar parece ser un actor crucial, pero podrían existir otros vectores involucrados. Debemos ser capaces de continuar con este tipo de estudios para comprender la diseminación y el impacto del virus en las poblaciones de fauna silvestre en la Antártica”.

Finalmente, la Dra. Catalina Pardo-Roa, a cargo de la secuenciación, destacó “la eficiencia de la tecnología de secuenciación por nanoporos que nos permitió implementar una plataforma local, gracias a la cual logramos obtener

el genoma completo en menos de una semana tras la llegada de las muestras al laboratorio”.

“Los resultados preliminares indican que los virus secuenciados están estrechamente relacionados con los detectados en las islas Georgia del Sur a finales de 2023 y a otros de Sudamérica. Esto demuestra una cadena de diseminación local que conecta casos del sur de Sudamérica con la Antártica”, agregó el Dr. Víctor Neira, quien desarrolló el análisis de los virus.