

Genómica viral mediante el uso de sondas de captura y secuenciación masiva: experiencias durante la pandemia COVID-19 en Uruguay

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

El uso de metodologías basadas en secuenciación masiva está revolucionando el estudio de la evolución de los genomas virales. Debido a la baja proporción del genoma viral en la muestra se suelen aplicar métodos de enriquecimiento previos a la secuenciación. Un ejemplo de ello es el sistema ARTIC, empleado en SARS-CoV-2, que amplifica el genoma por PCR previo a su secuenciación. En este trabajo, se aplicó un método de enriquecimiento viral basado en el empleo de sondas de captura (Target Enrichment- Twist) que permite la identificación y caracterización genómica de más de 3000 virus respiratorios de RNA y DNA. Se analizaron 22 muestras individuales de hisopados nasofaríngeos/orofaríngeos provenientes de la vigilancia sanitaria del DLSP durante el período de la pandemia (marzo 2020 a enero 2022). Los pacientes, con edades comprendidas entre los 3 meses y 82 años, presentaban infecciones respiratorias (agudas y enfermedad tipo influenza). El análisis bioinformático realizado con la plataforma OneCodex y posterior ensamblaje de referencia con el software Geneious nos permitió obtener genomas completos de varios virus de interés. Además de SARS-CoV-2 (variante Delta y ómicron), se obtuvieron genomas de metapneumovirus (genotipo B1), virus respiratorio sincitial (genotipo BA), rinovirus (A y C), influenza H3N2, parainfluenza, herpesvirus, y un adenovirus humano (serotipo 6). La metagenómica viral y los ensayos basados en sondas de captura representan herramientas poderosas para el estudio de la evolución de virus, desarrollo de estrategias robustas de vigilancia sanitaria, comprensión global de la epidemiología de las enfermedades y su futura prevención. Este tipo de estudios son un complemento ideal de sistemas rápidos de detección que identifiquen a los virus y detecten co-infecciones y co-circulaciones. Junto a buenas estrategias de muestreo, este tipo de estudios se están imponiendo como nuevo estándar para los estudios de dispersión, transmisibilidad y evolución viral.

Palabras clave

SARS-CoV-2, virus respiratorios, sondas de captura

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

Autor primario: PANZERA, Yanina (UdelaR)

Coautores: 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.); SARUTE, Nicolas; TOMÁS, Gonzalo (Sección Genética Evolutiva, Departamento de Biología Animal, Instituto de Biología, Facultad de Ciencias, UdelaR.); CORTINAS, Maria Noel (DLSP MSP); GOÑI , Natalia (Centro Nacional de Referencia de Influenza y otros Virus Respirato-

rios, Departamento de Laboratorios de Salud Pública, Ministerio de Salud Pública.); CHIPARELLI, Héctor (Unidad de Virología/Depto. de Laboratorios de Salud Pública); DELFRARO , Adriana (Sección Virología, Instituto de Biología e Instituto de Química Biológica, Facultad de Ciencias, Udelar.); RAMOS, Natalia; Dr. FRABASILE , Sandra (UDelar); ARBIZA , Juan (Sección Virología, Instituto de Biología e Instituto de Química Biológica, Facultad de Ciencias, Udelar.); MOGDASY , Cristina (Centro Nacional de Referencia de Influenza y otros Virus Respiratorios, Departamento de Laboratorios de Salud Pública, Ministerio de Salud Pública.); PÉREZ, Ruben (Facultad de Ciencias. UDELAR.)

Presentador: PANZERA, Yanina (Udelar)

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

Clasificación de pistas: .