

INFORME DE VIGILANCIA DE LAS VARIANTES GENÓMICAS DEL CORONAVIRUS SARS-CoV-2 EN CATALUÑA. Semana 5 - 2022 (31 de enero - 6 de febrero de 2022)

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

Resumen de lo más destacado

Cribado

Según los resultados del cribado, el porcentaje de casos compatibles con la variante ómicron ha sido del 94,4% (2.702 casos) de BA.1 y del 7,1% (18 casos) de BA.2 la semana 5 y del 93,4% (5.037 casos) la semana 4 (esta semana no se diferenciaba en la encuesta entre BA.1 y BA.2). La variante delta ha representado el 2,7% (19 casos) la semana 5 y el 1,8% (49 casos) la semana 4.

Secuenciación

Durante la **semana 3**, se han secuenciado **606 casos**, lo cual representa el **2,7%** del total de casos de coronavirus SARS-CoV-2 con PCR positiva. El **97,4% de los casos han sido de la variante ómicron** y el **2,6%** de la **variante delta**.

Variantes de preocupación (VOC, *variants of concern*)

Ómicron (BA.1, BA.2 y BA.3)

- El primer caso en Cataluña se notificó durante la semana 47.
- Durante las semanas 50-03 se han notificado 3.286 (3.023 casos de la BA.1, 249 casos de la BA.1.1 y 14 casos de la BA.2).
- El grupo de edad con más frecuencia de afectación ha sido el de 15-29 años (18,7%), seguido del grupo de 40-49 (15,9%).

Delta (B.1.617.2)

- Desde el primer caso notificado en Cataluña (16 de abril de 2021), la presencia de esta variante ha ido aumentando de forma importante hasta la semana 51, donde ha sido desplazada por la variante ómicron.
- Durante las semanas 50-03 (1.096 casos), el grupo de edad con más frecuencia ha sido el de 5-14 años (16,7%).
- De los 13 casos de la variante delta que se han diferenciado en sublinajes la semana 3 (81,2%), el sublinaje AY.127 ha sido el más frecuente (30,8%), seguido del AY.122 (7,7%).

Alfa (B.1.1.7), beta (B.1.351) y gama (P.1)

- **Alfa:** Fue la variante mayoritaria desde principios del año 2021 hasta la semana 25, que fue desplazada por la variante delta. El último caso se notificó durante la semana 46.
- **Beta:** Presentó un pico de casos en las semanas 17 (36 casos) y 18 (23 casos). El último caso se notificó durante la semana 32.
- **Gama:** Presentó un pico de casos la semana 25 (42 casos). El último caso se notificó durante la semana 43.

Variantes de interés (VOI, *variants of interest*) y otros

- El último caso del linaje B.1.621 (mu) se notificó durante la semana 47.

Todos los virus, incluido el SARS-CoV-2, cambian constantemente a través de mutaciones que confieren pequeñas diferencias genéticas. Una variante genética del coronavirus SARS-CoV-2 tiene una o más mutaciones que la diferencian de las otras variantes circulantes. La mayoría de las mutaciones no tienen ningún impacto o tienen poco con respecto a cambios en el desarrollo de la enfermedad. No obstante, de todas las mutaciones, las que más preocupan son las que afectan al gen que codifica por la proteína de la espícula, la proteína S, ya que es la que interacciona con el receptor celular ACE2 (enzima convertidora de la angiotensina) y que puede afectar a su transmisibilidad. Esta proteína es la más expuesta y la más antigénica, sobre la cual actúan los anticuerpos. Por lo tanto, es importante controlar el número de mutaciones y los genes afectados.

La vigilancia de las variantes del SARS-CoV-2 tiene interés para la salud pública, ya que estas pueden tener más transmisibilidad, ser más virulentas y ocasionar que la enfermedad sea más grave o que tenga más mortalidad, o también pueden escapar del efecto de los anticuerpos adquiridos después de una infección natural o de la vacunación. Así pues, es importante conocer las variantes que se encuentran en cada territorio con el fin de saber la prevalencia de las variantes circulantes, la situación epidemiológica y evaluar las medidas de salud pública que se tengan que tomar en caso necesario.

