



Munich Personal RePEc Archive

(SARS-CoV-2) COVID 19: Genomic surveillance and impact assessment on the indigenous language-speaking population in Mexico

Medel-Ramírez, Carlos and Medel-López, Hilario and
Lara-Mérida, Jennifer

Universidad Veracruzana / Instituto de Investigaciones y Estudios
Superiores Económicos y Sociales, Universidad Veracruzana /
Instituto de Antropología, Universidad de Xalapa / Facultad de
Derecho

28 November 2021

Online at <https://mpra.ub.uni-muenchen.de/110858/>
MPRA Paper No. 110858, posted 29 Nov 2021 09:51 UTC

(SARS-CoV-2) COVID 19: Vigilancia genómica y evaluación del impacto en la población hablante de lengua indígena en México

Carlos Medel-Ramírez
Universidad Veracruzana / Instituto de Investigaciones y Estudios Superiores Económicos y Sociales / Observes
ORC ID: 0000-0002-5641-6270
cmedel@uv.mx

Hilario Medel-López
Universidad Veracruzana / Instituto de Antropología
ORC ID: 0000-0002-0072-8654
hmedel@uv.mx

Jennifer Lara Mérida
Universidad de Xalapa / Facultad de Derecho
ORC ID: 0000-0003-2121-5652
jenniferlaram@gmail.com

Resumen

La importancia del documento de trabajo radica en que permite el análisis de la información y de casos asociados con el (SARS-CoV-2) COVID-19, a partir de la información diaria generada por el Gobierno de México a través de la Secretaría de Salud, responsable del Sistema de Vigilancia Epidemiológica de Enfermedades Respiratoria Viral (SVEERV). La información en el SVEERV se difunde como datos abiertos (open data), y el nivel de información se muestra a nivel municipal, estatal y nacional. Por otra parte, el seguimiento de la vigilancia genómica del (SARS-CoV-2) COVID-19, mediante la identificación de variantes y mutaciones se registra en la base de datos del Sistema de Información de la Global Initiative on Sharing All Influenza Data (GISAID) con sede en Alemania. Estas dos fuentes de información SVEERV y GISAID aportan la información para el análisis del impacto del (SARS-CoV-2) COVID-19 en la población en México. En la primera fuente de datos se identifica información, a nivel nacional, de pacientes según edad, sexo, comorbilidades y condición de presencia (SARS-CoV-2) COVID-19, entre otras características.

El análisis de datos se realiza mediante el diseño de un algoritmo aplicando técnicas y metodología de minería de datos, para estimar la tasa de letalidad, índice de positividad e identificar una tipología atendiendo a la gravedad de la infección identificada en pacientes quienes presentan un resultado positivo para (SARS-CoV-2) COVID-19. De la segunda fuente de datos, se obtiene información a nivel mundial de las nuevas variantes y mutaciones del (SARS-CoV-2) COVID-19, aportando información valiosa para la vigilancia genómica oportuna. El presente estudio analiza el impacto del (SARS-CoV-2) COVID-19 en la población hablante de lengua indígena permite proporcionar información, de forma rápida y oportuna para apoyar el diseño de política pública en materia de salud.

Resume

The importance of the working document is that it allows the analysis of information and cases associated with (SARS-CoV-2) COVID-19, based on the daily information generated by the Government of Mexico through the Secretariat of Health, responsible for the Epidemiological Surveillance System for Viral Respiratory Diseases (SVEERV). The information in the SVEERV is disseminated as open data, and the level of information is displayed at the municipal, state and national levels. On the other hand, the monitoring of the genomic surveillance of (SARS-CoV-2) COVID-19, through the identification of variants and mutations, is registered in the database of the Information System of the Global Initiative on Sharing All Influenza Data (GISAID) based in Germany. These two sources of information SVEERV and GISAID provide the information for the analysis of the impact of (SARS-CoV-2) COVID-19 on the population in Mexico. The first data source identifies information, at the national level, on patients according to age, sex, comorbidities and COVID-19 presence (SARS-CoV-2), among other characteristics. The data analysis is carried out by means of the design of an algorithm applying data mining techniques and methodology, to estimate the case fatality rate, positivity index and identify a typology according to the severity of the infection identified in patients who present a positive result. for (SARS-CoV-2) COVID-19. From the second data source, information is obtained worldwide on the new variants and mutations of COVID-19 (SARS-CoV-2), providing valuable information for timely genomic surveillance. This study analyzes the impact of (SARS-CoV-2) COVID-19 on the indigenous language-speaking population, it allows us to provide information, quickly and in a timely manner, to support the design of public policy on health.

Introducción

La utilización de modelos de minería de datos han permitido analizar información sobre la presencia del (SARS-CoV-2) COVID 19 a nivel mundial y particularmente en México. El análisis de la problemática social en la salud pública provocada por el (SARS-CoV-2) COVID 19 dirige las acciones de la comunidad científica para identificar la posible solución, ante el escenario de crisis que se presenta en los sistemas de salud pública. El vertiginoso avance de las investigaciones sobre el (SARS-CoV-2) COVID 19, ha permitido un cambio en el paradigma de la divulgación y publicación de los resultados de investigación científica, en virtud de que se pondera la necesidad apremiante de una mayor rapidez en la comunicación de los resultados de investigación, situación que ha permitido abrir las fronteras del conocimiento y crear oportunidades para el desarrollo científico, ya que la finalidad es atender la emergencia de salud, cuya dimensión es mundial. La presencia de (SARS-CoV-2) COVID 19 en el territorio de México¹ nos invita a las siguientes reflexiones: ¿cómo ha impactado el (SARS-CoV-2) COVID 19 a la población hablante de lengua indígena en México? y ¿qué variantes genómicas han sido identificadas en México desde abril de 2020 hasta septiembre de 2021?

Este documento analiza la información sobre la presencia del (SARS-CoV-2) COVID 19 en México, utilizando técnicas de minería de datos para diseñar un algoritmo²

¹ El 27 de febrero de 2020 se registró el primer caso de (SARS-CoV-2) COVID 19 en México. De acuerdo con el registro de (SARS-CoV-2) COVID 19, refiere a un paciente de nacionalidad mexicana procedente de Italia, quien presentó síntomas leves. Véase. El Economista. (2020). "Secretaría de Salud confirma el primer caso de coronavirus en México". Sección: Política. 28 de febrero de 2020. Recuperado de: <https://www.eleconomista.com.mx/politica/Secretaria-de-Salud-confirma-el-primer-caso-de-coronavirus-en-Mexico-20200228-0061.html>

² El presente artículo se basa en la propuesta presentada por Medel-Ramírez, Carlos & Medel-López, Hilario, 2020. "Data Article. Data mining for the study of the Epidemic (SARS- CoV-2) COVID-19: Algorithm for the identification of patients (SARS- CoV-2) COVID 19 in Mexico," MPRA Paper 100888, University Library of Munich, Germany. Este documento ha sido citado en el libro de Marie-Odile Safon y Véronique Suhard (2020) "Covid-19 Éléments de littérature scientifique Bibliographie thématique Septembre 2020. Centre de documentation del L'Institut de recherche et documentation en économie de la santé (Irdes), France." ISBN 978-2-87812-526-9, siendo considerado como una aportación al estudio del (SARS-CoV-2) COVID-19 e integrado en la sección de estudios internacionales relativos a aspectos epidemiológicos y modelos de propagación de la infección. (Véase página 54 del documento citado). Recuperado de: <https://www.irdes.fr/documentation/syntheses/covid-19-premiers-elements-de-litterature-scientifique.pdf>

que permite evaluar el impacto del (SARS-CoV-2) COVID 19 en la población hablante de lengua indígena en México, analizando para ello, la tasa de letalidad, índice de positividad, nivel de gravedad de infección así como la identificación de las variantes genómicas presentes en el país, con la finalidad de identificar el grado de presencia de aquellas que muestran un mayor nivel de contagio.

El análisis de la información tiene como fecha de corte el 3 de septiembre de 2021, con datos de dos fuentes de información, nacional e internacional. La fuente de datos a nivel nacional proviene del Sistema de Vigilancia Epidemiológica de Enfermedades Respiratoria Viral (SVEERV); mientras que la fuente internacional emana del Sistema de Información de la Global Initiative on Sharing All Influenza Data (GISAID) con sede de Alemania. De la fuente de información nacional, corresponde al registro diario realizado por el Gobierno de México a través de la Secretaría de Salud, responsable del Sistema de Vigilancia Epidemiológica de Enfermedades Respiratoria Viral (SVEERV).³ La información del SVEERV se difunde como datos abiertos (open data) y la información se muestra a nivel municipal, estatal y nacional. El seguimiento de la vigilancia genómica del (SARS-CoV-2) COVID-19, se realiza mediante la identificación variantes y mutaciones registradas en la base datos del Sistema de Información de la Global Initiative on Sharing All Influenza Data⁴ (GISAID) con sede de Alemania, con información que proveen las autoridades sanitarias a nivel nacional de diversos países, con un nivel de periodicidad y de calidad en la identificación de las variantes genómicas identificadas a nivel mundial.

La primera fuente de datos contiene información, a nivel nacional, estatal y municipal de pacientes según edad, sexo, comorbilidades y condición de presencia (SARS-CoV-2) COVID-19, entre otras características. El análisis de datos se realiza

³ Véase. Secretaría de Salud (2021). Información referente a casos COVID-19 en México. Recuperado de: <https://datos.gob.mx/busca/dataset/informacion-referente-a-casos-covid-19-en-mexico>

⁴ Véase. Global Initiative on Sharing All Influenza Data (GISAID) (2021). Genomic epidemiology of hCoV-19. Recuperado de: <https://www.gisaid.org/>

mediante el diseño de un algoritmo aplicando técnicas y metodología de minería de datos, para estimar la tasa de letalidad, el índice de positividad e identificar una tipología atendiendo a la gravedad de la infección identificada en pacientes quienes presentan un resultado positivo para (SARS-CoV-2) COVID-19. Mientras que de la segunda fuente de datos, se obtiene información a nivel mundial de las nuevas variantes y mutaciones del (SARS-CoV-2) COVID-19, aportando información valiosa para la vigilancia genómica oportuna.⁵

La importancia de la presente investigación es su pertinencia en una línea dentro de los Proyectos Nacionales de Investigación e Incidencia (Pronaii) y (PRONACES) 2021, que se enmarca en el Eje temático “Salud”, en el tema: “Vigilancia genómica del SARS-CoV-2”, correspondiente al subtema: “Análisis de metadatos y secuenciación genómica SARS-CoV-2”.⁶ El presente estudio analiza el impacto del (SARS-CoV-2) COVID-19 en la población hablante de lengua indígena permite proporcionar información, de forma rápida y oportuna para apoyar el diseño de política pública en materia de salud.

(SARS-CoV-2) COVID 19: Un coronavirus emergente

Si bien, desde el año 1968 se tiene registro de los coronavirus, el actual (SARS-CoV-2) COVID-19⁷ presenta un nivel de contagio exponencial, una adaptabilidad y mutación rápida⁸. (Musarrat Abbas K., *et al.*, 2020:2) señalan que el (SARS-CoV-

⁵ Véase. World Health Organization (2021). SARS-CoV-2 genomic sequencing for public health goals. Recuperado de: https://www.who.int/publications/i/item/WHO-2019-nCoV-genomic_sequencing-2021.1

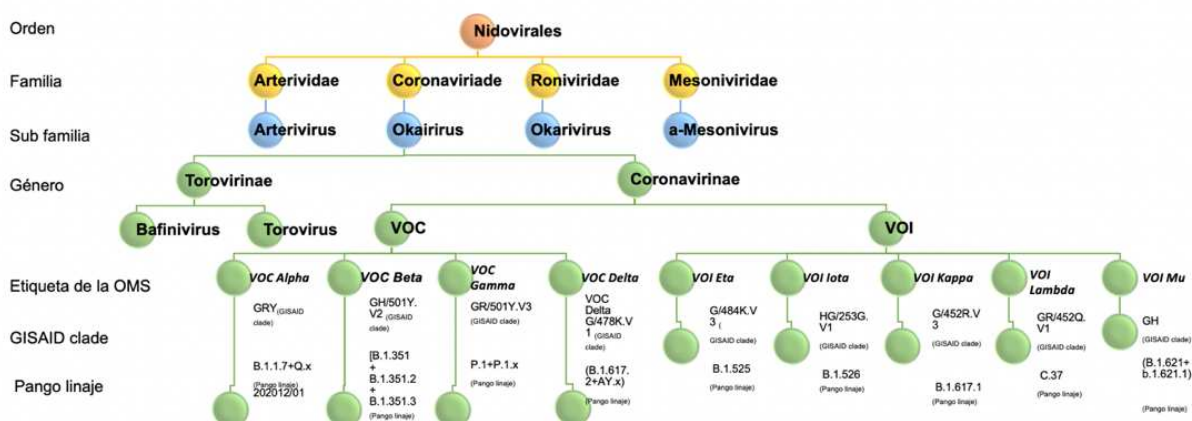
⁶ Véase. Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología. (2021). “Proyectos Nacionales de Investigación e Incidencia (Pronaii)”. Recuperado de: <https://conacyt.mx/pronaces/pronaces-salud/>

⁷ El término de coronavirus se acuñó en el año de 1968, y se describe en el artículo de Tyrrel, D. A. J., J. D. Almedia, D. M. Berry, C. H. Cunningham, D. Hamre, M. S. Hofstad, L. Malluci, and K. McIntosh. (1968). Coronavirus. *Nature* 220:650. Recuperado de: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7182643/>

⁸ En un informe de fecha 11 de noviembre de 2020, se destaca que en materia de producción de vacunas para enfrentar el (SARS-CoV-2) COVID 19, se tienen los siguientes desarrollos: 1) AstraZeneca vacuna multinacional sueca desarrollada por la Universidad de Oxford, con un eficiencia de un 90% en fase III; 2) Sinopharm vacuna de farmacéutica china con ensayos en China, Brasil y Bahréin, en fase de prueba final; 3) Pfizer y BioNTech vacuna alemana con una eficiencia de un 90% en fase III; 4) Moderna vacuna estadounidense con una eficiencia de un 94.5% en última fase de ensayos clínicos; 5) Instituto de Epidemiología de Moscú vacuna rusa con una eficiencia del 95% y en producción final; y 6) CureVac vacuna alemana

2) COVID 19 pertenece a la orden de *Nidovirales* y familia *Coronaviridae*⁹, de las que se desprenden dos subfamilias: a) *Coronavirus* y b) *Torovirus*. Dentro de la subfamilia de *Coronavirus*, los genes identificados corresponden a los siguientes: a) VOC Alpha, b) VOC Beta, c) VOC Delta Cov, d) VOC Gamma, e) VOC Delta, f) VOI Eta, g) VOI Iota, h) VOI Kappa, i) VOI Lambda y j) VOI Mu. (Véase Gráfico 1, a continuación).

