

Reporte de vigilancia genómica del virus SARS-CoV-2 en México Distribución nacional y estatal de variantes al 28 de junio de 2022

Dirección General de Epidemiología

Instituto de Diagnóstico y Referencia Epidemiológicos

Unidad de Desarrollo Tecnológico e Investigación Molecular



SALUD
SECRETARÍA DE SALUD



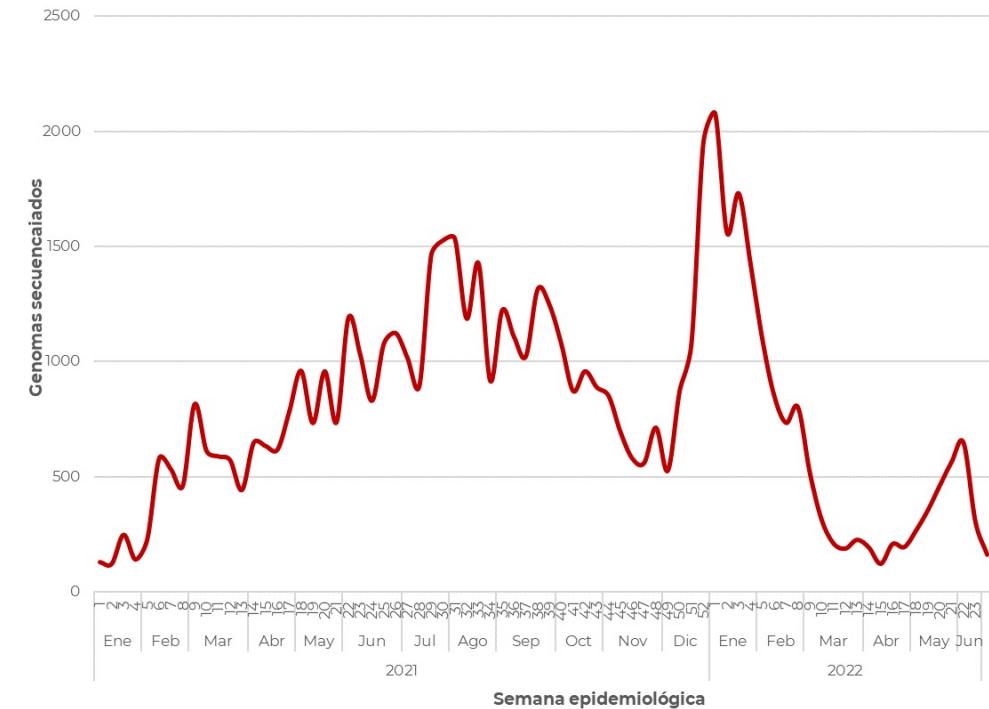
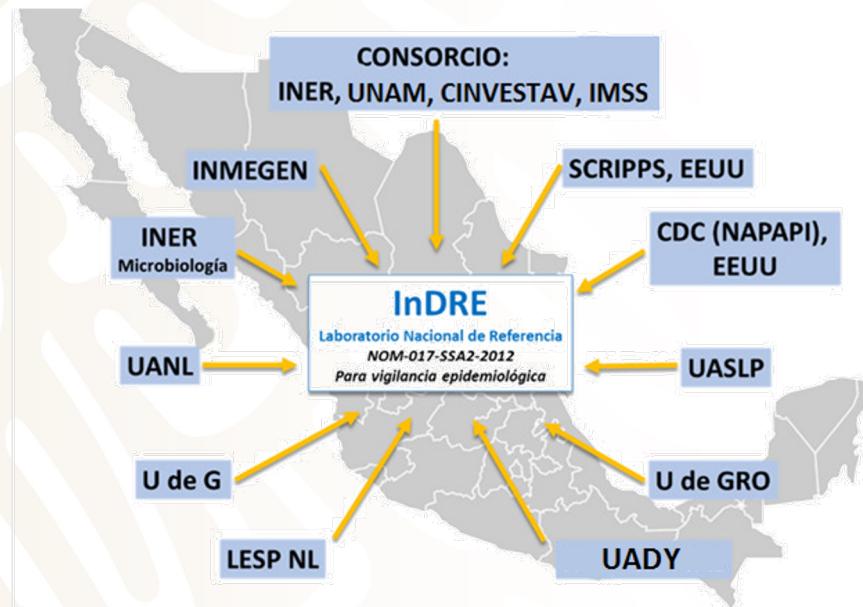
Importancia de la vigilancia genómica

