

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

**Fecha: 24 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, Víctor Cristino, 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
SECUENCIACIÓN ALEATORIA .....	6
SECUENCIACIÓN DIRIGIDA NO ALEATORIA .....	7
ANEXO 1. CENTROS NOTIFICANTES .....	9
ANEXO 2. MUTACIONES Y CARACTERÍSTICAS DE LAS VARIANTES DEL CORONAVIRUS SARS-CoV-2 .....	9

## CASOS NOTIFICADOS EN EL SISTEMA DE NOTIFICACIÓN MICROBIOLÓGICA DE CATALUÑA (SNMC)

### Resumen de lo más destacado

Durante la **semana 05** se han secuenciado un total de 64 muestras (58 aleatorias y 6 dirigidas). Este valor representa el **13,7%** del total de casos de coronavirus SARS-CoV-2 con PCR positiva.

La variante ómicron continúa siendo la predominante, con el 100,0% dels casos.

- **Muestras aleatorias**

- Durante la semana 05:
  - De las 58 muestras, el sublinaje XBB.1.5 ha sido el más frecuente con 17 casos (29,3%), seguido de BQ.1.1 con 16 casos (27,6%).
- En las últimas cuatro semanas (sem. 02-05):
  - De los 348 casos aleatorios, el sublinaje BQ.1.1 ha representado el 38,2% de los casos (133 casos). Se han detectado 50 sublinajes recombinantes: 42 casos de XBB.1.5, 3 casos de XBB.1, 3 casos de XBB.2 y 2 casos de XBF.
  - El 19,7% de las muestras pertenecen al grupo de 80-89 años, seguido del grupo de 70-79 años con el 19,4%.

- **Muestras no aleatorias**

- Durante la semana 05:
  - De las 6 muestras analizadas, todas han sido XBB.1.5.
- En las últimas cuatro semanas (sem. 02-05):
  - Del total de 65 casos, el sublinaje BQ.1.1 ha representado el 32,3% (21 casos), seguido de XBB.1.9 (13 casos; 20,0%).
  - El motivo de secuenciación más frecuente ha sido “brote” (92,3%; 60 casos), seguido de “vacunación” (3,1%; 2 casos).
  - Los grupos de edades más frecuentes han sido el de 80-89 años (30,8%), seguido de los mayores de 90 años (24,6%).

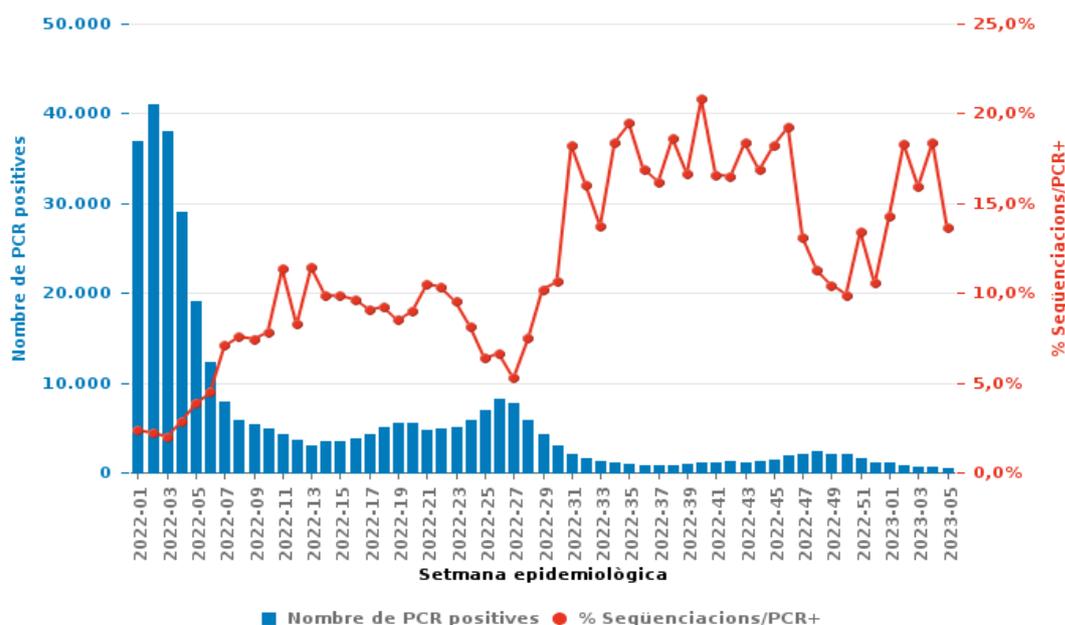
La Subdirección General de Vigilancia y Respuesta a Emergencias de Salud Pública coordina la vigilancia de las variantes del SARS-CoV-2 iniciada en 2021, con los laboratorios que realizan secuenciación del genoma del coronavirus SARS-CoV-2 (anexo 1). Sus resultados se notifican al Sistema de Notificación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

Respecto a la secuenciación del genoma de SARS-CoV-2, debe tenerse 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, 04 (23-29 de enero) y 05 (30 de enero-05 de febrero), se han secuenciado el 18,4% y el 13,7% del total de casos de SARS-CoV-2 positivos por PCR, respectivamente (figura 1), cifra comparable a la semana 03 (16,0%).