Gráfico 1 Clasificación de Coronavirus



Fuente: Elaboració propia.

Adaptado del propuesto en "Junejo Y., et al. (2020). Novel SARS-CoV-2/COVID 19: Origin, pathogenesis, genes and genetic variations, immune responses and phylogenetic analysis, Gene Reports. Vol. 20, 2020, 100752, p. 2", y se actualiza con información del "Institute of Social and Preventive Medicine University of Bern, Switzerland& SIB Swiss Institute of Bioinformatics, Switzerland (2021)" y de la "Global Initiative on Sharing All Influenza Data (GISAID) (2021). Genomic epidemiology of hCoV-19", con fecha de corte al 3 de septiembre de 2021. Recuperado de: <https://www.epicov.org/epi3/frontend#631ee5>

experimental en proceso final de ensayos. Véase. Reuters. (2020). ¿Cuáles son y en qué fase están las posibles vacunas contra la COVID 19. Recuperado de: <https://www.eitb.eus/es/noticias/sociedad/detalle/7622841/listado-posibles-vacunas-covid19-noviembre-2020/>

⁹ El nombre de Coronaviridae se debe a que el virus presenta una especie de picos en formas de corona. Véase. 10. Weiner L.P. (1987) Coronaviruses: A Historical Perspective. In: Lai M.M.C., Stohman S.A. (eds) Coronaviruses. Advances in Experimental Medicine and Biology, vol 218. Springer, Boston, MA. https://doi.org/10.1007/978-1-4684-1280-2_1, p. 2

En la actualidad se han registrado nuevas variantes genómicas del virus¹⁰, identificadas en variantes prioritarias¹¹ (VOC) y variantes de interés¹² (VOI), siendo las siguientes:¹³

1. [VOC], [**Alpha** (WHO label)], [**GRY** (GISAID clade)], [**B.1.1.7+Q.x** (Pango linaje)], 202012/01 detectada por primera vez en Gran Bretaña, 18 de diciembre de 2020.¹⁴
2. [VOC], [**Beta** (WHO label)], [**GH/501Y.V2** (GISAID clade)], [**B.1.351 + B.1.351.2 + B.1.351.3** (Pango linaje)], detectada por primera vez en Sudáfrica, 18 de diciembre de 2020.¹⁵
3. [VOC], [**Gamma** (WHO label)], [**GR/501Y.V3** (GISAID clade)], [**P.1+P.1.x** (Pango linaje)], detectada por primera vez en Brasil y Japón el 11 de enero del 2021¹⁶
4. [VOC], [**Delta** (WHO label)], [**G/478K.V1** (GISAID clade)], [**B.1.617.2+AY.x** (Pango linaje)], detectada por primera vez en la India el 11 de mayo de 2021.¹⁷
5. [VOI], [**Eta** (WHO label)], [**G/484K.V3** (GISAID clade)], [**B.1.525** (Pango linaje)], detectada por primera vez en Reino Unido y Nigeria.¹⁸
6. [VOI], [**Iota** (WHO label)], [**HG/253G.V1** (GISAID clade)], [**B.1.526** (Pango linaje)], detectada por primera vez en Estados Unidos de América / Nueva York.¹⁹

¹⁰ Para mayor información sobre la identificación de nuevas variantes genómicas del SARS-CoV-2 COVID-19, véase la contenida en el sitio web administrado por Centros para el control y la prevención de enfermedades. Véase <https://espanol.cdc.gov/coronavirus/2019-ncov/variants/variant-info.html#Interest>

¹¹ De acuerdo con la clasificación del Ministerio de Salud de Argentina la variante prioritaria identificada como (VOC): a) se identifica por un incremento de la transmisión y mayor número de casos en una región, b) se identifica por un incremento en la transmisión de contagio o c) se identifica por disminuir la capacidad de las medidas de control, diagnósticos o vacunas Véase. Ministerio de Salud de Argentina (2021). COVID 19 Situación actual de las nuevas variantes SARS-CoV-2. Informe técnico. Julio 2021. p. 2 Recuperado de: <https://www.argentina.gob.ar/sites/default/files/2021/07/vigilancia-genomica-se26.pdf>

¹² Variantes de interés (VOI): Es la identificación de una variante atendiendo a su identificación fenotípica la cual presenta mutaciones que llevan a cambios de aminoácidos asociados a cambios fenotípicos establecidos. Véase. Ministerio de Salud de Argentina (2021). COVID 19 Situación actual de las nuevas variantes SARS-CoV-2. Informe técnico. Op.cit.

¹³ La nomenclatura que identifica las variantes identificadas del (SARS-CoV-2) COVID 19 ha sido sistematizada para nombrar y rastrear los linajes genéticos del SARS-CoV-2 es realizada por la GISAID, Nextstrain y Pango. Véase. Organización Mundial de la Salud (2021). "Seguimiento de las variantes del SARS-CoV-2". Recuperado de: <https://www.who.int/es/activities/tracking-SARS-CoV-2-variants>

¹⁴ Véase. Centers for Disease Control and Prevention. (2021). "Emerging SARS-CoV-2 Variants". Enero 15 2021. Recuperado de: <https://www.cdc.gov/coronavirus/2019-ncov/more/science-and-research/scientific-brief-emerging-variants.html>

¹⁵ Véase. Centers for Disease Control and Prevention. (2021). Op. cit

¹⁶ Véase. Centers for Disease Control and Prevention. (2021). Op. cit

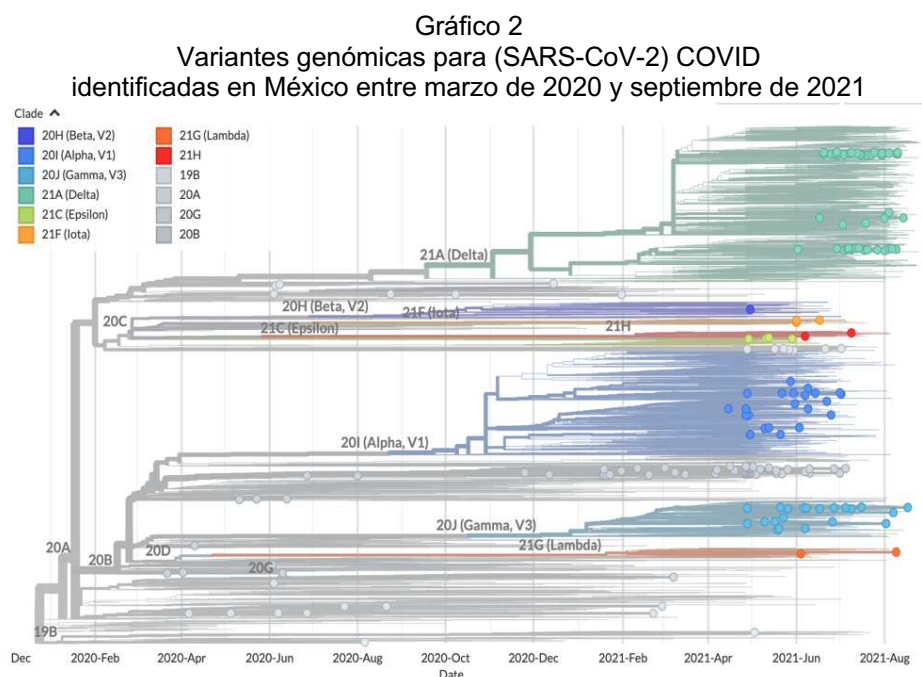
¹⁷ Véase. GISAID: Global initiative on sharing all influenza data (2021). "Open access to epidemic and pandemic virus data". Recuperado de: <https://www.gisaid.org/>

¹⁸ Véase. GISAID: Global initiative on sharing all influenza data (2021). "Open access to epidemic and pandemic virus data". Op. cit.

¹⁹ Véase. GISAID: Global initiative on sharing all influenza data (2021). Op. cit.

7. [VOI], [**Kappa** (WHO label)], [**G/452R.V3** (GISAID clade)], [**B.1.617.1** (Pango linaje)], detectada por primera vez la India.²⁰
8. [VOI], [**Lambda** (WHO label)], [**GR/452Q.V1** (GISAID clade)], [**C.37** (Pango linaje)], detectada por primera vez en Perú.²¹
9. [VOI], [**Mu** (WHO label)], [**GH** (GISAID clade)], [**B.1.121+b.1.21.1** (Pango linaje)], detectada por primera vez en Colombia.²²

En México las variantes genómicas presentes al 3 de septiembre de 2021 son: VOC Alpha, VOC Beta, VOC Gamma, VOC Delta, VOI Eta, VOI Iota y VOI Lambda. Véase Gráfico 2 a continuación en la que se presentan las variantes identificadas en el período de marzo de 2020 a septiembre 2021.



Fuente: NextTrain. (2021). "Genomic epidemiology of novel coronavirus. Global subsampling ". 3 de septiembre de 2021. Recuperado de: <https://nextstrain.org/ncov/gisaid/global>

En el Gráfico 2 muestra la distribución de 435 genomas registradas en el GISAID, los cuales fueron detectados en México entre el mes de marzo de 2020 y septiembre de 2021. Cabe destacar que se encontraron 85 registros de la variante genómica [VOC], [**Delta** (WHO label)], [**G/478K.V1** (GISAID clade)], [**B.1.617.2+AY.x** (Pango linaje)] en el país. La variante **Delta** (WHO label) es una de las variantes que ha mostrado un mayor nivel de contagio.

²⁰ Véase. GISAID: Global initiative on sharing all influenza data (2021). Op. cit.

²¹ Véase. GISAID: Global initiative on sharing all influenza data (2021). Op. cit.

²² Véase. GISAID: Global initiative on sharing all influenza data (2021). Op. cit.

Valor de los datos

La (OMS, 2020) describe que el patrón del (SARS-CoV-2) COVID-19 presenta cuatro tipologías dependiendo de la gravedad de la intensidad de contagio, siendo estas: i) no infectado o ii) infectado; en este finalmente, cuatro categorías se identifican en cada caso: a) infección leve, b) infección moderada, c) infección grave y d) infección crítica.

Dependiendo de la categoría observada en pacientes que tienen confirmación de infectado, como en el caso de a) o b) puede asumir el carácter de ambulatorio, por lo que la estrategia es el aislamiento o “cuarentena” en el domicilio, donde el resultado esperado es que se recupere. En cuanto a los pacientes que tienen confirmación de infectado, en categorías c) y d) asumen el carácter de paciente hospitalizado, con probabilidad de requerir cuidados en unidades de cuidados intensivos y que requieran intubación, y donde se espera salvar al mayor número de pacientes posible, ante recursos hospitalarios escasos y una demanda creciente de pacientes que requieren de servicios especializados de atención médica.

En (Alvarez-Luna *et al.*, 2021) y (Dogan, O., Tiwari, S., Jabbar, M.A. *et al.* , 2021) coinciden que el estudio del (SARS-CoV-2) COVID 19, ha sido abordado por pocos estudios que han utilizado técnicas de análisis de minería de datos, destacándose los trabajos presentados por (Albahri AS, Hamid RA *et al.* , 2020), (Ding Z, Qin Z, Qin Z, 2017), (Kumar S, 2020), (Medel-Ramírez C, Medel-Lopez H, 2020), (Melin, *et al.*, 2020) y (Muik, *et al.*, 2021) y (Wahbeh A, Nasrallah T, Al-Ramahi M, El-Gayar O, 2020).

(Medel-Ramírez C, Medel-Lopez H, 2020) presentan un estudio mediante la aplicación de técnicas de minería de datos y el diseño de un algoritmo para la identificación de pacientes hablantes de lengua indígena, quienes han presentado un resultado positivo para (SARS-CoV-2) COVID 19 en México. Este estudio analiza la información a nivel municipal, estatal y nacional, presentando las categorías de análisis relativa a: edad, sexo, comorbilidades presentes, así como la estrategia médica empleada en el tratamiento y da cuenta de las defunciones registradas atendiendo a su grado de infección que presentaron los pacientes.

Fuente de datos

El presente estudio se abastece de dos fuentes de información: a) A nivel nacional, con información proveniente del Sistema de Vigilancia Epidemiológica de Enfermedades Respiratoria Viral (SVEERV), a cargo de la Secretaría de Salud de México; y b) A nivel internacional, con información del Sistema de Información de la *Global Initiative on Sharing All Influenza Data* (GISAID) con sede de Alemania.

La Secretaría de Salud con la participación del Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACYT), el Centro de Investigación en Ciencias de la Información Geoespacial (CENTROGEO), el Laboratorio Nacional de Geointeligencia (GEOINT), el Laboratorio de Datos del Laboratorio Nacional de Geointeligencia (DataLab), presentan un informe diario que da cuenta de la presencia de casos de (SARS-CoV-2) COVID-19, siendo este medio oficial de comunicación e información sobre la epidemia en México.²³ La información en el SVEERV se difunde como datos abiertos (open data) y su información se presenta a nivel municipal, estatal y nacional. Esta fuente de información proporciona el número de casos registrados por (SARS-CoV-2) COVID-19 por la Secretaría de Salud responsable del Sistema

²³ La información de los casos registrados de (SARS-CoV-2) COVID-19 en México, se concentra a diario en el Sistema de Vigilancia Epidemiológica de Enfermedades Respiratoria Viral desde el día 19 de abril de 2020, siendo éste el canal de comunicación e información oficial sobre la epidemia en México. Los datos se presentan con una desagregación a nivel municipal, estatal y nacional, atendiendo a las categorías de edad, sexo, comorbilidades presentes y asociadas a la condición de presencia de (SARS-CoV-2) COVID-19.

de Vigilancia Epidemiológica de Enfermedades Respiratoria Viral (SVEERV) y proviene del sitio web <https://datos.gob.mx/busca/dataset/informacion-referente-a-casos-covid-19-en-mexico>.

