

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

Distribución nacional y estatal de variantes al 30 de agosto 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 con alerta de vigilancia reforzada (VVR)

# 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 <sup>#</sup>	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 <sup>§</sup>	G/478K.V1	21A	+S:417N	India Octubre 2020	VOC: 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](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
Eta	B.1.525	G/484K.V3	21D	Múltiples países Diciembre 2020	17 marzo 2021
Iota	B.1.526	GH/253G.V1	21F	Estados Unidos de América Noviembre 2020	24 marzo 2021
Kappa	B.1.617.1	G/452R.V3	21B	India Octubre 2020	4 abril 2021
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 con alerta de vigilancia reforzada

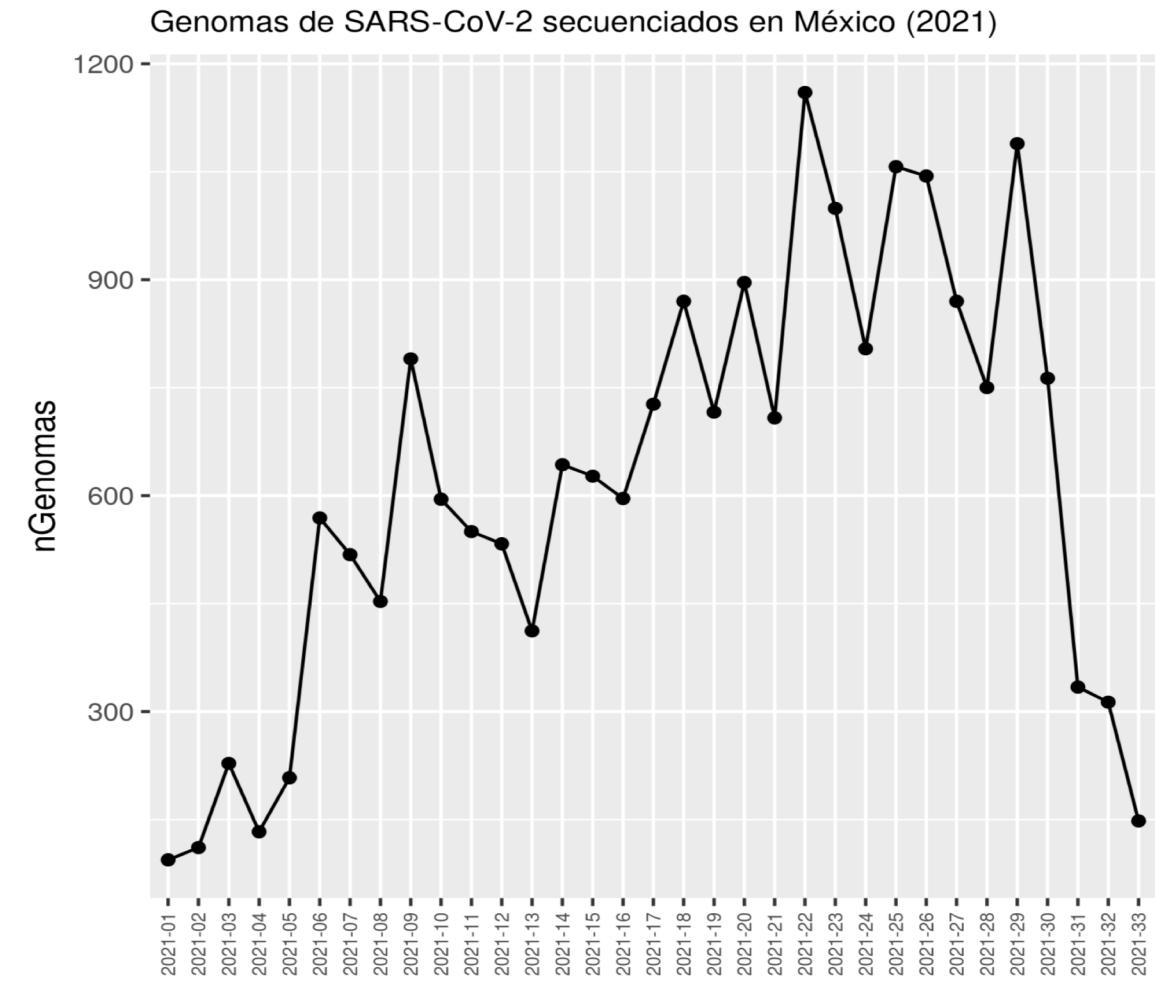


Linaje Pango*	Clado/linaje GISAID	Clado Nextstrain	Primeras muestras documentadas	Fecha de designación
B.1.427 B.1.429	GH/452R.V1	21C	Estados Unidos de América, Marzo 2020	VOI: 5-Mar-2021 Alert: 6-Jul-2021
R.1	GR	-	Múltiples países, Enero 2021	07-Abr-2021
B.1.466.2	GH	-	Indonesia, Noviembre 2020	28-Abr-2021
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

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

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

- Al corte del 30 de agosto de 2021 y análisis hasta la semana epidemiológica 31, un total de 23,160 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 de preocupación por entidad federativa: corte al 30 de agosto de 2021

Estado	Alfa	Beta	Gamma	Delta
Aguascalientes	-	-	9	46
Baja California	13	2	17	73
Baja California Sur	7	-	37	218
Campeche	29	12	93	19
Chiapas	1	-	27	44
Chihuahua	138	-	5	73
Coahuila	23	-	9	38
Colima	15	-	12	59
Ciudad de México	275	-	224	1834
Durango	11	-	3	26
Guanajuato	35	-	58	90
Guerrero	4	-	10	64
Hidalgo	51	-	68	126
Jalisco	27	-	50	141
Estado de México	168	1	83	669
Michoacán	5	-	5	70

Estado	Alfa	Beta	Gamma	Delta
Morelos	4	-	5	67
Nayarit	9	-	12	44
Nuevo León	85	2	43	62
Oaxaca	18	-	6	19
Puebla	38	-	22	37
Querétaro	45	-	12	114
Quintana Roo	101	-	342	186
San Luis Potosí	17	-	14	29
Sinaloa	83	-	48	226
Sonora	23	-	58	35
Tabasco	108	1	163	110
Tamaulipas	116	1	75	32
Tlaxcala	1	-	1	3
Veracruz	68	-	102	307
Yucatán	144	-	699	133
Zacatecas	33	-	17	38



# Variantes de interés por entidad federativa: corte al 30 de agosto de 2021

Estado	Eta	Iota	Kappa	Lambda	Mu
Aguascalientes	-	-	-	-	8
Baja California	-	2	-	1	-
Baja California Sur	-	-	-	-	-
Campeche	-	-	-	16	1
Chiapas	-	-	-	2	-
Chihuahua	-	3	-	1	1
Coahuila	-	-	-	-	2
Colima	-	-	-	1	1
Ciudad de México	-	11	1	14	133
Durango	-	-	-	-	-
Guanajuato	-	3	-	-	9
Guerrero	-	-	-	-	2
Hidalgo	-	-	-	2	7
Jalisco	-	16	-	2	6
Estado de México	-	6	-	9	49
Michoacán	-	-	-	-	16

Estado	Eta	Iota	Kappa	Lambda	Mu
Morelos	-	-	-	-	4
Nayarit	-	-	-	-	4
Nuevo León	-	3	-	5	13
Oaxaca	-	-	-	2	3
Puebla	-	1	-	-	17
Querétaro	-	1	-	33	9
Quintana Roo	-	3	-	-	20
San Luis Potosí	-	1	4	1	-
Sinaloa	-	-	-	16	1
Sonora	-	1	-	-	2
Tabasco	-	4	-	83	7
Tamaulipas	-	-	1	-	4
Tlaxcala	-	-	-	-	-
Veracruz	-	-	-	4	13
Yucatán	-	-	-	3	7
Zacatecas	-	-	1	1	-

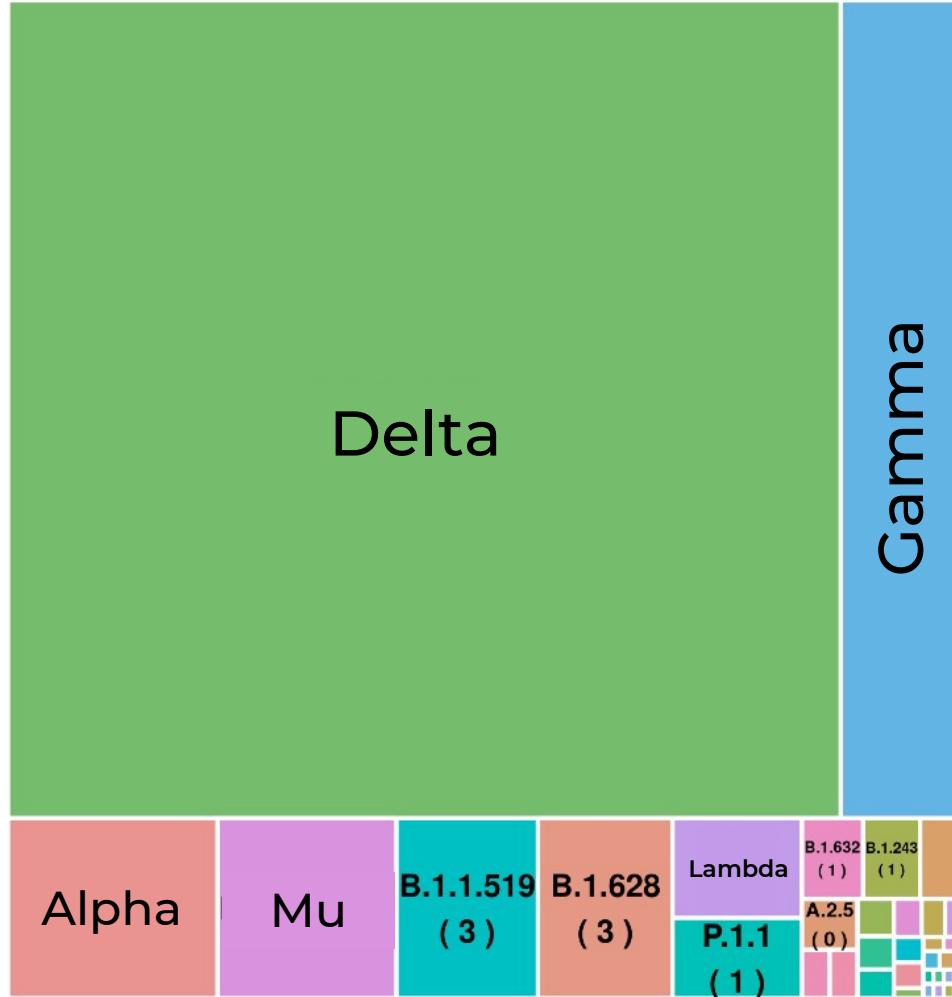
# Variantes con alerta de vigilancia reforzada por entidad federativa: corte al 30 de agosto de 2021

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
Aguascalientes	5	-	-	-	25	-	-	-	-	-	-
Baja California	109	-	-	-	29	-	-	-	-	-	-
Baja California Sur	23	-	-	-	75	-	-	-	-	-	-
Campeche	5	-	-	-	68	-	-	-	-	-	-
Chiapas	1	-	-	-	31	-	-	-	-	-	-
Chihuahua	13	-	-	-	183	-	-	-	-	-	-
Coahuila	6	-	-	-	52	-	-	-	-	-	-
Colima	4	-	-	-	26	-	-	-	-	-	-
Ciudad de México	24	-	-	-	2682	-	-	-	-	-	-
Durango	2	-	-	-	35	-	-	-	-	-	-
Guanajuato	35	-	-	-	257	-	-	-	-	-	-
Guerrero	-	-	-	-	72	-	-	-	-	-	-
Hidalgo	2	-	-	-	133	-	-	-	-	-	-
Jalisco	49	-	-	-	179	-	-	-	-	-	-
Estado de México	5	-	-	-	834	-	-	-	-	-	-
Michoacán	16	-	-	-	96	-	-	-	-	-	-

