

Olas ocultas: tras el rastro de la COVID-19 post-pandemia en Morelos

RODRIGO GARCÍA LÓPEZ

El Dr. García López estudió la Licenciatura en Ciencias Genómicas en la UNAM-Morelos. Obtuvo la Maestría en Biología Molecular, Celular y Genética y el Doctorado en Biotecnología en la Universidad de Valencia (España). Durante la pandemia de COVID-19 participó activamente en la vigilancia del virus SARS-CoV-2 analizando sus genomas como parte del Consorcio Mexicano de Virología. Desde 2024 es investigador en el Instituto de Biotecnología de la UNAM. Es integrante de la Academia de Ciencias de Morelos.

Esta publicación fue revisada por el comité editorial de la Academia de Ciencias de Morelos.

Terminó la pandemia, pero el virus se quedó

La pandemia de COVID-19 (2020-2023) marcó un antes y un después en lo social y económico, además de traer consigo profundos cambios a los sistemas de salud en múltiples países. Mediante el más grande esfuerzo coordinado en salud pública a nivel mundial hasta la fecha, conseguimos monitorear en tiempo real los brotes regionales de la COVID-19, enfermedad causada por el virus SARS-CoV-2 (ahora clasificado como *Sarbecovirus pandemicum*). Esto se logró con un nivel de detalle sin precedentes, que nos permitió definir puntualmente su historia evolutiva y distribución global, contribuyendo a una toma de decisiones informada y personalizada para cada región.

En el Instituto de Biotecnología (IBT) de la UNAM, como parte del Consorcio Mexicano de Virología (CoViGen-Mex), monitoreamos la pandemia de COVID-19 a través de las seis olas epidemiológicas oficiales. La cuarta ola fue la más fuerte, debido a la llegada de la variante Omicron en diciembre 2021 (registrando más de 62,000 casos diarios en su pico, Figura 1). Para cuando terminó esta ola, la mayoría de las personas ya habían pasado por al menos una infección natural del virus. Muchas de ellas ni siquiera llegaron a saberlo pues, en su mayoría y sobre todo con la variante Omicron, las infecciones fueron asintomáticas o leves, en muchos casos gracias a la vacunación oportuna. Así, a mediados de 2023, cuando acabó la fase de emergencia (1), la mayor parte de la población mexicana ya contaba con al menos inmunidad parcial contra el virus. Afortunadamente, el virus ya se había logrado adaptar al humano reduciendo la mortalidad pues, desde la llegada de Omicron, pasó a infectar preferencialmente las vías aéreas superiores (nariz, garganta) en lugar de los pulmones.

A finales de 2023, tras seis olas y con el fin de la emergencia, el sistema de vigilancia para COVID-19 en México se relajó, convirtiéndose en un sistema de vigilancia centinela, como en otros países