La segunda fuente de información es el Sistema de Información de *Global Initiative on Sharing All Influenza Data* (GISAID), quien da cuenta del seguimiento y vigilancia genómica del (SARS-CoV-2) COVID-19, mediante el registro e identificación variantes y mutaciones reportadas por organismos de salud pública, laboratorios de diagnóstico e instituciones de salud pública y privada internacionales.

Método

El tratamiento de la información se realiza a través del diseño de un algoritmo²⁴ que se construye con el apoyo del software de aplicación para minería de datos y programación visual Orange Data Mining²⁵ versión 3.29.3., el cual es una suite de minería para el análisis de datos que emplea programación visual y scripts en Python. De esta forma se han diseñado los siguientes algoritmos para el estudio del (SARS-CoV-2) COVID 19 en México: a) algoritmo para la estimación de tasa de letalidad e índice de positividad en casos registrados de (SARS-CoV2) COVID 19 que indicó hablar lengua indígena en México, b) algoritmo para la estimación de tasa de gravedad de la infección del (SARS-CoV2) COVID 19 en la población hablante de lengua indígena en México; y c) algoritmo para el análisis y seguimiento genómico de VOC i j Delta = [Delta (WHO label)], [G/478K.V1 (GISAID clade)],[B.1.617.2+AY.x (Pango linaje)] del (SARS-CoV-2) COVID-19 en México.

²⁴ El diseño del algoritmo de minería de datos a que a continuación se presenta, se integra de las definiciones, condiciones heurísticas y cálculos mediante los cuáles se construye el modelo para de análisis de la información para conocer el impacto del (SARS-CoV-2) COVID-19 en México. La estructura se presenta en pseudo código, el cual emplea programación visual y scripts en Python.

²⁵ El software de aplicación para minería de datos y programación visual Orange Data Mining fue desarrollado por el Laboratorio de Bioinformática de la Facultad de Informática y Ciencias de la Información de la Universidad de Ljubljana, Eslovenia. Es un software libre y sus características principal reside en su funcionalidad para la programación visual front-end dirigida a la exploración de datos y la visualización de resultados, así como una biblioteca especializada de Python. Véase. Software Orange Data Mining version 3.29.3. Recuperado de: <https://orangedatamining.com/>

A continuación se presenta los apartados que dan cuenta de la estructura metodológica para la construcción de los algoritmos empleando técnicas de minería de datos para el análisis del impacto y seguimiento genómico del (SARS-CoV-2) COVID-19 en México.

A. Análisis del impacto del (SARS-CoV-2) COVID-19 en la población hablante de lengua indígena en México

Con la fuente de datos que proviene de la información registrada por la Secretaría de Salud de México, y que se presenta como datos abiertos (open-data), en formato de valores separados por comas (CVS). El procesamiento de datos corresponde a los registros de la epidemia (SARS-CoV-2) COVID-19 con un corte al 3 de septiembre de 2021. En la construcción del algoritmo para el estudio del (SARS-CoV-2) COVID-19 en México, se basa un modelo de análisis de información, el cual se estructura a partir de las siguientes definiciones.

Definición a.1.- Total de pacientes a considerar en el modelo (SARS-CoV-2) COVID-19.- Es el número de pacientes totales según el resultado confirmatorio de laboratorio para (SARS-CoV-2) COVID-19).

Sea:

$TP_{SARS-CoV-2\ i\ j}$ = Total de pacientes según (SARS-CoV-2) COVID-19 según resultado confirmatorio.

De los cuales:

$P^+_{SARS-CoV-2\ i\ j}$ = Total de pacientes con resultado positivo²⁶ (SARS-CoV-2) COVID-19 en el estado y/o municipio.

²⁶ En el "Lineamiento estandarizado para la vigilancia epidemiológica y por laboratorio de la enfermedad respiratoria viral" de la Secretaría de Salud, identifica como pacientes con confirmación positiva para (SARS-CoV-2) COVID-19, c aquellos pacientes cuyo resultado de laboratorio presentan una confirmación positiva para (SARS-CoV-2) COVID-19 i j. En este sentido, la condición de los pacientes con resultado de confirmación positiva identificándose los siguientes escenarios: a) (SARS-CoV-2) COVID-19 confirmado por asociación clínica epidemiológica, b) (SARS-CoV-2) COVID-19 confirmado por comité de dictaminación o c) (SARS-CoV-2) COVID-19 confirmado. Véase. Secretaría de Salud. (2021). "Lineamiento estandarizado para la vigilancia epidemiológica y por laboratorio de la enfermedad respiratoria viral". Recuperado de: https://coronavirus.gob.mx/wp-content/uploads/2021/02/Lineamiento_VE_y_Lab_Enf_Viral_Ene-2021_290121.pdf

$P^- \text{ SARS-CoV-2 } ij$ = Total de pacientes con resultado negativo (SARS-CoV-2) COVID-19 en el estado y/o municipio.

$P^x \text{ SARS-CoV-2 } ij$ = Total de pacientes sospechosos²⁷ (SARS-CoV-2) COVID-19 en el estado y/o municipio.

Entonces:

$$TP \text{ SARS-CoV-2 } ij = (P^+ \text{ SARS-CoV-2 } ij) + (P^- \text{ SARS-CoV-2 } ij) + (P^x \text{ SARS-CoV-2 } ij)$$

donde: i = estado, j = municipio.

Definición a.2.- Total de pacientes con confirmación de positiva para (SARS-CoV2) COVID-19 según estrategia de tratamiento médico (ETM).- Corresponde al número total de pacientes con confirmación positiva para el SARS-CoV-2 COVID-19, según la estrategia de tratamiento médico determinada para su atención, en función de la tipología de gravedad de infección y comorbilidades presentes.

La estrategia de atención médica requerida para pacientes con resultado positivo para (SARS-CoV2) COVID-19 , atendiendo a su gravedad de infección identificada, presenta los siguientes escenarios de atención médica:

Sea:

$ETM \text{ } P^+ \text{ SARS-CoV-2 } ij$ = Estrategia de tratamiento médico para pacientes con un resultado positivo para (SARS-CoV-2) COVID-19, basado en la estrategia de tratamiento médico (ETM $P^+ \text{ SARS-CoV-2 } ij$), de conformidad con su grado de infección y comorbilidades presentes, plantea dos escenarios de acción: 1) Estrategia de atención médica para pacientes con resultado positivo para (SARS-CoV2) COVID-19 con atención médica ambulatoria, y 2) Estrategia de

²⁷ Según la Organización Mundial de la Salud, hay 3 categorías (identificadas como Tipo 1, Tipo 2 y Tipo 3) para identificar casos sospechosos de (SARS-CoV-2) COVID-19. Un paciente asume la categoría de sospechoso para (SARS-CoV-2) COVID-19 si las características diagnósticas señaladas por la Organización Mundial de la Salud presenta las siguientes consideraciones. Sea: $P^x \text{ SARS-CoV-2 } ij$ = Paciente con clasificación inicial como caso sospechoso de (SARS-CoV-2) COVID-19, donde: $P^x \text{ SARS-CoV-2 } ij = P^x \text{ (SARS-CoV-2) COVID-19 Tipo 1} + P^x \text{ (SARS-CoV-2) COVID-19 Tipo 2} + P^x \text{ (SARSCoV-2) COVID-19 Tipo 3}$. Identificandose los siguientes escenarios:

1. $P^x \text{ (SARS-CoV-2) COVID-19 Tipo 1.-}$ Confirmado por asociación aplica cuando el caso informó ser contacto de un positivo a COVID-19 (y este se encuentra registrado en el SISVER) y al caso no se le tomo muestra o la muestra resultó no válida.
2. $P^x \text{ (SARS-CoV-2) COVID-19 Tipo 2.-}$ Confirmado por dictaminación solo aplica para defunciones bajo las siguientes condiciones: Al caso no se le tomo muestra o sí se tomó muestra, pero la muestra resultó no válida.
3. $P^x \text{ (SARS-CoV-2) COVID-19 Tipo 3.-}$ Confirmado aplica cuando: El caso tiene muestra de laboratorio o prueba antigénica y resultó positiva a SARS-CoV-2, sin importar si el caso tienen asociación clínica epidemiológica.

atención médica para pacientes con resultado positivo para (SARS-CoV2) COVID-19 con atención médica hospitalaria.

Sea:

1. $ETM_{Ambulatoria [P+ SARS-CoV-2]_{ij}} =$ Total de pacientes con resultado positivo para (SARS-CoV2) COVID-19 con estrategia de atención médica ambulatoria, según estado y/o municipio.
2. $ETM_{Hospitalaria [P+ SARS-CoV-2]_{ij}} =$ Total de pacientes con resultado positivo para (SARS-CoV2) COVID-19 con atención médica hospitalaria²⁸ según estado y/o municipio.

Entonces:

$$ETM_{P+ SARS-CoV-2]_{ij}} = ETM_{Ambulatoria [P+ SARS-CoV-2]_{ij}} + ETM_{Hospitalaria [P+ SARS-CoV-2]_{ij}}$$

Definición a.3.- Total de pacientes con resultado positivo para (SARS-CoV-2) COVID-19 con atención médica hospitalaria con acceso al área de cuidados intensivos (UCI).- Es el número total de pacientes con resultado positivo para SARS-CoV-2 COVID-19 con estrategia de tratamiento médico ($ETM_{Hospitalaria [P+ SARS-CoV-2]_{ij}}$) que requieren de acceso a la unidad de cuidados intensivos (UCI) , en función de grado de gravedad de la infección.

Sea:

$$[(ETM_{Hospitalaria (P+ SARS-CoV-2]_{ij}})_{UCI}]_{ij} = \text{Total de pacientes con resultado positivo para (SARS-CoV-2) COVID-19 con estrategia de atención médica hospitalaria y con acceso a la unidad de cuidados intensivos (UCI) según estado y/o municipio.}$$

Definición a.4.- Total de pacientes con resultado positivo para (SARS-CoV-2) COVID-19 con atención médica hospitalaria con acceso a a la unidad de cuidados intensivos (^{UCI}) y con procedimiento de intubación por insuficiencia respiratoria en el área de cuidados intensivos.

²⁸ La atención de los P + SARS-CoV-2 UCI ij , dependiendo de la gravedad de la infección pueden acceder a dos escenarios de atención:

- I. Pacientes con resultado positivo para (SARS-CoV-2) COVID-19 con atención médica hospitalaria, con acceso al área de cuidados intensivos (UCI) y con acceso a procedimiento de intubación por insuficiencia respiratoria.
- II. Pacientes con resultado positivo para (SARS-CoV-2) COVID-19 con atención médica hospitalaria, con acceso al área de cuidados intensivos (UCI), que no requieren de intubación.

Sea:

$[(ETM_{Hospitalaria} (P+ SARS-CoV-2) UCI (Intubación))]_{ij}$ = Número total de pacientes con resultado positivo para (SARS-CoV-2) COVID-19 con estrategia de atención médica hospitalaria con acceso a unidad de cuidados intensivos y con procedimiento de intubación por insuficiencia respiratoria según estado y/o municipio.

Definición a.5.- Total de defunciones de pacientes con resultado positivo para (SARS-CoV-2) COVID-19.- Corresponde al número total de defunciones de pacientes con confirmación positiva para (SARS-CoV 2) COVID-19 registrado en la base de datos del Sistema de Vigilancia Epidemiológica de Enfermedades Respiratoria Viral.

Donde:

Defunciones $[P+ SARS-CoV-2]_{ij}$ = Número total de defunciones de pacientes con confirmación positiva para (SARS-CoV 2) COVID-19 registrado en la base de datos del Sistema de Vigilancia Epidemiológica de Enfermedades Respiratoria Viral, y cuyo valor en el campo (DATE_DEF sea diferente al valor “9999-99-99”).

Definición a.6.- Tasa de letalidad (SARS-CoV-2) COVID-19.- Es la proporción del número de personas fallecidas por (SARSCoV-2) COVID-19 entre número total de pacientes con resultado positivo para (SARS-CoV-2) COVID-19, en un período y en área determinada.

Sea:

$TL_{SARS-CoV-2} ij$ = Tasa de letalidad de (SARS-CoV-2) COVID-19 según estado y/o municipio.

Donde:

1. Defunciones $[P+ SARS-CoV-2]_{ij}$ = Número total de defunciones de pacientes con confirmación positiva para (SARS-CoV 2) COVID-19 registrado en la base de datos del Sistema de Vigilancia Epidemiológica de Enfermedades Respiratoria Viral según estado y/o municipio.
2. $P+ SARS-CoV-2 ij$ = Total de pacientes con resultado positivo (SARS-CoV-2) COVID-19 en el estado y/o municipio.

Siendo:

$TL_{SARS-CoV-2} ij = (\text{Número total de defunciones de pacientes con confirmación positiva para (SARS-CoV 2) COVID-19 registrado en la base de datos del Sistema de$

Vigilancia Epidemiológica de Enfermedades Respiratoria Viral según estado y/o municipio dividido por el total de pacientes con resultado positivo (SARS-CoV-2) COVID-19 en el estado y/o municipio) por 100.

Entonces:

$$TL_{SARS-CoV-2} = [(Defunciones^{[P+ SARS-CoV-2]}) / P+ SARS-CoV-2] \times 100$$

Definición a.7.- Índice de positividad (SARS-CoV-2) COVID-19.- Es la proporción del número de pacientes con resultado positivo (SARS-CoV-2) COVID-19 y el total de muestras (positivas más negativas) para una semana epidemiológica de inicio de síntomas, en una entidad federativa determina de residencia.

Sea:

$$IP_{SARS-CoV-2} = \text{Índice de positividad del (SARS-CoV-2) COVID-19}$$

Donde:

$$IP_{SARS-CoV-2} = [(P+ SARS-CoV-2) / (P+ SARS-CoV-2 + (P- SARS-CoV-2))] \times 100$$

Siendo:

$P+ SARS-CoV-2$ = Total de pacientes con resultado positivo (SARS-CoV-2) COVID-19 en el estado y/o municipio.

