## Reporte de vigilancia genómica del virus SARS-CoV-2 en México Distribución Nacional y Estatal de variantes al 07 de abril 2023

Dirección General de Epidemiología Instituto de Diagnóstico y Referencia Epidemiológicos

Unidad de Desarrollo Tecnológico e Investigación Molecular



DIRECCIÓN GENERAL **DE EPIDEMIOLOGÍA** 



#### 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.
- Nota: Para reflejar mejor el panorama actual de variantes, dominado por linajes descendientes de Omicron, la OMS actualizó su sistema de seguimiento y las definiciones de trabajo de VOC y VOI el día 5 de marzo de 2023.

https://www.who.int/publications/m/item/updated-working-definitions-and-primary-actions-for--sars-cov-2-variants

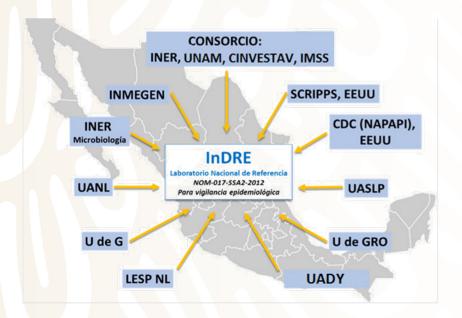
- Actualmente, existen dos clasificaciones de la Organización Mundial de la Salud para los linajes descendientes de Omicron, que recientemente se encuentran circulando a nivel mundial (a partir del 30 de marzo 2023):
  - Variantes de interés (VOI por sus siglas en inglés). XBB.1.5
  - Variantes bajo monitoreo (VUM por sus siglas en inglés). BQ.1, BA.2.75, CH.1.1, XBB, XBF, XBB.1.16, XBB.1.9.1
  - Adicionalmente, se reporta la subvariante específica: **BW.1**, por su presencia en la región de la Península en México.

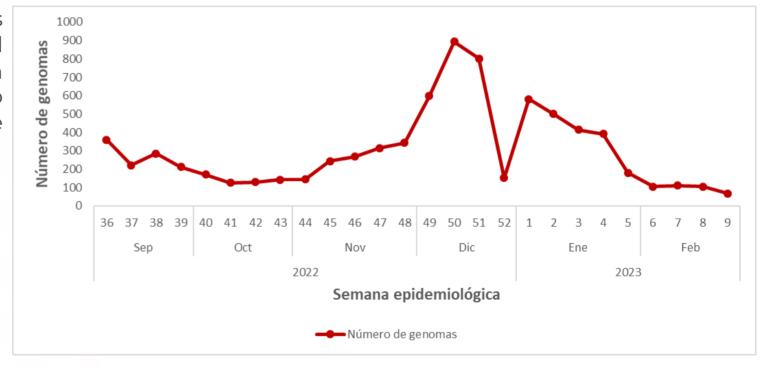




# Número de genomas estudiados en México de COVID-19 a partir de semana epidemiológica 36 del año 2022 al 07 de abril 2023

Al corte del 07 de abril de 2023 y análisis hasta la semana epidemiológica 09, un total de **86,937** 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 07 de abril 2023

Clasificación de la Variantes de acuerdo a la OMS.

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

CoV-2-variants

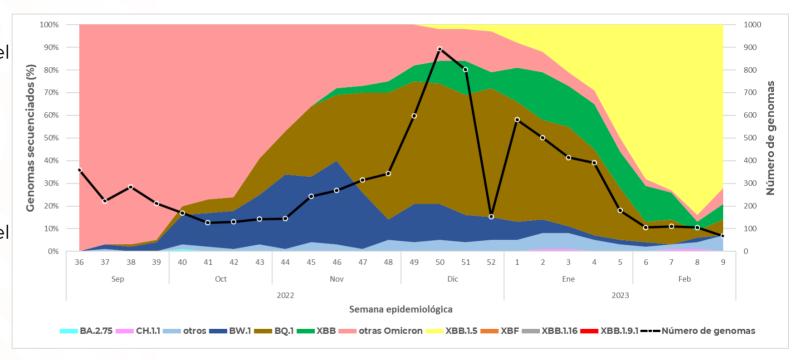
Datos tomados de la base pública GISAID https://www.gisaid.org/