Las variantes del SARS-CoV-2 se clasifican en dos categorías: las variantes de preocupación (VOC, *variants of concern*) y las variantes de interés (VOI, *variants of interest*).

Una variante del SARS-CoV-2 es una **VOI** si tiene un genoma con mutaciones que conducen a cambios de aminoácido que pueden incluir cambios en la epidemiología, antigenicidad o virulencia, o cambios que tienen un impacto negativo en el diagnóstico, las vacunas, las terapias o las medidas sociales y de salud pública; si se ha identificado que causa múltiples casos de transmisión comunitaria o se ha detectado en varios países.

Una VOI del SARS-CoV-2 pasa a ser una **VOC** si se ha demostrado que, además, está asociada a un aumento de la transmisibilidad o cambio perjudicial en la epidemiología de la COVID-19, un aumento de la virulencia o cambio en la presentación clínica de la enfermedad, o una disminución de la eficacia de las medidas sociales y de salud pública (diagnóstico, tratamiento y vacunas).

Actualmente, las VOC consideradas son: alfa (B.1.1.7), beta (B.1.351), gama (P.1), delta (B.1.617.2) y ómicron (B.1.1.529 o BA.1, BA.2 y BA.3).

Para saber la prevalencia de las variantes circulantes en Cataluña se realiza una vigilancia de secuenciación con muestras aleatorias y una vigilancia dirigida –indicada desde la Red de Vigilancia Epidemiológica de Cataluña (XVEC)– de las situaciones relevantes para la salud pública que ayuden a entender el contexto de los casos que tienen más transmisibilidad, personas con sospecha de reinfecciones o vacunadas, entre otras, con el fin de poder confirmar la variante, el linaje o el sublinaje.

Con esta finalidad, la Subdirección General de Vigilancia y Respuesta a Emergencias de Salud Pública coordina la vigilancia de las variantes del SARS-CoV-2 con los laboratorios que hacen secuenciación (parcial o completa) del genoma del coronavirus SARS-CoV-2. Las secuenciaciones y los cribados de los casos los han realizado los centros que constan en el anexo 1 y los resultados de estos se han notificado al Sistema de Notificación Microbiológica de Cataluña (SNMC). Para más información del procedimiento, se puede consultar el protocolo [Vigilancia de nuevas variantes de SARS-CoV-2: integración de la secuenciación genómica del SARS-CoV-2 en el sistema de vigilancia en Cataluña](#).

Según los **resultados de cribado**, el porcentaje de casos compatibles con la variante ómicron ha sido del 94,4% (2.702 casos, 13 centros) de BA.1 y del 7,1% (18 casos, 4 centros) de BA.2 la semana 5 (31 de enero-6 de febrero de 2022) y del 93,4% (5.037 casos, 14 centros) la semana 4 (24-30 de enero de 2022) (esta semana no se diferenciaba en la encuesta entre BA.1 y BA.2). Respecto del número total de PCR positivas hechas con una PCR capaz de detectar esta variante, los casos compatibles con la variante delta han sido del 2,7% (19 casos, 5 centros) la semana 5 y del 1,8% (49 casos, 6 centros) la semana 4.