$P- SARS-CoV-2$ = Total de pacientes con resultado negativo (SARS-CoV-2) COVID-19 en el estado y/o municipio.

El tratamiento de los datos corresponde a los registros sobre la epidemia (SARS-CoV-2) COVID-19 con información al corte correspondiente al día 3 de septiembre 2021. El tratamiento de la información se realiza a través del software de aplicación para minería de datos Orange versión 3.29.3, en con el desarrollo del algoritmo para el análisis de la información. (Vea la Figura 1, a continuación). Según información del Gobierno de México a través de la información registrada por la Secretaría de Salud, y cuyos registros están disponibles en su modalidad de datos abiertos.

Definición a.8.- Tasa de gravedad de infección en pacientes con resultado positivo para (SARS-CoV-2) COVID-19.- Corresponde a la identificación del grado de infección en pacientes con resultado positivo para (SARS-CoV-2) COVID-19,

atendiendo a los síntomas, comorbilidades y y estrategia médica hospitalaria utilizada para su atención.

Sea:

$TGI^{SARS-CoV-2}_{ij}$ = Tasa de gravedad de infección en paciente con confirmación positiva para (SARS-CoV-2) COVID-19

Donde:

$$TGI^{SARS-CoV-2}_{ij} = [TGI^1_{ij} + TGI^2_{ij} + TGI^3_{ij}]$$

Siendo:

TGI^1_{ij} = Tipo de infección leve en pacientes con confirmación positiva para (SARS-CoV-2) COVID-19 en el estado y/o municipio.

TGI^2_{ij} = Tipo de infección moderada en pacientes con confirmación positiva para (SARS-CoV-2) COVID-19 en el estado y/o municipio.

TGI^3_{ij} = Tipo infección grave en pacientes con confirmación positiva para (SARS-CoV-2) COVID-19 en el estado y/o municipio.

Del cual:

TGI^1_{ij} = Tipo de infección leve en pacientes con confirmación positiva para (SARS-CoV-2) COVID-19 en el estado y/o municipio.- Representa la proporción del número total de pacientes con resultado positivo para (SARS-CoV-2) COVID-19 y que han recibido una estrategia de atención médica ambulatoria entre el número total de con resultado positivo para (SARS-CoV-2) COVID-19, a nivel nacional, estatal y/o municipal.

Sea:

$$TGI^1_{ij} = [ETM^{Ambulatoria} [P^{+} SARS-CoV-2_{ij} / P^{+} SARS-CoV-2_{ij}] \times 100$$

TGI^2_{ij} = Tipo de infección moderada en pacientes con confirmación positiva para (SARS-CoV-2) COVID-19 en el estado y/o municipio.- Representa la proporción del número total de pacientes con resultado positivo para (SARS-CoV-2) COVID-19 y que han recibido una estrategia de atención médica hospitalaria menos el total de pacientes con resultado positivo para (SARS-CoV-2) COVID-19 con estrategia de atención médica hospitalaria y con acceso a la unidad de cuidados intensivos (^{UCI}) según estado y/o municipio, dividido entre el número total de con resultado positivo para (SARS-CoV-2) COVID-19, a nivel nacional, estatal y/o municipal.

Sea:

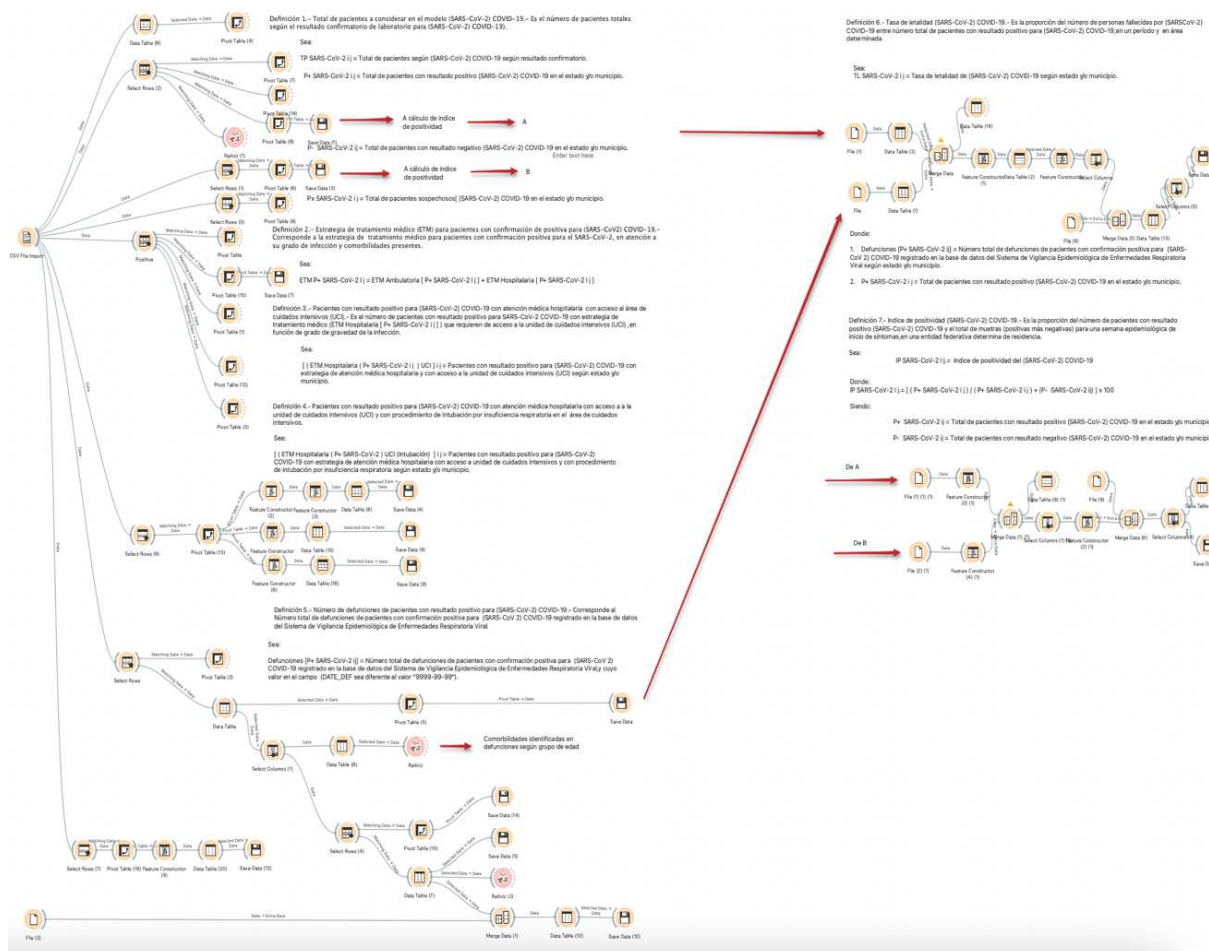
$$TGI^2_{ij} = [(ETM^{Hospitalaria} [P^{+} SARS-CoV-2_{ij}] - (ETM^{Hospitalaria} (P^{+} SARS-CoV-2) UCI (Intubación)_{ij}) / P^{+} SARS-CoV-2_{ij}] \times 100$$

TGI^3_{ij} = Tipo de infección grave en pacientes con confirmación positiva para (SARS-CoV-2) COVID-19 en el estado y/o municipio.- Representa la proporción del número total de pacientes con resultado positivo para (SARS-CoV-2) COVID-19 y que han recibido una estrategia de atención médica hospitalaria y con acceso a la unidad de cuidados intensivos (UCI) según estado y/o municipio, dividido entre el número total de con resultado positivo para (SARS-CoV-2) COVID-19, a nivel nacional, estatal y/o municipal.

Sea:

$$TGI^3_{ij} = [ETM^{Hospitalaria} (P+ SARS-CoV-2) UCI (Intubación)_{ij}) / P+ SARS-CoV-2_{ij}] \times 100$$

Figura 1
Algoritmo para la estimación de tasa de letalidad e índice de positividad en casos registrados de (SARS-CoV2) COVID 19 que indico hablar lengua indígena en México



Fuente: Elaboración propia. Utilizando scripts visuales de minería de datos en Orange Data Mining versión 3.29.3

Figura 2
Algoritmo para la estimación de tasa de gravedad de la infección del (SARS-CoV2) COVID 19
en la población hablante de lengua indígena en México

Definición 8.- Tipología de gravedad de infección en pacientes con resultado positivo para (SARS-CoV-2) COVID-19.- Corresponde a la identificación del grado de infección en pacientes con resultado positivo para (SARS-CoV-2) COVID-19, atendiendo a los síntomas, comorbilidades y y estrategia médica hospitalaria utilizada para su atención.

Donde:

$$TGI \text{ SARS-CoV-2 } i,j = [TGI1 i,j + TGI2 i,j + TGI3 i,j]$$

Siendo:

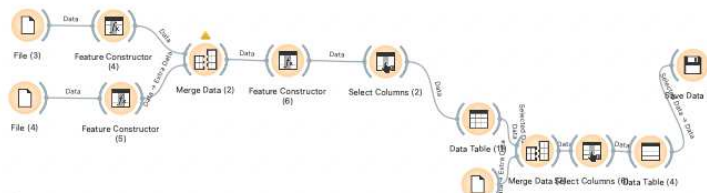
TGI1 i,j = Tipo de infección leve en pacientes con confirmación positiva para (SARS-CoV-2) COVID-19 en el estado y/o municipio.

TGI2 i,j = Tipo de infección moderada en pacientes con confirmación positiva para (SARS-CoV-2) COVID-19 en el estado y/o municipio.

TGI3 i,j = Tipo infección grave en pacientes con confirmación positiva para (SARS-CoV-2) COVID-19 en el estado y/o municipio.

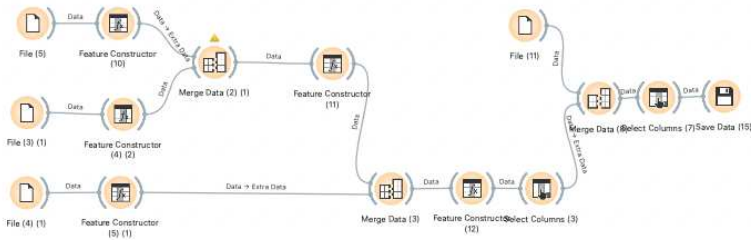
Sea:

$$TGI1 i,j = [ETM \text{ Ambulatoria } [P+ \text{ SARS-CoV-2 } i,j] / P+ \text{ SARS-CoV-2 } i,j] \times 100$$



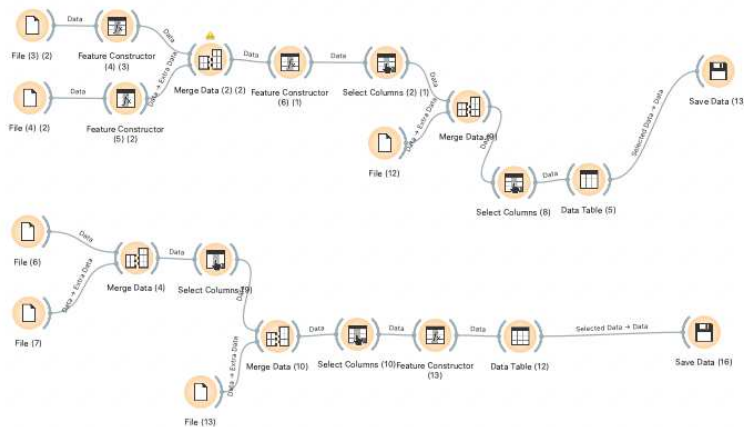
Sea:

$$TGI2 i,j = [(ETM \text{ Hospitalaria } [P+ \text{ SARS-CoV-2 } i,j] - (ETM \text{ Hospitalaria } [P+ \text{ SARS-CoV-2 } i,j] \text{ UCI (Intubación) } i,j) / P+ \text{ SARS-CoV-2 } i,j] \times 100$$



Sea:

$$TGI3 i,j = [ETM \text{ Hospitalaria } [P+ \text{ SARS-CoV-2 } i,j] \text{ UCI (Intubación) } i,j] / P+ \text{ SARS-CoV-2 } i,j] \times 100$$



Fuente: Elaboración propia. Utilizando scripts visuales de minería de datos en Orange Data Mining versión 3.29.3

B. Seguimiento y vigilancia genómica del (SARS-CoV-2) COVID-19 en la población en México

Definición b.1.- Variante genómica del (SARS-CoV-2) COVID-19 identificada.- Corresponde a la identificación de secuencia completas del genoma viral asociado al SARS-CoV-2) COVID-19.²⁹

Sea:

$$VGID_{ij} \text{ (SARS-CoV-2) COVID-19} = VOC_{ij}^{Alpha} + VOC_{ij}^{Beta} + VOC_{ij}^{Gamma} + VOC_{ij}^{Delta} + VOI_{ij}^{Eta} + VOI_{ij}^{Iota} + VOI_{ij}^{Kappa} + VOI_{ij}^{Lambda} + VOI_{ij}^{Mu}$$

Donde:

$$\begin{aligned} VOC_{ij}^{Alpha} &= [GRY_{(GIS\text{AID clade})}], [B.1.1.7+Q.x \text{ (Pango linaje)}], \\ VOC_{ij}^{Beta} &= [Beta_{(WHO label)}], [GH/501Y.V2_{(GIS\text{AID clade})}], [B.1.351 + B.1.351.2 + B.1.351.3 \text{ (Pango linaje)}] \\ VOC_{ij}^{Gamma} &= [Gamma_{(WHO label)}], [GR/501Y.V3_{(GIS\text{AID clade})}], [P.1+P.1.x \text{ (Pango linaje)}] \\ VOC_{ij}^{Delta} &= [Delta_{(WHO label)}], [G/478K.V1_{(GIS\text{AID clade})}], [B.1.617.2+AY.x \text{ (Pango linaje)}] \\ VOI_{ij}^{Eta} &= [Eta_{(WHO label)}], [G/484K.V3_{(GIS\text{AID clade})}], [B.1.525 \text{ (Pango linaje)}] \\ VOI_{ij}^{Iota} &= [Iota_{(WHO label)}], [HG/253G.V1_{(GIS\text{AID clade})}], [B.1.526 \text{ (Pango linaje)}] \\ VOI_{ij}^{Kappa} &= [Kappa_{(WHO label)}], [G/452R.V3_{(GIS\text{AID clade})}], [B.1.617.1 \text{ (Pango linaje)}] \\ VOI_{ij}^{Lambda} &= [Lambda_{(WHO label)}], [GR/452Q.V1_{(GIS\text{AID clade})}], [C.37 \text{ (Pango linaje)}] \\ VOI_{ij}^{Mu} &= [Mu_{(WHO label)}], [GH_{(GIS\text{AID clade})}], [B.1.121+b.1.21.1 \text{ (Pango linaje)}] \end{aligned}$$

