

Viroma humano en muestras de hisopado nasal-nasofaríngeo: un nuevo enfoque para atender la pandemia de SARS-CoV-2.

Las Secciones Genética Evolutiva y Virología de la Facultad de Ciencias y el Departamento de Laboratorios de Salud Pública (DLSP, División Epidemiología, Ministerio de Salud Pública) presentan un adelanto de los resultados obtenidos en el análisis genético del nuevo coronavirus humano (SARS-CoV-2).

Mediante un abordaje virómico (enriquecimiento de partículas virales) y usando secuenciación masiva (NGS) Illumina disponible en la Plataforma Genómica de Facultad de Ciencias, se obtuvo la primer secuencia (SARS-CoV-2/Uruguay/Mdeo1/2020) que abarca la totalidad del genoma de SARS-CoV-2 (29870 nucleótidos). El virus se obtuvo de una muestra uruguaya (hisopado nasofaríngeo) colectada en el inicio de la pandemia en Uruguay y previamente diagnosticada mediante qPCR por el DLSP-MSP. El genoma presentó una calidad y profundidad de lectura de secuencia excelente, no existiendo bases no asignadas (Ns) en ninguna posición del genoma.

La comparación de 29870 nucleótidos con la secuencia de referencia depositada en el GenBank (cepa china aislada en la ciudad de Wuhan al inicio de la pandemia), muestra solo 4 cambios nucleotídicos simples, de los cuales uno produce un cambio de aminoácido. La comparación de 29276 nucleótidos de esta secuencia con las 10 secuencias uruguayas disponibles en la base de datos GISAID evidencia pocos cambios (hasta 9 cambios nucleotídicos).

Paralelamente, en otra muestra de aspirado nasofaríngeo positiva para el virus respiratorio sincicial (RSV) perteneciente al banco de muestras de la Sección Virología, se obtuvo la primera secuencia completa del genoma de RSV de Uruguay, que presenta una extensión de 15151 nucleótidos.

Estos resultados marcan un hito importante para los estudios que estamos realizando. El abordaje virómico, el cual permite potencialmente identificar todos los virus presentes en una muestra, es un desarrollo original para el país. Esta metodología había sido previamente implementada para la caracterización de virus aviares, incluyendo coronavirus, y fue transferido a muestras humanas, a fin de caracterizar SARS-CoV-2 y otros microorganismos que co-infectan con él, tales como RSV.

Nuestro abordaje tiene relevancia epidemiológica, particularmente para la etapa invernal entrante donde la circulación de otros virus respiratorios aumenta. Esta co-circulación viral en la población podría generar co-infecciones que alteren los cuadros clínicos, especialmente en individuos vulnerables. A nivel mundial las investigaciones sobre las implicancias clínicas de la co-infección con SARS-CoV-2 y otros virus respiratorios son limitadas. Sin embargo, ya se han reportado casos de co-infección con RSV, Influenza A, coronavirus HKU1 y metapneumovirus, entre otros.

La detección y caracterización de los microorganismos que co-infectan a los pacientes con COVID-19 es un recurso importante para el control de la presente pandemia y una herramienta que pueden implementar los servicios de vigilancia sanitaria nacional.

Nos encontramos trabajando en la publicación de la metodología implementada para la obtención de los genomas completos, herramienta novedosa que no requiere de previa amplificación con cebadores específicos y que será de gran utilidad para la comunidad científica internacional.