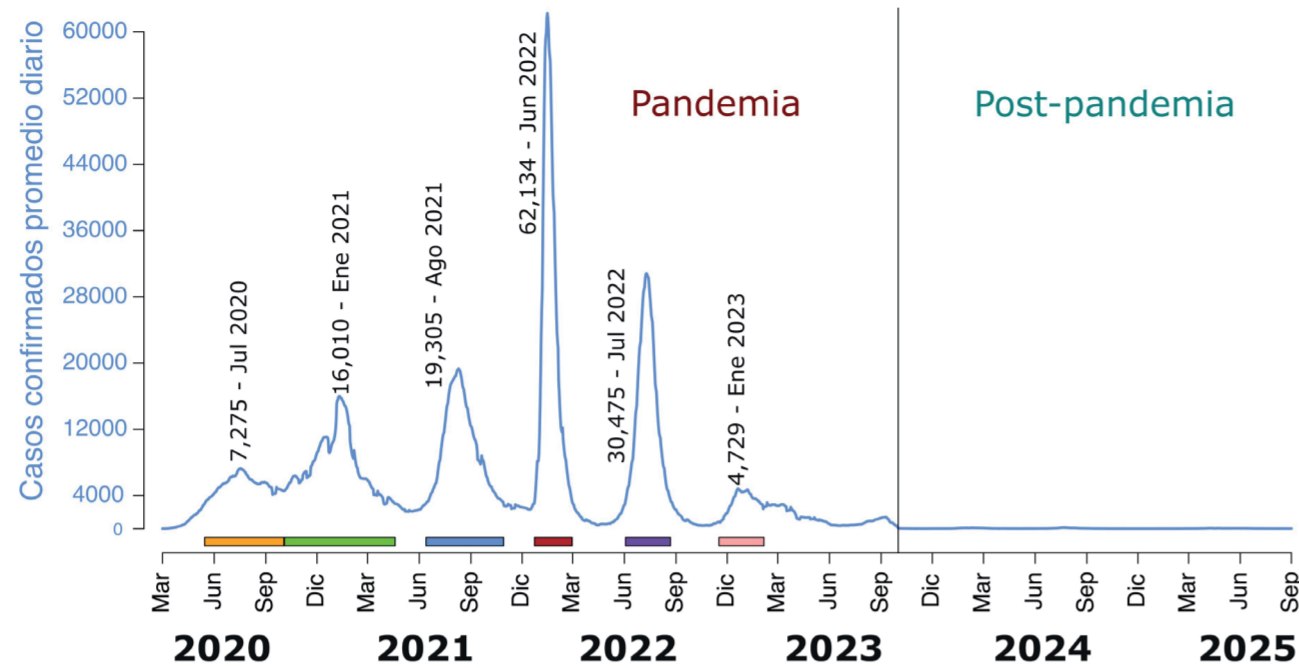


FIGURA 1. CASOS confirmados de COVID-19 en México. La duración de las olas epidemiológicas oficialmente reconocidas se marcan con barras de colores. Los números en vertical muestran el registro máximo de confirmados diarios para cada ola (promedio móvil de 7 días). La línea vertical marca el 1 de octubre de 2023, última fecha en que se registran muestras con el protocolo de emergencia. Elaboración propia, datos oficiales de la Dirección General de Epidemiología (DGE) de la Secretaría de Salud.

(2). Por ello, las olas post-pandemia sólo podemos detectarlas actualmente a través de la *positividad* (la cual nos indica cuántas de las pruebas salen positivas de entre todas las realizadas, una medida útil cuando hay pocas muestras; se muestra por estado en la Figura 2). De esta forma, en el IBT monitoreamos en el país dos olas adicionales post-pandemia en 2024 y una última en la primavera de 2025. Si bien el impacto de la COVID-19 en la actualidad es menor por la inmunidad adquirida, continúa siendo un riesgo para la población no vacunada, en particular para los menores de edad, además de en aquellas personas susceptibles por alguna comorbilidad. Precisamente este es uno

de los temas que trabajamos actualmente, en búsqueda de alternativas para seguir monitoreando este y otros virus, hallando una interesante alternativa en las aguas negras.

Detrás del rastro invisible de la COVID-19 en las aguas negras

Durante una infección de SARS-CoV-2, una persona infectada puede excretar miles de partículas virales en heces y otras secreciones corporales (pues el virus puede infectar, aunque con menor éxito, células del intestino). Por ello, puede detectarse directamente el material genético del virus (ARN en este caso) empleando

muestras de aguas negras. Esto es posible porque a escala poblacional, como lo es en una colonia o ciudad, el sistema de alcantarillado funciona como un enorme receptáculo biológico que integra las señales genéticas del virus de cientos o miles de personas. La señal de detección será más fuerte cuando haya un mayor número de personas infectadas empleando el drenaje.

Este principio es la base de la *vigilancia epidemiológica basada en aguas residuales* (VEAR), que trabajamos en el IBT. En lugar de analizar individuo por individuo, como hacen las clínicas y los hospitales, nuestro enfoque estudia de forma periódica

