

València, 17 de maig de 2023

Seguint el rastre del SARS-CoV-2 a Moçambic

- **Un estudi capdavanter de vigilància genòmica a Moçambic revela que la variant beta del coronavirus es va transmetre a partir de migracions regionals, i qüestiona el benefici de tancar fronteres**
- **L'Institut de Biomedicina de València (IBV-CSIC) colidera el treball, que compara amb una nova eina les mostres del país africà amb milions de seqüències de la resta del món**

Un nou estudi coliderat per l'Institut de Biomedicina de València (IBV), del Consell Superior d'Investigacions Científiques (CSIC), l'Institut de Salut Global de Barcelona (ISGlobal) i el Centre d'Investigació en Salut de Manhiça (CISM), ha utilitzat tecnologia capdavantera de seqüenciació i anàlisi filogenètica per a estudiar la segona i tercera ones de COVID-19 a Moçambic. Els resultats, publicats en Lancet Global Health, mostren que la variant beta del SARS-CoV-2 va arribar principalment de Sud-àfrica, mentre que el principal origen de la variant delta va ser el Regne Unit i l'Índia, a més de Sud-àfrica.

Des de l'inici de la pandèmia, els esforços globals per a seqüenciar el SARS-CoV-2 han generat una quantitat de dades sense precedents (més de 15 milions de seqüències pujades al repositori d'accés obert GISAID hui dia). Aquesta informació ha resultat crucial per a entendre l'evolució del virus i el possible impacte en vacunes i altres mesures de salut pública. No obstant això, l'origen de les mostres seqüenciades ha sigut molt dispar: en moltes regions del món el mostreig ha sigut insuficient, la qual cosa dificulta la vigilància genòmica a nivell global i local.

“La majoria de països africans, amb l'excepció de Sud-àfrica, ha reportat un número molt xicotet de seqüències. Per exemple, a Moçambic teníem molt poca informació sobre les variants virals que van circular durant les diferents ones de COVID-19, o d'on van arribar i quan,” comenta Alfredo Mayor, investigador de ISGlobal, centre impulsat per la Fundació “la Caixa”, i del CISM.

En aquest estudi, un equip liderat per Major, Inácio Mandomando (CISM), Iñaki Comas i Mariana López (tots dos de l'IBV), va seqüenciar el genoma del virus a partir de mostres de pacients simptomàtics del sud de Moçambic, recollides durant la segona i tercera ones de COVID-19 (entre gener i juliol de 2021). Els objectius de l'estudi van ser quantificar quantes vegades es van introduir les diferents variants del virus al país, identificar la seua procedència i avaluar quant van contribuir a alimentar la pandèmia

local. L'equip investigador va usar una eina informàtica nova denominada UShER per a comparar les seqüències generades amb més de set milions de seqüències publicades.

Viatges regionals per a beta, internacionals per a delta

Els resultats confirmen que la gran majoria de les quasi 1.000 seqüències de Moçambic analitzades en aquest estudi corresponien a la variant delta (que va dominar en la tercera ona, entre juny i juliol del 2021), seguida de beta (que va dominar en la segona ona entre gener i març del 2021), encara que també es van identificar altres variants que no havien sigut reportades a Moçambic (com Al.37 i C..1.2) o fins i tot a Àfrica (com Al.29).

L'anàlisi va revelar 190 introduccions independents de la variant beta al llarg de set mesos, la gran majoria a partir de Sud-àfrica, país veí on es creu que va sorgir aquesta variant. La variant alfa, que en aqueix moment dominava a Europa, no va ser detectada. Per contra, delta va arribar a Moçambic més ràpid (la majoria de les 220 introduccions independents van ocórrer al llarg de quatre mesos) i des de més lluny: el Regne Unit i l'Índia, encara que també de Sud-àfrica.

La variant delta ràpidament es va imposar sobre beta, a causa de la seua major transmissibilitat i a una major transmissió comunitària. Els resultats també indiquen que la majoria d'introduccions, ja siga de beta o de delta, no van generar descendents. Només una fracció de les mateixes va contribuir a la propagació local del virus.

“Podem concloure que la COVID-19 es va transmetre a Moçambic a partir de migracions regionals (per a beta) i internacionals (per a delta)”, explica Inácio Mandomando, coordinador de l'àrea de malalties bacterianes, virals i altres malalties tropicals desateses del CISM.

“Hem arribat a aquestes conclusions gràcies a que en el nostre estudi comparem les seqüències virals de Moçambic amb totes les dades disponibles del món; aquest enfocament permet minimitzar el biaix en la inferència de l'origen de les variants”, destaca Iñaki Comas, investigador principal de la Unitat de Genòmica de la Tuberculosi (IBV-CSIC) i coordinador de la Plataforma (PTI+) de Salut Global del CSIC.

Aquests resultats qüestionen el balanç entre cost i benefici per a la salut d'aquesta mena de mesures en situacions de porositat de fronteres, com és el cas a Moçambic. “Les restriccions de moviment i el tancament de fronteres probablement van evitar o van retardar en gran manera la introducció de variants a partir de països no africans, però van resultar insuficients per a detindre l'entrada del virus des de països veïns”, conclou Mariana López, investigadora de la Unitat de Genòmica de Tuberculosi en l'IBV-CSIC. El treball s'emmarca en les activitats de la PTI Salut Global (CSIC).

Referència:

Francisco José Martínez-Martínez, Arsenia J Massinga, Áuria De Jesus, Rita M Ernesto, Pablo Cano-Jiménez, Álvaro Chiner-Oms, Inmaculada Gómez-Navarro, Marina

Guillot-Fernández, Caterina Guinovart, António Siteo, Delfino Vubil, Rubão Bila, Rufino Gujamo, Sónia Enosse, Santiago Jiménez-Serrano, Manuela Torres-Puente, Iñaki Comas, Inácio Mandomando, Mariana G López, Alfredo Mayor, ***Tracking SARS-CoV-2 introductions in Mozambique using pandemic-scale phylogenies: a retrospective observational study***, *The Lancet Global Health*, Volume 11, Issue 6, 2023. DOI: [https://doi.org/10.1016/S2214-109X\(23\)00169-9](https://doi.org/10.1016/S2214-109X(23)00169-9)