Siendo :

$$[i = \text{Estado}], [j = \text{Municipio}]$$

Donde:

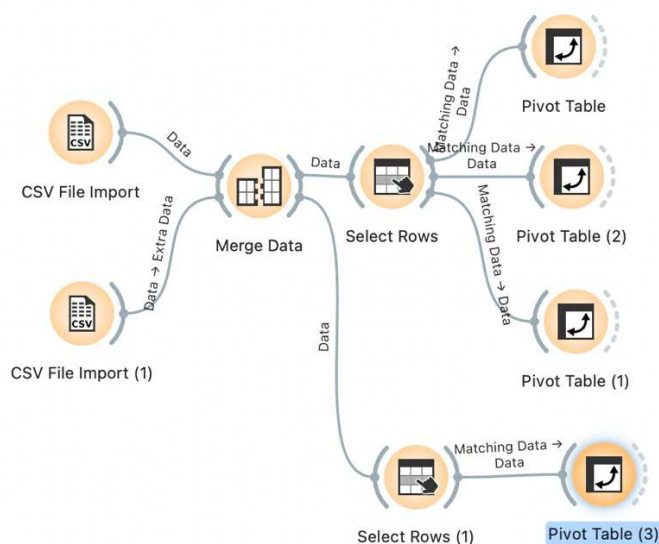
$$VOC = \text{Variante de preocupación}^{30} \quad VOI = \text{Variante de interés}^{31}$$

²⁹ Véase. World Health Organization (2021). Genomic sequencing of SARS-CoV-2. A guide to implementation for maximum impact on public health. Recuperado de: <https://www.who.int/publications/i/item/9789240018440>

³⁰ En World Health Organization (2021). Op. cit. refiere "a la variante de preocupación ó VOC la cual puede presentar los siguientes escenarios: a) está asociada a un aumento de transmisibilidad o empeoramiento de la situación epidemiológica en la región; b) está asociada a un aumento de virulencia o cambio en la presentación clínica; o c) está asociada a una disminución en la efectividad de las medidas de control, los tests diagnósticos, las vacunas o los tratamientos." Véase. Ministerio de Salud de Argentina (2021). "Integración de la vigilancia genómica de SARS-CoV-2 a la vigilancia de covid-19 a través del Sistema Nacional de Vigilancia de la Salud. Versión 1. 04/2021." Recuperado de: https://bancos.salud.gob.ar/sites/default/files/2021-04/SNVS_integracion-de-la-vigilancia-genomica_de_SARS-CoV-2.pdf

³¹ El Ministerio de Salud de Argentina define que VOI corresponde a "...un aislamiento de SARS-CoV-2 es una VOI si fenotípicamente se comporta diferente a una referencia o su genoma presenta mutaciones que llevan a cambios de aminoácidos asociados a cambios fenotípicos establecidos", y " Si se ha identificado en circulación comunitaria, múltiples casos de COVID, clusters, o se ha detectado en múltiples países." Véase. Véase. Ministerio de Salud de Argentina (2021).

Figura 3
 Algoritmo para el análisis y seguimiento genómico de VOC i j Delta
 = [Delta (WHO label)], [G/478K.V1 (GISAID clade)
],[B.1.617.2+AY.x (Pango linaje)] del (SARS-CoV-2) COVID-19
 en México



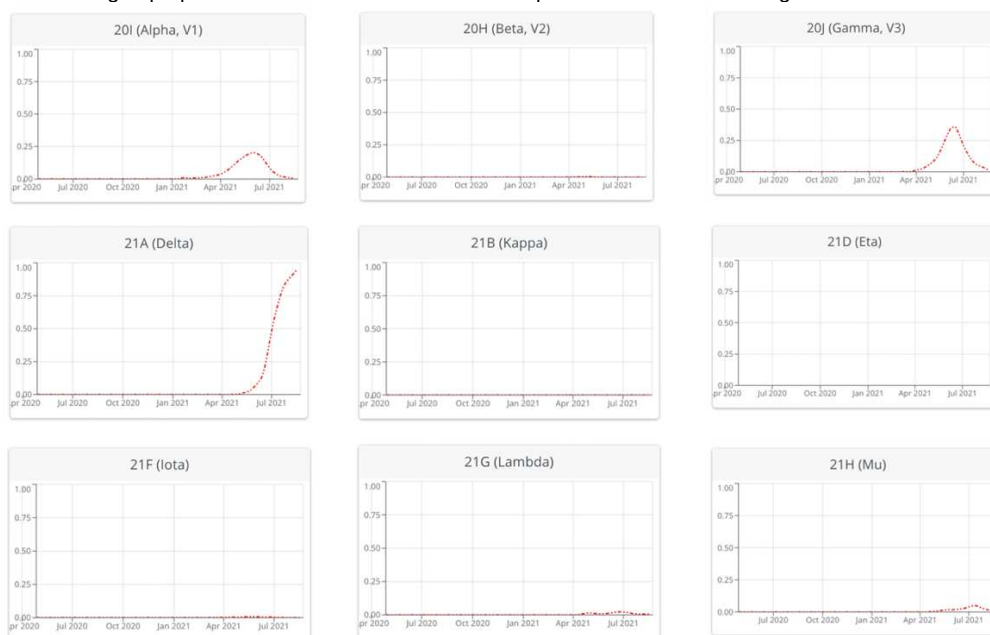
Fuente: Elaboración propia. Utilizando scripts visuales de minería de datos en Orange Data Mining versión 3.29.3

En el seguimiento genómico de las variantes del (SARS-CoV-2) COVID-19 en México, se destaca que al 3 de septiembre de 2021, la variante de VOC i_j^{Delta} = [Delta (WHO label)], [G/478K.V1 (GISAID clade)],[B.1.617.2+AY.x (Pango linaje)] es la de mayor presencia en el país, de acuerdo con información registrada en el Sistema de Información de la Global Initiative on Sharing All Influenza Data (GISAID). Con el algoritmo de la Figura 3, se realiza el análisis de la presencia de la variante de estudio, y particularmente, en las entidades federativas que mostraron una alta tasa de letalidad, alto índice de positividad; siendo el Estado Puebla, Estado de Hidalgo, el Estado de Veracruz de Ignacio de la Llave y el Estado de Oaxaca, las entidades seleccionadas para analizar la presencia de la variante delta del (SARS-CoV-2) COVID-19.

En la Gráfica 3 se observan que las variantes VOC Δ y VOC Γ tienen una presencia importante en el territorio nacional. Se destaca que la variante VOC Δ , es una de las más variantes que presenta un mayor nivel de contagio, y con ello, es de mayor cuidado.

Gráfico 3

Resumen de las principales variantes y mutaciones del (SARS-CoV-2) COVID-19 según proporción identificadas en México en el periodo abril de 2020 a agosto de 2021



Fuente: Tomado de Institute of Social and Preventive Medicine University of Bern, Switzerland & SIB Swiss Institute of Bioinformatics, Switzerland (2021). Con información al 3 de septiembre de 2021. Recuperado de: <https://covariants.org/per-variant>

Al 3 de septiembre de 2021, en México se han registrado 5,495 muestras de estudio para el estudio genómico del del (SARS-CoV-2) COVID-19, de las cuales el 51.21% de los registros corresponden a la variante VOC Δ = [Delta (WHO label)], [G/478K.V1 (GISAID clade)], [B.1.617.2+AY.x (Pango linaje)] por lo que es la mutación genómica que mayor presencia en los casos de estudio y seguimiento genómico observadas en el país. En segundo lugar con un 26.81% la variante VOC Γ = [Gamma (WHO label)], [GR/501Y.V3 (GISAID clade)], [P.1+P.1.x (Pango linaje)] y en tercer lugar con un 17.52% corresponde a la variante VOC Δ = [GRV (GISAID clade)], [B.1.1.7+Q.x (Pango linaje)].

Se destaca que 2,814 muestras de estudio para el estudio genómico del del (SARS-CoV-2) COVID-19, correspondientes a la $VOC_{ij}^{Delta} = [Delta_{(WHO\ label)}], [G/478K.V1_{(GISAID\ clade)}], [B.1.617.2+AY.x_{(Pango\ linaje)}]$, esta se clasifica de acuerdo a la identificación del Clade de la siguientes forma: a) 176 registros corresponden a la Clade G; b) 2,636 corresponden a la Clade GK, c) solo 1 corresponde a la Clade CV, y b) solo 1 a la Clade O.

En este sentido, dentro de la variante genómica, con mayor presencia en México al 3 de septiembre de 2021, es la variante VOC_{ij}^{Delta} , de la cual muestra que en 2,636 casos de estudio corresponden al Clade GK, representando el 93.67% de los caso. Es importante señalar que a variante VOC_{ij}^{Delta} ha mostrado mayor nivel de contagio, por lo cual es necesario y pertinente realizar el seguimiento en el territorio nacional. (Véase Tabla 8, al final de documento).

Resultados

Con información de la Secretaría de Salud de México, desde el inicio del registro la presencia del (SARS-CoV-2) COVID-19 en la población hablante de lengua indígena en México, hasta el día 3 de septiembre de 2021 a nivel nacional, se presenta el siguiente escenario:

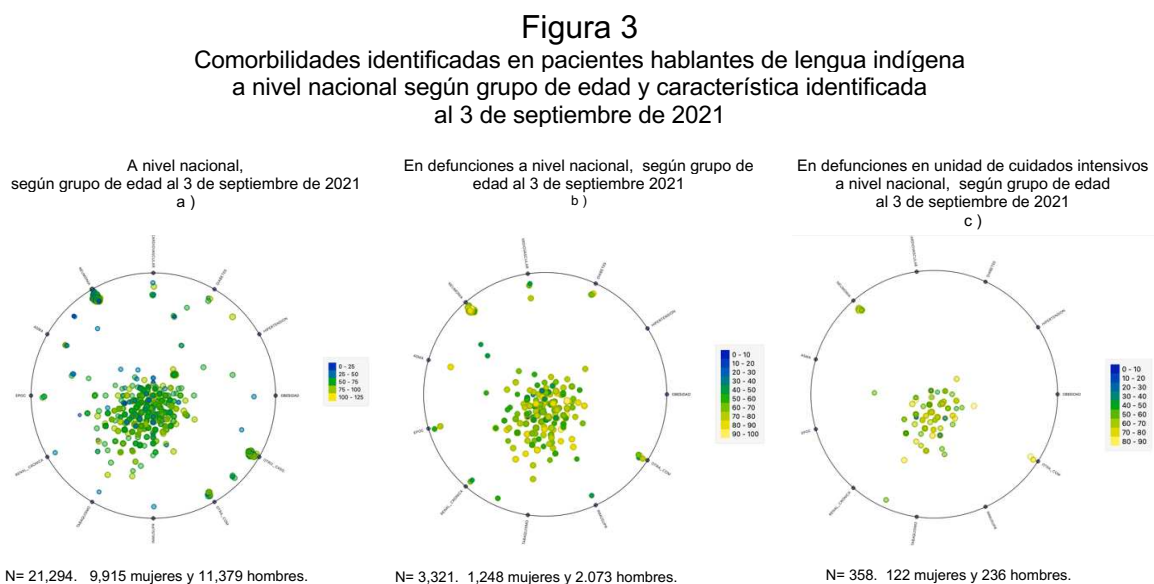
1. El número total de registro en la población hablante de lengua indígena es de 58,739 casos, de los cuales: a) 21,294 pacientes hablantes del lengua indígena registraron un resultado positivo para (SARSCoV-2) COVID-19, b) 37,445 pacientes con resultado negativo para (SARS-CoV-2) COVID-19³². (Véase tabla 1, al final).

³² Al 3 de septiembre de 2021, la información relativa al número de pacientes hablantes de lengua indígena a nivel nacional que se registran con resultado negativo para (SARS-CoV-2) COVID-19, estimado en 37,445 se integra de la siguiente forma: a) 72 casos corresponden a la categoría de registros "Inválido por laboratorio", es decir, aplica cuando el caso no tiene asociación clínico epidemiológica, ni dictaminación para (SARS-CoV-2) COVID-19, corresponde a los casos en que se tomó una muestra de laboratorio y esta resultó no válida; b) 506 casos corresponden a la categoría de "No realizado por el

2. El número total de casos positivos para (SARSCoV-2) COVID-19 registrados en la población de habla indígena en México al 3 de septiembre de 2021, corresponden a 21,294, casos de los cuales 9,915 son mujeres y 11,379 son hombres. (Véase tabla 2).
3. De los 21,294 pacientes registrados en la población de habla indígena con resultado positivo para (SARSCoV-2) COVID-19: a) 14,761 han atención médica ambulatoria y b) 6,533 pacientes recibieron atención médica hospitalaria. De este último se integra integra por 2,716 son mujeres y 3,817 son hombres. (Véase tabla 3).
4. 10 entidades federativas se concentran el 72.67% de la población hablante de lengua indígena que registran un resultado positivo para (SARS-CoV-2) COVID-19 que han recibido atención hospitalaria, se destaca el Estado de Yucatán el cual concentra el 18.51% de los pacientes, seguido por el Estado de Oaxaca con el 12.60%, el Estado de México con 9.02%%, el Estado de Puebla con 8.30%, el Estado de Hidalgo con 7.65%, el Estado Quintana Roo con 5.34%, el Estado de Guerrero con 5.10%, el Estado de Veracruz con 4.85% y el Estado de Michoacán de Ocampo con 3.57.% (Véase Tabla).
5. En relación con el número total de pacientes hablantes de lengua indígena hospitalizados quienes presentan un resultado positivo para (SARS-CoV-2) COVID-19, quienes requirieron ser ingresados en la unidad de cuidados intensivos, así como intubación, se registraron 777 pacientes, de los cuales 296 son mujeres y 481 son hombres. (Véase Tabla 5).

laboratorio", y refiere a cuando el caso no tienen asociación clínico epidemiológica, ni dictaminación para (SARS-CoV-2) COVID-19, así para los casos en que se le tomó muestra de laboratorio y esta no se procesó; y c) 5,348 casos corresponden a la categoría "Casos sospechosos" y aplica cuando el caso no tiene asociación clínico epidemiológica, ni dictaminación para (SARS-CoV-2) COVID-19 y no se le tomó muestra, o se le tomó muestra de laboratorio y está pendiente de resultado, sin importar otra condición; y finalmente, d) 31,519 casos corresponden a la categoría "Negativo para (SARS-CoV-2) COVID-19", el cual aplica cuando el caso: 1.- Se le tomó muestra de laboratorio y ésta resultó: negativa a (SARS-CoV-2) COVID-19 o positiva a cualquier otro virus respiratorio (Influenza, VSR, Bocavirus, otros) sin importar que este caso tenga asociación clínico epidemiológica o dictaminación al (SARS-CoV-2) COVID-19, o 2.- Se le tomó muestra antigénica que resultó negativa para (SARS-CoV-2) COVID-19 y al caso no se le tomó muestra de laboratorio ni se le confirmó por asociación epidemiológica o por dictaminación clínica epidemiológica. Véase. Tabla 1 al final del documento.

