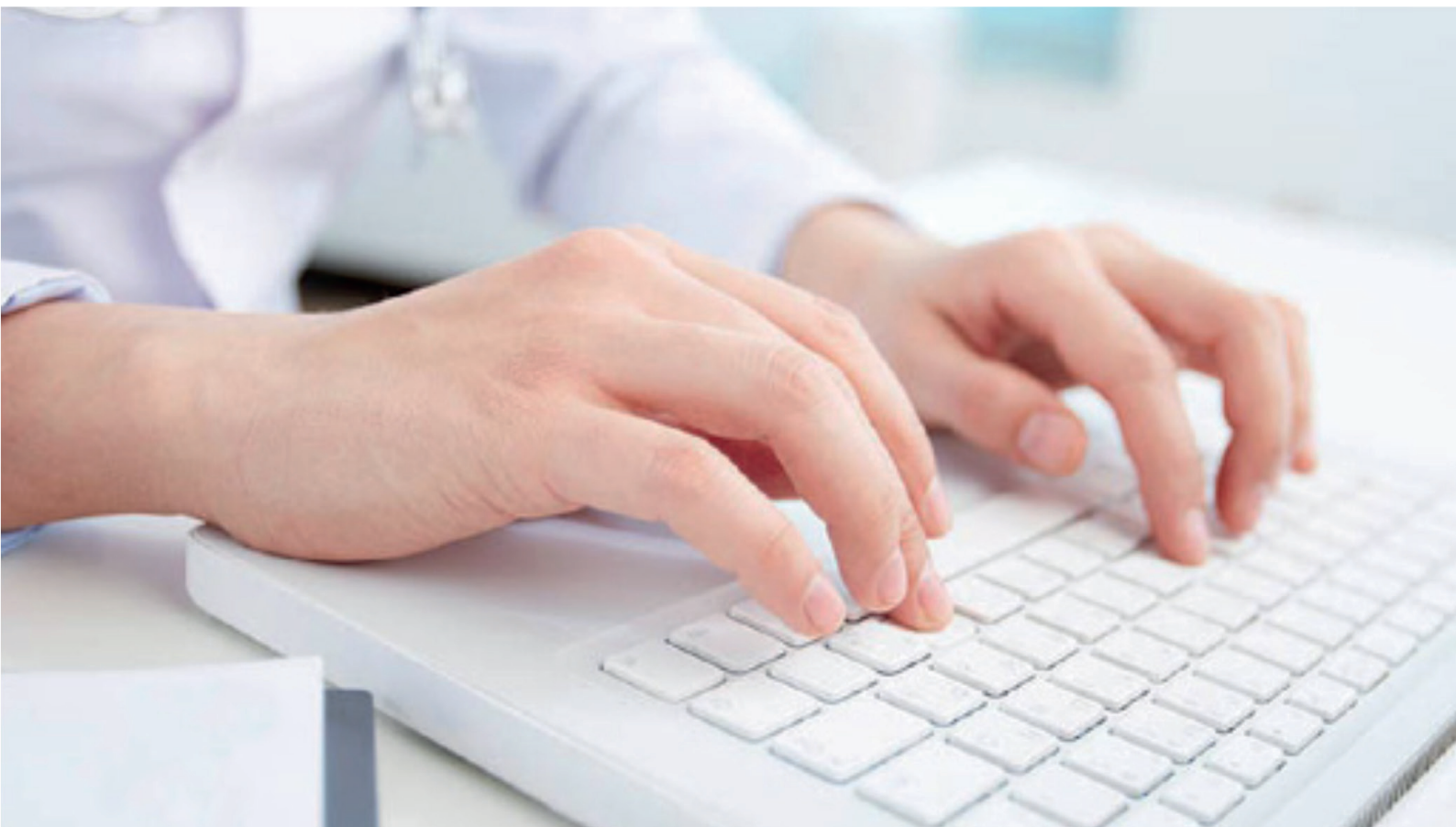


INFORME

**SECUENCIACIÓN DE GENOMAS
DEL BROTE
EN LA CIUDAD DE RIVERA**



SECUENCIACIÓN DE GENOMAS DEL BROTE EN LA CIUDAD DE RIVERA

Instituciones y grupos participantes

Universidad de la República:

CENUR Litoral Norte-Sede Salto

- Unidad de Genómica y Bioinformática
- Laboratorio de Virología Molecular

CENUR Este-Sede Rocha

- Ecología Microbiana de Sistemas

Acuáticos

Facultad de Ciencias

- Sección Genética Evolutiva
- Sección Virología
- Laboratorio de Virología Molecular-CIN

Instituto Oswaldo Cruz - Fiocruz - Rio de Janeiro – Brasil

- Laboratorio de AIDS e Inmunología

Molecular

Institut Pasteur de Montevideo

- Unidad de Bioinformática
- Laboratorio de Genómica Microbiana
- Evolución Experimental de Virus

Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable

- Departamento de Genómica

Sanatorio Americano

- Laboratorio de Biología Molecular

Campus Tacuarembó: INIA-Udelar-MGAP

- Laboratorio mixto DILAVE/MGAP-INIA-Udelar

La aparición de brotes epidémicos genera un conjunto de preguntas, cuyas respuestas son fundamentales para su control y/o mitigación, y en donde la secuenciación del genoma del patógeno puede ser la estrategia para responderlas. La información obtenida a partir de las secuencias genómicas y sus metadatos asociados (epidemiológicos y clínicos) son cruciales para comprender en profundidad el comportamiento de un patógeno en una población.

Los distintos estudios y análisis de los genomas virales han permitido demostrar que la

diseminación a nivel global del SARS-CoV-2 ha ido generando su diversificación debido a la acumulación de mutaciones a lo largo del tiempo. Dicha diversificación resulta en la generación de varios linajes filogenéticos, que son “huellas” o “marcas” distintivas entre los distintos genomas virales que se van generando en el tiempo a lo largo y ancho del mundo. La presencia de mutaciones en el virus no significa que generen mayor severidad en la enfermedad u otro efecto, para ello se deben realizar otro tipo de estudios.

El objetivo principal del presente trabajo ha sido describir en profundidad la epidemiología molecular del brote de SARS-CoV-2 en la ciudad de Rivera-Uruguay durante el pasado mes de mayo. Para alcanzar dicho propósito hemos secuenciado el genoma del virus SARSCoV-2 en 14 muestras obtenidas de la ciudad de Rivera en las distintas plataformas tecnológicas disponibles en el país, sumando la experiencia y esfuerzo conjunto de varios colegas e instituciones. Los protocolos de secuenciación genómica utilizados en las distintas plataformas de las instituciones nacionales han sido optimizados en tiempo récord y están disponibles para su uso.

Los análisis realizados permitieron obtener las siguientes conclusiones:

1. Se pudo determinar que hubieron 4 eventos de introducciones independientes del virus en el país, las cuales pertenecen al linaje B.1.1
2. La mayoría de los virus detectados en Rivera junto con una muestra de Montevideo, pertenecen al linaje B.1.1.BR de alta prevalencia en Brasil.
3. La introducción en Montevideo del linaje B.1.1.BR probablemente ocurrió desde Brasil a finales de marzo y aparentemente no habría generado un brote local.
4. La introducción en Rivera del linaje B.1.1.BR ocurrió probablemente desde Brasil a finales de abril o inicios de mayo y generó el brote epidémico observado en dicho departamento.
5. La mayoría de las secuencias virales detectadas en Rivera entre los días 5 y 29 de mayo y analizadas en el contexto del presente estudio, se originaron a partir de un único caso índice inicial.

6. La mayoría de las secuencias virales detectadas en Rivera se caracterizan por tener 4 nuevas mutaciones que las diferencian de aquellas que circulan en Brasil.
7. Las secuencias virales detectadas en Rivera presentan 5 mutaciones acumuladas comparadas a las secuencias B.1.1 ancestrales de Europa y 10 mutaciones acumuladas cuando son comparadas con las secuencias de los virus ancestrales de Asia del clado B.
8. Si bien los actuales test moleculares diagnósticos disponibles en el país detectan de manera adecuada las cepas procedentes de Brasil, será importante el monitoreo continuo de las mutaciones que ocurran en el genoma del virus como forma de ajustar los métodos utilizados, en caso de ser necesario.

La secuenciación de genomas del SARS-Cov-2 ha permitido en forma rápida caracterizar las introducciones de SARS-CoV-2 en Uruguay e inferir la dinámica de circulación viral.

En el marco de la situación de emergencia sanitaria actual, creemos que ésta información es muy valiosa para la toma de decisiones sobre el manejo de la pandemia de COVID-19.