

COMUNICADO DE PRENSA

INVESTIGADORES DE LA FACULTAD DE CIENCIAS IDENTIFICARON NUEVOS CAMBIOS GENÉTICOS EN MUESTRAS DE SARS-CoV-2 DE URUGUAY

La variación identificada ayudará a conectar casos clínicos con sus brotes relacionados y analizar los patrones de dispersión y la evolución del virus en el territorio nacional.

Desde el comienzo de la pandemia, un equipo de investigadores de las Secciones Genética Evolutiva y Virología de la Facultad de Ciencias, en colaboración con el Departamento de Laboratorios de Salud Pública del Ministerio de Salud Pública, viene trabajando en la secuenciación de genomas de SARS-CoV-2 con el objetivo de analizar su variabilidad genética y establecer la posible existencia de co-infecciones con otros virus respiratorios. SARS-CoV-2 ha experimentado una serie de cambios en su material genético (mutaciones) desde su emergencia a fines del 2019. Si bien las mutaciones ocurren en todos los organismos, en los virus con genoma de ARN, como es el caso de estos coronavirus, estos cambios son muy usuales porque la enzima que replica al virus introduce cambios en forma relativamente frecuente.

A través de una técnica de secuenciación masiva de última generación, con un equipo MiniSeq de Illumina disponible en la Plataforma Genómica de Facultad de Ciencias, se obtuvieron secuencias del genoma del SARS-CoV-2 de gran calidad y precisión, que permitieron analizar los cambios genéticos presentes en los virus. Mediante éste análisis, realizado en muestras de un único brote se identificó un nuevo tipo de cambio genético correspondiente a una delección (ausencia de 12 nucleótidos) en un gen accesorio del virus (ORF7a). Los cambios que implican pérdida o ganancia de regiones genómicas en SARS-CoV-2 son menos frecuentes que el simple reemplazo de una base por otra. Las delecciones tienen importancia epidemiológica porque son marcadores fuertes y estables que permiten conectar casos clínicos con sus brotes relacionados, ya que los virus tienen el mismo origen y por lo tanto comparten esas variantes. Su estudio interesa a los investigadores porque permite ver el efecto que estas pequeñas pérdidas de secuencias genómicas podrían tener en el virus. El gen afectado por la delección no

se requiere para replicar el virus en cultivo de células, pero posiblemente regule el ciclo viral en algunas de sus múltiples etapas.

El análisis de la variabilidad genética de los virus circulantes en una región es una herramienta fundamental para evaluar el origen, dispersión y circulación de las poblaciones virales. Este hallazgo es el primer reporte de una delección de este tipo en el gen ORF7a en secuencias sudamericanas y uno de los pocos descritos en las bases de datos globales. Los equipos continuarán trabajando para caracterizar la nueva delección con otras metodologías, determinar su origen (local o introducido a través de las fronteras) y establecer su posible propagación. Los resultados se complementarán con aquellos obtenidos del análisis de otras variantes.

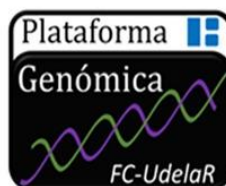
El equipo de investigación responsable de este hallazgo está integrado por los siguientes investigadores y estudiantes de posgrado:

Por la Sección Virología: Juan Arbiza, Sandra Frabasile, Adriana Delfraro y Natalia Ramos.

Por la Sección Genética: Ruben Pérez, Yanina Panzera, Lucía Calleros, Ana Marandino, Gonzalo Tomás, Claudia Techera, Sofía Grecco, Eddie Fuques.

Por el Departamento de Laboratorios de Salud Pública: Cristina Mogdasy, Héctor Chiparelli, Natalia Goñi, Viviana Ramas y Leticia Coppola

Por ampliación de esta información contactarse con:



Por Sección Genética Evolutiva:

Ruben Pérez (rperez@fcien.edu.uy) y Yanina Panzera (ypanzera@fcien.edu.uy)

Por Sección Virología:

Adriana Delfraro (adriana@fcien.edu.uy) y Natalia Ramos (nramos@fcien.edu.uy)