

INFORME DE VIGILANCIA DE LAS VARIANTES GENÓMICAS DEL CORONAVIRUS SARS-CoV-2 EN CATALUÑA. Semana 15 - 2022 (11 - 17 de abril 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 2,9% (17 casos) de BA.1 y del 93,5% (301 casos) de BA.2 en la semana 15 y del 6,1% (52 casos) de BA.1 y del 92,3% (491 casos) de BA.2 en la semana 14.

Secuenciación

Durante la **semana 13**, se han secuenciado **96 casos**, lo cual representa el **2,6%** del total de casos de coronavirus SARS-CoV-2 con PCR positiva. El 100,0% de los casos han sido de la variante ómicron.

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 08-13 se han notificado 1.764: 222 casos de la BA.1 (12,6%), 448 casos de la BA.1.1 (25,4%) y 1.071 casos de la BA.2 (60,7%).
- A causa de la reclasificación, en la semana 12 se han detectado casos de otros sublinajes de ómicron.
- El grupo de edad con más frecuencia de afectación ha sido el de 40-49 años (14,2%).

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 08-13 se ha detectado 1 caso.

Alfa (B.1.1.7), beta (B.1.351) y gamma (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.
- **Gamma:** Presentó un pico de casos en la semana 25 (42 casos). El último caso se notificó durante la semana 43.

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, según la Organización Mundial de la Salud (OMS), las VOC consideradas son la delta (B.1.617.2) y la ómicron (B.1.1.529 o BA.1, BA.2 y BA.3)¹. Las variantes alfa (B.1.1.7), beta (B.1.351) y gamma (P.1) dejaron de ser VOC el 9 de marzo del 2022. Según el Centro Europeo para la Prevención y el Control de Enfermedades, las variantes VOC son todas las anteriores excepto la alfa². 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 los mismos se han notificado en el 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 2,9% (17 casos, 10 centros) de BA.1 y del 93,5% (301 casos, 6 centros) de BA.2 en la semana 15 (11 - 17 de abril de 2022) y del 6,1% (52 casos, 12 centros) de BA.1 y del 92,3% (491 casos, 7 centros) en la semana 14 (4 - 10 de abril de 2022) respecto del número total de PCR positivas hechas con una PCR capaz de detectar esta variante.

Desde el 4 de enero del 2021 hasta el 3 de abril de 2022 (semana 13) 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

¹ [Tracking SARS-CoV-2 variants \(WHO\)](#)

² [SARS-CoV-2 variants of concern \(ECDC\)](#)

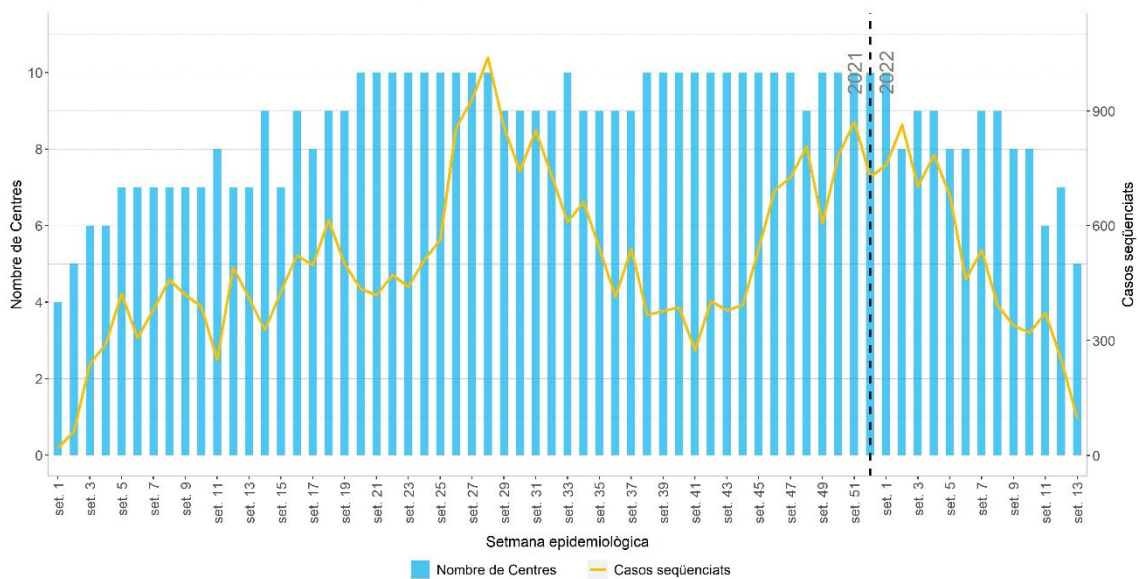
resultados de secuenciación se notifican con unos 15 días de retraso desde el diagnóstico.

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 33.504 casos**. El número de secuenciaciones aumentó en las primeras semanas, con un pico máximo en la semana 28 (1.028 casos). A partir de aquí fueron disminuyendo hasta llegar a 273 casos en 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 13, con 96 casos secuenciados, son provisionales, dado que hay centros que las notifican con retraso.

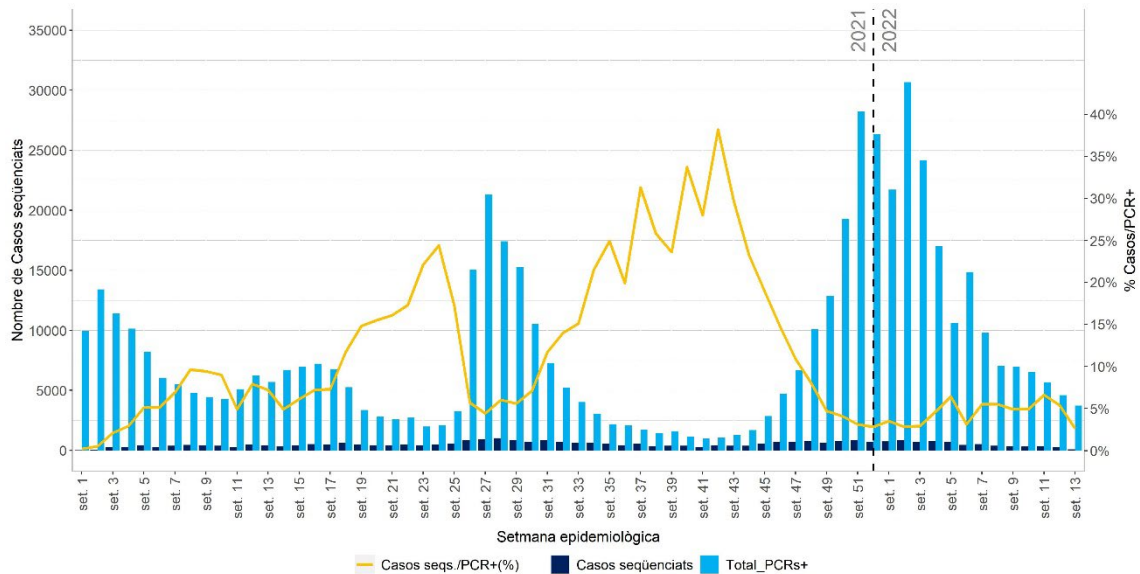
Figura 1. Número de casos de SARS-CoV-2 secuenciados por número de centros declarantes. Cataluña, 4 de enero de 2021- 03 de abril de 2022



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 11 (14 - 20 de marzo), 12 (21 - 27 de marzo) y 13 (28 de marzo - 03 de abril) se ha hecho la secuenciación completa de los casos de SARS-CoV-2 positivos por PCR en 372 muestras (6,6%), 248 muestras (5,4%) y 96 muestras (2,6%) 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 de 2021 - 03 de abril 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. De las primeras semanas de marzo, el SVE con más porcentaje de secuenciación con respecto a casos de SARS-CoV-2 con PCR positiva han sido Catalunya Central (1,7%), seguido de Lleida (0,7%) (tabla 1).

