



Instituto de Investigación Sanitaria
SANTIAGO DE COMPOSTELA

A práctica totalidade dos casos de SARS-CoV-2 en España proceden de cinco liñaxes xenéticas

A investigación liderada polos doutores Antonio Salas Ellacuriaga e Federico Martín Torres conclúe que probablemente B3a é a primeira liñaxe do virus que entrou en España a través da cidade de Vitoria en torno ao 11 de febreiro de 2020

Santiago, xoves 17 de setembro de 2020. O virus SARS-Cov-2 entrou en España pola cidade de Vitoria, en torno ao 11 de febreiro de 2020, a través da cepa xenética B3a. O País Vasco é a comunidade autónoma con máis probabilidades de albergar a orixe da pandemia en España, cun foco de expansión importante que ten lugar entre os días 5 e 14 daquel mes, así como entre o 16 e o 19 de marzo. Estas son algunhas das conclusións ás que chegaron os científicos do **IDIS** Antonio Salas Ellacuriaga e Federico Martín Torres (xefe do Servizo de Pediatría do Hospital Clínico de Santiago) nun artigo que acaba de ver a luz na revista *Zoological Research* e que identifica as cinco cepas xenéticas que explicarían o 90% de todas as incidencias na base de datos de xenomas, a práctica totalidade dos casos da COVID-19 no territorio español.

A2a5, a segunda liñaxe máis importante do virus en España, puido orixinarse en Italia, o lugar onde xorde o seu devanceiro evolutivo, A2a, á súa vez, a máis importante a nivel mundial. Esta última chegaría a España a principios de marzo e rapidamente faise forte en Madrid, explican os investigadores. Moitas destas liñaxes, xa sexan as xeradas dentro de España, como as importadas de fóra, puideron ser exportadas a outros lugares do mundo, como Inglaterra (B3a) ou Sudamérica (B3a ou A2a4, entre outras).

O grupo de investigadores liderado polos investigadores do Instituto de Investigación Sanitaria de Santiago de Compostela (**IDIS**), descifrou o comportamento do virus no Estado. España representa un dos grandes focos mundiais da primeira onda da pandemia. Coa finalidade de entendela dende o punto de vista do axente causal, o equipo de investigadores analizou un total de 41.362 xenomas, dos cales 1.245 compoñen a mostra española. Este é o maior estudo global levado a cabo ata a data en relación coa variabilidade xenómica do SARS- CoV-2 no mundo e o primeiro publicado en explorar a variación xenética en España.

B3a, a primeira liñaxe española

O presente estudo é unha continuación do proxecto pioneiro previo do mesmo grupo de investigación onde os autores descubriron a importancia dos super-contaxiadores como gran motor da pandemia SARS-CoV-2. Esta vez, os científicos centraron os seus esforzos en

Gabinete de Comunicación e Imaxe
Área Sanitaria de Santiago de Compostela
Instituto de Investigación Sanitaria de Santiago
<http://xisantiago.sergas.es>
<http://www.fidisantiago.es>
981 950 023 / 629 25 37 54 / 981 950 967 / 629 932 323
Hospital Clínico.Travesía da Choupana s/n
Santiago de Compostela 15706



@santiagosergas



@fidis_santiago



@santiago.sergas



@FIDIS.Santiago

comprender a dinámica de transmisión en España. Segundo este estudo, existen cinco liñaxes principais que explican case o 90% de todas as incidencias na base de datos de xenomas: A2a5 (38.4%), B3a (30.1%), B9 (8.7%), A2a4 (7.8%), e A2a10 (2.8%). “Mediante unha combinación de análises evolutivas e matemáticas que teñen en conta non só a cronoloxía dos xenomas, senón tamén os seus patróns de variación xenómica, fomos capaces de reconstruír a orixe máis probable destas liñaxes, dentro e fóra de España”, explica Antonio Salas. O estudo constata que mentres que B3a, B9 e a sub-liñaxe A2a5-c xurdiron en España; A2a5, A2a4 e A2a10 foron importados doutros países de Europa.

