

Informe de vigilancia de las variantes genómicas del coronavirus SARS-CoV-2 en Cataluña

Fecha: 3 de febrero de 2023

Subdirección General de Vigilancia y Respuesta a Emergencias de Salud Pública

Red de Vigilancia Epidemiológica de Cataluña



Generalitat de Catalunya
Departament de Salut

Autores:

Pilar Ciruela, Marta Martorell, Jacobo Mendioroz, Aurora Sabrià, Jose Maria Velarde.

Algunos derechos reservados

© febrero de 2023, Generalitat de Catalunya. Departamento de Salud.



Los contenidos de esta obra están sujetos a una licencia de Reconocimiento--NoComercial-SinObraDerivada 4.0 Internacional.

La licencia se puede consultar en la página web de Creative Commons.

Unidad promotora:

Subdirección General de Vigilancia y Respuesta a Emergencias de Salud Pública. Agencia de Salud Pública de Cataluña (ASPCAT).

Edición:

Barcelona, febrero de 2023

Asesoramiento lingüístico:

Servicio de Planificación Lingüística del Departamento de Salud

Diseño de plantilla accesible 1.06

Oficina de Comunicación. Identidad Corporativa.

URL: [ASPCAT](https://www.aspcat.cat)



Sumario

CASOS NOTIFICADOS AL SISTEMA DE NOTIFICACIÓN MICROBIOLÓGICA DE CATALUÑA (SNMC).....	4
MOTIVOS DE SECUENCIACIÓN.....	6
VARIANTE CIRCULANTE	6
ANEXO 1. CENTROS NOTIFICANTES.....	8
ANEXO 2. MUTACIONES Y CARACTERÍSTICAS DE LAS VARIANTES DEL CORONAVIRUS SARS-CoV-2	8

CASOS NOTIFICADOS AL SISTEMA DE NOTIFICACIÓN MICROBIOLÓGICA DE CATALUÑA (SNMC)

Resumen de lo más destacado

Durante la **semana 02** se han notificado **84 casos secuenciados**, lo cual representa el **10,9%** del total de casos de coronavirus SARS-CoV-2 con PCR positiva.

La variante ómicron sigue siendo la predominante, con el 100,0% de los casos.

- En la última semana (02 del 2023):
 - Del total de 84 casos secuenciados, se han detectado sublinajes de BA.5 (58 casos; 69,0%) y BA.2 (8 casos; 9,5%).
 - El sublinaje más frecuente de BA.5 ha sido BQ.1.1 (25 casos; 29,8%).
 - Se han detectado un total de 18 recombinantes (21,4%): 1 caso de recombinante de XBB.1, 4 casos de XBB.1.5 y 13 casos de XBB.1.9 (estos debido a un brote).
- En las últimas cuatro semanas (51 del 2022 – 02 del 2023):
 - Del total de 489 casos secuenciados, se han detectado sublinajes de BA.5 (421 casos; 86,1%) y BA.2 (44 casos; 9,0%).
 - El sublinaje más frecuente de BA.5 ha sido BQ.1.1 (193 casos; 39,5%).
 - Se han detectado 24 recombinantes: 2 casos de XBB.1, 5 casos de XBB.1.5, 13 casos de XBB.1.9 y 4 casos de XBB.2.
 - La mayoría de muestras secuenciadas corresponden al grupo de 80-89 años (21,3%), seguido del grupo de 70-79 años (17,4%).