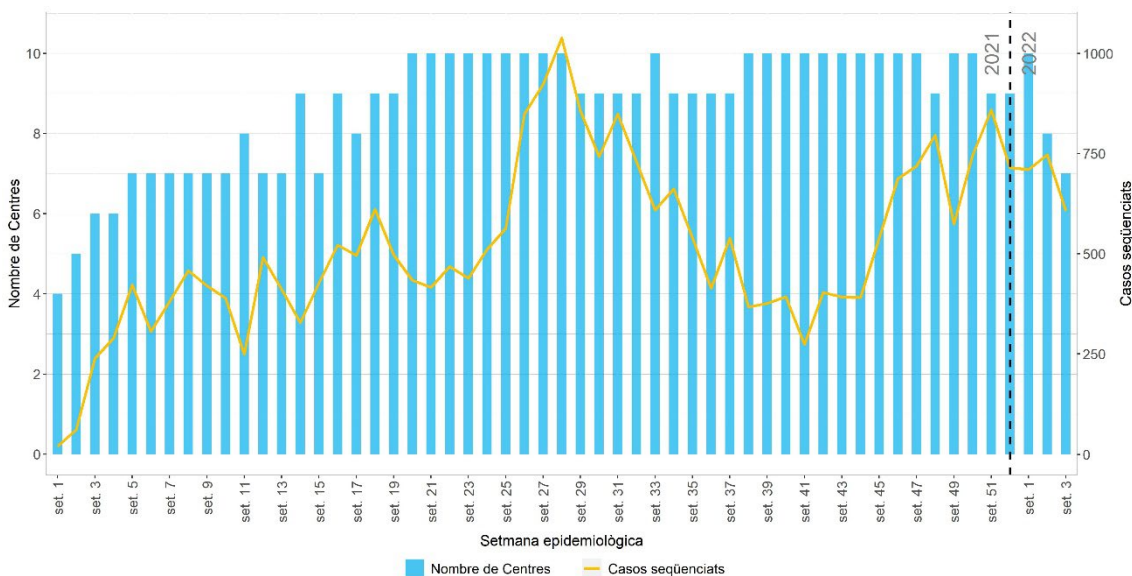
Desde el 4 de enero hasta el 23 de enero de 2021 (semana 3) se han analizado los casos secuenciados notificados por los centros de forma individualizada de las variantes del SARS-CoV-2. Hay que tener en cuenta que los resultados de secuenciación se notifican con unos 15 días de retraso desde el diagnóstico.

Las variables epidemiológicas analizadas han sido las siguientes: edad, sexo, semana de diagnóstico y servicio de vigilancia epidemiológica (SVE).

Los casos notificados se han extraído del repositorio VARCO y están validados, depurados y contrastados con los casos confirmados por PCR obtenidos del registro TAGA-COVID-19.

Durante el periodo de estudio **se han secuenciado 28.894 casos**. El número de secuenciaciones aumentó en las primeras semanas, con un pico máximo durante la semana 28 (1.028 casos). A partir de aquí fueron disminuyendo hasta llegar a 273 casos la semana 41. Desde entonces, el número de secuenciaciones volvió a aumentar hasta la semana 51 (839 casos) (figura 1). Los datos de la semana 3, con 606 casos secuenciados, son provisionales, dado que hay centros que los notifican con retraso.

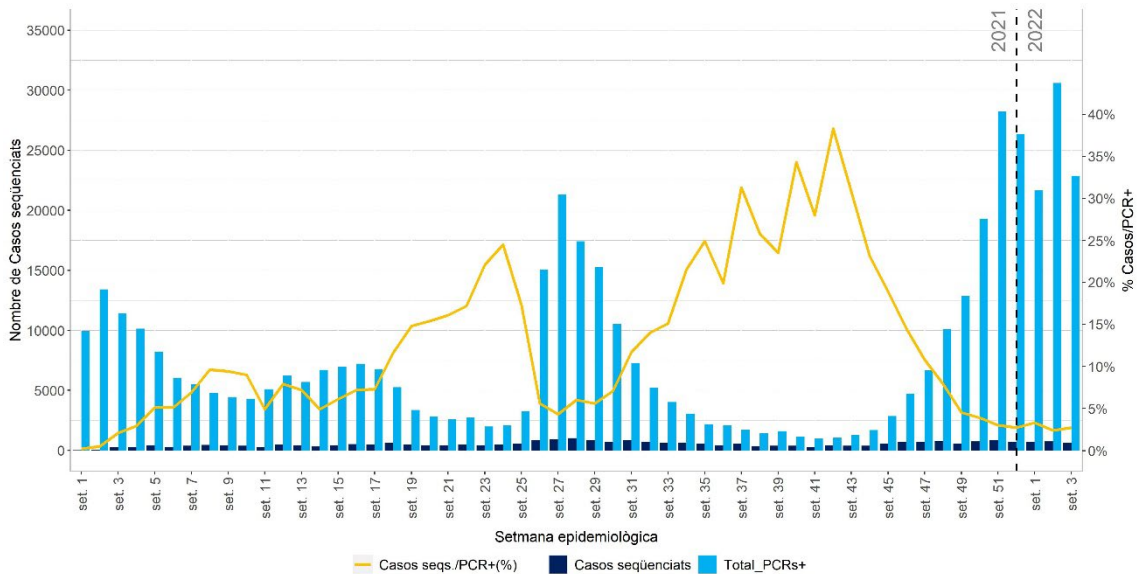
Figura 1. Número de casos de SARS-CoV-2 secuenciados por número de centros declarantes. Cataluña, 4 de enero 2021 - 23 de enero de 2022