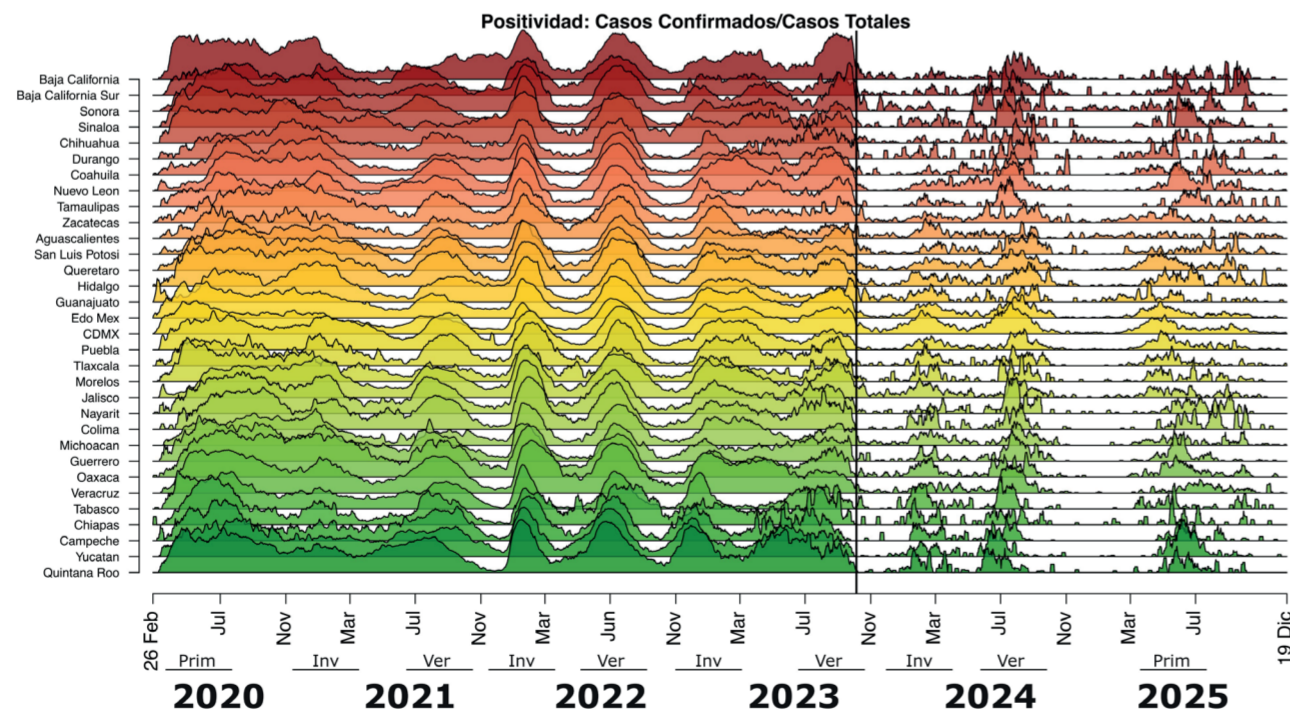


FIGURA 2. POSITIVIDAD para SARS-CoV-2 en los 32 estados. La línea vertical marca el último día con muestras registradas con el protocolo de emergencia (1 de octubre de 2023), día de término de la fase de emergencia en México y el cambio de estrategia de monitoreo. Las líneas horizontales muestran a qué temporada pertenece cada ola. Elaboración propia, datos oficiales de la DGE, SSA.

dica las muestras del agua residual de una población completa (la escala puede ir desde un edificio, hasta una ciudad) para obtener el material genético del virus y definir la tendencia en un momento dado en una comunidad. Estas técnicas no son nuevas, fueron especialmente útiles para monitorear el virus de la polio durante las campañas de su erradicación que concluyeron en 2014, pero la pandemia aceleró su desarrollo tecnológico y adopción, surgiendo como un complemento para la vigilancia tradicional y a gran escala para monitorear el avance del virus.

Durante la pandemia de SARS-CoV-2, se demostró que era posible anticipar a través de la VEAR los aumentos de casos clínicos de COVID-19, días antes de que los hospitales comenzaran a llenarse (3). Esto ocurre porque las personas infectadas excretan virus antes de presentar los síntomas, como lo hacen también aquellas que no llegaban a desarrollar síntomas (es decir, personas asintomáticas que normalmente no acudirían a la clínica). Así, en el drenaje se puede detectar la transmisión comunitaria aún en lugares donde los sistemas clínicos tradicionales se quedan cortos. Asimismo, la VEAR es menos susceptible a periodos vacacionales cuando baja la captación de pacientes, además de que puede ayudar a detectar focos en la población donde haya disminución de la inmunidad poblacional.

