

Los virus: La mecánica de su evolución

Flavio Enrique Zarate Hernández¹ & María Jessica Santos Reyes^{1*}

Resumen

Los virus son macromoléculas que cumplen un rol ecológico muy importante ya que de cierta forma aumentan el acervo genómico en los organismos biológicos, lo que les proporcionará ciertas regiones génicas que pueden ser "redituables" ante la selección natural; esto es por medio de un fenómeno complejo llamado Elementos Virales Endógenos (EVE por sus siglas en inglés). Aunque el desarrollo evolutivo de los virus no es claro, en este escrito se analiza el por qué y cómo juegan un papel importante en la evolución de la vida.

Palabras clave: macromoléculas, partículas infecciosas, mutación, EVE.

Recibido: 23 de noviembre de 2018

Abstract

Viruses are macromolecules that fulfill a very important ecological role, since in a certain way they increase the gene pool in biological organisms, which will provide certain gene regions that can be "helpful" against natural selection. This happens by means of a complex phenomenon called Endogenous Viral Elements (EVE). Although the evolutionary development of viruses is not clear, this paper gives an analysis of why and how they play an important role in the evolution of life.

Key words: virus, evolution, mutation, EVE.

Aceptado: 01 de febrero de 2019

Introducción

Los virus son partículas infecciosas muy pequeñas (de entre 20 y 300 nm) que están constituidas por un solo ácido nucleico (DNA o RNA), poseen una organización estructural simple y se replican por un mecanismo particular dentro de una célula viva (Negroni & González 2017). Debido a sus características son considerados parásitos intracelulares estrictos u obligados porque necesitan la maquinaria metabólica de una célula huésped, por tanto, pueden infectar a las plantas, a

los animales y también a las bacterias, hongos y a otros parásitos (Negroni & González 2017).

En la década de 1880 fueron descubiertos como agentes causantes de enfermedades de plantas y animales; cincuenta años después (1935) el científico norteamericano Wendell Stanley concluyó que los virus eran proteínas autocatalíticas y, aunque esa conclusión no fue correcta, sus preparaciones fueron una herramienta importante para la comprensión del funcionamiento de los virus (Curtis *et al.* 2008). El estudio de su origen y evolución se ha

¹ Licenciatura en Biología, Universidad del Mar campus Puerto Escondido. Km. 2.5, Carretera Federal Puerto Escondido - Sola de Vega, Puerto Escondido, 71980, San Pedro Mixtepec, Oaxaca.

* Autor de correspondencia: yessica_santos@zicatela.umar.mx (MJSR)

dificultado por la falta de restos fósiles, al existir aislados de no más de 80 años (Curtis *et al.* 2008), también se debe este fenómeno a numerosos problemas filosóficos, incluido un enfoque experimental en genes únicos y a la falta de consideración de la composición completa de los proteomas virales (Mang *et al.* 2018).

Para hablar de la evolución de los virus debemos tomar en cuenta que el término evolución biológica hace referencia a los procesos de cambios a través de tiempos generacionales de los organismos biológicos que producen nuevas formas, nuevas estrategias o nuevas variedades y representa el análisis de diferentes procesos que operan sobre los seres vivos, desde la selección natural hasta los cambios genéticos en las células germinales (Valero & Jardón 2006, Meraz 2011 y Campos *et al.* 2013). Para que los cambios de las especies se den de forma generacional deben de existir en ellas estrategias reproductivas; sin embargo, los virus utilizan la reproducción asexual que es considerada la forma más primitiva que ha existido desde los inicios de la vida terrestre. Es de suponer que este tipo de estrategia reproductiva es una desventaja, ya que no existe variación genética entre la progenie; sin embargo, estudios recientes de metagenómica demuestran que los virus son las entidades biológicas más abundantes y genéticamente más diversas en el planeta Tierra, también son los parásitos infecciosos más numerosos de humanos, vida silvestre, animales domésticos y cultivos (Koonin & Dolja 2012, Santiago 2016).

La abundancia de los virus en el planeta es incomparable con la de otros organismos biológicos debido a que las tasas de mutación -determinadas experimentalmente- varían de 10^{-6} a 10^{-2} sustituciones por sitio de nucleótidos por año (s / n / a) (Sanjuán 2012), lo cual es una tasa evolutiva significativamente alta, por lo que les permite escapar de la inmunidad del hospedero y adaptarse rápidamente a un nuevo huésped (Aiewsakun & Katzourakis 2015). Es este punto en donde parte la gran complejidad de la evolución de los virus, de acuerdo con Marchisio *et al.* (2012) y Gallardo (2017) la fuente de variación principal hereditaria no son las mutaciones aleatorias, sino

la adquisición de genomas, es decir, que son las fusiones biológicas que se inician en forma de simbiosis las que constituyen la base de la evolución de las especies, sin descartar el fenómeno de flujo genético, deriva génica, entre otros procesos.