- Todos los virus cambian con el paso del tiempo, y también lo hace el SARS-CoV-2, el virus causante de la COVID-19.
- La mayoría de los cambios tienen escaso o nulo efecto sobre las propiedades del virus.
- Es importante vigilar estos cambios porque algunos pudieran influir sobre la propagación, gravedad de la enfermedad, eficacia de las vacunas o medicamentos, medios de diagnóstico u otras medidas de mitigación y control de la enfermedad.
- Actualmente existen tres clasificaciones de la Organización Mundial de la Salud sobre variantes:
 - Variantes de preocupación (VOC por sus siglas en inglés)
 - Variantes de preocupación /Linajes bajo monitoreo (VOC-LUM por sus siglas en inglés)*
 - Variantes bajo monitoreo (VUM por sus siglas en inglés)

* Conformado por sublinajes de Ómicron (BA4, BA5, BA.2.9.1, BA.2.12.1, BA.2.11, BA.2.13)

Número de genomas estudiados en México durante la epidemia 2020-2022 de COVID-19

Al corte del 28 de junio de 2022 y análisis hasta la semana epidemiológica 24, un total de **63,240** secuencias se depositaron en GISAID, una iniciativa global de intercambio de datos de vigilancia genómica de virus de influenza y el SARS-CoV-2.



Variantes por entidad federativa: corte al 28 de junio de 2022

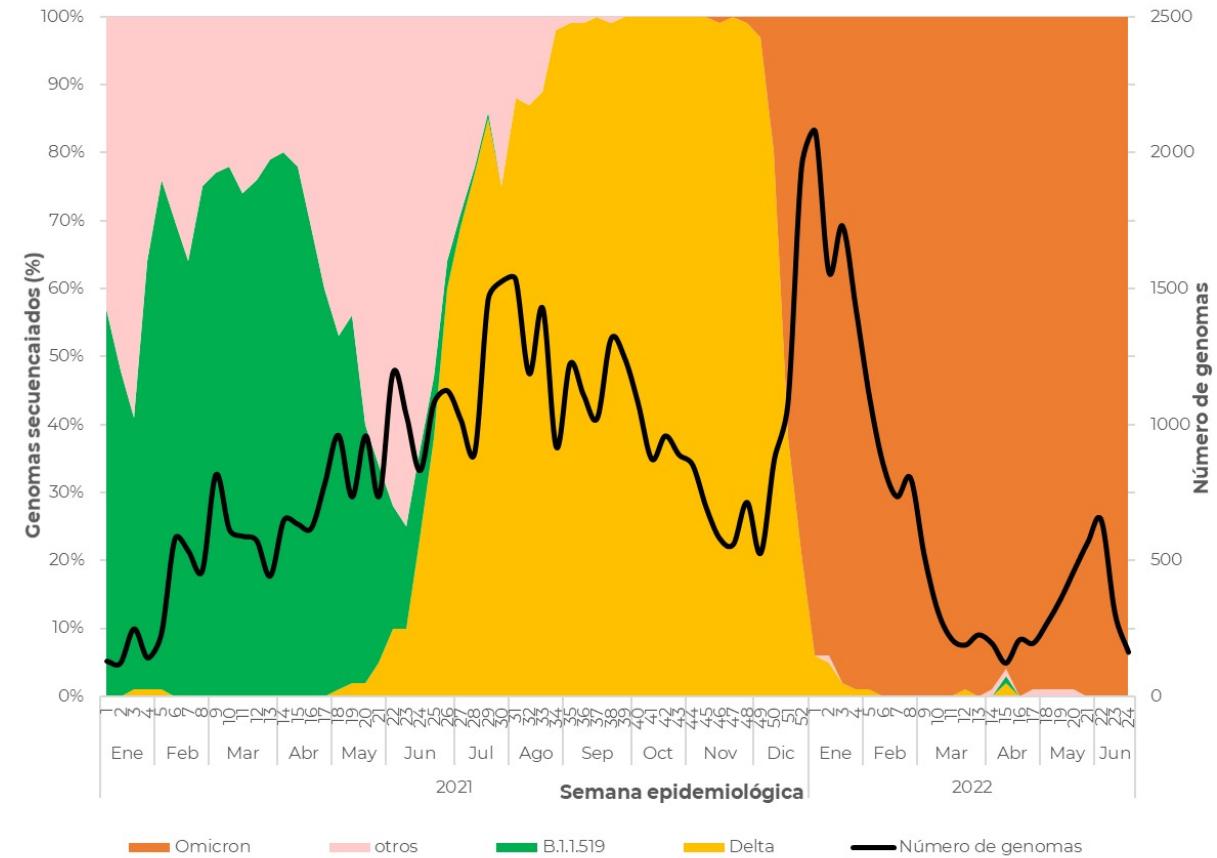
Clasificación de la Variantes de acuerdo a la OMS.
<https://www.who.int/activities/tracking-SARS-CoV-2-variants/tracking-SARS-CoV-2-variants>
 Las VOC/LUM son linajes que esta incluídos en la columna de Omicron
 Datos tomados de la base pública GISAID
<https://www.gisaid.org/>

