

Post-pandemic genomic surveillance of SARS-CoV-2 and virological patterns: PAHOGen experience

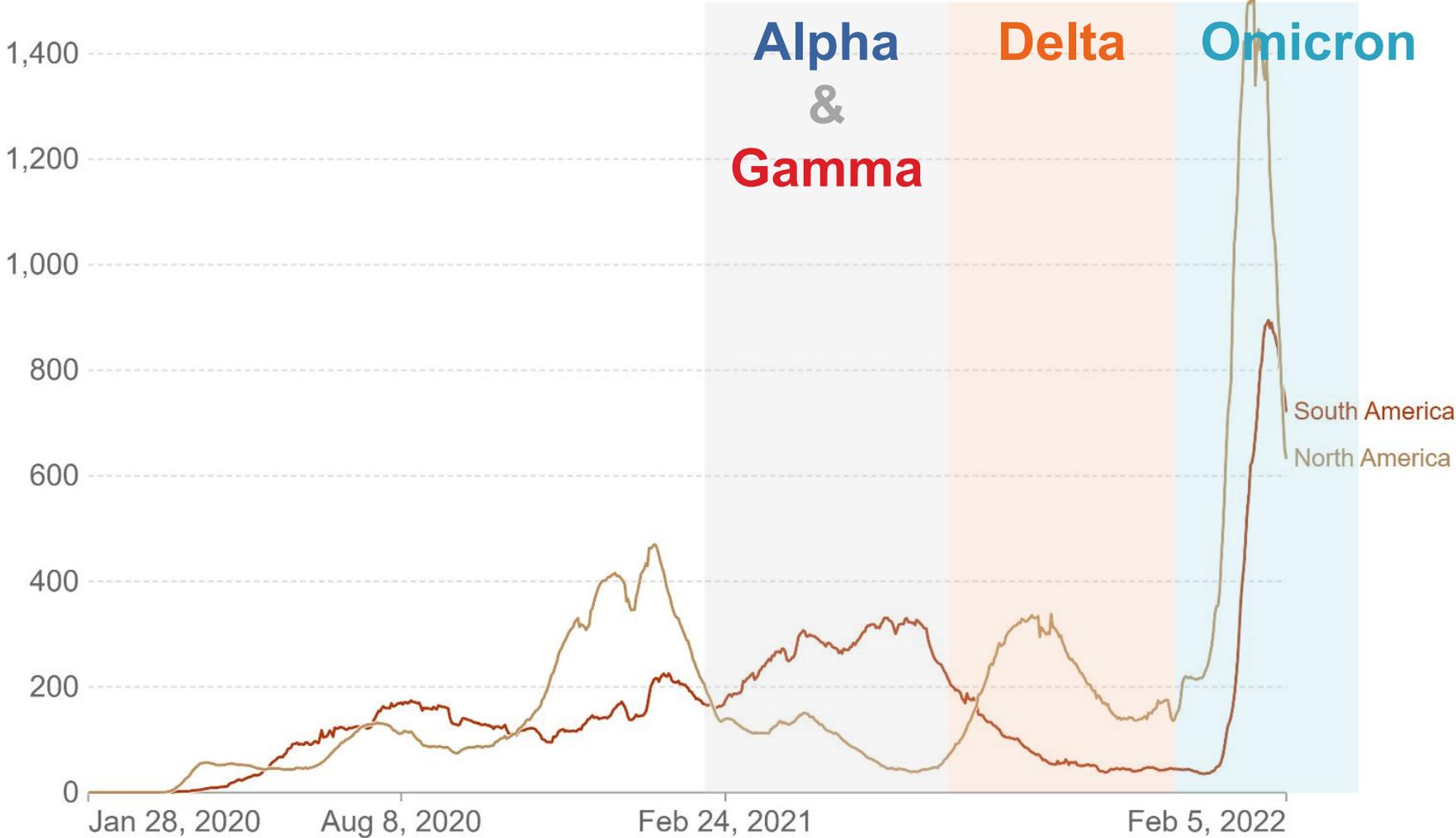
Juliana Leite, PhD

Influenza Laboratory Specialist
Virology & Laboratory Team

Infectious Hazards Management Unit, IHM
PAHO Health Emergencies Department, PHE
Washington D.C.