6. Al 3 de septiembre de 2021, han fallecido 3,321 pacientes hablantes de lengua indígena con registro positivo para (SARS-CoV-2) COVID-19 en México, 1,248 mujeres y 2,073 hombres. (Véase Tabla 6).
7. Solo 358 defunciones correspondieron a pacientes hablantes de lengua indígena con registro positivo para (SARS-CoV-2) COVID-19 quienes requirieron ingreso a Unidades de Cuidados Intensivos (UCI) e Intubación y 2,963 correspondieron a (SARS-CoV-2) COVID-19 pacientes positivos que no estaban en cuidados intensivos. (Véase Tabla 7).
8. En la Figura 3 se muestran tres estados identificados en pacientes hablantes de lengua indígena con resultado positivo para (SARS-CoV-2) COVID-19 que han recibido atención médica hospitalaria, en los cuales se presentan las principales comorbilidades, a nivel nacional al 3 de septiembre de 2021, según las siguientes características: a) según grupo de edad, b) comorbilidades registradas en defunciones y c) comorbilidades identificadas en defunciones de pacientes atendidos en unidad de cuidados intensivos.



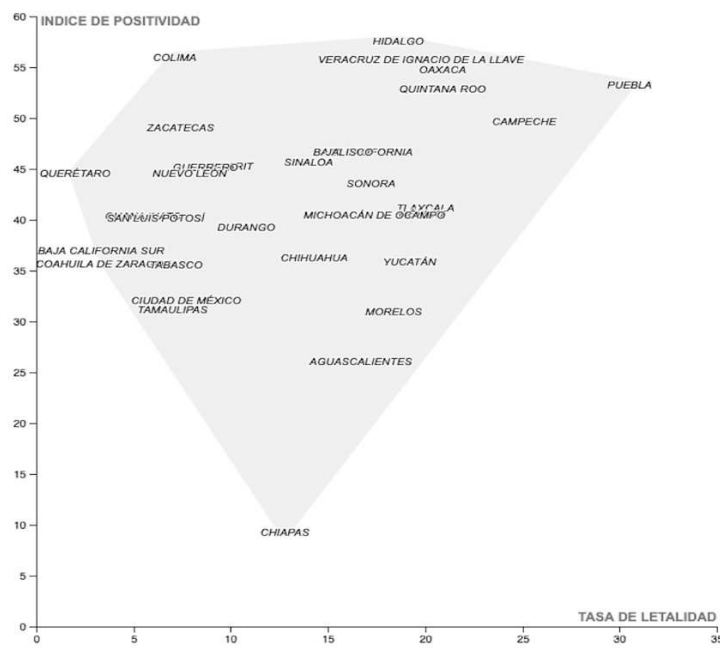
Fuente: Elaboración propia con información al 3 de septiembre de 2021.

9. La tasa de letalidad del (SARS-CoV-2) COVID-19 en pacientes hablantes de lengua indígena, a nivel nacional, al 3 de septiembre 2021 se estima en 13.5%. Es importante destacar que seis entidades federativas registraron las

tasas de letalidad más altas, acumuladas al 3 de septiembre de 2021 son las siguientes: a) Puebla con una tasa de 30.5%, b) Campeche con 25.1%, c) Oaxaca con una tasa de 20.9%, d) Quintana Roo con una tasa del 20.9%, e) Tlaxcala con una tasa del 20.0% y f) Veracruz de Ignacio de la Llave con una tasa del 19.8%. (Véase Gráfico 4, a continuación).

Gráfico 4

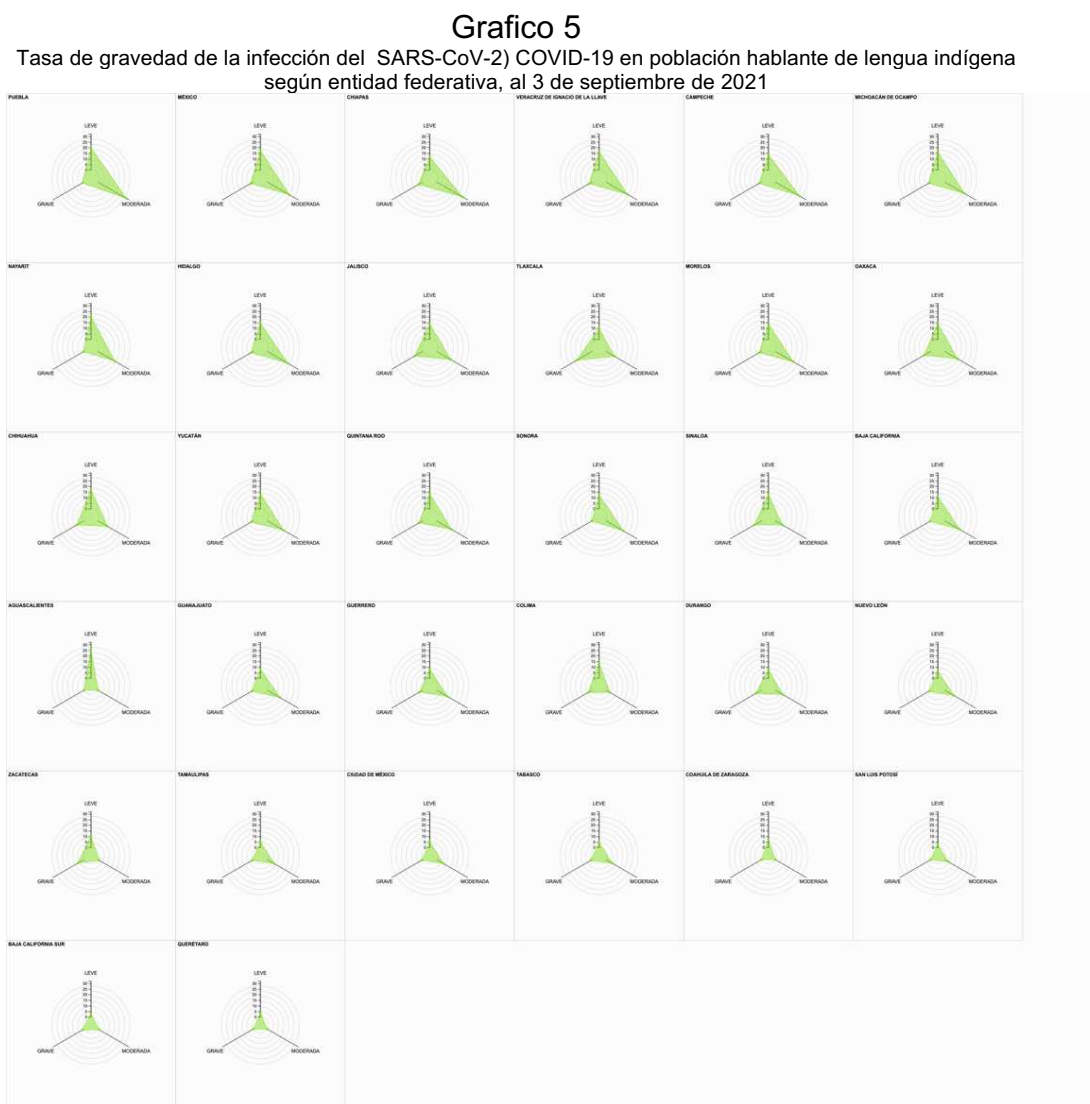
Tasa de letalidad e Índice de positividad del SARS-CoV-2 COVID-19 en población hablante de lengua indígena según entidad federativa en México, al 3 de septiembre de 2021



Fuente: Elaboración propia con información al 3 de septiembre de 2021.

10. Con respecto al índice de positividad del SARS-CoV-2 COVID-19 en pacientes hablantes de lengua indígena, a nivel nacional, al 3 de septiembre 2021, en donde se destacan que las seis entidades federativas que presentan un mayor nivel de positividad son las siguientes: a) El Estado de Hidalgo con una índice positividad del 57.6%, b) Colima con 56.0%, c) Veracruz de Ignacio de la Llave con 55.8%, d) Oaxaca con 54.8%, e) Puebla con 53.3% y f) Quintana Roo con 52.9%. (Véase. Gráfico 4, presentado con anterioridad).

11. La tasa de gravedad de la infección del SARS-CoV-2) COVID-19 presente en pacientes hablantes de lengua indígena en México, se componen por tres niveles: a) la tasa de infección leve, b) la tasa de infección moderada y c) la tasa de infección grave. Véase Gráfico 5, a continuación.



Fuente: Elaboración propia con información al 3 de septiembre de 2021.

De la información presentada en el Gráfico 4 anterior, se destaca que las cinco entidades federativas que registraron altas tasas de gravedad en infección en pacientes hablantes de lengua indígena por (SARS-CoV-2) COVID-19, a nivel

nacional y con cifra acumulada al 3 de septiembre de 2021, son: a) El Estado de Puebla con un 52.2%, b) Estado de México con 46.4%, c) Estado de Chiapas con 46.2%, d) Estado de Veracruz de Ignacio de la Llave con 45.2% y e) Estado de Campeche con 43.9%.

12. Con información al 3 de septiembre de 2021 del Sistema de Información de la Global Initiative on Sharing All Influenza Data (GISAID), relativa al seguimiento genómico de las variantes (SARS-CoV-2) COVID-19 presente en México, se destaca que de 5,495 casos de estudio registrado en esta plataforma, el 51.21% corresponde a la variante Delta, 26.81% corresponden a la variante Gamma y un 17.52% fueron identificados como variante Alfa. La presencia de nuevas variantes del (SARS-CoV-2) COVID-19, tales como la variante Mu sólo se identificó en un 2.69% del total de registros de estudio en México, a la fecha establecida como corte para análisis del seguimiento genómico.
13. En esta fecha, la tipología que presenta la variante Delta, en función del nivel que se reporta en los 2,814 casos al 3 de septiembre de 2021, este se dividen de la siguiente forma: a) el 32.94% los casos de estudio han mostrado un nivel leve, que incluyen los casos de atención ambulatoria, b) un 35.54% corresponde a un nivel moderado, que incluyen la presencia de casos tanto de pacientes ambulatorios-asintomáticos como de pacientes ambulatorios-sintomáticos, y c) un 31.52% han presentando nivel grave en donde se identifican pacientes hospitalizados y el reregistro de defunciones asociadas a la presencia del (SARS-CoV-2) COVID-19.
14. En el Gráfico 4 como efecto combinado para presentar el impacto de la tasa de letalidad e índice de positividad para los registros de (SARS-CoV-2) COVID-19 en la población hablante de lengua indígena, con cifras acumuladas al 3 de septiembre de 2021, se observa un ordenamiento espacial de las entidades federativas en donde el Estado de Puebla presenta la más alta tasa de letalidad (30.5%) y un alto índice de positividad (53.3%). Mientras que los estados de Hidalgo, Veracruz de Ignacio de la Llave y Oaxaca, se ubican como las entidades federativas con un alto índice de positividad y tasa de letalidad.

15. De la información presentada en el Gráfico 5 anterior, se destaca que las cinco entidades federativas que registraron altas tasas de gravedad en infección en pacientes hablantes de lengua indígena por (SARS-CoV-2) COVID-19, a nivel nacional y con cifra acumulada al 3 de septiembre de 2021, son el Estado de Puebla con un 52.2%, el Estado de México con 46.4%, el Estado de Chiapas con 46.2%, el Estado de Veracruz de Ignacio de la Llave con 45.2% y el Estado de Campeche con 43.9%.
16. La identificación de las entidades federativas que presentan una tasa de letalidad e índice de positividad alta para los registros de (SARS-CoV-2) COVID-19 en la población hablante de lengua indígena, y que identifican a los estados de Puebla, Hidalgo, Veracruz de Ignacio de la Llave y Oaxaca, en estos puntos se ha registrado presencia de la variante $VOC_{ij}^{Delta} = [Delta_{(WHO\ label)}], [G/478K.V1_{(GISAID\ clade)}], [B.1.617.2+AY.x_{(Pango\ linaje)}]$, con un registro de 308 casos de los 2,814 registrados a nivel nacional, siendo el Estado de Veracruz de Ignacio de la Llave quien concentra 153 casos identificados, seguido por el Estado de Hidalgo con 100 casos, el Estado de Puebla con 35 casos y el Estado de Oaxaca con 20 casos, con cifras al 3 de septiembre de 2021.
17. De los 308 casos identificados en las entidades federativas indicadas, el grupo de edad que concentra el mayor número de casos de la variante $VOC_{ij}^{Delta} = [Delta_{(WHO\ label)}], [G/478K.V1_{(GISAID\ clade)}], [B.1.617.2+AY.x_{(Pango\ linaje)}]$, se ubican entre los 21 años a 40 años, con un registro de 141 casos; seguido por el intervalo de 41 años a 60 años con 93 casos identificados. Es importante destacar, que de los 308 casos identificados en las entidades federativas seleccionadas, 155 casos son de mujeres y 153 casos son hombres. Véase Tabla 13 al final del documento.

