

Un hecho sin precedentes para la ciencia polar

Investigadores que lograron secuenciar el genoma de la influenza aviar en la Antártica publican en destacada revista internacional

● La Universidad de Chile y el INACH lideran un hito científico global al obtener y analizar los primeros genomas completos del virus H5N1 en aves del continente blanco.

Crónica
periodistas@elpinguino.com

En un hecho sin precedentes para la ciencia polar y para la virología a nivel mundial, un equipo de investigadores de la Universidad de Chile y el Instituto Antártico Chileno (INACH) ha logrado secuenciar por primera vez los genomas completos del virus de la influenza aviar altamente patógena (H5N1) en aves de la Antártica.

Este hallazgo, que representa el primer análisis genético directo de esta peligrosa variante viral, fue publicado recientemente en la revista "Emerging Infectious Diseases", publicación del Centro para el Control y la Prevención de Enfermedades de Estados Unidos (CDC por sus siglas en inglés). El logro marca un hito en la vigilancia sanitaria del continente antártico.

Este estudio se llevó a cabo gracias a la recolección de muestras durante un evento de mortalidad masiva de escúas an-

tárticas (*Stercorarius antarcticus*) ocurrido en la Isla James Ross, en el verano austral de 2024, en el marco de la LX Expedición Científica Antártica (ECA 60) organizada por el INACH. El trabajo fue liderado por el Dr. Marcelo González Aravena, investigador del Departamento Científico del INACH, junto al Dr. Víctor Neira, académico de la Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias de la Universidad de Chile.

"Es la primera vez que se logra secuenciar y caracterizar genéticamente el virus H5N1 en aves antárticas, lo que nos permite comprender su comportamiento en un ecosistema extremo, pristino y particularmente vulnerable", destaca Neira, quien además es el autor principal del artículo.

Las muestras fueron inicialmente procesadas en terreno y posteriormente secuenciadas en Santiago, empleando equipos portátiles de última generación. Empleando tecnología MinION, de Oxford Nanopore, el equipo logró secuenciar seis

genomas completos del virus, todos correspondientes al clado 2.3.4.4b, el mismo que ha causado mortalidad masiva en aves silvestres, mamíferos marinos e incluso humanos en múltiples continentes.

Revelaciones

El análisis filogenético reveló que existe una alta similitud genética con virus detectados en gaviotas y lobos marinos de las Islas Georgias del Sur, lo que confirma que existe una ruta migratoria viral desde Sudamérica hacia la Antártica.

"Este trabajo posiciona a Chile como un líder en la vigilancia genómica de virus emergentes en regiones polares", afirma González. "Desde INACH, estamos comprometidos con una ciencia antártica que no sólo observe, sino que también alerte y actúe frente a amenazas globales en el ecosistema más frágil del planeta que está bajo el Sistema del Tratado Antártico y que nos permita aportar en la toma de decisiones con datos validados en este foro internacional".

El análisis genético permitió identificar mutaciones asociadas a resistencia antiviral y virulencia, aunque no se detectaron, por el momento, mutaciones ligadas a adaptación en mamíferos.

La investigación también contó con la colaboración de expertos de centros internacionales, entre ellos el Dr. Rafael Medina del Emory University Center of Excellence for Influenza Research and Response (EE.UU.), quien valoró el carácter pionero de la secuenciación en un entorno tan desafiante. "El acceso temprano a datos genéticos es clave para anticipar el riesgo de nuevas adaptaciones virales. Este tipo de vigilancia en terreno es el futuro de la epidemiología global", comentó Medina.

Más allá del valor científico, el estudio demuestra que con tecnología accesible, formación técnica y cooperación internacional, es posible generar conocimiento crítico incluso en los lugares más remotos del planeta. El uso de plataformas portátiles y me-



Este hallazgo, que representa el primer análisis genético directo de esta peligrosa variante viral.

todologías eficientes permitió realizar secuenciaciones completas con costos moderados y alta precisión.

El equipo advierte que, dada la persistencia del virus en la región durante la temporada 2024-2025, será fundamental reforzar la vigilancia en distintas especies, incluidos pingüinos, lobos marinos y aves marinas, y estar atentos a posibles eventos de recombinación genética entre cepas antárticas y sudamericanas, que podrían dar origen a nuevos linajes virales.

"Secuenciar este virus en la Antártica no es sólo un logro técnico. Es una señal de alerta y, al mismo tiempo, un ejemplo de que desde el sur del mundo también se puede producir ciencia de alto impacto para proteger al planeta", concluye Neira.