Emergency of different Variants of Concern (VOC) shaped the behavior of the COVID-19 pandemic

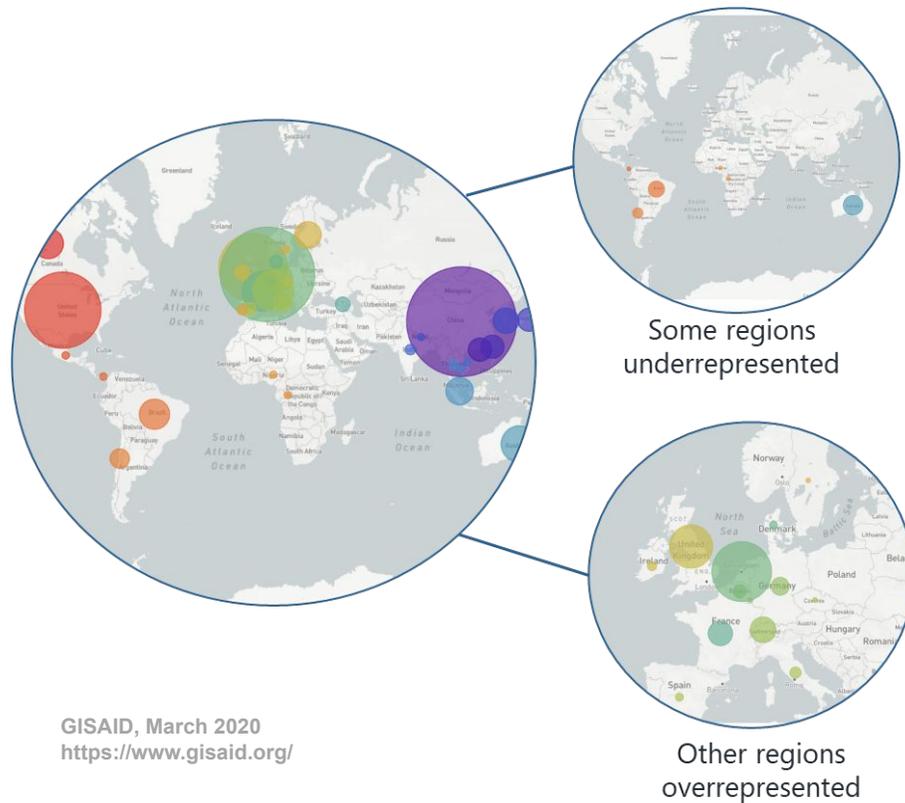


Modified from ourworldindata.org with superposition of approximate concomitance of VOC-specific dominance.

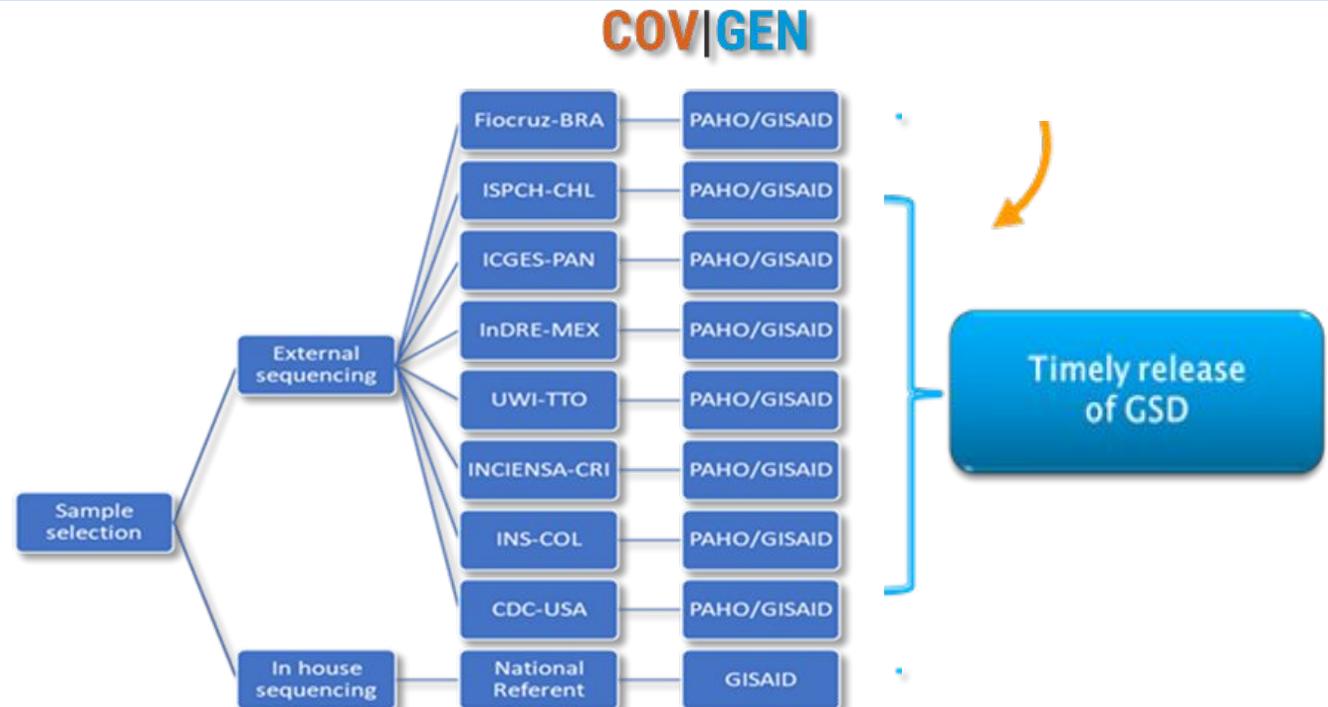


In March 2020, recognizing the necessity of strengthen the national capacities for SARS-CoV-2 genomic surveillance, PAHO started building a Regional Network: **COVIGEN**

