

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

**Fecha: 10 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 AL SISTEMA DE NOTIFICACIÓN MICROBIOLÓGICA DE CATALUÑA (SNMC)

### Resumen de lo más destacado

Durante la **semana 03** se han secuenciado un total de 60 muestras (55 aleatorias y 5 dirigidas). Este valor representa el 9,7% 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.

#### • Muestras aleatorias

- Durante la semana 03 del 2023:
  - De las 55 muestras recogidas de forma aleatoria, el sublinaje más frecuente ha sido BQ.1.1 (19 casos; 34,5%). Se han detectado 8 (14,5%) recombinantes (5 casos de XBB.1.5; 2 casos de XBB. y un caso de XBF).
- En las últimas cuatro semanas (52 del 2022 – 03 del 2023):
  - De los 418 casos aleatorios, el sublinaje BQ.1.1 ha representado el 35,2% (147 casos). Se han detectado 19 recombinantes: 13 casos de XBB.1.5, 3 casos de XBB.2 y un caso de XBB, XBB.1 y XBF. En la semana 01 se ha dado un caso de BA.2.75.2.
  - El 22,0% de las muestras pertenecen al grupo de 80-89 años, seguido del grupo de 70-79 años con el 18,9% de los casos.

#### • Muestras no aleatorias

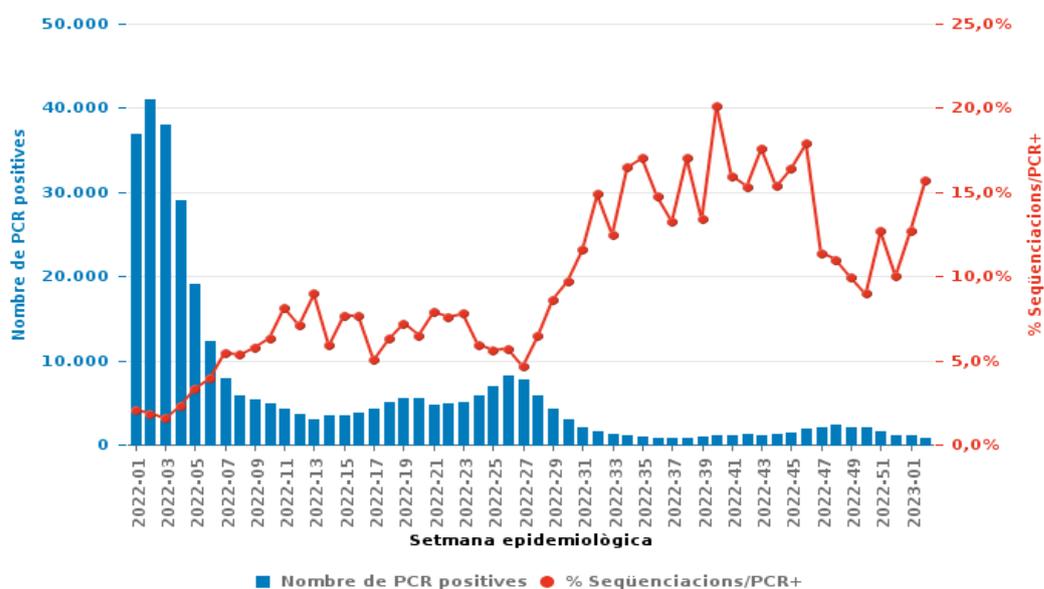
- Durante la semana 03 del 2023:
  - Se han secuenciado 5 muestras que han sido BQ.1, todas pertenecientes al mismo brote.
- En las últimas cuatro semanas (52 del 2022 – 03 del 2023)
  - De los 37 casos no aleatorios, el sublinaje XBB.1.9 ha representado el 35,1% (13 casos), secuenciados con motivo de brote.
  - El sublinaje BQ.1.1 ha representado el 18,9% (7 casos).
  - Los grupos de edades más frecuentes han sido el de 80-89 años y más de 90 años con el 29,7% ambos grupos.

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 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 puede consultar el protocolo<sup>1</sup>.

Con respecto a la secuenciación del genoma de 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: edad, sexo, semana de diagnóstico y servicio de vigilancia epidemiológica (SVE). Los casos notificados al repositorio VARCO están validados, depurados y contrastados con los casos confirmados por PCR obtenidos del registro TAGA-COVID-19.

