

## TRAZANDO EL MISTERIOSO VIAJE DEL VIRUS ÉBOLA



Los científicos están recolectando muestras de sangre para trazar la ruta seguida por el [virus ébola](#) durante la epidemia que afectó a varios países del oeste de África. Este seguimiento permitirá descubrir las mutaciones que ha experimentado el virus.

Se han realizado intrigantes hallazgos. Las primeras mutaciones del virus se detectaron en Sierra Leona la pasada primavera (2014), mutaciones que se aislaron poco después en [Liberia](#) y [Malí](#), probablemente debidas a desplazamientos de población a través de las permeables fronteras entre estos países.

No hay consenso entre los investigadores acerca de la posible influencia de las mutaciones en la virulencia y gravedad de la epidemia. El desentrañamiento de las mutaciones es fundamental para planificar las campañas de control, los protocolos diagnósticos y la efectividad de los tratamientos.

Es trascendente conocer cómo surgió la mortífera cepa que asoló varios países, sobre todo [Sierra Leona](#) y Liberia, a partir del serotipo al que se situó inicialmente en [Guinea Conakry](#).

El estudio de las mutaciones no solo tiene interés académico. Puede ser una importante herramienta que nos ayude a comprender el curso global de la epidemia, enseñándonos cómo enfrentarnos a casi seguros nuevos brotes de esta fiebre hemorrágica u otras estrechamente relacionadas.

Los análisis genéticos solo adquieren verdadera utilidad si se complementan con estudios epidemiológicos. Las entrevistas con las poblaciones que han sufrido o vivido de cerca la infección es una estrategia que no puede ser sustituida por un seguimiento genético. Las entrevistas con las personas es un proceso mucho más complejo de lo que puede suponerse, porque muchos no dicen la verdad, o sus declaraciones están plagadas de temores y comprensibles prejuicios.

[Se han publicado las secuencias de los virus aislados de 250 personas](#), de las aproximadamente 25.000 infectadas. Los científicos han [asignado las secuencias a tres grupos \(\*clústers\*<sup>1</sup>\)](#) además del original descubierto en Guinea Conakry en marzo de 2014. Los tres *clusters*, derivados del virus hallado en Guinea, son los que circulaban en Sierra Leona dos o tres meses después.

Hasta ahora uno de los hallazgos más intrigantes es que los descendientes del virus conocido como *cluster-2* [han sido encontrados en muestras de sangre de todos los pacientes liberianos](#) cuyos genomas se han secuenciado y publicado; así como de un paciente maliense que había viajado desde Guinea Conakry.

Además, el genoma englobado en el *cluster-2* fue hallado en una muestra de sangre de *Victoria Yillia*, el 23 de mayo (2014), uno de los primeros casos confirmados de infección por *ébola* en Sierra Leona.

En una entrevista con *V. Yillia*, quien sobrevivió a la infección, otras personas de su comunidad, parientes y amigos, habían fallecido meses antes de que la infección hubiese sido reconocida como tal. Algunas de estas personas habían viajado a Liberia y Guinea.

---

<sup>1</sup> Clúster, castellanización del término inglés *cluster* (racimo), hace referencia a un conjunto de diversos genotipos estrechamente relacionados y dependientes entre sí evolutivamente por mutaciones sucesivas.

La epidemia silente en Sierra Leona puede retrotraerse a finales de febrero (2014) afectando a una mujer, *Sia Wanda Koniono*, que enfermó en el distrito de *Kailahun* y viajó a Guinea Conakry en busca de tratamiento, donde finalmente falleció. Otras personas que estuvieron en contacto con ella contrajeron la infección, según informaciones de [Médicos Sin Fronteras](#).

Según testimonios, solo conocidos recientemente, de algunos funcionarios de la [Organización Mundial de la Salud](#), era sabida la infección por una fiebre hemorrágica de la señora *Koniono* y casi simultáneamente, de su hija. Pero nadie valoró este caso en la trazabilidad del ulterior brote epidémico.

Estos hallazgos ponen en entredicho las primeras teoría sobre cómo surgió la epidemia. Hasta ahora se daba por constatado que los primeros casos se presentaron en Guinea, expandiéndose a continuación a los países limítrofes más empobrecidos, Sierra Leona y Liberia. La realidad puede haber sido otra. Tal vez la epidemia se expandió de modo silente en Sierra Leona, llegando a Guinea y Liberia con posterioridad.

Un aspecto del estudio genético trata de determinar si las mutaciones pueden haber modificado el virus incrementando su malignidad justo antes de la explosión del brote epidémico.

Otro matiz que ha de corregirse en futuros brotes de ésta, y otras infecciones, es realizar el estudio genético *in situ*, evitando los retrasos, pérdidas y manipulaciones erróneas durante el transporte de muestras desde los lugares donde se tomaron hasta los laboratorios donde se manipulan.

Los errores son la mejor enseñanza para el futuro.

Zaragoza, a 8 de mayo de 2015

Dr. José Manuel López Tricas  
Farmacéutico especialista Farmacia Hospitalaria  
Farmacia Las Fuentes  
Florentino Ballesteros, 11-13  
50002 Zaragoza