Tabla 1. Número de casos de SARS-CoV-2 secuenciados y porcentaje por SVE y mes de diagnóstico. Cataluña, 4 de enero de 2021 – 03 de abril 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	3168	5,3%	5575	13,5%	1528	5,7%	5978	7,4%	2634	8,1%	792	3,5%	908	4,2%	138	2,8%	4592	5,7%
	Gener	373	2,6%	516	5,1%	190	3,5%	1170	5,2%	352	4,6%	25	0,5%	113	2,1%	12	0,9%	391	1,7%
2022	Febrer	328	5%	385	9,2%	119	4,9%	410	4,6%	206	6,5%	62	2,3%	32	1,1%	10	1,2%	404	4,9%
	Març	295	7,8%	188	7,6%	62	4,6%	240	4,2%	135	6,8%	10	0,7%	23	1,2%	3	0,5%	281	5,4%
	Abril	0	0%	4	0,4%	8	1,7%	4	0,2%	0	0%	3	0,7%	0	0%	0	0%	5	0,4%

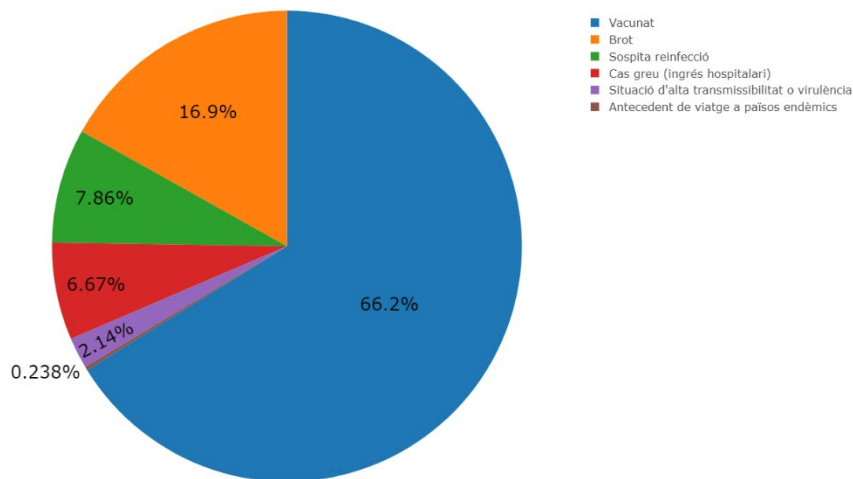
Fuente: Sistema de Notificación Microbiológica de Cataluña. Subdirección General de Vigilancia y Respuesta a Emergencias de Salud Pública. Secretaría de Salud Pública.

Motivos de secuenciación

De los casos secuenciados de los cuales ha sido notificado el tipo de secuenciación (30.707 casos), el 71,0% ha sido aleatorio y el 29,0% no aleatorio. De estos últimos, el motivo de secuenciación no aleatorio más frecuente ha sido “vacunación”, con 5.864 casos (65,9%).

Durante las semanas 08-13, el motivo de secuenciación no aleatorio más frecuente ha sido “vacunación” (33,3%-82,5%), seguido de “brote” (5,8%-38,9%) (figura 3).

Figura 3. Motivo de secuenciación no aleatoria por los casos de las últimas seis semanas. Cataluña, 21 de febrero de 2022 – 03 de marzo 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 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 gamma, que pertenece al linaje P.1. El primer caso en Cataluña registrado en el SNMC fue el 5 de febrero de 2021. La gamma 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.

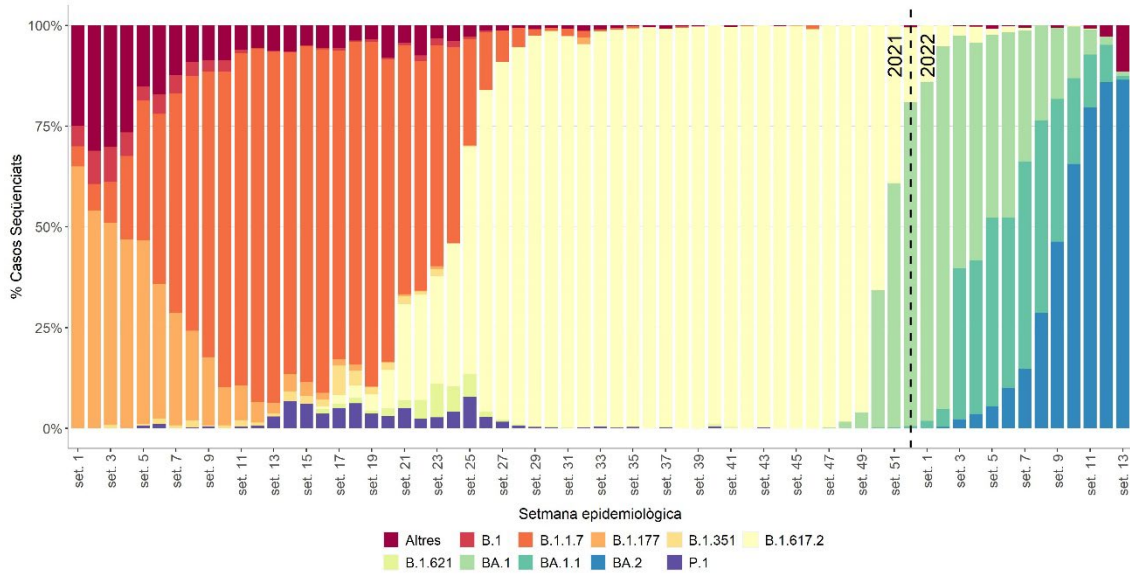
Del total de casos secuenciados desde el 4 de enero de 2021 (33.504 casos), el 93,0% (n = 31.167) han sido alfa, beta, gamma, delta u ómicron, y el 7,0% (n = 2.337) VOI.

