

# vigilancia genómica



Visión CEVECE  
2022 Semana 16

Centro Estatal de Vigilancia Epidemiológica y Control de Enfermedades. Av. Fidel Velázquez No. 805, Col. Vértice. C.P. 50150. Tel. (722) 2193887. Estado de México.



## definiciones importantes

- Linaje: es un grupo de virus estrechamente relacionados con un ancestro en común. El SARS-CoV-2 tiene muchos linajes; todos causan la COVID-19.
- Variante: es un genoma viral (código genético) que puede incluir una o más mutaciones. En algunos casos, un grupo de variantes con cambios genéticos similares, como un linaje o grupo de linajes, puede ser designado por las organizaciones de salud pública como una variante de preocupación o una variante de interés (VOC y VOI), por sus siglas en inglés, respectivamente) debido a atributos y características compartidas que pueden requerir medidas de salud pública.
- Secuenciación genómica: las y los científicos utilizan un proceso denominado secuenciación genómica para descifrar el material genético de un organismo o virus. Las secuencias de muestras obtenidas pueden compararse para ayudar a las y los científicos a hacer un seguimiento de la propagación de un virus, cómo está cambiando y cómo dichos cambios pueden afectar a la salud pública.
- Vigilancia genómica: los virus pueden ser rastreados a través de los datos de secuencia genómica. Una vigilancia efectiva no requiere de la secuenciación de una muestra de cada caso de COVID-19. En su lugar, científicos/as cuentan con la recopilación de suficientes datos de

secuencias de poblaciones representativas para detectar nuevas variantes y monitorear las tendencias de las variantes en circulación.

- Todos los virus cambian (o mutan) a medida que se replican y propagan en una población. Los virus que tienen ácido ribonucleico (ARN) como material genético, como el SARS-CoV-2 (el virus que causa la COVID-19) y la influenza, mutan mucho más rápido que los virus con ácido desoxirribonucleico (ADN). Cada vez que el SARS-CoV-2 se replica, existe la posibilidad de que el virus cambie. Muchas mutaciones no afectan la capacidad del virus de propagarse o de causar enfermedades porque no alteran las principales proteínas involucradas en la infección y la transmisión.
- Cuando uno de estos cambios incide en la capacidad del virus de propagarse o causar la enfermedad, puede haber una ventaja competitiva sobre los otros linajes del SARS-CoV-2. Con el tiempo, ciertos linajes con estas ventajas se vuelven más predominantes entre los virus que circulan en una población. Cuando un linaje o un grupo de linajes tiene características que afectan a la salud pública, se pueden clasificar como "variante de interés" o "variante de preocupación".

**Mutación:** se refiere a un cambio único en el genoma del virus (código genético). Las mutaciones ocurren con frecuencia, pero solo a veces modifican las características del virus.

## importancia de la vigilancia genómica

- Científicos/as secuencian las muestras virales tomadas de una parte de las muestras de personas que dan positivo en la prueba de detección de COVID-19. Una vez que se determina que el resultado de la prueba es positivo, se necesita más tiempo para preparar y secuenciar la muestra viral y luego analizar los datos de la secuencia. Esto puede demorar desde unos días hasta unas semanas.
- Estas secuencias tienen información valiosa que utilizan para:
  - Caracterizar el virus.
  - Estimar la prevalencia de una determinada variante en una población.
  - Evaluar la efectividad de los tratamientos médicos, como los anticuerpos monoclonales, contra las variantes.
  - Investigar la propagación del virus durante los brotes.
- La secuenciación genómica va más allá de las pruebas de detección del SARS-CoV-2 y permite que la comunidad científica pueda clasificar un virus como una variante específica y determinar su linaje. La vigilancia genómica ha sido un componente clave de los esfuerzos de salud pública durante la pandemia de COVID-19.
- PASO 1. Extracción. En primer lugar, se extraen cadenas de ácido desoxirribonucleico (ADN) o ácido ribonucleico (ARN) de bacterias, virus u otros microbios patógenos.
- PASO 2. Preparación de la biblioteca. El ADN o ARN que se va a secuenciar debe prepararse especialmente antes de introducirlo en la máquina de secuenciación. Los pasos del proceso pueden variar según el tipo de muestra y del equipo específico que se utilice.
- PASO 3. Secuenciación. La biblioteca se carga en un secuenciador, que identificará las bases de nucleótidos en los fragmentos de ADN.
- PASO 4. Análisis. El secuenciador produce datos —millones de extensas cadenas de letras— que luego se ensamblan o alinean con una secuencia de referencia de alta calidad. Los programas analíticos comparan los datos de la secuencia nueva con la secuencia de referencia e identifican las variaciones en la muestra que permiten que las y los científicos puedan inferir una relación ancestral, como un árbol genealógico.
- En México, como apoyo a los esfuerzos de la Secretaría de Salud para identificar las variantes de SARS-CoV-2 que circulan en el país, así como su dispersión y evolución, se estableció el Consorcio Mexicano de Vigilancia Genómica (CoViGen-Mex), integrado por investigadores y especialistas del Instituto Mexicano del Seguro Social, el Instituto Nacional de Enfermedades Respiratorias, el Laboratorio Nacional de Genómica para la Biodiversidad del CINVESTAV y el Instituto de Biotecnología de la UNAM.

