

**PROCEDIMIENTO DE INTEGRACIÓN DE LA SECUENCIACIÓN  
GENÓMICA EN LA VIGILANCIA DEL SARS-CoV-2  
  
EN LA COMUNIDAD DE MADRID**

**Febrero 2021**

Elaborado por los Servicios de Microbiología de los Hospitales 12 de Octubre, La Paz, Ramón y Cajal, Gregorio Marañón y la Dirección General de Salud Pública.

Este documento está basado en la INTEGRACIÓN DE LA SECUENCIACIÓN GENÓMICA EN LA VIGILANCIA DEL SARS-CoV-2 del Ministerio de Sanidad y está en revisión permanente en función de la evolución y nueva información que se disponga de la infección por SARS-CoV-2..

<b>1. INTRODUCCIÓN .....</b>	<b>1</b>
<b>2. OBJETIVOS Y ÁMBITO DE APLICACIÓN .....</b>	<b>1</b>
<b>3. PRINCIPIOS BÁSICOS A TENER EN CUENTA EN LA INTEGRACIÓN DE LA SECUENCIACIÓN EN LA VIGILANCIA DE LA COMUNIDAD DE MADRID .....</b>	<b>2</b>
<b>4. CRITERIOS DE SELECCIÓN DE CASOS PARA REALIZAR SECUENCIACIÓN .....</b>	<b>3</b>
<b>4.1. Identificación y seguimiento de las variantes circulantes .....</b>	<b>3</b>
<b>4.2. Estudio de casos y situaciones en las que se sospeche la presencia de una variante de interés para la salud pública .....</b>	<b>3</b>
4.2.1 Nuevas variantes conocidas más transmisibles o virulentas.....	3
4.2.2 Sospecha de reinfección .....	4
4.2.3 Casos con sospecha de infección con variantes que escapan a la inmunidad .....	5
4.2.4 Situaciones en las que se sospecha una alta transmisibilidad o virulencia.....	5
<b>5. REGISTRO DE LA INFORMACIÓN .....</b>	<b>5</b>
<b>6. PROCEDIMIENTO PARA LA SOLICITUD Y ENVÍO DE LAS MUESTRAS PARA SECUENCIACIÓN .....</b>	<b>5</b>
<b>6.1. Solicitud y envío de la muestra .....</b>	<b>5</b>
<b>6.2. Emisión de informes e interpretación de los resultados .....</b>	<b>6</b>
<b>ANEXOS</b>	
<b>ANEXO 1. Datos de contacto con la Dirección General de Salud Pública .....</b>	<b>7</b>
<b>ANEXO 2. Formulario de solicitud de secuenciación.....</b>	<b>8</b>

## 1. INTRODUCCIÓN

La biología del virus SARS-CoV-2, al igual que el resto de los virus, lleva implícita cambios constantes en su genoma a través de mutaciones, por lo que la aparición de variantes es un hecho esperado. La mayoría de las mutaciones que surgen no proporcionan una ventaja selectiva al virus, ni tampoco cambios fenotípicos que impliquen alteraciones en el comportamiento o patrón de infección. Sin embargo, algunas mutaciones o combinaciones de mutaciones pueden proporcionar al virus una ventaja selectiva, como una mayor transmisibilidad a través de un aumento en la unión del receptor o el escape al efecto de los anticuerpos neutralizantes generados tras una infección previa o tras la vacunación, lo que podría condicionar casos de reinfección o pérdida de la eficacia vacunal.

En primavera de 2020, la variante viral con la mutación D614G en la proteína S, con mayor capacidad de transmisión, se impuso a nivel global. En septiembre de 2020 se ha detectó una nueva variante en el Reino Unido (RU) perteneciente al linaje B.1.1.7 (denominada VOC 202012/01) con mutaciones múltiples en el gen que codifica la proteína S de la espícula (incluyendo los cambios D614G y N501Y), así como en otras regiones genómicas, llegando a ser mayoritaria 3 meses después en RU. El 18 de diciembre de 2020 Sudáfrica anunció la detección de una nueva variante del linaje B.1.351 (denominada 20H/501Y.V2), en la que a algunos de los cambios ya descritos en 501Y.V1, se añade E484K. Todos estos cambios están en el dominio RBD de la subunidad S1 que condicionan la unión al receptor humano. Por su parte, Japón también ha notificado a principios de enero de 2021 una nueva variante que pertenece al linaje B.1.1.28 (o P1) en dos personas procedentes de Brasil, donde y también se ha informado de la presencia de esta nueva variante en la segunda mitad de diciembre del 2020, por lo que la dirección de transmisión se supone haya sido desde Brasil a Japón.