Estado	VOC		VOC LUMs						Sublinajes Omicron				
	Delta	Omicron	BA.4	BA.5	BA.2.12.1	BA.2.9.1	BA.2.11	BA.2.13	BA.1	BA.2	BA.3	BA.2.9	BA.2.12
Ciudad de México y Estado de México													
CDMX	4,928	-	44	109	263	-	-	3	3,759	547	-	173	89
MEX	2,200	-	15	34	99	-	-	-	1,088	222	-	56	53
Frontera													
CHH	675	-	-	1	8	-	-	1	238	11	-	-	-
COA	684	-	2	-	1	-	-	-	158	5	-	1	-
NLE	938	-	-	6	36	-	-	-	446	26	-	11	-
TAM	562	-	1	7	10	-	-	-	485	10	-	5	-
Pacífico norte													
BCN	1,732	-	1	-	28	-	-	-	695	31	-	0	2
BCS	439	-	-	-	43	-	-	1	174	52	-	29	1
NAY	186	-	-	-	3	-	-	-	124	1	-	1	-
SIN	1,209	-	-	1	22	-	-	-	447	13	-	1	1
SON	777	-	-	-	3	-	-	-	220	2	-	-	-
Pacífico centro													
COL	272	-	2	-	4	-	-	-	108	10	-	3	-
JAL	811	-	5	4	59	-	-	-	581	39	-	21	0
MIC	455	-	-	-	4	-	-	-	226	7	-	4	-
Pacífico sur													
GRO	152	-	-	-	4	-	-	-	310	8	-	3	1
MOR	390	-	-	-	5	-	-	-	119	2	-	-	1
OAX	244	-	-	2	5	-	-	-	305	11	-	8	3
PUE	425	-	1	1	14	-	-	-	308	10	-	9	-
Centro													
HID	533	-	-	1	3	-	-	-	359	9	-	2	3
TLX	97	-	-	-	2	-	-	-	62	-	-	2	1
VER	800	-	2	-	4	-	-	-	526	8	-	40	-
Centro norte													
AGS	388	-	-	-	5	-	-	-	180	10	-	4	-
DUR	269	-	2	-	6	-	-	-	79	-	-	-	-
GUA	1,185	-	-	-	18	-	-	-	332	10	-	7	-
QRO	559	-	-	1	10	-	-	-	193	15	-	5	-
SLP	356	-	-	-	-	-	-	-	151	3	-	-	-
ZAC	396	-	1	1	5	-	-	-	185	8	-	-	-
Península													
CAM	380	-	-	-	4	-	-	-	135	6	-	49	-
CHP	355	-	-	1	4	-	-	-	361	14	-	9	3
QROO	669	-	1	25	19	-	-	-	425	42	-	34	9
TAB	883	-	1	5	23	-	-	-	439	22	-	10	3
YUC	1,304	-	1	7	71	-	-	1	748	181	-	268	16
TOTALES	25,253	0	79	206	785	0	0	6	13,966	1,335	0	755	186



Variantes del virus SARS-CoV-2 a nivel nacional durante 2021-2022

- Semana 23 hay 305 secuencias registradas el 100% son variante Omicron.
- Semana 24 hay 161 secuencias registradas el 100% son variante Omicron.

