

Reporte de vigilancia genómica del virus SARS-CoV-2 en México

Distribución nacional y estatal de variantes al 18 de octubre de 2021

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 interés (VOI por sus siglas en inglés)
 - Variantes bajo monitoreo (VUM por sus siglas en inglés)

Variantes de preocupación (VOC)

Denominación de la OMS	Linaje Pango*	Clado/linaje GISAID	Clado Nextstrain	Otros cambios en aminoácidos que se están examinando°	Primeras muestras documentadas	Fecha de designación
Alpha	B.1.1.7 [#]	GRY	20I (V1)	+S:484K +S:452R	Reino Unido Septiembre 2020	18 diciembre 2020
Beta	B.1.351	GH/501Y.V2	20H (V2)	+S:L18F	Sudáfrica Mayo 2020	18 diciembre 2020
Gamma	P.1	GR/501Y.V3	20J (V3)	+S:681H	Brasil Noviembre 2020	11 enero 2021
Delta	B.1.617.2 [§]	G/478K.V1	21A	+S:417N	India Octubre 2020	VOL: 4 abril 2021 VOC: 11 mayo 2021

*Incluye todos los linajes de descendencia. El listado completo de linajes Pango se pueden encontrar en: https://cov-lineages.org/lineage_list.html; para preguntas frecuentes visita: <https://www.pango.network/faqs/>

°Solo se encontraron en una submuestra de secuencias

#Incluye todos los linajes Q.* (en el sistema Pango de nomenclatura, Q es un alias para B.1.1.7)

§ Incluye todos los linajes AY.* (en el sistema Pango de nomenclatura, AY es un alias para B.1.617.2); para más información sobre los linajes AY.*, visita: <https://www.pango.network/new-ay-lineages/>

Variantes de interés (VOI)

Denominación de la OMS	Linaje Pango	Clado/linaje GISAID	Clado Nextstrain	Primeras muestras documentadas	Fecha de designación
Lambda	C.37	GR/452Q.V1	21G	Perú Diciembre 2020	14 junio 2021
Mu	B.1.621	GH	21H	Colombia Enero 2021	30 agosto 2021

Variantes bajo monitoreo (VUM)

Linaje Pango*	Clado/linaje GISAID	Clado Nextstrain	Primeras muestras documentadas	Fecha de designación
B.1.427 B.1.429	GH/452R.V1	21C	Estados Unidos de América, Marzo 2020	VOL: 5-Mar-2021 Alert: 6-Jul-2021
R.1	GR	-	Múltiples países, Enero 2021	07-Abr-2021
B.1.466.2	GH	-	Indonesia, Noviembre 2020	28-Abr-2021
B.1.1.318	GR	-	Múltiples países, Enero 2021	02-Jun-2021
B.1.1.519	GR	20B/S.732A	Múltiples países, Noviembre 2020	02-Jun-2021
C.36.3	GR	-	Múltiples países, Enero 2021	16-Jun-2021
B.1.214.2	G	-	Múltiples países, Noviembre 2020	30-Jun-2021
B.1.1.523	GR	-	Múltiples países, Mayo 2020	14-July-2021
B.1.619	G	20A/S.126A	Múltiples países, Mayo 2020	14-Jul-2021
B.1.620	G	-	Múltiples países, Noviembre 2020	14-Jul-2021
C.1.2	GR	-	Sudáfrica, May 2021	01-Sep-2021
B.1.617.1	G/452R.V3	21B	India, Octubre 2020	VOL: 4-Abr-2021 VUM: 20-Sept-2021
B.1.526	GH/253G.V1	21F	Estados Unidos de América, Noviembre 2020	VOL: 24-Mar-2021 VUM: 20-Sept-2021
B.1.525	G/484K.V3	21D	Múltiples países, Diciembre 2020	VOL: 17-Mar-2021 VUM: 20-Sept-2021
B.1.630	GH	-	República Dominicana, Mar 2021	12-Oct-2021

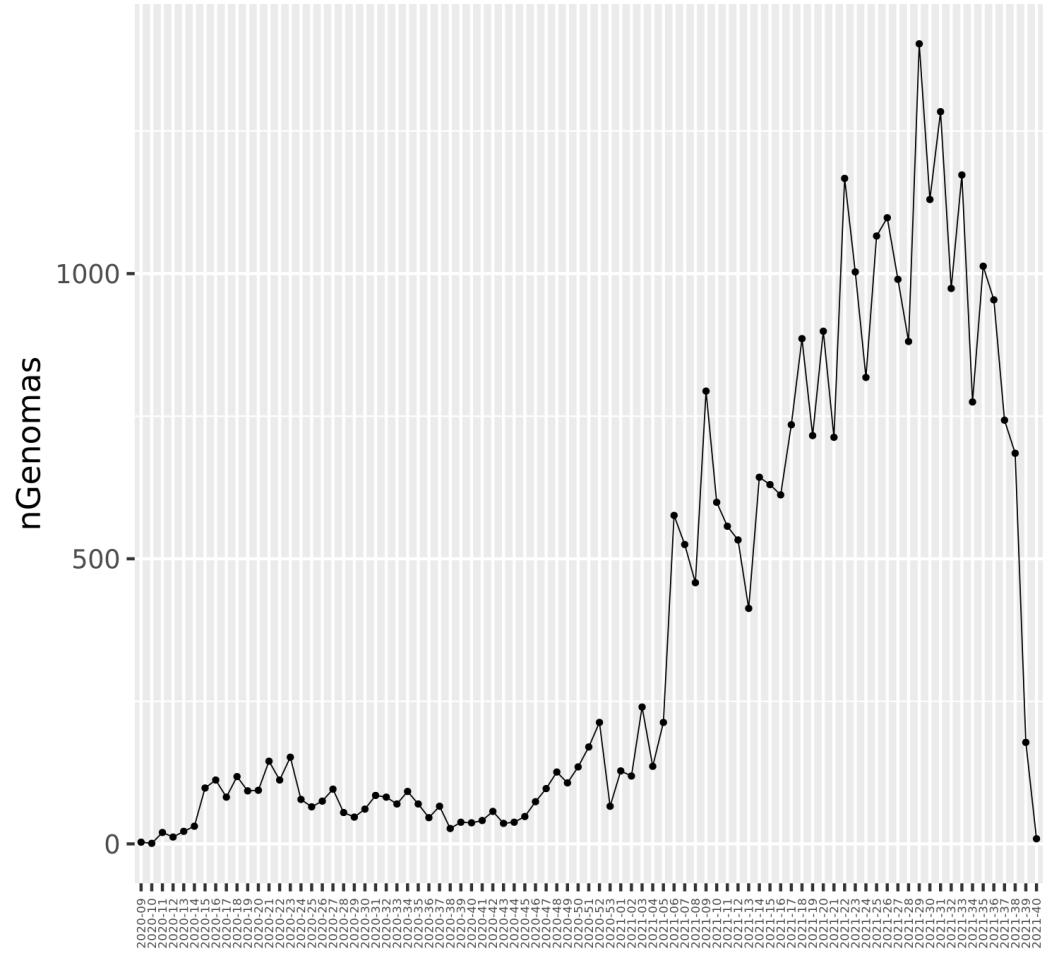
*Incluye todos los linajes de descendencia. El listado completo de linajes Pango se pueden encontrar en: https://cov-lineages.org/lineage_list.html; para preguntas frecuentes visita: <https://www.pango.network/faqs/>

<https://www.who.int/es/activities/tracking-SARS-CoV-2-variants>

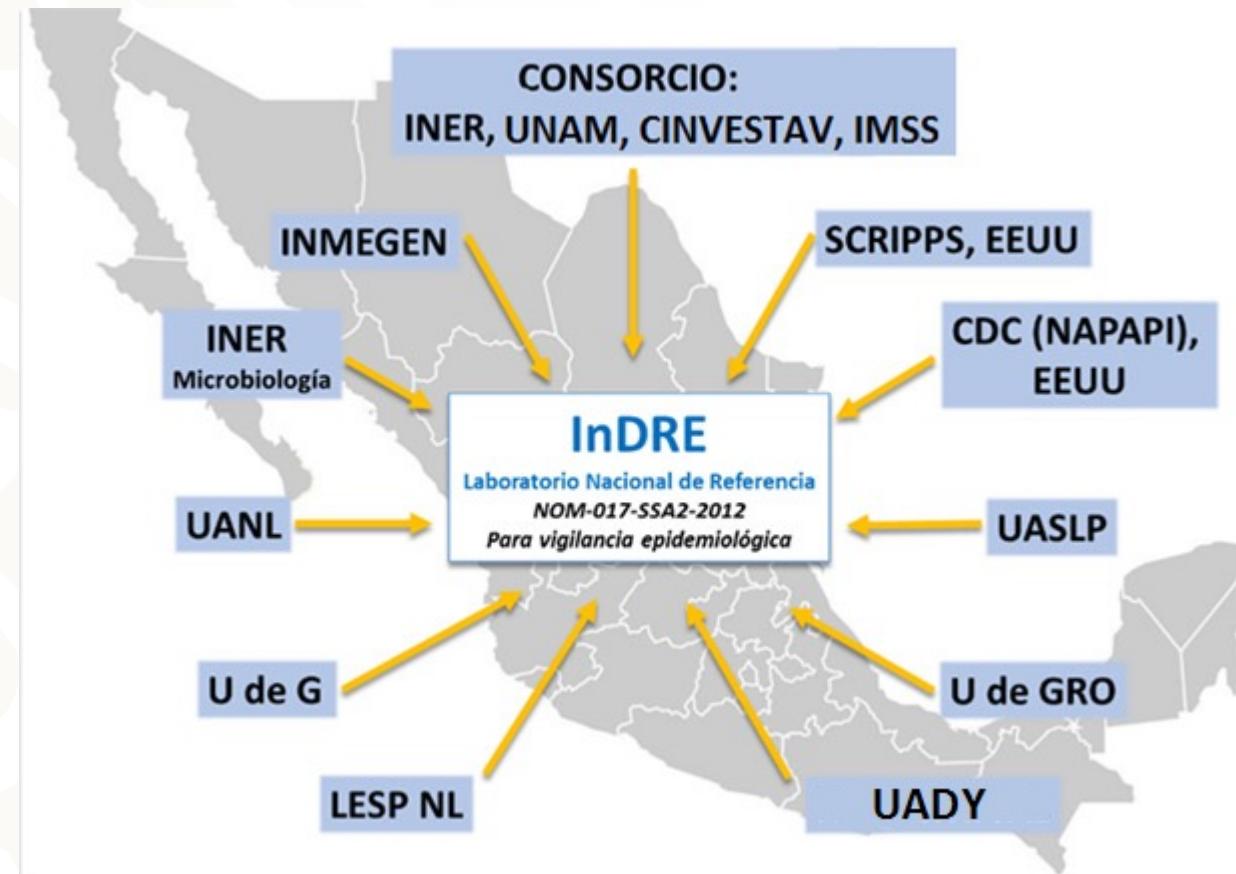
Número de genomas estudiados en México durante la epidemia 2020-2021 de COVID-19

- Al corte del 18 de octubre de 2021 y análisis hasta la semana epidemiológica 40, un total de **32,081** secuencias se depositaron en GISAID, una iniciativa global de intercambio de datos de vigilancia genómica de virus de influenza y el SARS-CoV-2.

Genomas de SARS-CoV-2 secuenciados en México



Red de vigilancia de variantes del virus SARS-CoV-2



Variantes de preocupación por entidad federativa: corte al 18 de octubre de 2021

Estado	Alfa	Beta	Gamma	Delta
Aguascalientes	-	-	11	263
Baja California	18	2	21	212
Baja California Sur	7	-	38	313
Campeche	31	12	106	192
Chiapas	1	-	34	229
Chihuahua	141	-	6	182
Coahuila	26	-	11	190
Colima	16	-	12	184
Ciudad de México	283	-	325	3154
Durango	11	-	4	91
Guanajuato	35	-	58	324
Guerrero	4	-	10	122
Hidalgo	51	-	83	310
Jalisco	28	-	51	406
Estado de México	173	1	141	1273
Michoacán	5	-	5	217

Estado	Alfa	Beta	Gamma	Delta
Morelos	4	-	5	242
Nayarit	9	-	12	144
Nuevo León	92	2	53	321
Oaxaca	18	-	6	122
Puebla	39	-	24	202
Querétaro	47	-	13	364
Quintana Roo	105	-	374	480
San Luis Potosí	18	-	14	136
Sinaloa	91	-	63	621
Sonora	28	-	70	260
Tabasco	109	1	182	496
Tamaulipas	118	1	102	257
Tlaxcala	1	-	1	42
Veracruz	71	-	130	630
Yucatán	144	-	729	534
Zacatecas	35	-	17	184
TOTALES	1759	19	2711	12697

Variantes de interés por entidad federativa: corte al 18 de octubre de 2021

Estado	Lambda	Mu
Aguascalientes	-	18
Baja California	1	1
Baja California Sur	-	-
Campeche	19	1
Chiapas	6	-
Chihuahua	1	4
Coahuila	-	4
Colima	1	1
Ciudad de México	14	141
Durango	-	-
Guanajuato	1	9
Guerrero	-	2
Hidalgo	2	8
Jalisco	2	9
Estado de México	9	55
Michoacán	-	20

Estado	Lambda	Mu
Morelos	-	4
Nayarit	-	6
Nuevo León	4	19
Oaxaca	2	3
Puebla	-	17
Querétaro	33	10
Quintana Roo	1	30
San Luis Potosí	1	-
Sinaloa	18	3
Sonora	1	4
Tabasco	88	12
Tamaulipas	-	6
Tlaxcala	-	-
Veracruz	4	15
Yucatán	3	7
Zacatecas	1	-
TOTALES	212	409