# Variantes con alerta de vigilancia reforzada por entidad federativa: corte al 30 de agosto de 2021

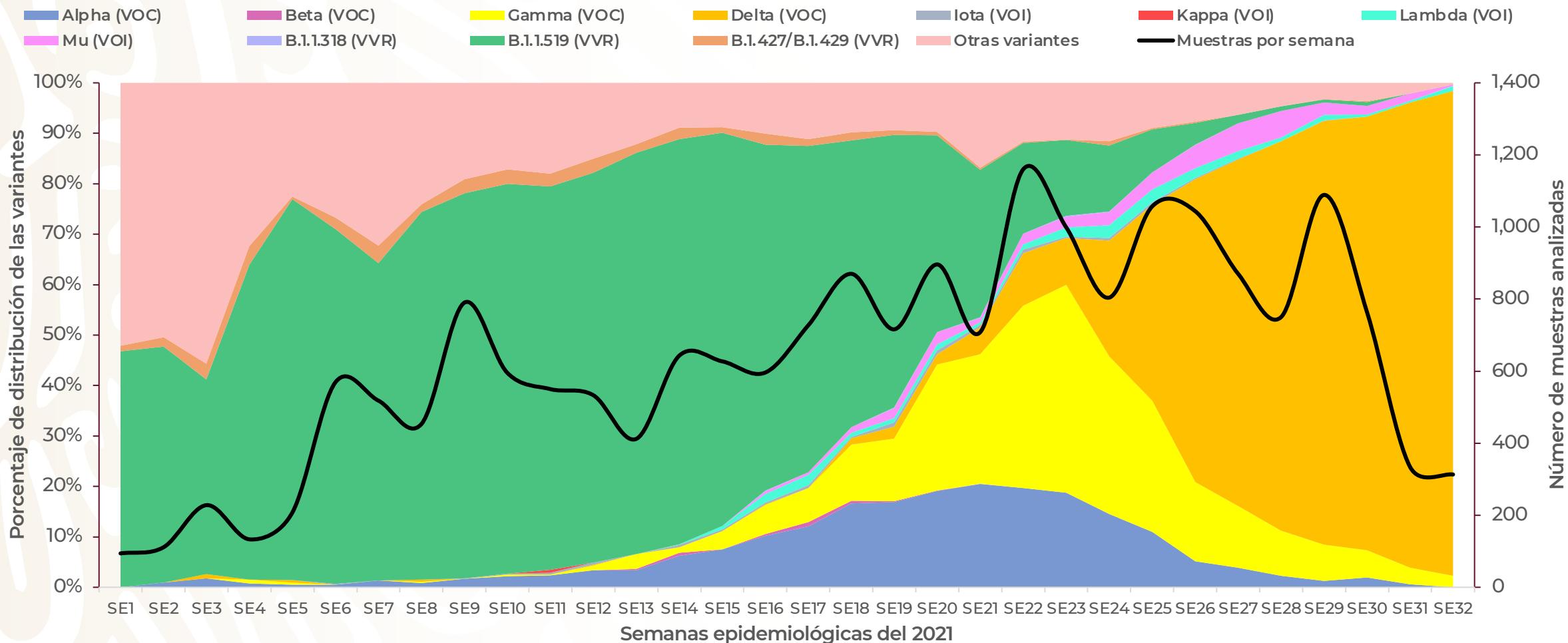
Estado	B.1.427/ B.1.429	R.1	B.1.466.2	B.1.1.318	B.1.1.519	C.36.3	B.1.214.2	B.1.1.523	B.1.619	B.1.620	C.1.2
Morelos	4	-	-	-	227	-	-	-	-	-	-
Nayarit	-	-	-	-	24	-	-	-	-	-	-
Nuevo León	26	-	-	-	241	-	-	-	-	-	-
Oaxaca	6	-	-	-	57	-	-	-	-	-	-
Puebla	8	-	-	-	588	-	-	-	-	-	-
Querétaro	9	-	-	-	301	-	-	-	-	-	-
Quintana Roo	6	-	-	-	42	-	-	-	-	-	-
San Luis Potosí	3	-	-	-	106	-	-	-	-	-	-
Sinaloa	47	-	-	-	135	-	-	-	-	-	-
Sonora	7	-	-	-	22	-	-	-	-	-	-
Tabasco	13	-	-	-	274	-	-	-	-	-	-
Tamaulipas	2	-	-	-	55	-	-	-	-	-	-
Tlaxcala	1	-	-	-	45	-	-	-	-	-	-
Veracruz	9	-	-	-	298	-	-	-	-	-	-
Yucatán	15	-	-	-	379	-	-	-	-	-	-
Zacatecas	31	-	-	-	226	-	-	-	-	-	-

## Linajes detectados en México: distribución porcentual de las últimas ocho semanas (junio – agosto 2021)



- 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 70% de las secuencias obtenidas.

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



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



- Destaca en la semana 28 la presencia de las variantes Alpha (2%), Gamma (9%) y Delta (77%) las cuáles han desplazado de manera general a B.1.1.519 (1%) en el país.
- A partir de la semana 27 la variante Delta desplaza al resto de variantes hasta posicionarse como la variante predominante en las semanas 31 y 32 con 92% y 96% respectivamente.
- Se observa la presencia de la variante Mu (VOI).

# Semáforo de riesgo epidémico del 23 de agosto a 5 de septiembre



## Semáforo de riesgo epidémico Del 23 de agosto al 5 de septiembre de 2021



MÁXIMO



ALTO



MEDIO

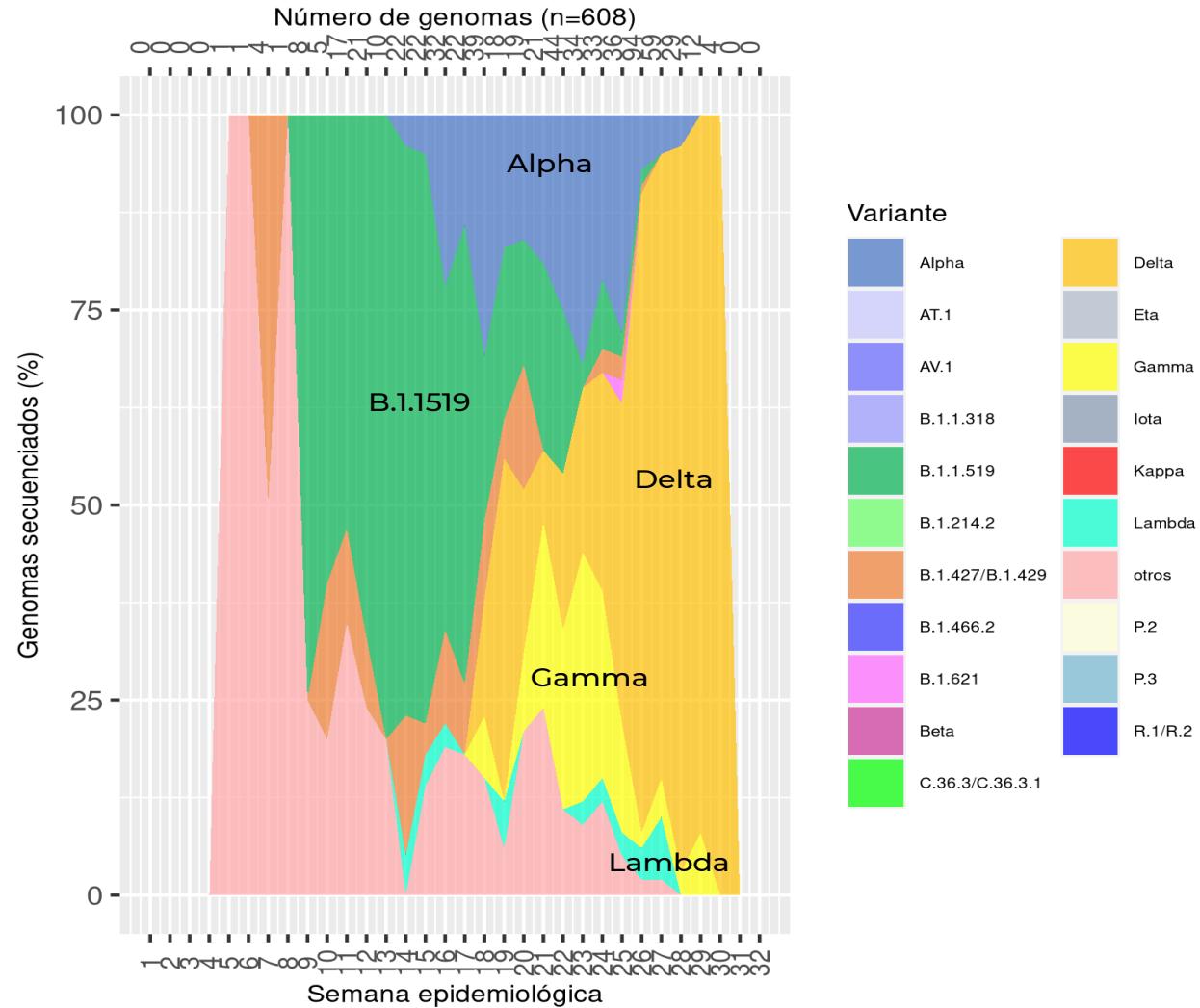


BAJO

- De acuerdo con el semáforo de riesgo epidémico del 23 de agosto al 5 de septiembre se observan siete estados en rojo, diecisiete en naranja, siete en amarillo y uno en verde.
- Se analizaron las proporciones de las variantes en los estados de la península de Yucatán, CDMX, Estado de México, Hidalgo, Nuevo León, Tamaulipas, Sinaloa, Colima, Puebla y Guerrero

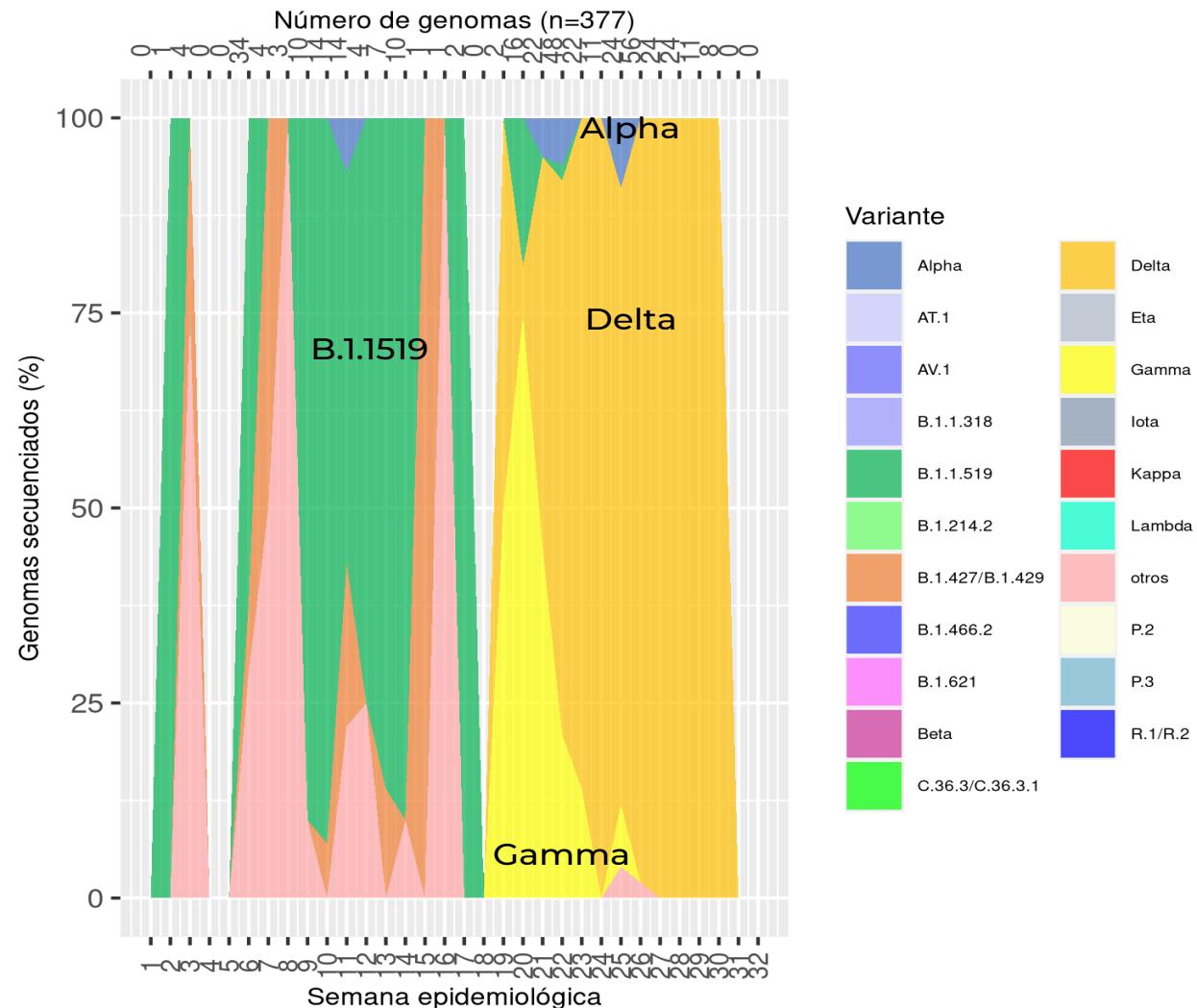
# Sinaloa

- En la semana 26 hay 94 muestras secuenciadas: Delta (82%), Gamma (2%), Alpha (7%), B.1.1.519 (2%), Lambda (4%).
- En las últimas semanas de análisis la variante Delta ha tomado el nicho virológico en el estado de Sinaloa.
- Estos porcentajes pueden variar cuando se terminen de secuenciar las muestras que están en proceso.



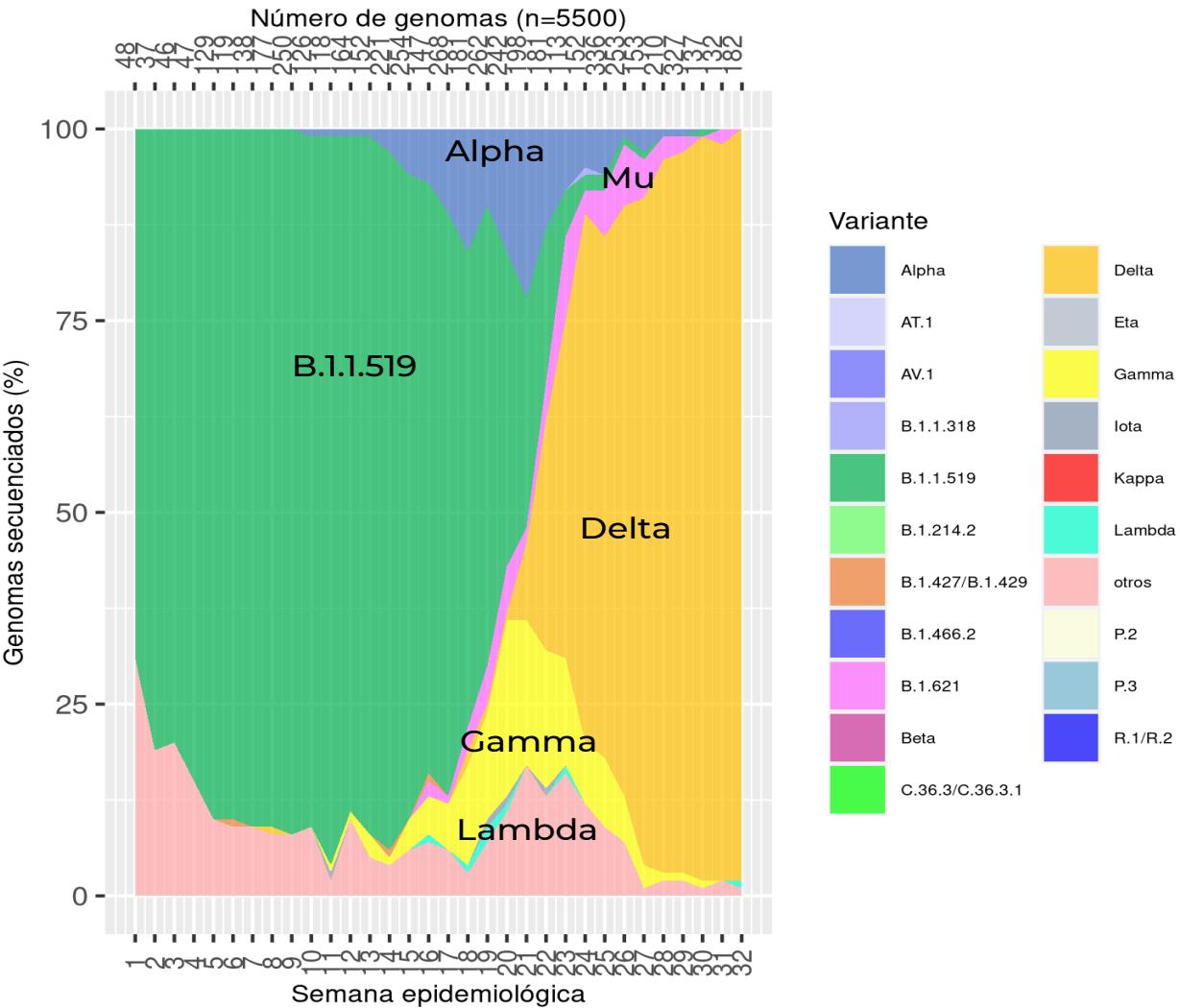
# Baja California Sur

- A partir de la semana 24 predomina la variante Delta, llegando a cifras de predominio de 98% - 100% en las últimas semanas.
- Para poder establecer un buen perfil virológico del SARS-CoV-2 en BCS, se requiere aumentar el muestreo para la vigilancia genómica de las últimas semanas.



