



Marcos Godoy

## Conociendo al enemigo

Los virus son estructuras simples, que presentan mecanismos de replicación que evolucionan rápidamente, esperando oportunidad para tomar contacto con nuevos huéspedes. En el caso del coronavirus SARS-CoV-2 existen entre ocho a 11 variantes en el mundo, según el siste-

ma de clasificación. La vigilancia genética es clave para fortalecer los programas de prevención y control de covid-19.

Los virus son en esencia material genético (ADN o ARN) que tienen como único objetivo su replicación y persistencia. No tienen vida, son parásitos intracelulares que dependen de

las funciones metabólicas y genéticas de las células vivas, pudiendo infectar todas las formas de vida. Son estructuras simples, que presentan mecanismos de replicación que evolucionan rápidamente, esperando oportunidad para tomar contacto con nuevos huéspedes, como el ser humano.

En la medida que los virus se replican, se encuentran continuamente cambiando su genoma como resultado de la selección genética.

La mutación ocurre cuando se incorpora un error en el genoma viral en el ciclo de replicación viral. La recombinación ocurre cuando los virus coinfectados intercambian información genética, creando uno nuevo.

Los virus de ARN -como el

SARS-CoV-2- tienen altas tasas de mutación, hasta un millón de veces más altas que sus huéspedes.

Una variante es una versión del virus que ha acumulado un grupo específico de mutaciones que hace que se comporte de forma diferente. Por otro lado, una variante se denomina cepa cuando muestra propiedades físicas distintas.

Entre las posibles consecuencias de la aparición de variantes genéticas se encuentran: el incremento en la capacidad de propagarse más rápidamente en las personas, causar una enfermedad más leve o grave, evadir la detección mediante pruebas diagnósticas virales específicas, disminución de la susceptibilidad a agentes terapéuticos y para evadir la in-

munidad natural o inducida por vacunas. Los virus se evolucionan rápidamente, esperando la probabilidad de ocurrencia de un huésped o población susceptible que permita su replicación y persistencia.

Se han propuesto hasta ahora tres sistemas de clasificación para el SARS-CoV-2 y así como se conocen nuevas variantes como B.1.1.7 (Reino Unido), la B.1.35 (Sudáfrica), la P.1 (Brasil), P.2 (Río de Janeiro, Brasil), B.1.525 (Nigeria), B.1.429 (California), B.1.526 (Nueva York), entre otras. En Chile, las con mayor presencia, de acuerdo con el Instituto de Salud Pública (ISP), son: B.1.1.7 y P.1.

La información de los geno-

mas virales obtenidos a través de la secuenciación masiva puede emplearse para analizar cómo emergen los virus, sus rutas de transmisión, persistencia y diseminación. De forma complementaria permite monitorear los cambios genéticos que pueden tener importancia en el diagnóstico, respuesta inmune a las vacunas y curso de la enfermedad, entre otros.

La implementación de programas permanentes de caracterización genética que involucren el desarrollo de capacidades locales a lo largo del país, es fundamental para mantener actualizado el conocimiento de la evolución de SARS-CoV-2.

**Marcos Godoy es académico de la Facultad de Medicina Veterinaria de la Universidad San Sebastián.**