

Rastreador de datos del COVID de los CDC

Mapas, tablas y datos proporcionados por los CDC; se actualizan todos los jueves antes de las 8 p. m., hora del este
Inicio de COVID-19 >



A partir del 11 de mayo, los datos sobre vigilancia genómica se notificarán de forma quincenal, con base en la disponibilidad de muestras de pruebas positivas. Puede encontrar datos archivados sobre vigilancia genómica en data.cdc.gov.

Descargo de responsabilidad: La traducción de este sitio web está en curso y el contenido se actualiza con frecuencia. Es posible que algunas páginas estén parcial o totalmente en inglés hasta que se haya traducido todo el contenido.

Estados Unidos

Vista general

Total de hospitalizaciones
6 143 551

Tendencia en admisión en hospitales
-6.5% in past week

Total de muertes
1 127 928

Tendencia en % de muertes por COVID-19
-5.3% in past week

17,0% de personas con Dosis de refuerzo actualizada



- Página de inicio de la herramienta de seguimiento de datos
- Tendencias
- Mapas
- Hospitalizaciones
- Muertes
- Consultas de emergencia
- Distribución y cobertura de vacunación
- Eficacia de las vacunas y vigilancia de infecciones en vacunados
- Variantes y vigilancia genómica**
- Vigilancia genómica en viajeros
- Vigilancia de aguas residuales
- Afecciones posteriores al COVID-19
- Equidad en la salud
- Pacientes pediátricos
- Embarazo
- Seroprevalencia
- Impacto social
- Otros datos del COVID-19
- Recursos de comunicación
- Inicio de COVID-19

[< Volver a Variantes y vigilancia genómica](#)

Proporciones de las variantes

Monitoreo de las proporciones de las variantes

El SARS-CoV-2, el virus que causa el COVID-19, está constantemente cambiando y acumulando mutaciones en su código genético con el paso del tiempo. Se espera que sigan surgiendo nuevas variantes de SARS-CoV-2. Algunas variantes aparecerán y desaparecerán, mientras que otras seguirán propagándose y podrían reemplazar las variantes anteriores.

Para detectar y rastrear [Variantes del SARS-CoV-2](#), los CDC usan [vigilancia genómica](#). El sistema nacional de vigilancia genómica de los CDC recoge muestras de SARS-CoV-2 para su secuenciación a través del programa de Vigilancia de Cepas Nacional del SARS-CoV-2 (NS3), así como secuencias de SARS-CoV-2 generadas por laboratorios comerciales o académicos contratados por los CDC y laboratorios de salud pública estatales o locales. Virus genetic sequences are analyzed and classified as a particular lineage. The proportions of SARS-CoV-2 variants in a population are calculated nationally, by HHS region, and by jurisdiction. The sequences analyzed through CDC's national genomic sequencing and bioinformatics efforts fuel the comprehensive and population-based U.S. surveillance system established to identify and monitor the spread of variants.

Los datos de secuenciación rápida del genoma del virus combinados con los datos fenotípicos se usan además para determinar si las pruebas del COVID-19, tratamientos y vacunas autorizadas o aprobadas para su uso en los Estados Unidos funcionarán contra las variantes emergentes.

Tipos de datos de la proporción de variantes

CDC provides estimates of variant proportions for two-week periods. These proportions are calculated in two ways: weighted estimates and Nowcast estimates.

Weighted estimates (provided for all two-week periods except the most recent two, two-week periods) are variant proportions that are based on empirical (observed) genomic sequencing data. These estimates are not available for the most recent two-week periods because of the time it takes to generate the sequencing data, including sample collection, specimen treatment, shipping, analysis, and upload into public databases.

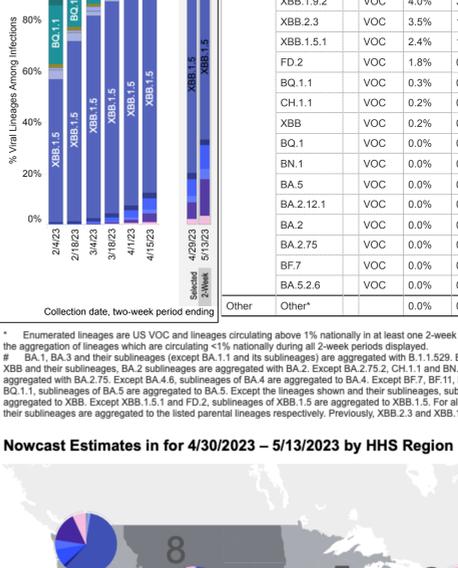
Lineages with weighted estimates less than 1 % of all circulating variants are combined with their parent lineage. When the weighted estimate of a lineage crosses the 1 % threshold and has substitutions in the spike protein that could affect vaccine efficacy, transmission, or severity, it may be separated from its parent lineage and displayed on its own in the variant proportions data.

Nowcast estimates (provided for the most recent two two-week periods when the "Nowcast on" option is selected below) are model-based projections of variant proportions for the most recent two-week periods to enable timely public health action. CDC uses the Nowcast to forecast variant proportions before the weighted estimates are available for a given two-week period.