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

Durante las semanas 1 (3 - 9 de enero de 2022), 2 (10 - 16 de enero de 2022) y 3 (17 - 23 de enero de 2022) se ha realizado la secuenciación completa de los casos de SARS-CoV-2 positivos por PCR en 710 muestras (3,3%), 747 muestras (2,4%) y 606 muestras (2,7%) del total de casos, respectivamente, (figura 2).

Figura 2. Número y porcentaje de casos de SARS-CoV-2 secuenciados por semanas. Cataluña, 4 de enero 2021 - 23 de enero de 2022



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

El porcentaje de secuenciación ha sido muy heterogéneo entre los SVE y ha ido cambiando a lo largo de los meses. En las primeras semanas de enero, el SVE con más porcentaje de secuenciación con respecto a casos de SARS-CoV-2 con PCR positiva ha sido Barcelona Ciutat (3,3%), seguido de Girona (2,6%) (tabla 1).

Tabla 1. Número de casos de SARS-CoV-2 secuenciados y porcentaje por SVE y mes de diagnóstico. Cataluña, 4 de enero 2021 - 23 de enero de 2022

		Barcelona Zona Sud		Barcelonès Nord - Maresme		Catalunya Central		Ciutat Barcelona		Girona		Lleida		Tarragona		Terres de l'Ebre		Vallès	
		Casos	%	Casos	%	Casos	%	Casos	%	Casos	%	Casos	%	Casos	%	Casos	%	Casos	%
2021	Total	3172	5,3%	5542	13,4%	1531	5,8%	5942	7,4%	2647	8,1%	791	3,5%	903	4,2%	137	2,8%	4577	5,7%
2022	Gener	242	1,4%	290	2,5%	118	1,9%	838	3,3%	232	2,6%	11	0,2%	30	0,5%	6	0,4%	250	1%

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

Motivos de secuenciación

De los casos secuenciados de los cuales ha sido notificado el tipo de secuenciación (26.217 casos), el 69,7% ha sido aleatorio y el 30,3% no aleatorio. De estos últimos, el motivo de secuenciación no aleatorio más frecuente ha sido “vacunación”, con 5.367 casos (67,5%).

Durante las semanas 50-03, el motivo de secuenciación no aleatorio más frecuente ha sido “vacunación” (21,6% - 67,2%), seguido de “sospecha reinfección” (7,8% - 39,3%) (tabla 2).

Tabla 2. Motivo de secuenciación no aleatoria por los casos de las últimas seis semanas. Cataluña, 13 de diciembre de 2021 - 23 de enero de 2022

	set. 50		set. 51		set. 52		set. 1		set. 2		set. 3	
	Casos	%	Casos	%	Casos	%	Casos	%	Casos	%	Casos	%
Altres	9	4,5%	0	0%	0	0%	0	0%	1	1,2%	0	0%
Antecedent de viatge a països endèmics	3	1,5%	1	0,6%	1	0,9%	0	0%	0	0%	0	0%
Brot	12	6%	22	12,2%	16	15%	11	17,2%	9	11%	23	22,3%
Cas amb presentació clínica inusual	1	0,5%	1	0,6%	0	0%	0	0%	0	0%	0	0%
Cas greu (ingrés hospitalari)	4	2%	8	4,4%	0	0%	3	4,7%	4	4,9%	12	11,7%
Situació d'alta transmissibilitat o virulència	1	0,5%	0	0%	0	0%	1	1,6%	0	0%	0	0%
Sospita reinfecció	19	9,5%	32	17,8%	42	39,3%	5	7,8%	32	39%	43	41,7%
Vacunat	122	60,7%	64	35,6%	45	42,1%	43	67,2%	36	43,9%	23	22,3%
Víncle epidemiològic on hi ha una nova variant	30	14,9%	52	28,9%	3	2,8%	1	1,6%	0	0%	2	1,9%
Total	201	100%	180	100%	107	100%	64	100%	82	100%	103	100%

Otros: 1 caso = desconocido; 9 casos = sospecha ómicron

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

Variantes de preocupación (VOC, *variants of concern*)

La **variante alfa**, que pertenece al linaje **B.1.1.7**, se detectó por primera vez en el Reino Unido en septiembre de 2020. En Cataluña, el 16 de diciembre de 2020 se detectó el primer caso. Esta variante presenta 17 mutaciones (anexo 2).

