

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

**Subdirección General de Vigilancia y Respuesta a Emergencias de
Salud Pública**

Red de Vigilancia Epidemiológica de Cataluña

Fecha: 12 de mayo de 2023



**Generalitat de Catalunya
Departament de Salut**

Autores:

Pilar Ciruela , Víctor Cristino , Marta Martorell , Jacobo Mendioroz , Aurora Sabrià .

Algunos derechos reservados

© mayo de 2023, Generalitat de Catalunya. Departamento de Salud.



Los contenidos de esta obra están sujetos a una licencia de Reconocimiento-NoComercial-SinObrasDerivadas 4.0 Internacional.

La licencia se puede consultar a 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, mayo 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 NO ALEATORIA.....	7
ANEXO 1. CENTROS NOTIFICANTES.....	8
ANEXO 2. Linajes y sublinajes de las muestras aleatorias. Cataluña, 13 de marzo - 23 de abril de 2023.	9
ANEXO 3. Linajes y sublinajes de las muestras no aleatorias. Cataluña, 13 de marzo - 23 de abril de 2023.....	10
ANEXO 4. MUTACIONES Y CARACTERÍSTICAS DE LAS VARIANTES DEL CORONAVIRUS SARS-CoV-2	11

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

Resumen del más destacado

Durante la semana 16 se han secuenciado un total de 403 muestras (295 aleatorias y 108 dirigidas). Este valor representa el 16,0% del total de casos de coronavirus SARS-CoV-2 con PCR positiva.

En las últimas cuatro semanas (sem. 13-16) las formas recombinantes de la variante ómicron han sido las predominantes, tanto por secuenciación dirigida como aleatoria, entre las que destaca XBB.1.5 (228 casos; 56,6%), que se mantiene como sublinaje predominante.

• Muestras aleatorias

- Durante la semana 16:
 - De las 82 muestras analizadas aleatoriamente, el sublinaje más frecuente ha sido XBB.1.5 (46 casos; 56,1%), seguido de XBB.1.9 (12 casos; 14,6%).
- En las últimas cuatro semanas (sem. 13-16):
 - Del total de 295 casos analizados, el sublinaje más frecuente ha sido XBB.1.5 (173 casos; 58,6%).
 - De las variantes bajo vigilancia, CH.1.1 y XBB.1.16, se han detectado 10 casos y 1 caso, respectivamente.
 - El 20,3% de las muestras pertenecen al grupo de 80-89 años y el 17,6% al grupo de 70-79 años.

• Muestras no aleatorias

- Durante la semana 16:
 - De las 35 muestras secuenciadas, el 57,1% han sido XBB.1.5.
- En las últimas cuatro semanas (sem. 13-16):
 - Del total de 108 muestras, 55 (50,9%) han sido XBB.1.5.
 - El motivo de secuenciación más frecuente ha sido "brote" (87,0% de los casos).
 - El 28,7% de las muestras pertenecen al grupo de 80-89 años y el 25,0% a mayores de 90 años.

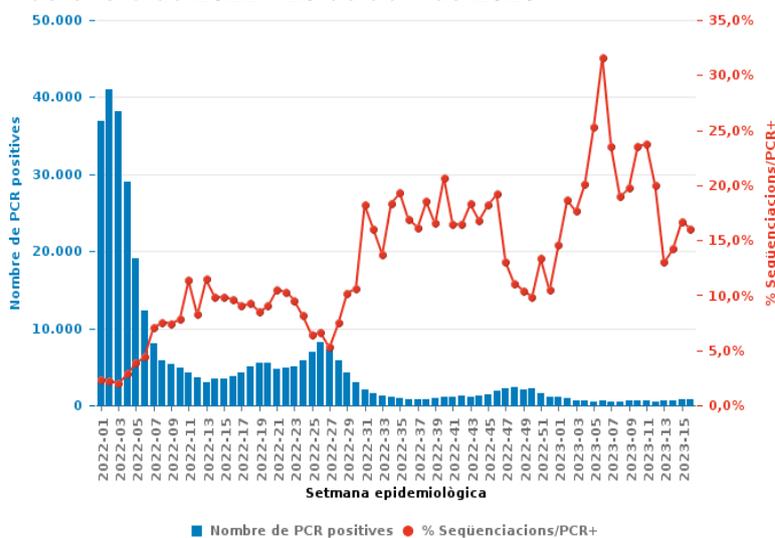
La Subdirección General de Vigilancia y Respuesta a Emergencias de Salud Pública coordina la vigilancia de las variantes del SARS-CoV-2 iniciada en el 2021, con los laboratorios que hacen secuenciación del genoma del coronavirus SARS-CoV-2 (anexo 1). Sus resultados se notifican al Sistema de Notificación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

