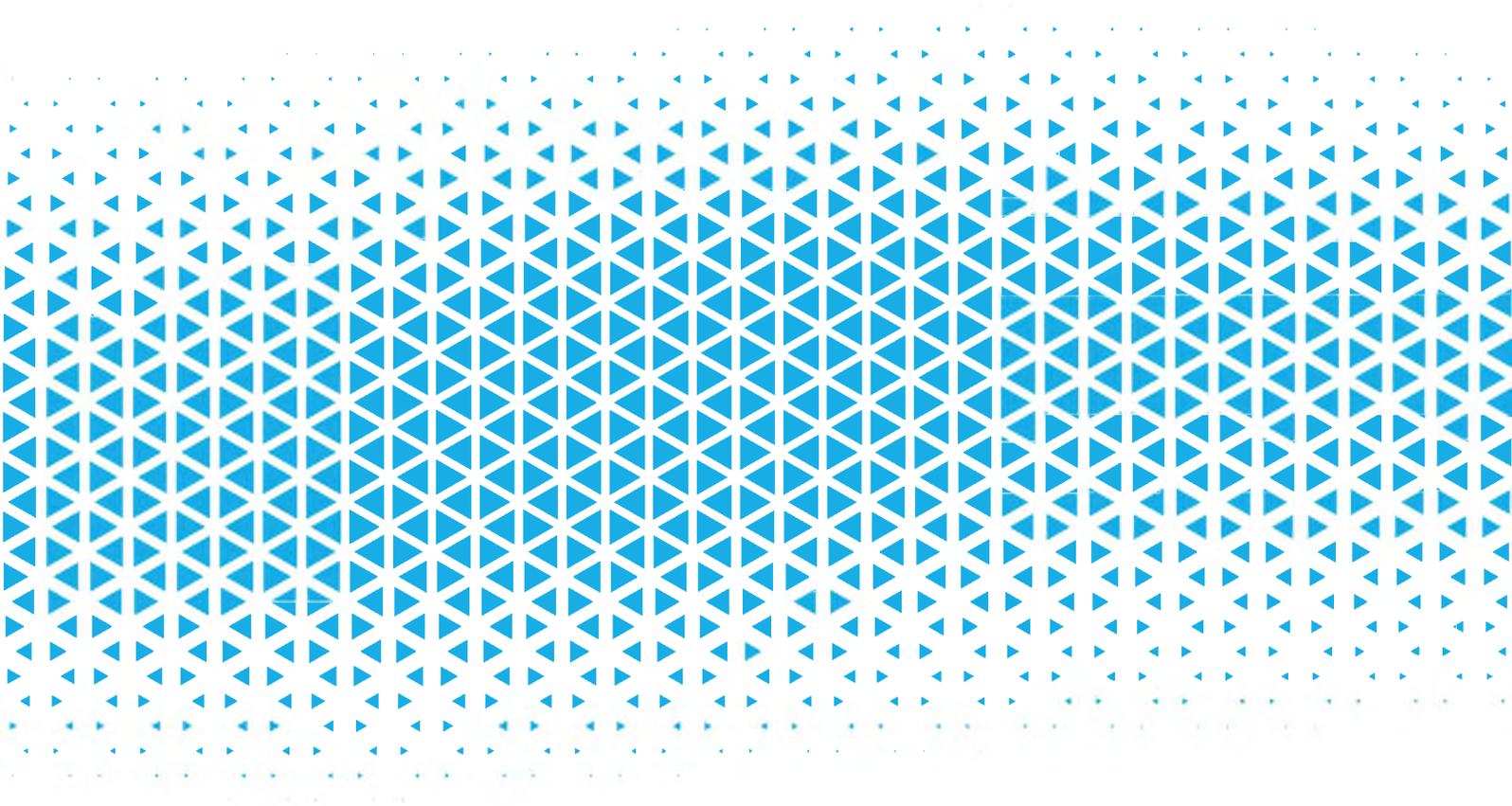


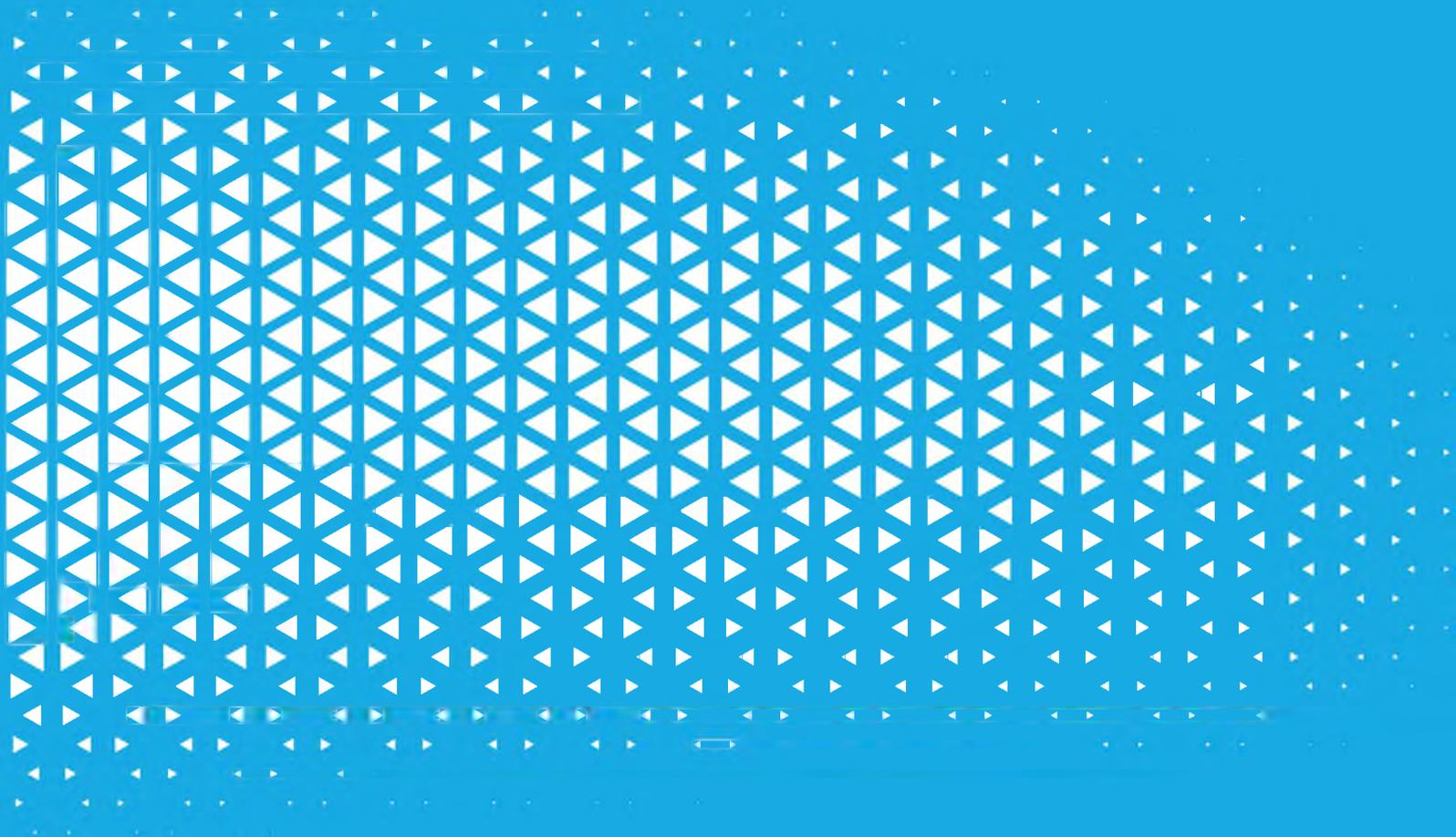
Año 2 - N° 1
Septiembre 2024
ISSN en línea 2953-6006



integrales

Revista de comunicación científico-tecnológica del
Departamento de Ciencias Aplicadas y Tecnología