¿Cómo se estudia realmente la interacción y la contribución evolutiva de los virus? Los virus dejan rastros en el genoma de su hospedero conocidos como Elementos Virales Endógenos (EVE por sus siglas en inglés), éstos son introducidos mediante un proceso de integración de genes virales a los cromosomas del huésped, algunos retrovirus entran a los genes de su hospedero como un paso obligatorio en su ciclo de vida y otros virus lo hacen con menos frecuencia por accidente. Entonces para que esto suceda no tienen que afectar significativamente y, a su vez, deben ser transmitidos de padres a hijos para que sus frecuencias puedan aumentar dentro de la población de acogida y conducir a su fijación. Una vez endogenizada, la mayoría de los EVE conservan similitud con el virus exógeno ancestral durante muchos millones de años a medida que evolucionan a la tasa de evolución del hospedero que suele ser varios órdenes de magnitud más lenta que un virus (Katzourakis *et al.* 2014, Aiewsakun & Katzourakis 2015), generando con ello un entendimiento más claro a la teoría neutral debido a que el responsable de la variabilidad de los organismos es la relación simbiótica y no las mutaciones de éstos.

Quien carga realmente con las mutaciones son los virus al moverse activamente entre los biomas (teniendo un efecto alto en el flujo genético) y se cree que son los principales agentes de la evolución ya que tienen la propiedad de funcionar como vehículos de transferencia de genes horizontales (HGT por sus siglas en inglés) en ambientes terrestres y marinos (Koonin *et al.* 2006, Winter *et al.* 2014, Malik *et al.* 2017).

Por otra parte, el único gen que se conserva en todos los virus dsRNA (RNA de cadena doble, por sus siglas en inglés) junto con virus de ARN de cadena positiva es la ARN polimerasa dependiente de ARN (RdRp, por sus

siglas en inglés); la mayoría de las conclusiones sobre la evolución de virus de ARN se basan en la filogenia RdRp complementada por filogenias de otros genes que se conservan en subconjuntos de virus, análisis comparativo de la organización del genoma (RNA y DNA simples o dobles) (Koonin & Dolja 2012) y con respecto a la asociación y coconvergencia con sus hospederos.

La genómica comparada no proporciona evidencia de un origen monofilético de todos los virus; muchos grupos simplemente no comparten genes comunes, efectivamente, descartando cualquier noción convencional de origen común (Koonin *et al.* 2006). Los resultados son fascinantes ya que varios clados de RdRps son virus que infectan a diversos huéspedes (hongos, plantas, protistas e insectos) (Koonin & Dolja 2012).

Sorprendentemente, aunque sea rara la integración retroviral por la línea germinal, los retrovirus endógenos (ERV) son muy comunes y componen una gran parte de muchos genomas eucariotas. Por ejemplo, se ha estimado que los ERV forman el 7-8% de nuestro genoma con 498,000 fragmentos retrovirales que comprenden 431 familias (Jean-Louis *et al.* 2008, Aiewsakun & Katzourakis 2015); los ERV estarían también implicados en la inmunosupresión transitoria, la cual ocurre durante la etapa precoz de la gestación, evitando que el embrión sea rechazado por el sistema inmune de la madre que tiene un perfil genético distinto (Jean-Louis *et al.* 2008). También son controladores del número de la población bacterianas, de esta manera se limitan las emisiones a la atmósfera de gas carbónico (CO₂) que liberan las bacterias heterótrofas (así propician la vida); de igual forma esto es explicado por el fenómeno Hanklin (Sabariegos & Mas 2017). Otro punto a resaltar es que los virus son un cuanto responsables a nuestra capacidad de pensar, de conformidad a un estudio de Ashley *et al.* (2018) en el que se encontraron genes virales endogenizados e involucrados en la sinapsis.