Situation A. Sequencing capacity already established at Country level.
 PAHO, together with Reference Labs, provides protocols, reagents, training & analysis when required



GISAID, March 2020
<https://www.gisaid.org/>



Situation B. Limited or no capacity for sequencing at country level
 Shipping of samples to either of 8 seq reference labs

Key principle: all data and sequences belong to the remittent country

COVIGEN has been successful in following the Dynamic and distribution of VOC through time

55 Countries/Territories have detected at least one VOC (June 28)

Alpha = 51

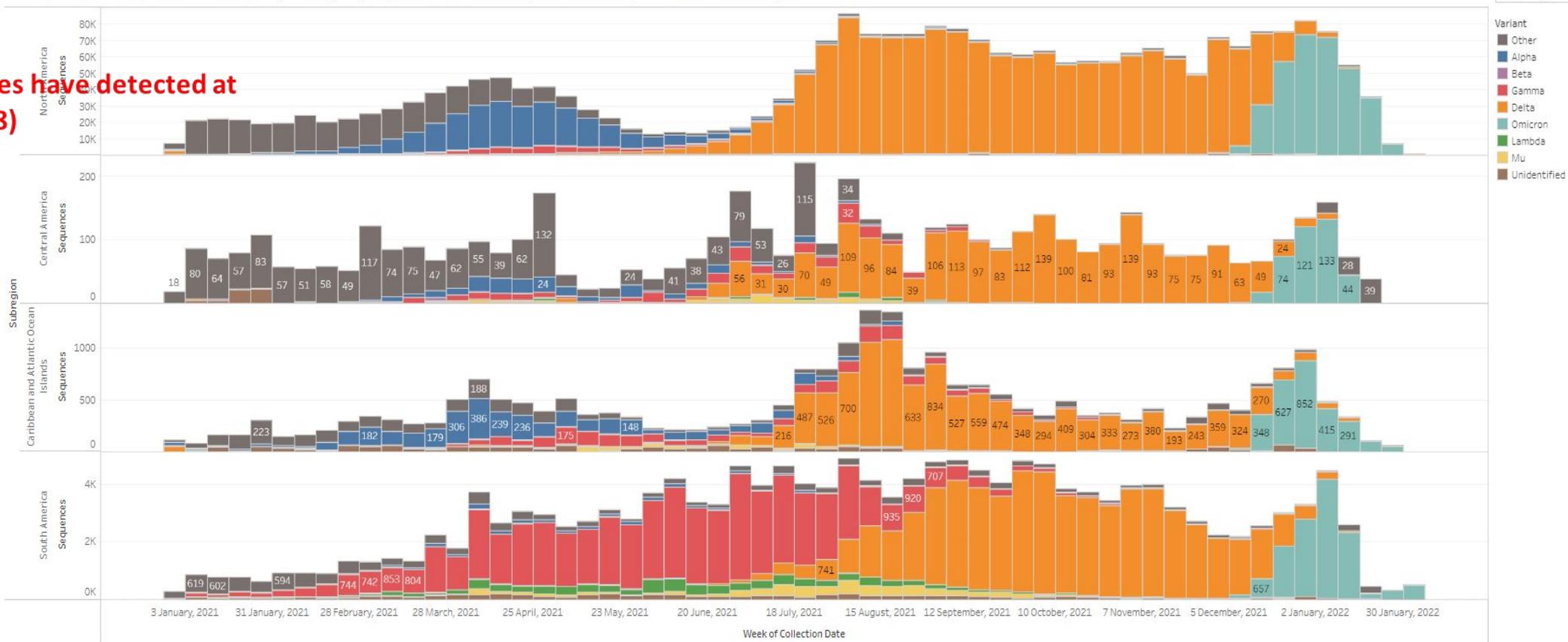
Beta = 26

Gamma = 43

Delta = 54

Omicron = 54

Distribution of SARS-CoV-2 variants by subregion, Region of the Americas, 27 December, 2020 to 30 January, 2022



