

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

Fecha: 10 de marzo 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

© marzo 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, marzo 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 07** se han secuenciado un total de 67 muestras (60 aleatorias y 7 dirigidas). Este valor representa el 13,9% 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.

• Muestras aleatorias

- Durante la semana 07:
 - De las 60 muestras analizadas aleatoriamente, XBB.1.5 ha sido el sublinaje más frecuente con 22 casos (36,7%), seguido de BQ.1.1 (5 casos; 8,3%) y BQ.1 (3 casos; 5,0%).
- En las últimas cuatro semanas (sem. 04-07):
 - Del total de 305 casos analizados, XBB.1.5 ha representado el 27,5% de los casos (84 casos) y BQ.1.1 el 23,0% (70 casos).
 - El 22,6% de las muestras pertenecen al grupo de 80-89 años, seguido del grupo de 70-79 años con el 16,4%.

• Muestras no aleatorias

- Durante la semana 07:
 - De las 7 muestras analizadas, 4 han sido BQ.1.1 y 3 XBB.1.5. Todos los casos han sido secuenciados en motivo de “brote”.
- En las últimas cuatro semanas (sem. 04-07):
 - Del total de 74 muestras analizadas, 39 (52,7%) han sido XBB.1.5 y 20 (27,0%) BQ.1.1.
 - El motivo de secuenciación dirigida más frecuente ha sido “brote” (87,8% de los casos).
 - El grupo de edad más frecuente ha sido el de 80-89 años (32,4%), seguido de los mayores de 90 años (20,3%).

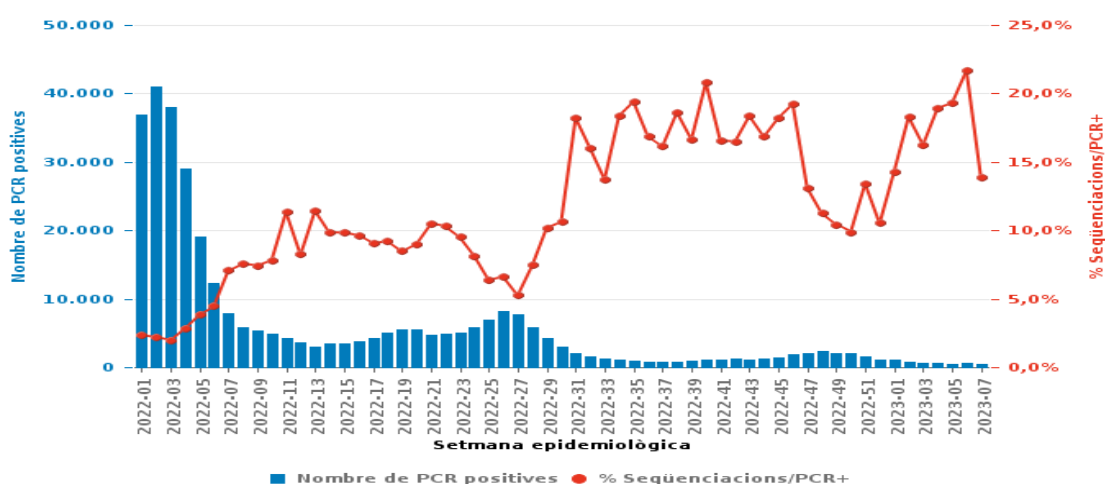
La Subdirección General de Vigilancia y Respuesta a Emergencias de Salud Pública coordina la vigilancia de las variantes del SARS-CoV-2 iniciada en el 2021, con los laboratorios que hacen secuenciación del genoma del coronavirus SARS-CoV-2 (anexo 1). Sus resultados se notifican al Sistema de Notificación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

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, 06 (6 - 12 de febrero) y 07 (13 - 19 de febrero) se han secuenciado el 21,7% y 13,9% del total de casos de SARS-CoV-2 positivos por PCR, respectivamente (figura 1), cifra comparable a la semana 05 (19,3%).

