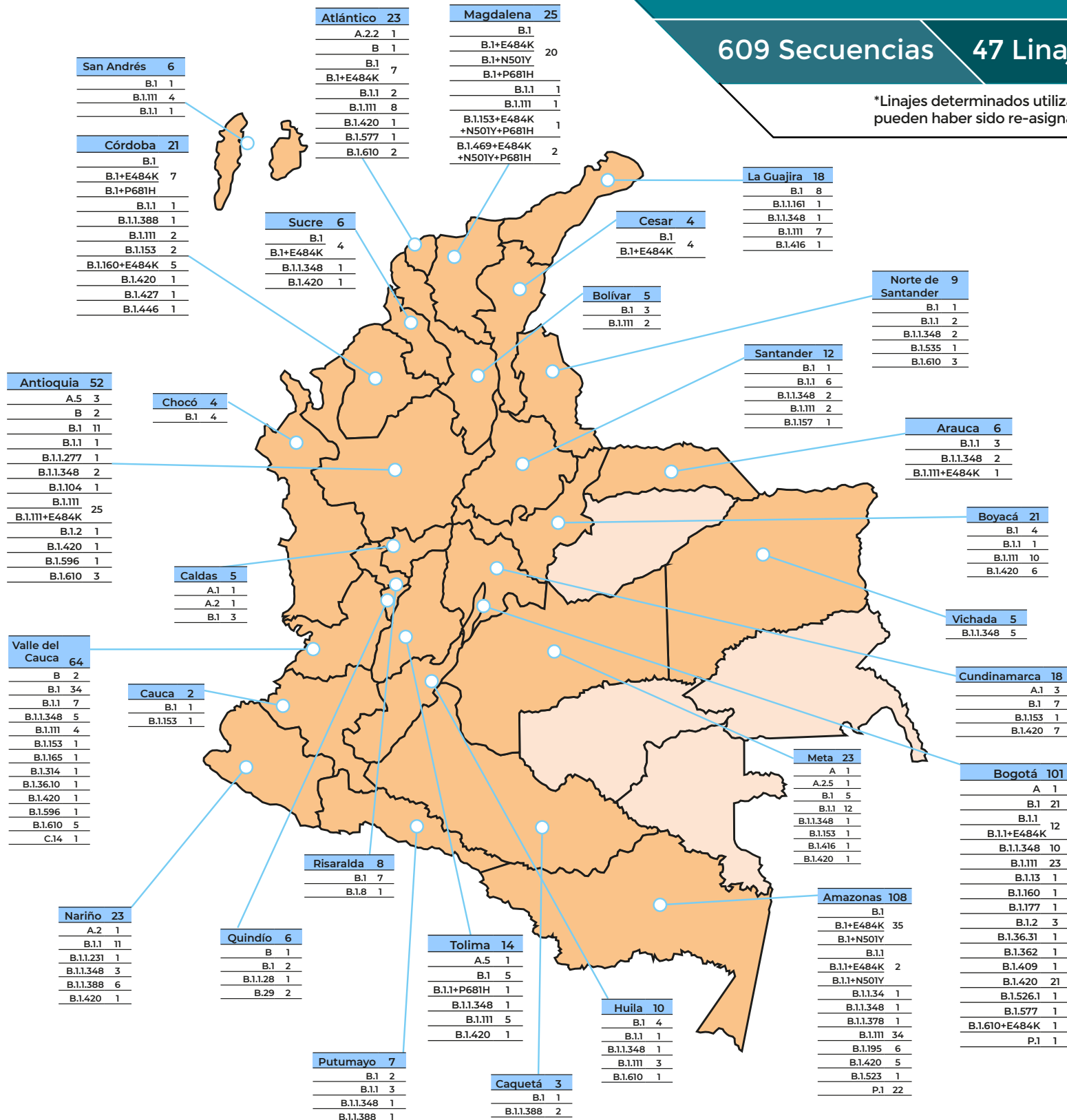


Distribución geográfica de los linajes de SARS-CoV-2 circulantes en Colombia

Fuente: Grupo genómica de microorganismos emergentes INS /Red Colombiana de Vigilancia Genómica.
 Datos genómicos disponibles en www.gisaid.org

609 Secuencias 47 Linajes* 1.800 muestras

*Linajes determinados utilizando el algoritmo Pangolin, algunos linajes pueden haber sido re-asignados en las actualizaciones del aplicativo



VOC/VOI	Linaje	%
* ■ ●	B.1	33,2%
*	B.1.111	21,5%
* ■ ●	B.1.1	11,0%
	B.1.420	7,7%
	B.1.1.348	6,2%
	P.1	3,8%
	B.1.610	2,5%
	B.1.1.388	1,6%
* ■ ●	B.1.153	1,1%
	B	1,0%
*	B.1.160	1,0%
	B.1.195	1,0%
	A.1	0,7%
	A.5	0,7%
	B.1.2	0,7%
	A	0,3%
	A.2	0,3%
	B.1.416	0,3%
* ■ ●	B.1.469	0,3%
	B.1.577	0,3%
	B.1.596	0,3%
	B.29	0,3%
	A.2.2	0,2%
	A.2.5	0,2%
	B.1.1.161	0,2%
	B.1.1.231	0,2%
	B.1.1.277	0,2%
	B.1.1.28	0,2%
* ■	B.1.1.34	0,2%
	B.1.1.378	0,2%
	B.1.104	0,2%
	B.1.13	0,2%
	B.1.157	0,2%
	B.1.165	0,2%
	B.1.177	0,2%
	B.1.314	0,2%
	B.1.36.10	0,2%
	B.1.36.31	0,2%
	B.1.362	0,2%
	B.1.409	0,2%
	B.1.420	0,2%
	B.1.526.1	0,2%
	B.1.8	0,2%
	B.1.446	0,2%
	B.1.523	0,2%
	B.1.526.1	0,2%
	B.1.535	0,2%
	C.14	0,2%

* E484K
 ■ N501Y
 ● P681H

Nota: No todos los genomas de un linaje tienen VOC/VOI, ver detalle en el link: <https://www.ins.gov.co/Noticias/Paginas/coronavirus-genoma.aspx>