



Se integra el Consorcio Mexicano para Vigilancia Genómica (CoViGen-Mex)

Avanza la vigilancia epidemiológica de SARS-CoV-2 en México

Como apoyo a los esfuerzos de la Secretaría de Salud para identificar las variantes de SARS-CoV-2 que circulan en el país, así como su dispersión y evolución, se estableció el Consorcio Mexicano de Vigilancia Genómica (CoViGen-Mex), integrado por investigadores y especialistas del Instituto Mexicano del Seguro Social, el Instituto Nacional de Enfermedades Respiratorias, el Laboratorio Nacional de Genómica para la Biodiversidad del CINVESTAV y el Instituto de Biotecnología de la UNAM.

La vigilancia genómica es clave para explicar el comportamiento del virus y el desarrollo de la pandemia en el país, asimismo para detectar variantes virales con mutaciones que tengan el potencial de incrementar su transmisibilidad o virulencia: al alterar su susceptibilidad a la respuesta inmune natural o inducida por las vacunas, a la acción de fármacos específicos contra el virus, o bien a la sensibilidad de los métodos diagnósticos.

Las actividades del Consorcio iniciaron en febrero de 2021, se enmarcan dentro del Proyecto Nacional Estratégico de Investigación e Incidencia en Virología del CONACyT, y cuentan con el apoyo adicional de la Secretaría de Educación, Ciencia, Tecnología e Innovación de la Ciudad de México. El programa se realiza en coordinación con el Instituto Nacional de Referencia Epidemiológica (InDRE), atendiendo a lo dispuesto en los lineamientos para vigilancia de variantes del virus elaborado por la Dirección General de Epidemiología de la Secretaría de Salud. El Consorcio continuará la vigilancia genómica del virus por un año.

Dentro de las principales contribuciones del CoViGen-Mex están:

- La consolidación de un sistema multi-institucional con la capacidad para secuenciar más de 1,000 genomas de SARS-CoV-2 al mes.
- La implementación de una logística de muestreo nacional flexible, que puede ajustarse a cambios en la incidencia de casos y la presencia de variantes en distintas zonas de país.
- La secuenciación hasta ahora de 3,249 genomas completos del virus proveniente de los 32 estados de la República Mexicana.
- La identificación en México de variantes de preocupación correspondientes a los linajes B.1.1.7 (Inglaterra), P.1 (Brasil) y B.1.617 (India).
- La identificación de variantes de interés correspondientes a los linajes B.1.1.427/429 (California), B.1.525 y B.1.526 (Nueva York) y P.2 (Brasil).
- La confirmación de la predominancia del linaje B.1.1.519 en México.
- El reporte de la primera identificación en México de la variante de preocupación B.1.617, que circula actualmente y de manera predominante en la India.
- El desarrollo del sitio de internet MexCoV2 (<http://mexcov2.ibt.unam.mx:8080/COVIDTRACKER/>), en el que están accesibles de manera libre todas las secuencias mexicanas generadas por CoViGen-Mex, al igual que las obtenidas por otras instituciones. Y reportes semanales de los resultados.
- El análisis y modelado de la incidencia de los linajes en el país a través de las variables contenidas en el sistema de información nacional depurado sobre la evolución de la pandemia COVID-19 (<http://covid-19.iimas.unam.mx>).