Brotos silenciosos en Morelos

Al terminar la emergencia por COVID-19, el SARS-CoV-2 se quedó como un virus más del repertorio de patógenos comunes que afectan al humano. Por su parte, el monitoreo en aguas residuales pasó a ser una suerte de "medición silenciosa" de la transmisión comunitaria.

Sin embargo, los brotes de COVID-19 ya no suceden simultáneamente en todo el país y su correcto monitoreo depende, en gran medida, del número de pruebas locales que se realicen y registren en el sistema de salud público, algo que en la mayor parte de los estados ha caído considerablemente después de la pandemia. Para el estado de Morelos, los datos de la Dirección General de Epidemiología reportaron 102 casos positivos en 2025 (1.4% del total nacional), con una única ola de abril-mayo según la positividad, la cual coincide con las tendencias de la zona centro (Figura 2).

Ante esta situación y como primera fase de un proyecto de mayor envergadura que proyecta desplegar este tipo de vigilancia en el país, en el Laboratorio de Metagenómica y Epidemiología de Virus en Aguas Residuales (LMEVAR) del IBT queremos implementar la VEAR en un lugar cercano donde conociéramos la tendencia esperada. Así, muestreamos semanalmente las aguas negras de la ciudad de Temixco, cabecera del municipio homónimo en el estado de Morelos y a media hora al sur de Cuernavaca. Esto se llevó a cabo durante la primavera de 2025, tomando muestras de agua de la entrada de la planta de tratamiento de aguas residuales, localizada

al sur de la ciudad. Así, se obtuvo una muestra poblacional de más de 80,000 habitantes de los que la planta recibe el agua de desecho. Siendo una ciudad pequeña, Temixco cuenta con un hospital con 25 camas censables, pero los casos respiratorios graves que podrían ser detectados como COVID-19 son derivados a Cuernavaca, por lo que en ocasiones no figuran en las bases de datos de SARS-CoV-2 para Temixco en este periodo.

La muestra varía de forma importante según la hora del día, debido a que no todas las personas usan el baño al mismo tiempo y a que se encuentran a distancias diferentes de la planta de tratamiento. Por ello, y para lograr un muestreo adecuado, diseñamos un muestreador compuesto para tomar una muestra continua de 24 h, con la que cada dos semanas monitoreamos el agua de la planta de tratamiento de Temixco. Mediante técnicas moleculares, logramos estudiar en el IBT la fracción vírica y aislar su ARN (material genético de varios de los virus más importantes que infectan humanos).

La muestra es en realidad una mezcla que contiene fragmentos genómicos de todo el universo de virus presentes, ya que se trata de un ecosistema complejo que además contiene restos de bacterias, plantas y animales, entre otros elementos que terminan en el mismo drenaje. De entre todas estas señales, amplificamos la del SARS-CoV-2 mediante RT-qPCR, una técnica molecular donde medimos el *parámetro Ct*, indicador de cuántos ciclos de amplificación se requieren para poder detectar el material genético del virus. Si en la muestra hay una mayor cantidad de copias del genoma del virus, tomará menos ciclos para poder comenzar a detectar la señal, por lo que el valor de Ct será bajo. Si por el contrario el número de virus en la muestra es bajo, el valor de Ct será alto. De esta forma podemos cuantificar la abundancia de SARS-CoV-2 en las muestras y su tendencia semanal. Como control, monitoreamos el virus del moteado suave del pimiento (PM-MoV), un virus inocuo que está presente en cualquier dieta humana, por lo que es un buen marcador para monitorear agua contaminada por heces humanas.

De esta forma, la epidemiología basada en aguas residuales nos permitió observar a través de las muestras de Temixco, una ola primaveral de SARS-CoV-2 en el agua entre el 15 de marzo y el 15 de junio de 2025 (Figura 3). Lo más interesante fue que, a pesar de que los datos clínicos son limitados en esta ciudad por la infraestructura de salud, logramos identificar una tendencia acorde a la del resto del estado de Morelos (1.4% de los 7,289 casos confirmados en 2025) y de la zona centro del país (tan sólo CDMX y Edo. Mex. concentraron el 29.44%). Por lo tanto, creemos que la VEAR se perfila para llegar a ser una herramienta alternativa útil y accesible para poblaciones donde la infraestructura de salud es limitada, las cuales no siempre reportan en bases de datos oficiales, principalmente poblacio-