Variantes con alerta de vigilancia reforzada por entidad federativa: corte al 18 de octubre de 2021



Estado	B.1.427/ B.1.429	R.1	B.1.466. 2	B.1.318	B.1.1519	C.36.3	B.1.214.2	B.1.1523	B.1.619	B.1.620	C.1.2	B.1.525	B.1.526	B.1.617.1
Aguascalientes	5	-	-	-	26	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Baja California	108	-	-	-	30	-	-	-	-	-	-	-	3	-
Baja California Sur	23	-	-	-	76	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Campeche	4	-	-	-	69	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Chiapas	1	-	-	-	32	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Chihuahua	13	-	-	1	183	-	-	-	-	-	-	-	4	-
Coahuila	6	-	-	-	53	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Colima	4	-	-	1	26	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Ciudad de México	25	-	-	3	2769	-	-	-	-	-	-	-	13	1
Durango	2	-	-	1	35	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Guanajuato	36	-	-	-	257	-	-	-	-	-	-	-	3	-
Guerrero	-	-	-	-	73	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Hidalgo	2	-	-	-	132	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Jalisco	50	-	-	2	181	-	-	-	-	-	-	-	16	-
Estado de México	5	-	-	1	824	-	-	-	-	-	-	-	8	-
Michoacán	16	-	-	-	95	-	-	-	-	-	-	-	-	-

Variantes con alerta de vigilancia reforzada por entidad federativa: corte al 18 de octubre de 2021



Estado	B.1.427/ B.1.429	R.1	B.1.466. 2	B.1.1.318	B.1.1.519	C.36.3	B.1.214.2	B.1.1.523	B.1.619	B.1.620	C.1.2	B.1.525	B.1.526	B.1.617.1
Morelos	4	-	-	-	226	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Nayarit	-	-	-	-	24	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Nuevo León	26	-	-	-	246	-	-	-	-	-	-	-	3	-
Oaxaca	6	-	-	-	58	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Puebla	8	-	-	-	588	-	-	-	-	-	-	-	1	-
Querétaro	9	-	-	1	306	-	-	-	-	-	-	-	1	-
Quintana Roo	6	-	-	-	42	-	-	-	-	-	-	-	4	-
San Luis Potosí	3	-	-	-	106	-	-	-	-	-	-	-	2	4
Sinaloa	45	-	-	-	132	-	-	-	-	-	-	-	1	-
Sonora	7	-	-	-	23	-	-	-	-	-	-	-	1	-
Tabasco	13	-	-	-	279	-	-	-	-	-	-	-	5	-
Tamaulipas	2	-	-	-	55	-	-	-	-	-	-	-	-	1
Tlaxcala	1	-	-	-	45	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Veracruz	9	-	-	-	297	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Yucatán	15	-	-	-	378	-	-	-	-	-	-	-	1	-
Zacatecas	31	-	-	1	227	-	-	-	-	-	-	-	-	1
TOTALES	485	-	-	11	7893	-	-	-	-	-	-	-	66	7

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

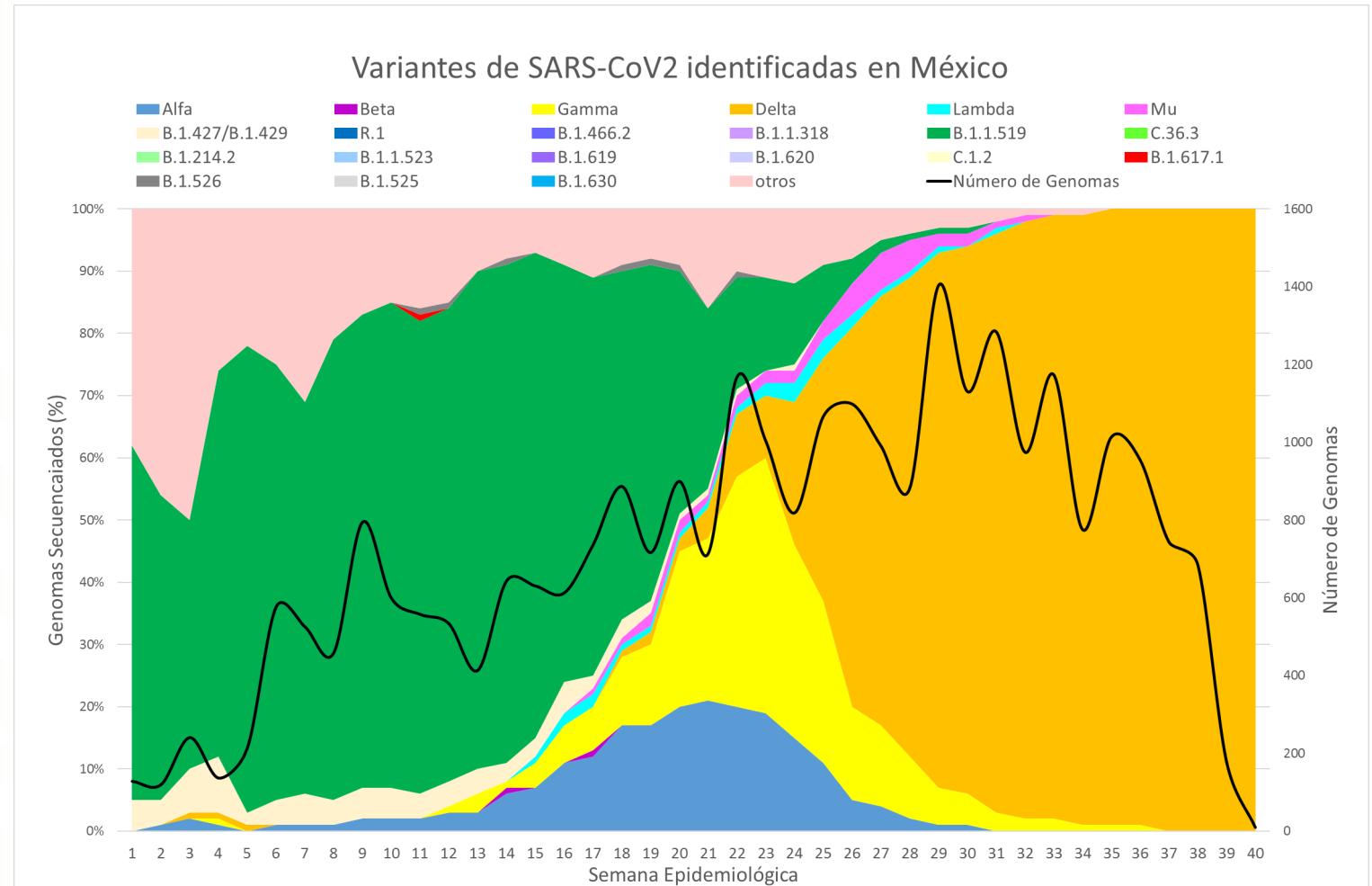
Linajes detectados en México: distribución porcentual de las últimas ocho semanas



- En esta figura, se presenta el resultado del análisis de las muestras de las últimas 8 semanas epidemiológicas.
- En estas ocho semanas se observa la presencia de la variante Delta en un **99%** de las secuencias obtenidas.

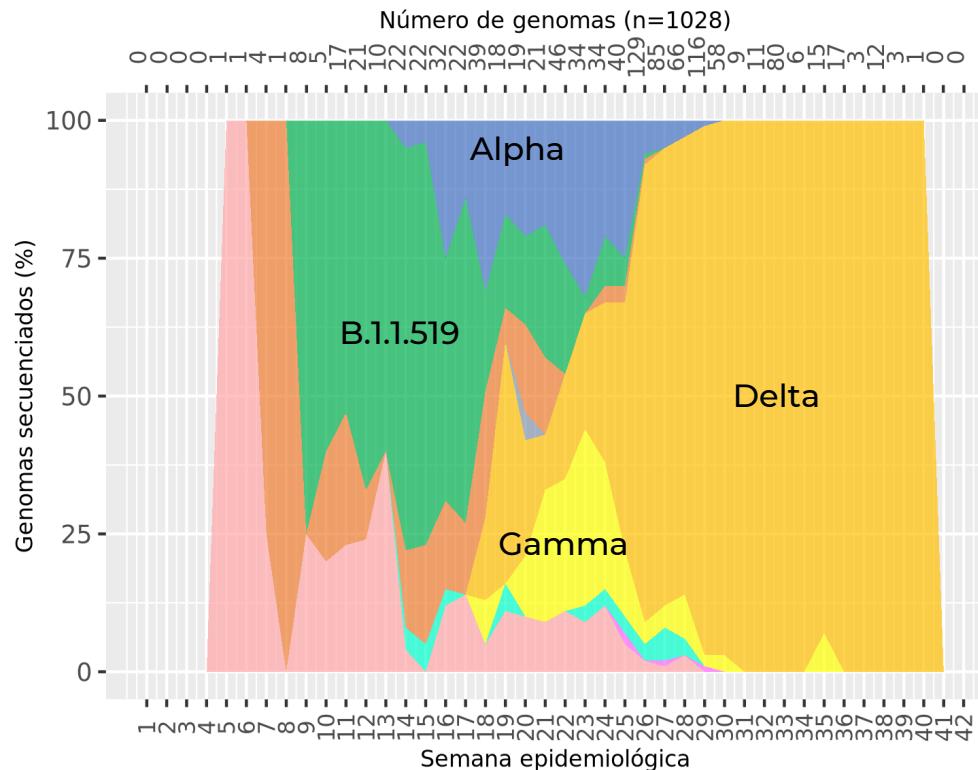
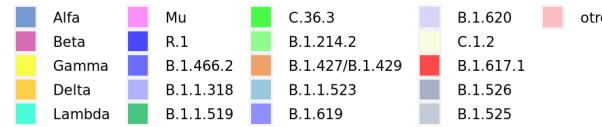
Variantes del virus SARS-CoV-2 a nivel nacional durante 2021

- A partir de la semana 27 la variante Delta desplaza al resto de variantes hasta posicionarse como la variante predominante a partir de la semana 31 con proporciones por arriba de 93%.
- Semana 38 hay 685 secuencias registradas, el 100% son variante Delta.
- Semana 39 hay 178 secuencias registradas, el 100% corresponden a la variante Delta.

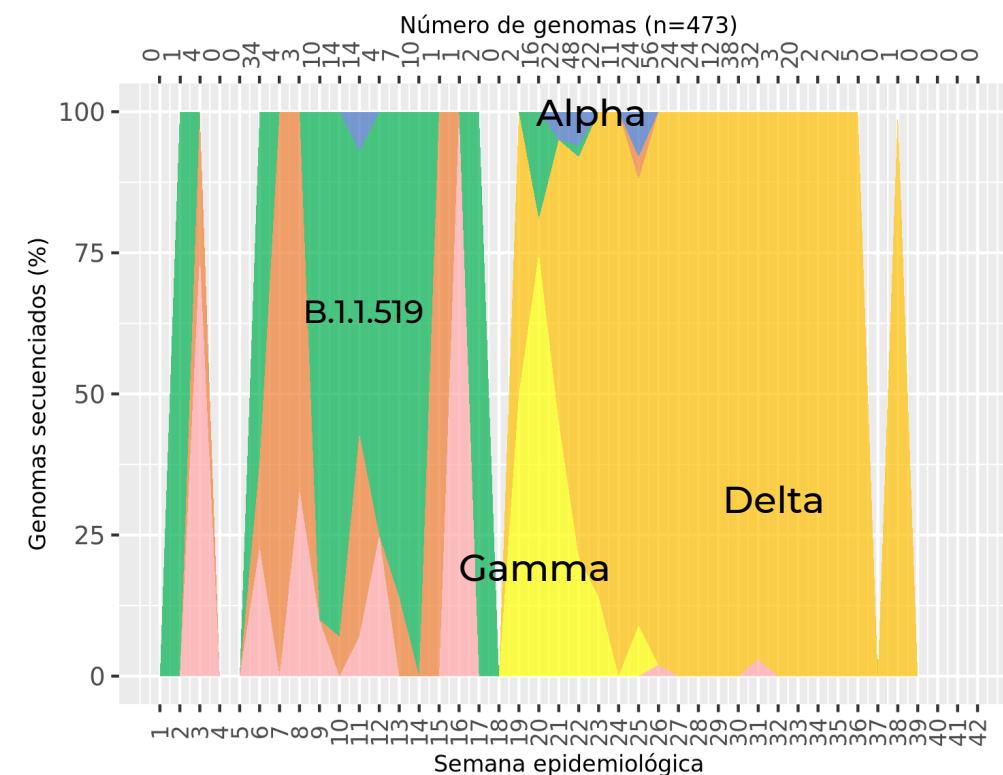
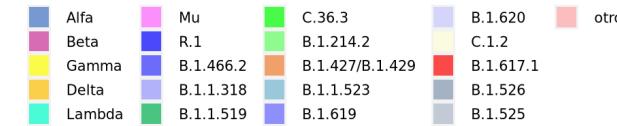


Sinaloa (SIN) y Baja California Sur (BCS)