Transformaciones



artículos

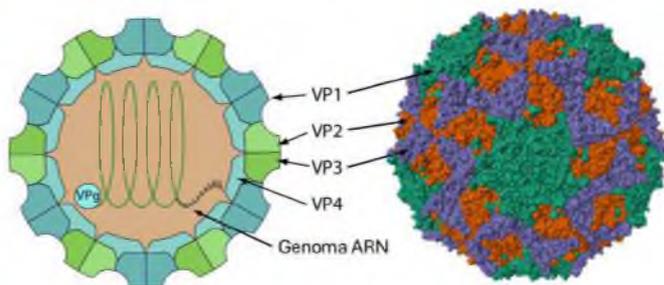
Nuevos picornavirus en el radar: Cosavirus y Cardiovirus Saffold

Carlos A. PALACIOS
Docente de la Licenciatura en Biotecnología – DCAYT (UNM)
cpalacios@fundacioncassara.org.ar

Eugenia E. ACOSTA, Agustina L. RODRÍGUEZ, Emanuel S. BACH, Camila A. ROJO, Belén D. LÓPEZ, Leila M. GRAMAJO, Sofía TUTTI, Aldana G. NIETO y Rodrigo D. O. MACÍAS
Estudiantes de la Licenciatura en Biotecnología – DCAYT (UNM)

Picornavirus: una familia viral en constante crecimiento

Los picornavirus (figura 1) constituyen uno de los grupos virales más relevantes en relación con su impacto en salud humana como veterinaria. Están distribuidos globalmente y han sido la causa de numerosas epidemias a lo largo de la historia. Son virus de genoma de ARN monocatenario de sentido positivo, que infectan a vertebrados de toda clase, y debido a mutaciones y recombinación de sus genomas, presentan una gran variabilidad genética. En la actualidad, se conocen 147 especies agrupadas en 63 géneros, con algunos de ellos esperando su clasificación, y la lista sigue creciendo (Zell et al., 2017). Dependiendo de qué integrante se describa, los picornavirus pueden causar infecciones subclínicas de humanos y animales o condiciones que van desde fiebre leve a enfermedades que afectan tejido cardíaco, hepático y sistema nervioso central, como el caso de la poliomielitis.



Picornavirus son virus no envueltos, con una cápside proteica de unos 30 nm de diámetro (0,000003 cm) que rodea a un genoma ARN simple cadena de entre 7 a 8 kb. La cápside es un icosaedro de 60 protómeros que se conforman por las proteínas VP1, VP2, VP3 y VP4 de manera interna. Figuras obtenidas de ViralZone (Hulo et al., 2011) y VIPERdb PDB: 5CFC (<https://viperdb.org>) (Montiel-García et al., 2020)

En el contexto del curso de Virología y Biotecnología Viral, realizamos la presente búsqueda bibliográfica, describimos brevemente lo que se conoce sobre dos nuevos picornavirus detectados por primera vez en nuestro país, en el último tramo de la cuenca del río Matanza-Riachuelo, y comentamos sobre la importancia de la biotecnología en la obtención de información mediante el monitoreo de la calidad del agua.

Cosavirus (CoSV) y Cardiovirus Saffold (SAFV)

Estos virus pertenecen a dos de los ocho géneros que causan impacto en salud humana, junto con los Enterovirus, Parechovirus, Hepatovirus, Kobuvirus, Salivirus y Rosavirus (Hulo et al., 2011; López et al., 2021).

Cosavirus comprende un grupo de virus actualmente distribuido globalmente con mayor presencia en el sur de Asia, se

detectó por primera vez en 2008, tanto en pacientes pediátricos con gastroenteritis como en asintomáticos (Kapoor et al., 2008). En los últimos años se encontró CoSV en muestras de aguas residuales crudas de diferentes países, como en Italia, Japón y Estados Unidos. Su clasificación en cinco especies: A, B, D, E y F; contiene numerosas variantes que indican la capacidad de adaptación evolutiva a los diferentes entornos y hospedadores, aunque su importancia etiológica precisa ser más estudiada (López et al., 2021; Razizadeh, Khatami, & Zarei, 2022).

