

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

## Distribución Nacional y Estatal de variantes al 29 de septiembre 2023

---

Dirección General de Epidemiología

Instituto de Diagnóstico y Referencia Epidemiológicos

Biología Molecular y Validación de Técnicas

Unidad de Desarrollo Tecnológico e Investigación Molecular



**SALUD**  
SECRETARÍA DE SALUD

DIRECCIÓN GENERAL  
DE EPIDEMIOLOGÍA



2023  
AÑO DE  
**Francisco  
VILLA**  
EL REVOLUCIONARIO DEL PUEBLO



# 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 17 de agosto de 2023.

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

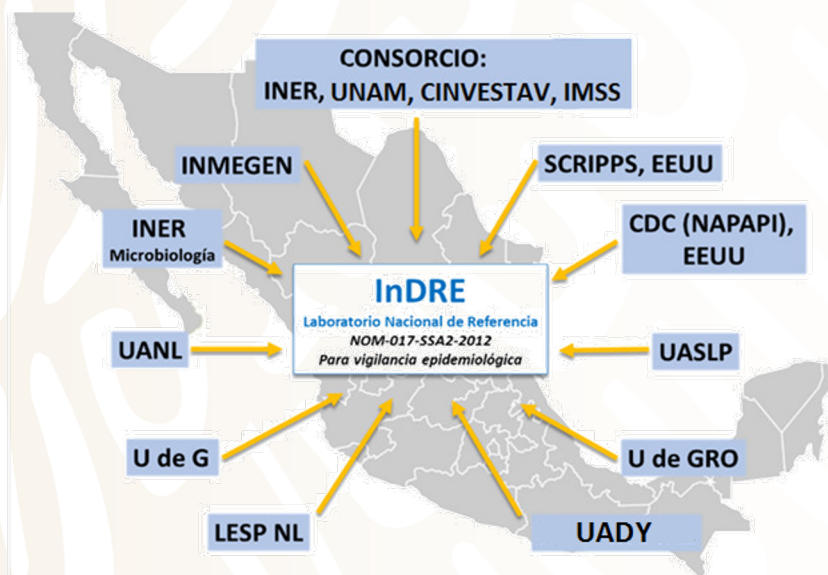
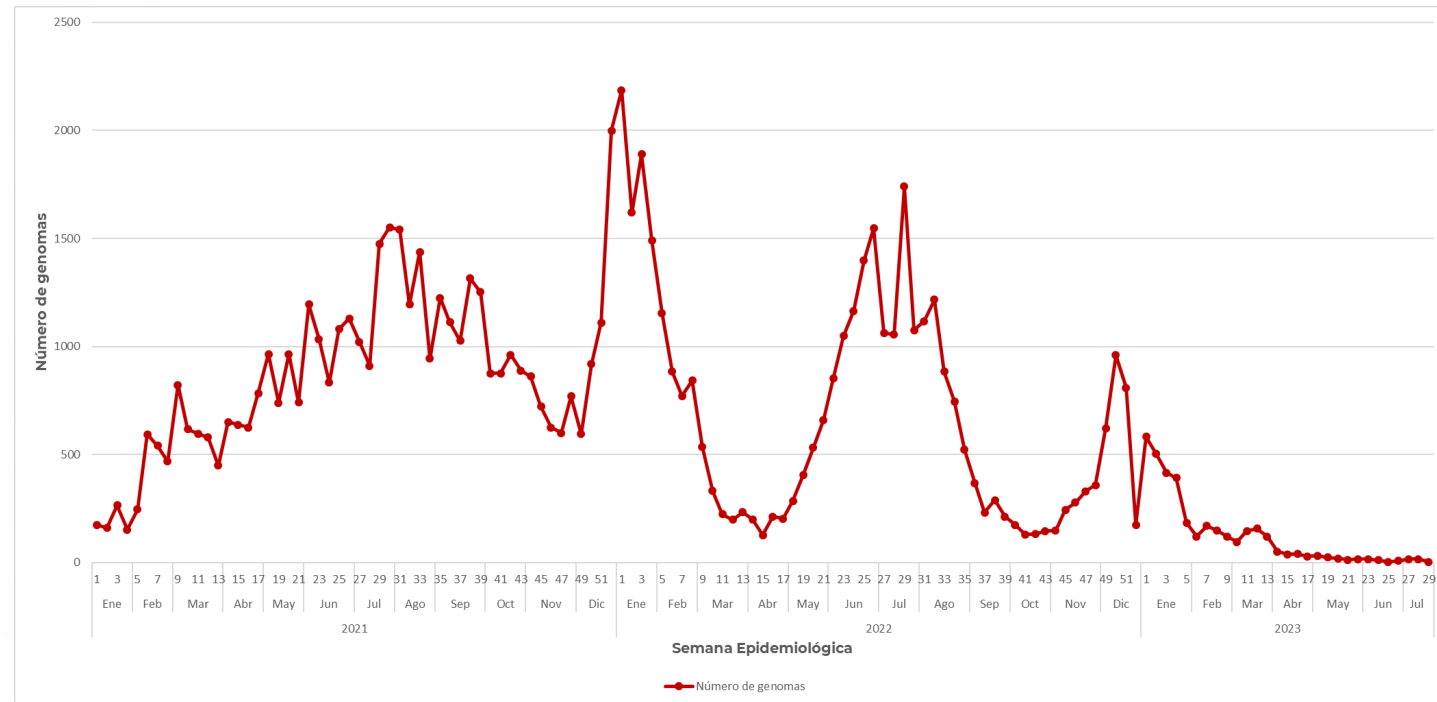
- Actualmente, existen dos clasificaciones de la Organización Mundial de la Salud para los linajes descendientes de Omicron, que recientemente se encuentran circulando a nivel mundial VOIs y VUMs (al 17 de agosto 2023):
  - Variantes de interés (**VOI** por sus siglas en inglés). **XBB.1.5, XBB.1.16 y EG.5**
  - Variantes bajo monitoreo (**VUM** por sus siglas en inglés). **BA.2.75, CH.1.1, XBB\*, XBB.1.9.1, XBB.1.9.2# XBB.2.3, BA.2.86**