El 18 de diciembre de 2020, el Departamento de Salud de Sudáfrica anunció la detección de una nueva variante, la **variante beta**, perteneciente al linaje **B.1.351**. Se detectó por primera vez en la provincia del Cabo Oriental de Sudáfrica en octubre de 2020 y en Cataluña fue diagnosticada el 19 de enero de 2021. Esta variante tiene unas 21 mutaciones, de las cuales 9 se encuentran en el gen **S** (anexo 2).

A principios de enero de 2021, Japón notificó una nueva variante, la **variante gama**, que pertenece al linaje **P.1**. El primer caso en Cataluña registrado en el SNMC fue el 5 de febrero de 2021. La gama presenta 17 mutaciones de las cuales 10 están en el gen **S** (anexo 2).

La **variante delta (B.1.617.2)** fue detectada por primera vez en la India en octubre del 2020. El 16 de abril de 2021 se notificó el primer caso de B.1.617.2 en Cataluña. Esta variante contiene unas 13-15 mutaciones (anexo 2).

El 24 de noviembre de 2021, Sudáfrica notificó a la OMS una nueva variante, la llamada **ómicron**, que engloba los linajes **BA.1**, **BA.2** y **BA.3** (anexo 2). Esta variante presenta una gran cantidad de mutaciones en la proteína de la espícula (más de 30), de las cuales la delección 69/70 está presente en BA.1 y BA.3, pero no en BA.2. En Cataluña, el 28 de noviembre de 2021 se notificó el primer caso.

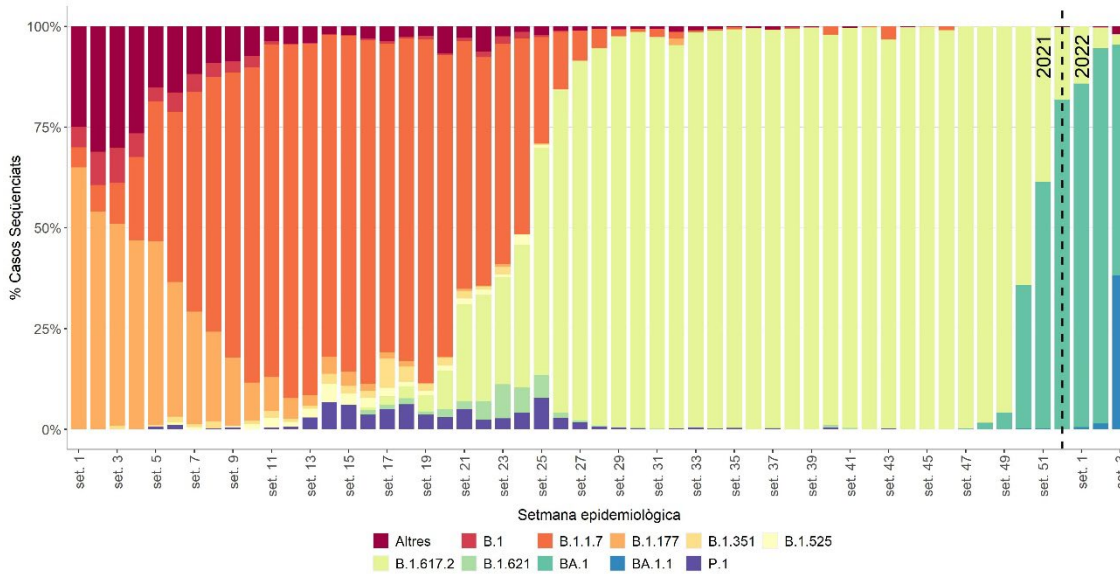
Del total de casos secuenciados desde el 4 de enero de 2021 (28.894 casos), el 91,9% (n = 26.560) han sido VOC (alfa, beta, gama, delta u ómicron) y el 8,1% (n = 2.334) VOI.

La variante alfa ha sido la más frecuente hasta la semana 24 (6.550 casos). Al inicio del 2021 se observó un aumento progresivo de los casos, con un pico máximo la semana 18 (490 casos), y la semana 20 fueron disminuyendo de forma importante (figuras 3 y 4). Durante las semanas 50-03, no se ha notificado ningún caso de variante alfa.

Desde la semana 33 a 37 no se ha detectado ningún caso de variante beta ni de variante gama, respectivamente.

Los primeros casos de la variante delta se detectaron durante la semana 16 (3 casos). Desde entonces ha presentado un crecimiento notable superando la variante alfa la semana 25, y es la variante predominante hasta la semana 50. La variante ómicron fue detectada por primera vez la semana 47 y desde entonces ha presentado un incremento exponencial, y se convirtió en la variante predominante desde la semana 51 (figura 3 y 4, tabla 3).

Figura 3. Porcentaje de los casos de los 10 linajes y variantes del SARS-CoV-2 más frecuentes por semana. Cataluña, 4 de enero 2021 - 23 de enero de 2022



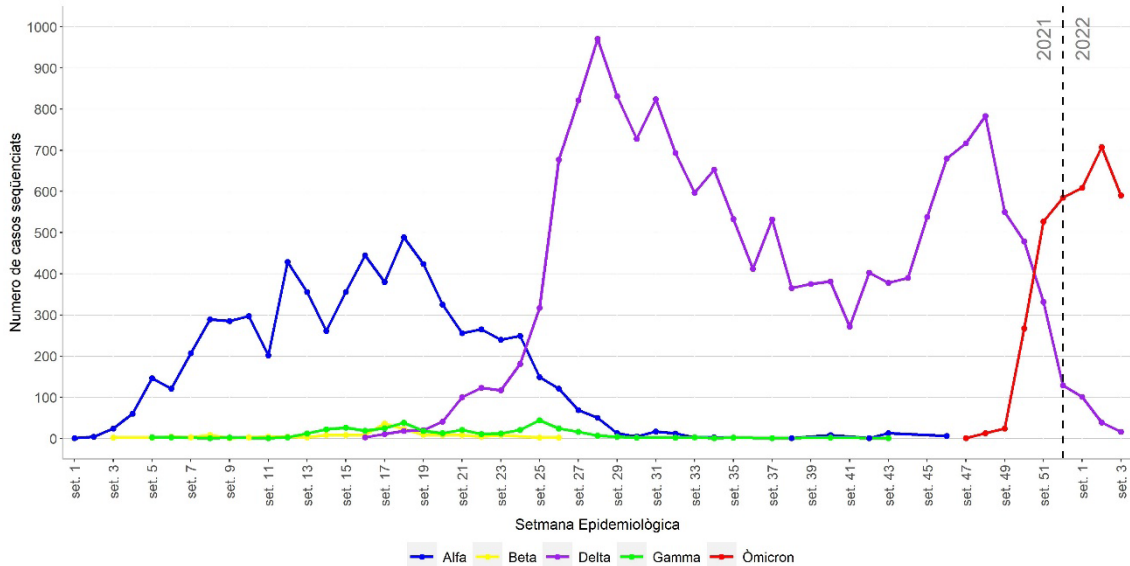
Fuente: Sistema de Notificación Microbiológica de Cataluña. Subdirección General de Vigilancia y Respuesta a Emergencias de Salud Pública. Secretaría de Salud Pública.

