Reporte de vigilancia genómica del virus SARS-CoV-2 en México Distribución Nacional y Estatal de variantes al 31 de julio 2023

Dirección General de Epidemiología

Instituto de Diagnóstico y Referencia Epidemiológicos Biología Molecular y Validación de Técnicas 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 30 de marzo de 2023.

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

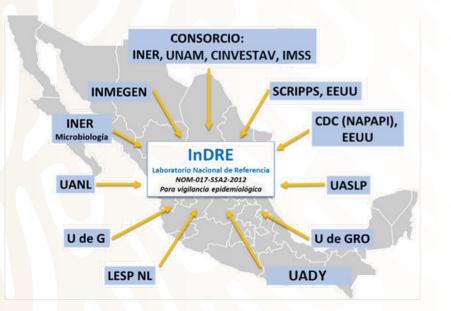
- Actualmente, existen dos clasificaciones de la Organización Mundial de la Salud para los linajes descendientes de Omicron, que recientemente se encuentran circulando a nivel mundial (VOIs a partir del 27 de junio 2023) (VUMs a partir del 19 de julio 2023):
 - Variantes de interés (VOI por sus siglas en inglés). XBB.1.5 y XBB.1.16
 - Variantes bajo monitoreo (VUM por sus siglas en inglés). BA.2.75, CH.1.1, XBB, XBB.1.9.1, XBB.1.9.2, EG.5*, XBB.2.3

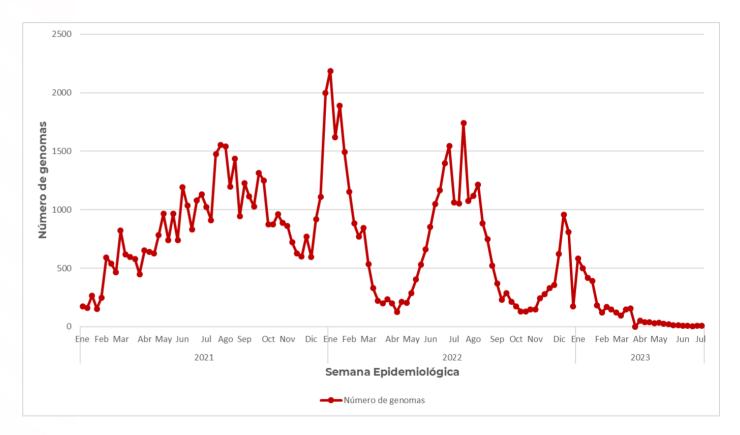




Número de genomas estudiados en México de COVID-19 en 2023

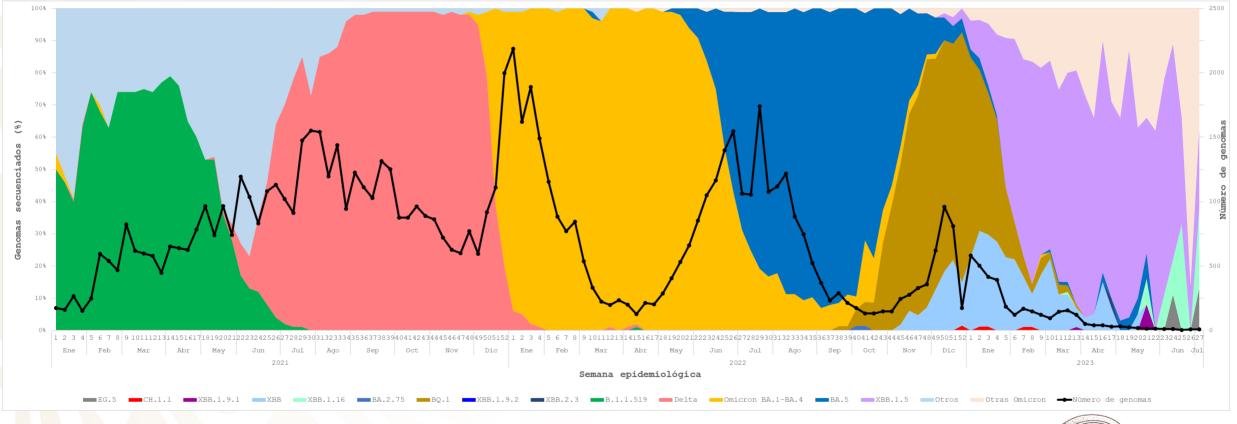
Al corte del 31 de julio 2023 y análisis hasta la semana epidemiológica 27, un total de **88,202** secuencias se depositaron en GISAID, una iniciativa global de intercambio de datos de vigilancia genómica de virus de influenza y el SARS-CoV-2.