# Número de genomas estudiados en México de COVID-19 2021-2023

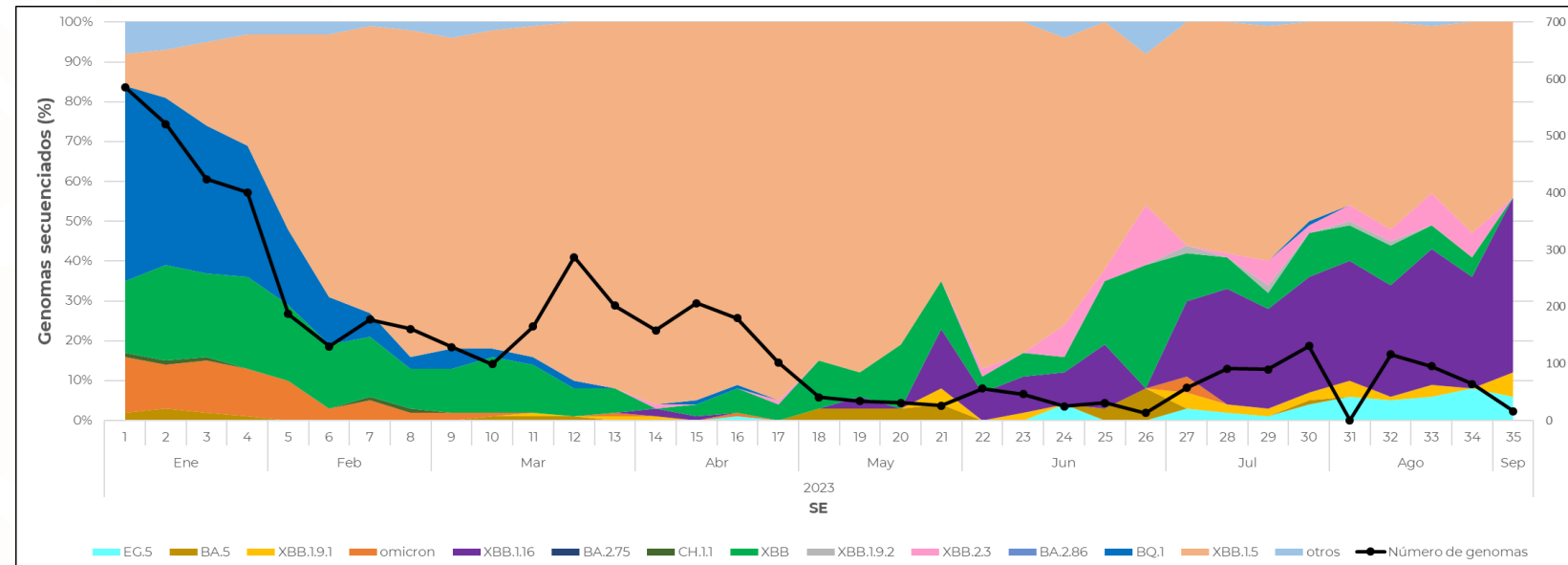
Al corte del 29 de septiembre 2023 y análisis hasta la semana epidemiológica 35, un total de **90,411** secuencias se depositaron en GISAID, una iniciativa global de intercambio de datos de vigilancia genómica de virus de influenza y el SARS-CoV-2.