Durante las últimas dos semanas, 02 (9-15 de enero) y 03 (16-22 de enero), se han secuenciado el 17,7% y el 9,7% del total de casos de SARS-CoV-2 positivos por PCR, respectivamente (figura 1), cifra comparable a la semana 01 (13,9%). El número total de muestras secuenciadas ha disminuido a lo largo del año 2022 (figura 2), mientras que el porcentaje de secuenciaciones ha ido aumentando 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 – 22 de enero de 2023

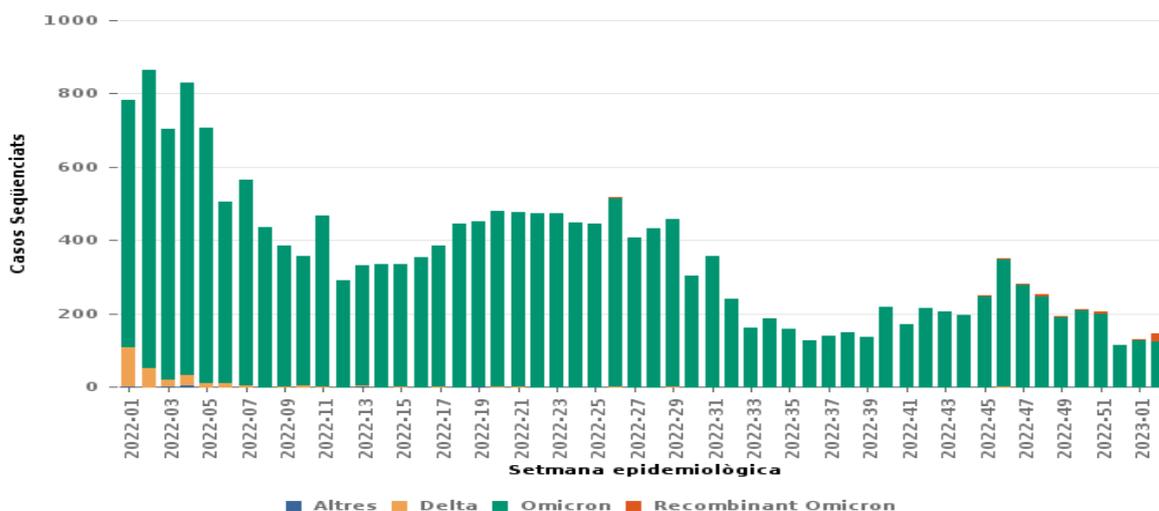


Fuente: Sistema de Notificación Microbiológica de Cataluña. Subdirección General de Vigilancia y Respuesta a Emergencias de Salud Pública. Secretaría de Salud Pública.

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

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 - 22 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

Durante las últimas cuatro semanas (52 de 2022 - 03 de 2023) se han secuenciado un total de 455 muestras; 418 (91,9%) obtenidas de forma aleatoria y 37 (8,1%) no aleatoria.

## SECUENCIACIÓN ALEATORIA

En la semana 03 de 2023 se han secuenciado un total de 55 muestras recogidas de forma aleatoria. De estas, el sublinaje más frecuente ha sido BQ.1.1 (19 casos; 35,2%). Se han detectado 8 recombinantes (5 casos de XBB.1.5; 2 casos de XBB.2 y un caso de XBF) (tabla 1).

Considerando las últimas cuatro semanas, el número de casos secuenciados aleatoriamente han sido 418. El sublinaje BQ.1.1 ha sido el más frecuente representando el 35,2% de los casos (147 casos). Se han detectado 19 recombinantes: 13 casos de XBB.1.5; 3 casos de XBB.2, un caso de XBB, uno de XBB.1 y uno de XBF.

En la semana 01 ha habido un caso de BA.2.75.2.

Hay que tener en cuenta que los datos de la semana 03 son provisionales y pueden estar sujetos a modificaciones por retrasos de notificación.

**Tabla 1.** Linajes y sublinajes más frecuentes según secuenciación aleatoria. Cataluña, 26 de diciembre de 2022 - 22 de enero de 2023.