Las y los científicos utilizan un proceso llamado secuenciación genómica para identificar las variantes del SARS-CoV-2.

## clasificación de las variantes

- Variante bajo monitoreo (VBM, por sus siglas en inglés). Las variantes designadas como VBM incluyen aquellas cuyos datos indican que existen un impacto claro o potencial sobre las contramedidas médicas aprobadas o autorizadas o que se han asociado a casos de enfermedad más graves o a una mayor transmisión pero que ya no se detectan, o están circulando a niveles muy bajos. Estas variantes no representan un riesgo significativo e inminente para la salud pública.
- Una variante de interés o una variante de preocupación puede ser degradada a esta lista luego de una reducción significativa y sostenida en sus proporciones nacionales y regionales con el paso del tiempo, o si otra evidencia indica que una variante no representa un riesgo significativo para la salud pública.
- Estas variantes se siguen monitoreando de cerca para identificar cambios en sus proporciones y los nuevos datos obtenidos se analizan de forma continua. Si los datos indican que una VBM justifica un mayor nivel de preocupación, se modificará la clasificación con base en la evaluación que haga el Sistema de Información Geográfico (SIG) de los atributos de la variante y el riesgo para la salud pública.
- Variante de interés (VOI, por sus siglas en inglés). Variante con marcadores genéticos específicos a los que se ha asociado a cambios en la unión al receptor, una menor neutralización por los anticuerpos generados contra una infección anterior o la vacunación, una menor eficacia de los tratamientos, el posible impacto del diagnóstico, o el aumento pronosticado en la transmisibilidad o gravedad de la enfermedad.
- Variante de preocupación (VOC, por sus siglas en inglés). Variante para la cual existe evidencia de una mayor transmisibilidad, casos más graves de enfermedad (por ejemplo, mayor cantidad de hospitalizaciones o muertes), reducción significativa en la neutralización por los anticuerpos generados durante una infección anterior o la vacunación, menor efectividad de los tratamientos o las vacunas, o fallas de detección de diagnóstico.
- Variante con grandes consecuencias (VOHC, por sus siglas en inglés). La variante VOHC muestra una clara evidencia de que las medidas de prevención o las medidas médicas paliativas (MCM, por sus siglas en inglés) han reducido significativamente la efectividad con respecto a las variantes que circularon previamente.

Variante bajo monitoreo (VBM, por sus siglas en inglés). Las variantes designadas como VBM incluyen aquellas cuyos datos indican que existen un impacto claro o potencial sobre las contramedidas médicas aprobadas o autorizadas.

## para entender las variantes

- El virus que causa la COVID-19 está en constante cambio y se espera que aparezcan nuevas variantes del virus. A veces, emergen nuevas variantes y luego desaparecen. En otras ocasiones, las nuevas variantes persisten. Se está haciendo el seguimiento de diferentes variantes del virus que causa la COVID-19 en el mundo durante esta pandemia.
- Si pensamos en el virus como un árbol que crece y se ramifica, cada rama del árbol es levemente distinta de las demás. Al comparar las ramas, los científicos pueden etiquetarlas en función de las diferencias. Estas pequeñas diferencias, o variantes, se han estudiado e identificado desde el comienzo de la pandemia.
- Algunas variaciones permiten que el virus se propague con mayor facilidad o se vuelva resistente a los tratamientos o vacunas. Esas variantes deben monitorearse con mayor detenimiento.
- A medida que el virus se propaga, tiene nuevas oportunidades de cambiar, y podría volverse más difícil detenerlo. Estos cambios se pueden monitorear al comparar las diferencias en las características físicas (como la resistencia al tratamiento) o los cambios en el código genético (mutaciones) entre una

variante y otra.

