

## Orientaciones para la selección de muestras de SARS-CoV-2 para caracterización y vigilancia genómica

09 de febrero de 2021

La secuenciación genómica ha sido una herramienta esencial para generar datos virológicos, impulsar la respuesta del laboratorio y comprender mejor los patrones evolutivos y de dispersión del SARS-CoV-2 [1-2]. Además de la caracterización de los patrones de circulación global, la detección temprana de las variantes del SARS-CoV-2 dentro de cada país es fundamental para complementar la vigilancia epidemiológica y virológica.

La OPS / OMS ha apoyado el fortalecimiento de la capacidad nacional para realizar vigilancia genómica desde marzo de 2020 en el marco de la Red Regional de Vigilancia Genómica COVID-19 [3-4] y alienta a los Estados Miembros no solo a participar en la Red sino también a implementar y mejorar las capacidades de secuenciación, y compartir de forma oportuna las secuencias en la plataforma global GISAID [5].

Para detectar tendencias de cambio en la diversidad genética y variantes emergentes, se necesitan series temporales de muestras. Además, una cantidad apropiada y muestras representativas, incluyendo muestras de casos inusuales, son importantes para generar datos útiles de secuenciación genómica.

Dado que el éxito de la vigilancia genómica depende de las estrategias de muestreo, la OPS recomienda una selección adecuada de muestras para secuenciar, tomando en cuenta el número de muestras, el marco de tiempo y la representatividad.

## Criterios para las muestras de SARS-CoV-2

### Criterios de representatividad

Para promover la generación de datos más robustos y fidedignos que reflejen la información genómica del SARS-CoV-2 que circula en los países de la región, el muestreo basado en la representatividad es clave para los objetivos de vigilancia genómica.

Para una mejor representación del SARS-CoV-2 que circula en los países, se recomiendan los siguientes **criterios de representatividad**:

- Vigilancia regular en áreas con transmisión comunitaria establecida:
  - Diferentes grupos de edad;
  - Diferentes ubicaciones geográficas dentro del país;
  - Diferentes períodos de tiempo;
  - Gravedad diferente: casos leves, graves y fatales;
- Casos en áreas con un aumento significativo de casos en unas pocas semanas (no explicado por la relajación de las medidas de salud pública);

- Niños en áreas con aumento de la incidencia de caos pediátricos;
- Grupos de casos graves en personas <60 años y sin condiciones subyacentes;
- Casos en los que se sospecha una reinfección;
- Casos en personas completamente inmunizadas.

## Características virológicas de las muestras clínicas

Debido a que el SARS-CoV-2 tiene uno de los genomas de ARN más grandes (aprox. 30.000 nucleótidos), una buena calidad de la muestra y una alta carga de virus son cruciales para recuperar secuencias genómicas completas de alta calidad. La baja calidad de la muestra y del ARN conduce al fracaso de los protocolos de secuenciación. Las muestras clínicas ideales son aquellas que han sido debidamente transportadas y almacenadas asegurando el mantenimiento de la cadena de frío y el almacenamiento a temperaturas ultrabajas.

Por tanto, las **muestras clínicas recomendadas basadas en el diagnóstico de laboratorio** [6] son las siguientes:

- Muestras con valores de Ct  $\leq 30$ ;
- Muestras transportadas a través de una cadena de frío ininterrumpida y almacenadas a temperaturas ultrabajas (o a  $-20^{\circ}\text{C}$  si no se dispone de almacenamiento a temperaturas ultrabajas);
- Muestras que no han pasado por múltiples ciclos de congelación-descongelación.

## Marco de tiempo y número de muestras positivas para SARS-CoV-2

Se deben considerar al menos 50 muestras de SARS-CoV-2 por período de tiempo (mes) para una mejor representatividad.

En el contexto de las variantes emergentes, el **número recomendado de muestras** para la selección sería:

- Al menos 3 muestras de SARS-CoV-2 por mes de marzo a octubre de 2020 (total de 24 muestras);
- Un mínimo de 50 muestras por mes desde noviembre de 2020 hasta enero de 2021 (total de 150 muestras);
- A partir de febrero de 2021:
  - País / Laboratorios que envían muestras para secuenciación externa: 50 muestras por mes;
  - País / Laboratorios que secuencian las muestras internamente: al menos 50 muestras por mes (pero sin limitación, dependiendo de la capacidad de secuenciación).

## Vigilancia genómica del SARS-CoV-2

La Red Regional de Vigilancia Genómica de COVID-19 está abierta a todos los países y territorios de las Américas. Si la secuenciación no está disponible en su país, comuníquese con la OPS para tener acceso a uno de los laboratorios de referencia de secuenciación en la Región. Para más información sobre la red,

laboratorios regionales de secuenciación, el envío de muestras o cualquier información adicional, puede contactar a la Oficina Regional de la OPS en los correos electrónicos [leitejul@paho.org](mailto:leitejul@paho.org), [ricoj@paho.org](mailto:ricoj@paho.org).

## Referencias

1. Organización Mundial de la Salud. Declaración sobre la segunda reunión del Comité de Emergencias del Reglamento Sanitario Internacional (2005) acerca del brote del nuevo coronavirus (2019-nCoV). 30 de enero de 2021. Disponible en: [https://www.who.int/es/news/item/30-01-2020-statement-on-the-second-meeting-of-the-international-health-regulations-\(2005\)-emergency-committee-regarding-the-outbreak-of-novel-coronavirus-\(2019-ncov\)](https://www.who.int/es/news/item/30-01-2020-statement-on-the-second-meeting-of-the-international-health-regulations-(2005)-emergency-committee-regarding-the-outbreak-of-novel-coronavirus-(2019-ncov))
2. Organización Mundial de la Salud. Alocución de apertura del Director General de la OMS en la rueda de prensa sobre la COVID-19 celebrada el 11 de marzo de 2020. Disponible en: <https://www.who.int/es/director-general/speeches/detail/who-director-general-s-opening-remarks-at-the-media-briefing-on-covid-19---11-march-2020>
3. Organización Panamericana de la Salud. Red Regional de Vigilancia Genómica de COVID-19. Disponible en: <https://www.paho.org/es/temas/influenza/red-regional-vigilancia-genomica-covid-19>
4. Leite JA, Vicari A, Perez E, Siqueira M, Resende P, Motta F, et al. Implementation of a COVID-19 Genomic Surveillance Regional Network for Latin America and Caribbean Region. PLOS One. Enviado para publicación.
5. GISAID initiative. Disponible en: <https://www.gisaid.org/>
6. Organización Panamericana de la Salud. Directrices de laboratorio para la detección y el diagnóstico de la infección por el virus responsable de la COVID-19, 8 de julio del 2020. Disponible en: <https://iris.paho.org/handle/10665.2/52471>