En diciembre de 2020, investigadores del Hospital Gregorio Marañón publicaron el primer caso de reinfección descrito en España con una cepa de SARS-CoV-2 en el segundo episodio diferente a la que circulaba en el momento del primer episodio.

La aparición de variantes que aumenten la transmisibilidad del virus, su virulencia, que escapen a la acción de los anticuerpos neutralizantes generados tras la infección natural o la vacuna, así como a su detección con los sistemas diagnósticos habituales, constituye un problema de salud pública de primer orden que puede repercutir de forma importante en el control de la pandemia. El Ministerio de Sanidad monitoriza la circulación de variantes de interés para hacer una evaluación continua del riesgo<sup>1</sup>

Con el objeto de realizar la secuenciación genómica en aquellos casos que lo requieran, en la Comunidad de Madrid (CM) se ha establecido una red de laboratorios de referencia formada por los servicios de Microbiología de los Hospitales 12 de Octubre, Ramón y Cajal, La Paz y Gregorio Marañón que atiendan las solicitudes que con este propósito se realicen desde la Dirección General de Salud Pública.

## 2. OBJETIVOS Y ÁMBITO DE APLICACIÓN

Los objetivos de la integración de la secuenciación en la vigilancia son:

1. Determinación de la incidencia de las variantes de interés para la salud pública en el conjunto de la población.
2. Identificación precoz de nuevas variantes de SARS-CoV-2 de interés para la salud pública que presenten:

<sup>1</sup> <https://www.mscbs.gob.es/profesionales/saludPublica/ccayes/alertasActual/nCov/variantes.htm>

- Aumento de la transmisibilidad.
  - Aumento de la virulencia.
  - Sospechas de reinfección.
  - Sospechas de fallos vacunales
  - Cualquier otro cambio fenotípico que afecte al control epidemiológico que implique modificaciones de las intervenciones en salud pública.
3. Identificación de grupos vulnerables asociados a la infección por nuevas variantes.

El ámbito de aplicación es el conjunto de la Comunidad de Madrid (CM) a través de los laboratorios de Microbiología, públicos y privados.

### 3. PRINCIPIOS BÁSICOS A TENER EN CUENTA EN LA INTEGRACIÓN DE LA SECUENCIACIÓN EN LA VIGILANCIA DE LA COMUNIDAD DE MADRID

- La información generada debe tener como objetivo la toma de decisiones de salud pública.
- Se establece una Red de laboratorios de referencia en la Comunidad de Madrid con capacidad para secuenciar el genoma de SARS-CoV-2 mediante técnicas de secuenciación masiva, que coordinados por la Dirección General de Salud Pública, permitirá desarrollar y operativizar los objetivos planteados.
- Esta Red está formada por los servicios de Microbiología de los Hospitales 12 de Octubre, Ramón y Cajal, La Paz y Gregorio Marañón y formarán parte de la Red de laboratorios que se constituya a nivel nacional.
- Debe garantizarse la integración de la secuenciación con la información epidemiológica, por lo que los laboratorios que realicen la secuenciación comunicarán todos los resultados, de cada uno de los casos en los que se realice este análisis, a Salud Pública. La CM adaptará los sistemas de información para que los datos genómicos y epidemiológicos puedan ser compartidos.
- Para el desarrollo operativo y seguimiento de esta estrategia se constituye un grupo técnico formado por profesionales de la Dirección General de Salud Pública y de los Servicios de Microbiología de los hospitales de referencia para la secuenciación. Este grupo técnico definirá los procesos en el ámbito de la CM, tanto de derivación de muestras desde el sistema sanitario público y privado, como de integración funcional de los datos generados en los diferentes sistemas informáticos, de tal manera que permitan obtener la información oportuna.
- La Consejería de Sanidad habilitará los recursos humanos y materiales necesarios para el desarrollo de la secuenciación genómica integrada en la vigilancia de salud pública.