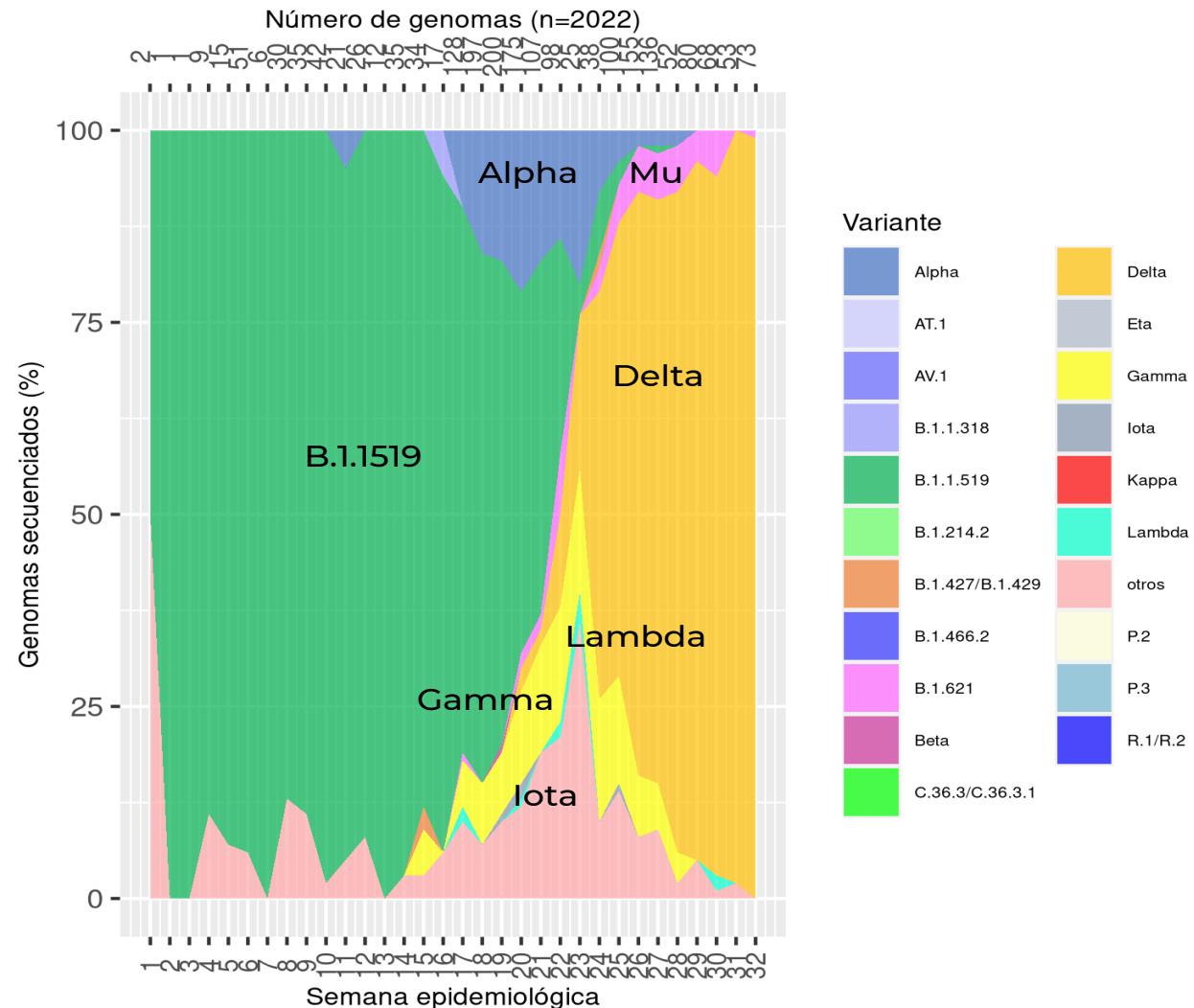
# Ciudad de México

- En la semana 27, se observa la presencia de las variantes Mu (6%), Alpha (3%) y Gamma (2%).
- A partir de la semana 30 se observa un predominio de la variante Delta con proporciones por arriba del 95%.



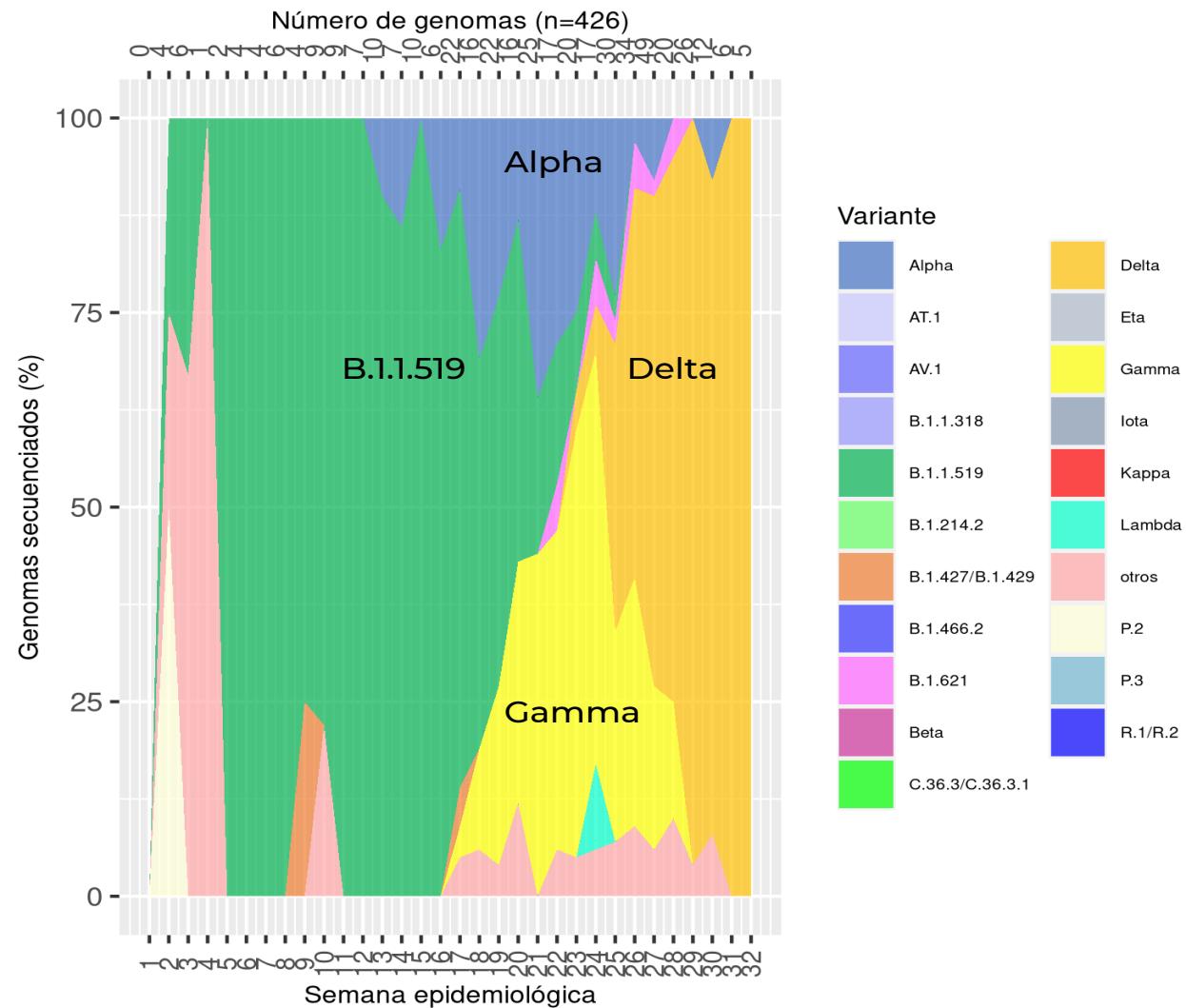
# Estado de México

- A partir de la semana 28, se observa un predominio de la variante Delta sobre el resto de variantes.
- También se ha detectado, en una mucho menor proporción, la circulación de las variantes Gamma y Mu en el Estado de México.



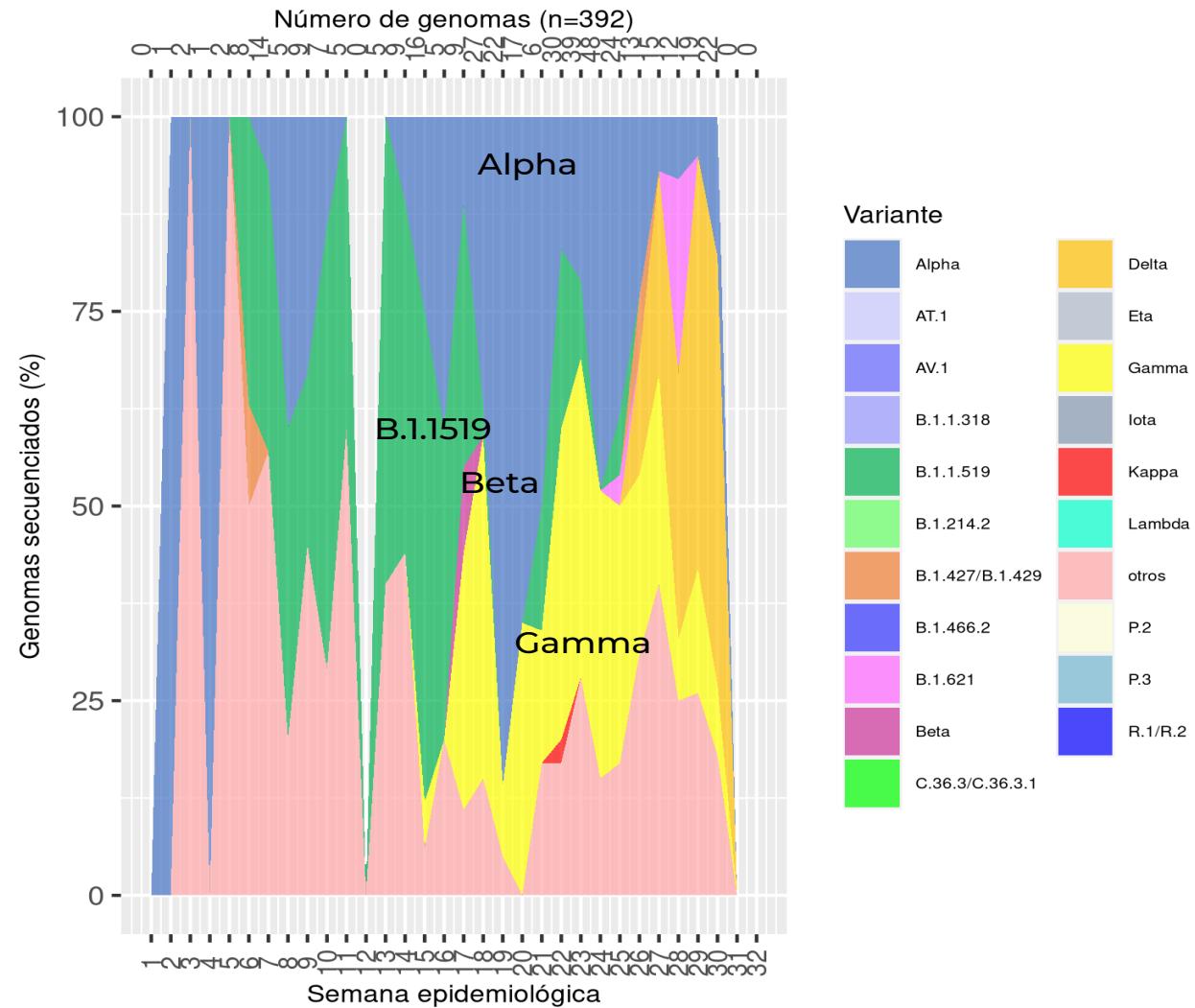
# Hidalgo

- Con un número bajo de muestras para realizar la vigilancia genómica, a partir de la semana 28 en el estado de Hidalgo se observa también el predominio de la variante Delta.
  - Le acompañan en circulación las variantes Alpha, Gamma y Mu.