Los casos notificados en el repositorio VARCO están validados, depurados y contrastados con los casos confirmados por PCR obtenidos del registro TAGA-COVID-19. Las variables epidemiológicas analizadas han sido: edad, sexo, semana de diagnóstico y servicio de vigilancia epidemiológica (SVE). Hay que tener en cuenta que los resultados de secuenciación se notifican con unos 15 días de retraso desde el diagnóstico.

El número de muestras secuenciadas ha ido disminuyendo a lo largo del periodo 2022-2023, coincidiendo con el descenso del número de casos de SARS-CoV-2 (figuras 1 y 2). No obstante, la disminución del número de muestras ha sido menor proporcionalmente y, en consecuencia, el porcentaje de secuenciaciones con respecto a los casos ha ido aumentando durante este periodo, pasando del 2,3% al 27,8%, aunque en las últimas semanas se observa una disminución en el porcentaje de secuenciación.

Durante las últimas cuatro semanas (13, 14, 15 y 16) se han secuenciado el 13,0%, 14,2%, 16,7% y 16,0% del total de casos de SARS-CoV-2 positivos por PCR, respectivamente (figura 1). Los datos de la semana 16 son provisionales y pueden estar sujetos a modificaciones por retrasos en su notificación.

Figura 1. Número de casos de SARS-CoV-2 PCR positivos y porcentaje de muestras secuenciadas con respecto a los casos positivos por semanas epidemiológicas. Cataluña, 1 de enero de 2022 - 23 de abril de 2023.

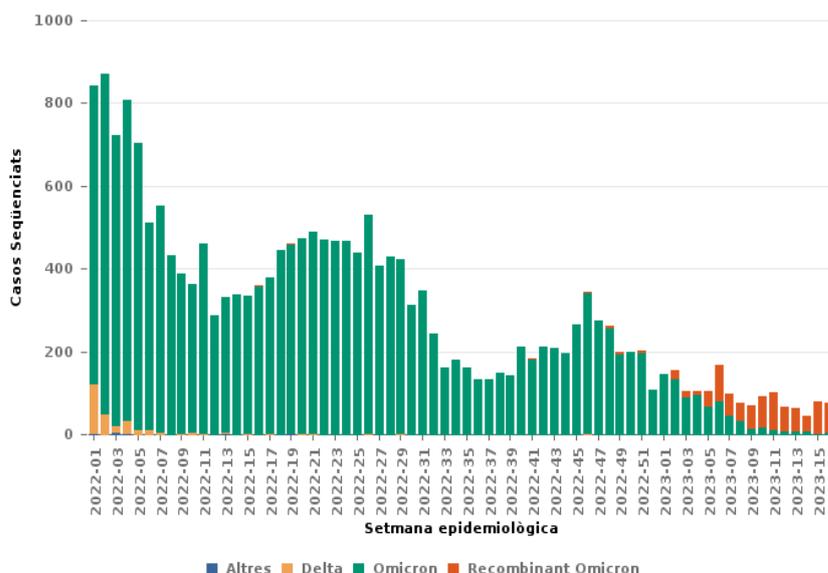


Fuente: Sistema de Notificación Microbiológica de Cataluña. Subdirección General de Vigilancia y Respuesta a Emergencias de Salud Pública. Secretaría de Salud Pública.

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

En Cataluña, la variante ómicron fue detectada por primera vez en la semana 47 del 2021 y se convirtió en la variante predominante a partir de la semana 51 del 2021. A partir del año 2022 la variante ómicron ha constituido casi la única variante circulante. Las formas recombinantes de esta variante han ido aumentando progresivamente (figura 2), y hay que destacar en las últimas semanas el sublinaje XBB.1.5 (228 casos; 56,6% en las sem. 13-16).

