

¹ Instituto de Medicina Tropical y Salud Global, Universidad Iberoamericana, Santo Domingo, Dominican Republic, 22333

² Ponce Health Sciences University/Ponce Research Institute, Puerto Rico

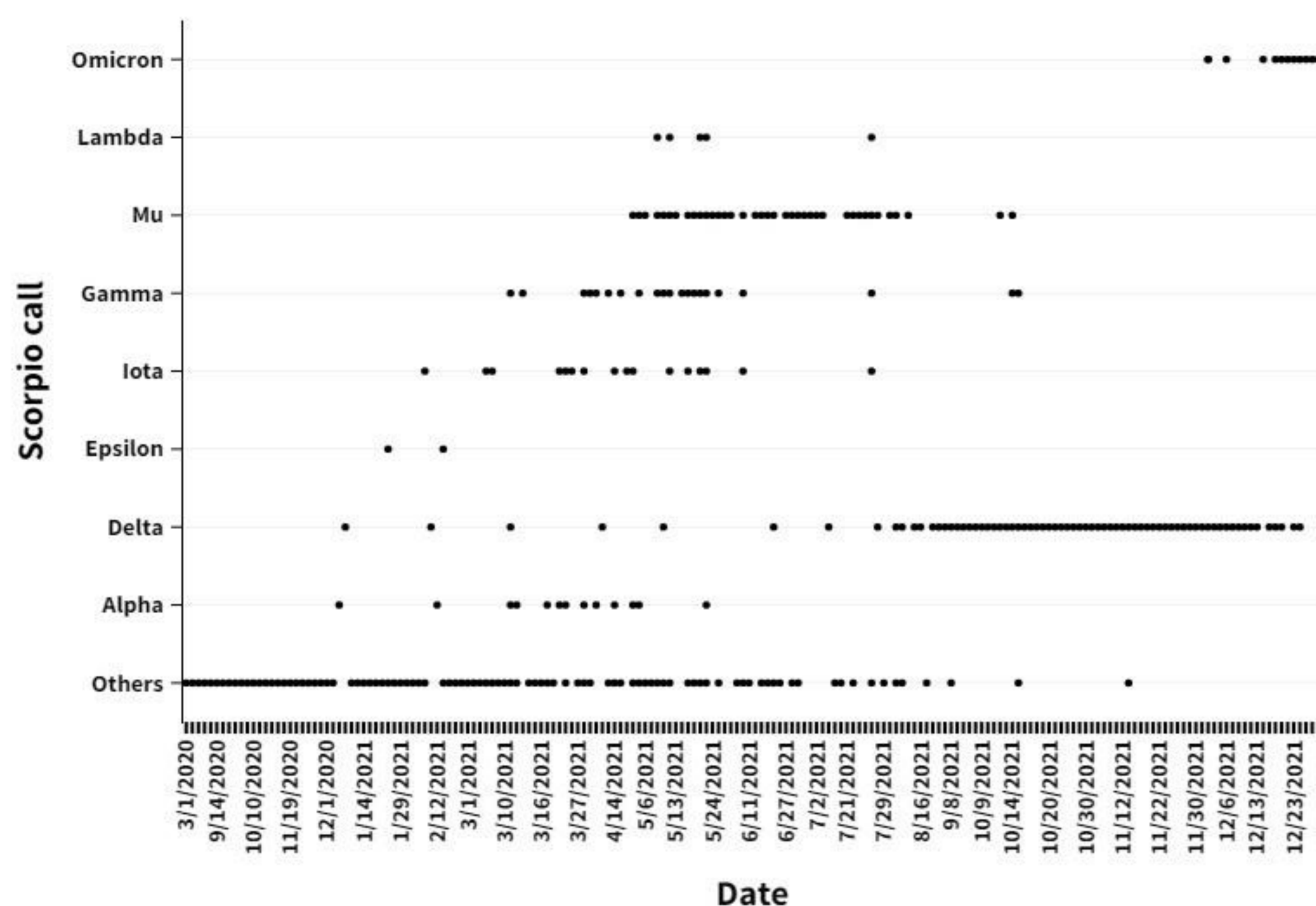
* Correspondencia a: r.paulino1@unibe.edu.do

Introducción

Desde el inicio de la pandemia causada por el SARS-CoV-2, en la República Dominicana se han realizado esfuerzos para establecer un monitoreo molecular continuo de la circulación y emergencia de nuevas variantes.

Resultados

La mutación no sinónima más frecuente durante el período de estudio fue D614G. De las 1.149 muestras, 870 (75,74%) se clasificaron en ocho variantes relevantes según Pangolin/Scorpio. Las primeras variantes bajo monitoreo (VBM) se recopilaron en diciembre de 2020. No obstante, durante 2021 se identificaron las variantes de preocupación (VOC) Delta y Omicron. Las tasas medias de mutación se estimaron en 1,5523E-3 (95% HPD: 1,2358E-3, 1,8635E-03) sustituciones de nucleótidos por sitio.



Scorpio call. La Data representa 186 diferentes fechas de colecta y 1,149 secuencias.

Conclusiones

Es evidente que cada nuevo CoV emergente es más infeccioso que el anterior. Una mejor comprensión de la evolución viral, la cual está impulsada por factores genéticos y ecológicos para adaptarse al medio ambiente o la intervención humana, entre otros, nos ayuda a establecer estrategias para controlar mejor la evolución viral.