## 4. CRITERIOS DE SELECCIÓN DE CASOS PARA REALIZAR SECUENCIACIÓN

Los criterios para recomendar la secuenciación genómica están condicionados a las necesidades de Salud Pública en función de la situación epidemiológica.

Las prioridades actuales para realizar secuenciación son:

- Identificación y seguimiento de las variantes circulantes en el conjunto de la población.
- Estudio de casos y situaciones en las que se sospeche la presencia de una variante de interés para la salud pública.
  - Identificación de nuevas variantes conocidas más transmisibles o virulentas
  - Sospechas de reinfección
  - Sospechas de fallo vacunal
  - Situaciones de especial relevancia

### 4.1. Identificación y seguimiento de las variantes circulantes

Para la identificación y seguimiento de las variantes circulantes, es necesario que la secuenciación se realice sea completa y de forma planificada e incluyendo un número representativo de casos de la Comunidad de Madrid.

Para ello, se seleccionará una muestra aleatoria y representativa de las muestras recibidas semanalmente en los hospitales de referencia cuyos resultados de RT-PCR revelen valores de Ct<30. El 80% de las muestras procederán de atención primaria (AP) y el 20% de hospitales. Esta selección deberá tener en cuenta que no todas las muestras deben proceder del mismo origen (por ejemplo formar parte de un mismo brote).

En la CM se establece para el cumplimiento de este objetivo a corto plazo un número de 40 muestras semanales a secuenciar por cada hospital de la Red, que se irá adaptando progresivamente hasta conseguir los objetivos a largo plazo propuestos por la Comisión Europea<sup>2</sup> y el Ministerio de Sanidad<sup>3</sup>.

Se parte de las muestras seleccionadas por los sistemas centinela y las restantes, hasta completar el número de 40 por hospital manteniendo el 80% de AP y el 20% de pacientes hospitalizados, se seleccionarán de los pacientes atendidos en urgencias del hospital y que no ingresan para completar la proporción de AP y de los pacientes ingresados en cada hospital para completar la proporción de pacientes hospitalizados.

### 4.2. Estudio de casos y situaciones en las que se sospeche la presencia de una variante de interés para la salud pública

Es importante detectar precozmente las variantes de interés para la salud pública (VOC por sus siglas en inglés de *variant of concern*). Por ello, se indicará la secuenciación de los siguientes casos y situaciones:

#### 4.2.1 Nuevas variantes conocidas más transmisibles o virulentas

En el momento actual las principales variantes de interés (VOC) incluyen la B.1.1.7 (Reino Unido), B.1.351 (Sudáfrica), variante P.1 (Brasil).

- **Variante B.1.1.7 (Reino Unido)**

<sup>2</sup> <https://ec.europa.eu/transparency/regdoc/rep/1/2021/EN/COM-2021-35-F1-EN-MAIN-PART-1.PDF>

<sup>3</sup> [https://www.mscbs.gob.es/profesionales/saludPublica/ccayes/alertasActual/nCov/documentos/Integracion\\_de\\_la\\_secuenciacion\\_genomica-en\\_la\\_vigilancia\\_del\\_SARS-CoV-2.pdf](https://www.mscbs.gob.es/profesionales/saludPublica/ccayes/alertasActual/nCov/documentos/Integracion_de_la_secuenciacion_genomica-en_la_vigilancia_del_SARS-CoV-2.pdf)

La variante B.1.1.7 está ya presente en un amplio territorio europeo incluyendo a España, por lo que no estaría sujeta al vínculo epidemiológico territorial para su sospecha. En la CM esta variante ya circula de manera generalizada en el ámbito comunitario, por tanto:

- Se seguirá realizando un cribado mediante la detección de mutaciones específicas del gen S en técnicas de rRT-PCR en los hospitales de la Red, lo que permitirá monitorizar la extensión de la transmisión de esta variante en la población, y en aquellos hospitales que dispongan de estas técnicas.
- A partir de la muestra aleatoria seleccionada para el seguimiento de las variantes circulantes se monitorizará la adquisición de nuevas mutaciones en esta variante.
- Personas con vínculos epidemiológicos (14 días previos) con lugares en los que se haya descrito una alta incidencia por las siguientes variantes:
  - **B.1.351 (Sudáfrica)**
  - **P.1 (B.1.1.28) (Brasil)**

En los estudios de brotes asociados a estas variantes, si es posible se realizarán RT-PCRs dirigidas a mutaciones marcadoras de las mismas, con objeto de identificar casos no relacionados. En general, no será necesario secuenciar las muestras de todos los casos implicados sino una pequeña selección de las mismas para confirmar la transmisión. Una vez confirmada transmisión se asume que el brote está producido por la variante en cuestión.

Además de las VOC, hay otras variantes conocidas que suscitan un interés creciente para la salud pública pero aún no son consideradas VOC, como las variantes P.2 (Brasil), B.1.429 (EEUU variante californiana), B.1.536 (EEUU variante neoyorkina) y B.1.525. Estas variantes y otras que se identifiquen, se irán añadiendo a la vigilancia en función de la importancia epidemiológica.

En los casos sospechosos de estar causados por variantes emergentes de interés ya conocidas no será siempre necesaria la secuenciación completa. Puede ser suficiente con la secuenciación del gen (o los genes) que alberguen las mutaciones que definen a dicha variante.

#### 4.2.2 Sospecha de reinfección:

Según la definición de caso de reinfección de la Estrategia de detección precoz, vigilancia y control de COVID-19 de la CM<sup>4</sup>:

- Casos con síntomas compatibles de COVID-19 que tuvieron una infección confirmada por PDIA de SARS-CoV-2 hace más de 90 días. En estos casos se indicará la realización de una PCR.
- Casos asintomáticos que tuvieron una infección confirmada por PDIA de SARS-CoV-2 hace más de 90 días y se les ha realizado por alguna circunstancia una nueva PDIA con resultado positivo. Si la prueba positiva fuera de una prueba rápida de antígenos se les realizará una PCR.

Los casos de sospecha de reinfección serán evaluados siempre por Salud Pública, en primer lugar por los servicios territoriales, quienes revisarán la localización de la primera PCR y la conservación de la segunda PCR si es positiva. Posteriormente, los servicios centrales de salud pública con periodicidad semanal realizarán la priorización de los casos sospechosos de interés y programarán el envío de las muestras al laboratorio de la Red que corresponda, valorando las situaciones en las que la primera muestra no esté disponible (generación de casos secundarios, sospecha de nueva variante).

<sup>4</sup> [https://www.comunidad.madrid/sites/default/files/doc/sanidad/epid/estrategia\\_vigilancia\\_y\\_control\\_covid\\_cm.pdf](https://www.comunidad.madrid/sites/default/files/doc/sanidad/epid/estrategia_vigilancia_y_control_covid_cm.pdf)

#### 4.2.3 Casos con sospecha de infección con variantes que escapan a la inmunidad

Casos con sospecha de fallo vacunal: personas que han recibido una pauta de vacunación completa y ha transcurrido hasta la fecha de inicio de síntomas el tiempo estipulado según cada vacuna para considerar que se han alcanzado títulos adecuados de anticuerpos.

Aunque no se considera fallo vacunal, se recomienda realizar también secuenciación en aquellas personas asintomáticas que en el momento del diagnóstico han recibido una pauta de vacunación completa y ha transcurrido el tiempo estipulado según cada vacuna para considerar que se han alcanzado títulos adecuados de anticuerpos.

En estos casos se realizará preferiblemente secuenciación completa.

#### 4.2.4 Situaciones en las que se sospecha una alta transmisibilidad o virulencia

Brotos epidémicos con una alta tasa de ataque (número especialmente elevado de casos secundarios por cada caso), aumentos muy rápidos en la incidencia en un determinado territorio, agrupaciones de casos con una tasa de hospitalización, gravedad o mortalidad superior a la esperada o casos individuales con comportamiento clínico no esperado por su gravedad.