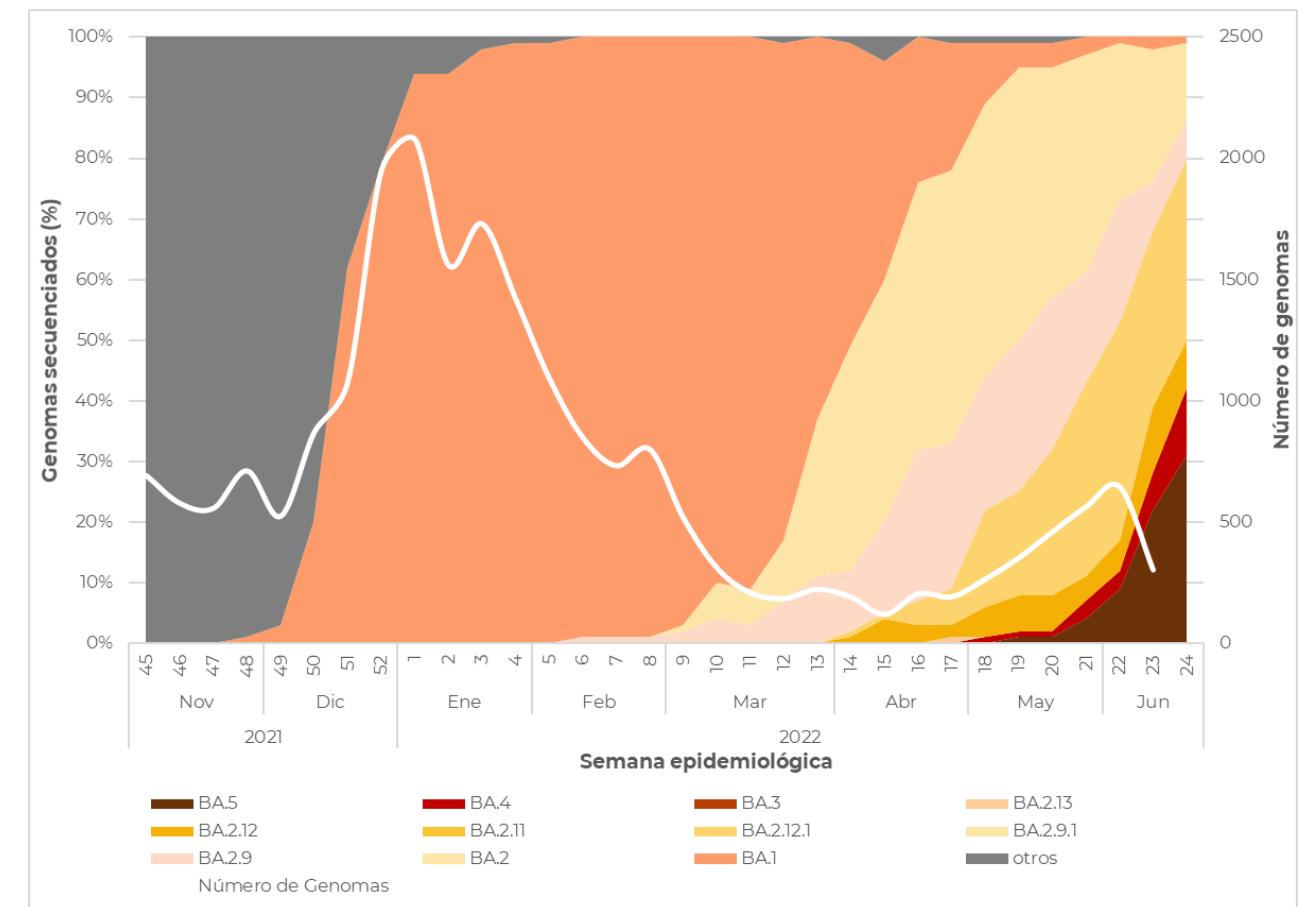


Datos tomados de la base pública GISAID <https://www.gisaid.org/>

Clasificación de Variantes de acuerdo a la OMS <https://www.who.int/activities/tracking-SARS-CoV-2-variants/tracking-SARS-CoV-2-variants>

Distribución de los linajes de Omicron en México

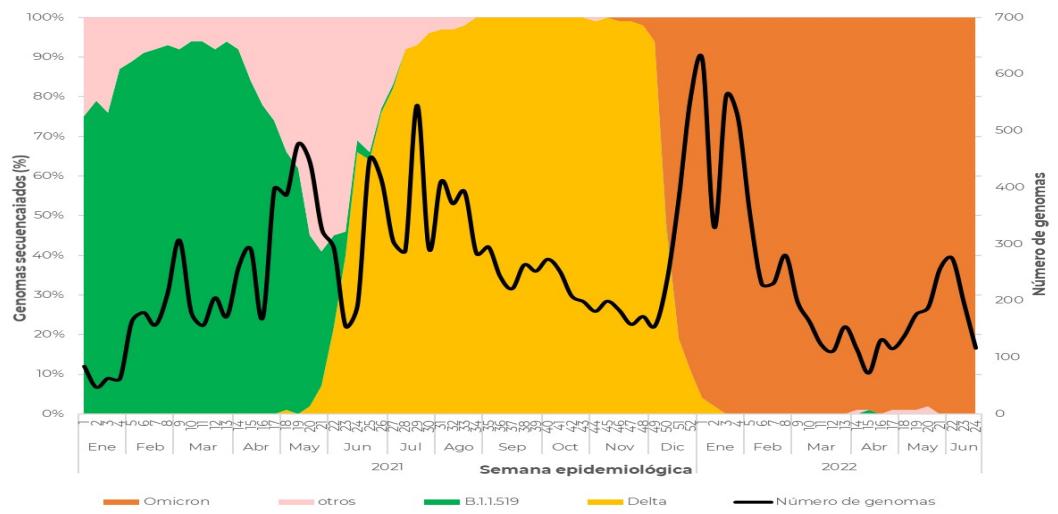