Variantes de SARS-CoV-2 identificadas en SIN



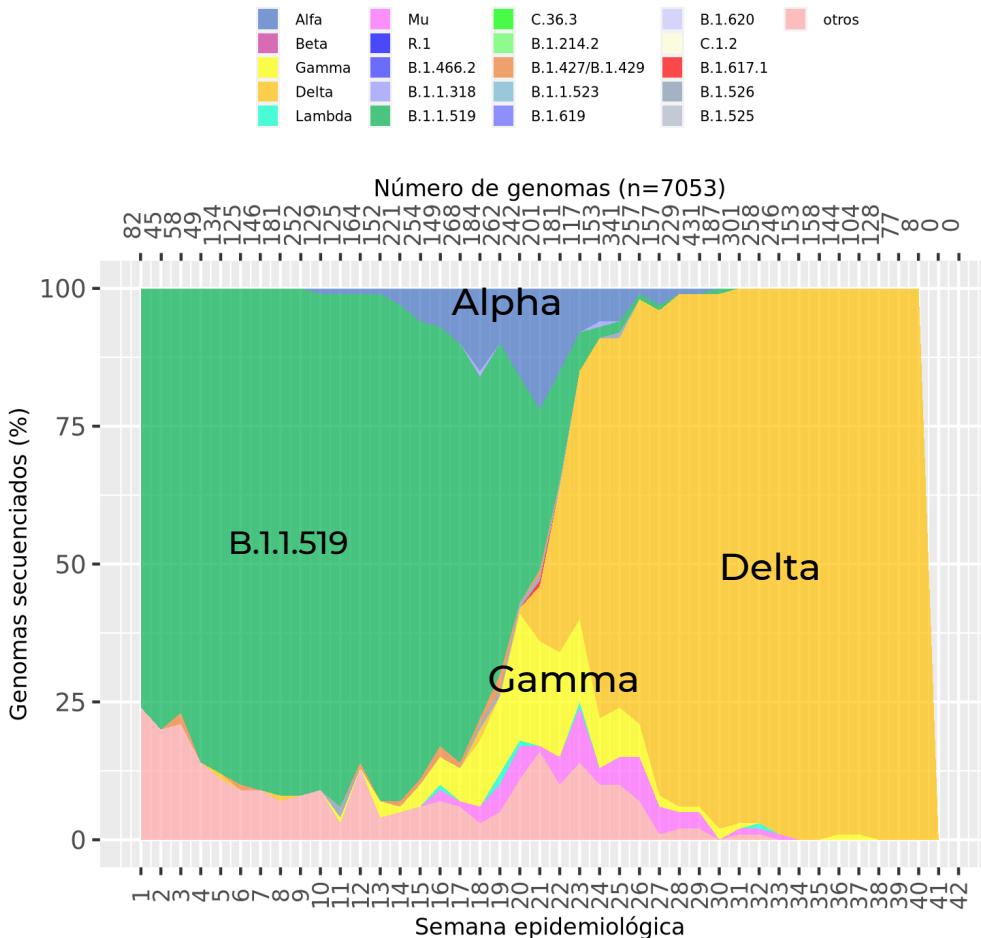
Variantes de SARS-CoV-2 identificadas en BCS



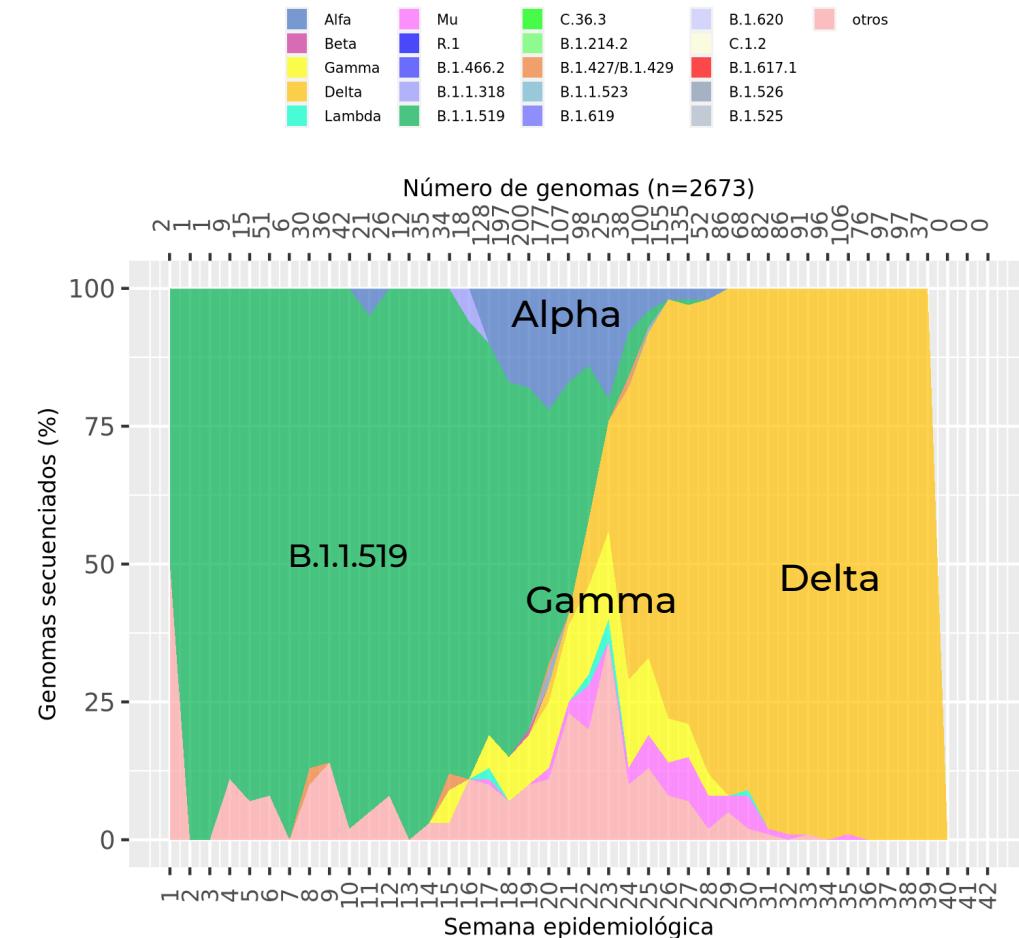
Ciudad de México (CMX) y Estado de México (MEX)



Variantes de SARS-CoV-2 identificadas en CMX

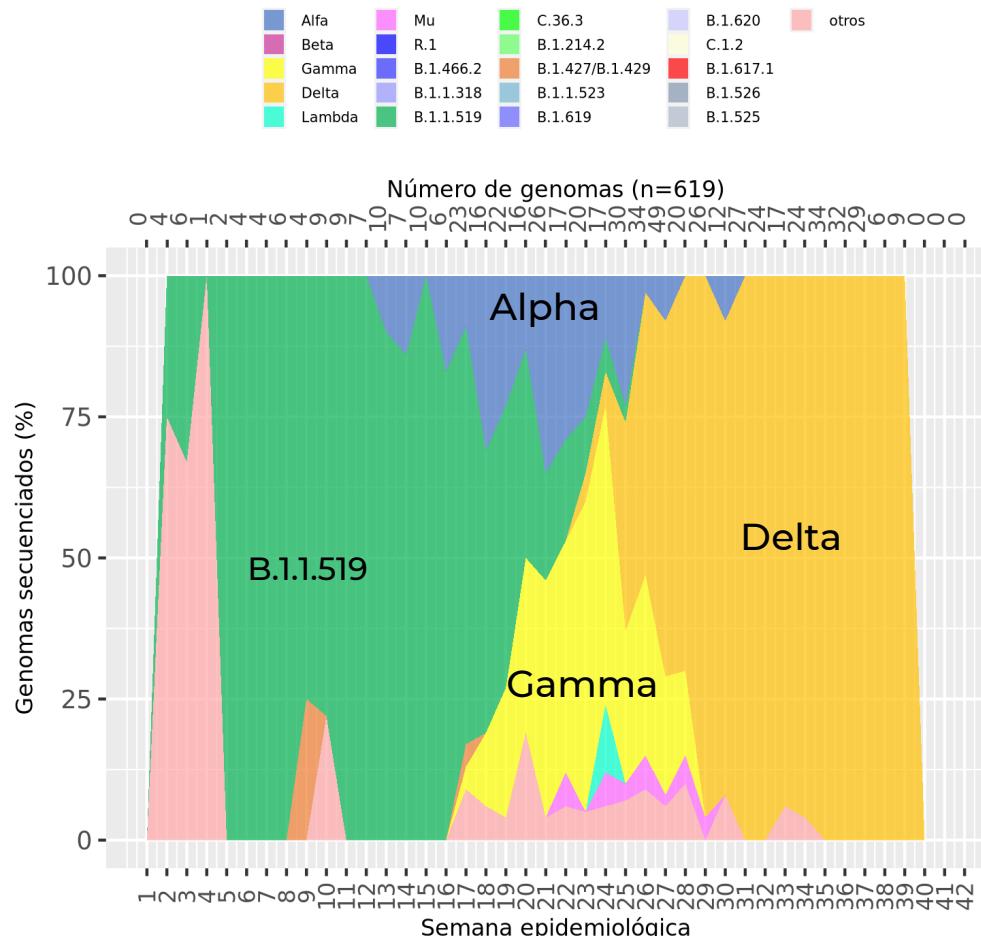


Variantes de SARS-CoV-2 identificadas en MEX

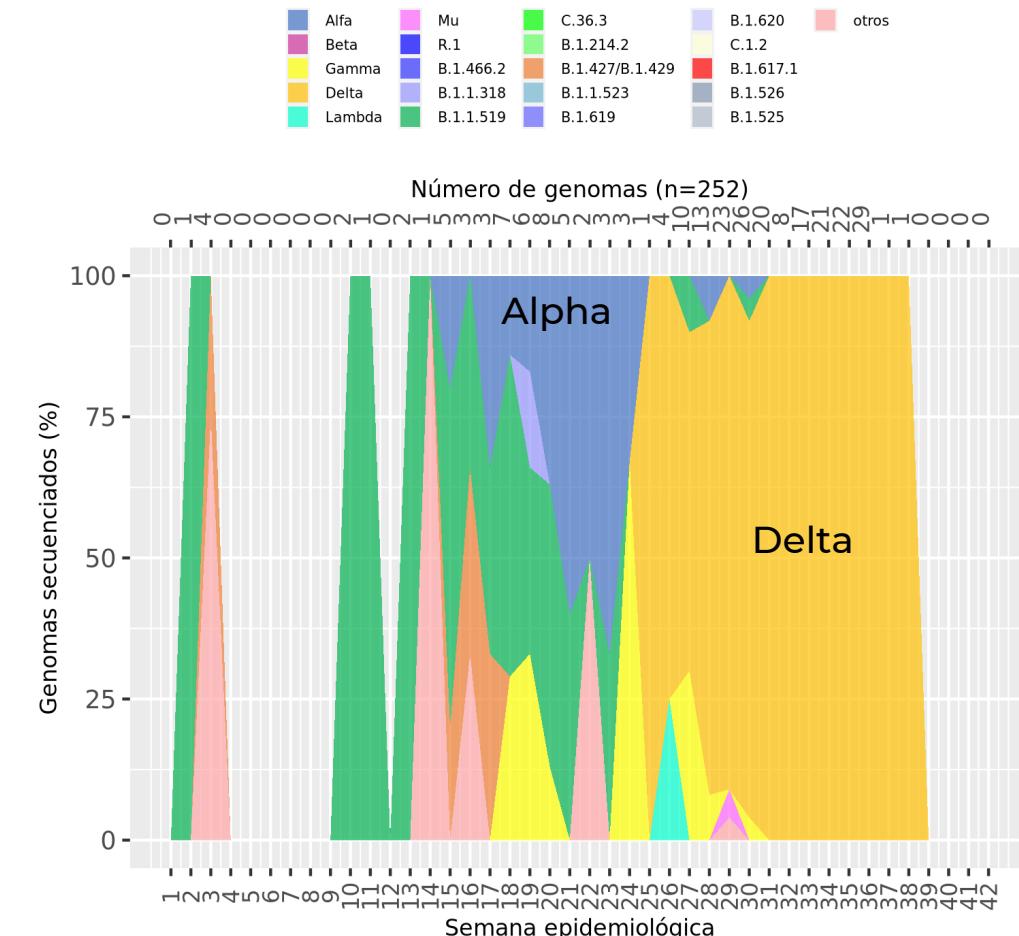


Hidalgo (HID) y Colima (COL)