# Variantes del virus SARS-CoV-2 a nivel nacional año 2023

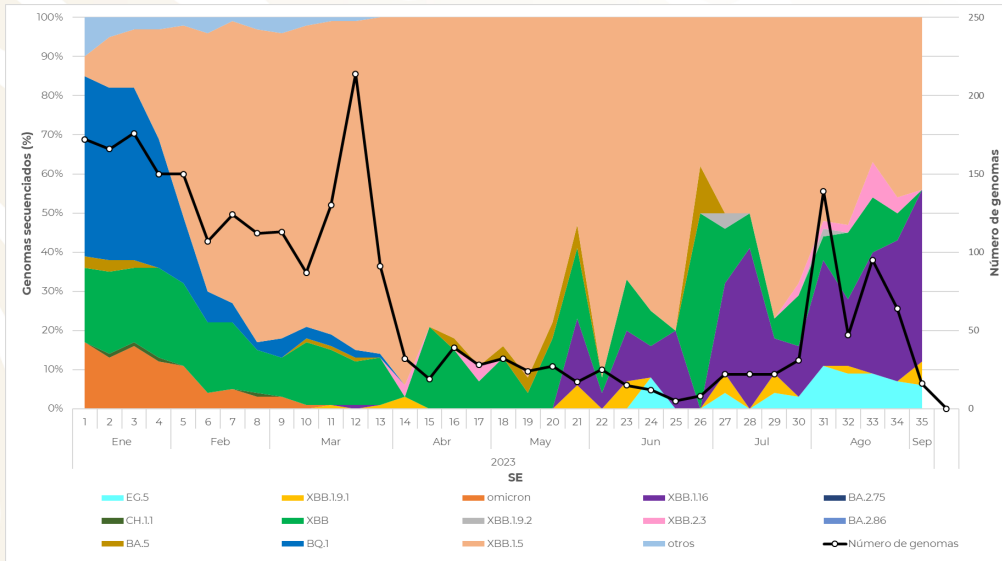


- Semana 33, hay 95 secuencias registradas: el **42%** son subvariante de omicron **XBB.1.5**, **34%** son **XBB.1.16**, **6%** son **EG.5**, **6%** son **XBB**, **8%** **XBB.2.3**, **3%** son **XBB.1.9.1**, **1%** son otros **Ómicron** y **no se reportaron secuencias de BA.2.86.**
- Semana 34, hay 64 secuencias registradas: el **53%** son subvariante de omicron **XBB.1.5**, **28%** son **XBB.1.16**, **8%** son **EG.5**, **5%** son **XBB**, **6%** son **XBB.2.3** y **no se reportaron secuencias de BA.2.86.**