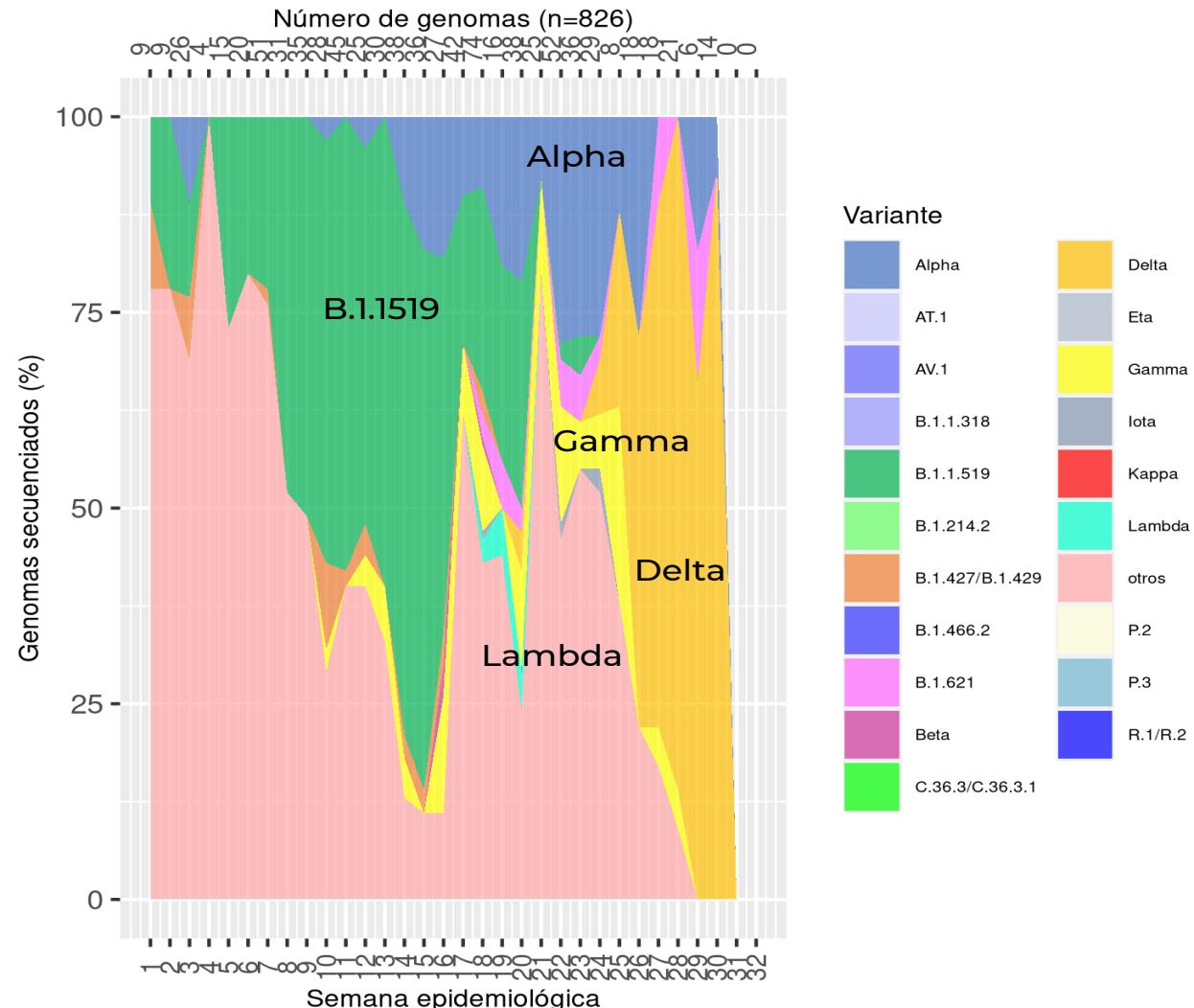
# Tamaulipas

- Durante las semanas 27 a 30, el número de muestras para secuencias es muy bajo y no es posible analizar las proporciones de las variantes.
- En la última semana útil para la vigilancia genómica es la 30, con 22 secuencias analizadas, se observan las variantes Delta (55%), Alpha (18%) y Gamma (9%).
- Se requiere aumentar el número de muestras para poder establecer un buen perfil virológico de la epidemia en Tamaulipas.



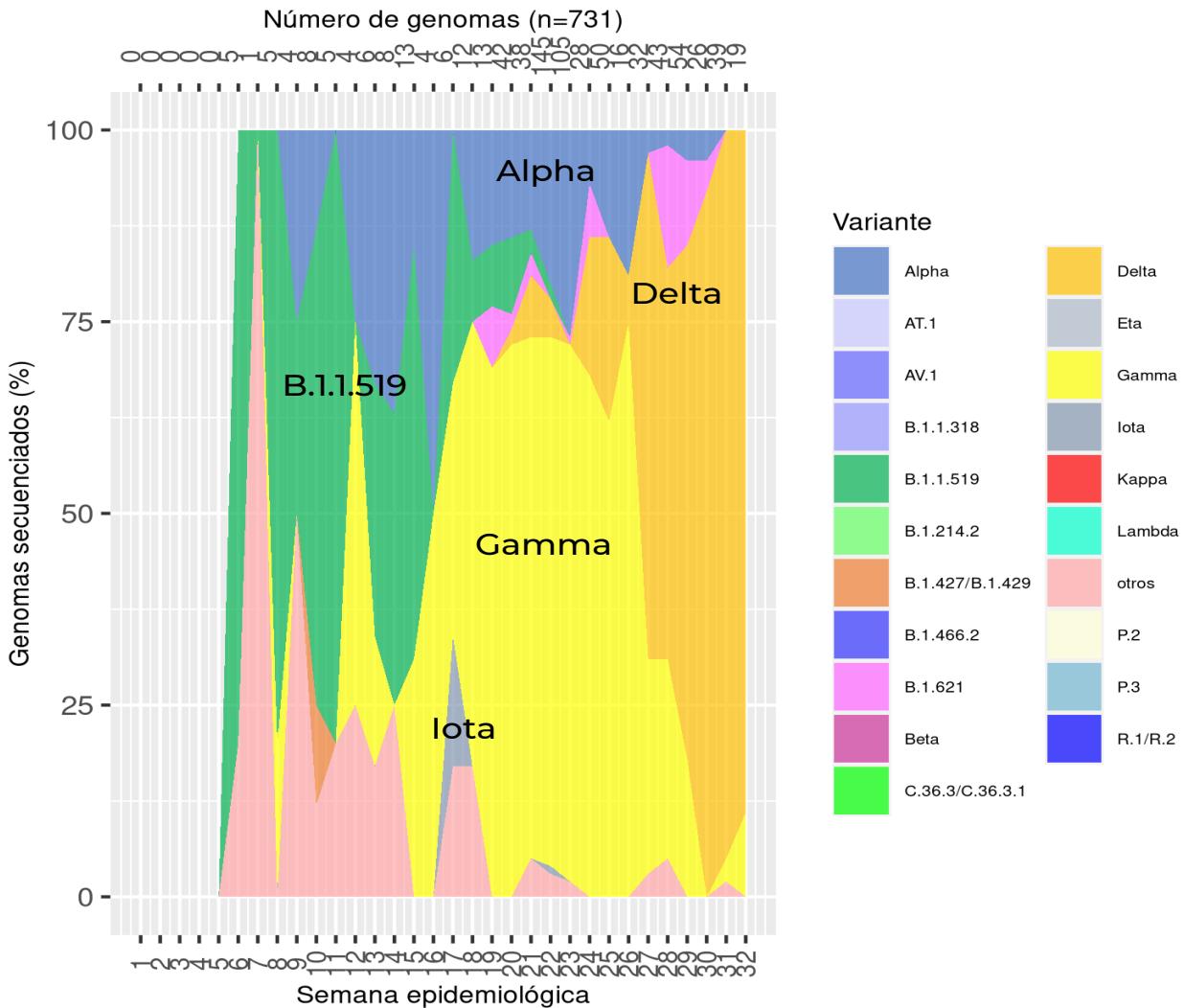
# Nuevo León

- Durante las semanas 31 y 32 no se cuentan con muestras analizadas.
- De las semanas 26 a la 30, se han detectado las variantes Alpha, Gamma, Delta y Mu, con predominancia de la variante Delta.
- Se requiere incrementar el volumen de muestras para generar un buen perfil virológico.



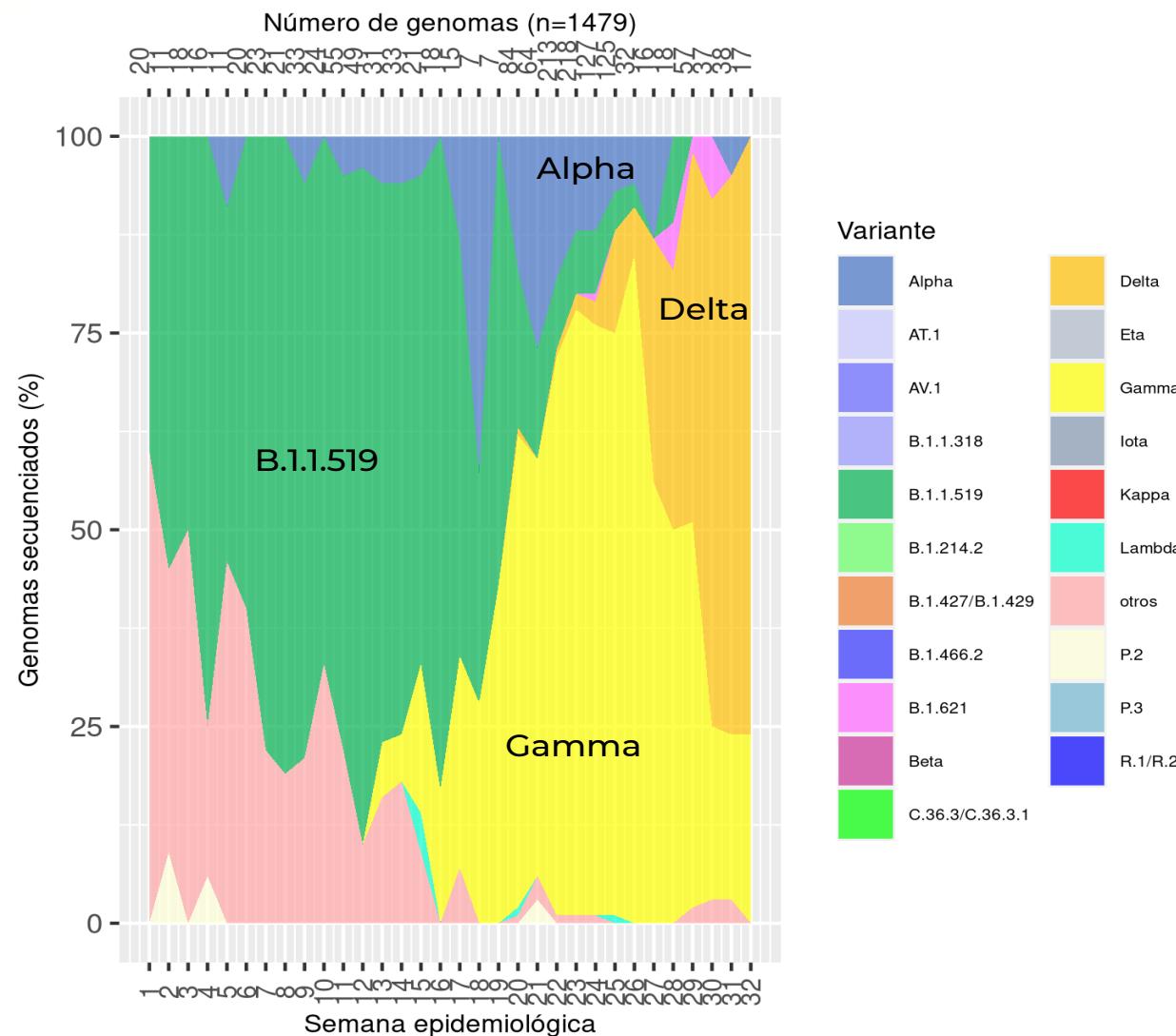
# Quintana Roo

- Durante las últimas semanas, el mosaico virológico se ha modificado.
- Mientras que durante las semanas 20 a 26 la variante que predominó era la Gamma, en últimas semanas esto ha cambiado hacia la Delta.
- De la semana 29 a la 32, predomina la variante Delta con un porcentaje de 67%, 92%, 95% y 89% respectivamente.



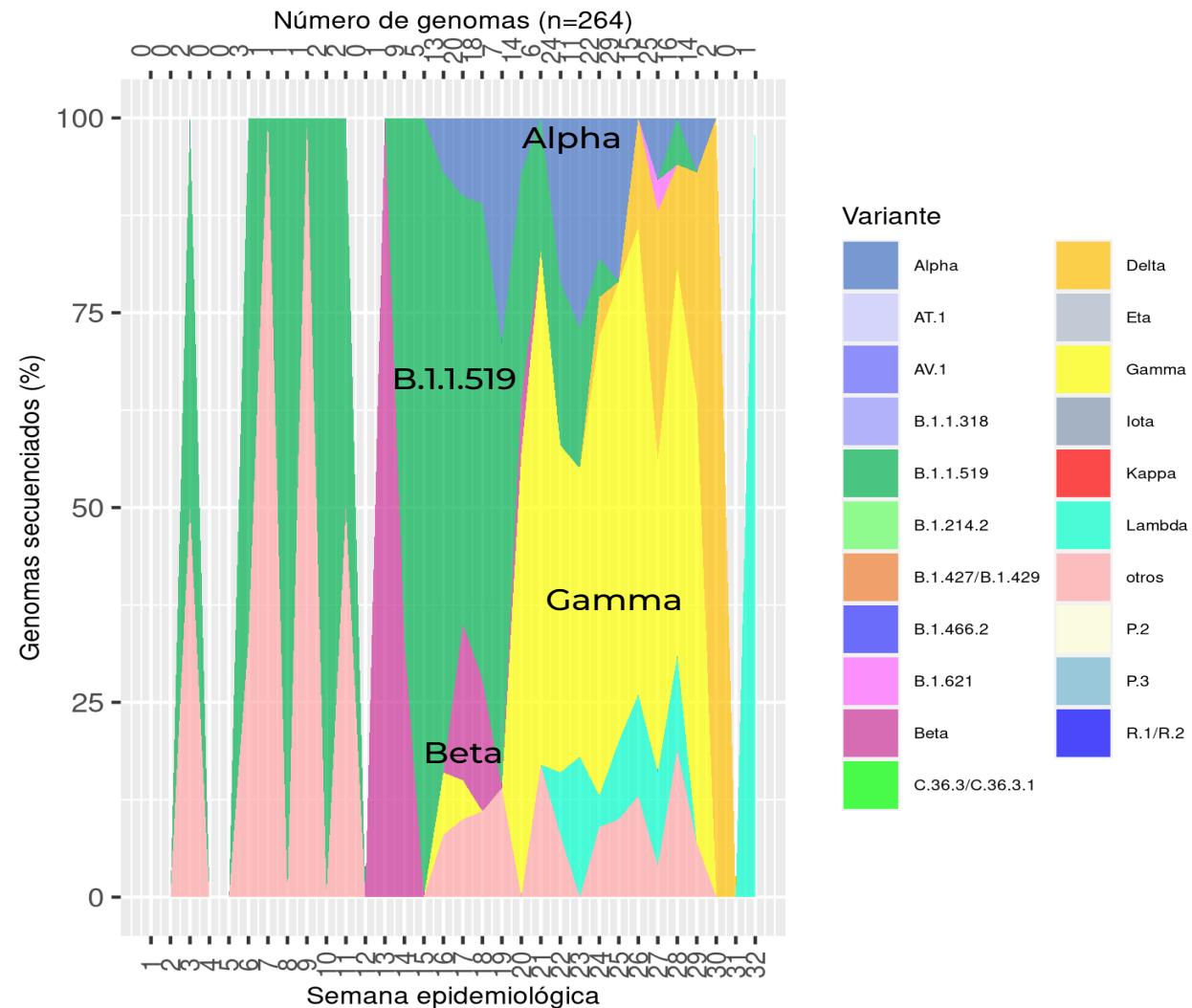
# Yucatán

- Al igual que su estado vecino Quintana Roo, el perfil virológico de la epidemia de COVID-19 se modificó en las últimas semanas.
- Entre las semanas 21 a 29, la variante Gamma representaba la mayoría de las secuenciaciones.
- A partir de la semana 30, el perfil se modifica y es Delta quien toma el nicho virológico de Yucatán
- El porcentaje de muestras clasificadas como Delta ha ido creciendo paulatinamente.
- En la semana 32 la variante Delta corresponde al 76% de las muestras analizadas.