Entidad		Sublinaje	Otras								
	(VOI) XBB.1.5		Variantes k	específico	Omicron	Otr					
		BA.2.75	XBB	BQ.1	XBF	CH.1.1	XBB.1.16	XBB.1.9.1	BW.1		
		_			de México y						
CDMX	392	2	222	1,036	-	10	-	-	146	10,304	11,0
MEX	93	2	59	296	-	1	-	-	47	3,401	3,
					Front	era	1				
CHH	3	-	1	53	-	-	-	-	2	513	1,1
COA	3	-	1	27	-	-	-	-	4	402	9
NLE	20	-	28	185	-	1	-	-	23	2,244	2,6
TAM	3	-	91	96	-	-	-	-	6	888	1,0
					Pacífico	norte					
BCN	7	-	18	107	-	1	-	-	3	1,286	2,9
BCS	8		2	11	-	-	-	-	2	586	6
NAY	2	-	0	-	-	-		-	-	146	2
SIN	1	_	10	84	-	-	-	-	2	716	1,6
SON	-	-	2	38	-	-	-	-	1	467	1,0
				•	Pacífico	centro					
COL	13	-	10	59	-	-	-	-	3	308	3
JAL	21	\	15	117	-	2	-	-	19	1,386	1,:
MIC	15	-	7	39	-	-	-	-	2	418	6
				•	Pacífic	o sur					
GRO	1	-	7	7	-	-	-	-	-	577	3
MOR	7		10	29	-	-	-	-	1	290	7
OAX	1	-	5	-	-	-	-	-	1	612	4
PUE	17	- \	19	90	-	-	-	-	18	793	1,2
					Cent	tro					
HID	3	_	4	20	_	1	_	_	2	540	9
TLX	1		0	6	_	_	-	-	3	106	1'
VER	8	_	39	33	_	_	_	_	11	777	1,5
V = 1.			03		Centro	norte				***	-,,-
AGS	5		1	24	-	-	_	_	2	481	5
DUR	1	_	1	13	_	_	_	_	1	180	3'
GUA	8	_	11	110	_	_	_	_	15	910	1,8
QRO	8		12	74	_	8	_	_	6	450	1,0
SLP	8	_	32	44	-	-	_	-	4	485	6
ZAC	14		5	57	_	_	_		1	459	8
٢٨٠	17		, , , , , , , , , , , , , , , , , , ,	5,	Penín	sula			'	700	
CAM	1		11	4			<u> </u>	_	44	462	6
CHP	1	-	22	8	-	2	-	-	2	577	4
QROO	41	2	32	79			_	-	127	969	1,3
	1	_	7	79	_	2	_	-	13	785	
TAB		-	22				-	-			1,6
YUC	12			50	-	1			406	2,250	2,8
TOTALES	719	6	706	2,803	0	29	0	0	917	34,768	46,



#### Variantes del virus SARS-CoV-2 a nivel nacional a partir de semana epidemiológica 36 (2022) al 07 de abril 2023

- Semana 8, hay 105 secuencias registradas: el 84% son subvariante de Omicron XBB.1.5,
  4% son subvariante de Omicron XBB,
  3% son subvariante de Omicron BQ.1,
  3% son otras Omicron, 3% son otros
  2% son subvariante de Omicron BW.1. y el 1% son subvariante de Omicron CH.1.1.
- Semana 9, hay 68 secuencias registradas: el
  72% son subvariante de Omicron XBB.1.5,
  7% son subvariante de Omicron XBB,
  7% son otras Omicron,
  7% son subvariante de Omicron BQ.1 y
  7% son otros