Tabla 3. Número de casos de SARS-CoV-2 según variantes durante las seis últimas semanas epidemiológicas. Cataluña, 13 diciembre de 2021 - 23 de enero de 2022

	B.1.1.10		B.1.617.2		BA.1		BA.1.1		BA.2		Total
	Casos	%	Casos	%	Casos	%	Casos	%	Casos	%	
set. 50	0	0%	479	64,2%	266	35,7%	1	0,1%	0	0%	746
set. 51	0	0%	332	38,6%	526	61,2%	1	0,1%	0	0%	859
set. 52	1	0,1%	129	18%	585	81,8%	0	0%	0	0%	715
set. 1	0	0%	101	14,2%	605	85,2%	4	0,6%	0	0%	710
set. 2	0	0%	39	5,2%	695	93%	11	1,5%	2	0,3%	747
set. 3	0	0%	16	2,6%	346	57,1%	232	38,3%	12	2%	606

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

Figura 4. Número de casos de SARS-CoV-2 según VOC y semana. Cataluña, 4 de enero 2021 - 23 de enero de 2022



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

A partir de la semana 30 se empezaron a detectar **sublinajes de la variante delta**; actualmente se han identificado más de 100 sublinajes diferentes en Cataluña. Hay que tener presente que la variante delta se va reclasificando en sublinajes de forma constante; por lo tanto, los datos de este informe pueden estar no actualizados según las reclasificaciones de GISAID.

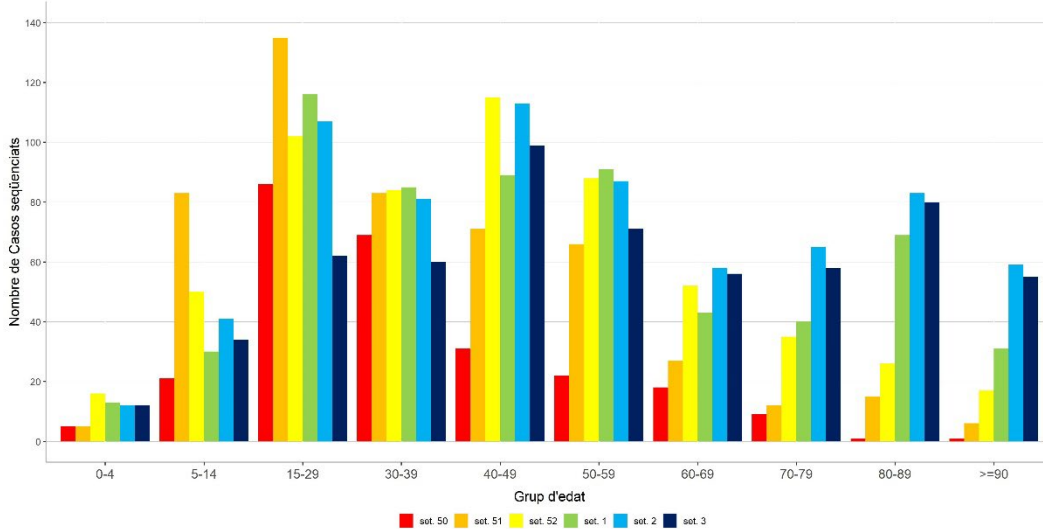
Durante la semana 3, se han identificado 13 casos de sublinajes delta, de los cuales el AY.127 ha sido el más frecuente, con 4 casos (30,8%), seguido del AY.122, con 1 caso (7,7%).

En el análisis en **función del sexo** de esta variante, no se encuentra mucha diferencia entre hombres y mujeres, donde el rango del porcentaje de casos las últimas seis semanas (50-03) es del 46,7% - 54,5% en mujeres y del 45,5% - 53,3% en hombres. Con respecto a los **grupos de edad** de las últimas seis semanas, el grupo de 5-14 años ha sido el más numeroso (16,7%). La semana 3, el grupo mayoritario ha sido el de 70-79 años, con 5 casos (33,3%), seguido del grupo de 60-69 años, con 3 casos (20%).

Con respecto a la **variante ómicron**, las **mujeres** han estado más frecuentes que los hombres con un porcentaje para las semanas 50-03 del 54% - 61,7%.

Con respecto a los **grupos de edad**, el 18,7% del total de casos notificados en las últimas seis semanas pertenecen al grupo de 15-29 años, seguido del 15,9% del grupo de 40-49 años (figura 5).

Figura 5. Número de casos de SARS-CoV-2 por ómicron y grupo de edad. Cataluña, 13 de diciembre de 2021 - 23 de enero de 2022



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

Variantes de interés (VOI, *variants of interest*) y otros

Durante el 2021 se detectaron 2.278 variantes de interés y otros linajes, de las cuales la más frecuente fue la B.1.177 (no VOC), con un 45,6% (1.039 casos), seguida del linaje B.1.621 (8,4%; 191 casos) y del B.1 (8,0%; 183 casos).