30.^a CONFERENCIA SANITARIA PANAMERICANA

74.^a SESIÓN DEL COMITÉ REGIONAL DE LA OMS PARA LAS AMÉRICAS

Washington, D.C., EUA, del 26 al 30 de septiembre del 2022

Punto 4.7 del orden del día provisional

CSP30/12
30 de agosto del 2022
Original: inglés

ESTRATEGIA DE VIGILANCIA GENÓMICA REGIONAL PARA LA PREPARACIÓN Y RESPUESTA A EPIDEMIAS Y PANDEMIAS

Introducción

1. En la vigilancia genómica se aprovechan los avances en la biología molecular para descubrir agentes patógenos, rastrear su evolución, categorizar su diferenciación en nuevos linajes y variantes, y determinar las cadenas de transmisión y las fuentes de infección (1, 2). En los últimos años, han surgido nuevas tecnologías de secuenciación genómica y bioinformática, las cuales permiten una aplicación más amplia y oportuna en respuesta a brotes de enfermedades y epidemias. En estos eventos, los datos de vigilancia genómica, junto con la información clínica y epidemiológica, se han utilizado en la evaluación constante del riesgo que presenta la situación de salud pública; en la toma de decisiones continua sobre las medidas sociales y de salud pública; en el desarrollo de vacunas, opciones terapéuticas y pruebas de diagnóstico; y en la evaluación de su efectividad.

PROYECTO DE RESOLUCIÓN

ESTRATEGIA DE VIGILANCIA GENÓMICA REGIONAL PARA LA PREPARACIÓN Y RESPUESTA A EPIDEMIAS Y PANDEMIAS

LA 30.^a CONFERENCIA SANITARIA PANAMERICANA,

(PP1) Habiendo examinado la *Estrategia de vigilancia genómica regional para la preparación y respuesta a epidemias y pandemias* (documento CSP30/12);

(PP2) Considerando el impacto socioeconómico de la pandemia de COVID-19 en la Región de las Américas, así como de las epidemias anteriores, vinculado a las inequidades socioeconómicas;

(PP3) Considerando que en la Región de las Américas hay un gran riesgo de que aparezcan y reaparezcan agentes patógenos con potencial epidémico y pandémico debido a su diversidad ecológica, el aumento de la urbanización y otros cambios en los asentamientos humanos, y el intenso movimiento de las personas;

(PP4) Reconociendo la necesidad de mejorar los enfoques multidisciplinares e intersectoriales en la preparación y respuesta a los agentes patógenos con potencial epidémico y pandémico, incluso en la interfaz entre los seres humanos, los animales y el medioambiente;

(PP5) Reconociendo la contribución clave de la vigilancia genómica en la respuesta a la pandemia de COVID-19 y el papel que probablemente desempeñará en futuras emergencias de salud,

RESUELVE:

(OP)1. Aprobar la *Estrategia de vigilancia genómica regional para la preparación y respuesta a epidemias y pandemias* (documento CSP30/12).