	Sem. 52		Sem. 01		Sem. 02		Sem. 03		Total	
	Núm.	%	Núm.	%	Núm.	%	Núm.	%	Núm.	%
BQ.1	13	12,1%	11	8,8%	11	8,4%	3	5,5%	38	9,1%
BQ.1.1	33	30,8%	43	34,4%	52	39,7%	19	34,5%	147	35,2%
BQ.1.10	2	1,9%	3	2,4%	3	2,3%	1	1,8%	9	2,2%
BQ.1.1.13	5	4,7%	3	2,4%	7	5,3%	3	5,5%	18	4,3%
BQ.1.1.15	14	13,1%	7	5,6%	6	4,6%	4	7,3%	31	7,4%
BQ.1.1.18	2	1,9%	0	0,00%	3	2,3%	6	10,9%	11	2,6%
BQ.1.1.5	4	3,7%	1	0,8%	6	4,6%	0	0,0%	11	2,6%
BQ.1.22	4	3,7%	9	7,2%	5	3,8%	2	3,6%	20	4,8%
BQ.1.5	4	3,7%	4	3,2%	2	1,5%	0	0,0%	10	2,4%
Recombinante										
XBB.1.5	0	0,0%	0	0,0%	8	6,1%	5	9,1%	13	3,1%
XBB.2	0	0,0%	1	0,8%	0	0,0%	2	3,6%	3	0,7%
XBB	0	0,0%	1	0,8%	0	0,0%	0	0,0%	1	0,2%
XBB.1	0	0,0%	0	0,0%	1	0,8%	0	0,0%	1	0,2%
XBF	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	1	1,8%	1	0,2%
Otros	26	24,3%	42	33,6%	27	20,6%	9	16,4%	104	24,9%
Total	107	100,0%	125	100,0%	131	100,0%	55	100,0%	418	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 aleatoriamente en las últimas cuatro semanas, el 57,9% han sido mujeres y el 39,7% hombres. Con respecto a los grupos de edad, el 22,0% pertenecen al grupo de 80-89 años, seguido del grupo de 70-79 años con el 18,9% de los casos.

## SECUENCIACIÓN DIRIGIDA NO ALEATORIA

Durante la semana 03 se han secuenciado 5 muestras, todas BQ.1, relacionadas con un brote.

En las últimas cuatro semanas, de los 37 casos no aleatorios, el sublinaje más frecuente ha sido XBB.1.9 (13 casos; 35,1%) (tabla 2). Estos casos se han secuenciado debido a un brote.

El sublinaje BQ.1.1 ha representado el 18,9% (7 casos), un porcentaje menor que el detectado en las muestras obtenidas aleatoriamente (35,2%). El motivo de secuenciación más frecuente ha sido "brote" (73,0%; 27 casos), seguido de "vacunación" (16,2%; 6 casos) y otros motivos (10,8%; 4 casos).

El 54,1% de los casos secuenciados corresponden a mujeres y el 45,9% a hombres. Los grupos de edades más frecuentes han sido el de 80-89 años y mayores de 90 años con el 29,7% ambos grupos.

**Tabla 2.** Linajes y sublinajes más frecuentes según secuenciación dirigida. Cataluña, 26 de diciembre de 2022 - 22 de enero de 2023.

	Sem. 52		Sem. 01		Sem. 02		Sem. 03		Total	
	Casos	%	Casos	%	Casos	%	Casos	%	Casos	%
XBB.1.9	0	0,0%	0	0,0%	13	81,3%	0	0,0%	13	35,1%
BQ.1.1	0	0,0%	6	50,0%	1	6,3%	0	0,0%	7	18,9%
BQ.1	0	0,0%	1	8,3%	0	0,0%	5	100,0%	6	16,2%
BQ.1.1.15	2	50,0%	1	8,3%	0	0,0%	0	0,0%	3	8,1%
BQ.1.22	1	25,0%	2	16,7%	0	0,0%	0	0,0%	3	8,1%
BQ.1.1.13	0	0,0%	0	0,0%	1	6,3%	0	0,0%	1	2,7%
BQ.1.1.18	1	25,0%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	1	2,7%
BQ.1.1.5	0	0,0%	1	8,3%	0	0,0%	0	0,0%	1	2,7%
BQ.1.1.6	0	0,0%	0	0,0%	1	6,3%	0	0,0%	1	2,7%
BQ.1.5	0	0,0%	1	8,3%	0	0,0%	0	0,0%	1	2,7%
Total	4	100,0%	12	100,0%	16	100,0%	5	100,0%	37	100,0%

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 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 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	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: 19 de enero de 2023