Estas situaciones, valoradas e indicadas por los servicios centrales salud pública, son diferentes de las necesidades diagnósticas del propio hospital. En estas situaciones no es necesario secuenciar todas las muestras sino una selección. De forma aproximada será suficiente con un 10% de las muestras, en los brotes puede ser suficiente con secuenciar alguno de los casos.

En estos casos se realizará preferiblemente secuenciación completa.

## 5. REGISTRO DE LA INFORMACIÓN

Se adaptarán los sistemas de información de la Comunidad de Madrid para poder registrar la información de la secuenciación genómica de todas las muestras que se procesen. Se realizará el desarrollo necesario que facilite la comunicación bidireccional y de forma automática entre los laboratorios y salud pública.

Mientras este desarrollo no este implementado, y para garantizar la integración de la secuenciación con la información epidemiológica, el grupo de trabajo establecerá la forma de obtener esta información, en la que al menos constará el linaje/variante y el número de referencia correspondiente al depósito de la secuencia en el repositorio de GISAID. Además, el grupo de trabajo estudiará la interconexión de los sistemas y la trazabilidad de la muestra.

## 6. PROCEDIMIENTO PARA LA SOLICITUD Y ENVÍO DE LAS MUESTRAS PARA SECUENCIACIÓN

### 6.1. Solicitud y envío de la muestra

**Todas las muestras correspondientes al apartado 4.2 deben proceder de pacientes evaluados por Salud Pública y que cumplan los criterios establecidos.**

Las solicitudes de pruebas por parte del sistema sanitario se realizarán directamente a los servicios territoriales que corresponda (Anexo 1) y además, se enviarán por correo electrónico a [isp.epidemiologia@salud.madrid.org](mailto:isp.epidemiologia@salud.madrid.org) y [sgepidemiologia@salud.madrid.org](mailto:sgepidemiologia@salud.madrid.org), siguiendo el formulario del Anexo 2.1.

Las pruebas indicadas por Salud Pública en aquellas situaciones en las que se sospecha una alta transmisibilidad o virulencia, se enviarán directamente por Salud Pública al laboratorio de referencia, en el formulario del Anexo 2.2.

Las muestras se derivarán para estudio PCR al laboratorio habitual, que conservará las muestras con resultado positivo durante un periodo de tiempo que garantice su posterior estudio de secuenciación

genómica. Para ello, debe indicarse en el volante de solicitud que las muestras con resultado positivo deben conservarse por si se estima necesaria su secuenciación.

Una vez validada la muestra y ésta es positiva, el laboratorio que tiene la muestra del caso la enviará al laboratorio de referencia correspondiente en un embalaje de bioseguridad categoría B (triple envoltorio).

Las muestras que se envíen para secuenciar deben tener un Ct < 30 (si estuviera disponible la información sobre Ct). Se recomienda utilizar un medio de transporte de virus sin sustancias inactivantes.

El transporte de muestras desde el laboratorio de origen al laboratorio de referencia se realizará mediante el sistema establecido entre los hospitales de la CM.

La asignación para la derivación de muestras, desde los hospitales de la red sanitaria tanto pública como privada, a los hospitales de referencia se realizará por Salud Pública una vez haya valorado el cumplimiento de los criterios.

## 6.2. Emisión de informes e interpretación de los resultados

Cada uno de los hospitales de referencia emitirá el informe de resultados y lo integrará en los sistemas de información como se determine por el grupo de trabajo.

Hasta la completa integración de los sistemas, el informe de resultados se enviará siempre a Salud Pública y al hospital que ha remitido la muestra en las situaciones del apartado 4.2..