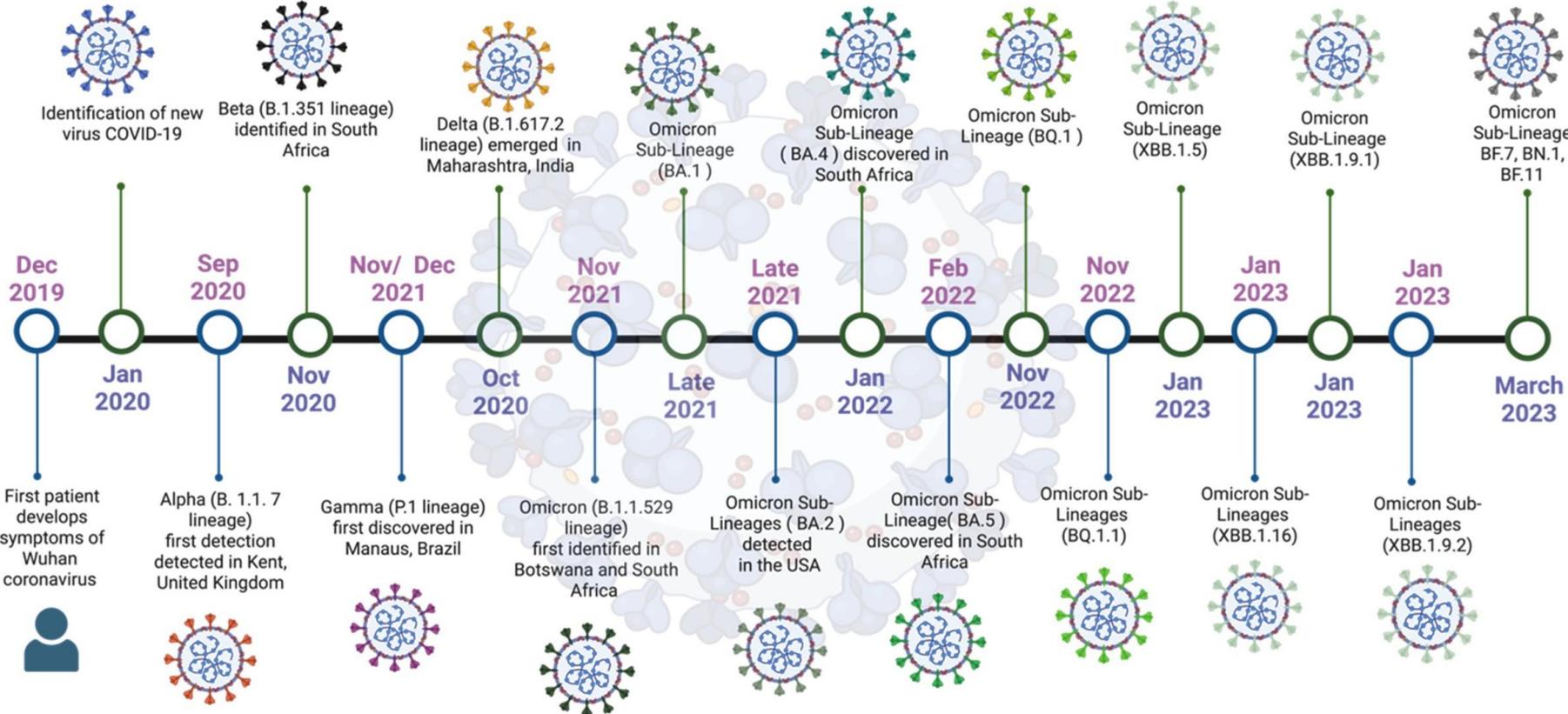


Diferentes sistemas de vigilancia

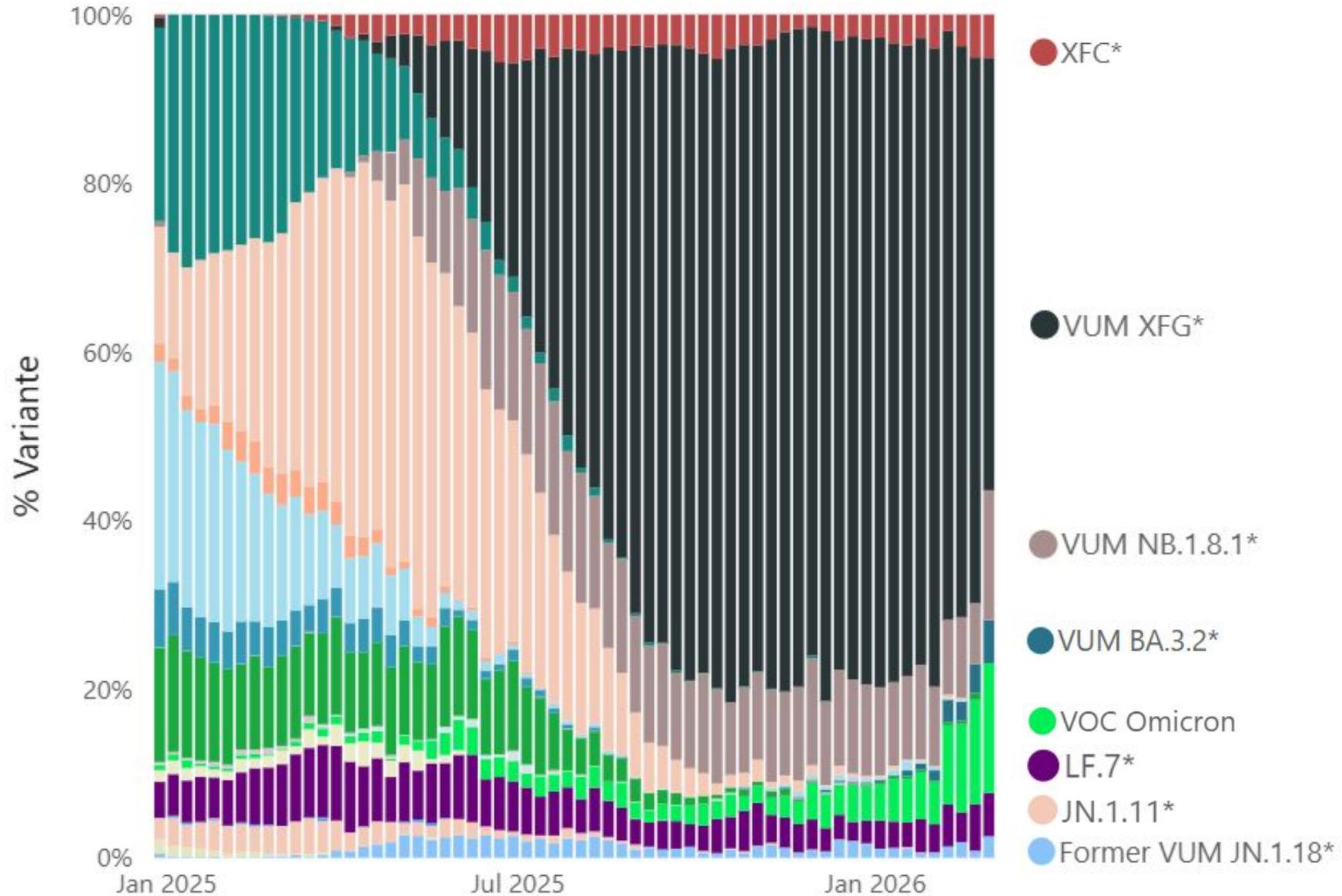
Las mismas plataformas de secuenciación