Variantes de SARS-CoV-2 identificadas en HID

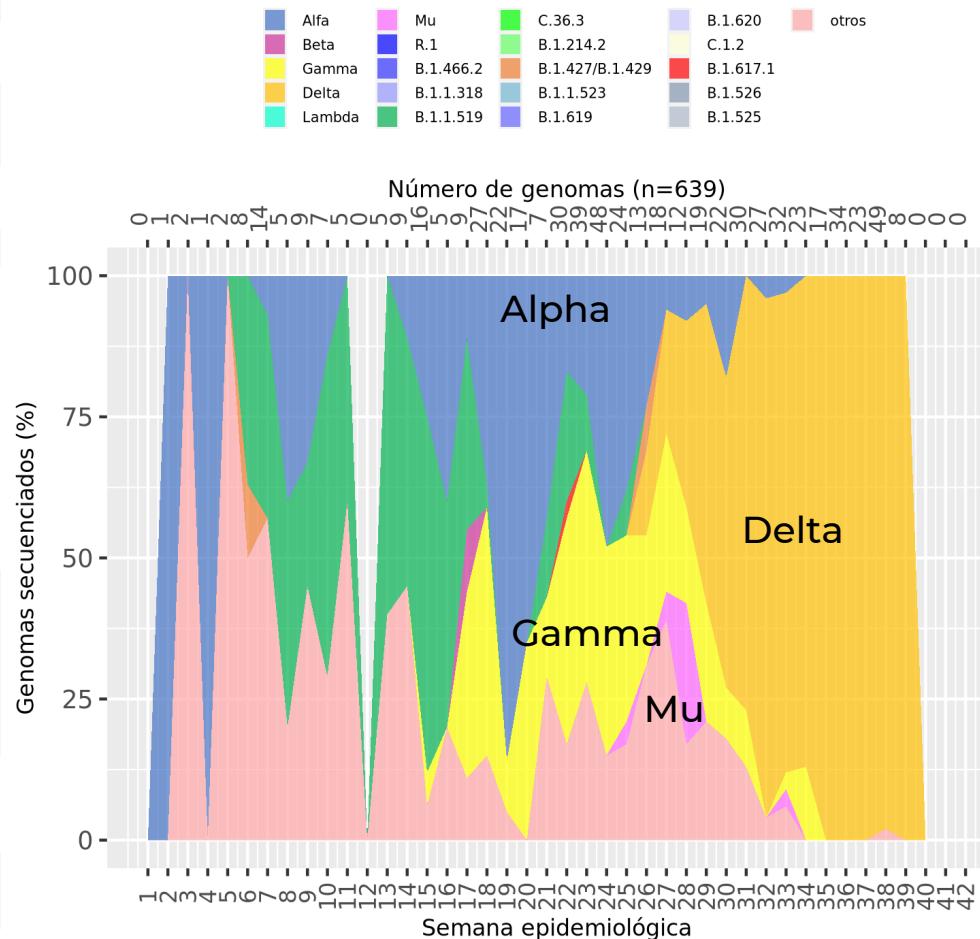


Variantes de SARS-CoV-2 identificadas en COL

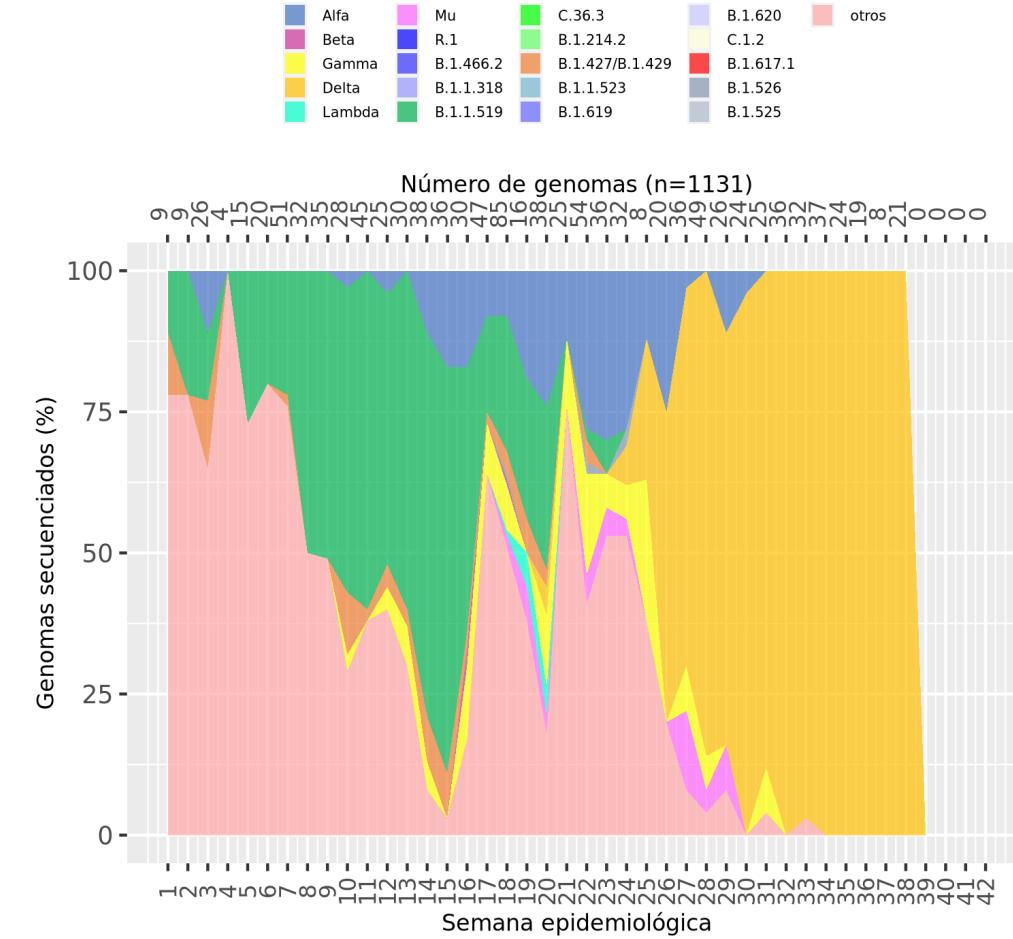


Tamaulipas (TAM) y Nuevo León (NLE)

Variantes de SARS-CoV-2 identificadas en TAM

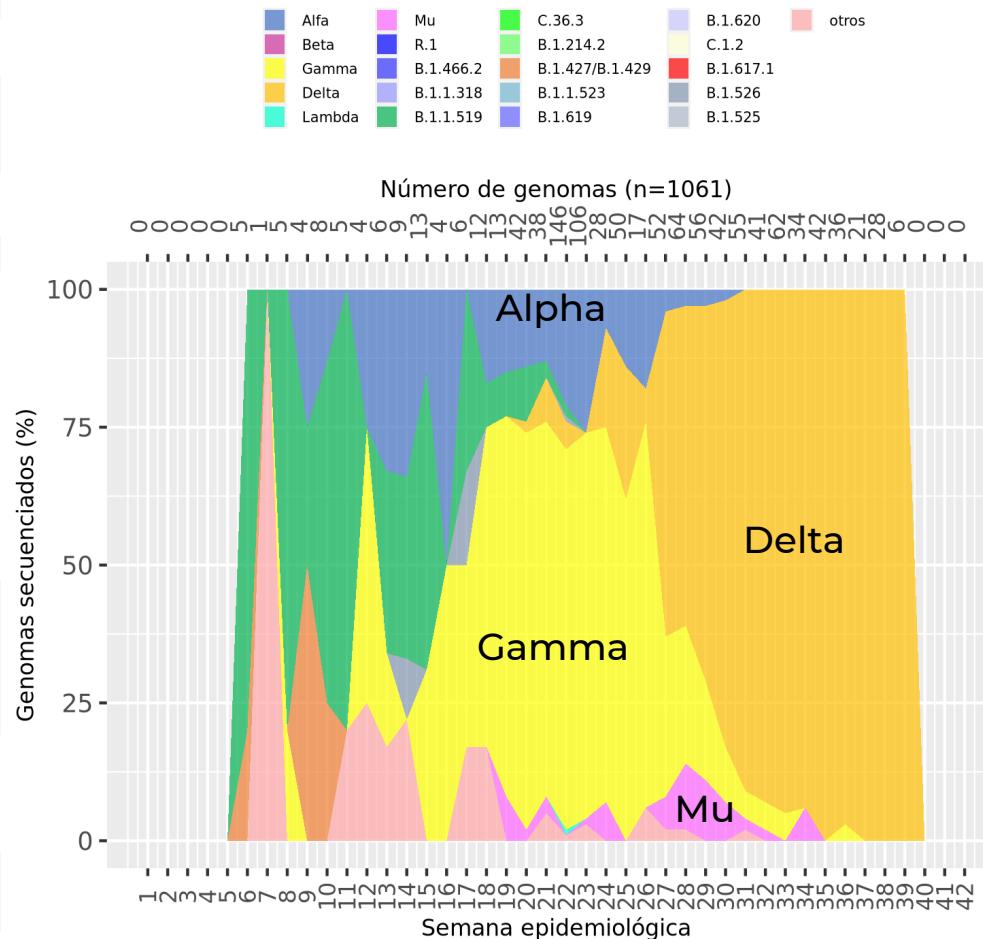


Variantes de SARS-CoV-2 identificadas en NLE

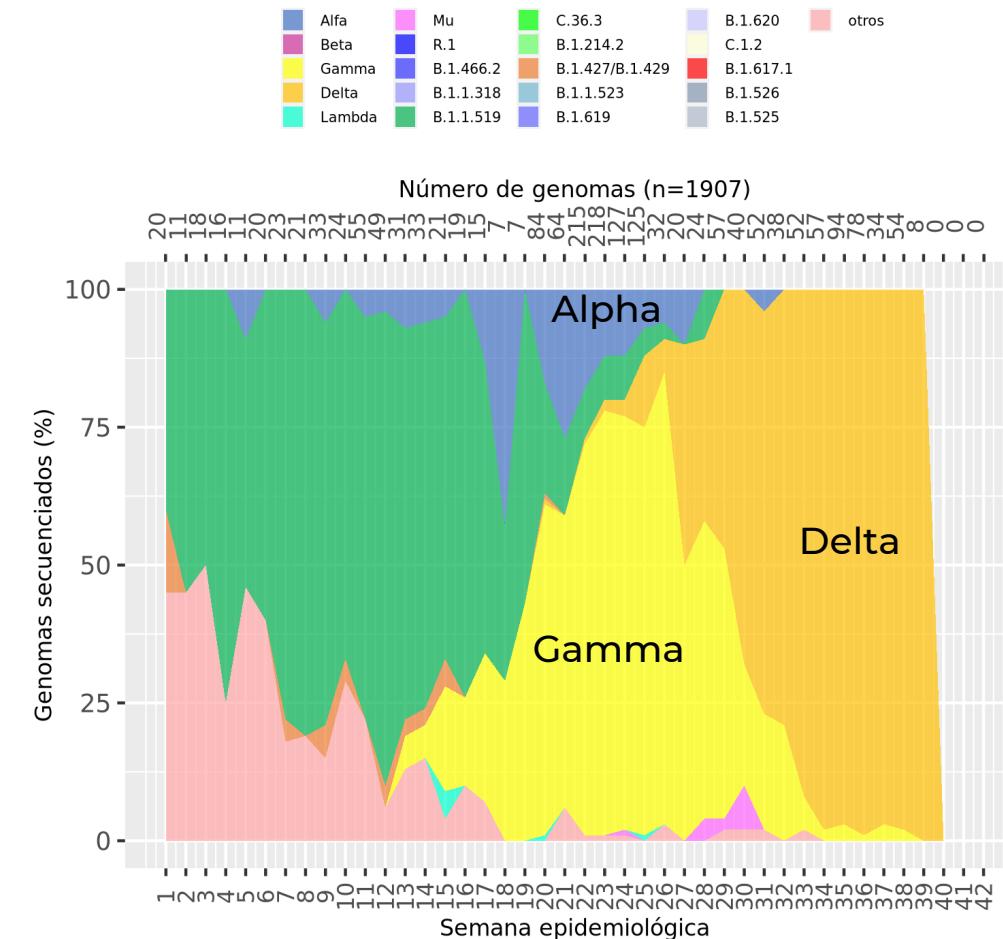


Quintana Roo (ROO) y Yucatán (YUC)