HHS Region: USA
Data for the 2-Week Period Ending on: 5/13/2023 (Nowcast)
View: Nowcast and Weighted

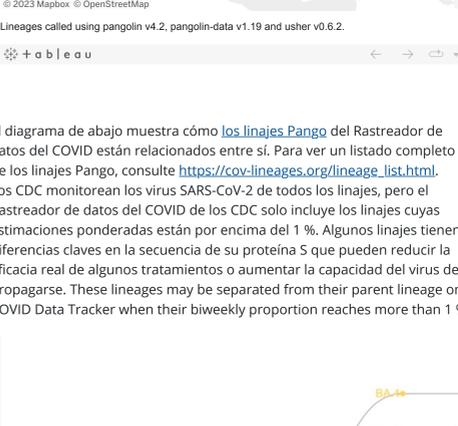
This shows weighted and Nowcast estimates for the United States. The table and map show estimates period ending on 5/13/2023 (Nowcast).

Weighted and Nowcast Estimates in United States for 4/30/2023 – 5/13/2023



* Enumerated lineages are US VOC and lineages circulating above 1% nationally in at least one 2-week period during all 2-week periods displayed. BA.1, BA.2 and their sublineages (except BA.1.1 and its sublineages) are aggregated with B.1.1.529. E, XBB and their sublineages (except BA.1.1 and its sublineages) are aggregated with BA.2. BA.2.75.2, CH.1.1 and BN.1 are aggregated with BA.2.75. Except BA.4.6, sublineages of BA.4 are aggregated to BA.4. Except BF.7, BF.1.1, BQ.1.1, sublineages of BA.5 are aggregated to BA.5. Except the lineages shown and their sublineages, sublineages of XBB. Except XBB.1.5.1 and FD.2, sublineages of XBB.1.5 are aggregated to XBB.1.5. For all their sublineages are aggregated to the listed parental lineages respectively. Previously, XBB.2.3 and XBB.1.5.

Nowcast Estimates in for 4/30/2023 – 5/13/2023 by HHS Region



El diagrama de abajo muestra cómo [los linajes Pango](#) del Rastreador de datos del COVID están relacionados entre sí. Para ver un listado completo de los linajes Pango, consulte https://cov-lineages.org/lineage_list.html.

Los CDC monitorean el virus SARS-CoV-2 de todos los linajes, pero el Rastreador de datos del COVID solo incluye los linajes cuyas estimaciones ponderadas están por encima del 1 %. Algunos linajes tienen diferencias claves en la secuencia de su proteína S que pueden reducir la eficacia real de algunos tratamientos o aumentar la capacidad del virus de propagarse. These lineages may be separated from their parent lineage on COVID Data Tracker when their biweekly proportion reaches more than 1 %.



Más acerca de las variantes

Información para entender qué son las variantes

- [Información importante acerca de las variantes](#)
- [Información para entender qué son las variantes](#)

Variantes y vigilancia genómica

- [Vigilancia genómica de las variantes del SARS-CoV-2](#)
- [Clasificaciones y definiciones de las variantes del SARS-CoV-2](#)
- [El rol de los CDC en el seguimiento de las variantes](#)
- [Secuencias del SARS-CoV-2 publicadas](#)
- [Informe de variantes a nivel mundial](#)
- [Informe científico: variantes emergentes del SARS-CoV-2](#)

Acerca de estos datos

Todas las variantes en los Estados Unidos

Instrucciones: Los datos incluidos en el gráfico y la tabla muestran las proporciones de variantes estimadas para las variantes más comunes y el periodo. The U.S. map shows the estimated biweekly proportions of the most common SARS-CoV-2 variants circulating in the United States, divided by HHS regions. Data can be filtered by timeframe (two-week periods), and national or HHS region from the drop-down controls on the top. Si se selecciona un periodo específico en el gráfico, los datos cambiarán en la tabla y en el mapa para reflejar el periodo seleccionado. Si se selecciona una región específica en el mapa de los EE. UU., los datos cambiarán en la tabla y en el mapa para reflejar la región seleccionada. For example, if Region 4 is selected, data will reflect estimates based on reported results from MS, GA, AL, TN, KY, NC, SC, and FL. Data for a specific variant can be highlighted in all figures by selecting it in the "Highlight Variant" box in the left bottom corner of U.S. map, or in the chart, table or pie chart in the U.S. map. Para ver las proporciones y sus intervalos de confianza/intervalos de predicción para todas las variantes comunes en el periodo específico, coloque el puntero sobre alguna de las barras (periodo) en el gráfico. Para ver el cambio de la proporción de una variante en diferentes periodos en una región específica, coloque el puntero en esa variante en la región específica del mapa de los EE. UU. (también aparecerá una tabla que muestra las proporciones de otras variantes).