SARS-Coronavirus-2 and its variants

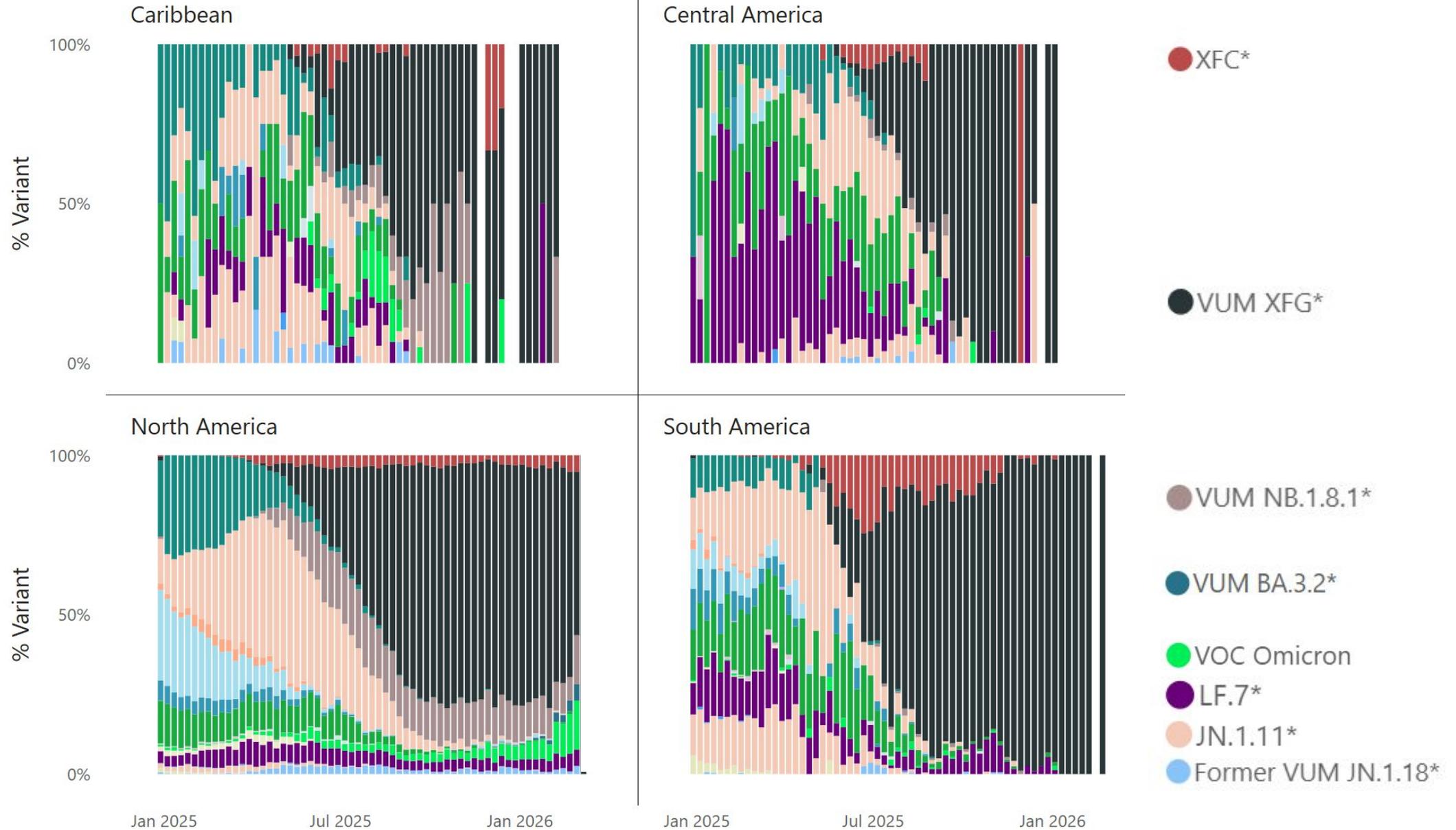
A Timeline



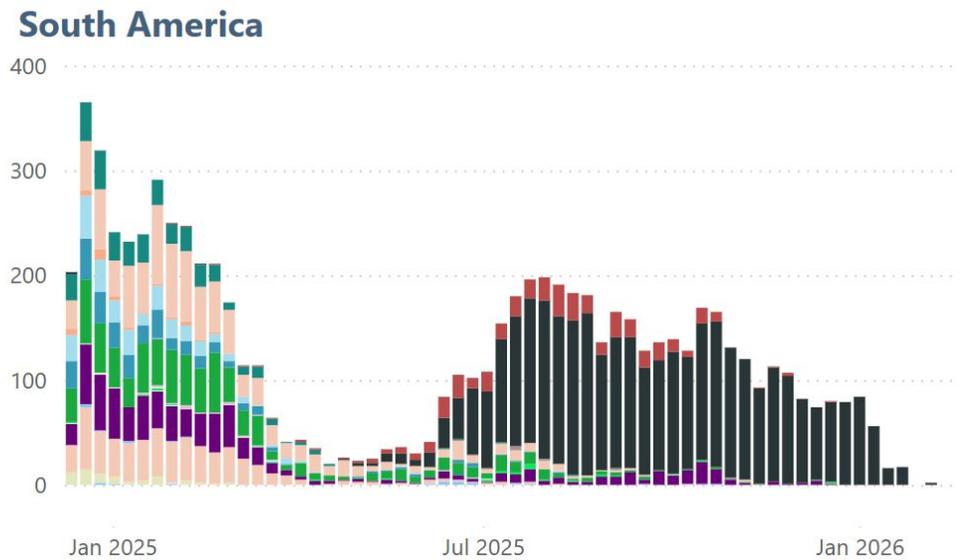
