Actualización sobre la aparición de sublinajes del SARS-CoV-2

24 de noviembre de 2026

Mensajes clave

Ante la aparición de nuevos sublinajes de ómicron, la OPS/OMS reitera que no ha cambiado la nomenclatura establecida para abordar los posibles efectos de las variantes en la salud pública. También pueden utilizarse nomenclaturas basadas en análisis filogenéticos, como las de la red Pango y Nextstrain, para designar linajes o sublinajes. Sin embargo, otras nomenclaturas o sobrenombres no son oficiales y no deben utilizarse.

La OPS/OMS evalúa periódicamente los nuevos sublinajes de ómicron. El **linaje PJ.2.1** fue designado recientemente como variante bajo monitoreo (VUM, por sus siglas en inglés) por el aumento de su proporción entre los virus SARS-CoV-2 secuenciados a nivel mundial, especialmente en las Américas, incluidos Brasil, Canadá y Estados Unidos. Según la evidencia disponible, el riesgo para la salud pública que representa es bajo y similar al de otras VUM circulantes. Aunque presenta numerosas mutaciones vinculadas a una mayor afinidad por el receptor humano ECA2 (enzima convertidora de angiotensina 2), no hay pruebas de mayor transmisibilidad entre personas ni de mayor gravedad de la enfermedad.

Las recomendaciones relativas a la COVID-19 no han cambiado. En particular, la OPS alienta encarecidamente a todos los países de la Región a seguir recolectando muestras representativas para su secuenciación y a mantener una vigilancia genómica adecuada del SARS-CoV-2.

Clasificación de las variantes del SARS-CoV-2

La clasificación de los linajes del SARS-CoV-2 incluye la nomenclatura de la red Pango, que se basa exclusivamente en el análisis de la composición genética del virus (filogenética). Esta nomenclatura asigna una letra o una combinación de letras seguida de números a cada linaje (por ejemplo, B.1.1.529). La nomenclatura de la OMS, establecida para abordar los posibles efectos de las variantes en la salud pública, utiliza letras griegas asignadas según las evaluaciones del riesgo realizadas por el Grupo Consultivo Técnico sobre la Evolución del Virus SARS-CoV-2 (TAG-VE) de la OMS[1].

La gran mayoría de los virus SARS-CoV-2 que circulan en el mundo pertenecen a sublinajes de ómicron. Por ello, desde marzo de 2023, el sistema de seguimiento de variantes de la OMS clasifica los sublinajes de ómicron de forma independiente como **variantes bajo monitoreo** (VUM, por sus siglas en inglés), **variantes de interés** (VOI, por sus siglas en inglés) o **variantes de preocupación** (VOC, por sus siglas en inglés), mientras que alfa, beta, gamma, delta y los linajes originales de ómicron se clasifican como VOC «que circularon

[1] OMS. Tracking SARS-CoV-2 variants. Disponible en inglés en: https://www.who.int/en/activities/tracking-SARS-CoV-2-variants/

Cita sugerida: Organización Panamericana de la Salud / Organización Mundial de la Salud. Actualización sobre la aparición de sublinajes del SARS-CoV-2, 24 de noviembre de 2026. Washington, D.C.: OPS/OMS; 2026.

anteriormente»[2]. Las letras griegas se asignan únicamente a los sublinajes clasificados como VOC que circulan actualmente. Sin embargo, por el momento, ningún sublinaje de ómicron tiene esa clasificación.
Mantener la vigilancia genómica del SARS-CoV-2, incluido el seguimiento de sus variantes y sublinajes, sigue siendo esencial para priorizar la vigilancia y la investigación mundiales, así como para fundamentar y ajustar las estrategias de preparación y respuesta. **Esta actualización se centra en PJ.2.1, una VUM designada recientemente.**

