

INFORME

SECUENCIACIÓN DE GENOMAS DEL BROTE DEL VIRUS SARS-COV-2 EN LA CIUDAD DE TREINTA Y TRES



SECUENCIACIÓN DE GENOMAS DEL BROTE DEL VIRUS SARS-COV-2 EN LA CIUDAD DE TREINTA Y TRES

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 Treinta y Tres-Uruguay durante el pasado mes de junio.

Los análisis filogenéticos y filogeográficos identificaron que:

- Las 16 secuencias de Treinta y Tres pertenecen al linaje B.1.1.BR de alta prevalencia en Brasil.
- Las 26 secuencias de SARS-CoV-2 B.1.1.BR uruguayas analizadas hasta el momento (16 Treinta y Tres, 9 Rivera, 1 Montevideo), representan 3 introducciones independientes de este linaje viral desde Brasil hacia nuestro país.
- La introducción en Montevideo del linaje B.1.1.BR probablemente ocurrió a finales de marzo y aparentemente no habría generado un brote local.
- La introducción en Rivera del linaje B.1.1.BR ocurrió probablemente a finales de abril o inicios de mayo y generó el brote epidémico observado en dicho departamento (ver informe previo).
- La introducción en Treinta y Tres del linaje B.1.1.BR ocurrió probablemente a finales de mayo inicios de junio y generó el brote epidémico actualmente observado en dicho departamento.

- Todas las secuencias de Treinta y Tres analizadas en el contexto de este proyecto, detectadas entre los días 19 y 22 de junio, se originaron a partir de un único caso índice inicial que llega al departamento probablemente entre la última semana de mayo y la primera semana de junio.
- La distribución aleatoria de las secuencias provenientes del personal de salud dentro del cluster Treinta y Tres no nos permite inferir si estas personas se infectaron por contacto directo dentro del centro de salud o por contactos fuera del mismo.
- Las secuencias de Treinta y Tres se caracterizan por 5 mutaciones que las distinguen de la mayoría de las secuencias relacionadas que circulan en Brasil, de las cuales solamente una genera un cambio aminoacídico en la proteína de la Nucleocápside (N: P168S).
- Nuestros análisis sugieren que al menos 2 mutaciones (C8293T y A22720G) estaban presentes en el virus introducido desde Brasil y al menos otras dos mutaciones (C15108T y C28775T) surgieron posteriormente durante la diseminación del virus en territorio uruguayo y en Treinta y Tres.
- Son necesarios estudios experimentales para determinar si algunas de las mutaciones observadas en las secuencias de Treinta y Tres y/o Rivera aumentan o no la transmisibilidad de estas variantes virales.
- La fecha de inicio del brote y la diversidad observada entre las secuencias de Treinta y Tres sugieren que el virus circuló de forma críptica (silenciosa) en el departamento por varios días (quizás semanas) antes de su detección el día 18 de junio y que los casos diagnosticados a partir de entonces muy probablemente no se corresponden al caso índice que dio inicio al brote.
- La circulación críptica del SARS-Cov-2 en Treinta y Tres por varios días o semanas antes de su detección pueden haber generado un brote comunitario de mayores proporciones que el brote Rivera, el cual, aparentemente, fue detectados pocos días después de su inicio.

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 esta información es muy valiosa para la toma de decisiones sobre el manejo de la pandemia de COVID-19. Nuestro equipo cuenta ahora con el equipamiento y la experiencia para seguir realizando análisis de forma