- Semana 23 hay 305 secuencias registradas el 29% son linaje **BA.2.12.1**, BA.2 en el 22%, **BA.5** el 22%, BA.2.12 el 11%, BA.2.9 el 8%, **BA.4** el 6% y el 2% BA.1
- Semana 24 hay 161 secuencias registradas el 31% son linaje **BA.5**, **BA.2.12.1** en el 30%, BA.2 el 13%, **BA.4** el 11%, BA.2.12 el 8%, BA.2.9 el 6%, BA.1 el 1%.



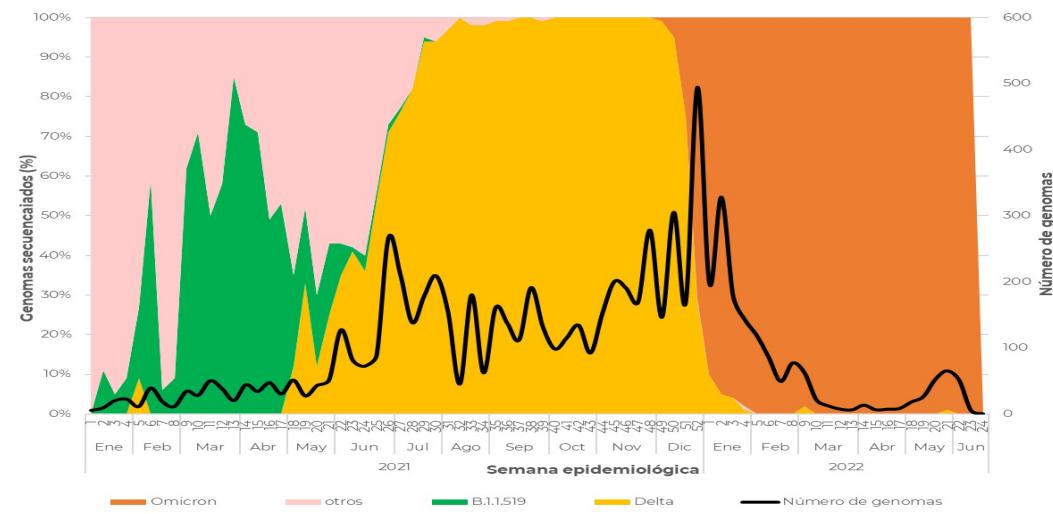
Datos tomados de la base pública GISAID <https://www.gisaid.org/>