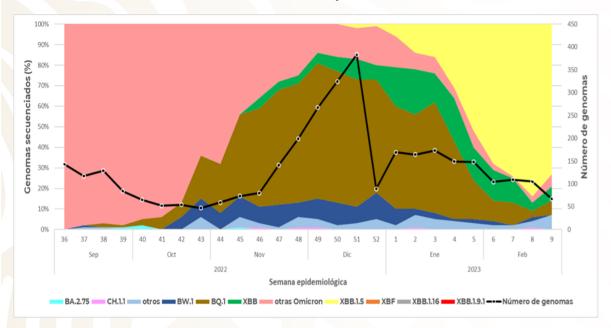


### Variantes de SARS-CoV-2 por regiones 2023

			Genomas secuenciados (%)										I		
			VOI	VUM Subvariante específica								Otras		, , , , , , , , , , , , , , , , , , , ,	
Regiones	epidemioló	Número de Genomas	XBB.1.5	BA.2.75	BQ.1	XBB	XBF	XBB.1.16	XBB.1.9.1	CH.1.1	BW.1	Omicron	Otros	ESTADOS	
Ciudad de México	7	109	74	0	11	12	0	0	0	0	0	1	2		
y Estado de	8	105	84	0	3	4	0	0	0	1	2	3	3	Ciudad de México y Estado de México	
México (CDM)	9	67	73	0	7	7	0	0	0	0	0	6	7		
Centro (CTR)	7	1	0	0	0	0	0	0	0	100	0	0	0		
	8	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	Hidalgo, Tlaxcala, Veracruz	
	9	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0		
Centro Norte (CEN)	7	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	Aguascalientes, Durango, Guanajuato,	
	8	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	Querétaro, San Luis Potosí, Zacatecas	
	9	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0		
	7	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	Campeche, Chiapas, Quintana Roo, Tabasco, Yucatán	
Península (PEN)	8	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0		
	9	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	Noo, rabasco, racatan	
Frontera (FRO)	7	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	Chihuahua, Coahuila, Nuevo León,	
	8	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	Tamaulipas	
	9	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	ramadiipas	
Pacífico Norte (PCN)	7	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	Baja California Norte, Baja	
	8	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	CaliforniaSur, Nayarit, Sinaloa, Sonora	
	9	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0		
Pacífico Sur (PCS)	7	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	Guerrero, Morelos, Oaxaca, Puebla	
	8	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0		
	9	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	100	0		
Pacífico Centro	7	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0		
(PCC)	8	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	Colima, Jalisco, Michoacán	
	9	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0		

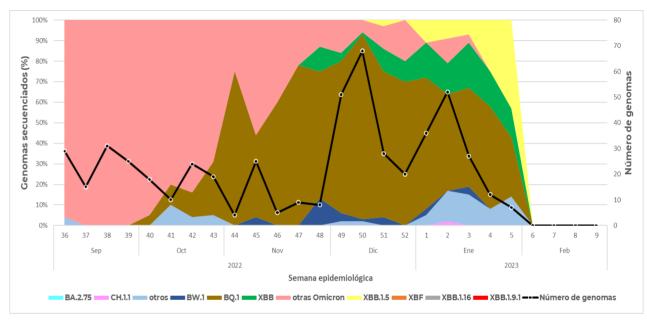


CDM: Ciudad de México y Estado de México



- Semana 9, hay 67 secuencias registradas:
- El 73% corresponde a la VOI XBB.1.5, el 7% a la VUM XBB, 7% VUM BQ.1, 7% otras Omicron y el 6% otras.

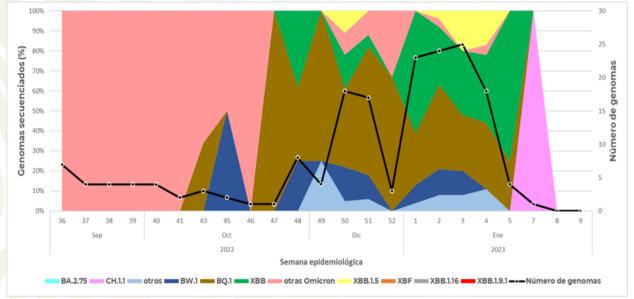
#### PACÍFICO NORTE: BCN, BCS, Nayarit, Sinaloa, Sonora



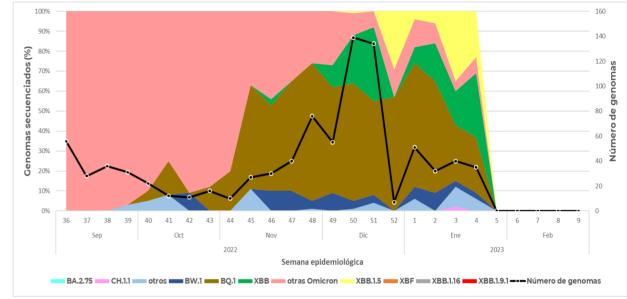
• En las últimas semanas epidemiológicas no se subieron secuencias, sin embargo se observa una mayor frecuencia relativa de BQ.1. (29%), XBB (14%) y XBB1.5 (43%) en la quinta semana epidemiológica.