Variantes de SARS-CoV-2 identificadas en ROO

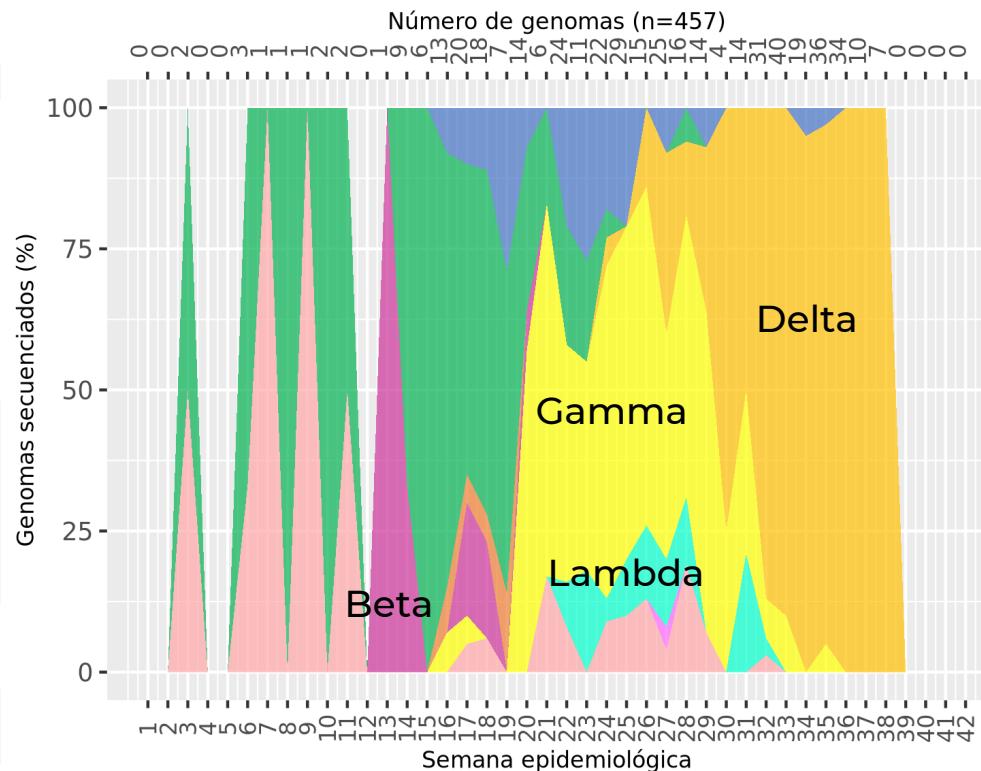


Variantes de SARS-CoV-2 identificadas en YUC

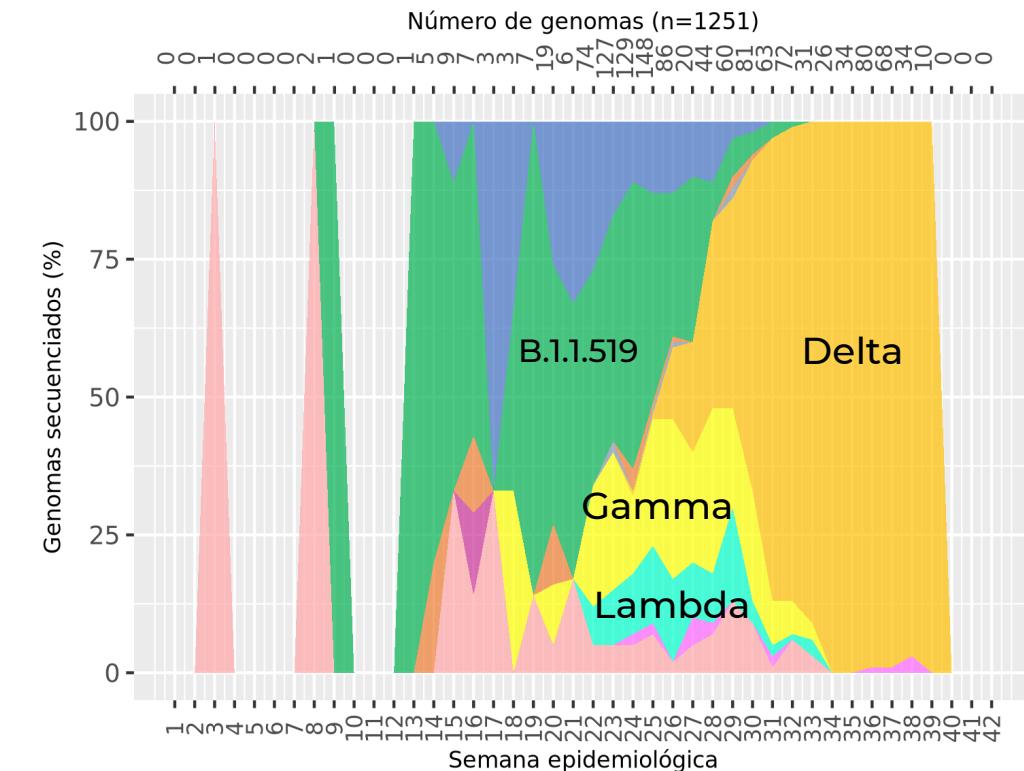
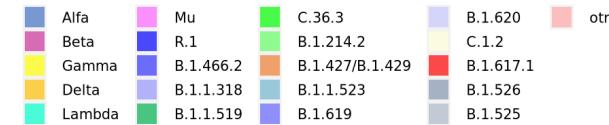


Campeche (CAM) y Tabasco (TAB)

Variantes de SARS-CoV-2 identificadas en CAM

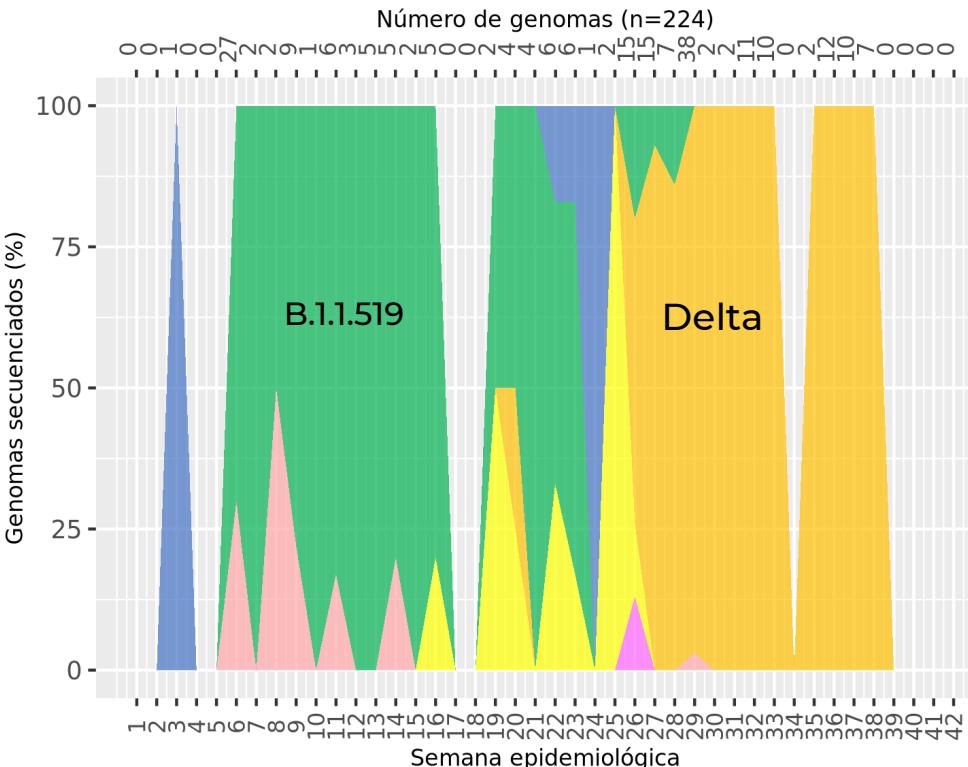
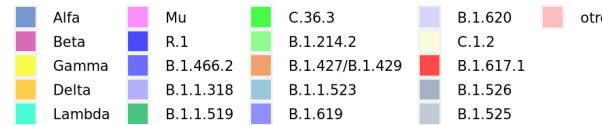


Variantes de SARS-CoV-2 identificadas en TAB

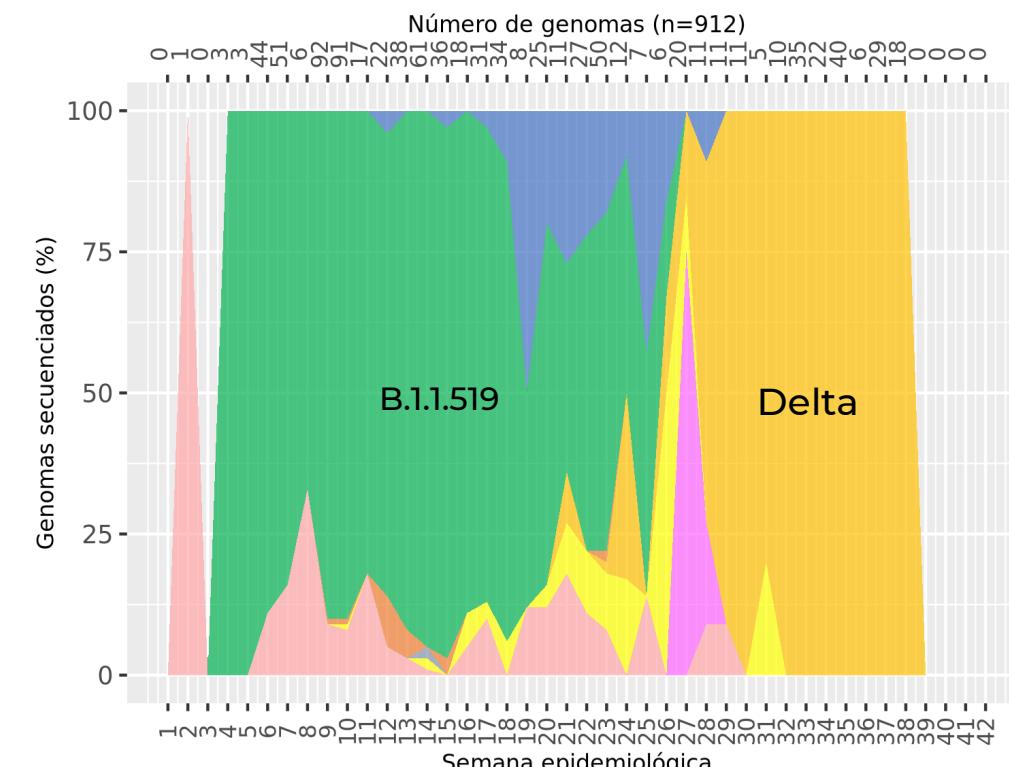
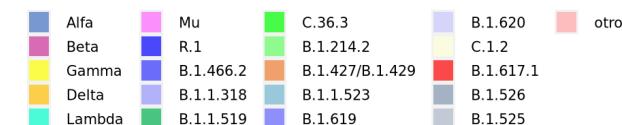


Guerrero (GRO) y Puebla (PUE)

Variantes de SARS-CoV-2 identificadas en GRO

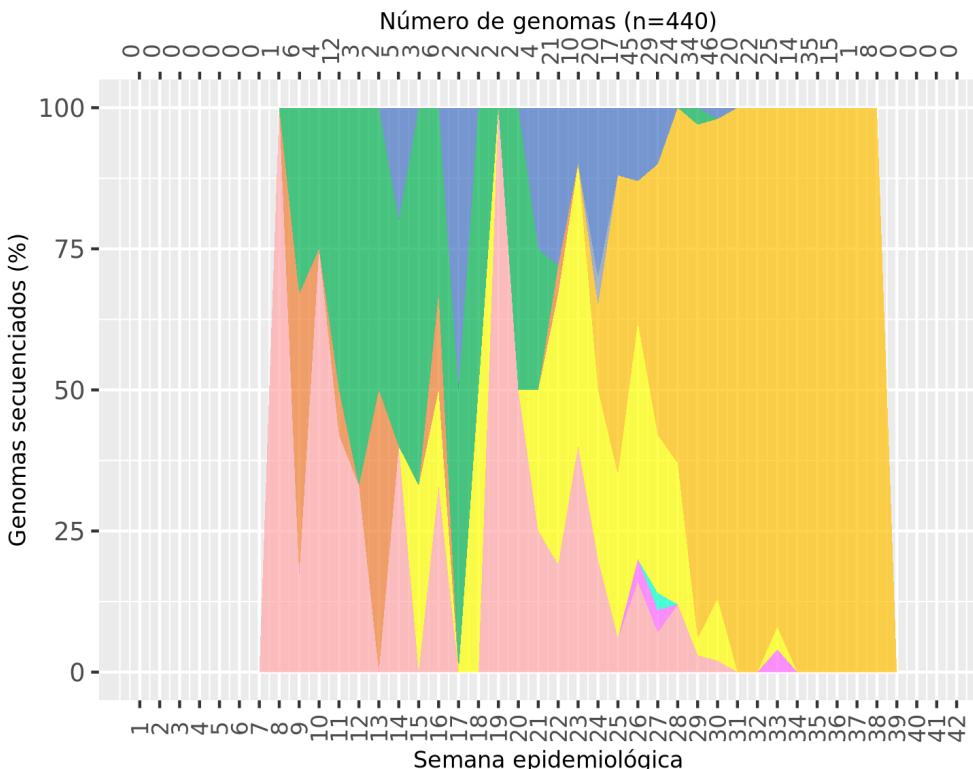
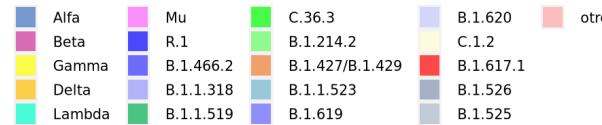


Variantes de SARS-CoV-2 identificadas en PUE

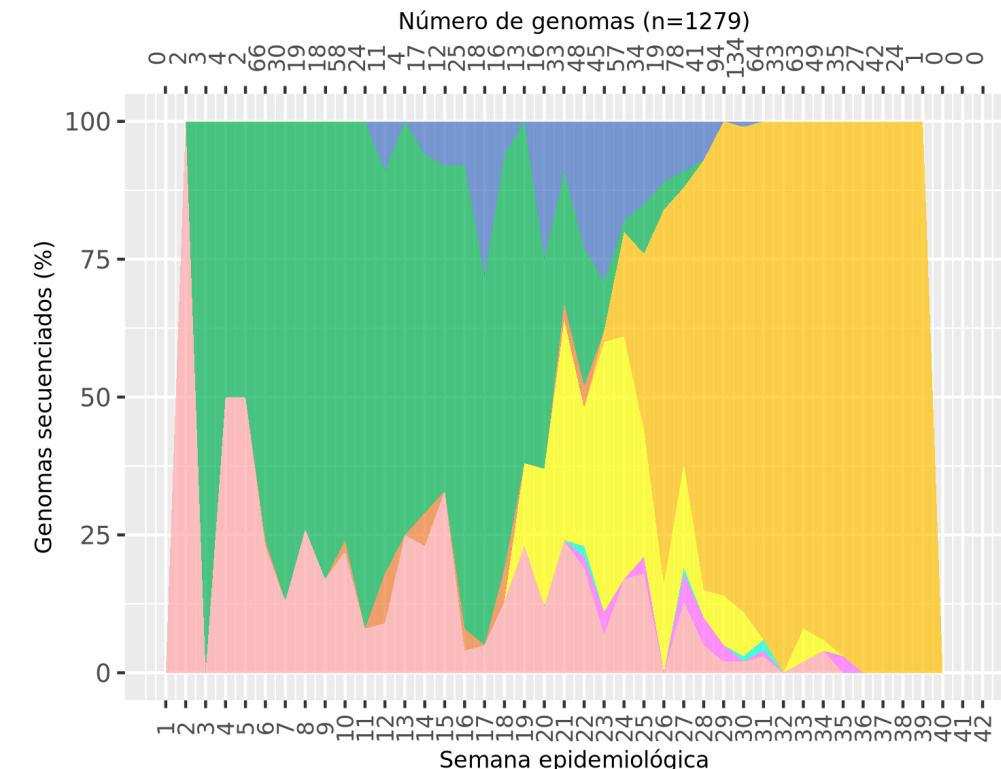
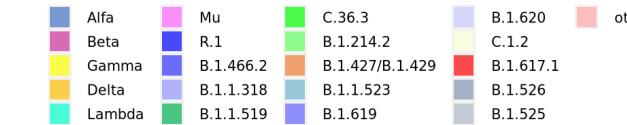