Variantes del virus SARS-CoV-2 a nivel nacional durante 2021-2023

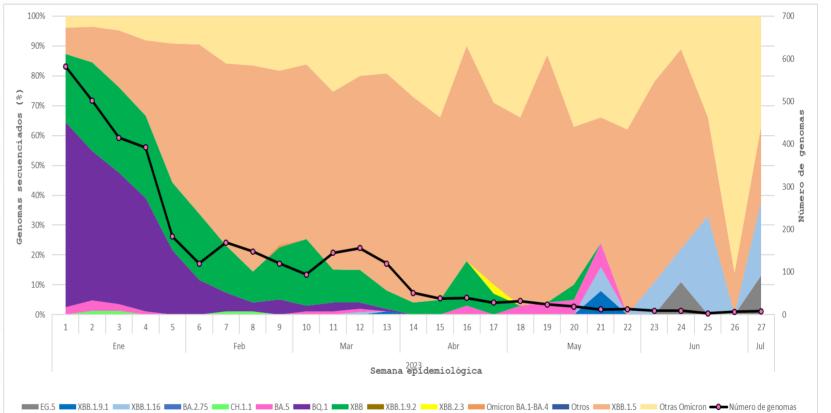




Variantes del virus SARS-CoV-2 a nivel (nacional año 2023

Semana 26, hay 7 secuencias registradas: el **14%** son subvariante de Omicron **XBB.1.5** y **86%** son **otras Omicron**.

Semana 27, hay 8 secuencias registradas: el 25% son subvariante de Omicron XBB.1.5, el 25% son subvariante XBB.1.16, el 13% son subvariante EG.5 y el 37 % son otras Omicron.



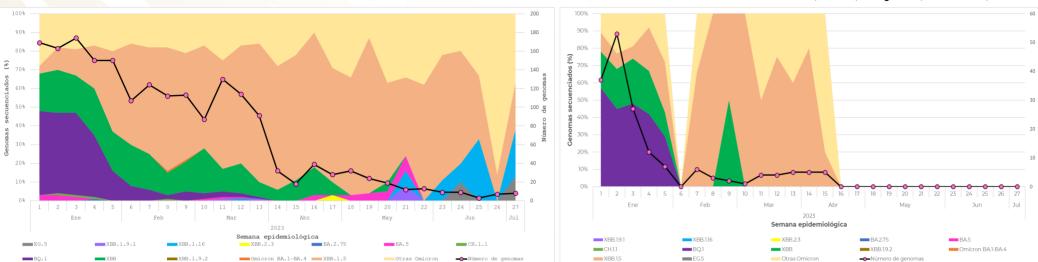
SALUD

SECRETARÍA DE SALUD



DIRECCIÓN GENERAL DE EPIDEMIOLOGÍA

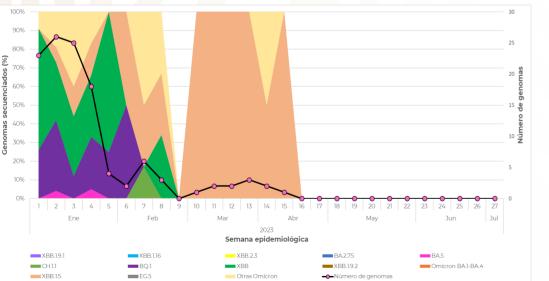
Variantes de SARS-CoV-2 por regiones a partir de semana epidemiológica 01 del año 2023