- Al estudiar cada variante y entender estas diferencias, la comunicación científica pueden monitorear y con frecuencia predecir si una variante es más peligrosa que las demás. También pueden usar esta información para el seguimiento de la propagación de la variante.
- Medidas importantes para desacelerar la propagación de la COVID-19
  - Vacúnate y mantente al día con tus vacunas contra la COVID-19.
  - Usa una mascarilla bien ajustada para protegerte y proteger a otras personas.
  - Evita las multitudes y los espacios interiores con mala ventilación.
  - Hazte una prueba de detección para prevenir propagar la enfermedad a otras personas.
  - Mantente a 2 metros de distancia de las personas que no viven contigo.
  - Lávate las manos frecuentemente con agua y jabón. Usa desinfectante de manos si no dispones de agua y jabón.

El virus que causa la COVID-19 está en constante cambio y se espera que aparezcan nuevas variantes del virus. A veces, emergen nuevas variantes y luego desaparecen.

## estrategia mundial de la vigilancia genómica

- Su objetivo es proporcionar una visión unificadora para el uso de la genómica como una poderosa adición para abordar las necesidades de salud pública. La estrategia tiene como objetivo facilitar la conectividad entre diferentes programas de control de enfermedades y redes de vigilancia. Esta interoperabilidad fortalecerá las funciones transversales esenciales de los laboratorios de salud pública que sustentan la genómica de manera integral.
- La vigilancia genómica presenta desafíos, en términos de la infraestructura de laboratorio, capacidades necesarias de vigilancia, la armonización a través de sistemas para poder comparar y utilizar los datos de manera efectiva. Si bien se reconoce su contribución especializada, la vigilancia genómica y su integración en los sistemas nacionales de salud pública tiene un alto costo técnico y financiero, especialmente en entornos con recursos limitados.
- Entre el 1 de marzo de 2021 y el 31 de enero de 2022, hubo un aumento del 14% en la proporción de Estados miembros de la OMS con capacidad de secuenciación para el SARS-CoV-2, hoy el 68% de los Estados miembros la tiene.
- En México funciona el Consorcio Mexicano de Vigilancia Genómica (CoViGen-Mex) formado por el Instituto Mexicano del Seguro Social, el Instituto Nacional de Enfermedades respiratorias, el Laboratorio Nacional de Genómica para la Biodiversidad del CINVESTAV, el Instituto de

Biotecnología de la UNAM, el Centro de Investigación en Alimentación y Desarrollo A.C y el Instituto Nacional de Cardiología. Asimismo, se han incorporado al Consorcio especialistas en informática, estadística, epidemiología, virología y evolución, pertenecientes a la Universidad Autónoma de la Ciudad de México, la Universidad Autónoma de San Luis Potosí, la Universidad Autónoma Metropolitana, el Instituto Nacional de Medicina Genómica, el Instituto Nacional de Salud Pública, la Universidad Autónoma del Estado de Morelos, la Universidad de Oxford y la Universidad Libre de Berlín. Y fue creado para operar el Programa de Vigilancia Genómica del SARS-CoV-2.

- En México, el Reglamento de la Ley General de Salud en materia de Investigación para la Salud, en el artículo 3 enuncia que la investigación para la salud comprende el desarrollo de acciones que contribuyan: al conocimiento de los procesos biológicos y psicológicos en los seres humanos; al conocimiento de los vínculos entre las causas de enfermedad, etc.
- Además el Programa Sectorial de Salud 2020-2024 establece en el objetivo prioritario 4 la eficacia de estrategias, programas y acciones de salud pública, a partir de información oportuna y confiable, que facilite la promoción y prevención en salud, así como el control epidemiológico tomando en cuenta la diversidad de la población, el ciclo de vida y la pertinencia cultural.

Recientemente, la Organización Mundial de la Salud (OMS), publicó la "Estrategia Mundial de Vigilancia Genómica de patógenos con potencial pandémico y epidémico 2022-2032", la estrategia no se enfoca en un patógeno o una amenaza específica para la salud pública.

Nota: este tríptico es impreso en papel reciclable



Contacto



Opiniones

**Gobierno del Estado de México**

**Secretaría de Salud**

Centro Estatal de Vigilancia Epidemiológica

y Control de Enfermedades

Fidel Velázquez 805, Col. Vértice,

Toluca, Estado de México, C.P. 50150

Teléfono: 01(722) 219 38 87

Si quieres estar en contacto con nosotros vía internet y realizar comentarios, visítanos en:

[www.salud.edomexico.gob.mx/cevece/](http://www.salud.edomexico.gob.mx/cevece/)

correo: [cevece@salud.gob.mx](mailto:cevece@salud.gob.mx)

o síguenos por:

