



GOBIERNO DE  
MÉXICO



CONACYT  
Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología

Ciudad de México, a 31 de octubre de 2022.

## Aviso informativo

# Reporte de la vigilancia genómica del virus SARS- CoV-2, las variantes y el nivel de diseminación

La COVID-19 es una enfermedad respiratoria causada por el virus SARS-CoV-2 que puede llegar a ser muy severa. Desde que inició la pandemia este virus ha evolucionado, diversificándose en un gran número de variantes.

En el 2022 la variante predominante en todo el mundo ha sido Ómicron, que se caracteriza por tener una muy alta transmisibilidad en comparación con variantes anteriores, como Alfa o Delta. Otra de sus características es que tiende a invadir las vías respiratorias altas, en contraste con variantes anteriores que se dirigían hacia las vías respiratorias bajas, por lo que frecuentemente provoca una enfermedad menos severa. Esto no quiere decir que Ómicron deba considerarse con menos seriedad que las variantes previamente predominantes, toda vez que la COVID-19 sigue siendo una enfermedad potencialmente fatal.

A través de un trabajo coordinado en el Consorcio de Vigilancia Genómica (Covigen), el Conacyt, el Instituto de Diagnóstico y Referencia Epidemiológicos (InDRE) y la Secretaría de Salud se ha realizado un seguimiento de las variantes, y se tiene conocimiento de que, durante los primeros meses del año, las subvariantes predominantes fueron BA.1, BA.1.1 y BA.1.15 de Ómicron. A nivel nacional, durante el mes de mayo las subvariantes predominantes fueron BA.2, BA.2.9 y BA.2.12.1.

Durante los meses de julio y agosto, los sublinajes de la variante Ómicron predominantes en México fueron BA.5.1, BA.5.2 y BA.4.4, desplazado poco a poco las anteriores variantes. Durante el mes de septiembre estos sublinajes siguieron siendo predominantes, pero se observó un aumento en la frecuencia de otros sublinajes, especialmente BA.5.1.6. Durante la primera semana de octubre se observa un incremento en la presencia de otro sublinaje, el llamado BW.1.





**GOBIERNO DE  
MÉXICO**



**CONACYT**  
Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología

En general, lo que se observa es un patrón de desplazamiento de las variantes de SARS-CoV-2 donde las introducciones de las variantes nuevas desplazan a las que estaban circulantes en el país. La vigilancia genómica ha mostrado ser una herramienta muy útil en el monitoreo de la COVID-19. Entre otras cosas, la vigilancia genómica nos permite detectar la introducción en el país y su movimiento en este de variantes con características potencialmente preocupantes tales como mayor capacidad de contagio, mayor virulencia, resistencia a antivirales, o capacidad de ser detectadas por las pruebas de diagnóstico existentes.

---oo0oo---

Coordinación de Comunicación  
[comunicacion@conacyt.mx](mailto:comunicacion@conacyt.mx)  
[conacyt.mx](http://conacyt.mx)