



Horizonte sanitario

ISSN (en línea): 2007-7459

Factores de riesgo asociados al COVID-19 durante la pandemia en Puerto Vallarta, México

Risk factors associated with COVID-19 during the pandemic in Puerto Vallarta, Mexico

Artículo Original DOI: 10.19136/hs.a24.3.6079

Miriam Partida Perez ¹ 

Alejandra del Rosario Valencia De León ² 

Juan Heriberto Torres Jasso ³ 

Correspondencia: Juan Heriberto Torres Jasso. Dirección postal: Centro Universitario de la Costa, Universidad de Guadalajara. Av. Universidad de Guadalajara #203, Delegación Ixtapa, C.P. 48280, Puerto Vallarta, Jalisco, México.
Correo electrónico: heriberto.torres@academicos.udg.mx



Licencia CC-BY-NC-ND

¹ Doctora en Ciencias. Profesora Investigadora del Departamento de Ciencias de la Salud. Centro Universitario de la Costa, Universidad de Guadalajara. Puerto Vallarta, Jalisco, México. xico.

² Licenciada en Biología. Departamento de Ciencias Biológicas. Centro Universitario de la Costa, Universidad de Guadalajara. Puerto Vallarta, Jalisco, México.

³ Doctor en Ciencias. Profesor Investigador del Departamento de Ciencias Biológicas. Centro Universitario de la Costa, Universidad de Guadalajara. Puerto Vallarta, Jalisco, México.



Resumen

Objetivo: Analizar los factores de riesgo asociados a la infección de SARS-CoV-2, así como la dinámica de las variantes virales en la región de Puerto Vallarta, Jalisco durante la pandemia de COVID-19.

Materiales y métodos: Se realizó un estudio observacional transversal para identificar la infección por SARS-CoV-2 y las variantes presentes en los individuos infectados se hizo mediante Reacción en cadena de la polimerasa en tiempo real, entre abril de 2020 y abril 2022.

Resultados: Se analizaron 5 646 individuos, de los cuales 3 336 personas obtuvieron un resultado negativo para SARS-CoV-2, mientras que 2 310 resultaron positivos. Se detectó la presencia de diversas variantes de SARS-CoV-2, con predominio de la variante silvestre. Se identificaron asociaciones estadísticamente significativas entre síntomas como tos ($p=0.000$), fiebre ($p=0.000$), pérdida de olfato ($p=0.000$) y gusto ($p=0.000$), así como con morbilidades como obesidad ($p=0.000$) y diabetes ($p=0.000$) en relación con la infección por el virus SARS-CoV-2. Estas condiciones, reportadas con mayor frecuencia en casos positivos, resaltan su relevancia en el manejo clínico. Además, se examinó la dinámica de variantes del virus durante dicho periodo.

Conclusiones: La detección de SARS-CoV-2 contribuyó a identificar casos positivos, necesario en las estrategias de prevención, mientras que la identificación de variantes permitió contextualizar los cambios en la epidemiología local.

Palabras Claves: COVID-19; RT-PCR; Comorbilidades.

Abstract

Objective: To analyze the risk factors associated with SARS-CoV-2 infection, as well as the dynamics of viral variants in the Puerto Vallarta region, Jalisco, during the COVID-19 pandemic.

Materials and methods: A cross-sectional observational study was conducted to identify infection by SARS-CoV-2 and the variants present in infected individuals were carried out by Real-time Polymerase Chain Reaction between April 2020 and April 2022.

Results: A total of 5,646 individuals were analyzed, of which 3,336 people obtained a negative result for SARS-CoV-2, while 2,310 tested positive. The presence of several SARS-CoV-2 variants was detected, with a predominance of the wild variant. Statistically significant associations were found between symptoms such as cough ($p=0.000$), fever ($p=0.000$), loss of smell ($p=0.000$) and taste ($p=0.000$), as well as with morbidities such as obesity ($p=0.000$) and diabetes ($p=0.000$) concerning SARS-CoV-2 infection. These conditions, reported more frequently in positive cases, highlight their relevance in clinical management. Additionally, the dynamics of virus variants during this period were investigated.

Conclusions: SARS-CoV-2 detection contributed to identifying positive cases, a requirement for prevention strategies, while variant identification allowed contextualizing changes in local epidemiology.

Keywords: COVID-19; RT-PCR; Comorbidities.