Previsiones: La configuración por defecto del gráfico, la tabla y el mapa de Estados Unidos es para mostrar [Estimaciones de Nowcast de los CDC](#). Dado que pueden pasar entre 2 y 3 semanas desde que se recoge una muestra hasta que sus datos de secuencia están disponibles para el análisis, Nowcast es una herramienta importante que puede estimar las proporciones de variantes para intervalos de tiempo más recientes. Nowcast no predice la propagación del virus en el futuro, pero sí ayuda a calcular la prevalencia actual de las variantes, con base en los datos de vigilancia genómica de semanas anteriores. Estimates of variant proportions for previous two-week period may change as more data are reported. Los cálculos de Nowcast se adaptan constantemente a las proporciones ponderadas de acuerdo con los datos de secuenciación notificados, los cuales son publicados 2-3 semanas después.

Proporciones ponderadas

Para proporcionar cálculos nacionales, regionales y a nivel de jurisdicción más representativos de las proporciones de las variantes, se incluyen cálculos para representar el muestreo de datos con el tiempo y entre o dentro de los estados. Por ejemplo, las secuencias generadas a través de las investigaciones de brotes suelen proceder de una región geográfica muy reducida (como una escuela) y pueden distorsionar las proporciones dentro de su jurisdicción más amplia. A través de un enfoque basado en el diseño de encuestas, los CDC usan ponderadores para hacer estos cálculos, que se basan en la cantidad total de pruebas que aplican la técnica de reacción en cadena de la polimerasa con transcriptasa inversa (RT-PCR, por sus siglas en inglés) y la cantidad de resultados de pruebas RT-PCR de detección del SARS-CoV-2 que dan positivo. Las proporciones de variantes se calculan con base en [secuencias genómicas](#) obtenido a través de los CDC (NS3 y contratos de secuenciación financiada por los CDC) y se etiquetó la secuenciación de vigilancia de nivel de referencia enviados a los depósitos públicos por laboratorios estatales, locales, académicos y comerciales. Las secuencias que se usan en este análisis tienen como fin mostrar un ejemplo representativo de todos los casos durante el periodo y la ubicación seleccionados. Es posible que no coincidan con los casos notificados por las autoridades estatales, territoriales, tribales y locales. Las estimaciones de las proporciones de variantes ponderadas están sujetas a cambio a medida que aumenta la disponibilidad de datos de secuencias de muestras recogidas previamente.

Los datos de variantes notificados para los cálculos a nivel de jurisdicción se limitan a aquellos designados como [variante de preocupación \(VOC\)](#), [variante de interés \(VOI\)](#) o [variante bajo monitoreo \(VBN\)](#) por el [Grupo Interagencial del SARS-CoV-2 \(SIG\) del gobierno de los EE. UU.](#) Las diferencias en la cantidad de pruebas de RT-PCR de detección del SARS-CoV-2 con resultado positivo, las fuentes de datos de secuencias y el número de secuencias disponibles durante un periodo inciden en el grado de certeza de las estimaciones de proporciones ponderadas. Se proporcionan intervalos de confianza para describir estas incertidumbres. These data will be updated every other week on Friday.

[¿Por qué aplicamos la vigilancia genómica de las variantes de SARS-CoV-2?](#)
Visite las páginas de [Vigilancia genómica de las variantes del SARS-CoV-2](#) para conocer más

[¿Cómo los CDC utilizan la secuenciación genómica para hacer un seguimiento de las variantes del SARS-CoV-2?](#)
Visite [El rol de los CDC en el seguimiento de las variantes](#) para conocer más

[¿Quiere saber más sobre las variantes del virus que causa el COVID-19?](#)
Visite las páginas de [Acerca de las variantes del virus que causa el COVID-19](#) para conocer más

[¿Qué variantes de SARS-CoV-2 están siendo monitoreadas?](#)
Visite las páginas de [Clasificaciones y definiciones de las variantes del SARS-CoV-2](#) para conocer más acerca de los atributos de las variantes y sus clasificaciones.

Citar el Rastreador de datos del COVID de los CDC

Centros para el Control y la Prevención de Enfermedades. Rastreador de datos del COVID de los CDC: Atlanta, GA: Departamento de Salud y Servicios Humanos de los Estados Unidos, CDC; 2023, Mayo 13.
<https://covid.cdc.gov/covid-data-tracker>

Inicio de COVID-19 >

Todos los temas relacionados con el COVID-19, incluidos prevención, viajes, trabajo y escuela

¿ALGUNA PREGUNTA?

- Visite [CDC-INFO](#)
- Llame al 800-232-4636
- Comuníquese con [CDC-INFO](#)
- Abierto 24/7

INFORMACIÓN DE LOS CDC

- Acerca de los CDC
- Empleos
- Financiamiento
- Políticas
- Visores de archivos y reproductores

Privacidad

- Ley FOIA
- Ley No Fear
- OIG
- Aviso de no discriminación
- Accesibilidad

CONÉCTESE CON LOS CDC

- [Facebook](#)
- [Twitter](#)
- [LinkedIn](#)
- [YouTube](#)
- [RSS](#)
- [Email](#)