

# Descifran el genoma del primer caso de COVID-19 en Latinoamérica

Dr. Andrés R. Pérez Riera

02/03/2020 Menos de 48 horas después de que el primer caso de enfermedad por el nuevo coronavirus (COVID-19) de América Latina haya sido confirmado en Brasil el 26 de febrero, investigadores de las universidades de São Paulo (Brasil) y Oxford (Gran Bretaña) divulgaron la secuencia completa del genoma del virus que afecta al paciente. El análisis genético fue realizado a partir de una muestra del paciente infectado, un hombre de 61 años que vive en la ciudad de São Paulo, con diagnóstico confirmado de síndrome respiratorio agudo severa del tipo 2 (SARS-CoV-2). El paciente viajó a la región de Lombardia, en el norte de Italia, y a su regreso a Brasil presentó síntomas respiratorios como fiebre, tos seca, dolor de garganta y resfrío.

De acuerdo con los investigadores, este es el primer análisis completo de genoma del virus responsable de la infección en Lombardia, considerado uno de los puntos más importantes de transmisión del virus en Europa. El análisis indica que el genoma del virus de Brasil presenta diferencias con respecto al genoma de referencia obtenido en la ciudad de Wuhan, en China, epicentro de la epidemia, y es más cercano al genoma del virus identificado en una paciente en Alemania, el 28 de enero. “El monitoreo continuo de nuevos casos sospechosos será crítico para vigilar las nuevas importaciones de virus en Brasil y también para identificar grupos iniciales de transmisión local en el país”, afirmaron los autores. La investigadora Ana Tereza Vasconcelos, del Laboratorio Nacional de Computación Científica, en Rio de Janeiro, que no participó en el estudio, elogió la iniciativa: “La secuencia del genoma generada por los investigadores brasileños en menos de 48 horas después del diagnóstico demuestra que tenemos capacidad de actuar en tiempo real para enfrentar diversos tipos de epidemias”, dijo. “El virus que está circulando en Italia todavía no había sido secuenciado, es decir, los datos fueron generados en Brasil antes que en Italia”, señaló. Y agregó: “La identificación del genoma viral es importante para la comunidad científica internacional y brasileña pues permite seguir las modificaciones que el virus

puede sufrir con el tiempo y en diferentes países; además de ayudar a comprender como el virus se está dispersando por el mundo, ese tipo de información es útil para el desarrollo de vacunas y tests diagnósticos”. “Vivimos en un mundo global donde compartir información y conocimiento durante brotes epidémicos, especialmente en emergencias de salud pública, es crucial para que tengamos respuestas para el control rápido de estos brotes”, afirmó Nuno Faria, de la Universidad de Oxford, uno de los autores del estudio. Faria también es uno de los coordinadores del Centro Conjunto Brasil-Gran Bretaña para la Descubrimiento, Diagnóstico, Genómica y 11 Epidemiología de Arbovirus (CADDEC), junto con Ester Sabino, de la Universidad de São Paulo. “Creo que necesitamos buenos recursos para permitir el diálogo, las colaboraciones y el intercambio de informaciones porque solo trabajando juntos podemos encontrar soluciones más rápidas para los problemas de salud pública”, concluyó.

**Cleemput S1, Dumon W1, Fonseca V2,3,4, Karim WA2, Giovanetti M5, Alcantara LC3,5, Deforche K1, de Oliveira T2,6,7. Genome Detective Coronavirus Typing Tool for rapid identification and characterization of novel coronavirus genomes. Bioinformatics. 2020 Feb 28. pii: btaa145. doi: 10.1093/bioinformatics/btaa145. [Epub ahead of print]**

Author information

1 Emweb bv, Herent, Belgium.

2 KwaZulu-Natal Research Innovation and Sequencing Platform (KRISP), School of Laboratory Medicine and Medical Sciences, College of Health Sciences, University of KwaZulu-Natal, Durban, South Africa.

3 Laboratório de Genética Celular e Molecular, Instituto de Ciências Biológicas, Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, Brazil.

4 Coordenação Geral dos Laboratórios de Saúde Pública/Secretaria de Vigilância em Saúde, Ministério da Saúde, (CGLAB/SVS-MS) Brasília, Brazil.

5 Laboratório de Flavivírus, Instituto Oswaldo Cruz, Fundação Oswaldo Cruz, Rio de Janeiro, RJ, Brazil.

6 Centre for the AIDS Programme of Research in South Africa (CAPRISA),  
Durban, South Africa.

7 Department of Global Health, University of Washington, Seattle, USA.

Abstract

SUMMARY:

Genome Detective is a web-based, user-friendly software application to quickly and accurately assemble all known virus genomes from next generation sequencing datasets. This application allows the identification of phylogenetic clusters and genotypes from assembled genomes in FASTA format. Since its release in 2019, we have produced a number of typing tools for emergent viruses that have caused large outbreaks, such as Zika and Yellow Fever Virus in Brazil. Here, we present The Genome Detective Coronavirus Typing Tool that can accurately identify the novel severe acute respiratory syndrome (SARS) related coronavirus (SARS-CoV-2) sequences isolated in China and around the world. The tool can accept up to 2,000 sequences per submission and the analysis of a new whole genome sequence will take approximately one minute. The tool has been tested and validated with hundreds of whole genomes from ten coronavirus species, and correctly classified all of the SARS-related coronavirus (SARSr-CoV) and all of the available public data for SARS-CoV-2. The tool also allows tracking of new viral mutations as the outbreak expands globally, which may help to accelerate the development of novel diagnostics, drugs and vaccines to stop the COVID-19 disease.

AVAILABILITY:

<https://www.genomedetective.com/app/typingtool/cov>.