Consideraciones finales

Los organismos biológicos citados son de gran importancia, sus propiedades para moldear la gran diversidad y favorecer la perpetuidad de la vida los convierte hoy en día en unos grandes profetas (siempre direccionarán la vida a la existencia). A partir de los conocimientos actuales podemos observar que el paso de la evolución biológica es a través de las relaciones simbióticas en las que el precursor de dichas características son los virus y la epigenética. Sin embargo, aún queda el 95% del genoma desconocido (“genoma oscuro”) que podría señalar orígenes nuevos de evolución cambiando por completo la forma de verla.

Referencias

- Aiewsakun, P. & A. Katzourakis. 2015. Endogenous viruses: Connecting recent and ancient viral evolution. *Virology* 479-480, 26-37.
- Ashley, J., B. Cordy, D. Lucia, L. G. Fradkin, V. Budnik & T. Thomson. 2018. Retrovirus-like Gag Protein Arc1 Binds RNA and Traffics across Synaptic Boutons. *Cell* 172 (1): 262-274.
- Campos, R., A. Urbano, C. Chaos, T. Espregueira, P. Campos, R. Faria, G. Medrano & H. Rogelio. 2013. Un libro sobre evolución. CIBIO, Centro de Investigação em Biodiversidade e Recursos Genéticos, Porto Portugal, 168 pp.
- Curtis, H., N. S. Barnes, A. Schnek & A. Massarini. 2008. *Biología*. 7ª edición. Médica Panamericana, Argentina.
- Gallardo, M.H. 2017. *Evolución; El Curso de la Vida*. Primera Edición Electrónica. Chile, 730 pp. Disponible en: <http://sitiosciencias.uach.cl/EvolucionElCursodelaVida2017.pdf>.
- Jean-Louis, Z., B. Yangari & K. Orbe. 2008. Los virus: campeones de la evolución. *Nuestra Ciencia* 10: 12-15.
- Katzourakis, A., P. Aiewsakun, H. Jia, N. D Wolfe, M. Lebreton, A. D Yoder & W. Switzer. 2014. Discovery of prosimian and afrotherian foamy viruses and potential cross species transmissions amidst stable and ancient mammalian co-evolution. *Retrovirology* 11 (61).
- Koonin, E., G. T. Senkevich & V. Dolja. 2006, the ancient Virus World and evolution of cells. *Biology Direct* 1:29.
- Koonin, V. E. & V. Dolja. 2012. Expanding networks of RNA virus evolution. *BMC Biology*, 10 (54): 1-4.

- Malik, S. S., S. Azem-e-Zahra, K. M. Kim, G. Caetano-Anollés & A. Nasir. 2017. Do Viruses Exchange Genes across Superkingdoms of Life. *Frontiers Microbiology* 8 (2110).
- Mang, S., L. Xian-Dan, C. Xiao, T. Jun-Hua, C. Liang-Jun, L. Kun, W. Wen, E. Jonh-Sebastian, S. Jin-Jin, L. Li, E. Holmes & Z. Yong-Zhen. 2018. The evolutionary history of vertebrate RNA viruses. *Nature* 556: 197-202.
- Marchisio, A., H. Deversa, C. Rosso & F. Sica. 2012. La evolución biológica, actualidad y debates. 1a ed., Ministerio de Educación de la Nación, Argentina, 145 pp.
- Meraz, J. F. 2011. Macroevolución y microevolución. *Ciencia y Mar*, 15 (44):45-47.
- Negróni, M. & M. I. González. 2017. Virus: generalidades. Pp. 69-80, In: M. Negróni (Ed.), *Microbiología estomatológica. Fundamentos y guía práctica*. Editorial Medica Panamericana, Ciudad de México, México.
- Sabariegos, M. del R. & A. Mas. 2017. La terapia con fagos, cien años después. *Virología y Sociedad*, 20 (2): 64-66.
- Sanjuán, R. 2012. From molecular genetics to phylodynamics: evolutionary relevance of mutation rates across viruses. *PLoS Pathog* 8, e1002685.
- Santiago, F. E. 2016. Evolutionary transitions during RNA virus experimental evolution. *Philosophical transactions of the Royal Society of London. Series B, Biological sciences*, 371(1701): 1-8.
- Valero, M., A. & B. Jardón. 2006. ¿Qué es la evolución biológica? *Revista ¿Cómo ves?* 97:14-17.
- Winter, C., J. A. L. García, M. G. Weinbauer, M. S. DuBow & G. J. Herndl. 2014. Comparison of Deep-Water Viromes from the Atlantic Ocean and Mediterranean Sea. *PLOS ONE* 9 (6): e100600.