Un aspecto distintivo do SARS- CoV-2 en España é a frecuencia tan elevada de xenomas pertencentes á cepa B: 39.3%; maioritariamente representadas polas sub-cepas B3a e B9. “No estudo presentado, faise unha investigación ao máis puro estilo policial axuntando a información que procede de distintas fontes, basicamente evolutivas, xeoespaciais e cronolóxicas (filogeografía), e axudándose da enorme fonte de información achegada pola gran base de datos internacional de xenomas utilizada no estudo”, explican os científicos. En relación coa liñaxe B3a, e á luz dos datos existentes nos xenomas que compoñen a mostra, o estudo conclúe que o País Vasco é a zona máis probable para albergar a súa orixe. Doutra banda, A2a5, a segunda liñaxe máis importante en España “moi probablemente orixinouse en Italia, outro dos grandes epicentros non asiático na expansión do coronavirus”, afirman Salas e Martínón.

A mutación D614 G é menos frecuente en España

Existen xa algúns traballos que apuntan a que a mutación D614 G no coronavirus confírelle unha maior capacidade de transmisión. “O noso estudo indica que esta mutación está presente en aproximadamente un 56% de todas as cepas de España, o cal podería parecer moi alta, pero é con todo a máis baixa de toda Europa (82%)”, sinalan. Os resultados destes investigadores non apoian unha implicación desta mutación na alta incidencia da COVID-19 en España, non soamente pola súa frecuencia que é difícil de encaixar coa incidencia da enfermidade, senón tamén porque a mutación xorde en A2 e non A2a; pero é A2a, con todo, “a cepa que ten éxito a nivel mundial”. Os autores propoñen que é o azar, tecnicamente deriva xénica, favorecido por eventos de super-contaxio, o que eleva a frecuencia desta mutación en todo o mundo.

As liñaxes principais de España experimentaron incrementos repentinos no seu tamaño efectivo nun tempo moi curto e en cidades concretas. A análise evolutiva destas liñaxes delata que detrás destas expansións do virus foi necesaria a mediación de super-contaxiadores. Existen varias fontes de evidencia en relación con este feito que teñen que ver coa vida media das cepas dos virus, as súas taxas evolutivas, localización xeográfica, ou cronoloxía, entre outras. “Por todo iso cremos que o papel dos super-contaxiadores e non variacións vantaxosas no xenoma do virus, tiveron moita máis importancia á hora de entender e explicar a epidemioloxía do SARS- Cov-2”, di Martínón.



Instituto de Investigación Sanitaria
SANTIAGO DE COMPOSTELA

A metodoloxía utilizada polo grupo de Salas e Martinón servirá de modelo para estudar calquera outra zona do mundo e demostra a posibilidade de estudar a dinámica do virus a escalas xeográficas pequenas cando se analizan nun contexto pandémico internacional. Este traballo é só unha parte dun proxecto moito máis ambicioso denominado XENE-COVID, unha aposta que integra xenómica, transcriptómica, epixenómica, proteómica e inmunoloxía. O artigo titulado 'Phylogeography of SARS-CoV-2 pandemic in Spain: a story of multiple introductions, micro-geographic stratification, founder effects, and super-spreaders' está tamén asinado por Alberto Gómez Carballa, Xabier Bello Paderne, Jacobo Pardo Seco e María Luisa Pérez del Molino-Bernal

Sobre o IDIS

O Instituto de Investigación Sanitaria de Santiago de Compostela (IDIS) é un centro de investigación traslacional, de innovación e transferencia de coñecemento que favorece as sinerxias entre a área sanitaria de Santiago de Compostela e Barbanza, e a Universidade de Santiago, e ao que están vinculados 94 grupos e máis de 1.300 investigadores.

Naceu en 2008 para poñer en valor o coñecemento aplicado e situou a Galicia como referente internacional no eido da biomedicina e foi o primeiro centro galego acreditado polo Instituto de Salud Carlos III en 2010.

Os indicadores de actividade do ano 2019 dos investigadores do IDIS mostran incrementos en todas as súas áreas, destacando a subida do 10% de fondos captados (32 M€), a produción científica con máis de 800 publicacións; 65 novos contratos de persoal e o capítulo da transferencia con 44 patentes e 5 spin-offs.

Saúdos,

Gabinete de Comunicación e Imaxe
Área Sanitaria de Santiago de Compostela
Instituto de Investigación Sanitaria de Santiago
<http://xisantiago.sergas.es>
<http://www.fidisantiago.es>
981 950 023 / 629 25 37 54 / 981 950 967 / 629 932 323
Hospital Clínico.Travesía da Choupana s/n
Santiago de Compostela 15706



@santiagosergas



@fidis_santiago



@santiago.sergas



@FIDIS.Santiago