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 en la semana 18 (490 casos), y la semana 20 fueron disminuyendo de forma importante (figuras 3 y 4). El último caso se notificó durante la semana 46.

Desde la semana 33 y 37 no se ha detectado ningún caso de variante beta ni de variante gamma, 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 en la semana 25, siendo la variante predominante hasta la semana 50. La variante ómicron fue detectada por primera vez en la semana 47 y desde entonces ha presentado un incremento exponencial, convirtiéndose en la variante predominante desde la semana 51 (figura 4 y 5, tabla 3).

Figura 4. Porcentaje de los casos de los 10 linajes y variantes del SARS-CoV-2 más frecuentes por semana. Cataluña, 4 de enero de 2021 - 03 de abril de 2022



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

Debido a la reclasificación de los diferentes linajes, en la semana 12 se han clasificado en nuevos. Esta reclasificación de forma constante puede hacer que los datos anteriores a la semana 12 pueden estar no actualizados según las reclasificaciones de GISAID.

En las últimas seis semanas (08-13) se han detectado 2 linajes (BA.1 y BA.2) y 8 sublinajes diferentes de la variante ómicron y el linaje XE (combinación de BA.1 y BA.2) (tabla 3).

Tabla 3. Número de casos de SARS-CoV-2 según variantes durante las seis últimas semanas epidemiológicas. Cataluña, 21 de febrero de 2022 – 03 de abril de 2022

