

Un análisis del trabajo de la Red de Laboratorios de Secuenciación de SARS-CoV-2 avala su relevancia en vigilancia de la salud pública

15/05/2023



Francisco Pozo, Pilar Jiménez, Ángel Zaballos, Sarai Varona, Sara Monzón, Noelia Reyes, Silvia Moreno, Sonia Vázquez-Morón, Inmaculada Casas, Isabel Cuesta, Vanesa Montero, Sara Camarero, María Iglesias-Caballero y Mar Molinero.

La Red de Laboratorios Españoles de Coronavirus (RELECOV), que coordina el Instituto de Salud Carlos III (ISCIII) como organismo dependiente de los Ministerios de Ciencia e Innovación y de Sanidad, acaba de publicar [un artículo en la revista *International Journal of Molecular Genetics*](#) en el que repasa cómo ha sido su trabajo de impulso y coordinación de la secuenciación genómica y la vigilancia de las variantes del SARS-CoV-2. RELECOV está liderada desde el Laboratorio de Virus Respiratorios del Centro Nacional de Microbiología del ISCIII, con la participación de las unidades centrales de Genómica y Bioinformática. Junto con el Ministerio de Sanidad se realiza la integración de la información genómica de SARS-CoV-2 en la plataforma SiVIES, que gestiona el Centro Nacional de Epidemiología del ISCIII.

- [Consulta el artículo completo](#)

Los datos obtenidos gracias a la labor de la RELECOV han facilitado la toma de decisiones de salud pública a lo largo de la pandemia, gracias al conocimiento generado en torno a la circulación, comportamiento y evolución del virus SARS-CoV-2. Entre otros logros, la Red ha permitido impulsar la publicación de datos genómicos nacionales en [GISAID](#), la principal plataforma internacional de publicación de datos abiertos sobre el SARS-CoV-2; la obtención de conocimiento compartido sobre las variantes del SARS-CoV-2, y el desarrollo de herramientas para mejorar la obtención de datos genómicos del virus. RELECOV ha contado con financiación del Fondo COVID del ISCIII, UNESPA y el programa europeo para la Preparación y Respuesta ante Emergencias Sanitarias (**Incubadora HERA**).

A lo largo del tiempo, RELECOV ha generado información actualizada sobre las variantes de SARS-CoV-2 que circulaban en nuestro país, como Alfa, Beta, Delta y Ómicron, y sobre los linajes y sublinajes genéticos que han ido circulando en las diferentes comunidades autónomas. La Red ha permitido a España atender al requerimiento de la Comisión Europea de secuenciar al menos el 5%, y preferiblemente el 10%, de los resultados positivos de las pruebas de COVID-19. Por ejemplo, la Red secuenció y depositó información de más de 48.000 secuencias genómicas del SARS-CoV-2 entre septiembre de 2021 y marzo de 2022, provenientes de 263 linajes.

El ejemplo de la variante Ómicron: sublinajes y mutaciones más frecuentes

Además, las actividades coordinadas entre los 43 laboratorios que formaban la Red -en la actualidad son ya 49- permitieron un aumento del 36% en el intercambio de secuencias virales, el análisis de mutaciones para rastrear el virus mostró perfiles genéticos característicos de variantes como Ómicron, que favorecieron la toma de decisiones de salud pública. En el caso de esta variante, el trabajo de RELECOV permitió analizar más de 200 linajes y sublinajes, identificar cerca de 350 mutaciones y localizar las 27 más frecuentes, presentes en el 95% de linajes y sublinajes, en su mayoría en la proteína S del virus, clave en su evolución genética. Todo este trabajo, enfocado en análisis filogenéticos, permitió generar una correlación robusta de los diferentes clusters de variantes, obteniendo un árbol filogenético de referencia para el virus.