El número total de muestras secuenciadas ha disminuido a lo largo del año 2022 (figura 2), mientras que el porcentaje de secuenciaciones ha aumentado durante todo el año, oscilando del 2,3% al 20,0%.

**Figura 1.** Número y porcentaje de casos de SARS-CoV-2 secuenciados por semanas. Cataluña, 1 de enero de 2022 - 05 de febrero de 2023.

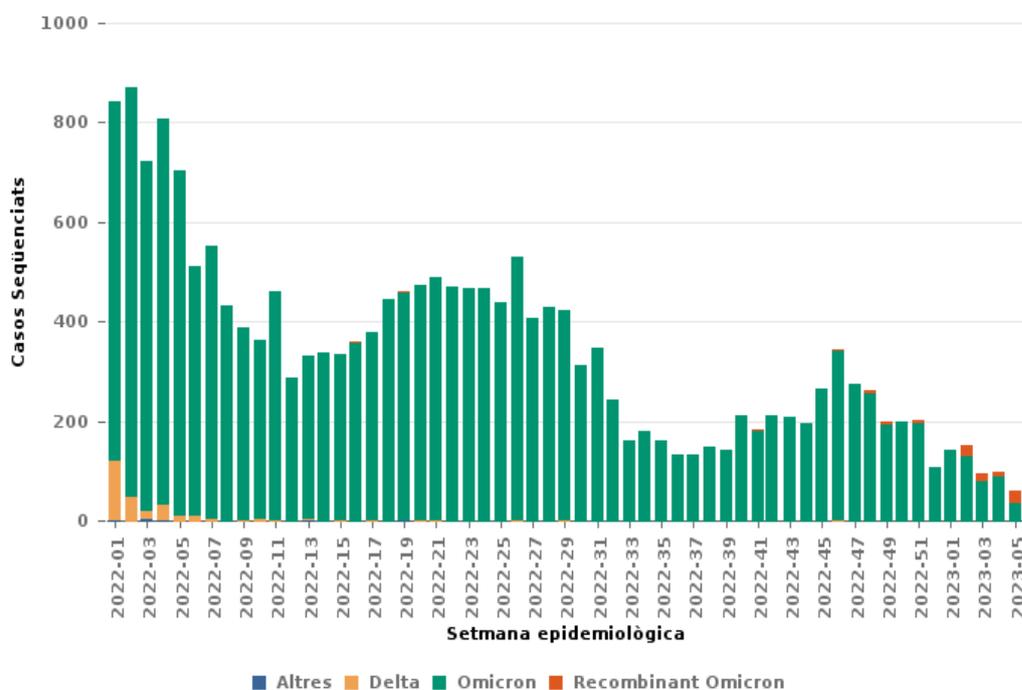


<sup>1</sup><https://scientiasalut.gencat.cat/handle/11351/5782>

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

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 el 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- 05 de febrero de 2023.



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

Durante las últimas cuatro semanas (sem. 02-05) se han secuenciado un total de 413 muestras, 348 (84,3%) obtenidas de forma aleatoria y 65 (15,7%) no aleatoria.

## SECUENCIACIÓN ALEATORIA

En la semana 05, de las 58 muestras recogidas de forma aleatoria, el sublinaje más frecuente ha sido XBB.1.5 con 17 casos (29,3%), seguido de BQ.1.1 (16 casos; 27,6%).

En total se han detectado 3 sublinajes recombinantes diferentes (tabla 1).

Considerando las últimas cuatro semanas, el número de casos secuenciados aleatoriamente han sido 348. El sublinaje BQ.1.1 ha sido el más frecuente y representa el 38,2% de los casos (133 casos). Se han detectado 50 recombinantes: 42 casos de XBB.1.5, 3 casos de XBB.1, 3 casos de XBB.2 y 2 casos de XBB.

Hay que tener en cuenta que los datos de la semana 05 son provisionales y pueden estar sujetos a modificaciones por retrasos de la notificación.

**Tabla 1.** Linajes y sublinajes más frecuentes según secuenciación aleatoria. Cataluña, 09 de enero - 05 de febrero de 2023.