El informe a Salud Pública se enviará a los siguientes correos electrónicos:

- Servicio de Epidemiología ([isp.epidemiología@salud.madrid.org](mailto:isp.epidemiología@salud.madrid.org))
- Subdirección General de Epidemiología ([sgepidemiologia@salud.madrid.org](mailto:sgepidemiologia@salud.madrid.org))



## ANEXO 1. Datos de contacto con la Dirección General de Salud Pública

UNIDAD TÉCNICA	DIRECCIÓN	TELÉFONO	CORREO ELECTRÓNICO
ÁREA DE SALUD PÚBLICA 1	C/ Cincovillas, 5 (28051 Madrid)	91 494 24 79	<a href="mailto:saludpublica.area147@salud.madrid.org">saludpublica.area147@salud.madrid.org</a>
ÁREA DE SALUD PÚBLICA 2	C/ Océano Pacífico, 3 (28821 Coslada)	91 672 32 18	<a href="mailto:saludpublica.area2@salud.madrid.org">saludpublica.area2@salud.madrid.org</a>
ÁREA DE SALUD PÚBLICA 3	Avda. Reyes Magos, s/n (28806 Alcalá de Henares)	91 880 60 07	<a href="mailto:saludpublica.area3@salud.madrid.org">saludpublica.area3@salud.madrid.org</a>
ÁREA DE SALUD PÚBLICA 4	C/ Cincovillas, 5 (28051 Madrid)	91 494 24 79	<a href="mailto:saludpublica.area147@salud.madrid.org">saludpublica.area147@salud.madrid.org</a>
ÁREA DE SALUD PÚBLICA 5	C/ Blas de Otero, 13-3ª Planta (28100 Alcobendas)	91 490 41 10	<a href="mailto:saludpublica.area5@salud.madrid.org">saludpublica.area5@salud.madrid.org</a>
ÁREA DE SALUD PÚBLICA 6	C/ Aristóteles, 3 (28230 Las Rozas -Madrid)	91 227 69 00	<a href="mailto:saludpublica.area6@salud.madrid.org">saludpublica.area6@salud.madrid.org</a>
ÁREA DE SALUD PÚBLICA 7	C/ Cincovillas, 5 (28051 Madrid)	91 494 24 79	<a href="mailto:saludpublica.area147@salud.madrid.org">saludpublica.area147@salud.madrid.org</a>
ÁREA DE SALUD PÚBLICA 8	C/ Alonso Cano, 8 (28933 Móstoles)	91 621 10 40	<a href="mailto:saludpublica.area8@salud.madrid.org">saludpublica.area8@salud.madrid.org</a>
ÁREA DE SALUD PÚBLICA 9	Avda. Portugal, 2-1ª Planta (28916 Leganés)	91 248 49 00	<a href="mailto:saludpublica.area9@salud.madrid.org">saludpublica.area9@salud.madrid.org</a>
ÁREA DE SALUD PÚBLICA 10	C/ Alberto Palacios, 22 (28021 Madrid)	91 696 41 66	<a href="mailto:saludpublica.area10@salud.madrid.org">saludpublica.area10@salud.madrid.org</a>
ÁREA DE SALUD PÚBLICA 11	C/ Alberto Palacios, 22 (28021 Madrid)	91 710 96 67	<a href="mailto:saludpublica.area11@salud.madrid.org">saludpublica.area11@salud.madrid.org</a>
Servicio de Epidemiología	C/ San Martín de Porres, 6 – 1ª Planta (28035 Madrid)	91 370 08 88	<a href="mailto:isp.epidemiologia@salud.madrid.org">isp.epidemiologia@salud.madrid.org</a>
Servicio de Alertas en Salud Pública	C/ San Martín de Porres, 6 – 1ª Planta (28035 Madrid)	91 370 08 03	<a href="mailto:s.alertas@salud.madrid.org">s.alertas@salud.madrid.org</a>
Subdirección de Epidemiología	C/ San Martín de Porres, 6 – 1ª Planta (28035 Madrid)	91 370 08 16	<a href="mailto:sgepidemiologia@salud.madrid.org">sgepidemiologia@salud.madrid.org</a>

## ANEXO 2. Formulario de solicitud de secuenciación

### Anexo 2.1

A enviar a Salud Pública<sup>5</sup> en las situaciones 4.2.1, 4.2.2 4.2.3

#### PERSONA SOLICITANTE

Nombre y Apellidos	Nombre y Apellidos.
Centro sanitario	Centro Sanitario.