Los autores y autoras del trabajo, que cuenta con **Sonia Vázquez-Morón** e **Inmaculada Casas** como primera y última firmante, respectivamente, señalan que los logros impulsados por RELECOV en el análisis filogenético para caracterizar el SARS-CoV-2 "permitieron

conocer mejor la circulación de variantes en España de forma independiente y rápida para ayudar a la toma de decisiones en salud pública". El artículo está firmado por varios componentes del Laboratorio de Virus Respiratorios, cuenta con la participación de las Unidades de Genómica y Bioinformática del ISCIII, e incluye miembros de diferentes hospitales y centros de investigación españoles, todos ellos incluidos en RELECOV. Algunos de los firmantes pertenecen también al Área Epidemiología y Salud Pública ([CIBERESP](#)) y Área de Enfermedades Infecciosas ([CIBERINFEC](#)) del Centro de Investigación Biomédica en Red (CIBER) del ISCIII.

Secuencias de consenso para armonizar la vigilancia

Los investigadores destacan la importancia de obtener información de calidad y poner el foco en los datos que puedan tener impacto directo en la salud pública. En este sentido, señalan la relevancia de establecer criterios claros basados, por una parte, en las características biológicas del virus y sus variantes, y por otra en el impacto en la salud. Estos criterios conducen a una nomenclatura consensuada aplicable a las actividades de vigilancia de la salud pública. También destacan la complejidad e importancia de lograr, manejar y coordinar datos entre los laboratorios de la red que utilizan diferentes tecnologías de secuenciación y análisis bioinformático, y en este sentido, RELECOV ha permitido generar secuencias genómicas de consenso que han facilitado el trabajo de armonización y vigilancia.

La evaluación del funcionamiento de RELECOV también ha permitido sumar conocimiento y experiencia en el manejo de iniciativas a escala nacional. Los coordinadores de la Red recuerdan que el establecimiento de redes de vigilancia genómica "es esencial para abordar decisiones con base científica y lograr un mejor control de las enfermedades infecciosas, algo que debería ser una prioridad en todo el mundo". También explican que la disponibilidad de metodologías para secuenciar genomas virales completos "ha supuesto un gran avance, sin olvidar que otras tecnologías que requieren menos recursos también generan información molecular útil para, por ejemplo, la vigilancia y la evaluación de la eficacia de las vacunas".

A su juicio, el aprendizaje a futuro sugiere "garantizar la obtención y manejo de datos de alta calidad, poniendo el foco en las aplicaciones de salud pública, y favoreciendo la mejora de la vigilancia en países de renta baja y media, teniendo en cuenta las disparidades globales en la capacidad de secuenciación para así, gracias a la cooperación, favorecer el conocimiento compartido".

En definitiva, RELECOV ha permitido acelerar una caracterización genómica coordinada del SARS-CoV-2 en España, mejorando y potenciando su vigilancia genómica de una manera homogénea gracias al establecimiento de controles de calidad nacionales que tienen como objetivo final el impulso de la secuenciación, los análisis genómicos posteriores para el seguimiento de mutaciones asociadas y finalmente los estudios filogenéticos que dibujan un 'mapa' de la circulación y comportamiento de las variantes circulantes en España. El ejemplo de la labor de RELECOV confirma la relevancia de la vigilancia genómica en posibles amenazas microbiológicas transfronterizas en nuestro país.

- Referencia del artículo: *Vázquez-Morón, S.; Iglesias-Caballero, M.; Lepe, J.A.; Garcia, F.; Melón, S.; Marimon, J.M.; García de Viedma, D.; Folgueira, M.D.; Galán, J.C.; López-Causapé, C.; Benito-Ruesca, R.; Alcoba-Florez, J.; Gonzalez Candelas, F.; Toro, M.d.; Fajardo, M.; Ezpeleta, C.; Lázaro, F.; Pérez Castro, S.; Cuesta, I.; Zaballos, A.; Pozo, F.; Casas, I.; on behalf of RELECOV Network Members. Enhancing SARS-CoV-2 Surveillance through Regular Genomic Sequencing in Spain: The RELECOV Network. Int. J. Mol. Sci. 2023, 24, 8573. <https://doi.org/10.3390/ijms24108573>.*