La presencia del (SARS-CoV-2) COVID-19 en la población que indicó hablar lengua indígena muestra que el 36.25% de los casos acumulados registrados en el Sistema de Vigilancia Epidemiológica de Enfermedades Respiratoria Viral (SVEERV), al 3 de septiembre de 2021, registraron un resultado positivo para (SARSCoV-2)

COVID-19, siendo mayor la presencia de resultados positivos en los hombres con un 53.43% mientras que las mujeres sólo representaba un 46.57%.

En 10 entidades federativas se concentran el 72.67% de la población hablante de lengua indígena que registran un resultado positivo para (SARS-CoV-2) COVID-19 y que han recibido atención hospitalaria, destacándose el Estado de Yucatán el cual concentra el 18.51% de los pacientes, seguido por el Estado de Oaxaca con el 12.60%, el Estado de México con 9.02%%, el Estado de Puebla con 8.30%, el Estado de Hidalgo con 7.65%, el Estado Quintana Roo con 5.34%, el Estado de Guerrero con 5.10%, el Estado de Veracruz con 4.85% y el Estado de Michoacán de Ocampo con 3.57.%.

Como indicador de la estrategia de atención médica hospitalaria, atendiendo al nivel de síntomas y gravedad presente en los pacientes hablantes de lengua indígena, sólo el 30.68% recibieron atención médica hospitalaria. Es importante destacar que los hombres son el mayor número de pacientes atendidos en esta modalidad, representando al 58.43% mientras que las mujeres corresponden el 41.57%.

Discusión

La presencia del (SARS-CoV-2) COVID-19 en México, atendiendo a la edad, sexo y comorbilidades presentes en los pacientes hablantes de lengua indígena quienes han recibido una estrategia de atención médica hospitalaria, y en función con el nivel de gravedad que presentan los síntomas, han tenido que ser atendidos en Unidades de Cuidado Intensivo y, en su caso, recibir el atención y apoyo respiratorio mediante técnicas y procedimientos de intubación; se destaca que sólo 777 pacientes hablantes de lengua indígena, a nivel nacional han recibido este tipo atención especializada, siendo el 61.90% hombres y un 38.10% mujeres.

La cifra de defunciones acumuladas, a nivel nacional, al 3 de septiembre de 2021 en el (SVEERV), corresponden a 3,321 pacientes hablantes de lengua indígena

quienes presentaron un registro positivo para (SARS-CoV-2) COVID-19; de ellas sólo 358 corresponden a quienes requirieron ingreso a Unidades de Cuidados Intensivos (UCI) e Intubación, es decir sólo un 10.78% . Como se puede observar de la Figura 3 inciso “c” las comorbilidades identificadas en los 358 registros de defunciones, no destacan la presencia de diabetes, hipertensión u obesidad, como factores agravantes del (SARS-CoV-2) COVID-19 en la población hablante de lengua indígena en México. Por el contrario, se observa la presencia de tabaquismo, neumonía, insuficiencia renal crónica y epoc con mayor prevalencia en edades mayores a 40 años.

Esta situación nos invita a reflexionar sobre el impacto que el (SARS-CoV-2) COVID-19 en la localidades que se ubican en estas entidades federativas, toda vez que la presencia de centros de atención hospitalaria Covid 19, se encuentran principalmente en las ciudades que cuentan con una mayor infraestructura de atención regional, como es el caso de las centros urbanos, principalmente. Y por otra parte, es importante señalar que en México se ha registro la presencia de variantes del (SARS-CoV-2) COVID-19, siendo la variante $VOC_{ij}^{Delta} = [Delta_{(WHO\ label)}], [G/478K.V1_{(GISAID\ clade)}], [B.1.617.2+AY.x_{(Pango\ linaje)}]$, la que se encuentra presente en la mayor parte de los registros de seguimiento genómico, de acuerdo con la información del Sistema de Información de la Global Initiative on Sharing All Influenza Data (GISAID), al 3 de septiembre de 2021.

Es importante señalar que los 308 de casos identificados de la VOC_{ij}^{Delta} , el Estado de Veracruz concentra el 49.68% de los casos identificados en las entidades federativas seleccionadas (Puebla, Hidalgo, Veracruz de Ignacio de la Llave y Oaxaca) las cuales presentan alta tasa de letalidad y alto índice de positividad.

Frente al embate que provoca el (SARS-CoV-2) COVID-19 en territorio nacional, se puesto en marcha una estrategia de vacunación, atendiendo a grupos vulnerables clasificando por etapas y calendarización para grupos de edad establecidos. Es importante señalar que, con información al 3 de septiembre de 2021, de los 308

casos de estudio indicados en la entidades federativas seleccionada, también se tiene el registro de sólo 18 casos que recibieron alguna vacuna, siendo la distribución siguiente: a) Estado del Hidalgo, 4 casos (1 Aztraseneca, 2 Cansino, 1 Pfizer); b) Estado de Veracruz de Ignacio de la Llave 13 casos (4 Aztraseneca, 1 Cansino, 8 Pfizer) y c) Estado de Puebla 1 (No identificada).

La tasa de letalidad como indicador que muestra el porcentaje de personas fallecidas por (SARSCoV-2) COVID-19 respecto al número total de pacientes con resultado positivo, el Estado de Puebla presenta la tasa de letalidad para población hablante de lengua indígena más alta a nivel nacional, siendo del 30.5%, seguida por el Estado de Campeche con una tasa de letalidad del 25.1%, el Estado Oaxaca con una tasa de letalidad del 20.9%, d) el Estado de Quintana Roo con una tasa del 20.9%, el Estado de Tlaxcala con una tasa del 20.0% y el Estado de Veracruz de Ignacio de la Llave con una tasa letalidad estimada del 19.8%. Por lo que refiere a la estimación del índice de positividad en la población hablante de lengua indígena, a nivel nacional con cifras acumuladas al 3 de septiembre de 2021, el Estado de Hidalgo presenta el índice de positividad más alto a nivel nacional con un 57.6%, seguido por el Estado de Colima con 56.0%, el Estado de Veracruz de Ignacio de la Llave con 55.8%, el Estado de Oaxaca con 54.8%, el Estado de Puebla con 53.3% y el Estado de Quintana Roo con 52.9%. (Véase. Gráfico 3, presentado con anterioridad).

Se destaca que la población hablante de lengua indígena, a nivel nacional al 3 de septiembre de 2021, la cifra de casos que han sido atendidos en Unidades de Cuidados Intensivos y que requirieron apoyo de respiración mediante intubación son relativamente pocos, es decir solo 358. ¿Por qué el número de personas atendidas para este sector de la población es sensiblemente menor? Una aproximación a la respuesta puede ser que, el registro de pacientes hablantes de lengua indígena, contenidos en el Sistema de Vigilancia Epidemiológica de Enfermedades Respiratoria Viral (SVEERV), requiero eso precisamente, ser atendidos en una unidad hospitalaria para la atención del de (SARS-CoV-2) COVID-19, y como se ha

señalado, la ubicación de los centros de atención, la distancia de las localidades con población hablante indígena y la rapidez con que se requiere realizar el traslado, son factores que limitan el acceso a los servicios de atención médica, y por otro lado, hacen más evidente la falta de infraestructura médica cercana a sus centros de población, acrecentado con ello, la desigualdad y marginación que sufren estos centros de población.

Y es aquí, en donde ante presencia del (SARS-CoV-2) COVID-19 el tiempo, la atención y acceso a los servicios médicos y atención hospitalaria es vital, en virtud de que en función de la edad, sexo y comorbilidades presentes la tasa de gravedad de la infección cobra mayor relevancia y requiere de una atención urgente.

Bibliografía

1. Alvarez-Luna, R. et al. (2021). Marco de trabajo para la publicación de Datos Abiertos en Cuba. En: Revista Cubana de transformación digital. ISSN 2708-3411. Vol. 2, número 1, enero-marzo 2021. págs. 144-158. Recuperado de: <https://rctd.uic.cu/rctd/article/view/109/43>
2. Centers for Disease Control and Prevention. (2021). Emerging SARS-CoV-2 Variants. Enero 15 2021. Recuperado de: <https://www.cdc.gov/coronavirus/2019-ncov/more/science-and-research/scientific-brief-emerging-variants.html>
3. Centros para el control y la prevención de enfermedades. (2021). Clasificaciones y definiciones de las variantes del SARS-CoV-2. Recuperado de: <https://espanol.cdc.gov/coronavirus/2019-ncov/variants/variant-info.html#Interest>
4. Demsar J, Curk T et al. (2013) Orange: Data Mining Toolbox in Python. En: Journal of Machine Learning Research 14 (Aug): 2349–2353. <https://dl.acm.org/doi/pdf/10.5555/2567709.2567736>
5. Global Initiative on Sharing All Influenza Data (GISAID) (2021). Open access to epidemic and pandemic virus data. Recuperado de: <https://www.epicov.org/epi3/frontend#140535>
6. Global Initiative on Sharing All Influenza Data (GISAID) (2021). Genomic epidemiology of hCoV-19. Recuperado de: <https://www.gisaid.org/>
7. Gobierno de México. Secretaría de Salud. (2021). Lineamiento estandarizado para la vigilancia epidemiológica y por laboratorio de la enfermedad respiratoria viral. Recuperado de: https://coronavirus.gob.mx/wp-content/uploads/2021/02/Lineamiento_VE_y_Lab_Enf_Viral_Ene-2021_290121.pdf

8. Gobierno de México. Secretaria de Salud. Bases de datos Covid-19 México.
<https://datos.gob.mx/busca/dataset/informacion-referente-a-casos-covid-19-en-mexico>
9. INEGI, (2010). Catálogo de metadatos geográficos. Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad. División política municipal, 1:250000. 2010. Palabras clave: 2010, Área Geoestadística, División, Límite, Municipios. Fecha de publicación: 04-07-2011, del metadato 20-07-2017. Available at : <http://www.conabio.gob.mx/informacion/gis/>
10. Institute of Social and Preventive Medicine University of Bern, Switzerland & SIB Swiss Institute of Bioinformatics, Switzerland (2021). Recuperado de: <https://covariants.org/per-variant>
11. Marie-Odile Safon y Véronique Suhard (2020) "Covid-19 Éléments de littérature scientifique Bibliographie thématique Septembre 2020. Centre de documentation de l'Institut de recherche et documentation en économie de la santé (Irdes), France." ISBN 978-2-87812-526-9
12. Medel-Ramírez C. y Medel-López H. (2021). El (SARS-CoV-2) COVID 19 y su presencia en las zonas de hablantes de lengua indígenas en el Estado de Veracruz. Inédito.
13. Medel-Ramírez, Carlos and Medel-López, Hilario (2020): Data mining for the study of the Epidemic (SARS-CoV-2) COVID-19: Algorithm for the identification of patients speaking the native language in the Totonacapan area – Mexico. Available at https://www.researchgate.net/publication/343546537_Impact_of_SARS-CoV2_COVID_19_on_the_five_main_indigenous_languagespeaking_areas_in_Veracruz_Mexico_The_case_of_the_Totonacapan_area
14. Medel-Ramírez, Carlos and Medel-López, Hilario (2020): Impact of (SARS-CoV-2) COVID 19 on the five main indigenous language-speaking areas in Veracruz Mexico: The case of the Huasteco from the Tantoyuca Area – Mexico. Available at https://www.researchgate.net/publication/343570073_Impact_of_SARS-CoV2_COVID_19_on_the_five_main_indigenous_languagespeaking_areas_in_Veracruz_Mexico_The_case_of_the_Huasteco_from_the_Tantoyuca_Area
15. Medel-Ramírez, Carlos and Medel-López, Hilario (2020): Impact of (SARS-CoV-2) COVID 19 on the five main indigenous language-speaking areas in Veracruz Mexico: The case of the Nahuatl from the Pajapan Zone. – Mexico. Available at https://www.researchgate.net/publication/343798420_Impact_of_SARSCoV-2_COVID_19_on_the_five_main_indigenous_language_speaking_areas_in_Veracruz_Mexico_The_case_of_the_Nahuatl_from_the_Pajapan_Zone
16. Medel-Ramírez, Carlos and Medel-López, Hilario (2020): Impact of (SARS-CoV-2) COVID 19 on the five main indigenous language-speaking areas in Veracruz Mexico: The case of the Nahuatl of the Zongolica Zone – Mexico. Available at https://www.researchgate.net/publication/343760400_Impact_of_SARS-CoV2_COVID_19_on_the_five_main_indigenous_languagespeaking_areas_in_Veracruz_Mexico_The_case_of_the_Nahuatl_of_the_Zongolica_Zone

17. Medel-Ramírez, Carlos and Medel-López, Hilario (2020): Impact of (SARS-CoV-2) COVID 19 on the five main indigenous language-speaking areas in Veracruz Mexico: The case of the Otomi of the Ixhuatlan de Madero area – Mexico. Available at https://www.researchgate.net/publication/343628250_Impact_of_SARS-CoV2_COVID_19_on_the_five_main_indigenous_languagespeaking_areas_in_Veracruz_Mexico_The_case_of_the_Otomi_of_the_Ixhuatlan_de_Madero_area
18. Medel-Ramírez, Carlos and Medel-Lopez, Hilario, Data Mining for the Study of the Epidemic (SARS- CoV2) COVID-19: Algorithm for the Identification of Patients (SARS-CoV-2) COVID 19 in Mexico (June 3, 2020). Available at SSRN: <https://ssrn.com/abstract=3619549>
<http://dx.doi.org/10.2139/ssrn.3619549>
19. Ministerio de Salud de Argentina (2021). COVID 19 Situación actual de las nuevas variantes SARS-CoV-2. Informe técnico. Julio 2021. p. 2 Recuperado de: <https://www.argentina.gob.ar/sites/default/files/2021/07/vigilancia-genomica-se26.pdf>
20. Muik Alexander et al. (2021) Neutralization of SARS-CoV-2 lineage B.1.1.7 pseudovirus by BNT162b2 vaccine–elicited human sera. Science. 2021. Vol. 371, no.6534, p. 1152 Recuperado de: <http://science.sciencemag.org/content/371/6534/1152.abstract>
21. Junejo Y., et al. (2020) “Novel SARS-CoV-2/COVID 19: Origin, pathogenesis, genes and genetic variations, immune responses and phylogenetic analysis”, Gene Reports. Vol. 20, 2020, 100752, p. 2
22. Reuters. (2020). ¿Cuáles son y en qué fase están las posibles vacunas contra la COVID 19. Recuperado de: <https://www.eitb.eus/es/noticias/sociedad/detalle/7622841/listado-posibles-vacunas-covid19-noviembre-2020/>
23. Secretaría de Salud (2021). Información referente a casos COVID-19 en México. Recuperado de: <https://datos.gob.mx/busca/dataset/informacion-referente-a-casos-covid-19-en-mexico>
24. Software Orange Data Mining version 3.26.1 <https://orange.biolab.si>
25. Tyrrel, D. A. J., J. D. Almedia, D. M. Berry, C. H. Cunningham, D. Hamre, M. S. Hofstad, L. Malluci, and K. McIntosh. (1968). Coronavirus. Nature 220:650. Recuperado de: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7182643/>
26. Weiner L.P. (1987) Coronaviruses: A Historical Perspective. In: Lai M.M.C., Stohlman S.A. (eds) Coronaviruses. Advances in Experimental Medicine and Biology, vol 218 p. 2. Springer, Boston, MA. https://doi.org/10.1007/978-1-4684-1280-2_1
27. World Health Organization. (2020). Laboratory testing for coronavirus disease (COVID-19) in suspected human cases. Interim guidance. 19 March 2020. Recuperado de: <https://apps.who.int/iris/handle/10665/331501?locale-attribute=es&>
28. World Health Organization. (2021) Tracking SARS-CoV-2 variants. Recuperado de: <https://www.who.int/en/activities/tracking-SARS-CoV-2-variants/>

29. World Health Organization (2021). Genomic sequencing of SARS-CoV-2. A guide to implementation for maximum impact on public health. Recuperado de: <https://www.who.int/publications/i/item/9789240018440>

a. Reference to a dataset:

30. Raw data can be retrieved from the Github repository <https://github.com/CMedelR/dataCovid19/>

Anexos

Tabla 1

Pacientes hablantes de lengua indígena a nivel nacional, según resultado para (SARS-CoV-2) COVID-19 al 3 de septiembre de 2021

Clasificación	Femenino	Masculino	Total
Caso de COVID-19 confirmado por asociación clínica epidemiológica	570	589	1,159
Caso de COVID-19 confirmado por comité de dictaminación	29	62	91
Caso de SARS-CoV-2 confirmado	9,316	10,728	20,044
Inválido por laboratorio	34	38	72
No realizado por laboratorio	260	246	506
Caso sospechoso	2,746	2,602	5,348
Negativo a SARS-CoV-2	17,067	14,452	31,519
Total	30,022	28,717	58,739

Fuente: Elaboración propia con información al 3 de septiembre de 2021

Tabla 4

Distribución porcentual de pacientes hablantes de lengua indígena con resultado positivo para (SARS-CoV-2) COVID-19 según Estrategia de Tratamiento Médico y entidad federativa al 3 de septiembre de 2021

Estrategia de Tratamiento Médico				
Entidad Federativa	Ambulatorio	Hospitalario	Total	%
Yucatán	2,242	1,209	3,451	18.51%
Oaxaca	1,577	853	2,430	12.80%
México	727	589	1,316	6.92%
Puebla	437	542	989	5.30%
Hidalgo	799	500	1,299	7.85%
Quintana Roo	627	349	976	5.34%
Guerrero	1,221	333	1,554	8.10%
Ciudad de México	2,000	317	2,317	4.85%
Veracruz de Ignacio de la Llave	380	317	697	4.85%
Michoacán de Ocampo	302	233	535	3.57%
Jalisco	193	136	329	2.08%
Chihuahua	236	135	371	2.07%
Sonora	276	130	406	2.99%
Chiapas	146	106	252	1.83%
Campeche	163	120	283	1.84%
San Luis Potosí	1,516	115	1,633	7.96%
Nayarit	150	93	243	1.42%
Baja California	220	89	309	1.66%
Guanajuato	166	54	220	0.93%
Morelos	79	46	125	0.70%
Tlaxaco	345	45	390	0.69%
Sinaloa	87	42	129	0.64%
Nuevo León	188	41	229	0.63%
Tlaxcala	50	30	80	0.46%
Durango	151	29	180	0.44%
Querétaro	180	19	199	0.29%
Zacatecas	64	17	81	0.26%
Colima	41	15	56	0.23%
Tamaulipas	86	14	100	0.21%
Coahuila de Zaragoza	74	10	84	0.15%
Aguascalientes	15	9	24	0.14%
Baja California Sur	117	6	123	0.09%
TOTAL	14,761	6,533	21,294	100.00%

Fuente: Elaboración propia con información al 3 de septiembre de 2021

Tabla 7

Defunciones de pacientes hablantes de lengua indígena con resultado positivo para (SARS-CoV-2) COVID-19 que requirieron atención en Unidad de Cuidados Intensivos, según sexo al 3 de septiembre de 2021

Estrategia de Tratamiento Médico en UCI			
Requirieron Unidad de Cuidados Intensivos	Mujeres	Hombres	Total
Si	122	236	358
No	984	1,570	2,554
No aplica	130	234	364
Se ignora	12	33	45
Total	1,248	2,073	3,321

Fuente: Elaboración propia con información al 3 de septiembre de 2021

Tabla 2

Pacientes hablantes de lengua indígena a nivel nacional, según resultado positivo para (SARS-CoV-2) COVID-19 al 3 de septiembre de 2021

Clasificación	Femenino	Masculino	Total
Caso de COVID-19 confirmado por asociación clínica epidemiológica	570	589	1,159
Caso de COVID-19 confirmado por comité de dictaminación	29	62	91
Caso de SARS-CoV-2 confirmado	9,316	10,728	20,044
Total	9,915	11,379	21,294

Fuente: Elaboración propia con información al 3 de septiembre de 2021

Tabla 3

Pacientes hablantes de lengua indígena a nivel nacional con resultado positivo para (SARS-CoV-2) COVID-19 según Estrategia de Tratamiento Médico al 3 de septiembre de 2021

Estrategia de Tratamiento Médico			
Clasificación	Ambulatorio	Hospitalario	Total
Femenino	7,199	2,716	9,915
Masculino	7,562	3,817	11,379
Total	14,761	6,533	21,294

Fuente: Elaboración propia con información al 3 de septiembre de 2021

Tabla 5

Pacientes hablantes de lengua indígena con resultado positivo para (SARS-CoV-2) COVID-19 que requirieron intubación, según sexo al 3 de septiembre de 2021

Requirieron intubación	Mujeres	Hombres	Total
Si	296	481	777
No	2,394	3,293	5,687
No aplica	7,199	7,562	14,761
Se ignora	26	43	69
Total	9,915	11,379	21,294

Fuente: Elaboración propia con información al 3 de septiembre de 2021

Tabla 6

Defunciones de pacientes hablantes de lengua indígena con resultado positivo para (SARS-CoV-2) COVID-19, según sexo al 3 de septiembre de 2021

Clasificación	Mujeres	Hombres	Total
Caso de COVID-19 confirmado por asociación clínica epidemiológica	101	149	250
Caso de COVID-19 confirmado por comité de dictaminación	29	62	91
Caso de SARS-CoV-2 confirmado	1,118	1,862	2,980
Total	1,248	2,073	3,321

Fuente: Elaboración propia con información al 3 de septiembre de 2021

Tabla 8

VOC ALPHA				
Lineage	Clade			Total
	G	GR	GRY	
B.1.1.7	4	76	864	944
Q.1	0	0	3	3
Q.3	0	1	15	16
Total	4	77	882	963

Fuente: Elaboración propia.

VOC BETA		
Lineage	Clade	
	GH	Total
B.1.351		11
Total	11	11

Fuente: Elaboración propia.

VOC GAMMA				
Lineage	Clade			Total
	G	GK	GR	
P.1	6	0	1,413	1,419
P.1.1	0	0	2	2
P.1.10	0	1	7	8
P.1.10.2	0	0	17	17
P.1.11	1	0	1	2
P.1.2	0	0	20	20
P.1.7	0	0	3	3
P.1.8	0	0	1	1
P.1.9	0	0	1	1
Total	7	1	1,465	1,473

Fuente: Elaboración propia.

VOC DELTA				
Lineage	Clade			
	G	GK	GV	O
AY.10	1	0	0	0
AY.12	2	23	0	0
AY.13	1	10	0	0
AY.15	0	5	0	0
AY.19	0	3	0	0
AY.2	2	1	0	0
AY.20	70	1,232	0	0
AY.21	1	3	0	0
AY.24	0	1	0	0
AY.25	0	11	0	0
AY.3	5	125	0	0
AY.4	0	7	0	0
AY.5	0	1	0	0
AY.9	0	1	0	0
B.1.617.2	94	1,213	1	1
Total	176	2,636	1	1

Fuente: Elaboración propia.

VOI ETA		
No presente en México		

VOI IOTA			
Lineage	Clade		Total
	G	GH	
B.1.526	2	27	29
Total	2	27	29

Fuente: Elaboración propia.

VOI KAPPA		
Lineage	Clade	
	G	Total
B.1.617.1	2	2
Total	2	2

Fuente: Elaboración propia.

VOI LAMBDA			
Lineage	Clade		Total
	G	GR	
C.37	1	54	55
Total	1	54	55

Fuente: Elaboración propia.

VOI MU		
Lineage	Clade	
	G	GH
B.1.621		144
B.1.621.1		4
Total	148	148

Fuente: Elaboración propia.

Fuente: Elaboración propia con información del Sistema de Información de la Global Initiative on Sharing All Influenza Data (GISAI), al 3 de septiembre de 2021

Tabla 9

Vigilancia genómica de la variante VOC i j Delta = [Delta (WHO label)], [G/478K.V1 (GISAI clade)], [B.1.617.2+AY.x (Pango linaje)] en México al 3 de septiembre de 2021

Estatus del paciente	Clade				Total
	G	GK	GV	O	
Liberado	10	905	1	1	917
Vivir	-	9	-	-	9
Atención ambulatoria en vivo	-	1	-	-	1
Ambulatorio	112	859	-	-	971
Moderar	-	4	-	-	4
Asintomático - Ambulatorio	-	5	-	-	5
Ambulatorio asintomático	-	1	-	-	1
Asintomático y ambulatorio	-	2	-	-	2
Ambulatorio sintomático	-	1	-	-	1
Sintomático	-	1	-	-	1
Sintomático - Ambulatorio	-	10	-	-	10
Sintomático y ambulatorio	-	5	-	-	5
Hospitalizado	53	793	-	-	846
Fallecido	1	33	-	-	34
Fatal	-	7	-	-	7
Total	176	2,636	1	1	2,814

Fuente: Elaboración propia con información del Sistema de Información de la Global Initiative on Sharing All Influenza Data (GISAI), al 3 de septiembre de 2021.

Tabla 10

Número de casos identificados por tipo de CLADE en la variante identificada [Delta (WHO label)], [G/478K.V1 (GISAI clade)], [B.1.617.2+AY.x (Pango linaje)] en entidades federativas seleccionadas al 3 de septiembre de 2021

Clade	Clade G	Clade GK	Total
Estado de Puebla	1	34	35
Estado de Hidalgo	5	95	100
Estado de Veracruz	11	142	153
Estado de Oaxaca	5	15	20
Total	22	286	308

Fuente: Elaboración propia con información del Sistema de Información de la Global Initiative on Sharing All Influenza Data (GISAI), al 3 de septiembre de 2021.

Tabla 11

Número de casos registrados de la variante [Delta (WHO label)], [G/478K.V1 (GISAID clade)], [B.1.617.2+AY.x (Pango linaje)] en entidades federativas seleccionadas al 3 de septiembre de 2021

Entidad Federativa	Mujeres	Hombres	Total
Estado de Puebla	16	19	35
Estado de Hidalgo	46	54	100
Estado de Veracruz	82	71	153
Estado de Oaxaca	11	9	20
Total	155	153	308

Fuente: Elaboración propia con información del Sistema de Información de la Global Initiative on Sharing All Influenza Data (GISAID), al 3 de septiembre de 2021.

Tabla 12

Tipo de vacuna aplicada en casos registrados con variante identificada [Delta (WHO label)], [G/478K.V1 (GISAID clade)], [B.1.617.2+AY.x (Pango linaje)] en entidades federativas seleccionadas al 3 de septiembre de 2021

Entidad Federativa	Aztraseca	Cancino	Pfizer	Ninguna	Total
Estado de Puebla	-	-	-	1	1
Estado de Hidalgo	1	2	1	-	4
Estado de Veracruz	4	1	8	-	13
Estado de Oaxaca	-	-	-	-	-
Total	5	3	9	1	18

Fuente: Elaboración propia con información del Sistema de Información de la Global Initiative on Sharing All Influenza Data (GISAID), al 3 de septiembre de 2021.

Tabla 13

Número de casos registrados de la variante [Delta (WHO label)], [G/478K.V1 (GISAID clade)], [B.1.617.2+AY.x (Pango linaje)] en entidades federativas seleccionadas por grupos de edad y sexo al 3 de septiembre de 2021

Entidad Federativa	Mujeres				Hombres				Total				Total
	De 0 a 20 años	De 21 a 40 años	De 41 a 60 años	De 60 años y más	De 0 a 20 años	De 21 a 40 años	De 41 a 60 años	De 60 años y más	De 0 a 20 años	De 21 a 40 años	De 41 a 60 años	De 60 años y más	
Estado de Puebla	0	12	3	1	4	11	2	2	4	23	5	3	35
Estado de Hidalgo	3	19	15	9	6	23	16	9	9	42	31	18	100
Estado de Veracruz	4	36	31	11	14	30	19	8	18	66	50	19	153
Estado de Oaxaca	2	5	4	0	0	5	3	1	2	10	7	1	20
Total	9	72	53	21	24	69	40	20	33	141	93	41	308

Fuente: Elaboración propia con información del Sistema de Información de la Global Initiative on Sharing All Influenza Data (GISAID), al 3 de septiembre de 2021.