Figura 2. Número de casos de SARS-CoV-2 secuenciados según la variante por semanas epidemiológicas. Cataluña, 1 de enero de 2022 - 23 de abril 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. 13-16) se han secuenciado un total de 403 muestras: 295 (73,2%) obtenidas de forma aleatoria y 108 (26,8%) no aleatoria.

SECUENCIACIÓN ALEATORIA

Entre las 295 muestras recogidas de forma aleatoria durante la semana 16, el sublinaje más frecuente ha sido XBB.1.5 (46 casos; 56,1%), seguido de XBB.1.9 (12 casos; 14,6%) (tabla 1).

Considerando las últimas cuatro semanas (13-16), entre 295 muestras aleatorias, el sublinaje XBB.1.5 ha sido el más frecuente, dado que representa el 58,6% de los casos (173 casos), seguido del XBB.1.9 con el 12,5% (37 casos). De las variantes bajo vigilancia, la CH.1.1 y el XBB.1.16, se han detectado 10 casos y 1 caso, respectivamente (tabla 1).

Para ver con más detalle todos los sublinajes de las últimas cuatro semanas, consultar el anexo 2.

Tabla 1. Linajes y sublinajes de las muestras aleatorias. Cataluña, 13 de marzo - 23 de abril de 2023.

	Sem. 13		Sem. 14		Sem. 15		Sem. 16		Total	
	Casos	%	Casos	%	Casos	%	Casos	%	Casos	%
BQ.1*	0	0,0%	3	4,1%	1	1,3%	0	0,0%	4	1,4%
CH.1.1*	3	4,8%	4	5,4%	1	1,3%	2	2,4%	10	3,4%
XBB**	4	6,3%	9	12,2%	5	6,6%	11	13,4%	29	9,8%
XBB.1.5*	42	66,7%	36	48,6%	49	64,5%	46	56,1%	173	58,6%
XBB.1.9*	4	6,3%	11	14,9%	10	13,2%	12	14,6%	37	12,5%
XBB.1.16	0	0,0%	0	0,0%	1	1,3%	0	0,0%	1	0,3%
Otros	10	15,9%	11	14,9%	9	11,8%	11	13,4%	41	13,9%
Total	63	100,0%	74	100,0%	76	100,0%	82	100,0%	295	100,0%

*Incluye linajes descendentes

**XBB y sublinajes, excluyendo XBB.1.5 y XBB.1.9 y sus sublinajes.

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

De las muestras analizadas en las semanas 13-16, el 56,9% pertenecen a mujeres y el 40,3% a hombres. No se tiene información del sexo de ocho casos.

Con respecto a los grupos de edad, el 20,3% pertenecen al grupo de 80-89 años, seguido del grupo de 70-79 años con el 17,6% de los casos.

SECUENCIACIÓN NO ALEATORIA

Durante la semana 16, se han secuenciado 35 muestras de forma no aleatoria, el 57,1% de las cuales eran XBB.1.5.

En las últimas cuatro semanas (sem. 13-16), se han secuenciado 108 muestras, la mayoría por causa de "brote" (94 casos; 87,0%). El sublinaje mayoritario ha sido XBB.1.5 (55 casos; 50,9%) (tabla 2).

Para ver con más detalle todos los sublinajes de las cuatro últimas semanas, consultar el anexo 3.

El 57,4% de los casos corresponden a mujeres y el 41,7% a hombres.

Analizando por edades, el 28,7% pertenecen a pacientes de 80-89 años y el 25,0% al grupo de mayores de 90 años.

Tabla 2. Linajes y sublinajes en las muestras no aleatorias. Cataluña, 13 de marzo - 23 de abril de 2023.

	Sem. 13		Sem. 14		Sem. 15		Sem. 16		Total	
	Casos	%	Casos	%	Casos	%	Casos	%	Casos	%
CH.1.1*	2	8,7%	1	11,1%	0	0,0%	0	0,0%	3	2,8%
XBB**	0	0,0%	1	11,1%	24	58,5%	11	31,4%	36	33,3%
XBB.1.5*	19	82,6%	3	33,3%	13	31,7%	20	57,1%	55	50,9%
XBB.1.9*	2	8,7%	4	44,4%	2	4,9%	4	11,4%	12	11,1%
Otros	0	0,0%	0	0,0%	2	4,9%	0	0,0%	2	1,9%
Total	23	100,0%	9	100,0%	41	100,0%	35	100,0%	108	100,0%

