

Caracterización antigénica y genómica del virus SARS-CoV-2 en perros y gatos convivientes con pacientes con COVID-19

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

Desde la perspectiva de One Health, la investigación de las redes de transmisión de SARS-CoV-2 entre humanos y animales domésticos es un tema de gran relevancia epidemiológica. En el presente estudio se analizaron muestras de perros y gatos colectadas entre abril-diciembre de 2020, provenientes de hogares en Montevideo cuyos dueños fueran diagnosticados con COVID-19. Un total de 39 muestras (n=24 perros y n=15 gatos y) se analizaron por qPCR, detectando el genoma de SARS-CoV-2 en un perro y un gato, ambos asintomáticos. Utilizando sueros provenientes de ambos animales se realizaron ensayos de microneutralización contra la variante ancestral (Wuhan-1), Delta y Omicron. El suero del gato infectado presentó anticuerpos neutralizantes contra la variante ancestral y reactividad cruzada contra Delta, pero no contra la variante Omicron. Se aplicó el sistema de enriquecimiento ARTIC y secuenciación Illumina, obteniendo los genomas completos de SARS-CoV-2 en ambos animales. Ambos genomas virales presentaron la misma secuencia nucleotídica (el flujo completo de trabajo fue realizado por duplicado a fin de confirmar esta similitud). Los genomas pertenecen al linaje Pangolin P.6, un linaje exclusivamente uruguayo, y se hallan filogenéticamente relacionados con cepas humanas del mismo linaje, sustentando la transmisión desde los seres humanos a los animales. Un análisis filogenético global mostró que los linajes de SARS-CoV-2 infectan a perros y gatos, y no hay evidencia de una variante adaptada a animales domésticos. Este primer registro de SARS-CoV-2 en animales domésticos en Uruguay muestra la importancia de continuar analizando diferentes hospederos para aportar a la evaluación de los posibles riesgos de las enfermedades zoonóticas.

Palabras clave

SARS-CoV-2; animales domésticos; NGS; serología; One Health.

Características de la colaboración

Este trabajo se generó a partir de autores y coautores que ya colaboraban antes de la pandemia

Interinstitucionalidad

Si

Interdisciplina

Si

Autor primario: PANZERA, Yanina (UdelaR)

Coautores: Dr. MIRAZO, Santiago (UdelaR); Dr. BAZ, Mariana (Collaborating Centre for Reference and Research on Influenza); GRECCO, Sofia (Sección Genética Evolutiva, Departamento de Biología Animal, Instituto de Biología, Facultad de Ciencias, UdelaR); TECHERA, Claudia (Sección Genética Evolutiva, Departamento de Biología Animal, Instituto de Biología, Facultad de Ciencias, UdelaR); Sra. CANCELA, Florencia (UdelaR); FUQUES, Eddie (Sección Genética Evolutiva. Fcien); CONDON, Emma (UdelaR); CALLEROS, Lucía (Sección Genética Evolutiva, Departamento de Biología Animal, Instituto de Biología, Facultad de Ciencias, UdelaR); Sra. CAMILO, Natalia (UdelaR); Sra. FREGOSI, Andrea (UdelaR); Sr. VAZ, Inés (UdelaR); Sra. PESSINA, Paula (UdelaR); Prof. PÉREZ, Ruben (Sección Genética Evolutiva. Fcien); PÉREZ, Ruben (Facultad de Ciencias. UDELAR.); Dr. BENECH, Alejandro (UdelaR)

Presentador: PANZERA, Yanina (UdelAR)

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

Clasificación de pistas: .