• Fecha de recibido: 15 de agosto de 2025 • Fecha de aceptado: 04 de noviembre de 2025
• Fecha de publicación: 05 de noviembre de 2025

Introducción

Durante la pandemia de COVID-19, el mundo enfrentó un reto sin precedentes en el control y prevención de la propagación del virus. Desde el inicio de la pandemia, la comunidad científica y los sistemas de salud se unieron para desarrollar estrategias efectivas que protegiesen a las poblaciones más vulnerables. Un elemento clave de esta respuesta fue la implementación de pruebas masivas para la detección del virus¹.

Diversos estudios identificaron que factores como la edad avanzada, la obesidad, la diabetes mellitus tipo 2, la hipertensión arterial y otras enfermedades crónicas aumentan el riesgo de infección severa y mortalidad por COVID-19, también se han descrito las manifestaciones sintomáticas más comunes en dicha infección destacando tos, fiebre, cefalea, pérdida de gusto y olfato, sin embargo el cuadro puede ser muy variado y presentarse una mayor cantidad de síntomas como mialgias, disnea, fatiga^{2,3}.

La necesidad de realizar pruebas a gran escala se hizo evidente por diversas razones. Primero, era fundamental identificar de manera rápida a personas infectadas, incluso aquellas que aún no presentaban síntomas, para interrumpir de manera eficaz la cadena de transmisión. Además, la detección temprana permitió a las autoridades sanitarias implementar medidas de aislamiento y cuarentena oportunas, ayudando a evitar la propagación descontrolada del virus⁴; en este sentido la PCR permitió llevar a cabo este tamizaje pues su alta sensibilidad es capaz de detectar infectados desde antes de presentar los síntomas, a diferencia de las pruebas rápidas que su sensibilidad era mucho más bajas y en raras ocasiones eran capaces de detectar personas asintomáticas. Por lo cual, estas pruebas proporcionaron información para tomar medidas de prevención y distanciamiento social al identificar individuos infectados y evaluar la efectividad de las intervenciones implementadas por el sistema federal⁵.

Se sabe que los virus de ARN presentan una elevada tasa de mutación, atribuida a las enzimas ARN polimerasas dependientes de ARN (RdRp), que carecen de mecanismos de corrección de errores durante la replicación. Sin embargo, SARS-CoV-2 codifica una exorribonucleasa que mejora la fidelidad de la replicación del virus, resultando en una tasa de mutación más baja en comparación con otros virus de ARN^{6,7}. A pesar de ello, SARS-CoV2 experimentó mutaciones que facilitaron la velocidad de propagación e infectividad. Estas mutaciones también permitieron clasificar al virus en distintos grupos genéticos o clados⁸. Para nombrar las variantes de SARS-CoV-2, la OMS adoptó una nomenclatura basada en el alfabeto griego, aunque esta clasificación no reemplaza a otras nomenclaturas científicas. De acuerdo con esta nomenclatura, se reconocen variantes como Alfa, Beta, Gamma, Delta y Ómicron, entre otras⁹. El objetivo de este trabajo fue determinar los factores de riesgo asociados con la infección por SARS-CoV-2 y caracterizar la dinámica de las variantes virales durante el periodo 2020-2022, en la región de Puerto Vallarta, Jalisco.



Materiales y Métodos

Se realizó un estudio observacional transversal entre abril de 2020 y abril de 2022 en la región de Puerto Vallarta, Jalisco, con el objetivo de identificar los principales factores de riesgo asociados con la infección por SARS-CoV-2 y describir la dinámica de sus variantes virales durante el periodo de estudio.

Para lo cual, la Universidad de Guadalajara (UDG) estableció un sistema de atención telefónica (Call Center-UDG) para disminuir las probabilidades de contagio, ofreciendo pruebas gratuitas de detección de SARS-CoV-2 mediante Reacción en Cadena de la Polimerasa con Transcriptasa Reversa en tiempo real (RT-PCR en tiempo real).