	Sem. 02		Sem. 03		Sem. 04		Sem. 05		Total	
	Casos	%	Casos	%	Casos	%	Casos	%	Casos	%
BQ.1	14	10,2%	4	4,9%	7	9,7%	3	5,2%	28	8,0%
BQ.1.1	53	38,7%	30	37,0%	34	47,2%	16	27,6%	133	38,2%
BQ.1.10	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	3	5,2%	3	0,9%
BQ.1.1.13	8	5,8%	3	3,7%	1	1,4%	3	5,2%	15	4,3%
BQ.1.1.15	6	4,4%	6	7,4%	1	1,4%	0	0,0%	13	3,7%
BQ.1.1.18	3	2,2%	8	9,9%	5	6,9%	3	5,2%	19	5,5%
BQ.1.22	5	3,6%	2	2,5%	5	6,9%	2	3,4%	14	4,0%
CH.1.1	3	2,2%	1	1,2%	1	1,4%	2	3,4%	7	2,0%
CH.1.1.1	2	1,5%	2	2,5%	2	2,8%	1	1,7%	7	2,0%
Recombinante										
XBB.1	1	0,7%	0	0,0%	1	1,4%	1	1,7%	3	0,9%
XBB.1.5	8	5,8%	10	12,3%	7	9,7%	17	29,3%	42	12,1%
XBB.2	0	0,0%	2	2,5%	0	0,0%	1	1,7%	3	0,9%
XBF	0	0,0%	2	2,5%	0	0,0%	0	0,0%	2	0,6%
Otros	34	24,8%	11	13,6%	8	11,1%	6	10,3%	59	17,0%
Total	137	100,0%	81	100,0%	72	100,0%	58	100,0%	348	100,0%

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

Del total de casos secuenciados aleatoriamente con información del sexo y la edad en las semanas 02-05, el 59,5% fueron mujeres y el 40,5% hombres. Por lo que respecta a los grupos de edad, el 19,7% pertenecen al grupo de 80-89 años, seguido del grupo de 70-79 años con el 19,4% de los casos.

## SECUENCIACIÓN DIRIGIDA NO ALEATORIA

Durante la semana 05 se han secuenciado 6 muestras de forma dirigida, de las que todas han sido XBB.1.5. En el 83,3% (5 casos) el motivo de secuenciación ha sido "brote".

En las últimas cuatro semanas, el motivo de secuenciación más frecuente ha sido "brote" (92,3%; 60 casos), seguido de "vacunación" (3,1%; 2 casos).

De los 65 casos no aleatorios, el sublinaje más frecuente ha sido BQ.1.1 (21 casos; 32,3%), seguido de XBB.1.9 (13 casos; 20,0%) y XBB.1.5 (10 casos; 15,4%).

El 58,5% de los casos secuenciados corresponde a mujeres y el 4,51% a hombres. Los grupos de edades más frecuentes fueron el de 80-89 años (30,8%), seguido de los mayores de 90 años (24,6%).

**Tabla 2** Linajes y sublinajes más frecuentes según secuenciación dirigida. Cataluña, 09 de enero - 05 de febrero de 2023.

	Sem. 02		Sem. 03		Sem. 04		Sem. 05		Total	
	Casos	%	Casos	%	Casos	%	Casos	%	Casos	%
BQ.1.1.13	1	6,3%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	1	1,5%
BQ.1.1.15	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%
BQ.1.1.18	0	0,0%	1	6,3%	0	0,0%	0	0,0%	1	1,5%
BQ.1.1.5	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%
BQ.1.1.6	1	6,3%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	1	1,5%
BQ.1.5	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%
CA.7	0	0,0%	1	6,3%	0	0,0%	0	0,0%	1	1,5%
BQ.1.10	0	0,0%	0	0,0%	9	33,3%	0	0,0%	9	13,8%
BQ.1	0	0,0%	5	31,3%	1	3,7%	0	0,0%	6	9,2%
BQ.1.1	1	6,3%	5	31,3%	15	55,6%	0	0,0%	21	32,3%
BQ.1.22	0	0,0%	1	6,3%	1	3,7%	0	0,0%	2	3,1%
Recombinante										
XBB.1.5	2	0,0%	3	18,8%	1	3,7%	6	100,0%	10	15,4%
XBB.1.9	13	81,3%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	13	20,0%
Total	16	100,0%	16	100,0%	27	100,0%	6	100,0%	65	100,0%

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

## ANEXO 1. CENTROS NOTIFICANTES

Banco de Sangre y Tejidos  
Hospital Clínico  
Hospital Universitario Joan XXIII de Tarragona  
Hospital Universitario de Bellvitge  
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 a 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, E484A, E484, 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 a 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	Octubre 2022	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: 9 de febrero de 2023