Métodos

Se obtuvo un total de 1,149 secuencias de nucleótidos del genoma completo del SARS-CoV-2 de la República Dominicana de la base de datos de la Global Initiative on Sharing All Influenza Database (GISAID). Las relaciones filogenéticas y las tasas de evolución se analizaron utilizando el método de máxima verosimilitud y el método Monte Carlo de la cadena bayesiana de Markov (MCMC). Los detalles de genotipado (linajes) se obtuvieron utilizando la aplicación web Pangolin. Además, se utilizaron las herramientas web Coronapp y Genome Detective Viral Tools, entre otras, para monitorear las características epidemiológicas.

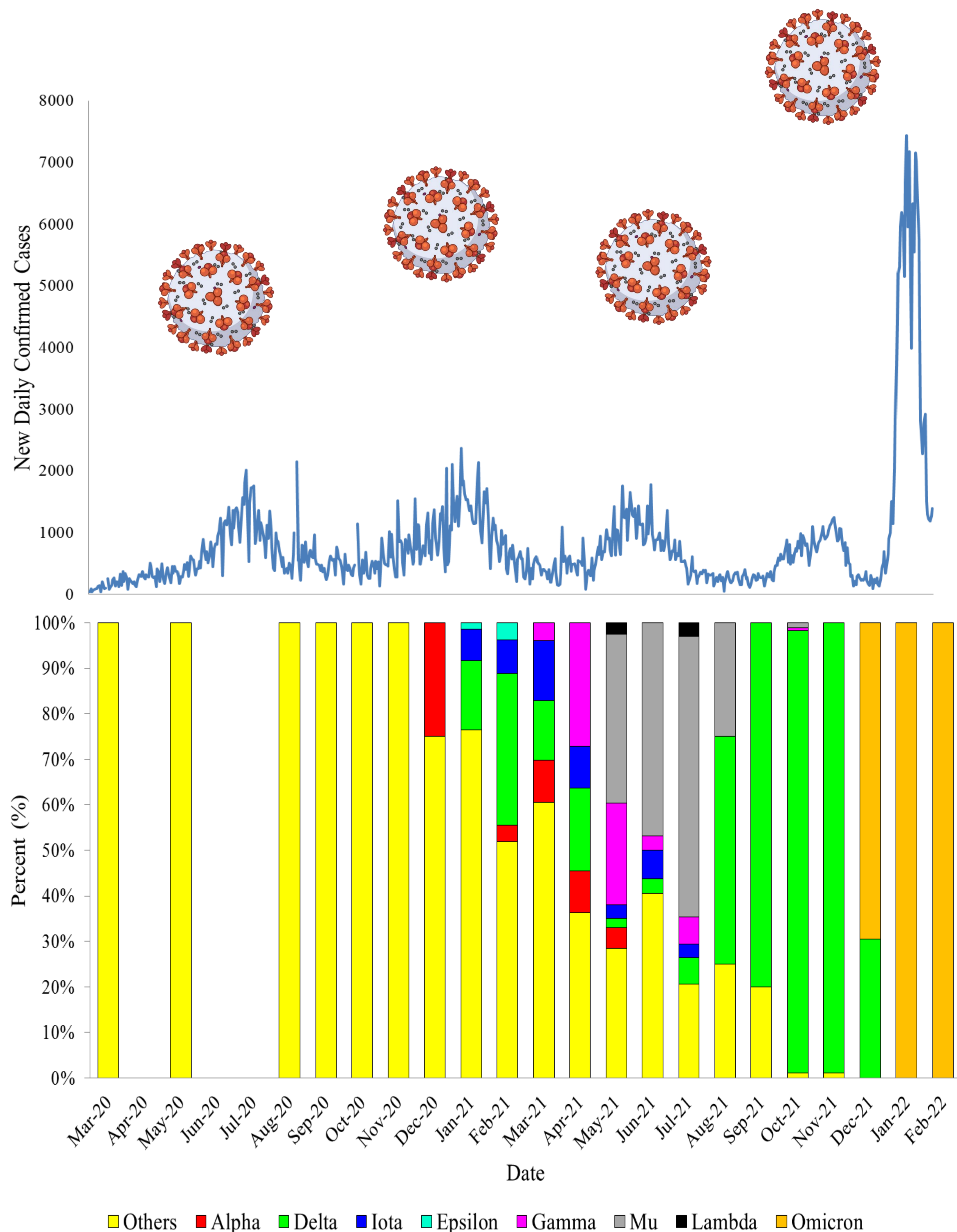


Figura 1. Variantes de SARS-CoV-2 en la República Dominicana registradas en GISAID desde Marzo 2020 a Octubre 2021.

Presentado en La Semana Dominicana de la Ciencia y Tecnología XVII Congreso Internacional de Investigación Científica (CIC)

Referencias: *

- Paulino-Ramirez, R., Riego, E., Vallejo-Degaudenzi, A., Calderon, V. V., Tapia, L., León, P., ... & Marcello, A. (2021). Whole-Genome Sequences of SARS-CoV-2 Isolates from the Dominican Republic. *Microbiology Resource Announcements*, 10(47), e00952-21.
- Chan JF, Yuan S, Kok KH, To KK, Chu H, Yang J, Xing F, Liu J, Yip CC, Poon RW, Tsoi HW. A familial cluster of pneumonia associated with the 2019 novel coronavirus indicating person-to-person transmission: a study of a family cluster. *The Lancet*. 2020 Feb 15;395(10223):514-23.
- Huang C, Wang Y, Li X, Ren L, Zhao J, Hu Y, Zhang L, Fan G, Xu J, Gu X, Cheng Z. Clinical features of patients infected with 2019 novel coronavirus in Wuhan, China. *The Lancet*. 2020 Feb 15;395(10223):497-506