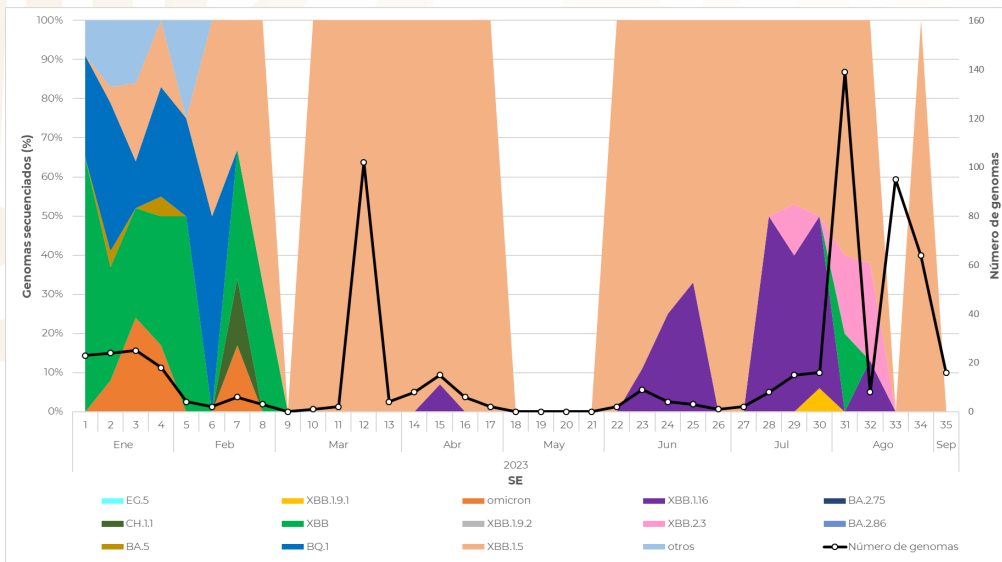


# Variantes de SARS-CoV-2 por regiones a partir de semana epidemiológica 01 del año 2023

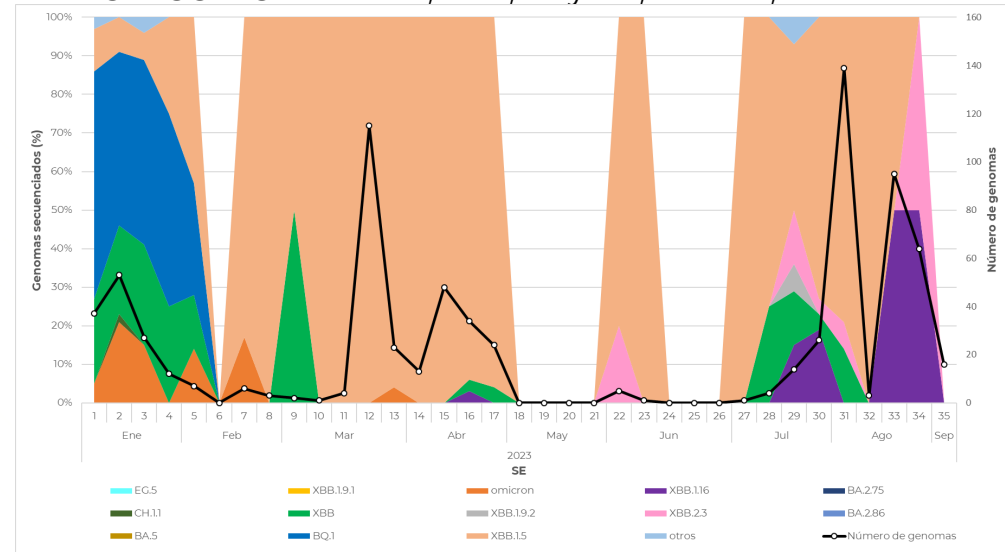
**CDM:** Ciudad de México y Estado de México