Clasificación de Variantes de acuerdo a la OMS <https://www.who.int/activities/tracking-SARS-CoV-2-variants/tracking-SARS-CoV-2-variants>

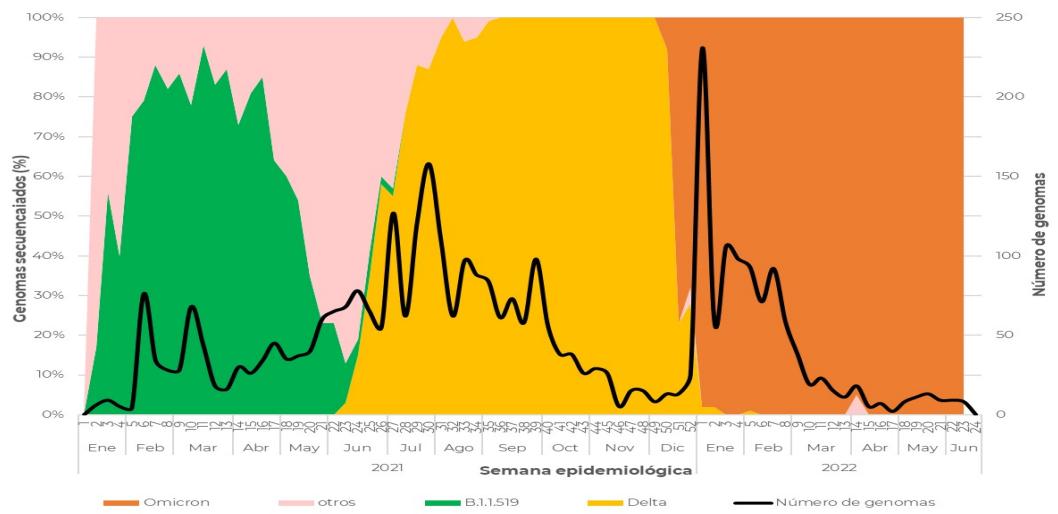
CDM