#### PACIENTE

Nombre y Apellidos			Nombre y Apellidos.		
Fecha de nacimiento	DNI	CIPA	Fecha Nacimiento	DNI	CIPA.

#### MOTIVO DE SOLICITUD

<b>Estudio variantes de interés</b> <input type="checkbox"/>				
B.1.351 (Sudáfrica)	vínculo epidemiológico	<input type="checkbox"/> Sí <input type="checkbox"/> No	Fecha PCR Fecha PCR	Laboratorio de proceso Laboratorio de proceso
B.1.1.28 (Brasil)	vínculo epidemiológico	<input type="checkbox"/> Sí <input type="checkbox"/> No	Fecha PCR Fecha PCR	Laboratorio de proceso Laboratorio de proceso
Otra variante de Interés	vínculo epidemiológico	<input type="checkbox"/> Sí <input type="checkbox"/> No	Fecha PCR Fecha PCR	Laboratorio de proceso Laboratorio de proceso
<b>Reinfección</b> <input type="checkbox"/>				
Primera infección	PDIA diagnóstica PCR <input type="checkbox"/> Prueba rápida de antígeno <input type="checkbox"/>		Fecha PDIA Fecha PCR	
	Laboratorio de proceso Laboratorio de proceso		Muestra conservada <input type="checkbox"/> Sí <input type="checkbox"/> No	
Segunda infección	Fecha solicitud PCR Fecha PCR		Laboratorio de proceso Laboratorio de proceso	
<b>Fallo vacunal</b> <input type="checkbox"/>				
Fecha PCR	Fecha PCR	Laboratorio de proceso Laboratorio de proceso		
Primera dosis	Fecha Fecha PCR	Marca Vacuna Marca Vacuna		
Segunda dosis	Fecha Fecha PCR	Marca Vacuna Marca Vacuna		

#### OBSERVACIONES

escribir texto.
-----------------

<sup>5</sup> Al correo electrónico de la Unidad Técnica del Área de Salud Pública correspondiente y a [isp.epidemiologia@salud.madrid.org](mailto:isp.epidemiologia@salud.madrid.org) , [sgepidemiologia@salud.madrid.org](mailto:sgepidemiologia@salud.madrid.org). Desde el Servicio de Epidemiología se enviará al laboratorio de referencia.

## Anexo 2.2

### A enviar por Salud Pública<sup>6</sup> al laboratorio de referencia en las situaciones 4.2.4:

Brotos epidémicos con una alta tasa de ataque o con una tasa de hospitalización o mortalidad superior a la esperada, casos individuales con comportamiento clínico no esperado por su gravedad.

#### TÉCNICO SOLICITANTE

Nombre y Apellidos Nombre y Apellidos.	
Correo electrónico Coreo electronico del Técnico solicitante	
Unidad Técnica de Salud Pública UT. SP	Teléfono Núm. Teléfono

#### PACIENTE/S

Nombre y Apellidos Nombre y Apellidos.		
Fecha de nacimiento Fecha Nacimiento	DNI DNI	CIPA CIPA.
Nombre y Apellidos Nombre y Apellidos.		
Fecha de nacimiento Fecha Nacimiento	DNI DNI	CIPA CIPA.
Nombre y Apellidos Nombre y Apellidos.		
Fecha de nacimiento Fecha Nacimiento	DNI DNI	CIPA CIPA.

#### MOTIVO DE SOLICITUD

<b>Brote</b> <input type="checkbox"/> Sí <input type="checkbox"/> No	<b>Tipo de brote</b> Tipo de Brote.
<b>Otros</b> escribir texto.	
<b>Observaciones</b> escribir texto.	

<sup>6</sup> La Unidad Técnica del Área de Salud Pública enviará un correo a [isp.epidemiologia@salud.madrid.org](mailto:isp.epidemiologia@salud.madrid.org), [sgepidemiologia@salud.madrid.org](mailto:sgepidemiologia@salud.madrid.org). Desde el Servicio de Epidemiología se enviará al laboratorio de referencia.