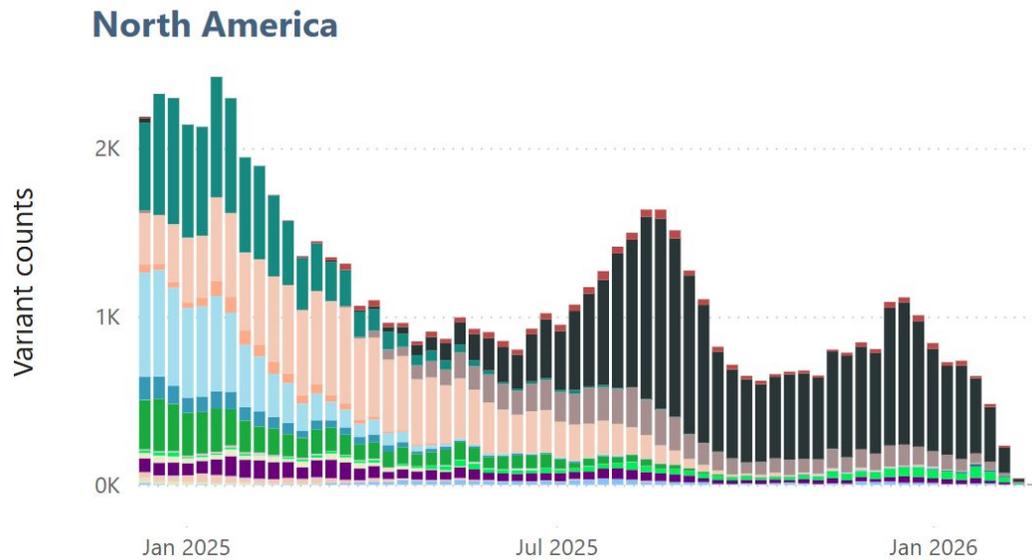
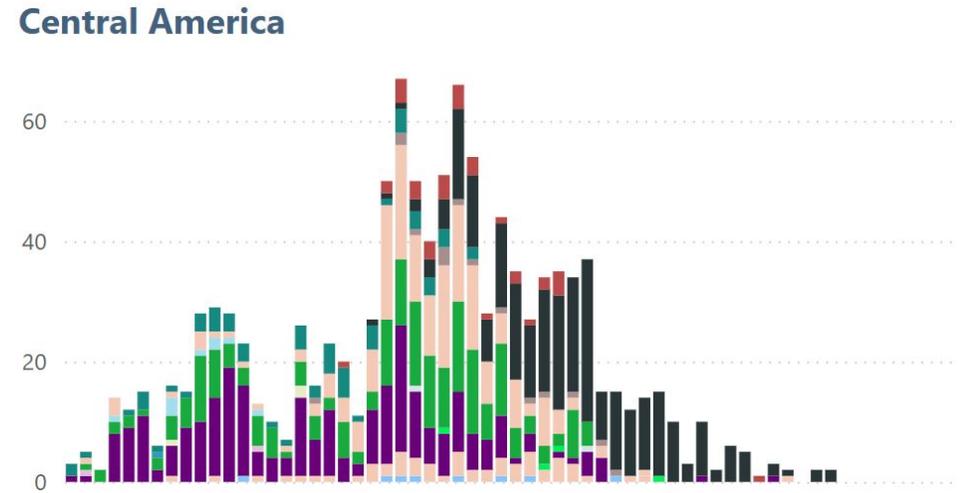
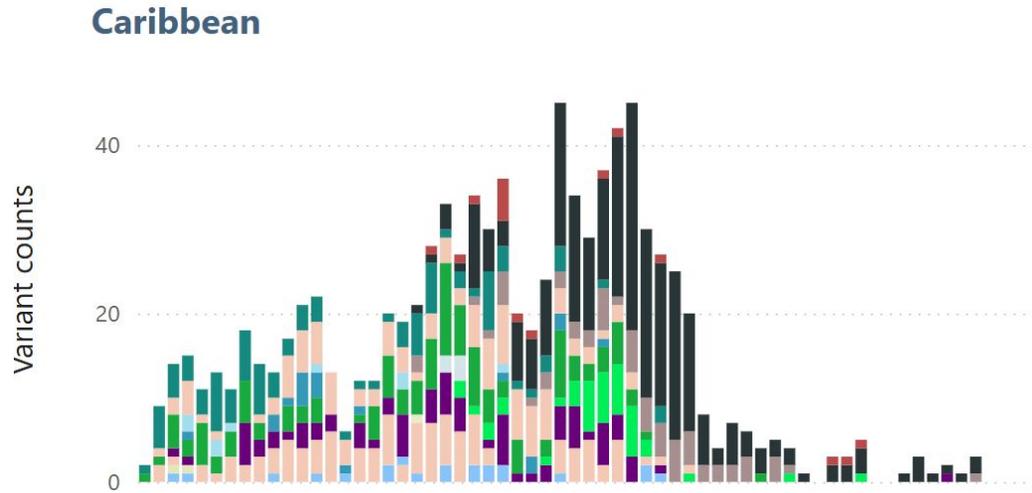
Regional distribution of VOIs and VUMs