Sonora (SON) y Veracruz (VER)

Variantes de SARS-CoV-2 identificadas en SON

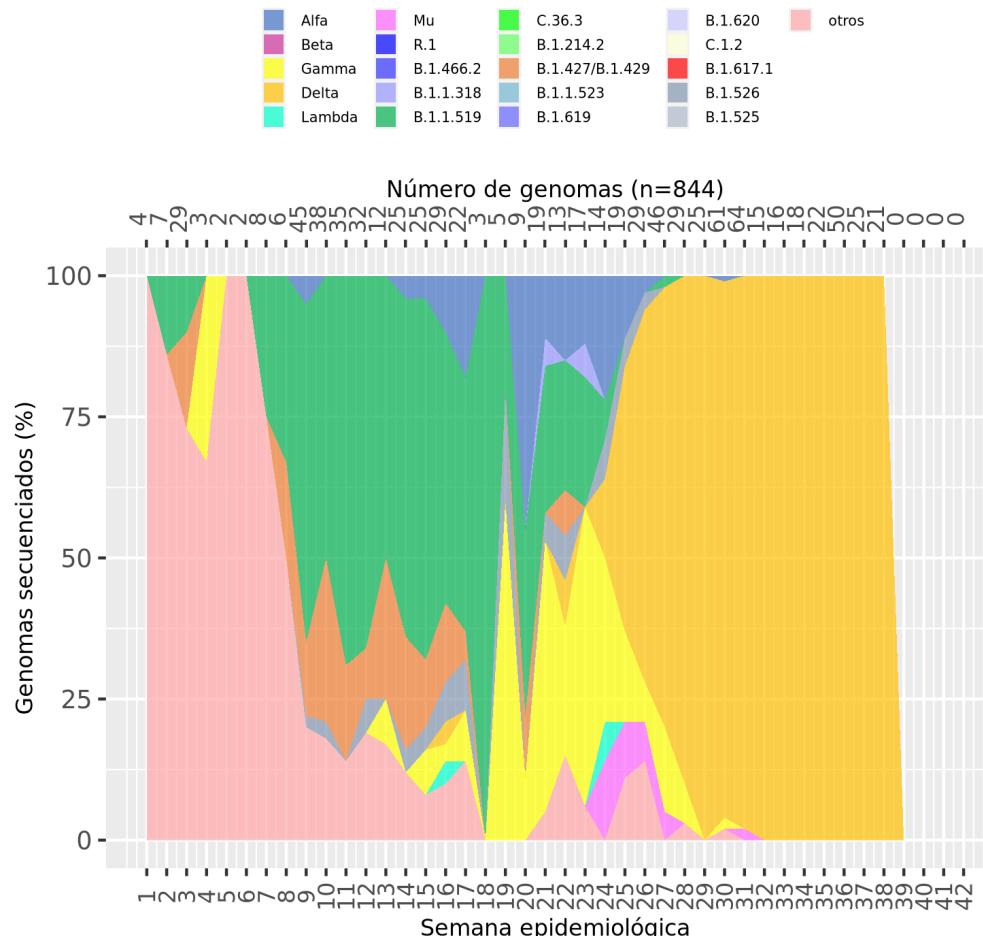


Variantes de SARS-CoV-2 identificadas en VER

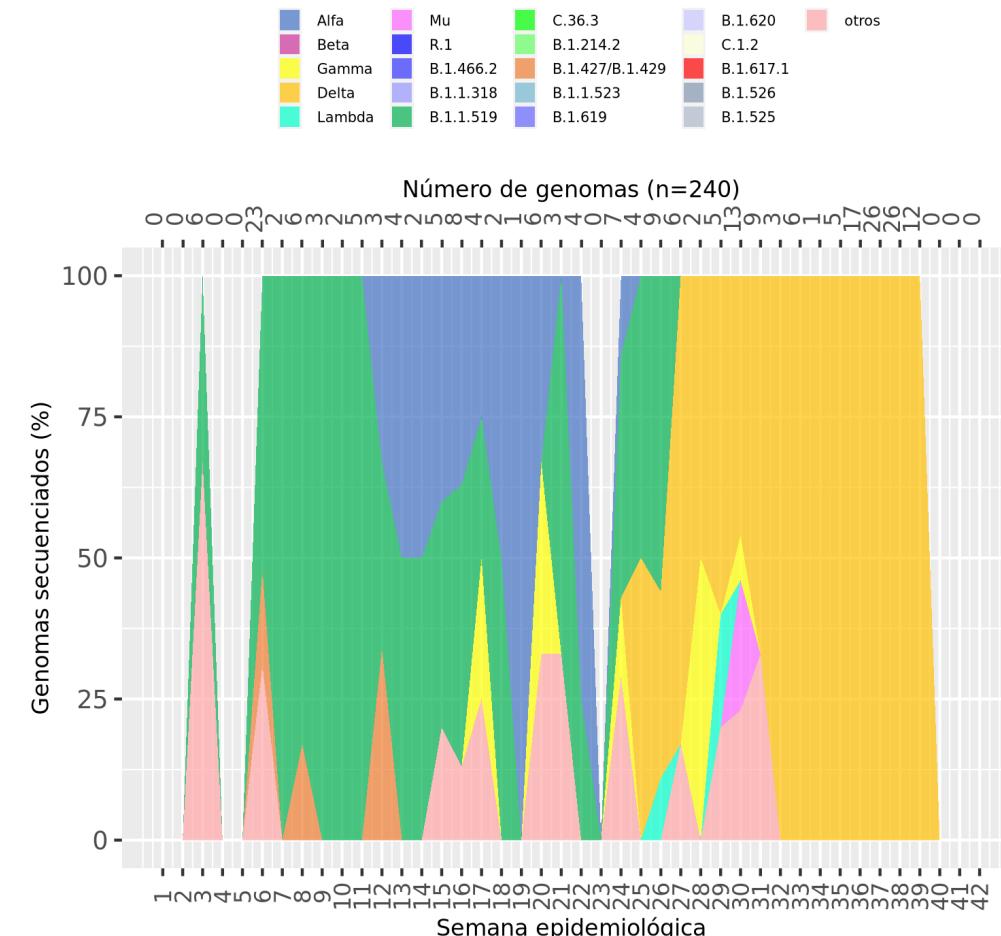


Jalisco (JAL) y Oaxaca (OAX)

Variantes de SARS-CoV-2 identificadas en JAL

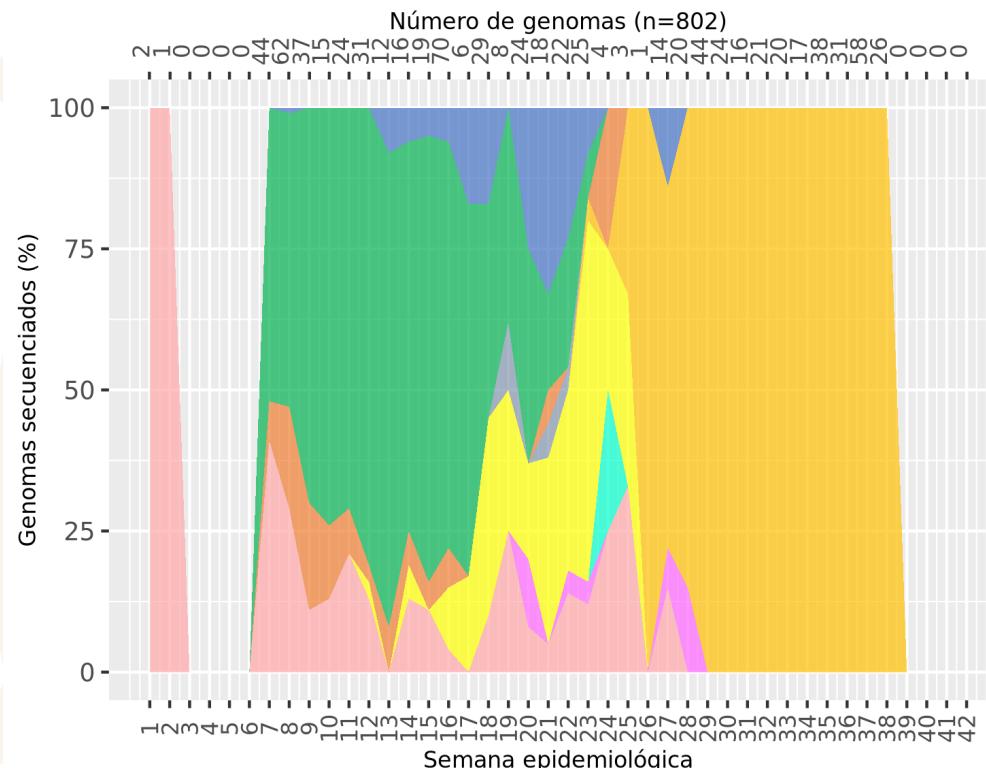
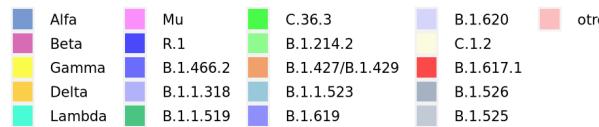


Variantes de SARS-CoV-2 identificadas en OAX

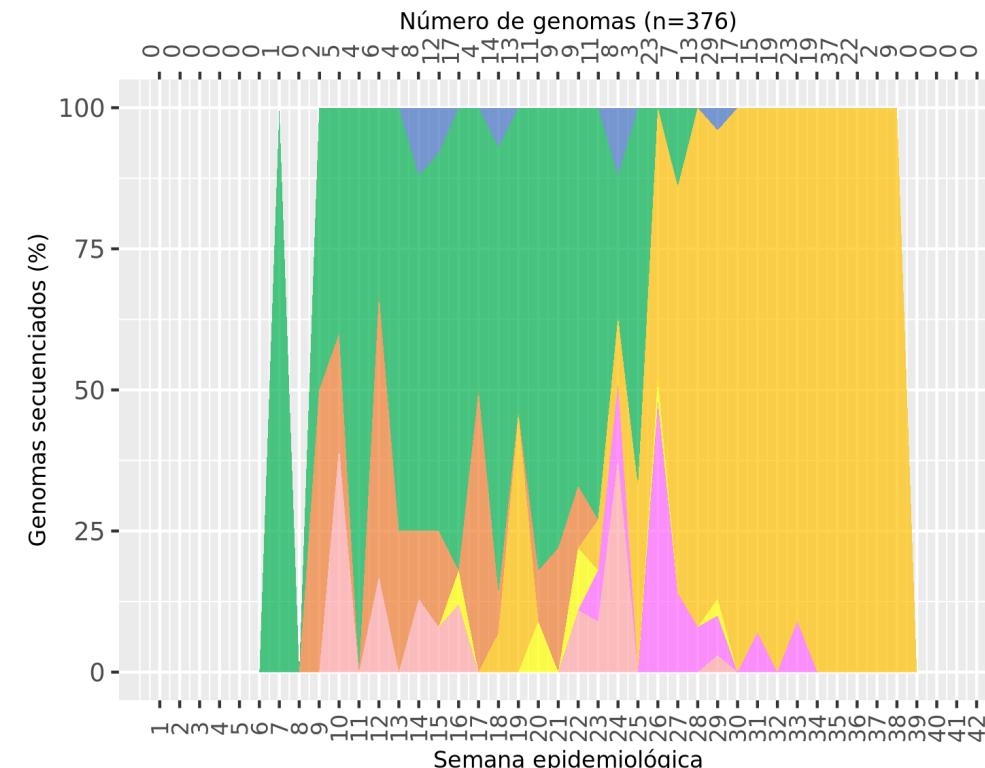
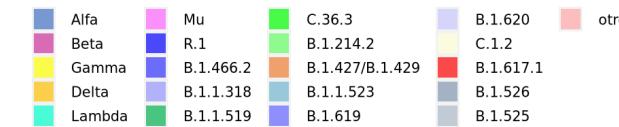


Guanajuato (GUA) y Michoacán (MIC)