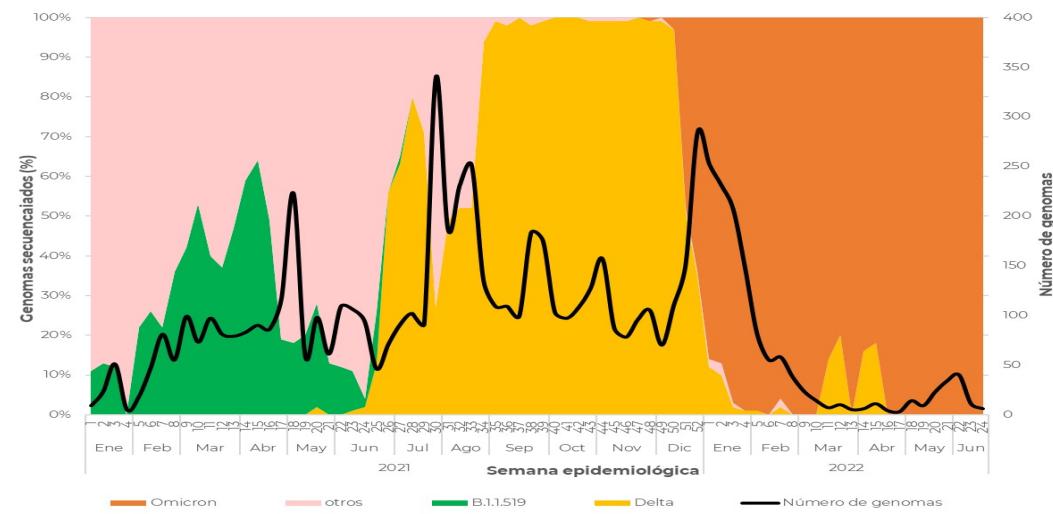
PCN



CTR

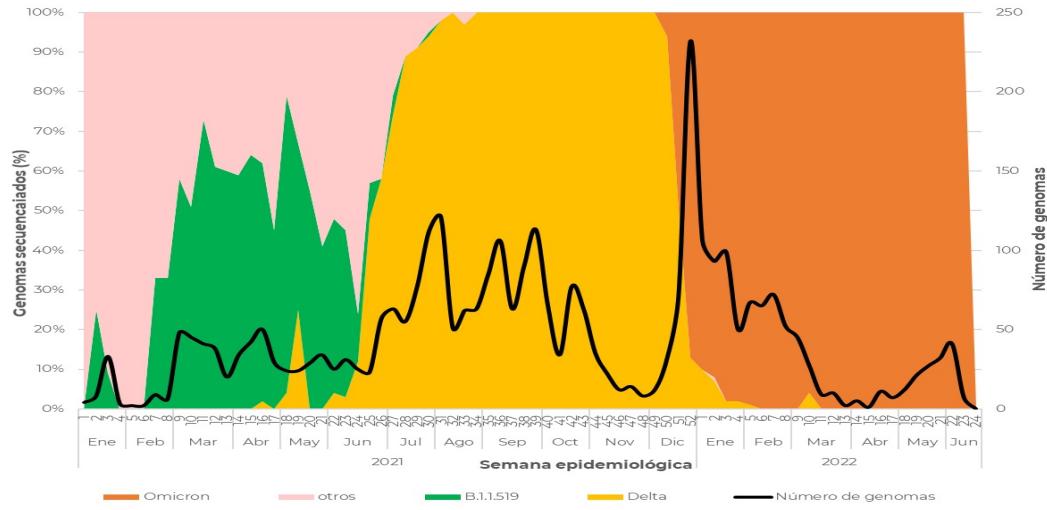


FRO

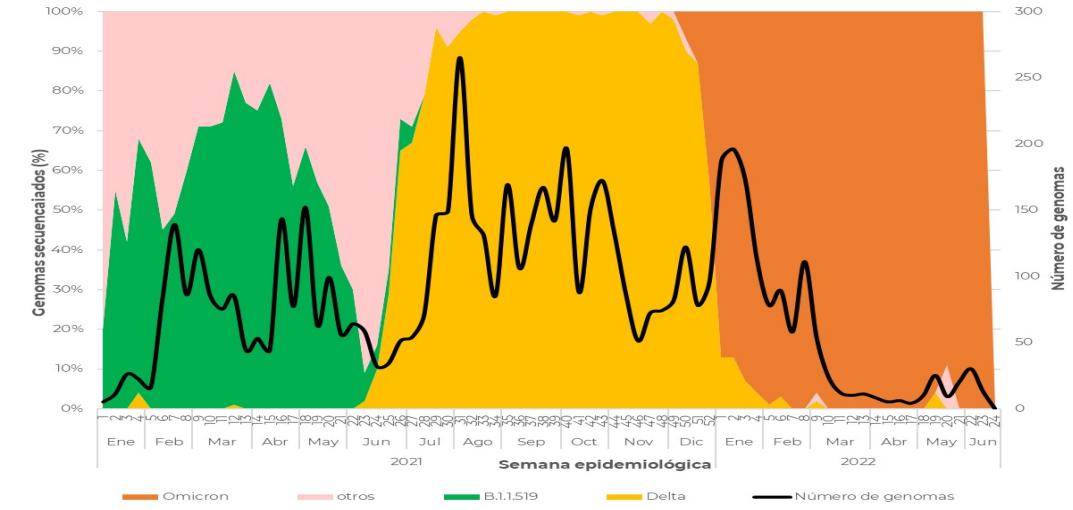


Datos tomados de la base pública GISAID <https://www.gisaid.org/>