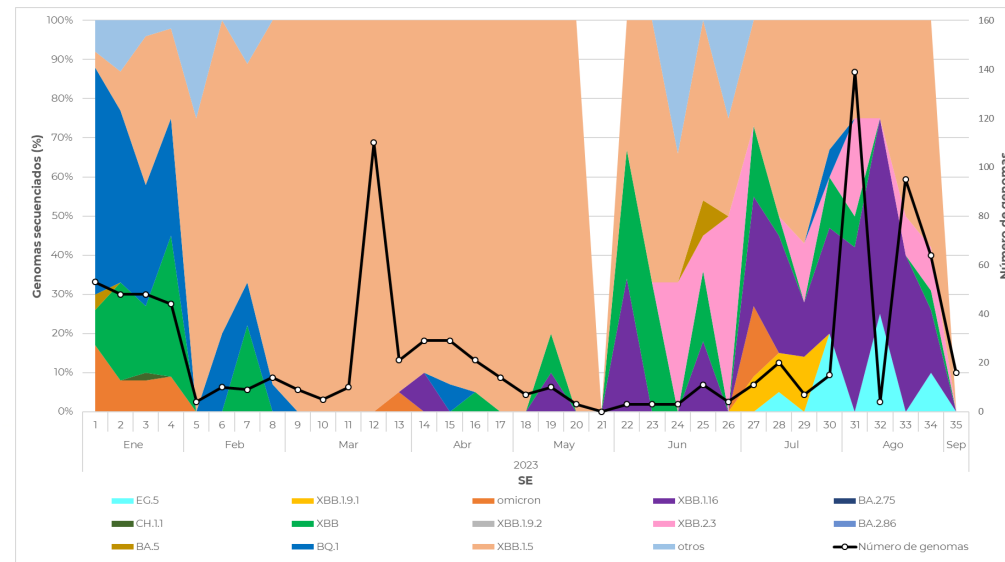
**CTR:** Hidalgo, Tlaxcala y Veracruz



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



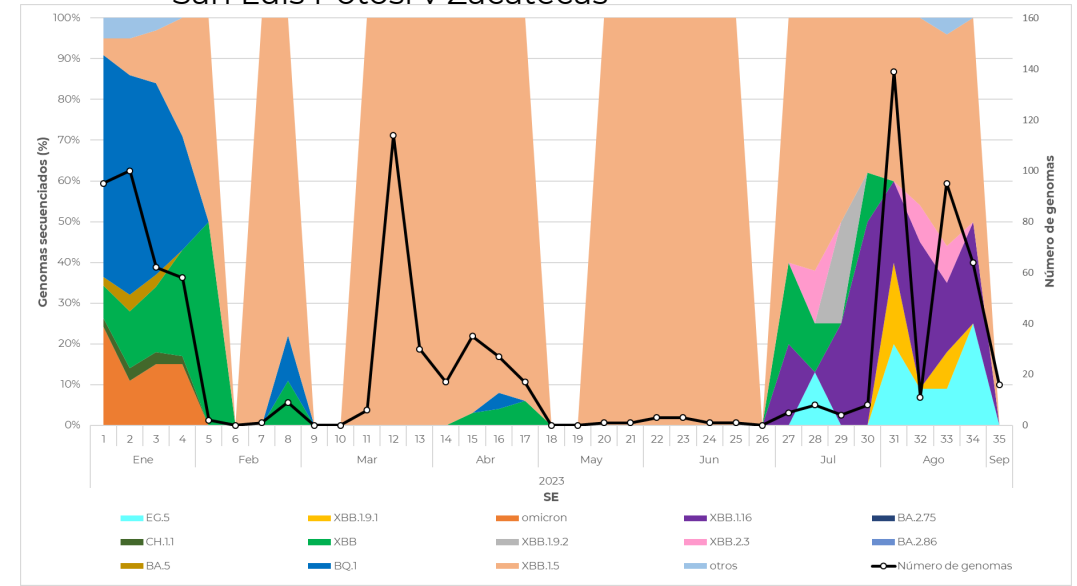
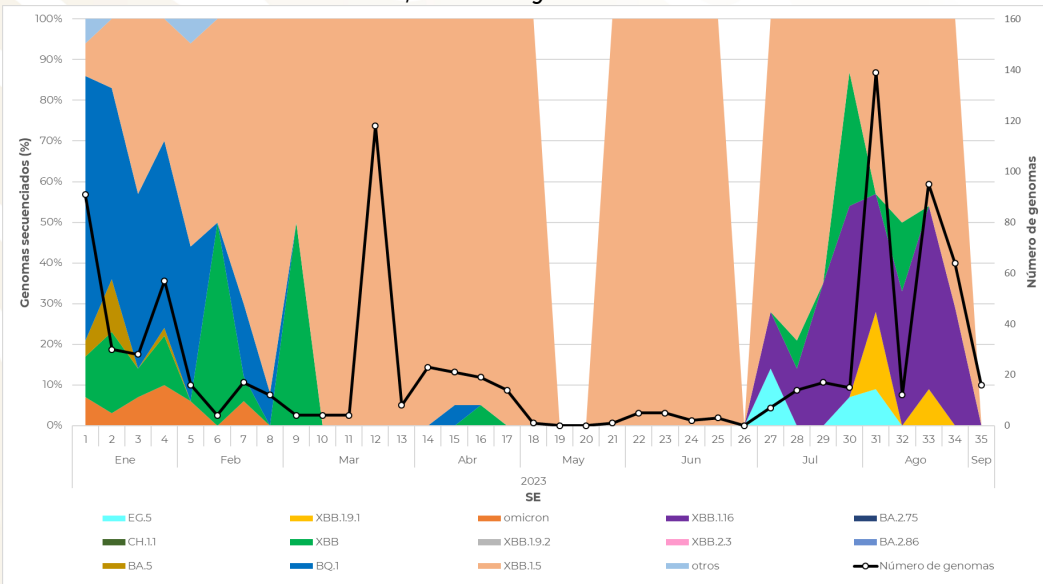
**FRO:** Chihuahua, Coahuila, Nuevo León y Tamaulipas