Este sistema atendió la solicitud vía telefónica de la población general para recibir una prueba diagnóstica por sospecha de infección por SARS-CoV-2. Los individuos que contactaron al Call Center fueron evaluadas a través de un tamizaje que incluía una encuesta para determinar su probabilidad de infección y si cumplían con los requisitos para la toma de muestra. Se realizó el diagnóstico molecular en 5,646 individuos. A través de la atención telefónica, se identificaron individuos con sospecha de COVID-19, de los cuales se recolectó información demográfica, clínica y epidemiológica, y se coordinó la toma de muestras para diagnóstico molecular; los datos registrados para el análisis epidemiológico se basaron en un instrumento de recolección de datos estandarizado diseñado por el equipo multidisciplinario de la Salas de Situación en Salud de la Universidad de Guadalajara, el cual incluyó las variables: nombre, edad, sexo; además, síntomas como: fiebre, tos, dolor de cabeza, disnea, irritabilidad, diarrea, dolor torácico, escalofríos, odinofagia, mialgias, artralgias, ataque al estado general, rinorrea, polipnea, vómito, dolor abdominal, conjuntivitis, cianosis, pérdida del olfato, pérdida del gusto; también se consideró la presencia de comorbilidades como: diabetes, EPOC (Enfermedad pulmonar obstructiva crónica), asma, inmunosupresión, hipertensión, SIDA, enfermedad cardiovascular, obesidad, insuficiencia renal y tabaquismo; así el hecho de haber estado en contacto con alguna persona infectada por SARS-CoV-2.

Con base en sus respuestas, se seleccionó a los individuos candidatos, para tomarles muestra mediante hisopado orofaríngeo y nasofaríngeo. En el laboratorio no se llevó a cabo una evaluación de signos ni síntomas al momento de la toma, dado que el tamizaje fue realizado de forma centralizada (vía call center en Guadalajara) y esta instancia definió quiénes debían someterse al hisopado. Las muestras del hisopado se depositaron en medio de transporte viral, siguiendo las normas de bioseguridad correspondientes para su embalaje y transporte al laboratorio. Se siguieron los lineamientos del Procedimiento Operativo para la toma, recepción y procesamiento de muestras de pacientes con sospecha de COVID en el Laboratorio de Biología Molecular – Unidad COVID-19 en el Centro Universitario de la Costa-UDG. Las muestras se manipularon en una cabina de bioseguridad clase II tipo A2 (Labconco, modelo Purifier Logic+) se provocó la lisis viral utilizando el buffer AVL como parte del sistema de extracción, kit QIAamp viral RNA mini (Qiagen); El resto de la extracción del ARN viral se realizó siguiendo las instrucciones del fabricante en un área exclusiva para este procedimiento, evitando así la contaminación cruzada. Con este sistema de extracción se obtuvo un volumen de ARN de 60 µL.

La detección del virus se realizó mediante RT-PCR en tiempo real utilizando dos kits de detección diferentes; el primero fue el DeCOV19 Kit Triplex (Genes2Life), que está diseñado para detectar tres marcadores del virus (N1, N2 y N3) en una sola reacción y para detectar la ARNasa P humana en una segunda reacción como control de amplificación, conforme a los lineamientos del CDC. El programa de ensayo Triplex del kit DeCOV19 consiste en 10 minutos a 55 °C, 2 minutos a 95 °C, seguidos de 45 ciclos de 10 segundos a 95 °C y 30 segundos a 60 °C.

Posteriormente, para optimizar el proceso se dejó de utilizar el kit mencionado y las nuevas detecciones se realizaron con el ensayo GeneFinder™ COVID19 PLUS RealAmpKit (Abat S.A. de C.V.), que permite la detección de los genes virales RdRp, E y N, así como del gen de la ARNasa P humana en una misma reacción. El programa del ensayo GeneFinder consta de un ciclo de 20 minutos a 50 °C y otro ciclo de 5 minutos a 95 °C seguido de 45 ciclos de 15 s a 95 °C y 60 segundos a 58 °C.

Las reacciones de PCR se realizaron en un termociclador QuantStudio 5 (Applied Biosystems) y/o en un termociclador BlackStar 96 (Genes2Life). Los resultados de RT-PCR fueron analizados empleando el software de diseño y análisis QuantStudio v1.5.1 y con el software de análisis de PCR Autome-dical v1.0.18.194 respectivamente.

Todos los resultados de diagnóstico generados fueron interpretados mediante el análisis de al menos dos usuarios capacitados, evaluando los diferentes modos de gráficos de amplificación y estableciendo los valores umbral, así como los valores de referencia iniciales y finales. Los resultados de la PCR, tanto positivos como negativos, se reportaron el mismo día de la toma de muestra tanto al Call Center-UdeG (para su notificación a los pacientes) como al Instituto de Diagnóstico y Referencia Epidemiológicos (InDRE) para el registro epidemiológico a nivel nacional.