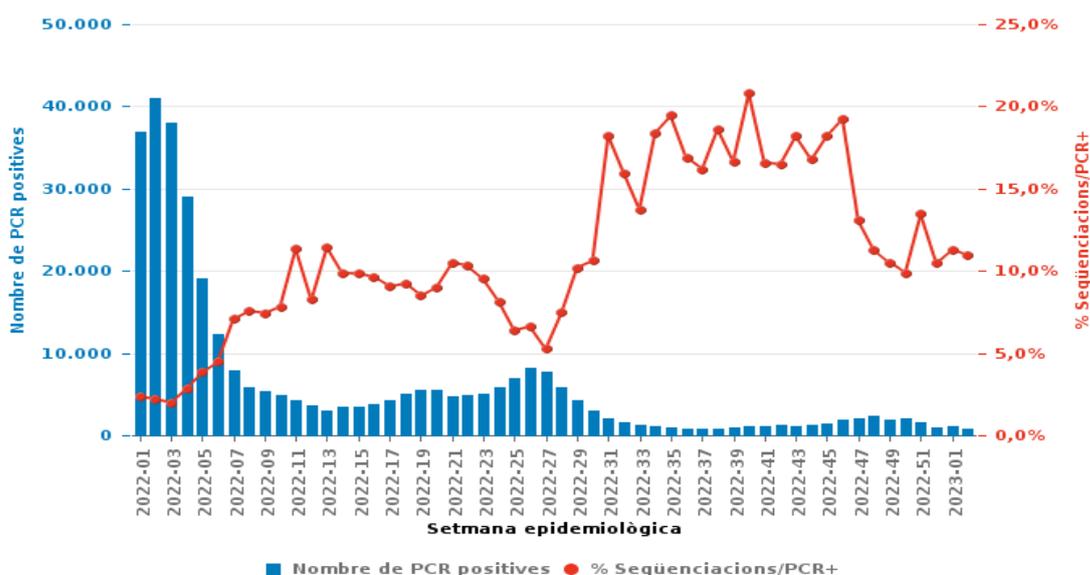
La Subdirección General de Vigilancia y Respuesta a Emergencias de Salud Pública coordina la vigilancia de las variantes del SARS-CoV-2 iniciada en el 2021, con los laboratorios que hacen cribado y secuenciación del genoma del coronavirus SARS-CoV-2 (anexo 1). Sus resultados se notificarán al Sistema de Notificación Microbiológica de Cataluña (SNMC). Para más información del procedimiento de vigilancia puede consultar su protocolo¹.

Respecto a la secuenciación del genoma de SARS-CoV-2, se tiene en cuenta que los resultados de secuenciación se notifican con unos 15 días de retraso desde el diagnóstico. Las variables epidemiológicas analizadas han sido: edad, sexo, semana de diagnóstico y servicio de vigilancia epidemiológica (SVE). Los casos notificados en el repositorio VARCO están validados, depurados y contrastados con los casos confirmados por PCR obtenidos del registro TAGA-COVID-19.

Durante las últimas dos semanas 01 (2-8 de enero) y 02 (9-15 de enero), se han secuenciado el 11,3% y 10,9% respecto al total de casos de SARS-CoV-2 positivos por PCR, respectivamente (figura 1), comparable a la semana 52 (10,5%).

El número total de muestras secuenciadas ha disminuido a lo largo del año 2022 (figura 2). No obstante, el porcentaje de secuenciaciones con respecto a los casos con PCR positiva se mantiene elevado, ya que los casos reportados han ido disminuyendo durante el año 2022.

Figura 1. Número y porcentaje de casos de SARS-CoV-2 secuenciados por semanas. Cataluña, 1 de enero de 2022 – 15 de enero de 2023



Fuente: Sistema de Notificación Microbiológica de Cataluña. Subdirección General de Vigilancia y Respuesta a Emergencias de Salud Pública. Secretaría de Salud Pública.

¹ <https://scientiasalut.gencat.cat/handle/11351/5782>

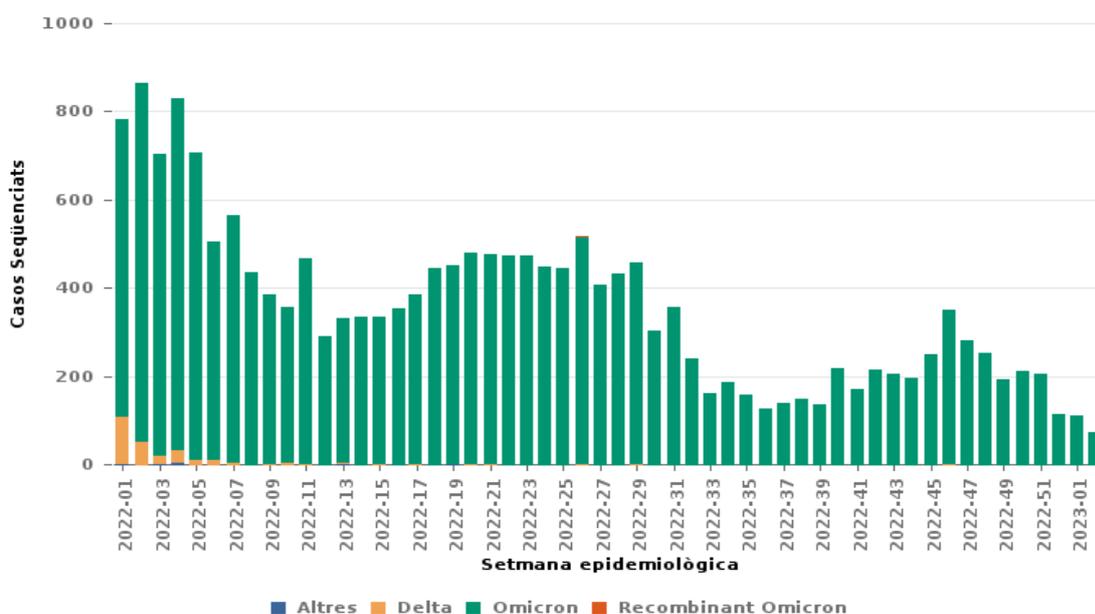
MOTIVOS DE SECUENCIACIÓN

Durante las últimas cuatro semanas (51 de 2022 - 02 de 2023), de los 489 casos, el 91,7% de las secuenciaciones han sido aleatorias y el 8,3% no aleatorias. Los motivos de secuenciación no aleatorios más frecuentes han sido “brote” con el 56,4%, seguido por “otros motivos de secuenciación” con el 25,6%.

VARIANTE CIRCULANTE

En Cataluña, la variante ómicron fue detectada por primera vez en la semana 47 del 2021, con un incremento exponencial, convirtiéndose en la variante predominante a partir de la semana 51 del 2021. Durante todo el año 2022, exceptuando el inicio del año en que se detectó un pequeño porcentaje de variante delta, la variante ómicron ha constituido casi la única variante detectada (figura 2).

Figura 2. Número de casos de SARS-CoV-2 según VOC y semana. Cataluña, 1 de enero de 2022 – 15 de enero de 2023



Fuente: Sistema de Notificación Microbiológica de Cataluña. Subdirección General de Vigilancia y Respuesta a Emergencias de Salud Pública. Secretaría de Salud Pública

En las últimas cuatro semanas (51 de 2022-02 de 2023) la totalidad de casos secuenciados (489 casos) han sido de ómicron. Se han detectado linajes de BA.5 y BA.2. El linaje principal ha sido BA.5, con el 86,1% (421 casos). El sublinaje predominante ha sido BQ.1.1 con el 39,5% (193 casos). Se han detectado 24 casos de recombinantes: 2 casos de XBB.1.1 (semanas 51 y 02), 5 casos de XBB.1.5 (semanas 51 y 02), 13 casos de XBB.1.9 (semana 02) y 4 casos de XBB.2 (semanas 51 y 01) (tabla 1).

En la última semana (semana 02 de 2023) destaca el incremento de los recombinantes, con un total de 18 casos (21,4%). Este aumento se debe a un brote por XBB.1.9 con 13 casos secuenciados (15,5%).

El sublinaje BQ.1 sigue siendo el mayoritario y representa el 29,8% de los casos secuenciados (25 casos).

Hay que tener en cuenta que los datos de la semana 02 son provisionales.

Tabla 1. Número de casos de SARS-CoV-2 de ómicron según los linajes y sublinajes más frecuentes durante las seis últimas semanas epidemiológicas. Cataluña, 19 de diciembre de 2022 – 15 de enero de 2023