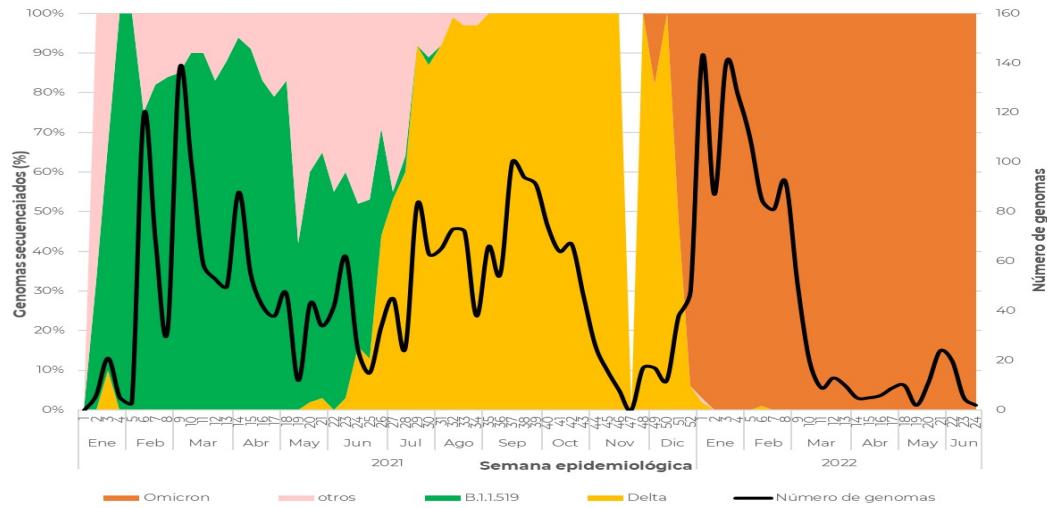
PCC



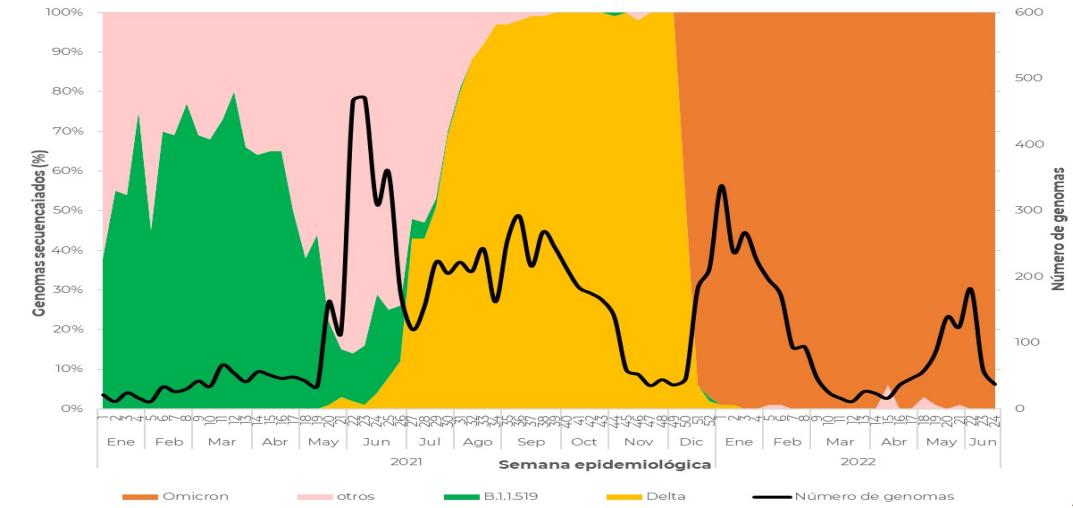
CEN



PCS



PEN



Datos tomados de la base pública GISAID <https://www.gisaid.org/>