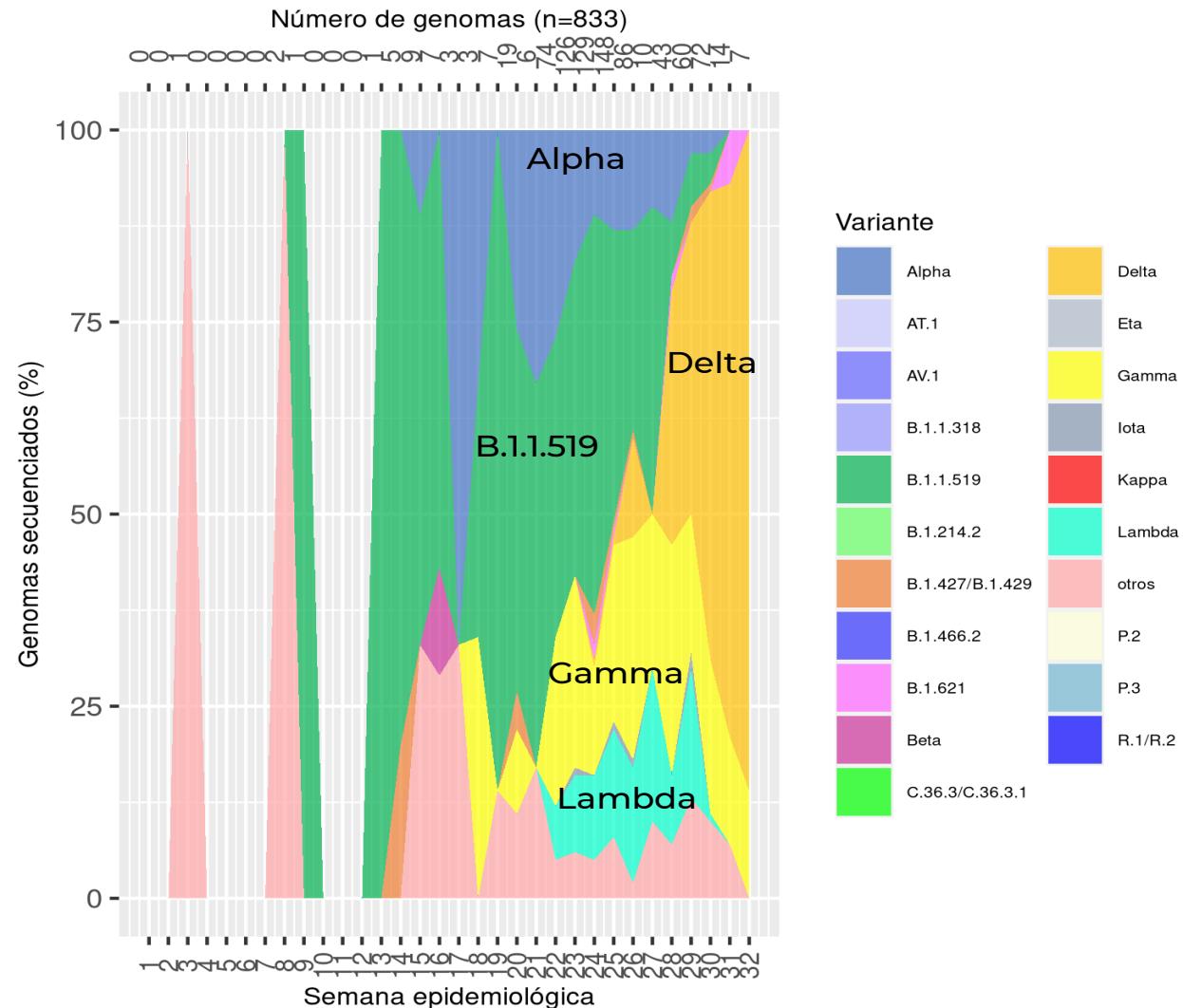
# Campeche

- Se requiere aumentar el número de muestras secuenciadas en las últimas semanas para conocer la proporción de las variantes circulantes en este estado.
- En las últimas semanas disponibles para análisis, se han detectado las variantes Gamma, Delta, Lambda, y B.1.1.519.



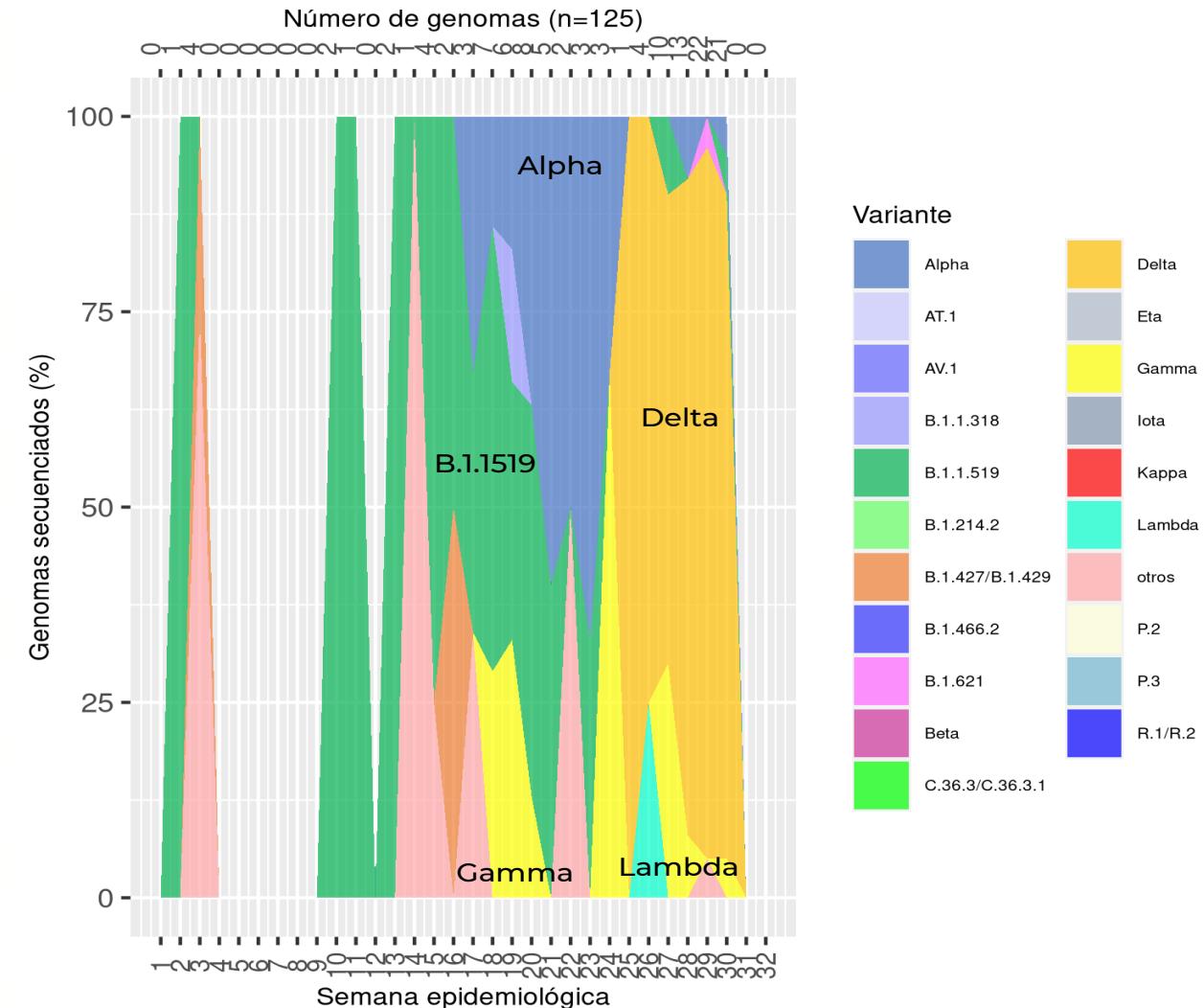
# Tabasco

- La vigilancia virológica en Tabasco mejora a partir de la semana 20 con un incremento en el número de muestras secuenciadas por semana.
- Durante las semanas 28 y 29 se observa una distribución un tanto homogénea de diferentes variantes: Delta (33% - 38%), Gamma (30% - 18%), Lambda (9% - 17%).
- Ya en las semanas 30 a 32 la variante Delta predomina con más del 70% del total de muestras analizadas.



# Colima

- A pesar del importante número de casos positivos en el estado de Colima, se han secuenciado muy pocas muestras para la vigilancia genómica.
- En las semanas que más muestras se han secuenciado, de la 27 a la 30, la variante Delta muestra la mayor proporción de resultados.