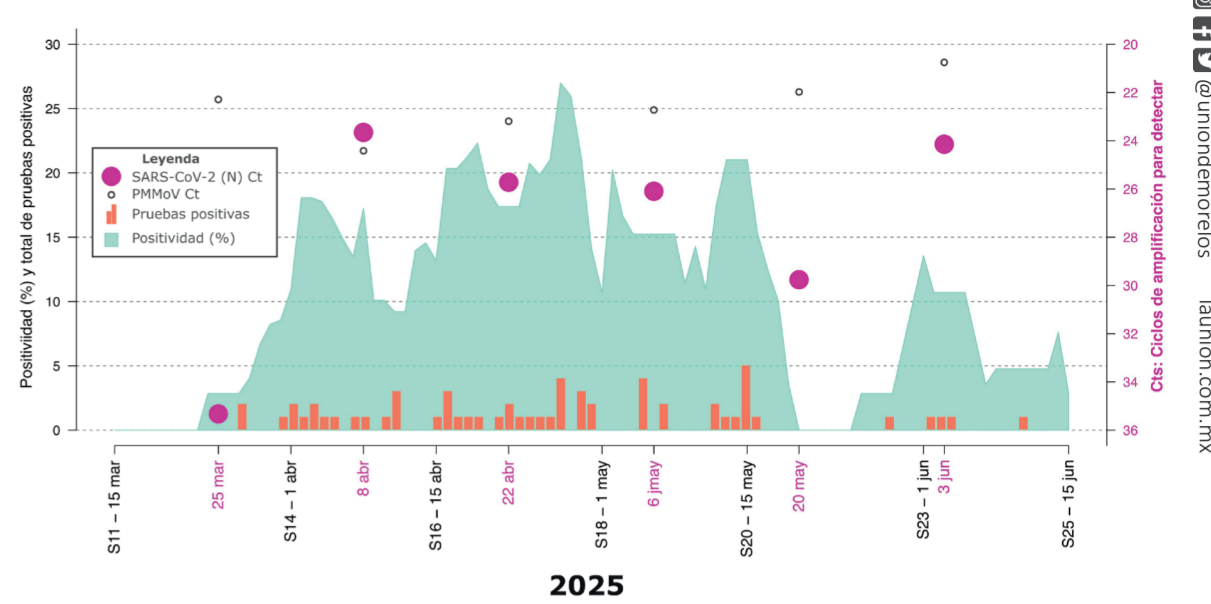


FIGURA 3. POSITIVIDAD (promedio móvil de 7 días), casos confirmados y Ct de SARS-CoV-2 y PMMoV (control) a partir de aguas residuales. La positividad se muestra como promedio móvil de 7 días. Se muestran en negro los días 1 y 15 de cada mes con su semana epidemiológica (S). En magenta se muestran fechas de muestreo en la planta de tratamiento de Temixco. La escala de Ct es una escala inversa (de mayor a menor).

nes pequeñas o de difícil acceso, pero con sistema de drenaje.

Más allá del conteo de casos

Debe entenderse que la VEAR no reemplaza a las pruebas clínicas de COVID-19, sino que complementa a la información clínica para realizar el seguimiento epidemiológico. Por protocolo oficial, a pacientes graves o susceptibles de enfermedad respiratoria se les debe tomar una muestra y realizar la identificación tradicional mediante prueba PCR pero esto está sujeto a recursos y logística local, además de que pacientes que se atienden en consulta privada (principalmente en farmacias de similares) son invisibles para el sistema epidemiológico tradicional pues no figuran en bases de datos oficiales. En casos como estos, la VEAR puede suponer un monitoreo casi en tiempo real que recupera las tendencias de la población, sin importar el tipo de atención, origen o gravedad de la enfermedad, además de ser no invasiva, anónima y no depender de que las personas busquen la atención médica.