Variante bajo monitoreo PJ.2.1

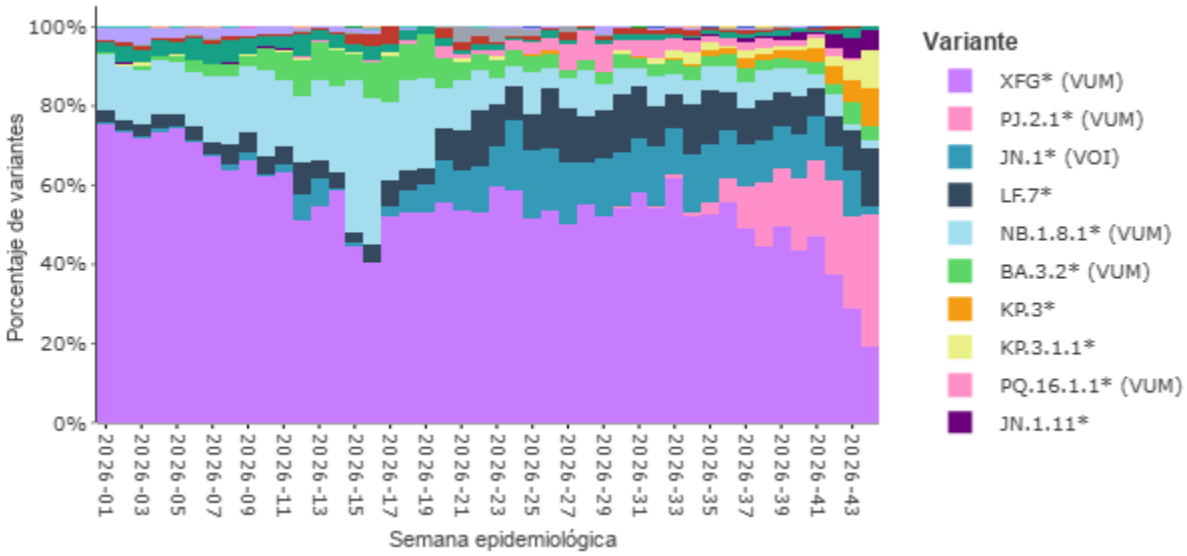
PJ.2.1 es un linaje descendiente de la familia JN.1 de ómicron y fue designado por la OMS como variante bajo monitoreo (VUM)[3] tras el aumento de su proporción entre las secuencias disponibles del SARS-CoV-2 a nivel mundial, particularmente en países de la Región de las Américas. Hasta el 23 de noviembre de 2026, se habían notificado a GISAID 1.241 secuencias de PJ.2.1 procedentes de 21 países. En las Américas, los mayores aumentos se han observado en Brasil, Canadá y Estados Unidos. También se ha notificado una secuencia de PJ.2.1 en Puerto Rico. La figura 1 muestra la distribución temporal de las variantes del SARS-CoV-2 entre las secuencias genómicas disponibles en la Región de las Américas durante 2026. La proporción de PJ.2.1 aumentó en las últimas semanas epidemiológicas y representó la mayor proporción de secuencias entre las variantes circulantes en la semana epidemiológica 43.

[2] OMS. Statement on the update of WHO's working definitions and tracking system for SARS-CoV-2 variants of concern and variants of interest. 16 de marzo de 2023. Disponible en inglés en: https://www.who.int/news/item/16-03-2023-statement-on-the-update-of-who-s-working-definitions-and-tracking-system-for-sars-cov-2-variants-of-concern-and-variants-of-interest

[3] OMS, TAG-VE. Risk Evaluation for SARS-CoV-2 Variant Under Monitoring: PJ.2.1. 19 de noviembre de 2026. Disponible en inglés en: https://cdn.who.int/media/docs/default-source/documents/epp/tracking-sars-cov-2/19112026_pj.2.1_initial_risk_evaluation.pdf

Cita sugerida: Organización Panamericana de la Salud / Organización Mundial de la Salud. Actualización sobre la aparición de sublinajes del SARS-CoV-2, 24 de noviembre de 2026. Washington, D.C.: OPS/OMS; 2026.

Figura 1. Proporción de secuencias del SARS-CoV-2 por variante en la Región de las Américas, semanas epidemiológicas 1 a 43 de 2026 (Fuente: tablero de situación de influenza, SARS-CoV-2, VSR y otros virus respiratorios de la OPS[4]).