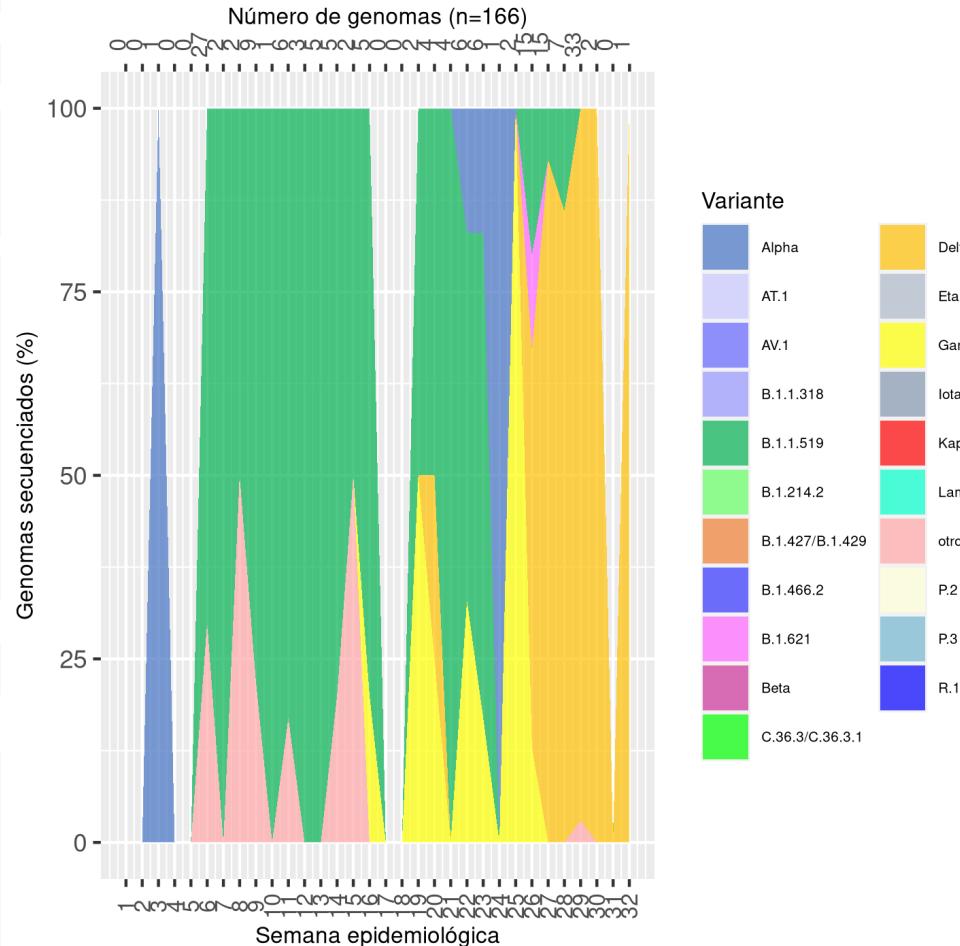
# Perfil virológico de otros estados



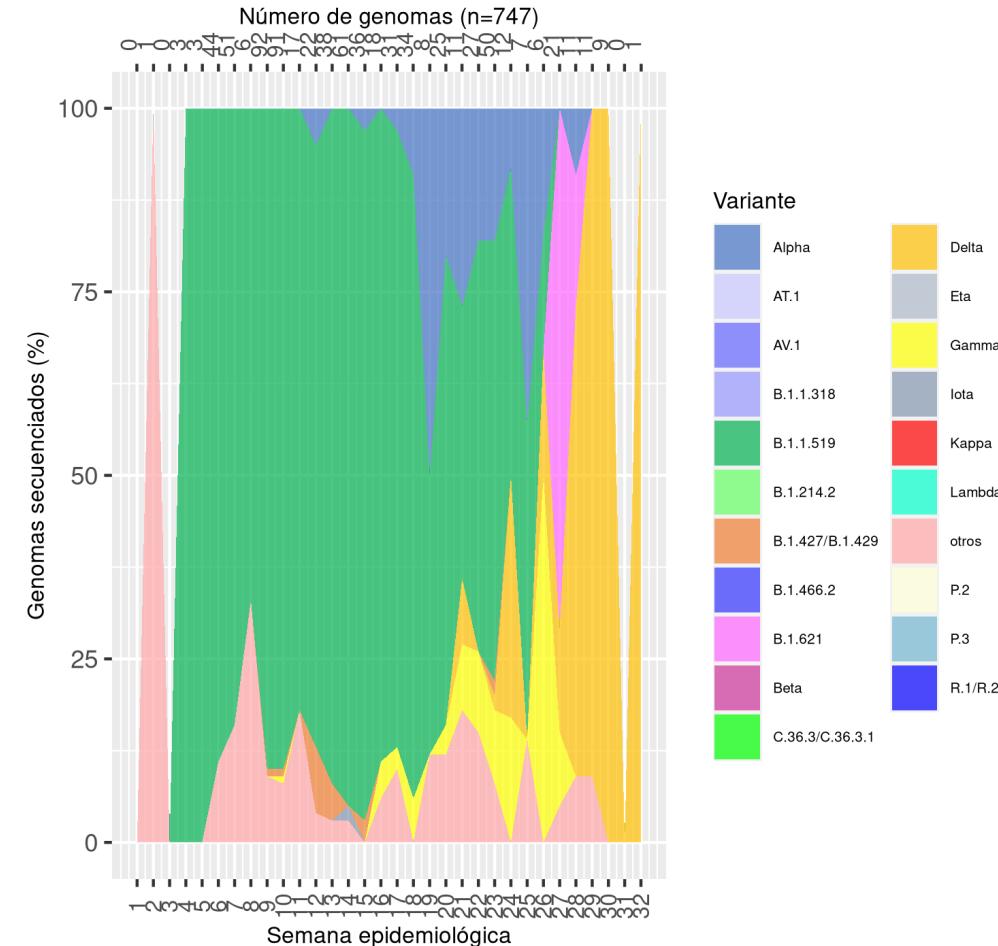
A continuación se presentan los gráficos de distribución de variantes en las entidades federativas que no se consideraron prioritarios para la descripción del perfil virológico del SARS-CoV-2

# Guerrero (GRO) y Puebla (PUE)

Variantes de SARS-CoV2 identificadas en GRO

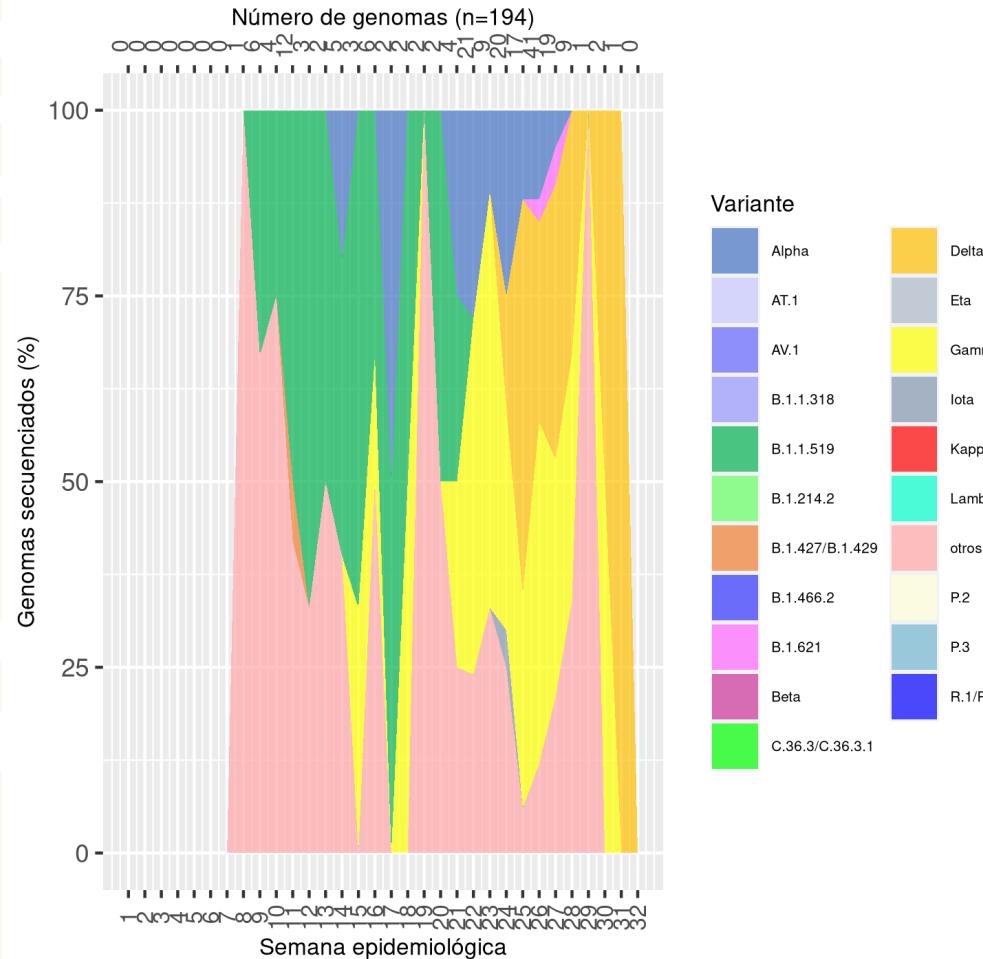


Variantes de SARS-CoV2 identificadas en PUE

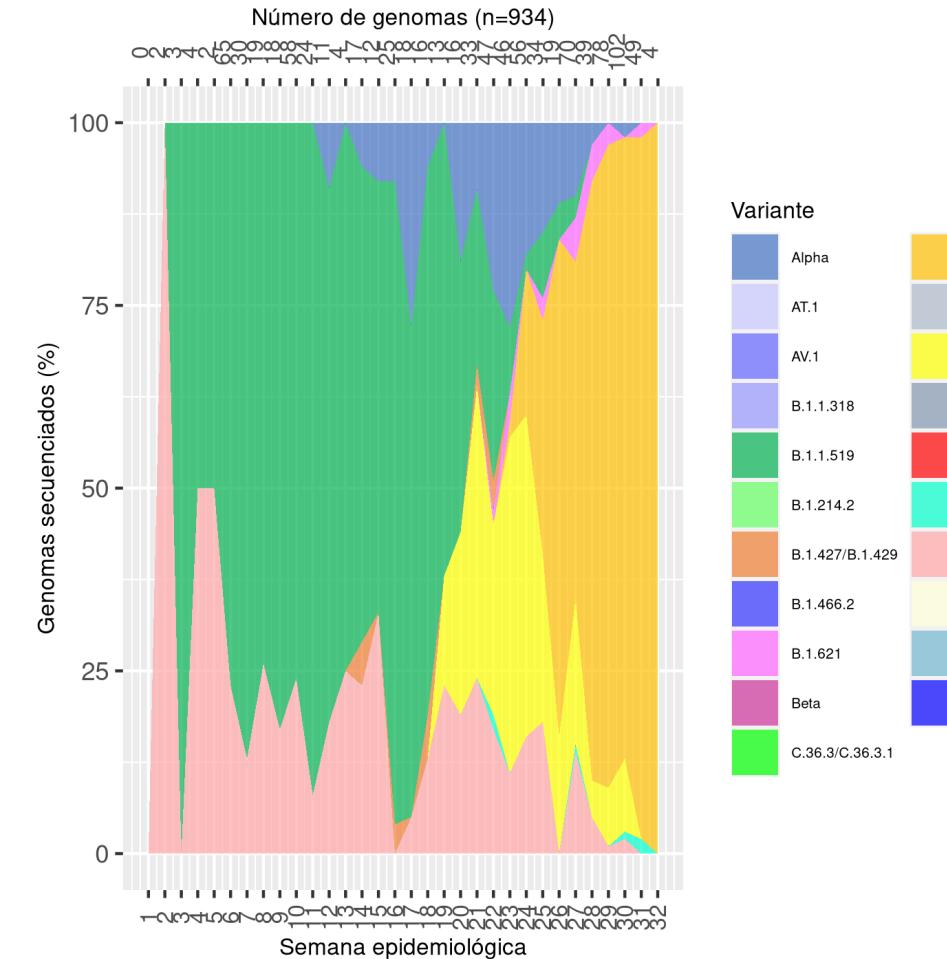


# Sonora (SON) y Veracruz (VER)

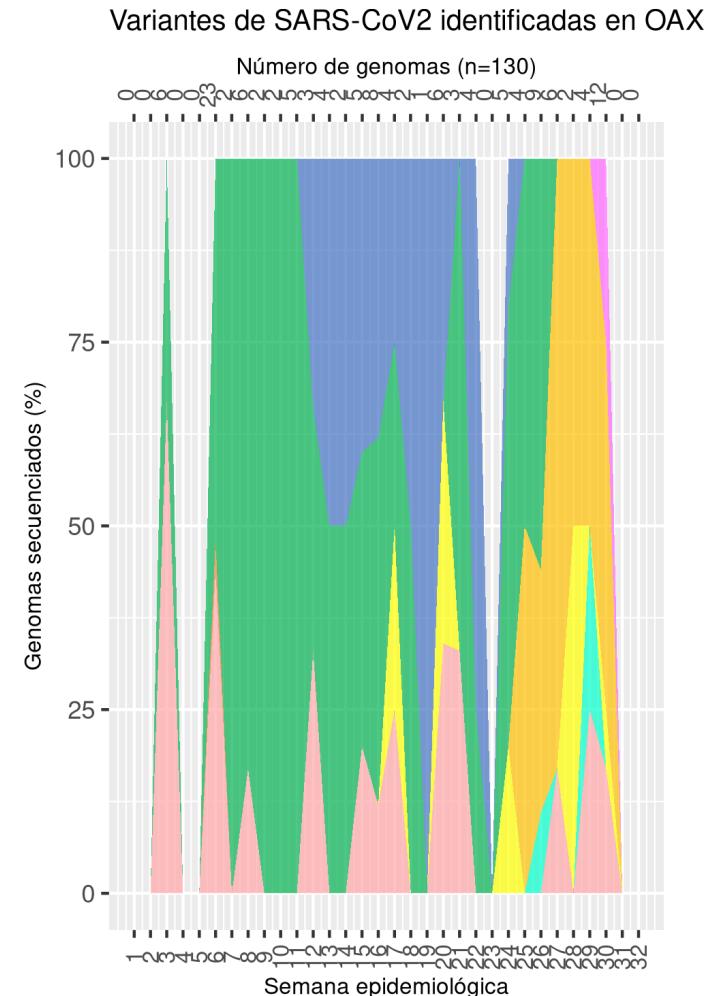
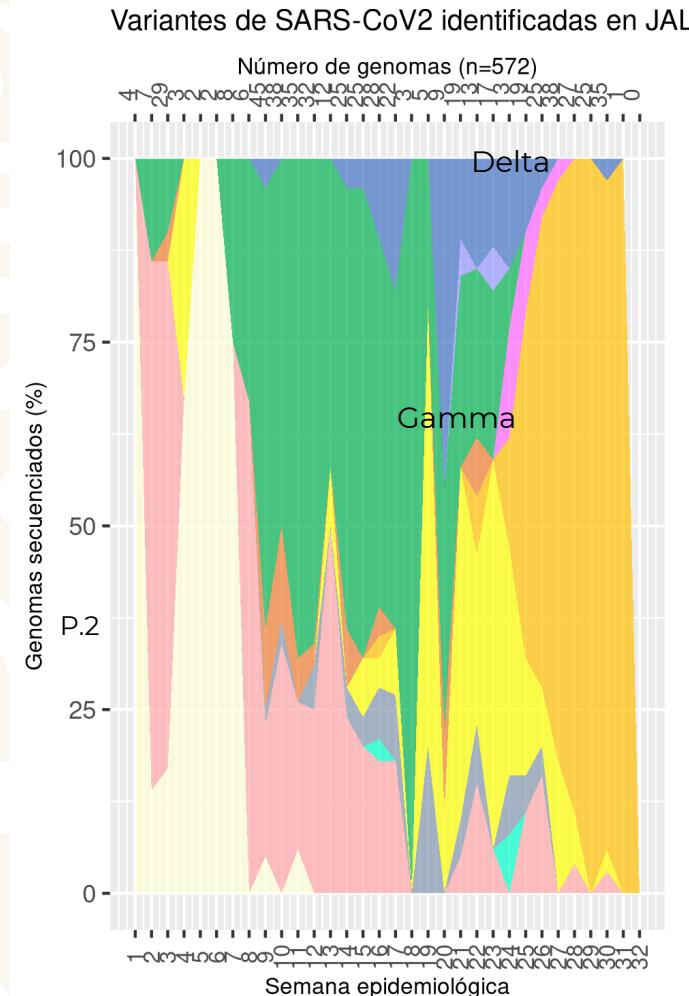
Variantes de SARS-CoV2 identificadas en SON