*Incluye linajes descendentes

**XBB y sublinajes, excluyendo XBB.1.5 y XBB.1.9 y sus sublinajes.

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 de Barcelona
Hospital Universitario Arnau de Vilanova
Hospital Universitario de Bellvitge
Hospital Universitario Germans Trias i Pujol
Hospital Universitario Vall d'Hebron
Hospital Universitario Joan XXIII de Tarragona
Laboratorio de Referencia de Cataluña

ANEXO 2. Linajes y sublinajes de las muestras aleatorias. Cataluña, 13 de marzo - 23 de abril de 2023.

	Sem. 13		Sem. 14		Sem. 15		Sem. 16		Total	
	Casos	%	Casos	%	Casos	%	Casos	%	Casos	%
BQ.1.1	0	0,0%	2	2,7%	0	0,0%	0	0,0%	2	0,7%
BQ.1.1.45	0	0,0%	1	1,4%	0	0,0%	0	0,0%	1	0,3%
BQ.1.1.47	0	0,0%	0	0,0%	1	1,3%	0	0,0%	1	0,3%
CH.1.1	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	1	1,2%	1	0,3%
CH.1.1.1	3	4,8%	4	5,4%	1	1,3%	0	0,0%	8	2,7%
CH.1.1.2	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	1	1,2%	1	0,3%
DM.1	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	1	1,2%	1	0,3%
EF.1.2	0	0,0%	0	0,0%	1	1,3%	0	0,0%	1	0,3%
EG.1	3	4,8%	5	6,8%	4	5,3%	1	1,2%	13	4,4%
EL.1	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	1	1,2%	1	0,3%
EM.1	2	3,2%	2	2,7%	0	0,0%	0	0,0%	4	1,4%
EN.1	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	1	1,2%	1	0,3%
EU.1.1	0	0,0%	0	0,0%	1	1,3%	0	0,0%	1	0,3%
EV.1	0	0,0%	1	1,4%	0	0,0%	1	1,2%	2	0,7%
FG.2	0	0,0%	0	0,0%	1	1,3%	1	1,2%	2	0,7%
XBB	1	1,6%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	1	0,3%
XBB.1	3	4,8%	5	6,8%	4	5,3%	9	11,0%	21	7,1%
XBB.1.11.1	0	0,0%	1	1,4%	0	0,0%	0	0,0%	1	0,3%
XBB.1.16	0	0,0%	0	0,0%	1	1,3%	0	0,0%	1	0,3%
XBB.1.17.1	0	0,0%	3	4,1%	1	1,3%	1	1,2%	5	1,7%
XBB.1.19.1	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	1	1,2%	1	0,3%
XBB.1.5	40	63,5%	27	36,5%	40	52,6%	40	48,8%	147	49,8%
XBB.1.5.1	0	0,0%	3	4,1%	0	0,0%	1	1,2%	4	1,4%
XBB.1.5.12	0	0,0%	0	0,0%	3	3,9%	0	0,0%	3	1,0%
XBB.1.5.13	1	1,6%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	1	0,3%
XBB.1.5.16	0	0,0%	1	1,4%	0	0,0%	0	0,0%	1	0,3%
XBB.1.5.18	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	1	1,2%	1	0,3%
XBB.1.5.21	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	1	1,2%	1	0,3%
XBB.1.5.23	0	0,0%	0	0,0%	1	1,3%	0	0,0%	1	0,3%
XBB.1.5.24	0	0,0%	2	2,7%	1	1,3%	0	0,0%	3	1,0%
XBB.1.5.28	1	1,6%	0	0,0%	1	1,3%	0	0,0%	2	0,7%
XBB.1.5.3	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	1	1,2%	1	0,3%
XBB.1.5.36	0	0,0%	1	1,4%	0	0,0%	0	0,0%	1	0,3%
XBB.1.5.37	0	0,0%	1	1,4%	0	0,0%	0	0,0%	1	0,3%
XBB.1.5.7	0	0,0%	1	1,4%	3	3,9%	2	2,4%	6	2,0%
XBB.1.9.1	4	6,3%	9	12,2%	9	11,8%	10	12,2%	32	10,8%
XBB.1.9.2	0	0,0%	2	2,7%	1	1,3%	2	2,4%	5	1,7%
XBB.2	1	1,6%	1	1,4%	0	0,0%	0	0,0%	2	0,7%
XBB.2.3	2	3,2%	2	2,7%	1	1,3%	3	3,7%	8	2,7%
XBB.2.3.2	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	1	1,2%	1	0,3%
XBB.2.4	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	1	1,2%	1	0,3%
XBK.1	2	3,2%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	2	0,7%
XBU	0	0,0%	0	0,0%	1	1,3%	0	0,0%	1	0,3%
Total	63	100,0%	74	100,0%	76	100,0%	82	100,0%	295	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 3. Linajes y sublinajes de las muestras no aleatorias. Cataluña, 13 de marzo - 23 de abril de 2023.

