

Dinámica genómica de SARS-CoV-2 en Uruguay: linajes foráneos y diferenciación local

martes, 26 de julio de 2022 14:00 (15 actas)

Los análisis genómicos de SARS-CoV-2 han sido tan numerosos y exhaustivos que no tienen parangón con los realizados en otros agentes infecciosos. Con millones de secuencias disponibles en las bases de datos, el desafío es analizar esta información para comprender cómo el virus evoluciona, y cómo podemos mitigar sus efectos en las poblaciones humanas y animales. Nuestro trabajo analiza la evolución de los genomas de SARS-CoV-2 en Uruguay. Para esto se utilizaron muestras de hisopados nasofaríngeos/orofaríngeos de alrededor de 150 casos positivos de SARS-CoV-2 diagnosticados por el DLSP y colectados desde marzo 2019 hasta finales del 2021. Los genomas se obtuvieron mediante el sistema ARTIC y las librerías Nextera se secuenciaron en un equipo Illumina MiniSeq de Facultad de Ciencias. Los archivos fastq se filtraron y ensamblaron utilizando el software Geneious. Como se observa en otros países, la evolución genómica de SARS-CoV-2 en Uruguay se caracterizó por reemplazos de variantes foráneas que emergieron en este u otro continente, y se expandieron rápidamente asociadas a una mayor capacidad de transmisión. Estas cepas foráneas continuaron su evolución en territorio uruguayo, impulsadas por la rápida tasa de mutación típica de los coronavirus. Además de identificar cepas de diferentes variantes, incluidas Delta y Ómicron, nuestro análisis se centró en los cambios que ocurren en los seis genes accesorios de SARS-CoV-2. Esta fracción genómica de aproximadamente 2000 bases es dispensable para la replicación viral *in vitro*, pero tiene funciones inmunomoduladoras que aún no han sido completamente caracterizadas. Observamos que las pérdidas de bases (deleciones) en los genes accesorios son muy frecuentes y capaces de alterar notoriamente las secuencias aminoacídicas, fusionar genes accesorios contiguos e incluso remover genes enteros. Estos cambios observados en Uruguay remarcan la importancia de las deleciones en la diferenciación local, y el dinamismo de la fracción accesoria del genoma de SARS-CoV-2.

Palabras clave

SARS-CoV-2, evolución, genoma, variabilidad genética

Características de la colaboración

Este trabajo se generó a partir de autor/es y coautor/es clave que comenzaron a colaborar a consecuencia de la pandemia

Interinstitucionalidad

Si

Interdisciplina

Si

Autores primarios: PÉREZ, Ruben (Facultad de Ciencias, UDELAR.); CALLEROS, Lucía (Sección Genética Evolutiva, Departamento de Biología Animal, Instituto de Biología, Facultad de Ciencias, Udelar.); MARANDINO, Ana (Sección Genética Evolutiva, Departamento de Biología Animal, Instituto de Biología, Facultad de Ciencias, Udelar.); GOÑI, Natalia; TECHERA, Claudia (Sección Genética Evolutiva, Departamento de Biología Animal, Instituto de Biología, Facultad de Ciencias, Udelar.); GRECCO, Sofía (Sección Genética Evolutiva, Departamento de Biología Animal, Instituto de Biología, Facultad de Ciencias, Udelar.); RAMOS, Natalia (Sección Virología, Instituto de Biología e Instituto de Química Biológica, Facultad de Ciencias, Udelar.); FRABASILE, Sandra (Sección Virología, Instituto de Biología e Instituto de Química Biológica, Facultad de Ciencias, Udelar.); TOMÁS, Gonzalo (Sección

Genética Evolutiva, Departamento de Biología Animal, Instituto de Biología, Facultad de Ciencias, Udelar.); CONDON, Emma; WILLIMAN, Joaquín; CORTINAS, María Noel (Genómica. Departamento de Laboratorios de Salud Pública (DLSP), Ministerio de Salud Pública.); BORMIDA, Victoria (Genómica. Departamento de Laboratorios de Salud Pública (DLSP), Ministerio de Salud Pública.); RAMAS, Victoria (Centro Nacional de Referencia de Influenza y otros Virus Respiratorios, Departamento de Laboratorios de Salud Pública (DLSP), Ministerio de Salud Pública.); COPPOLA, Leticia (Centro Nacional de Referencia de Influenza y otros Virus Respiratorios, Departamento de Laboratorios de Salud Pública (DLSP), Ministerio de Salud Pública.); BURGUEÑO , Analía (Centro Nacional de Referencia de Influenza y otros Virus Respiratorios, Departamento de Laboratorios de Salud Pública (DLSP), Ministerio de Salud Pública.); MOREL , María Noelia (Centro Nacional de Referencia de Influenza y otros Virus Respiratorios, Departamento de Laboratorios de Salud Pública (DLSP), Ministerio de Salud Pública.); GARLAND , María Rosa (Centro Nacional de Referencia de Influenza y otros Virus Respiratorios, Departamento de Laboratorios de Salud Pública (DLSP), Ministerio de Salud Pública.); MOGDASY , Cristina (Centro Nacional de Referencia de Influenza y otros Virus Respiratorios, Departamento de Laboratorios de Salud Pública (DLSP), Ministerio de Salud Pública.); CHIPARELLI , Héctor (Centro Nacional de Referencia de Influenza y otros Virus Respiratorios, Departamento de Laboratorios de Salud Pública (DLSP), Ministerio de Salud Pública.); ARBIZA , Juan (Sección Virología, Instituto de Biología e Instituto de Química Biológica, Facultad de Ciencias, Udelar.); DELFRARO , Adriana (Sección Virología, Instituto de Biología e Instituto de Química Biológica, Facultad de Ciencias, Udelar.); PANZERA, Yanina (Sección Genética Evolutiva, Departamento de Biología Animal, Instituto de Biología, Facultad de Ciencias, Udelar.)

Presentador: PÉREZ, Ruben (Facultad de Ciencias. UDELAR.)

Clasificación de la sesión: Eje 7_1 Investigación básica I. Presentaciones orales

Clasificación de pistas: .