Por otro lado, en las muestras que arrojaron un resultado positivo se realizó la determinación de variantes de SARS-CoV-2. Esta detección se hizo a través de RT-PCR utilizando el kit Master MUT (Genes2Life). Este kit permite la detección de las mutaciones Del69/70, D253N, K417N, L452R, T487K, E484Q, E484K y N501Y, mediante dos reacciones multiplex. El programa de RT-PCR del kit Master MUT consta de 15 minutos a 50 °C, 2 minutos a 95 °C seguido de 40 ciclos de 15 segundos a 95 °C y 10 segundos a 58 °C.

Para el análisis estadístico se obtuvieron datos descriptivos, posteriormente se utilizaron tablas de contingencia para evaluar la relación de las variables con la infección por SARS-CoV-2. Adicionalmente, se aplicó la prueba de chi-cuadrado (χ^2) para variables categóricas y regresión logística binaria para estimar las asociaciones independientes entre factores de riesgo y positividad, ajustando por edad y sexo. El nivel de significancia se estableció en $p < 0.05$. Todo el análisis se realizó empleando el software IBM SPSS Statistics 25.0.

Resultados

Desde 28 de abril al 4 de abril de 2022, se canalizaron a través del del sistema call center-UDG un total de 5,646 personas con sospecha de COVID-19 para realizarse la prueba de diagnóstico para SARS-CoV-2. De los cuales 2,496 eran hombres y 3,150 mujeres.

En cuanto a la distribución por edad, se atendieron 2 bebés menores de 1 año, 22 infantes de entre 1 y 5 años, 50 niños de 6 a 10 años, 222 preadolescentes y adolescentes de 11 a 18 años, 5,096 personas entre los 19 y 64 años (siendo este el grupo el de mayor presencia) y 254 adultos mayores 65 años o más. La edad promedio fue de 37.8 años.

De los casos analizados, 3,336 personas obtuvieron un resultado negativo para SARS-CoV-2, mientras que 2,310 personas fueron positivas. Un dato relevante es que el 65.2% (3,695 individuos) de las personas que solicitaron el diagnóstico lo hicieron tras haber estado en contacto con un caso confirmado de COVID-19. De estos, 1,360 resultaron positivos, lo que representa el 36.8% de quienes se hicieron la prueba por haber estado en contacto con un caso sintomático, y corresponde al 58.8% de todos los casos positivos detectados.

Uno de los hallazgos más sobresalientes de este estudio fue la identificación asociaciones estadísticamente significativas entre varios síntomas clínicos y resultado positivo a SARS-CoV-2, reforzando su utilidad diagnóstica en el tamizaje comunitario. La sintomatología más comúnmente asociada con casos positivos incluyó tos ($\chi^2=38.19$, $p=0.000$), fiebre ($\chi^2=79.93$, $p=0.000$), cefalea ($\chi^2=27.95$, $p=0.000$), pérdida del gusto ($\chi^2=144.18$, $p=0.000$) y pérdida del olfato ($\chi^2=137.11$, $p=0.000$), también se hallaron asociaciones significativas con escalofríos, mialgia, artralgia, ataque al estado general, conjuntivitis, odinofagia, dolor abdominal, y rinorrea (Tabla 1).

Tabla 1. Relación estadística de los síntomas con la presencia de la infección viral

Síntoma	Valor de X^2	Significancia estadística (p)
Tos	38.19	0.000
Fiebre	79.93	0.000
Cefalea	27.95	0.000
Escalofríos	22.17	0.000
Dolor abdominal	6.45	0.040
Pérdida de gusto	144.18	0.000
Pérdida del olfato	137.11	0.000
Conjuntivitis	17.97	0.000
Odinofagia	11.18	0.004
Mialgia	39.57	0.000
Artralgia	34.21	0.000
Ataque al estado general	46.94	0.000
Rinorrea	6.52	0.038

Nota: La relación estadística se evaluó mediante la prueba de (Chi-cuadrado). Se consideró un nivel de significancia de <0.005 .

Fuente: Cuadro generado a partir de los datos recolectados en el estudio.

En cuanto a comorbilidades, las más frecuentes en los casos positivos fueron: obesidad (546 personas), diabetes (198 individuos) y tabaquismo (304 individuos). Obesidad y diabetes, mostraron una asociación significativa con la infección por SARS-COV-2 ($\chi^2=29.27$, $p=0.000$ y $\chi^2=16.27$; $p=0.000$ respectivamente). En cambio, el tabaquismo, pese a su alta prevalencia (14.9% del total), no mostró diferencias significativas entre casos positivos y negativos.

Respecto al sexo, aunque más mujeres se sometieron a la prueba de detección viral, los hombres presentaron una proporción mayor de resultados positivos (43.7% frente a 38.7% en mujeres), diferencia que resultó estadísticamente significativa ($\chi^2= 16.967$, $p=0.002$).

No se encontraron asociaciones significativas entre resultado positivo y síntomas como disnea, irritabilidad, dolor torácico, polipnea, vomito, ni con comorbilidades como EPOC, tabaquismo, insuficiencia renal, VIH o asma.

El análisis de variantes mostró que la variante silvestre (WT) fue la única presente entre abril 2020 y julio de 2021. Posteriormente, entre agosto y diciembre de 2021, emergieron nuevas variantes, siendo Delta la que ocupó gran predominancia. En agosto, aunque la variante silvestre estuvo presente en 13 casos, la variante Delta predominó con 18 casos. Para septiembre, Delta fue la única variante detectada, con 12 casos positivos.

En octubre, se identificó una mayor diversidad de variantes: 3 de la variante WT, 3 de Delta, 2 de Lambda, y 1 un caso de B.1.1.519, conocida como “cepa México”, que se caracterizó por su presencia del 37.8% en la ciudad de México durante el primer trimestre de 2021¹⁰. Esta variante presenta la mutación T478K en la proteína Spike, que también está presente en otras variantes más ampliamente estudiadas¹¹. Aunque no alcanzó una designación oficial por parte de la OMS, se le observó por su relevancia epidemiológica en el contexto regional. En noviembre, se registraron únicamente 2 casos positivos, ambos de la variante WT, mientras que en diciembre solo acudió un individuo al tamizaje resultando en un caso positivo correspondiente a la variante Delta.

En 2022, se observó un aumento de casos probablemente impulsado por las actividades sociales del periodo vacacional. Durante el tamizaje de enero, se identificaron 86 casos positivos de los cuales 64 correspondieron a la variante ómicron y 22 a la variante WT. En febrero, se reportaron 46 casos positivos, siendo la variante WT la más frecuente, con 31 de los casos, seguida por 15 de Ómicron. En marzo 2022, solo se reportaron 5 casos positivos, todos de la variante Ómicron. El tamizaje en la población general estuvo disponible y continuó hasta principios de abril de 2022; sin embargo, hubo poca demanda de pruebas; y al no detectarse nuevos casos positivos, se decidió suspender las actividades de tamizaje en la población.



Discusión

Los resultados obtenidos evidencian una alta utilidad de los sistemas comunitarios de tamizaje, como el call center-UDG, en la identificación de casos de COVID-19, especialmente en personas con antecedentes de contacto confirmado. El hecho de que más del 65% de los solicitantes refirieran contacto previo con casos positivos, y que más de la mitad de los positivos tamizados provinieran de ese grupo, destaca la importancia del rastreo de contactos como herramienta epidemiológica.

La identificación de síntomas como fiebre, tos, cefalea, y pérdida del olfato y gusto como significativamente asociados a positividad, coincide con reportes iniciales de la pandemia, similar a lo reportado en el informe integral de COVID-19 en México, donde se encontró que estos síntomas fueron las más comunes entre los casos positivos de COVID-19, sugiriendo que podrían contribuir a cuadros más severos y presentar desenlaces fatales¹². Aunque el tabaquismo mostró alta frecuencia. Estos hallazgos resaltan la relevancia de la obesidad y diabetes como factores de riesgo, incrementando la susceptibilidad al desarrollo de COVID-19.

El hallazgo de una mayor proporción de casos positivos en hombres, a pesar de una mayor cantidad de mujeres evaluadas, puede indicar posibles diferencias biológicas, conductuales o sociales que expliquen esa diferencia ya que otros estudios han mostrado un mayor riesgo de enfermedad grave o mayor probabilidad de muerte en hombres^{13,14}, aunque en este estudio no se abordó un seguimiento clínico.

Las comorbilidades, diabetes y obesidad, mostraron una fuerte asociación con la positividad. Estos factores ya han sido ampliamente documentados como condicionantes tanto del riesgo de infección como de mal pronóstico, resaltando la necesidad de priorizar a estas poblaciones en estrategias de prevención y atención médica¹⁵. En contraste, algunas condiciones como EPOC; VIH, insuficiencia renal o asma, no mostraron asociaciones significativas con la positividad en este análisis, lo cual no significa necesariamente que estos no puedan estar asociados con la gravedad de COVID-19 en otras poblaciones específicas.

El flujo turístico en la región pudo haber influido en la presencia de nuevas variantes, ya que el Aeropuerto Internacional de Puerto Vallarta y los cruceros tuvieron una alta afluencia de visitantes extranjeros a partir del año 2021; pues durante ese año, el Aeropuerto Internacional de Puerto Vallarta ocupó el cuarto lugar a nivel nacional en la recepción de visitantes extranjeros, con un total de 1,081,786 pasajeros (más que lo registrado en 2020 que fue de 734,738 pasajeros¹⁶). Además, la ciudad se posicionó en el quinto lugar en llegada de pasajeros por cruceros, con un total de 108,124 visitantes por esta vía¹⁶.

Esta variación en la aparición de diferentes variantes de SARS-CoV-2 siguió el patrón de la distribución de las variantes en nuestro país de acuerdo con lo reportado por Flores-Vega y colaboradores en ese mismo año¹⁷.

Por otro lado, el alto porcentaje de individuos que buscaron diagnóstico tras haber estado en contacto con casos confirmados subraya la importancia de las medidas de rastreo y prevención en la contención del virus. La capacidad de entregar los resultados el mismo día de la toma de muestra resultó fundamental para interrumpir rápidamente la cadena de contagio, contribuyendo de manera significativa a los programas de contención epidemiológica y fortaleciendo la respuesta ante la emergencia sanitaria.

Esta investigación actualiza información existente sobre los factores de riesgo de COVID-19, su originalidad se basa en el análisis contextualizado de la epidemiología de Puerto Vallarta, un entorno turístico dinámico con patrones de exposición y transmisión específicos, en comparación con otras zonas urbanas o metropolitanas frecuentemente estudiadas. La caracterización de los factores de riesgo y el comportamiento de las variantes circulantes en esta población local, con gran interacción interpoblacional que involucra tanto a visitantes nacionales y extranjeros, proporciona una perspectiva geográfica y socioepidemiológica relevante para la toma de decisiones en salud pública regional.

Reconocemos la limitación metodológica en la detección de falsos negativos. Las mutaciones continuas del SARS-CoV-2, particularmente las que afectan regiones críticas como el gen S o que conducen a cambios estructurales, pueden provocar fallos en la amplificación de la PCR, dificultando la detección del virus incluso en casos sintomáticos con alta sospecha. Esta tendencia fue global y fue una de las causas para obtener resultados negativos de PCR en pacientes cuyos cuadros clínicos encajaban con Infección Respiratoria Aguda (IRA) y hay un historial de contacto positivo; pero los sistemas multiplex pueden contribuir a mejorar la detección ya que se emplea la amplificación de más de un gen viral para detectar la presencia del virus, haciendo más robusta la prueba.

Es importante considerar que, debido a que nuestro estudio se basó en los resultados de las pruebas oficiales, una subestimación de la prevalencia real debida a estos falsos negativos es parte de las limitaciones de los sistemas de vigilancia epidemiológica basados en PCR durante la emergencia de variantes. Sin embargo, el análisis de los casos confirmados sigue siendo útil para describir factores de riesgo de severidad y distribución de variantes en el subgrupo de pacientes diagnosticados, aportando información valiosa a pesar de la potencial infradetección.