FRO: Chihuahua, Coahuila, Nuevo León y Tamaulipas



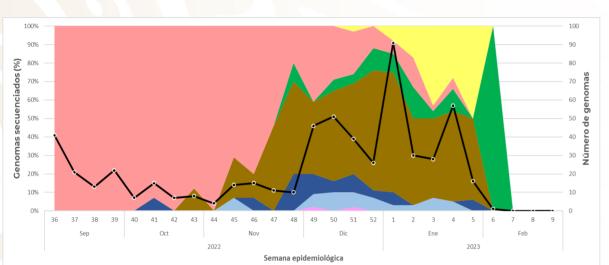
\*CTR. Semana 42,44 y 06 no se subieron genomas a GISAID

- Semana 5, hay 4 secuencias registradas, de las cuales el **75**% son subvariante de Omicron bajo monitoreo **XBB** y el **25**% subvariante bajo monitoreo **BQ.1**.
- Semana 7, hay 1 secuencia registrada de CH.1.1

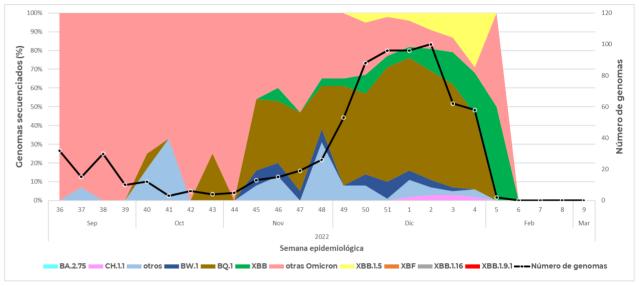
 Semana 4, hay 35 secuencias registradas, de las cuales el 32% son subvariante bajo monitoreo XBB, el 28% BQ.1, el 23% XBB.1.5



PCC: Colima, Jalisco y Michoacán



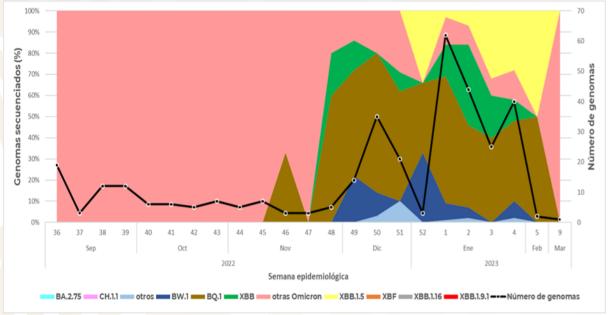
**CEN\***:Aguascalientes, Durango, Guanajuato, Querétaro, San Luis Potosí y Zacatecas



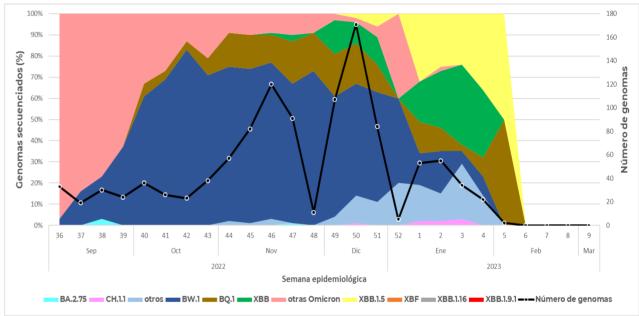
\*CEN. Semana 52 no se subieron genomas a GISAID

- Semana 5, hay 16 secuencias registradas, de las cuales el 44% son subvariante de Omicron bajo monitoreo BQ.1, el 50% subvariante bajo monitoreo XBB.1.5 y el 6% BW.1.
- Semana 6, hay 1 secuencia registrada de la subvariante de Omicron XBB.
- Semana 4, hay 49 secuencias registradas, de las cuales el 43% son subvariante bajo monitoreo BQ.1, el 27% XBB.1.5, el 22% XBB.1.5, ésta última se observa que aunque no hay secuencias registradas en la semana 5 la tendencia es al aumento.

PCS\*: Guerrero, Morelos, Oaxaca y Puebla



**PEN:** Campeche, Chihuahua, Quintana Roo, Tabasco y Yucatán



\*PCS. Semana06, 07 y 08 no se subieron genomas a GISAID

- Semana 4, hay 40 secuencias registradas, de las cuales el 38% son subvariante de Omicron bajo monitoreo BQ.1, el 28% subvariante bajo monitoreo XBB.1.5 y el 14% Otras Omicron.
- Semana 9, hay una secuencia registrada, la cual corresponde a Omicron.
- Semana 4, hay 22 secuencias registradas, de las cuales el **36**% son subvariante bajo monitoreo **XBB.1.5**, el **32**% **XBB**, el **9**% **BQ.1** y el **9**% **BW.1**.