Adicionalmente, al tratarse de todo el material genético de un bioma complejo como lo es la materia orgánica en el drenaje, el potencial para monitoreo no se limita a SARS-CoV-2 sino que puede implementarse la búsqueda de distintos virus entéricos como *Norovirus*, *Echovirus*, *Hepatitis A* y *E*, así como otros respiratorios como influenza y adenovirus que también pueden replicarse en células intestinales. En el LMEVAR, estamos estudiando todo el *viroma* (colección de todos los virus en el bioma) a través del *metagenoma vírico* (la colección del material genético de todos los virus), lo cual nos permite estudiar las sus dinámicas, detectar patógenos emergentes y tener los perfiles funcionales de los virus involucrados, para determinar esquemas de monitoreo continuo de patógenos.

¿Por qué importa seguir monitoreando?

Podría parecer que al ya no ha-

ber una emergencia en curso no se justificaría el continuar el monitoreo, pero, como con cualquier otro patógeno, la evolución continúa y las aguas residuales ofrecen un enfoque comparativamente menos costoso para abordar una vigilancia proactiva continua. Idealmente, los sistemas de vigilancia no deberían activarse únicamente durante las crisis. Además, aunque actualmente la mayoría de las infecciones producen enfermedad de menor gravedad gracias a la inmunidad adquirida por vacunas o por infecciones previas, el virus SARS-CoV-2 sigue generando hospitalizaciones y muertes, particularmente en personas vulnerables (en su mayoría mayores de 60 años), además de que hay una población creciente de menores de edad que no se les puede vacunar aún por el esquema actual (sólo de 5 años en adelante).

En resumen, la VEAR es una colección de herramientas modernas que nos permite monitorear patógenos víricos como el SARS-CoV-2 desde un enfoque poblacional, de forma no invasiva, continua, con ventajas costo-beneficio y permitiendo anticipar futuras olas epidemiológicas. Sin embargo, no está exenta de limitaciones, en particular demanda una alta especialización en los operadores y enfrenta problemas de estandarización entre laboratorios. A pesar de ello, VEAR abre las puertas a un estudio mayor, que evalúe en aguas residuales la colección completa de virus humanos que se replican en el intestino humano. Esto permitirá volver a tener luz en un escenario donde el monitoreo clínico de COVID-19 se ha vuelto secundario.

Debido a que el universo de virus es vasto y diverso, en el LMEVAR del IBT continuaremos expandiendo nuestro enfoque hacia patógenos adicionales y otros nichos ecológicos contaminados que ayuden a identificar posibles riesgos de infección para la actividad humana en el país.

Agradecimientos: Deseo agradecer a los proyectos PAPIIT IA200525 y SECIHITI CBF-2025-I-272 que apoyan nuestra investigación.

Referencias:

- World Health Organization (WHO). WHO Director-General's opening remarks at the media briefing – 5 May 2023. Consultado el 26 de abril de 2026 en <https://www.who.int/news-room/speeches/item/who-director-general-s-opening-remarks-at-the-media-briefing---5-may-2023>
- Secretaría de Salud, Subsecretaría de Prevención y Promoción de la Salud, Dirección General de Epidemiología (Septiembre de 2023). Lineamiento estandarizado para la vigilancia epidemiológica y por laboratorio de la enfermedad respiratoria viral. 2023. Consultado el 26 de abril de 2026 en https://www.gob.mx/cms/uploads/attachment/file/636504/Lineamiento_Estandarizado_Para_La_Vigilancia_Epidemiologica_Y_Por_Laboratorio_De_La_Enfermedad_Respiratoria_Viral_-_Septiembre_2023.pdf
- Parkins MD, Lee BE, Acosta N, Bautista M, Hubert CRJ, Hrudevy SE, Frankowski K, Pang X-L (2024). Wastewater-based surveillance as a tool for public health action: SARS-CoV-2 and beyond. *Clin Microbiol Rev.* 37(1):e0010322. doi: 10.1128/cmr.00103-22

Esta columna se prepara y edita semana con semana, en conjunto con investigadores morelenses convencidos del valor del conocimiento científico para el desarrollo social y económico de Morelos.



ESTA PUBLICACIÓN FUE REVISADA POR EL COMITÉ EDITORIAL DE LA ACADEMIA DE CIENCIAS DE MORELOS

Para actividades recientes de la academia y artículos anteriores puede consultar: www.acmor.org
 ¿Comentarios y sugerencias?, ¿Preguntas sobre temas científicos? **CONTÁCTANOS:** coord.comite.editorial.acmor@gmail.com