Conclusiones

El presente estudio epidemiológico permitió caracterizar la dinámica de la infección por SARS-CoV-2 en la región de Puerto Vallarta durante el periodo de la pandemia 2020-2022, destacando el procedimiento de tamizaje comunitario mediante RT-PCR en tiempo real y canalización telefónica. Se evidenció una alta proporción de individuos que buscaron el diagnóstico tras haber estado en contacto con casos confirmados. Los análisis estadísticos confirmaron asociaciones significativas entre la positividad a SARS-CoV-2 y síntomas como fiebre, tos, cefalea, pérdida del olfato o gusto, así como con comorbilidades como obesidad y diabetes. Además, se documenta la transición de la variante silvestre a la Delta y posteriormente a Ómicron, en concordancia del patrón nacional.



Por otro lado, el subanálisis de las variantes de SARS-CoV-2 en los casos positivos, reflejan la dinámica de la evolución del virus en la región, evidenciando la transición desde la predominancia de la variante silvestre hacia la aparición y posterior dominancia de variantes como Delta y Ómicron. Además, la disminución en la incidencia para el segundo trimestre de 2022 sugiere un posible efecto combinado de la vacunación y las medidas de mitigación implementadas.

Los datos obtenidos proporcionaron evidencia valiosa para orientar estrategias de prevención y manejo clínico, con un enfoque especial en los pacientes con comorbilidades como obesidad y diabetes, quienes podrían beneficiarse de un monitoreo y atención prioritaria para reducir el impacto del COVID-19 en este subgrupo vulnerable de la población.

Conflicto de interés

Los autores declaran que no existen conflictos de interés que puedan haber influido en la elaboración de este artículo.

Consideraciones éticas

Dada la situación de emergencia sanitaria por COVID-19, el presente estudio no fue sometido a evaluación por un comité de ética, ya que se trabajó exclusivamente con datos disociados. La investigación se llevó a cabo conforme a lo establecido en la Ley General de Protección de Datos Personales en Posesión de los Sujetos Obligados¹⁸.

Uso de inteligencia artificial

Los autores declaran que no han utilizado ninguna aplicación, software, páginas web de inteligencia artificial generativa en la redacción del manuscrito, en el diseño de tablas y figuras, ni en el análisis e interpretación de los datos.

Contribución de los autores

Conceptualización: M.P.M., J.H.T.J.; Curación de datos: A.R.V.D., J.H.T.J.; Análisis formal: A.R.V.D., J.H.T.J.; Obtención de fondos: M.P.M., J.H.T.J.; Investigación: M.P.M., J.H.T.J.; Metodología: M.P.M., A.R.V.D., J.H.T.J.; Administración del proyecto: J.H.T.J.; Recursos: M.P.M., J.H.T.J.; Software: M.P.M., A.R.V.D., J.H.T.J.; Supervisión: J.H.T.J.; Validación: M.P.M., J.H.T.J.; Visualización: M.P.M., J.H.T.J.; Redacción-Borrador original: M.P.M., J.H.T.J.; Redacción, revisión y edición del manuscrito: M.P.M., J.H.T.J.

Financiamiento

El presente trabajo recibió financiamiento de manera interna por la Universidad de Guadalajara; además se obtuvo apoyo a través del Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACyT) con el número de proyecto: 314284.

Referencias

1. European Centre for Disease Prevention and Control. COVID-19 testing strategies and objectives. Stockholm: ECDC; 2020 [citado 16 feb 2025]. Disponible en: https://www.ecdc.europa.eu/sites/default/files/documents/TestingStrategy_Objective-Sept-2020.pdf
2. Alshukry A, Bu Abbas M, Ali Y, Alahmad B, Al-Shammari AA, Alhamar G, et al. Clinical characteristics and outcomes of COVID-19 patients with diabetes mellitus in Kuwait. *Heliyon*. 2021 Apr;7(4):e06706. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2021.e06706>
3. Oliva-Sánchez PF, Vadillo-Ortega F, Bojalil-Parra R, Martínez-Kobeh JP, Pérez-Pérez JR, Pérez-Avalos JL. Factores de riesgo para complicaciones graves de COVID-19, comparando tres olas epidemiológicas. Un enfoque desde la atención primaria en México. *Aten Primaria*. 2022;54(11):102469. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.aprim.2022.102469>
4. Talic S, Shah S, Wild H, Gasevic D, Maharaj A, Ademi Z, et al. Effectiveness of public health measures in reducing the incidence of COVID-19, SARS-CoV-2 transmission, and COVID-19 mortality: systematic review and meta-analysis. *BMJ*. 2021;375:e068302. DOI: <https://doi.org/10.1136/bmj-2021-068302>
5. Instituto de Diagnóstico y Referencia Epidemiológicos (InDRE). Proceso de evaluación comparativa para la identificación del virus SARS-CoV-2, agente causal de COVID-19. Secretaría de Salud; 2022 [citado 16 feb 2025]. Disponible en: <https://www.gob.mx/salud/documentos/coronavirus-covid-19-240014>
6. Takada K, Ueda MT, Shichinohe S, Kida Y, Ono C, Matsuura Y, et al. Genomic diversity of SARS-CoV-2 can be accelerated by mutations in the nsp14 gene. *iScience*. 2023;26(3):106210. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.isci.2023.106210>
7. Choi JY, Smith DM. SARS-CoV-2 Variants of Concern. *Yonsei Med J*. 2021;62(11):961-968. DOI: <https://doi.org/10.3349/ymj.2021.62.11.961>
8. Grubaugh ND, Petrone ME, Holmes EC. We shouldn't worry when a virus mutates during disease outbreaks. *Nat Microbiol*. 2020;5(4):529-530. Disponible en: <https://www.nature.com/articles/s41564-020-0690-4>