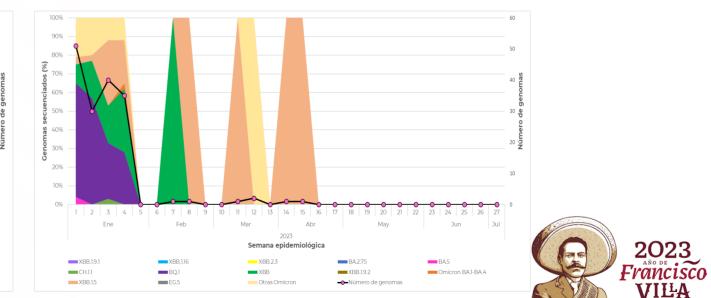
PACÍFICO NORTE: BCN, BCS, Nayarit, Sinaloa, Sonora

CTR: Hidalgo, Tlaxcala y Veracruz

CDM: Ciudad de México y Estado de México



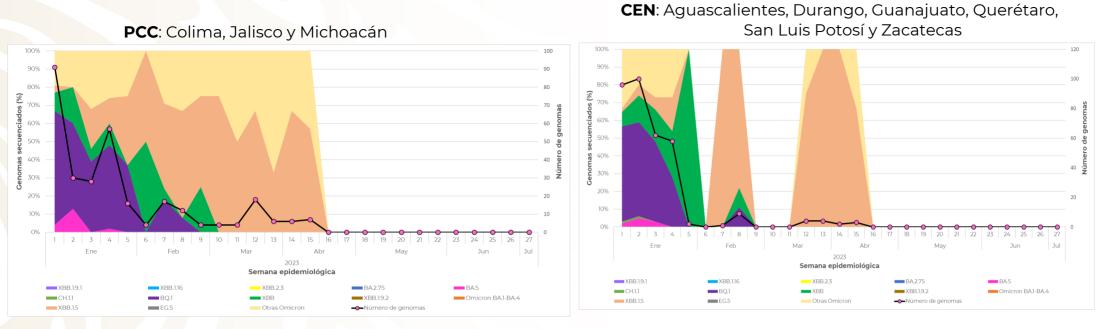
FRO: Chihuahua, Coahuila, Nuevo León y Tamaulipas



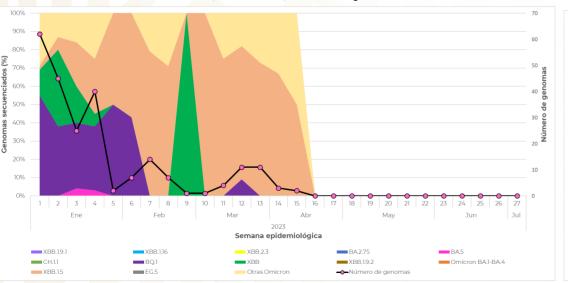
REVOLUCIONARIO DEL PUEBLO

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

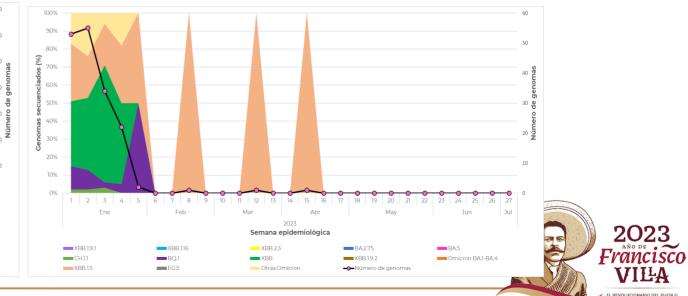
Variantes de SARS-CoV-2 por regiones a partir de semana epidemiológica 01 del año 2023



PCS: Guerrero, Morelos, Oaxaca y Puebla



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



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

*CEN. Semana 52 y 06 no se subieron genomas a GISAID