En el caso de los Cardiovirus son virus clasificados en cinco especies diferentes; A, B, D, E y F. El Cardiovirus Saffold (SAFV), se subdivide en 11 genotipos, y ha sido aislado y asociado tanto a enfermedad respiratoria y gastroenteritis a partir de muestras de humanos, a menudo en coinfecciones con otros patógenos virales, y también se encuentran distribuidos globalmente. Se han detectado en muestras de aguas residuales en Japón, Estados Unidos, y existen informes que describen su circulación en población humana de Brasil, Perú, Bolivia y Venezuela (Himeda & Ohara, 2012; López et al., 2021; Menage, Yodmeeklin, Khamrin, Kumthip, & Maneekarn, 2017; Tan, Tan, & Prabakaran, 2017).

Riachuelo en alerta ambiental

En nuestro país no estamos exentos de estos hallazgos, pues estudios realizados en el río Riachuelo han revelado, que además de confirmarse, mediante diferentes parámetros, una alta contaminación con materia fecal humana durante 11 años evaluados (2005-2015), se detectaron CoSVs en el 85,7%

y 65,4% de las muestras colectadas durante 2005-2006 y 2014-2015, y SAFV en un 47,1% y 52,6% en los mismos períodos, respectivamente. CoSV tipo A y SAFV-6 fueron los genotipos más representados en el estudio realizado localmente en estas muestras obtenidas en el Río Riachuelo. En América del Sur, la identificación de CoSV y SAFV ha dado resultados diversos, lo que sugiere que su epidemiología y prevalencia son variables y complejas geográfica y temporalmente (Leguia et al., 2015; López et al., 2021; Nix et al., 2013; Stöcker et al., 2012). La Cuenca del Río Matanza Riachuelo (CMR) incluye a 14 municipios y a la Ciudad Autónoma de Buenos Aires, y el tramo más bajo del río Matanza se llama Riachuelo. Desde el año 2001 se realizan monitoreos sistemáticamente para evaluación de la calidad ambiental mediante mediciones de parámetros fisicoquímicos y bacteriológicos. Diferentes estudios indicaron una alta prevalencia de enterovirus, norovirus y virus de la hepatitis A, y los resultados confirman un alto nivel de contaminación humana y animal que supera los valores permitidos para aguas recreativas o los recomendados para la protección de la biota (López et al., 2021). La detección y circulación de estos nuevos picornavirus en el río Riachuelo es un indicador más de cómo las actividades humanas afectan el medioambiente, y un incentivo a desarrollar nuevas capacidades de monitoreo molecular, realizar más estudios para conocer su relevancia clínica, la distribución y caracterización molecular en ésta y otras regiones de Argentina.