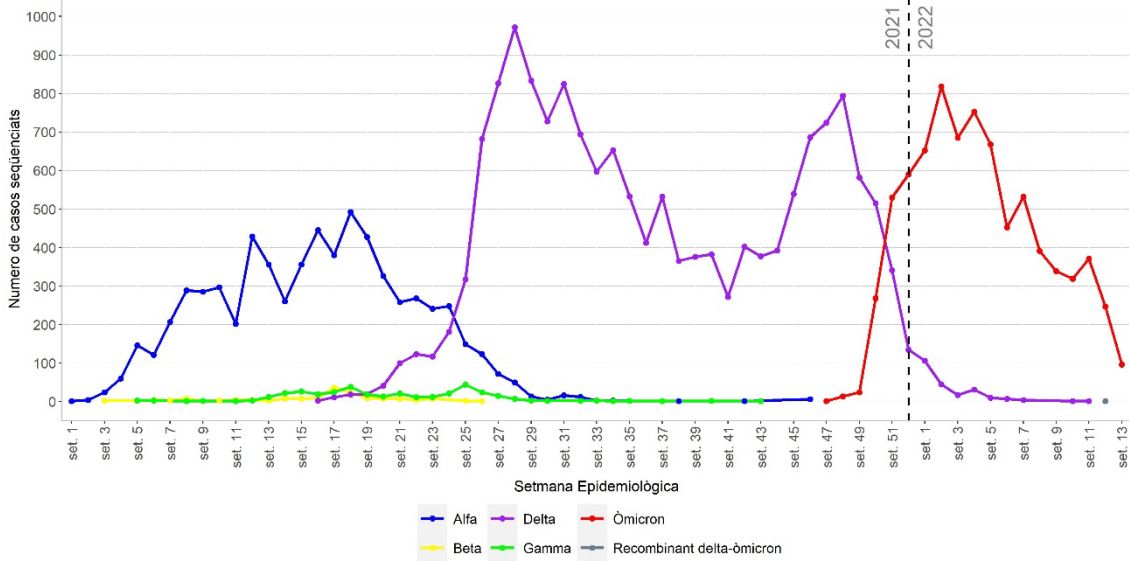
	B.1.617.2		BA.1		BA.1.1		BA.1.1.1		BA.1.1.14		BA.1.15		BA.1.17		BA.2		BA.2.1		BA.2.3		BA.2.9		XE		Total
	Casos	%	Casos	%	Casos	%	Casos	%	Casos	%	Casos	%	Casos	%	Casos	%	Casos	%	Casos	%	Casos	%	Casos	%	
set. 8	0	0%	92	23,5%	187	47,8%	0	0%	0	0%	0	0%	0	0%	112	28,6%	0	0%	0	0%	0	0%	0	0%	391
set. 9	0	0%	60	17,7%	120	35,4%	0	0%	0	0%	0	0%	2	0,6%	157	46,3%	0	0%	0	0%	0	0%	0	0%	339
set. 10	1	0,3%	41	12,8%	68	21,2%	0	0%	0	0%	0	0%	0	0%	210	65,6%	0	0%	0	0%	0	0%	0	0%	320
set. 11	1	0,3%	23	6,2%	49	13,2%	1	0,3%	0	0%	0	0%	1	0,3%	296	79,6%	0	0%	1	0,3%	0	0%	0	0%	372
set. 12	0	0%	5	2%	23	9,3%	0	0%	0	0%	1	0,4%	3	1,2%	213	85,9%	1	0,4%	1	0,4%	0	0%	1	0,4%	248
set. 13	0	0%	1	1%	1	1%	3	3,1%	1	1%	0	0%	4	4,2%	83	86,5%	1	1%	1	1%	1	1%	0	0%	96

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

Figura 5. Número de casos de SARS-CoV-2 según VOC y semana.



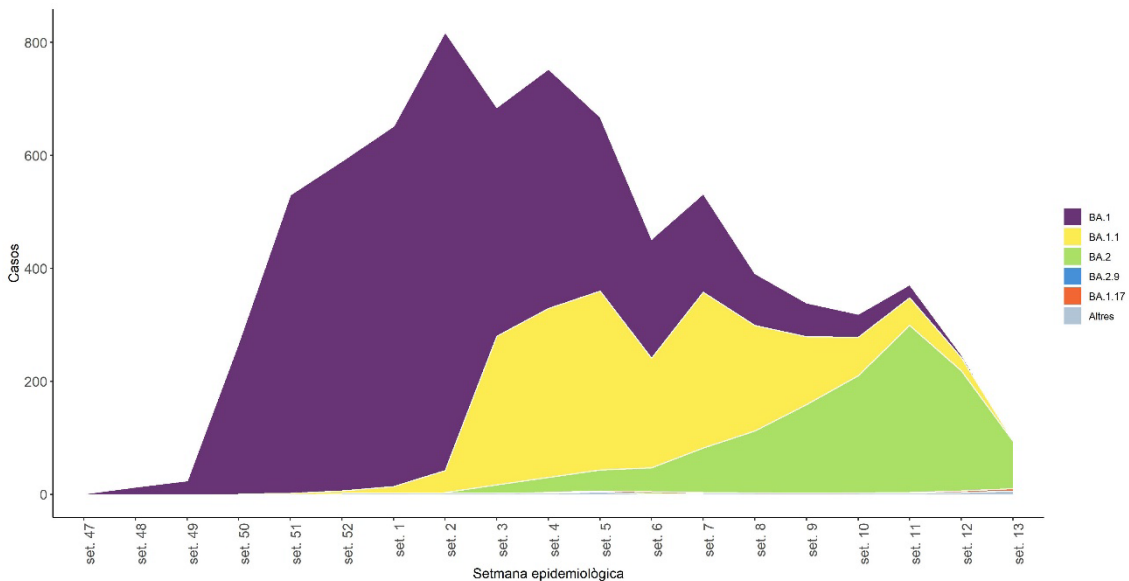
Cataluña, 4 de enero de 2021 – 03 de abril de 2022



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

En el análisis de los linajes de la **variante ómicron** acumulados hasta la semana 13, se ha observado un aumento de BA.1 y BA.1.1 hasta la semana 04 donde los casos han empezado a disminuir, a la vez que los casos de BA.2 (inicio en la semana 02) aumentan progresivamente. Actualmente, este linaje representa el 60,7% del total de casos de la variante ómicron (figura 6).

