

Circulación en Uruguay de variantes Delta de SARS-CoV-2 que carecen de tres genes accesorios

jueves, 28 de julio de 2022 14:45 (15 actas)

El análisis de la variabilidad genética de SARS-CoV-2 ha sido un tópico de interés principal desde su emergencia en 2019. La gran mayoría de los estudios se han centrado en las sustituciones no-sinónimas de la proteína de superficie (S). El papel evolutivo de las variantes estructurales virales, en particular las deleciones, está aún poco explorado. Sin embargo, estos cambios genómicos son extremadamente frecuentes, y están asociados con procesos relevantes, tales como el escape inmunológico y la atenuación. Las deleciones ocurren comúnmente en los seis ORF accesorios de SARS-CoV-2, y pueden llevar incluso a la pérdida completa de uno o más ORF. Este escenario plantea preguntas interesantes sobre el origen y la propagación de reordenamientos estructurales extremos que persisten sin comprometer la viabilidad del virus. En este trabajo analizamos el genoma del SARS-CoV-2 en muestras obtenidas a fines de 2021 en Uruguay. Se obtuvieron 38 genomas completos de la variante de preocupación Delta por secuenciación masiva en un equipo Illumina MiniSeq. Entre los genomas obtenidos, se identificaron cinco secuencias del linaje AY.20 con una deleción de 872 nt (3% del genoma) que elimina los ORF 7a, 7b y 8. La deleción uruguaya es similar a las identificadas en las variantes Delta de Polonia y Japón, pero ocurre en un clado Delta diferente. Además de proporcionar pruebas de la circulación de esta deleción extrema en América, mostramos que surgió de forma independiente en Uruguay, y probablemente por un mecanismo similar. La eliminación de 872 nucleótidos ocurre junto a las secuencias reguladoras (TRS) requeridas para sintetizar los ARNm subgenómicos que sirven de molde para la transcripción. Estos hallazgos respaldan el papel de las secuencias reguladoras de la transcripción como hotspot de recombinación por salto de molde del complejo replicativo viral (copy choice) y resaltan la notable dinámica de los genomas del SARS-CoV-2.

Palabras clave

SARS-CoV-2, evolución, genoma, reordenamientos, 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: Prof. PÉREZ, Ruben (Facultad de Ciencias, UDELAR.); CORTINAS, Maria Noel (Genómica, Departamento de Laboratorios de Salud Pública, Ministerio de Salud Pública); MARANDINO, Ana (Sección Genética Evolutiva, Departamento de Biología Animal, Instituto de Biología, Facultad de Ciencias, Udelar.); CALLEROS, Lucía (Sección Genética Evolutiva, Departamento de Biología Animal, Instituto de Biología, Facultad de Ciencias, Udelar.); BORMIDA, Victoria (Genómica, Departamento de Laboratorios de Salud Pública, Ministerio de Salud Pública.); GOÑI, Natalia (Centro Nacional de Referencia de Influenza y otros Virus Respiratorios, Departamento de Laboratorios de Salud Pública, Ministerio de Salud Pública.); TECHERA, Claudia (Sección Genética Evolutiva, Departamento de Biología Animal, Instituto de Biología, Facultad de Ciencias, Udelar.); GRECCO, Sofia (Sección

Genética Evolutiva, Departamento de Biología Animal, Instituto de Biología, Facultad de Ciencias, Udelar.); WILLI-MAN, Joaquín (Sección Genética Evolutiva, Departamento de Biología Animal, Instituto de Biología, Facultad de Ciencias, Udelar.); RAMAS , Viviana (Centro Nacional de Referencia de Influenza y otros Virus Respiratorios, Departamento de Laboratorios de Salud Pública, Ministerio de Salud Pública.); COPPOLA , Leticia (Centro Nacional de Referencia de Influenza y otros Virus Respiratorios, Departamento de Laboratorios de Salud Pública, Ministerio de Salud Pública.); MOGDASY , Cristina (Centro Nacional de Referencia de Influenza y otros Virus Respiratorios, Departamento de Laboratorios de Salud Pública, Ministerio de Salud Pública.); CHIPARELLI , Héctor (Centro Nacional de Referencia de Influenza y otros Virus Respiratorios, Departamento de Laboratorios de Salud Pública, Ministerio de Salud Pública.); PANZERA, Yanina (Sección Genética Evolutiva, Departamento de Biología Animal, Instituto de Biología, Facultad de Ciencias, Udelar.)

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

Clasificación de la sesión: Posters y Ponencias Virtuales Breves: Sesión II

Clasificación de pistas: .