Durante las semanas de estudio 50-03, se ha detectado un caso de B.1.1.10 (no VOC).

ANEXO 1. CENTROS NOTIFICADORES

SECUENCIACIÓN

Banco de Sangre y Tejidos

Hospital Clínico

Hospital Universitario Joan XXIII de Tarragona

Hospital Universitario Arnau de Vilanova de Lleida

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

CRIBADO DE LA VARIANTE DELTA U ÓMICRON

Althaia (Red Asistencial Universitaria de Manresa)

Banco de Sangre y Tejidos

CATLAB

Hospital Clínico

Hospital Universitario Arnau de Vilanova de Lleida

Hospital Universitario de Bellvitge

Hospital Universitario Joan XXIII de Tarragona

Hospital Universitario Sant Joan de Reus

Hospital Universitario Vall d'Hebron

Laboratorio Cerba Internacional

Laboratorio de Referencia de Cataluña

Laboratori Echevarne

Synlab

Teletest



ANEXO 2. MUTACIONES I CARACTERÍSTICAS DE CADA VARIANTE DEL CORONAVIRUS SARS-CoV-2

Principales variantes de preocupación (VOC) para la salud pública

VARIANTE	Mutaciones de interés	País detectado por primera vez	Año y mes del primer caso detectado	Evidencia impacto en la transmisibilidad	Evidencia impacto en la inmunidad	Evidencia impacto de la gravedad	Transmisión en UE/EEE
B.1.1.7 (alfa)	del 69-70, N501Y, D614G, P681H, Y144, del A540D	Reino Unido	Septiembre 2020	Sí	No	Sí	Circulación drásticamente reducida a UE/EEE a causa de la aparición de la variante delta
B.1.351 (beta)	K417N, E484K, N501Y, D614G, A701V	Sudáfrica	Septiembre 2020	Sí	Sí	Sí	Comunitaria
P.1 (gama)	K417T, E484K, N501Y, D614G, H655Y	Brasil	Diciembre 2020	Sí	Sí	Sí	Comunitaria
B.1.617.2 (delta) y linajes AY	L452R, T478K, D614G, P681R	India	Diciembre 2020	Sí	Sí	Sí	Comunitaria
B.1.1.529 (ómicron)	*	Sudáfrica y Botsuana	Noviembre 2021		Sí		Dominante

*A67V, Δ69-70, T95I, G142D, Δ143-145, Δ211, ins214EPE, G339D, S371L, S373P, S375F, K417N, N440K, G446S, S477N, T478K, E484A, Q493R, G496S, Q498R, N501Y, Y505H, T547K, D614G, H655Y, N679K, P681H, N764K, D796Y, N856K, Q954H, N969K, L981F

Variantes de interés (VOI)

VARIANTE	Mutaciones de interés	País detectado por primera vez	Año y mes del primer caso detectado	Evidencia impacto en la transmisibilidad	Evidencia impacto en la inmunidad	Transmisión en UE/EEE
C.37 (lambda)	L452Q, G75V, T76I, F490S, D614G, T859N	Perú	Diciembre 2020		Sí	Esporádica/ Viaje
B.1.621 (mu)	R346K, E484K, N501Y, D614G, P681H	Colombia	Enero 2021	Sí	Sí	Esporádica/ Viaje

Tabla basada en: [ECDC variantes de preocupación](#). Fecha: 26 de enero de 2022.



Elaboración: Pilar Ciruela, Aurora Sabrià, Cèlia Serrano, Carolina Ferrer, Sergi Mendoza, Jacobo Mendioroz.

Agradecimientos: a los profesionales de la Red del Sistema de Notificación Microbiológica de Cataluña (SNMC) y de la Red de Vigilancia Epidemiológica de Cataluña (XVEC).

Fuente: Sistema de Notificación Microbiológica de Cataluña y TAGA-COVID-19 Servicio de Prevención y Control de Enfermedades Emergentes.
Subdirección General de Vigilancia y Respuesta a Emergencias de Salud Pública.