9. Organización Mundial de la Salud (OMS). Variants of SARS-CoV-2. Guidance for surveillance of SARS-CoV-2 variants. OMS; 2021 [citado 16 feb 2025]. Disponible en: <https://iris.who.int/bitstream/handle/10665/343775/WHO-2019-nCoV-surveillance-variants-2021.1-eng.pdf>
10. Rodríguez-Maldonado AP, Vázquez-Pérez JA, Cedro-Tanda A, Taboada B, Boukadida C, Wong-Arámbula C, et al. Emergence and spread of the potential variant of interest (VOI) B.1.1.519 of SARS-CoV-2 predominantly present in Mexico. *Arch Virol*. 2021;166(11):3173–3177. DOI: <https://doi.org/10.1007/s00705-021-05208-6>
11. Di Giacomo S, Mercatelli D, Rakhimov A, Giorgi FM. Preliminary report on severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 (SARS-CoV-2) spike mutation T478K. *J Med Virol*. 2021;93(9):5638-5643. DOI: <https://doi.org/10.1002/jmv.27062>
12. Dirección General de Epidemiología. Informe integral de COVID-19 en México. Secretaría de Salud; 2023 [citado 24 feb 2025]. Disponible en: https://epidemiologia.salud.gob.mx/gobmx/salud/documentos/covid19/Info-04-23-Int_COVID-19.pdf
13. Peckham H, de Grujter NM, Raine C, Radziszewska A, Ciurtin C, Wedderburn LR, et al. Male sex identified by global COVID-19 meta-analysis as a risk factor for death and ITU admission. *Nat Commun*. 2020;11(1):6317. DOI: <https://doi.org/10.1038/s41467-020-19741-6>
14. Twitchell DK, Christensen MB, Hackett G, Morgentaler A, Saad F, Pastuszak AW. Examining Male Predominance of Severe COVID-19 Outcomes: A Systematic Review. *Androg Clin Res Ther*. 2022;3(1):41-53. DOI: <https://doi.org/10.1089/andro.2022.0006>
15. Organización Mundial de la Salud (OMS). COVID-19 clinical management: living guidance. Ginebra: OMS; 2022 [citado 30 oct 2025]. Disponible en: <https://www.who.int/publications/i/item/B09467>
16. Secretaría de Turismo. Resultados de la actividad turística. Diciembre 2021 [citado 24 feb 2025]. Disponible en: [https://www.datatur.sectur.gob.mx/RAT/RAT-2021-12\(ES\).pdf](https://www.datatur.sectur.gob.mx/RAT/RAT-2021-12(ES).pdf)
17. Flores-Vega VR, Monroy-Molina JV, Jiménez-Hernández LE, Torres AG, Santos-Preciado JI, Rosales-Reyes R. SARS-CoV-2: Evolution and emergence of new viral variants. *Viruses*. 2022;14(4):653. DOI: <https://doi.org/10.3390/v14040653>
18. México. Ley General de Protección de Datos Personales en Posesión de Sujetos Obligados. Diario Oficial de la Federación; 2025 [citado 14 jul 2025]. Disponible en: <https://www.diputados.gob.mx/LeyesBiblio/pdf/LGPDPPSO.pdf>