Los datos de laboratorio disponibles indican que PJ.2.1 presenta una mayor unión al receptor humano ECA2 (enzima convertidora de angiotensina 2) que varias variantes contemporáneas, lo que podría contribuir a su crecimiento observado. Sin embargo, los datos actuales no aportan pruebas de un escape inmunitario sustancialmente mayor ni de una mayor gravedad de la enfermedad. Los estudios de laboratorio han demostrado que PJ.2.1 sigue siendo antigénicamente similar a las variantes circulantes derivadas de JN.1 y que puede ser neutralizada por sueros de personas que recibieron vacunas adaptadas a LP.8.1 y XFG.

En resumen, PJ.2.1 parece tener una ventaja de crecimiento frente a algunas variantes circulantes, posiblemente impulsada por una mayor unión al receptor y no por un escape inmunitario significativo. En este momento no hay pruebas de que PJ.2.1 cause una enfermedad más grave, reduzca la eficacia de los métodos diagnósticos disponibles o disminuya la susceptibilidad a los tratamientos antivirales aprobados. Por lo tanto, la OMS considera bajo el riesgo adicional general para la salud pública que representa PJ.2.1, aunque destaca la necesidad de mantener la vigilancia genómica, epidemiológica y clínica para reducir las incertidumbres actuales. El TAG-VE de la OMS vigila continuamente esta variante, así como otros sublinajes circulantes o emergentes, y se publicarán o actualizarán las evaluaciones del riesgo a medida que se disponga de nueva información.

Orientaciones para las autoridades nacionales

Las orientaciones generales relacionadas con la COVID-19 figuran en las recomendaciones permanentes para la COVID-19 emitidas por la OMS de conformidad con el Reglamento Sanitario Internacional (2005) (RSI)[5]. En

[4] OPS. Tablero de situación de influenza, SARS-CoV-2, VSR y otros virus respiratorios en la Región de las Américas: https://dashboards.pahoflu.com/app/respiratory_viruses/ (datos originales de GISAID)

[5] OMS. Standing recommendations for COVID-19 issued by the Director-General of the World Health Organization (WHO) in accordance with the International Health Regulations (2005) (IHR). 9 de agosto de 2023. Disponible en inglés

Cita sugerida: Organización Panamericana de la Salud / Organización Mundial de la Salud. Actualización sobre la aparición de sublinajes del SARS-CoV-2, 24 de noviembre de 2026. Washington, D.C.: OPS/OMS; 2026.

particular, la OPS/OMS reitera a los Estados Miembros la necesidad de: (i) mantener las actividades de vigilancia genómica del SARS-CoV-2 de acuerdo con las orientaciones de la OPS[6] y la OMS[7]; (ii) garantizar la publicación inmediata en la plataforma GISAID de las secuencias genómicas obtenidas; y (iii) utilizar la clasificación de variantes del SARS-CoV-2 de la OMS al comunicarse con el público.

en: https://www.who.int/publications/m/item/standing-recommendations-for-covid-19-issued-by-the-director-general-of-the-world-health-organization-(who)-in-accordance-with-the-international-health-regulations-(2005)-(ihr)

[6] OPS. Orientaciones para la selección de muestras de SARS-CoV-2 para su caracterización y vigilancia genómicas. 1 de febrero de 2021. Disponible en: https://www.paho.org/es/documentos/orientaciones-para-seleccion-muestras-sars-cov-2-para-caracterizacion-vigilancia

[7] OMS. Genomic sequencing of SARS-CoV-2: a guide to implementation for maximum impact on public health. 8 de enero de 2021. Disponible en inglés en: https://www.who.int/publications/i/item/9789240018440

Cita sugerida: Organización Panamericana de la Salud / Organización Mundial de la Salud. Actualización sobre la aparición de sublinajes del SARS-CoV-2, 24 de noviembre de 2026. Washington, D.C.: OPS/OMS; 2026.