

València, 17 de mayo de 2023

Siguiendo el rastro del SARS-CoV-2 en Mozambique

- **Un estudio puntero de vigilancia genómica en Mozambique revela que la variante beta del coronavirus se transmitió a partir de migraciones regionales, y cuestiona el beneficio de cerrar fronteras**
- **El Instituto de Biomedicina de Valencia (IBV-CSIC) colidera el trabajo, que compara con una nueva herramienta las muestras del país africano con millones de secuencias del resto del mundo**

Un nuevo estudio coliderado por el Instituto de Biomedicina de Valencia (IBV), del Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC), el Instituto de Salud Global de Barcelona (ISGlobal) y el Centro de Investigación en Salud de Manhíça (CISM), ha utilizado tecnología puntera de secuenciación y análisis filogenético para estudiar la segunda y tercera olas de COVID-19 en Mozambique. Los resultados, publicados en *Lancet Global Health*, muestran que la variante beta del SARS-CoV-2 llegó principalmente de Sudáfrica, mientras que el principal origen de la variante delta fue el Reino Unido e India, además de Sudáfrica.

Desde el inicio de la pandemia, los esfuerzos globales para secuenciar el SARS-CoV-2 han generado una cantidad de datos sin precedentes (más de 15 millones de secuencias subidas al repositorio de acceso abierto GISAID a día de hoy). Esta información ha resultado crucial para entender la evolución del virus y el posible impacto en vacunas y otras medidas de salud pública. Sin embargo, el origen de las muestras secuenciadas ha sido muy dispar: en muchas regiones del mundo el muestreo ha sido insuficiente, lo cual dificulta la vigilancia genómica a nivel global y local.

“La mayoría de países africanos, con la excepción de Sudáfrica, ha reportado un número muy pequeño de secuencias. Por ejemplo, en Mozambique teníamos muy poca información sobre las variantes virales que circularon durante las diferentes olas de COVID-19, o de dónde llegaron y cuándo,” comenta Alfredo Mayor, investigador de ISGlobal, centro impulsado por la Fundación “la Caixa”, y del CISM.

En este estudio, un equipo liderado por Mayor, Inácio Mandomando (CISM), Iñaki Comas y Mariana López (ambos del IBV), secuenció el genoma del virus a partir de muestras de pacientes sintomáticos del sur de Mozambique, recogidas durante la segunda y tercera olas de COVID-19 (entre enero y julio de 2021). Los objetivos del estudio fueron cuantificar cuántas veces se introdujeron las distintas variantes del virus en el país, identificar su procedencia y evaluar cuánto contribuyeron a alimentar la

pandemia local. El equipo investigador usó una herramienta informática novedosa denominada UShER para comparar las secuencias generadas con más de siete millones de secuencias publicadas.

Viajes regionales para beta, internacionales para delta

Los resultados confirman que la gran mayoría de las casi 1.000 secuencias de Mozambique analizadas en este estudio correspondían a la variante delta (que dominó en la tercera ola, entre junio y julio del 2021), seguida de beta (que dominó en la segunda ola entre enero y marzo del 2021), aunque también se identificaron otras variantes que no habían sido reportadas en Mozambique (como AY.37 y C..1.2) o incluso en África (como AY.29).

El análisis reveló 190 introducciones independientes de la variante beta a lo largo de siete meses, la gran mayoría a partir de Sudáfrica, país vecino donde se cree que surgió dicha variante. La variante alfa, que en ese momento dominaba en Europa, no fue detectada. Por el contrario, delta llegó a Mozambique más rápido (la mayoría de las 220 introducciones independientes ocurrieron a lo largo de cuatro meses) y desde más lejos: Reino Unido e India, aunque también de Sudáfrica.

La variante delta rápidamente se impuso sobre beta, debido a su mayor transmisibilidad y a una mayor transmisión comunitaria. Los resultados también indican que la mayoría de introducciones, ya sea de beta o de delta, no generaron descendientes. Solo una fracción de las mismas contribuyó a la propagación local del virus.

“Podemos concluir que la COVID-19 se transmitió en Mozambique a partir de migraciones regionales (para beta) e internacionales (para delta)”, explica Inácio Mandomando, coordinador del área de enfermedades bacterianas, virales y otras enfermedades tropicales desatendidas del CISM.

“Hemos llegado a estas conclusiones gracias a que en nuestro estudio comparamos las secuencias virales de Mozambique con todos los datos disponibles del mundo; este enfoque permite minimizar el sesgo en la inferencia del origen de las variantes”, destaca Iñaki Comas, investigador principal de la Unidad de Genómica de la Tuberculosis (IBV-CSIC) y coordinador de la Plataforma (PTI+) de Salud Global del CSIC.

Estos resultados cuestionan el balance entre costo y beneficio para la salud de este tipo de medidas en situaciones de porosidad de fronteras, como es el caso en Mozambique. “Las restricciones de movimiento y el cierre de fronteras probablemente evitaron o retrasaron en gran medida la introducción de variantes a partir de países no africanos, pero resultaron insuficientes para detener la entrada del virus desde países vecinos”, concluye Mariana López, investigadora de la Unidad de Genómica de Tuberculosis en el IBV-CSIC. El trabajo se enmarca en las actividades de la PTI Salud Global (CSIC).

Referencia:

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)