Figura 6. Número de casos por linajes de ómicron. Cataluña, 22 de noviembre de 2021 – 03 de abril de 2022

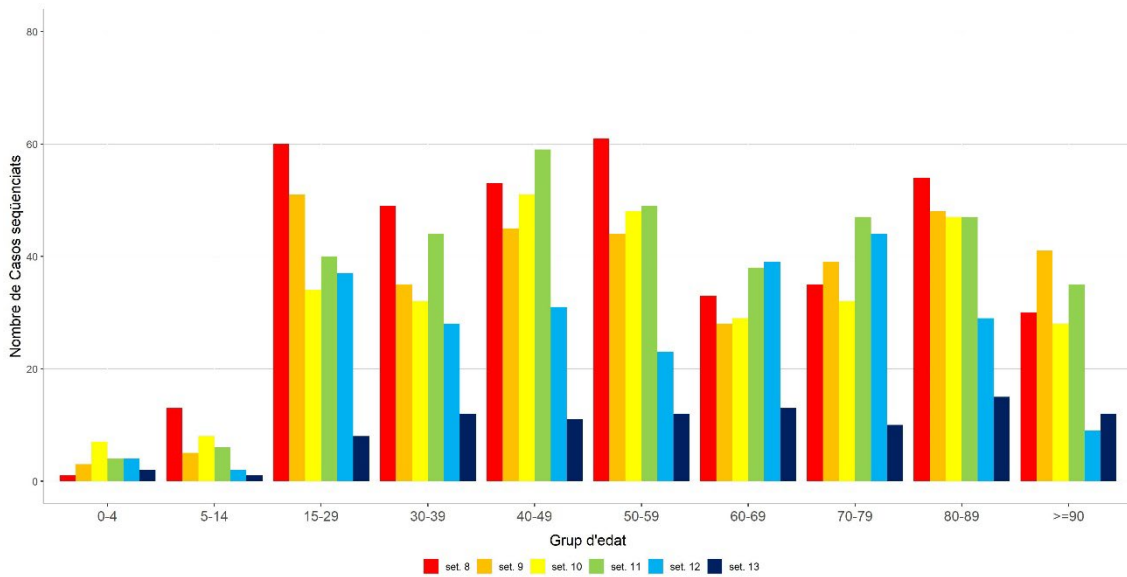


Fuente: Sistema de Notificación Microbiológica de Cataluña. Subdirección General de Vigilancia y Respuesta a Emergencias de Salud Pública. Secretaría de Salud Pública.

De esta variante, las **mujeres** han sido más frecuentes que los hombres con un porcentaje para las semanas 08-13 del 56,5% - 61,1%.

Con respecto a los **grupos de edad**, el 14,2% del total de casos notificados en las últimas seis semanas pertenecen al grupo de 40-49 años (figura 7).

Figura 7. Número de casos de SARS-CoV-2 por ómicron y grupo de edad. Cataluña, 21 de febrero de 2022 - 03 de abril de 2022



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

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)

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

Laboratorio Cerba Internacional

Laboratorio de Referencia de Cataluña

Laboratori Echevarne

Synlab

Teletest

ANEXO 2. MUTACIONES Y 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 de impacto en la transmisibilidad	Evidencia de impacto en la inmunidad	Evidencia de impacto en la gravedad	Transmisión en UE/EEE
B.1.351 (beta)	K417N, E484K, N501Y, D614G, A701V	Sudáfrica	Septiembre 2020	Sí	Sí	Sí	Comunitaria
P.1 (gamma)	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)

Actualmente, no existen variantes de interés.

Tabla basada en: <https://www.ecdc.europa.eu/en/covid-19/variants-concern>. Fecha: 21 de marzo del 2022.

Elaboración: Pilar Ciruela, Aurora Sabrià, 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.