	Sem. 51		Sem. 52		Sem. 01		Sem. 02		Total	
	Casos	%	Casos	%	Casos	%	Casos	%	Casos	%
Otros sublinajes de BA.2	11	5,7	12	11,4	13	12	8	9,5	44	9,0
BQ.1	11	5,7	13	12,4	7	6,5	9	10,7	40	8,2
BQ.1.1	94	49	31	29,5	43	39,8	25	29,8	193	39,5
BQ.1.1.13	5	2,6	5	4,8	3	2,8	3	3,6	16	3,3
BQ.1.1.15	19	9,9	15	14,3	7	6,5	1	1,2	42	8,6
BQ.1.1.18	10	5,2	2	1,9	0	0,0	3	3,6	15	3,1
Otros sublinajes de BQ	23	12,0	24	22,9	28	25,9	14	16,7	89	18,2
Otros sublinajes de BA.5	14	7,3	3	2,9	6	5,6	3	3,6	26	5,3
Recombinando de ómicron										
XBB.1	1	0,5	0	0,0	0	0,0	1	1,2	2	0,4
XBB.1.5	1	0,5	0	0,0	0	0,0	4	4,8	5	1,0
XBB.1.9	0	0,0	0	0,0	0	0,0	13	15,5	13	2,7
XBB.2	3	1,6	0	0,0	1	0,9	0	0,0	4	0,8
Total	192	100,0	105	100,0	108	100,0	84	100,0	489	100,0

Fuente: Sistema de Notificación Microbiológica de Cataluña. Subdirección General de Vigilancia y Respuesta a Emergencias de Salud Pública. Secretaría de Salud Pública.

Del total de casos secuenciados en las cuatro últimas semanas, el 59,0% han sido mujeres y el 41,0% hombres. Con respecto a los grupos de edad, el 21,3% pertenecen al grupo de 80-89 años, seguido del grupo de 70-79 años con el 17,4% de los casos.

ANEXO 1. CENTROS NOTIFICANTES

Banco de Sangre y Tejidos
Hospital Clínico
Hospital Universitario Joan XXIII de Tarragona
Hospital Universitario de Bellvitge
Hospital Universitario de Girona Doctor Josep Trueta
Hospital Universitario Germans Trias i Pujol
Hospital Universitario Vall d'Hebron
Laboratorio de Referencia de Cataluña

ANEXO 2. MUTACIONES Y CARACTERÍSTICAS DE LAS VARIANTES DEL CORONAVIRUS SARS-CoV-2

Variantes de preocupación (VOC) para la salud pública

VARIANTE	Mutaciones de interés en el gen S	País detectado por primera vez	Año y mes del primer caso detectado	Evidencia de impacto en la transmisibilidad	Evidencia de impacto en la inmunidad	Evidencia de impacto en la gravedad	Transmisión en UE/EEE
Ómicron (BA.2)	(a)	Sudáfrica	Noviembre 2021	Sí	Sí	Reducida	Comunitaria
Ómicron (BA.4)	L452R, F486V, R493Q	Sudáfrica	Enero 2022	No	Sí	No	Comunitaria
Ómicron (BA.5)	L452R, F486V, R493Q	Sudáfrica	Febrero 2022	No	Sí	Poco clara	Dominante

a: G142D, N211I, Δ212, V213G, G339D, S371F, S373P, S375F, T376A, D405N, R408S, K417N, N440K, S477N, T478K, E484A, Q493R, Q498R, N501Y, Y505H, D614G, H655Y, N679K, P681H, N764K, D796Y, Q954H, N969K

Variantes de interés (VOI) para la salud pública

VARIANTE	Mutaciones de interés en el gen S	País detectado por primera vez	Año y mes del primer caso detectado	Evidencia de impacto en la transmisibilidad	Evidencia de impacto en la inmunidad	Evidencia de impacto en la gravedad	Transmisión en UE/EEE
Ómicron (BA.2.75) (b)	(c)	India	Mayo 2022	No	Sí	No	Detectada
Ómicron (BQ.1)	K444T, N460K	NC	NC	No	Sí	No	Detectada
Ómicron (XBB) (d)	N460K, F490S	NC	NC	No	Sí	No	Detectada
Ómicron (XBB.1.5)	N460K, S486P, F490S	Estados Unidos	NC	No	Sí	No	Detectada

b: se incluyen los sublinajes (BN, CH y otros)

c: W152R, F157L, I210V, G257S, D339H, G446S, N460K, Q493 (reversión)

d: XBB y sublinajes, excluyendo XBB.1.5 y sus sublinajes. Linaje recombinante de BJ.1 (BA.2.10.1.1) y BM.1.1.1 (BA.2.75.3.1.1.1)

Tabla basada en: [página web de las VOC del ECDC](#). Fecha: 19 de enero de 2023