Variantes de SARS-CoV-2 identificadas en GUA

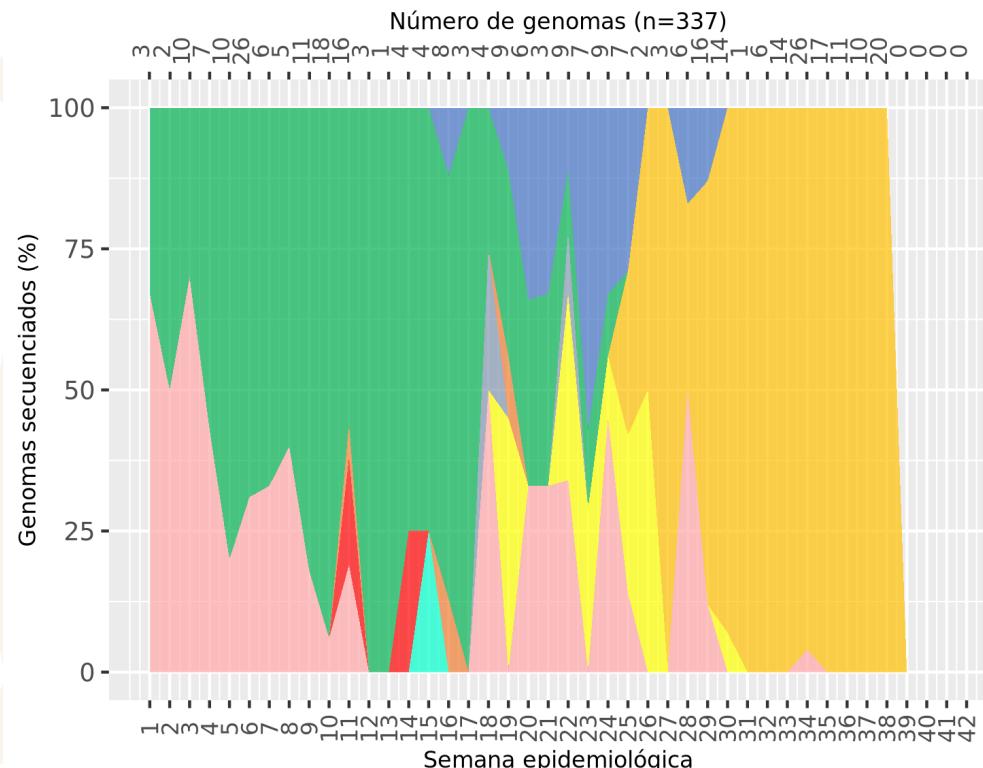
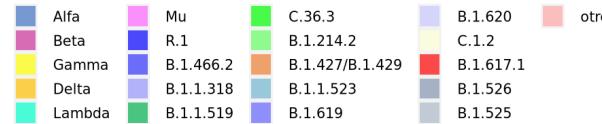


Variantes de SARS-CoV-2 identificadas en MIC

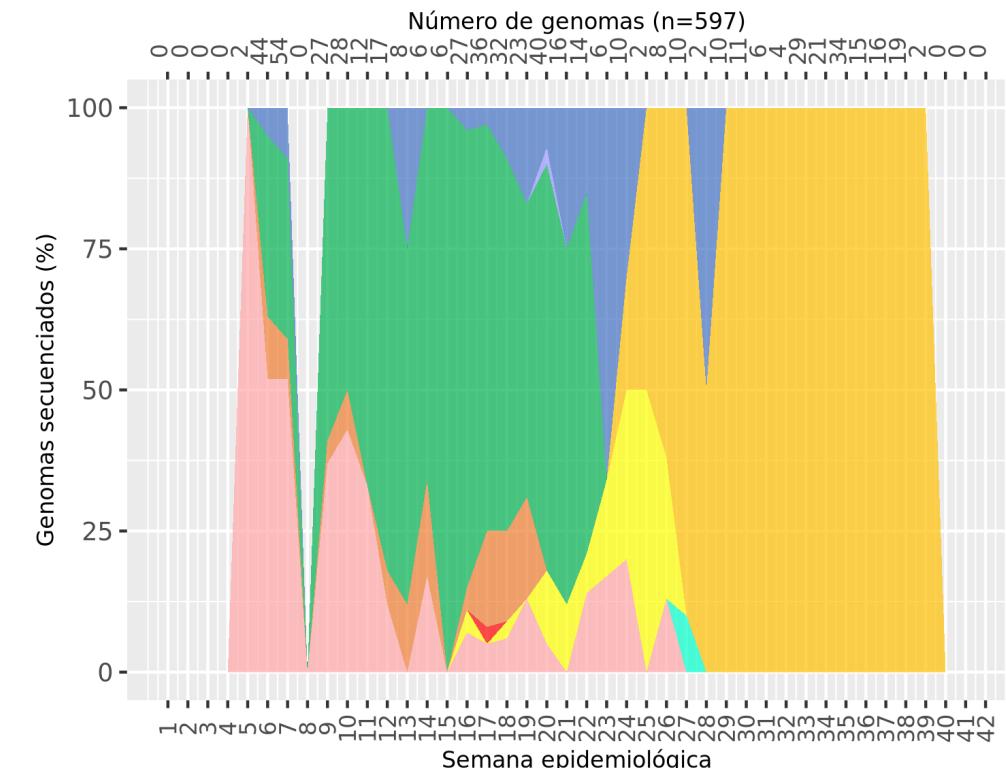
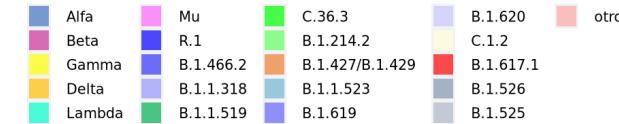


San Luis Potosí (SLP) y Zacatecas (ZAC)

Variantes de SARS-CoV-2 identificadas en SLP

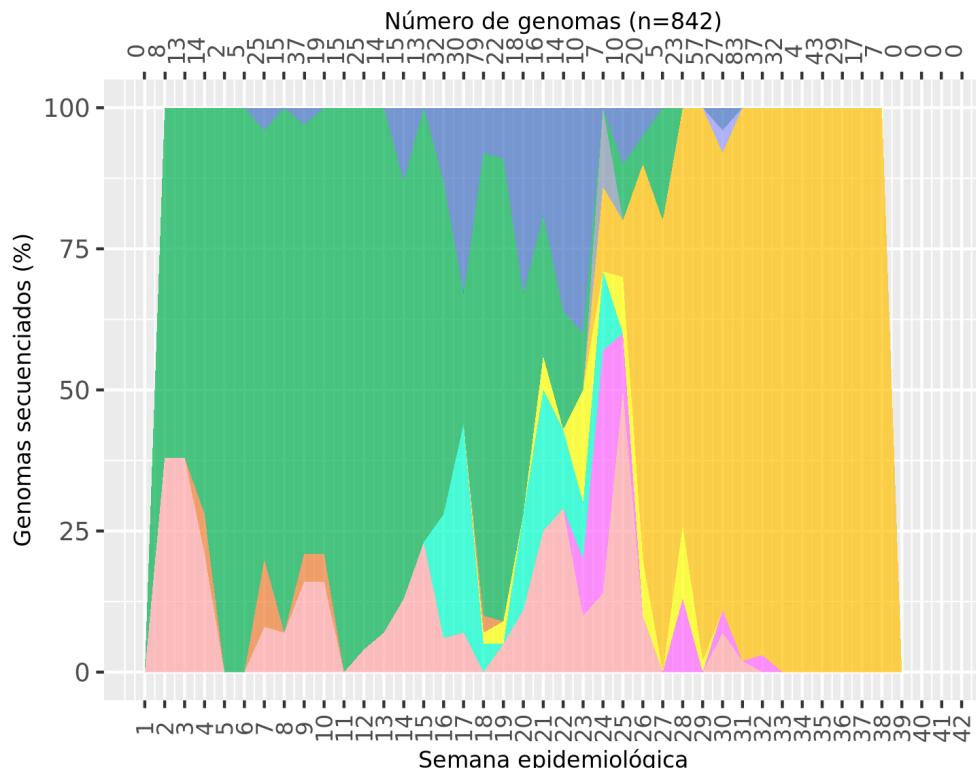
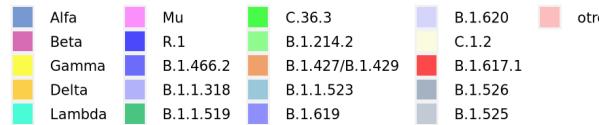


Variantes de SARS-CoV-2 identificadas en ZAC

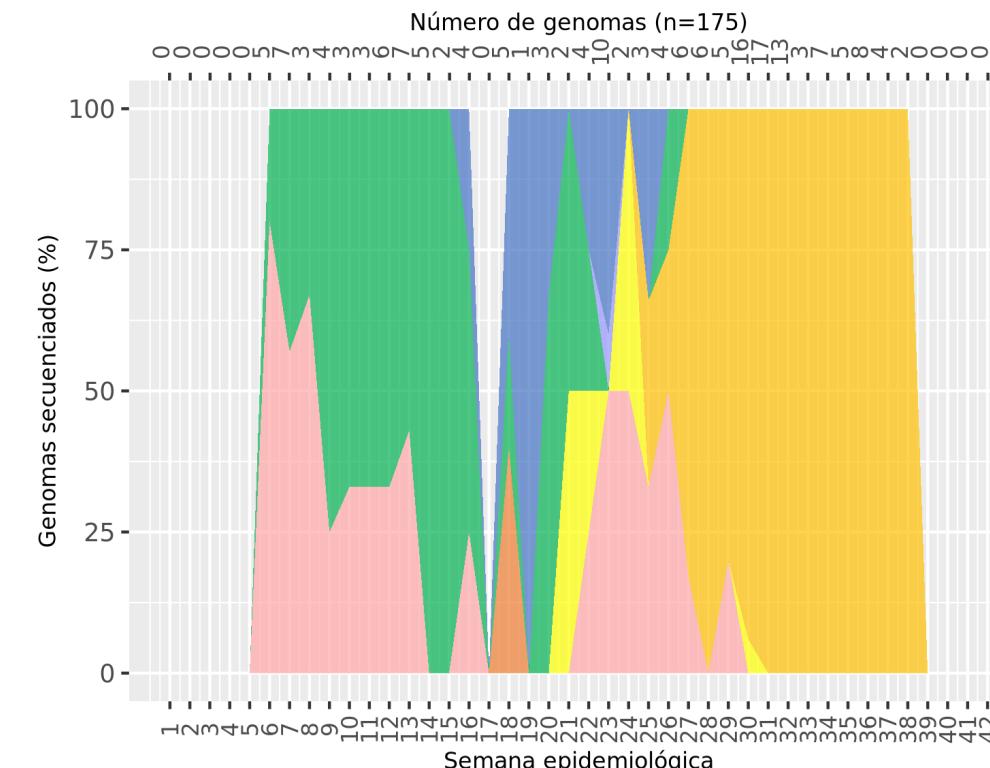
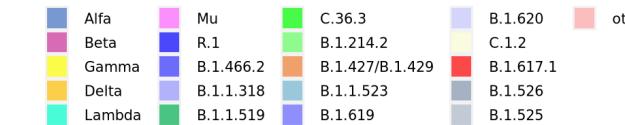


Querétaro (QUE) y Durango (DUR)

Variantes de SARS-CoV-2 identificadas en QUE

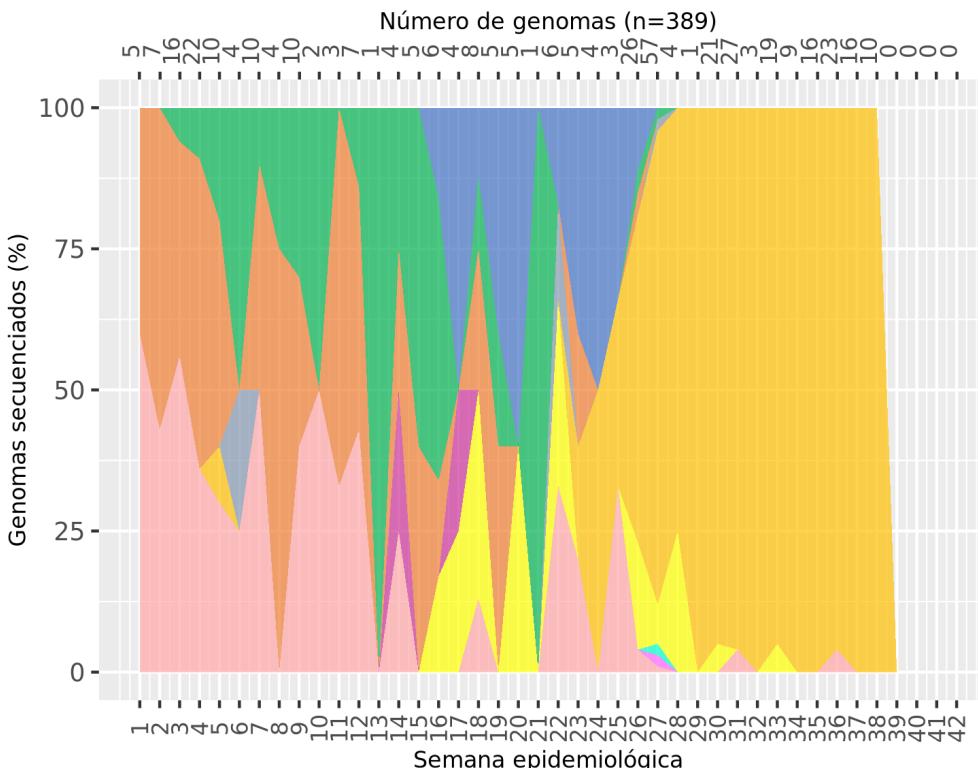
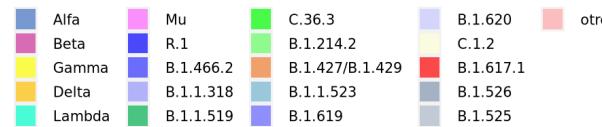