Biotecnología y el desarrollo de herramientas para detección viral en aguas

A nivel global, una gran cantidad de enfermedades virales se

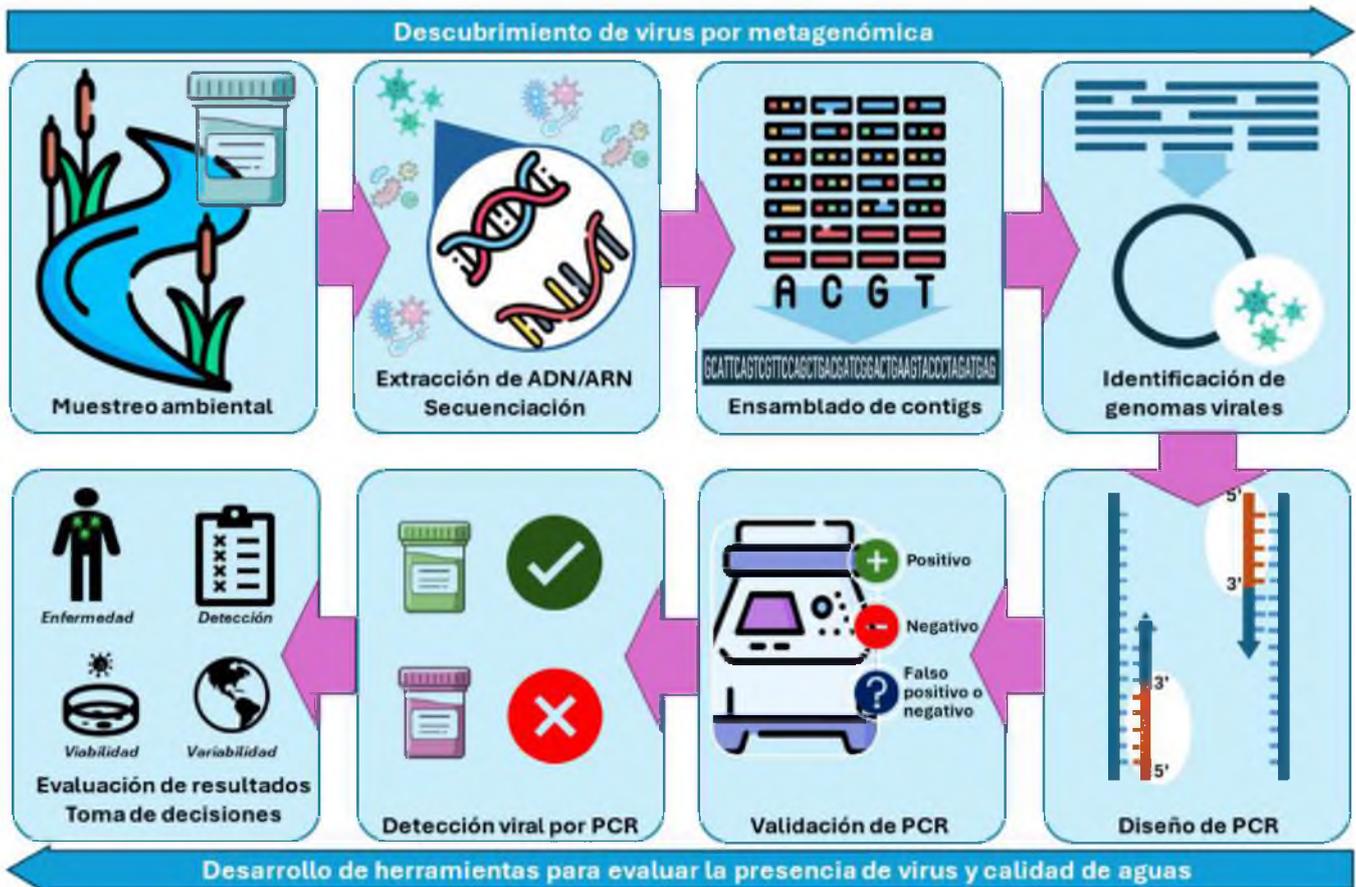


Figura 2. Esquema de desarrollo de nuevas herramientas moleculares para la detección de virus en aguas de diferentes ambientes mediante metagenómica seguida de validación de reacciones moleculares específicas. Adaptado de (Bibby et al., 2019).

transmiten a través del agua, por lo que los enfoques que solo detectan población bacteriana no relevan integralmente el impacto sobre salud humana de virus patógenos. Con el advenimiento de nuevas tecnologías de secuenciación genómica y metagenómica se han podido caracterizar mejor el microbioma, y la presencia de virus asociados a humanos en aguas residuales (figura 2). Esto actualmente pone en evidencia la importancia de su aplicación para el desarrollo de protocolos de detección de virus, permitiendo implementar estrategias adecuadas de gestión de la calidad del agua (Bibby et al., 2019). La biotecnología y disciplinas asociadas dan la posibilidad de determinar cuáles son los virus circulantes en una población, desarrollando herramientas moleculares de monitoreo de la calidad del agua enfocadas a la detección de virus específicos asociados a humanos, tales como Bocavirus, Cosavirus, Enterovirus, Cardiovirus u otros de relevancia epidemiológica como SARS-CoV-2 o Dengue en aguas residuales. Los resultados de estas investigaciones pueden aportar datos con relación a su distribución geográfica, acciones frente a brotes de infecciones virales, y el destino ambiental del agua analizada, brindando una oportunidad para mejorar herramientas de gestión de la calidad del agua.