Variantes de SARS-CoV2 identificadas en VER

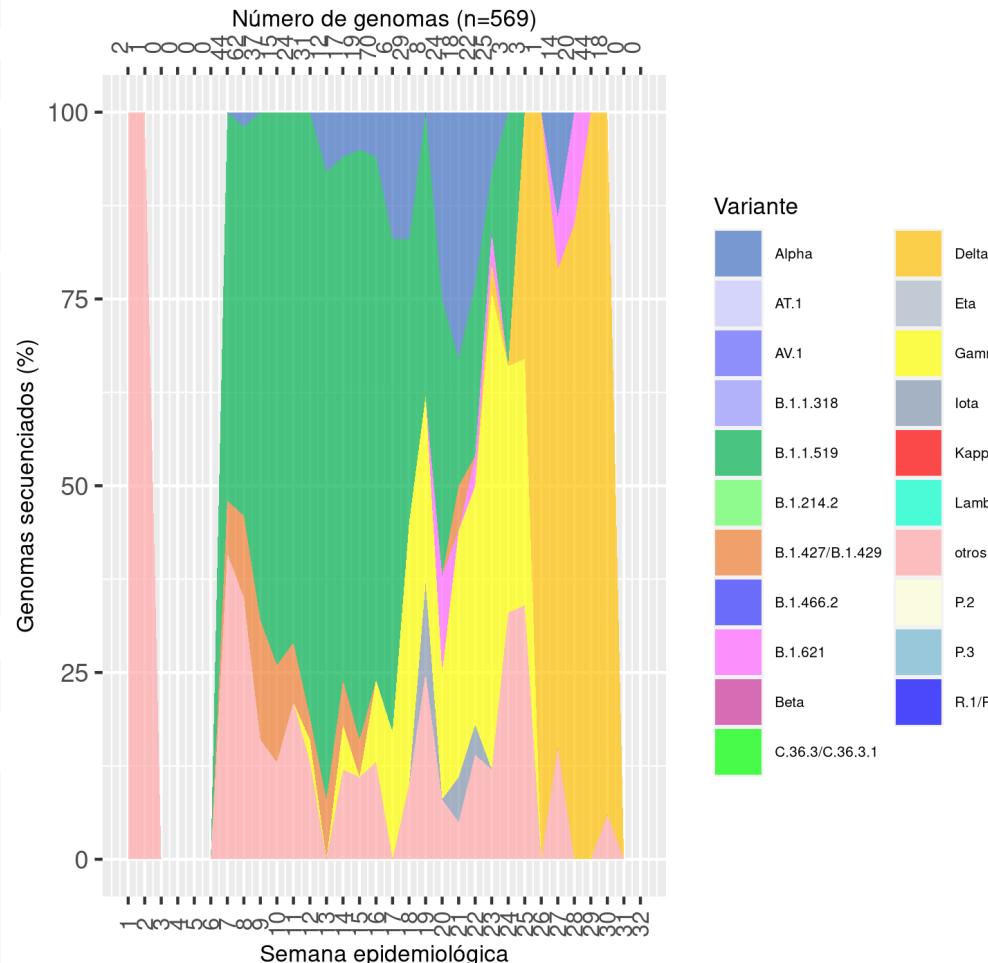


# Jalisco (JAL) y Oaxaca (OAX)

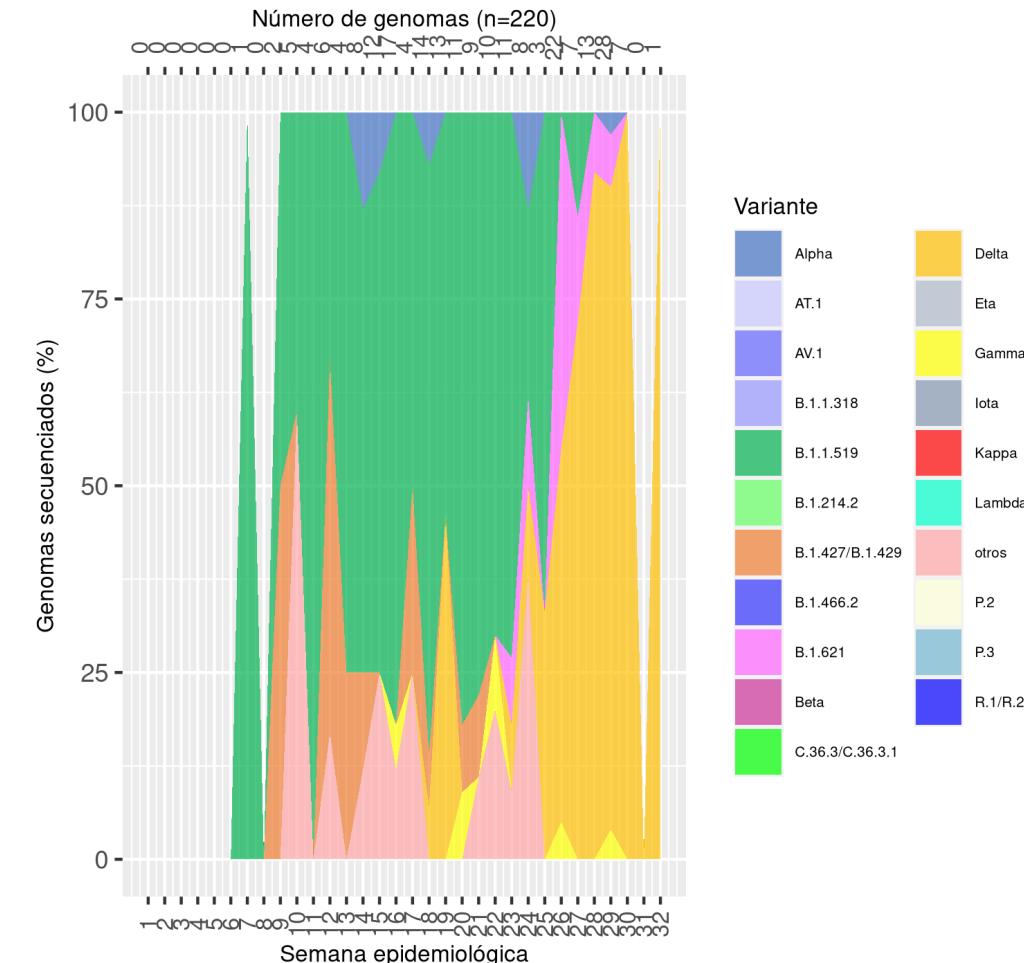


# Guanajuato (GUA) y Michoacán (MIC)

Variantes de SARS-CoV2 identificadas en GUA

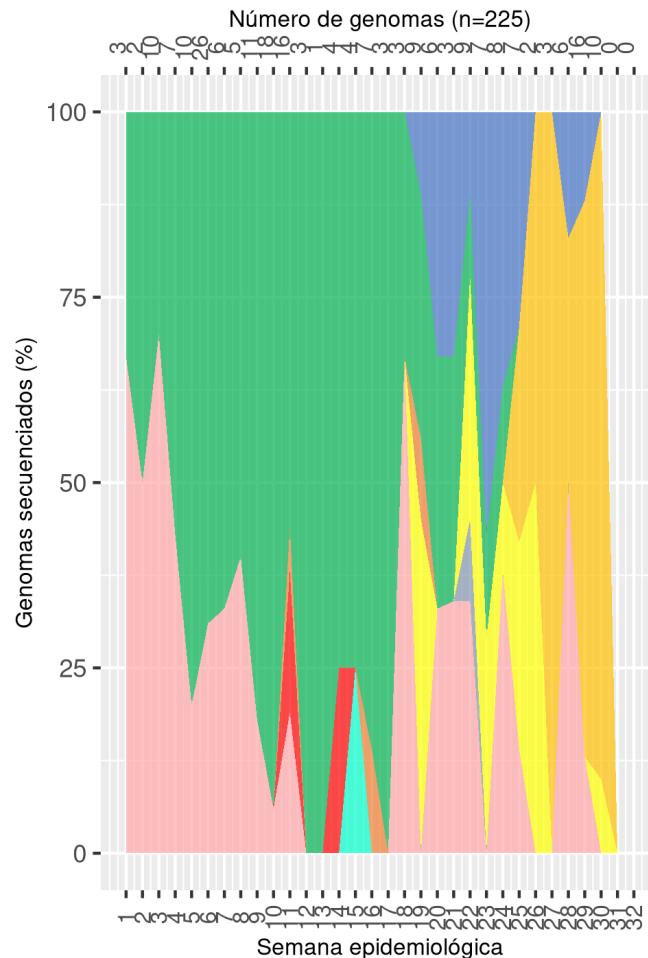


Variantes de SARS-CoV2 identificadas en MIC

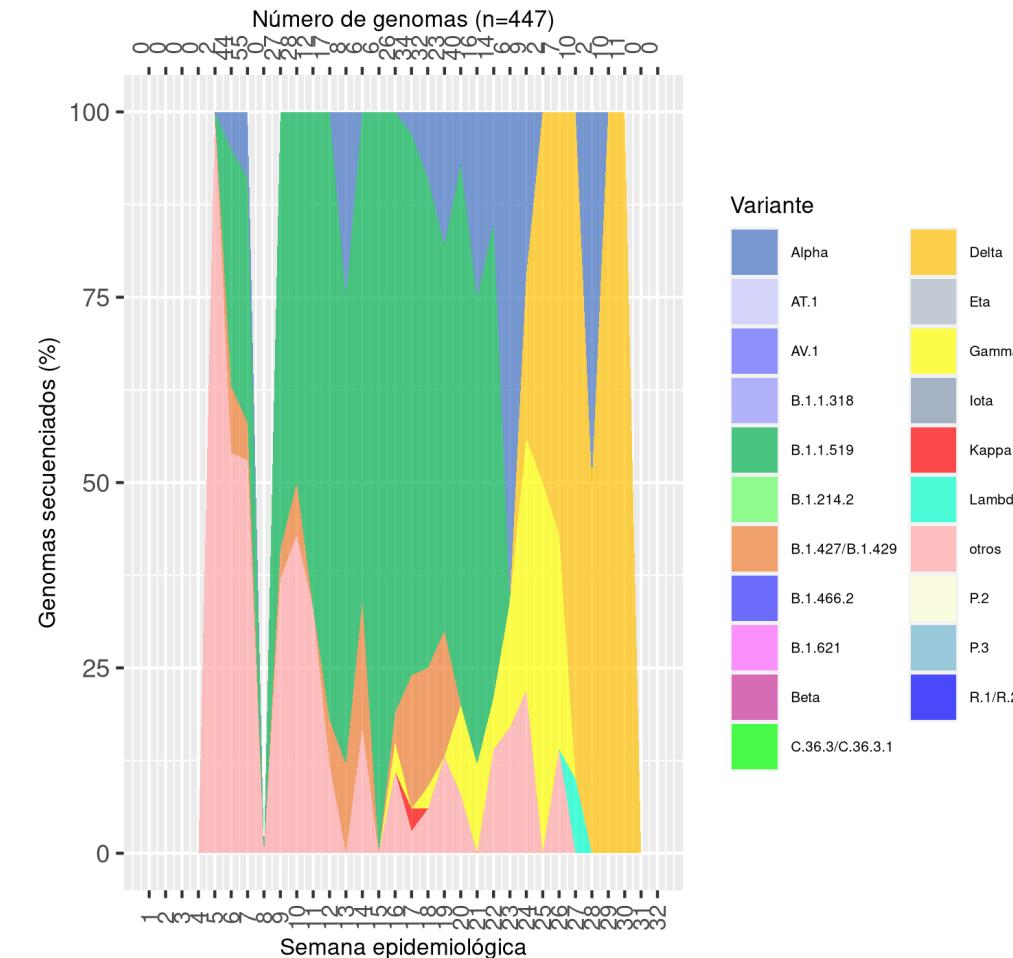


# San Luis Potosí (SLP) y Zacatecas (ZAC)

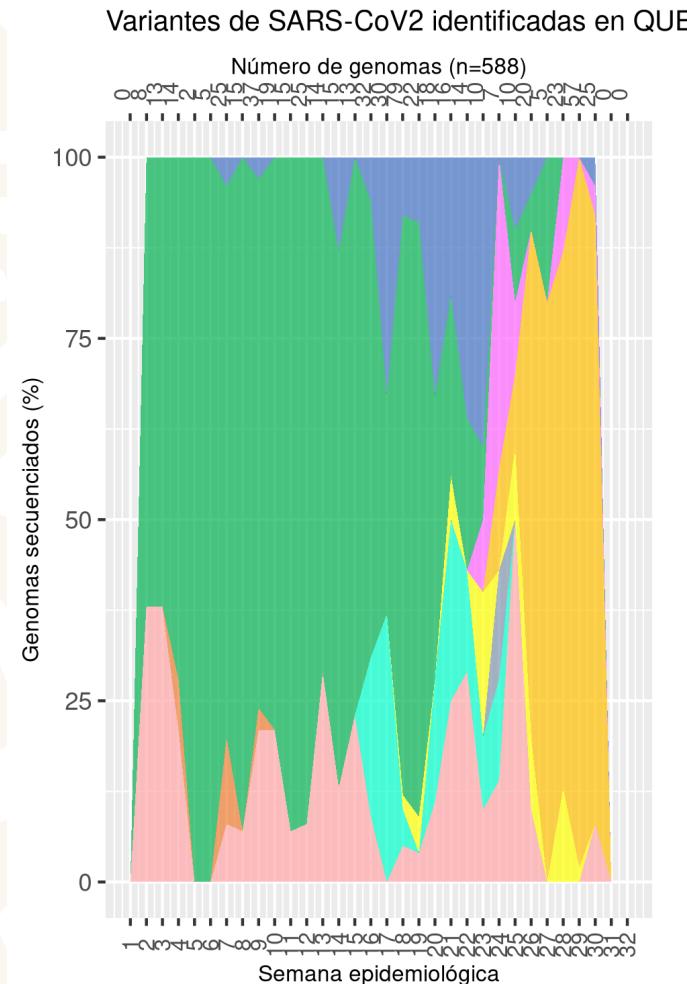
Variantes de SARS-CoV2 identificadas en SLP