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 22,0%.

Figura 1. Número y porcentaje de casos de SARS-CoV-2 secuenciados por semanas. Cataluña, 1 de enero de 2022 – 19 de febrero de 2023

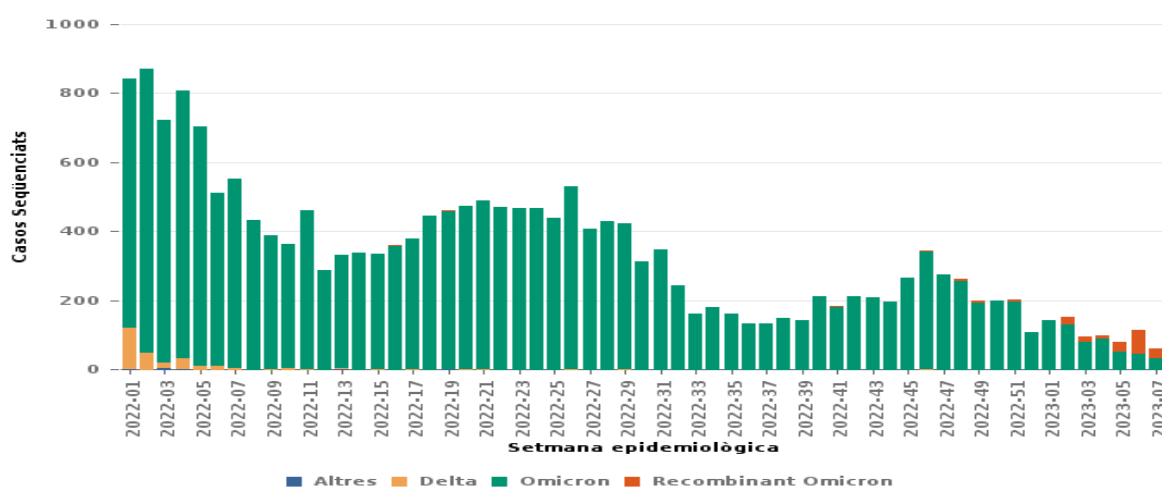


Fuente: Sistema de Notificación Microbiológica de Cataluña. Subdirección General de Vigilancia y Respuesta a Emergencias de Salud Pública. Secretaría de Salud Pública.

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

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 – 19 de febrero 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 (sem. 04-07) se han secuenciado un total de 379 muestras: 305 (80,5%) obtenidas de forma aleatoria y 74 (19,5%) no aleatoria.

SECUENCIACIÓN ALEATORIA

La semana 07, entre las 60 muestras recogidas de forma aleatoria, el sublinaje más frecuente ha sido XBB.1.5 (22 casos; 36,7%). BQ.1.1 ha representado el 8,3% de los casos (5 casos) y BQ.1 el 5,0% (3 casos) (tabla 1).

Considerando las últimas cuatro semanas (04-07), el número de casos secuenciados aleatoriamente han sido 305. El sublinaje XBB.1.5 ha sido el más frecuente representando el 27,5% de los casos (84 casos), seguido de BQ.1.1 (70 casos; 23,0%).

Hay que tener en cuenta que los datos de la semana 07 son provisionales y pueden estar sujetos a modificaciones por retrasos de la notificación.

Tabla 1. Linajes y sublinajes más frecuentes según secuenciación aleatoria. Cataluña, 16 de enero – 19 de febrero de 2023.