Bibliografía

Bibby, K., Crank, K., Greaves, J., Li, X., Wu, Z., Hamza, I. A., & Stachler, E. (2019). Metagenomics and the development of viral water quality tools. *Npj Clean Water*, 2(1), 9. <https://doi.org/10.1038/s41545-019-0032-3>

Himeda, T., & Ohara, Y. (2012). Saffold Virus, a Novel Human Cardiovirus with Unknown Pathogenicity. *Journal of Virology*, 86(3), 1292–1296. <https://doi.org/10.1128/jvi.06087-11>

Hulo, C., Castro, E. de, Masson, P., Bougueleret, L., Bairoch, A., Xenarios, I., & Mercier, P. L. (2011). ViralZone: a knowledge resource to understand virus diversity. *Nucleic Acids Research*, 39(suppl_1), D576–D582. <https://doi.org/10.1093/nar/gkq901>

Kapoor, A., Victoria, J., Simmonds, P., Wang, C., Shafer, R. W., Nims, R., Delwart, E. (2008). A Highly Divergent Picornavirus in a Marine Mammal. *Journal of Virology*, 82(1), 311–320. <https://doi.org/10.1128/jvi.01240-07>

Leguia, M., Loyola, S., Rios, J., Juarez, D., Guevara, C., Silva, M., Bausch, D. (2015). Full Genomic Characterization of a Saffold Virus Isolated in Peru. *Pathogens*, 4(4), 816–825. <https://doi.org/10.3390/pathogens4040816>

López, G. R., Martínez, L. M., Freyre, L., Freire, M. C., Vladimirovsky, S., Rabossi, A., & Cisterna, D. M. (2021). Persistent Detection of Cosavirus and Saffold Cardiovirus in Riachuelo River, Argentina. *Food and Environmental Virology*, 13(1), 64–73. <https://doi.org/10.1007/s12560-020-09451-z>

Menage, L., Yodmeeklin, A., Khamrin, P., Kumthip, K., & Maneekarn, N. (2017). Prevalence of human cosavirus and saffold virus with an emergence of saffold virus genotype 6 in patients hospitalized with acute gastroenteritis in Chiang Mai, Thailand, 2014–2016. *Infection, Genetics and Evolution*, 53, 1–6. <https://doi.org/10.1016/j.meegid.2017.05.005>

Montiel-García, D., Santoyo-Rivera, N., Ho, P., Carrillo-Tripp, M., III, C. L. B., Johnson, J. E., & Reddy, V. S. (2020). VIPERdb v3.0: a structure-based data analytics platform for viral capsids. *Nucleic Acids Research*, 49(D1), gkaa1096. <https://doi.org/10.1093/nar/gkaa1096>

Nix, W. A., Khetsuriani, N., Peñaranda, S., Maher, K., Venczel, L., Cselkó, Z., Oberste, M. S. (2013). Diversity of picornaviruses in rural Bolivia. *Journal of General Virology*, 94(Pt_9), 2017–2028. <https://doi.org/10.1099/vir.0.053827-0>

Razizadeh, M. H., Khatami, A., & Zarei, M. (2022). Global Status of Bufavirus, Cosavirus, and Saffold Virus in Gastroenteritis: A Systematic Review and Meta-Analysis. *Frontiers in Medicine*, 8, 775698. <https://doi.org/10.3389/fmed.2021.775698>

Stöcker, A., Souza, B. F. de C. D., Ribeiro, T. C. M., Netto, E. M., Araujo, L.

O., Corrêa, J. I., ... Drexler, J. F. (2012). Cosavirus Infection in Persons with and without Gastroenteritis, Brazil. *Emerging Infectious Diseases*, 18(4), 656–659. <https://doi.org/10.3201/eid1804.111415>

Tan, S. Z. K., Tan, M. Z. Y., & Prabakaran, M. (2017). Saffold virus, an emerging human cardiovirus. *Reviews in Medical Virology*, 27(1), e1908. <https://doi.org/10.1002/rmv.1908>

Zell, R., Delwart, E., Gorbalenya, A. E., Hovi, T., King, A. M. Q., Knowles, N. J., ... Consortium, I. R. (2017). ICTV Virus Taxonomy Profile: Picornaviridae. *Journal of General Virology*, 98(10), 2421–2422. <https://doi.org/10.1099/igv.0.000911>