Variantes de SARS-CoV2 identificadas en ZAC

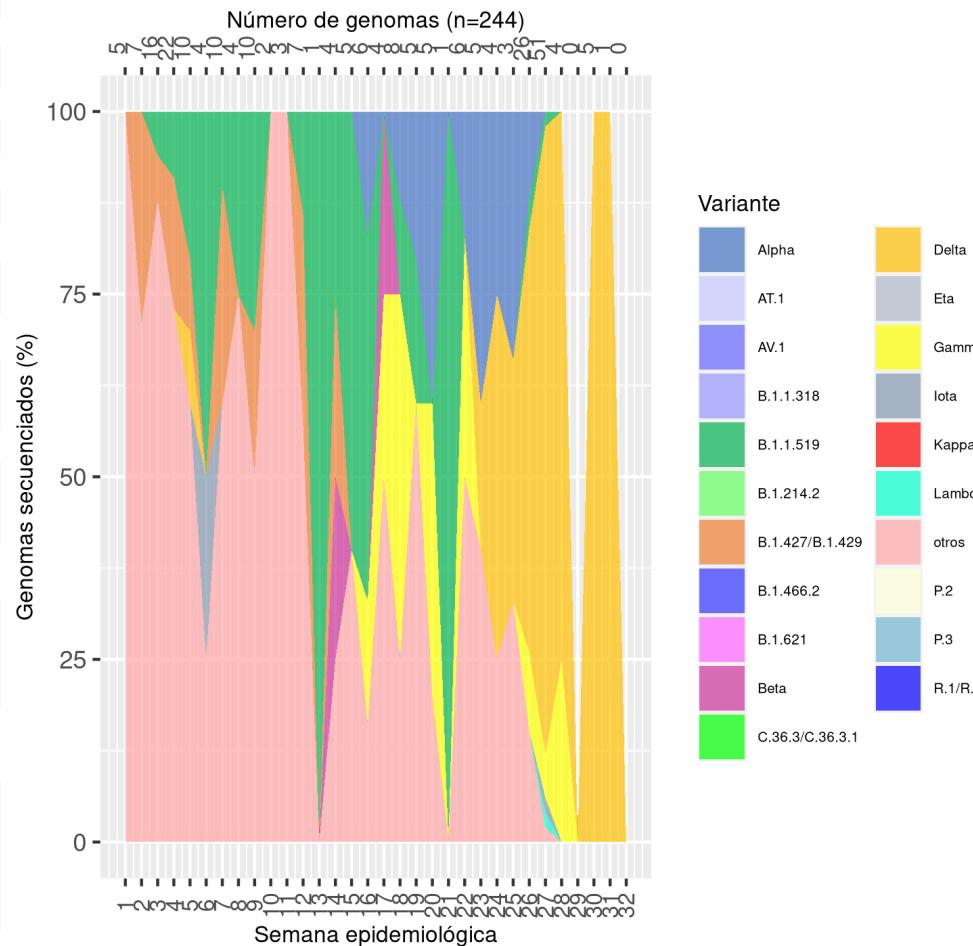


# Querétaro (QUE) y Durango (DUR)

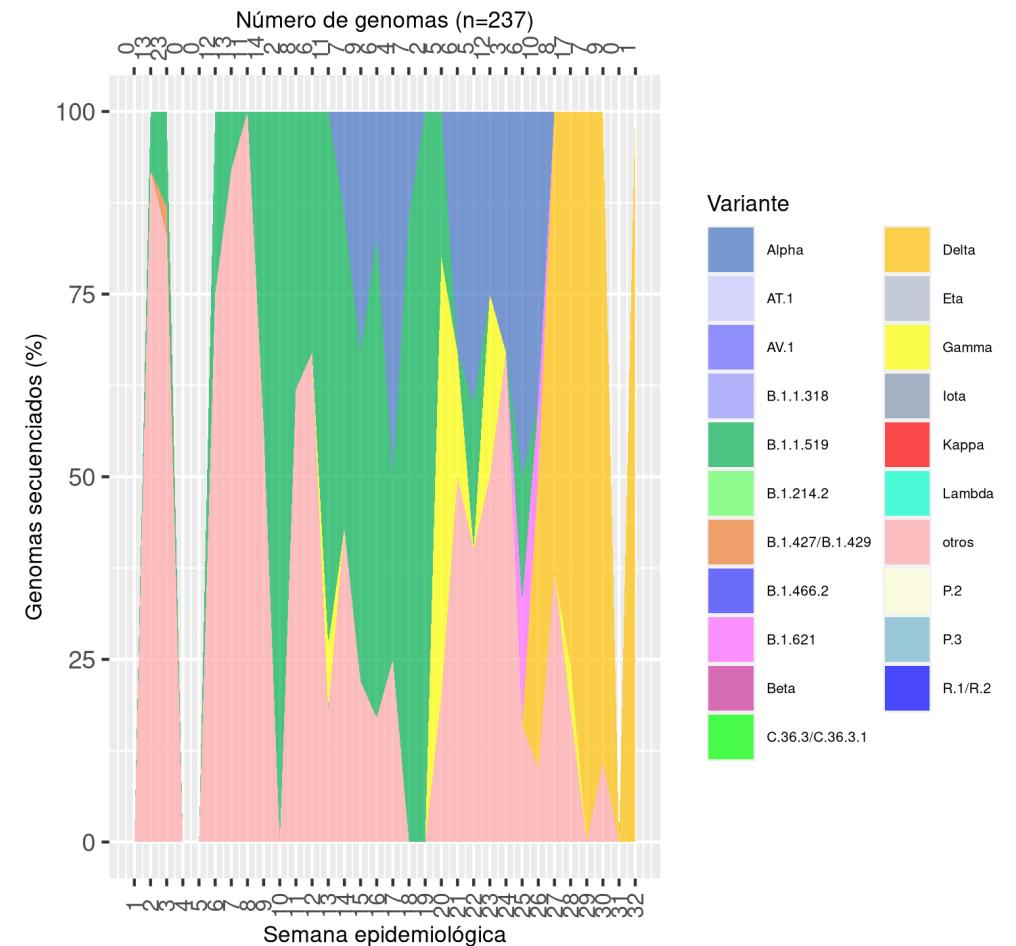


# Baja California (BCN) y Coahuila (COA)

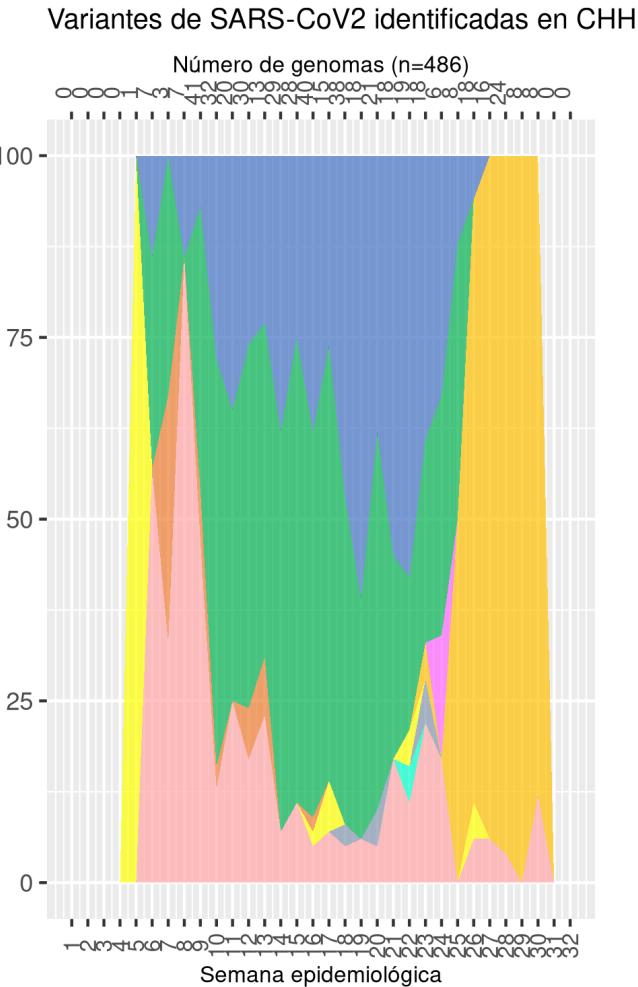
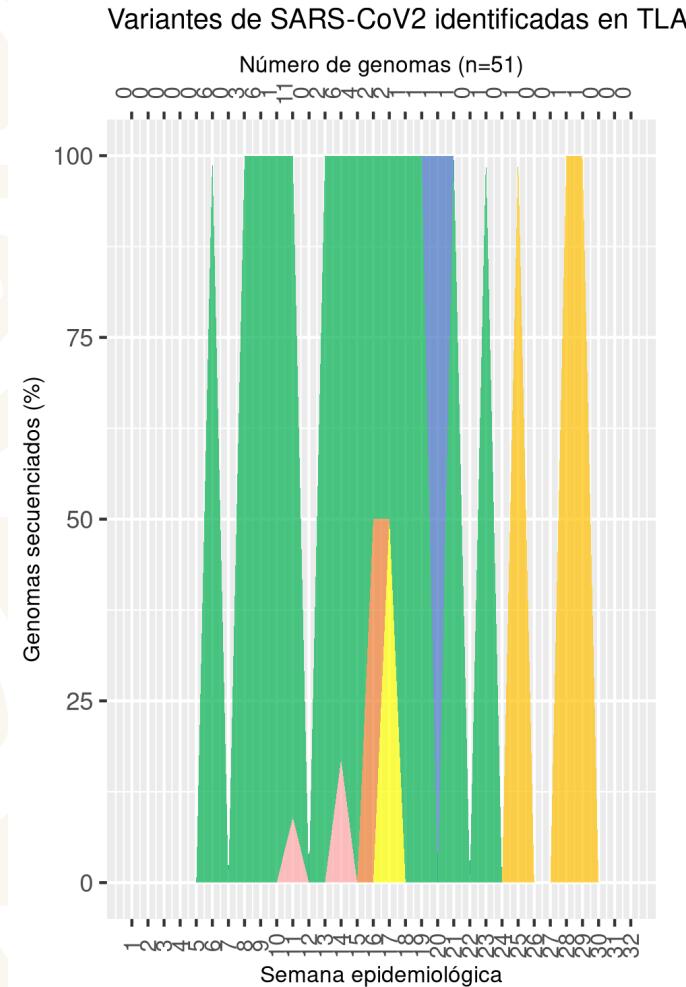
Variantes de SARS-CoV2 identificadas en BCN



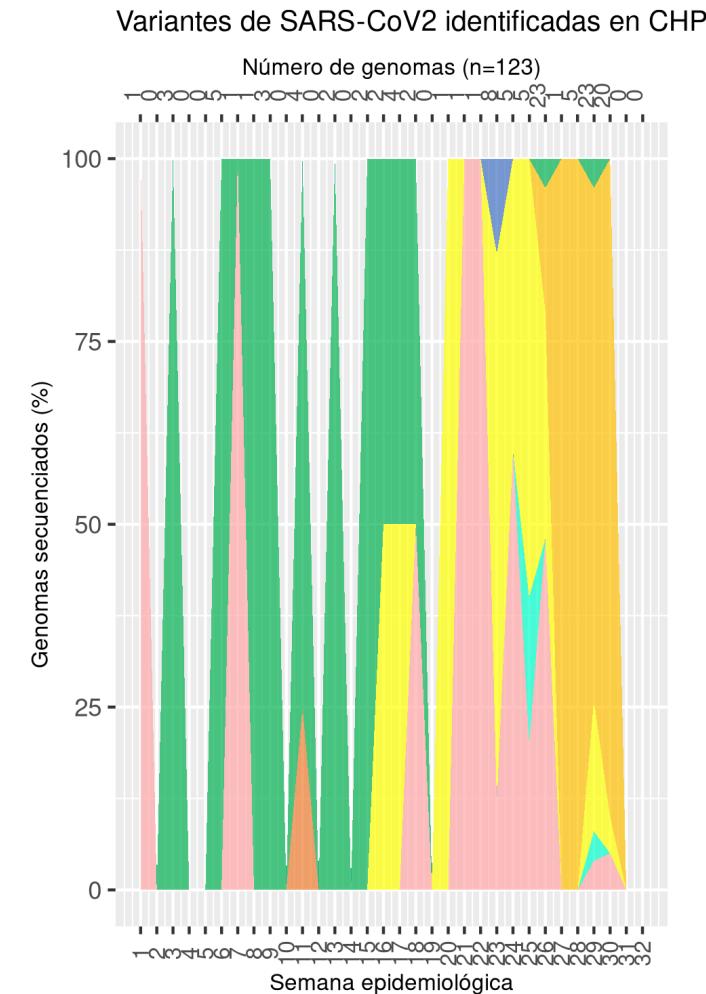
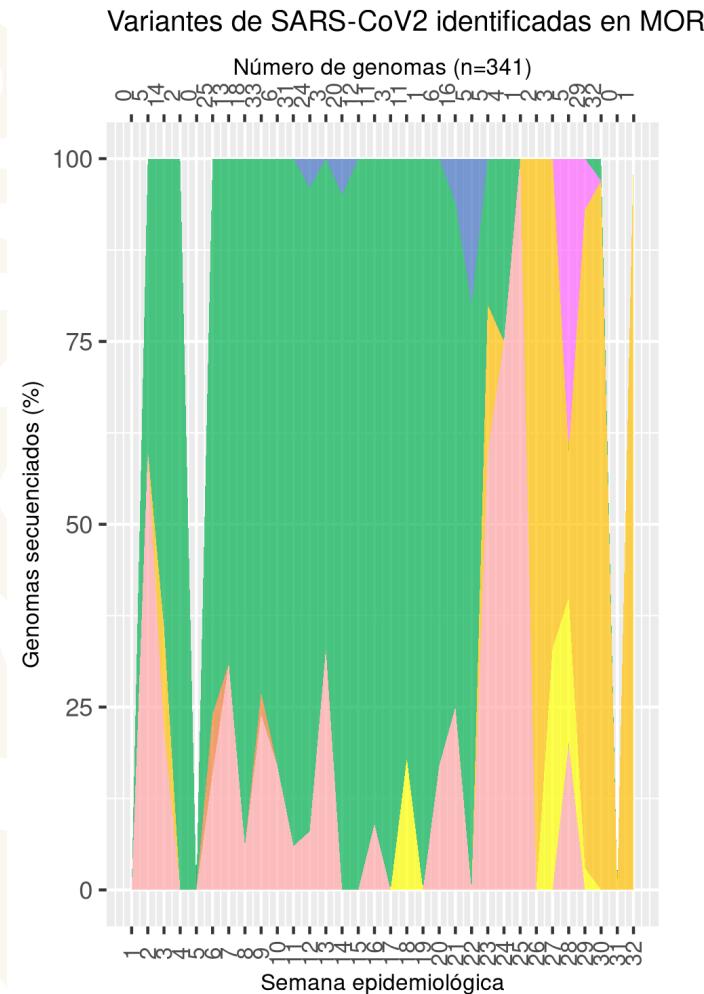
Variantes de SARS-CoV2 identificadas en COA



# Tlaxcala (TLA) y Chihuahua (CHH)



# Morelos (MOR) y Chiapas (CHP)



# Nayarit (NAY)

Variantes de SARS-CoV2 identificadas en NAY