Variantes de SARS-CoV-2 identificadas en DUR

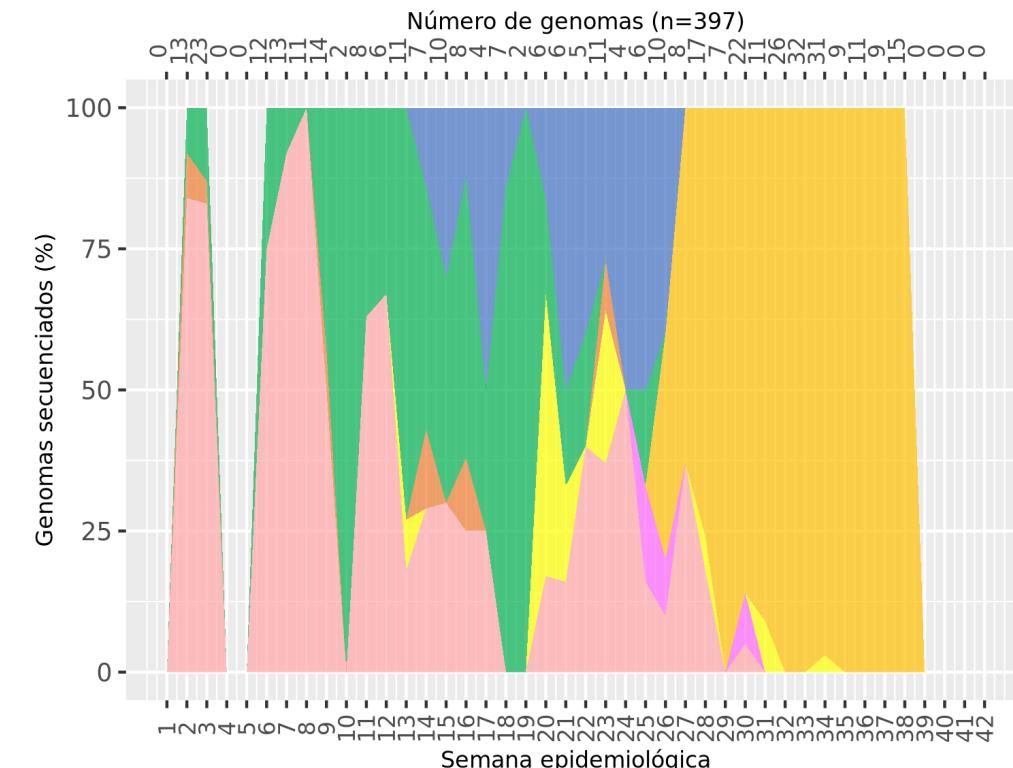
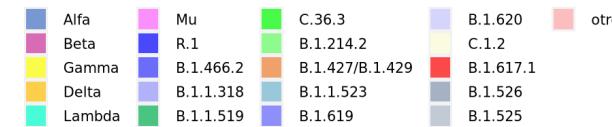


Baja California (BCN) y Coahuila (COA)

Variantes de SARS-CoV-2 identificadas en BCN

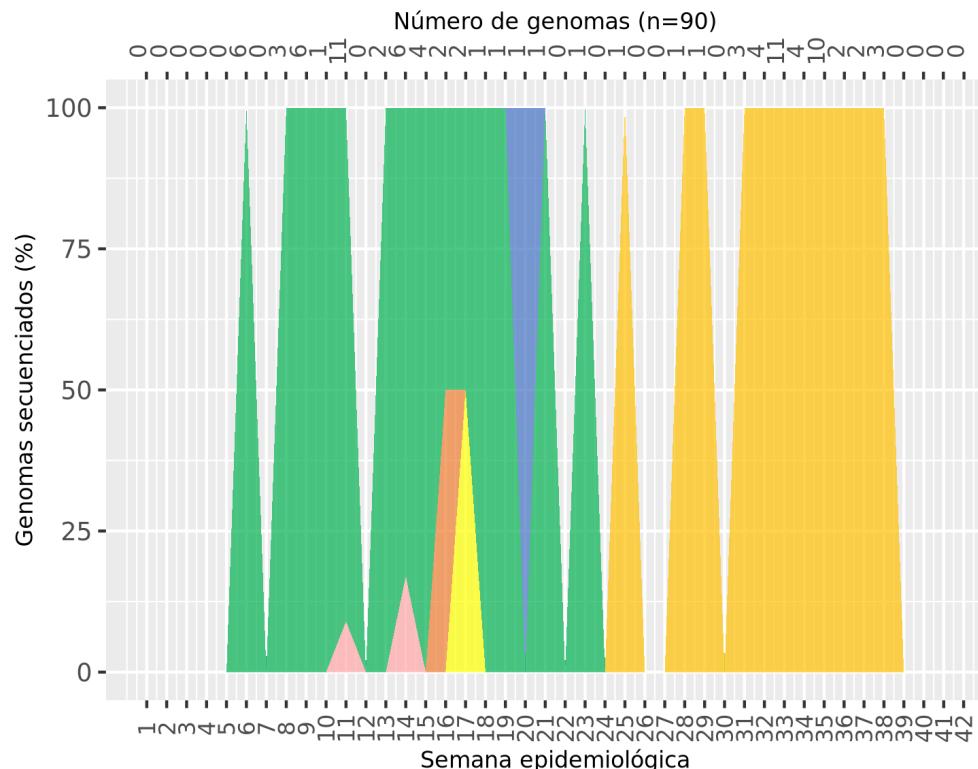
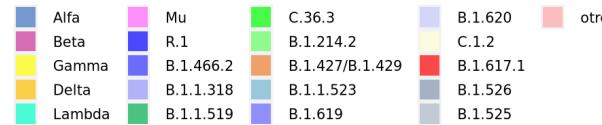


Variantes de SARS-CoV-2 identificadas en COA

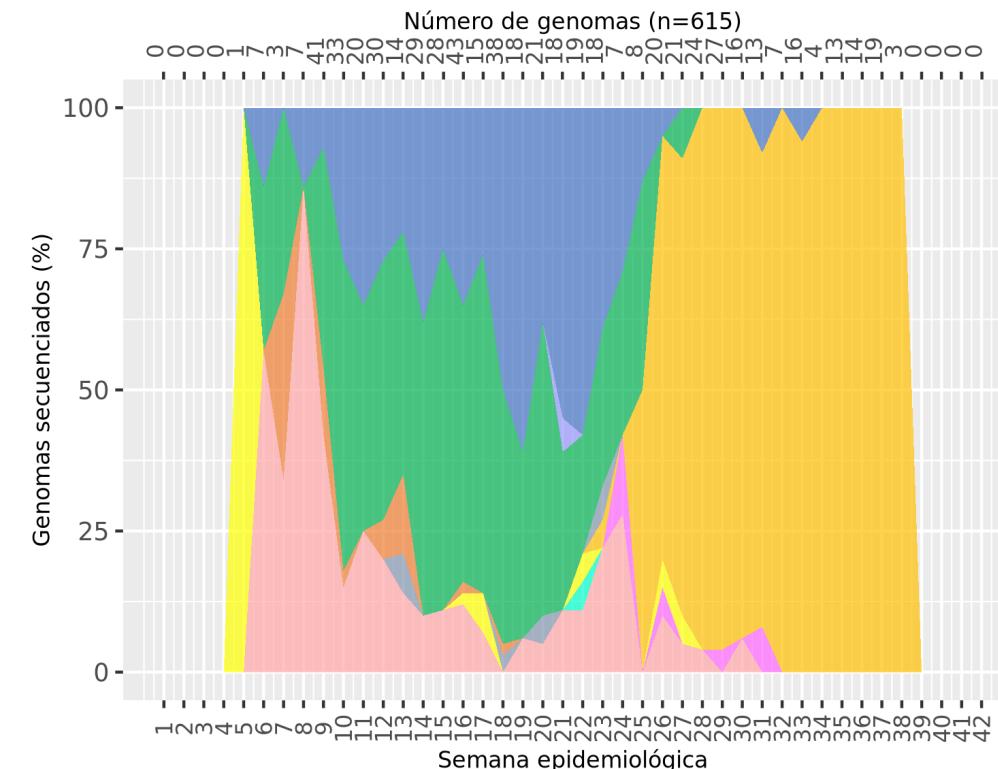
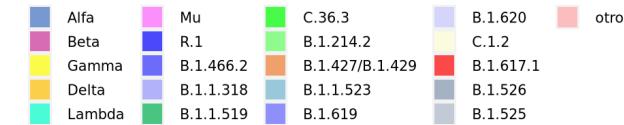


Tlaxcala (TLA) y Chihuahua (CHH)

Variantes de SARS-CoV-2 identificadas en TLA

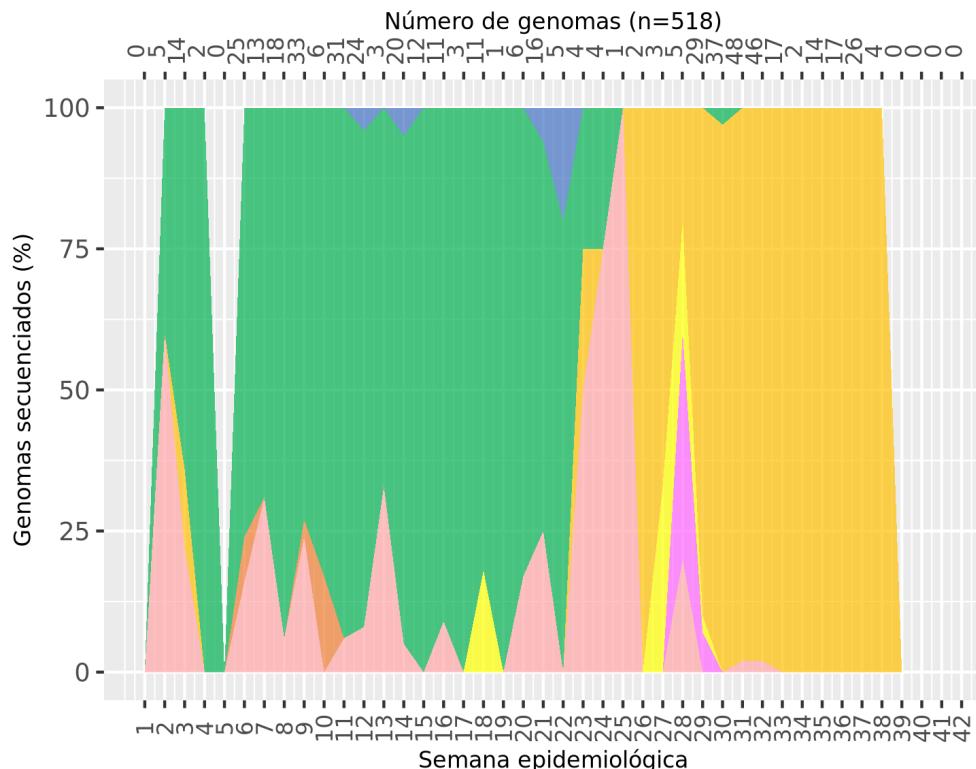
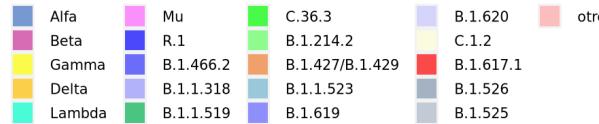


Variantes de SARS-CoV-2 identificadas en CHH

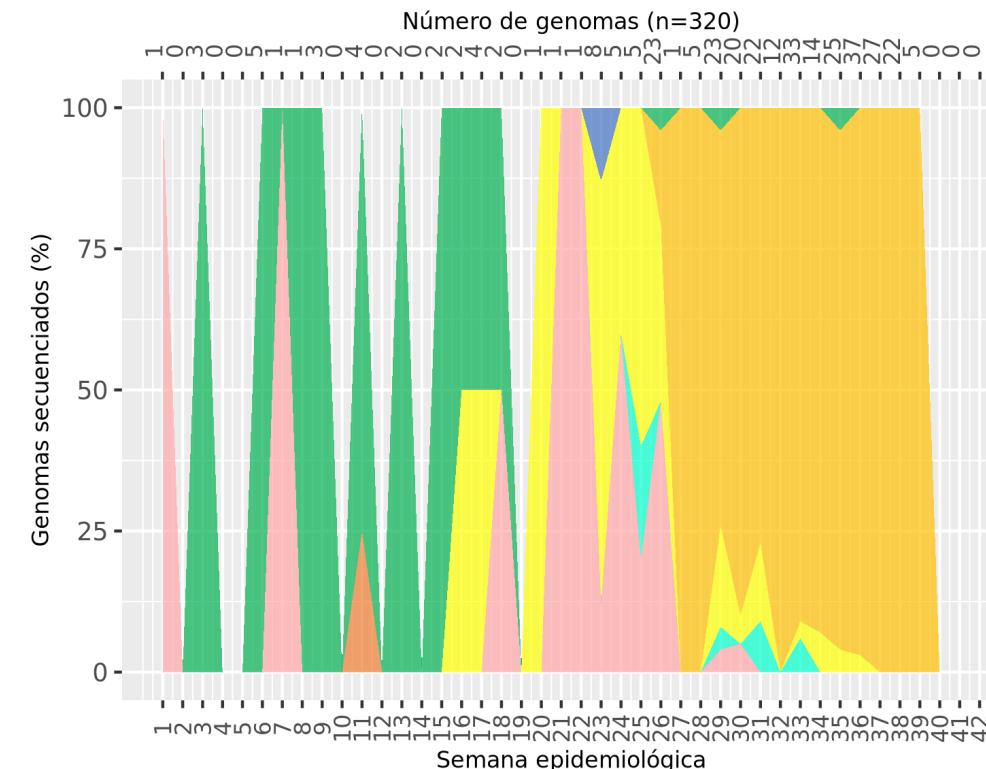
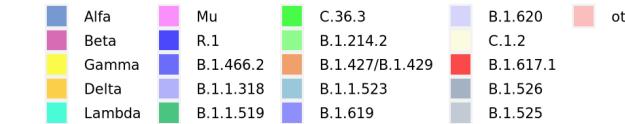


Morelos (MOR) y Chiapas (CHP)

Variantes de SARS-CoV-2 identificadas en MOR



Variantes de SARS-CoV-2 identificadas en CHP



Nayarit (NAY)

Variantes de SARS-CoV-2 identificadas en NAY