	Sem. 13		Sem. 14		Sem. 15		Sem. 16		Total	
	Casos	%	Casos	%	Casos	%	Casos	%	Casos	%
CH.1.1	1	4,3%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	1	0,9%
CH.1.1.1	1	4,3%	1	11,1%	0	0,0%	0	0,0%	2	1,9%
EF.1.2	0	0,0%	0	0,0%	1	2,4%	0	0,0%	1	0,9%
EG.1	0	0,0%	0	0,0%	1	2,4%	0	0,0%	1	0,9%
XBB.1	0	0,0%	1	11,1%	24	58,5%	11	31,4%	36	33,3%
XBB.1.5	14	60,9%	2	22,2%	9	22,0%	15	42,9%	40	37,0%
XBB.1.5.15	0	0,0%	0	0,0%	1	2,4%	1	2,9%	2	1,9%
XBB.1.5.21	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	2	5,7%	2	1,9%
XBB.1.5.23	0	0,0%	0	0,0%	3	7,3%	0	0,0%	3	2,8%
XBB.1.5.24	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	1	2,9%	1	0,9%
XBB.1.5.37	0	0,0%	1	11,1%	0	0,0%	0	0,0%	1	0,9%
XBB.1.5.5	4	17,4%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	4	3,7%
XBB.1.5.7	1	4,3%	0	0,0%	0	0,0%	1	2,9%	2	1,9%
XBB.1.9.1	0	0,0%	4	44,4%	2	4,9%	4	11,4%	10	9,3%
XBB.1.9.2	1	4,3%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	1	0,9%
XBB.1.9.2.1	1	4,3%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	1	0,9%
Total	23	100,0%	9	100,0%	41	100,0%	35	100,0%	108	100,0%

ANEXO 4. MUTACIONES Y CARACTERÍSTICAS DE LAS VARIANTES DEL CORONAVIRUS SARS-CoV-2

Variantes de preocupación (VOC) para la salud pública

En fecha 3 de marzo del 2023, el ECDC ha eliminado BA.2, BA.4 y BA.5 de la lista de las variantes de preocupación, dado que, actualmente, no existe circulación de estos linajes parentales.

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) (a)	(b)	India	Mayo 2022	No	No	No	Comunitaria
Ómicron (BQ.1)	K444T, N460K	NC	NC	No	No	No	Comunitaria
Ómicron (XBB) (c)	N460K, F490S	NC	NC	No	Sí	No	Comunitaria
Ómicron (XBB.1.5) (d)	N460K, S486P, F490S	Estados Unidos	Octubre 2022	Sí	Sí	No	Dominante

a: se incluyen los sublinajes (BN, CH y otros)

b: W152R, F157L, I210V, G257S, D339H, G446S, N460K, Q493 (reversión)

c: 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)

d: monitorización de un conjunto de linajes de SARS-CoV-2 con perfiles de proteína Spike similares y que se caracterizan por un conjunto específico de mutaciones (S: Q183E, S: F486P y S: F490S). Se incluyen, por ejemplo, los linajes XBB.1.5, XBB.1.9.1*, XBB.1.9.2* y XBB.1.16

Variantes bajo vigilancia

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 (CH.1.1)	K444T, L452R	NC	NC	No	No	No	Detectada
Ómicron (XBB.1.16)	E180V, T478R, F486P	NC	NC	No	No	No	Detectada

Tabla basada en: [página web del ECDC](#). Fecha: 12 de mayo de 2023