

La tecnología de secuenciación del coronavirus en Brasil permite monitorear la epidemia en tiempo real

15/03/2020

Tan solo dos días después de confirmarse el primer caso de coronavirus en Latinoamérica, en la ciudad de São Paulo, la mayor metrópolis brasileña, científicos del Instituto de Investigación Adolfo Lutz del Estado de São Paulo (IAL-SP) y de las universidades de São Paulo (USP, Brasil) y de Oxford (Reino Unido) publicaron la secuencia completa del genoma viral, al que se ha dado el nombre de SARS-CoV-2.

Estos datos se dieron a conocer el día 28 de febrero en el sitio web Virological.org, un foro de discusión y de datos compartidos entre virólogos, epidemiólogos y especialistas en salud pública. Además de ayudar a entender de qué manera se está propagando el virus en el mundo, este tipo de información es útil para el desarrollo de vacunas y test de diagnóstico.

“Al secuenciar el genoma del virus, quedamos más cerca de saber el origen de la epidemia. Sabemos que los casos confirmados en Brasil llegaron provenientes de Italia. Sin embargo, los italianos aún no conocen el origen del brote en la región de Lombardía, pues aún no han efectuado la secuenciación de sus muestras. Aún no saben quién es el paciente cero ni tampoco si llegó directamente de China o pasó antes por otro país”, dijo Ester Sabino, directora del Instituto de Medicina Tropical (IMT) de la USP.

De acuerdo con Sabino, la primera secuencia brasileña es muy similar a la de las muestras secuenciadas en Alemania el pasado 28 de enero, y exhibe diferencias con relación al genoma observado en Wuhan, el epicentro de la epidemia en China. “Se trata de un virus que sufre pocas mutaciones: una

por mes, en promedio. Por este motivo, de nada sirve secuenciar pequeños tramos del genoma. Para entender cómo está concretándose la diseminación y cómo está evolucionando el virus, es necesario mapear el genoma completo”, explicó la investigadora.

Los científicos del IAL-SP también concretaron la secuenciación completa del genoma del coronavirus aislado en el segundo paciente brasileño diagnosticado con la enfermedad el día 29 de febrero. Ese estudio, concluido tan solo 24 horas después de la confirmación del caso en Brasil, muestra que existen diferencias entre el genoma aislado en el segundo paciente y el del que se encontró en el primer caso.

Este monitoreo, según la investigadora, permite identificar las zonas del genoma vírico que sufren menos mutaciones, algo esencial para el desarrollo de vacunas y test de diagnóstico. “En caso de que el test tenga como blanco una zona que cambia con frecuencia, las probabilidades de pérdida de la sensibilidad son grandes”, dijo Sabino.