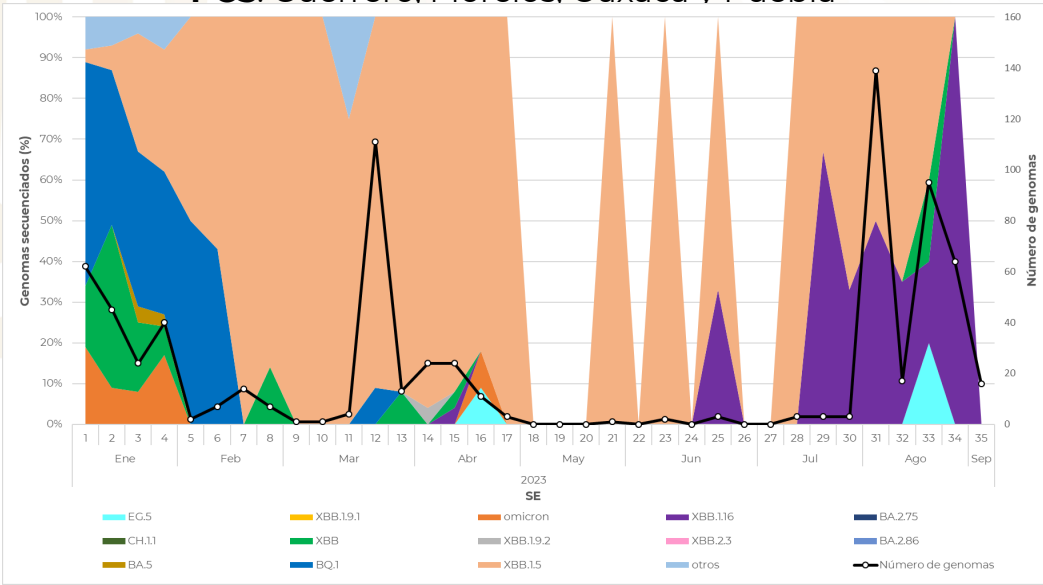
# Variantes de SARS-CoV-2 por regiones a partir de semana epidemiológica 01 del año 2023

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

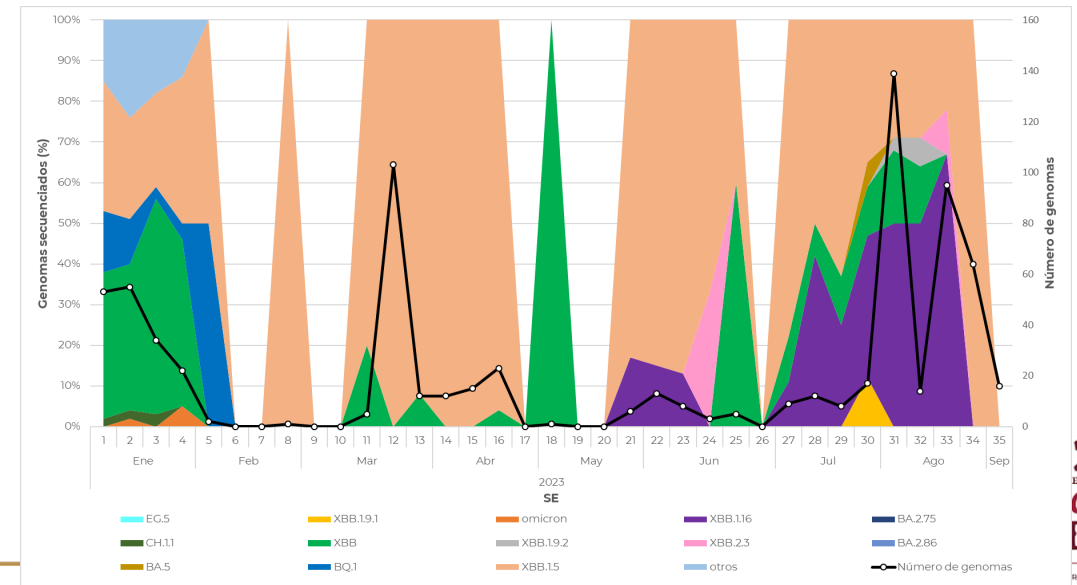
**PCC:** Colima, Jalisco y Michoacán



**PCS:** Guerrero, Morelos, Oaxaca v Puebla



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



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