	Sem. 04		Sem. 05		Sem. 06		Sem. 07		Total	
	Casos	%	Casos	%	Casos	%	Casos	%	Casos	%
BQ.1	8	10,8%	4	4,8%	0	0,0%	3	5,0%	15	4,9%
BQ.1.1	34	45,9%	18	21,4%	13	14,9%	5	8,3%	70	23,0%
BQ.1.10	0	0,0%	3	3,6%	9	10,3%	1	1,7%	13	4,3%
BQ.1.1.10	0	0,0%	3	3,6%	4	4,6%	2	3,3%	9	3,0%
BQ.1.1.13	1	1,4%	6	7,1%	3	3,4%	1	1,7%	11	3,6%
BQ.1.1.18	5	6,8%	3	3,6%	2	2,3%	0	0,0%	10	3,3%
BQ.1.22	5	6,8%	2	2,4%	1	1,1%	3	5,0%	11	3,6%
CH.1.1.1	2	2,7%	1	1,2%	4	4,6%	2	3,3%	9	3,0%
Recombinantes										
XBB.1	1	1,4%	1	1,2%	5	5,7%	4	6,7%	11	3,6%
XBB.1.5	7	9,5%	23	27,4%	32	36,8%	22	36,7%	84	27,5%
XAY.1.1	0	0,0%	1	1,19%	0	0,0%	0	0,0%	1	0,3%
XBB.1.9.1	0	0,0%	1	1,19%	0	0,0%	2	3,3%	3	0,9%
XBB.1.9.2	0	0,0%	1	1,19%	0	0,0%	0	0,0%	1	0,3%
XBB.2	0	0,0%	1	1,19%	1	1,1%	0	0,0%	2	0,6%
Otros	11	14,9%	16	19,0%	13	14,9%	15	25,0%	55	18,0%
Total	74	100,0%	84	100,0%	87	100,0%	60	100,0%	305	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 durante las semanas 04-07 con información del sexo y la edad, el 61,7% han sido mujeres y el 38,3% hombres. Con respecto a los grupos de edad, el 22,6% pertenecen al grupo de 80-89 años, seguido del grupo de 70-79 años con el 16,4% de los casos.

SECUENCIACIÓN DIRIGIDA NO ALEATORIA

Durante la semana 07, se han secuenciado 7 muestras de forma dirigida. 4 casos han sido BQ.1.1 y 3 casos XBB.1.5. Todos los casos han sido secuenciados en motivo de “brote”.

En las últimas cuatro semanas (04-07), de los 74 casos secuenciados no aleatorios, 39 casos (52,7%) han sido XBB.1.5 y 20 casos (27,0%) BQ.1.1.

Respecto de los motivos de secuenciación, 65 casos (87,8%) se han secuenciado por “brote” y 2 (2,7%) casos por “ingreso hospitalario”. En el resto de casos (7 casos) han sido otros motivos.

El 64,9% de los casos corresponden a mujeres y el 35,1% a hombres. Los grupos de edades más frecuentes han sido el de 80-89 años (32,4%), seguido de los mayores de 90 años (20,3%).

Tabla 2. Linajes y sublinajes según secuenciación dirigida. Cataluña, 16 de enero – 19 de febrero de 2023.

	Sem. 04		Sem. 05		Sem. 06		Sem. 07		Total	
	Casos	%	Casos	%	Casos	%	Casos	%	Casos	%
BQ.1	1	3,7%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	1	1,4%
CH.1.1.1	0	0,0%	0	0,0%	3	9,1%	0	0,0%	3	4,1%
BQ.1.10	9	33,3%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	9	12,2%
BQ.1.1	15	55,6%	1	14,3%	0	0,0%	4	57,1%	20	27,0%
BQ.1.22	1	3,7%	0	0,0%	1	3,0%	0	0,0%	2	2,7%
XBB.1.5	1	3,7%	6	85,7%	29	87,9%	3	42,9%	39	52,7%
Total	27	100,0%	7	100,0%	33	100,0%	7	100,0%	74	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	No	No	Comunitaria
Ómicron (BQ.1)	K444T, N460K	NC	NC	No	No	No	Dominante
Ómicron (XBB) (d)	N460K, F490S	NC	NC	No	Sí	No	Comunitaria
Ómicron (XBB.1.5)	N460K, S486P, F490S	Estados Unidos	Octubre 2022	Sí	Sí	No	Comunitaria

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: 10 de marzo de 2023