Subregional distribution of VOIs and VUMs

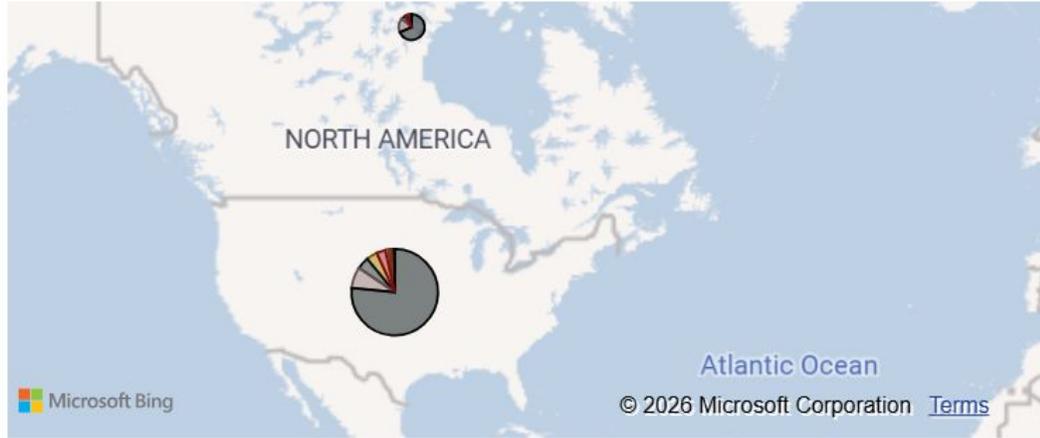


Distribution of SARS-CoV-2 sequences by subregion



Distribution of SARS-CoV-2 sequences by country (since Nov 2025)

North America



Caribbean



Central America



South America



Other sublineages

- VUM BA.3.2
 - Detections exclusively in Canada and the USA
 - Mainly RE.1.2 (BA.3.2.2.1.2) and RE.2.2.4 (BA.3.2.2.2.2.4)
- XFZ
 - Recombinant lineage of XFC.3 [recombinant of LP.8.1.1 and LF.7] and PG.3.2 [descendant of KP.3]
 - Not searchable on GISAID
 - US estimate (**4-week** period ending 14 Mar): 3% (1-5%) [decreasing]
- XFV
 - Recombinant lineage of LP.8.1, XFG.3.3.1 (breakpoint 5240-7112)
 - Not searchable on GISAID
 - US estimate (**4-week** period ending 14 Mar): 2% (1-6%) [decreasing]
- XFY
 - Recombinant lineage of XFG.5.1, NB.1.8.1 (breakpoint 25793-28432) with extra S:Q677HN
 - Not searchable on GISAID

Thank you !

PAHO

Health Emergencies Department

