

INFORME SOBRE LAS CARACTERÍSTICAS DE LOS CASOS DE INFECCIÓN POR SARS-CoV-2 SEGÚN VARIANTE IDENTIFICADA POR SECUENCIACIÓN

Red de Vigilancia Epidemiológica

11 de octubre de 2022

SERVICIO DE EPIDEMIOLOGÍA

Subdirección General de Vigilancia en Salud Pública

DIRECCIÓN GENERAL DE SALUD PÚBLICA

Correo-e: isp.epidemiologia@salud.madrid.org

Contenido

1.	Introducción	4
2.	Objetivos	5
2.1	Objetivo general.....	5
2.2	Objetivos específicos.....	5
3.	Metodología	5
4.	Resultados	6
4.1	Relación entre resultados de cribado con PCR específicas y la secuenciación genómica.....	6
4.2	Distribución de los casos según criterio de selección para la secuenciación genómica	7
4.3	Características de los casos seleccionados mediante muestreo aleatorio/centinela...	9
4.4	Características de todos los casos con resultados de secuenciación.....	11
4.5	Distribución de variables según variantes predominantes	13
4.6	Casos importados.....	17
4.7	Análisis de brotes	17
5.	Resumen.....	22

Tablas

TABLA 1. CORRELACIÓN DE RESULTADOS DE SECUENCIACIÓN Y CRIBADO SEGÚN VARIANTE	7
TABLA 2. CASOS CONFIRMADOS DE INFECCIÓN SEGÚN VARIANTES IDENTIFICADAS POR SECUENCIACIÓN POR SEXO.	11
TABLA 3. DISTRIBUCIÓN DE RESULTADOS DE SECUENCIACIÓN DE CASOS IMPORTADOS SEGÚN CONTINENTE DE PROCEDENCIA	17
TABLA 4. Nº DE BROTES SEGÚN VARIANTE/S ASOCIADAS	18
TABLA 5. Nº DE SECUENCIACIONES ASOCIADAS A BROTES POR RESULTADO DE SECUENCIACIÓN.....	18
TABLA 6. Nº DE CASOS INGRESADOS ASOCIADOS A BROTES POR CADA VARIANTE/S IMPLICADA/S EN EL BROTE.....	20
TABLA 7. Nº DE CASOS FALLECIDOS ASOCIADOS A BROTES POR CADA VARIANTE/S IMPLICADA/S EN EL BROTE	21

Gráficos

GRÁFICO 1. PROPORCIÓN DE CASOS SECUENCIADOS RESPECTOS AL TOTAL DE CASOS POSITIVOS	8
GRÁFICO 2. PROPORCIÓN DE SECUENCIACIONES SEGÚN EL MOTIVO DE SELECCIÓN.....	8
GRÁFICO 3. DISTRIBUCIÓN TEMPORAL DEL NÚMERO DE SECUENCIACIONES, SEGÚN EL MOTIVO DE SELECCIÓN	9
GRÁFICO 4. SERIE TEMPORAL DEL NÚMERO DE SECUENCIACIONES REALIZADAS POR CADA VARIANTE Y SERIE TEMPORAL DE LA INCIDENCIA ACUMULADA, RESPECTO A SEMANA EPIDEMIOLÓGICA Y Nº DE OLA.	10
GRÁFICO 5. SERIE TEMPORAL DEL PORCENTAJE DE SECUENCIACIONES POR MUESTREO ALEATORIO Y CENTINELAS, RESPECTO AL TOTAL, REALIZADAS POR CADA VARIANTE, SEGÚN SEMANA EPIDEMIOLÓGICA.	10
GRÁFICO 6. PROPORCIÓN DE RESULTADOS DE SECUENCIACIÓN SEGÚN LA VARIANTE IDENTIFICADA.	11
GRÁFICO 7. DISTRIBUCIÓN DE LOS CASOS SEGÚN RESULTADOS DE SECUENCIACIÓN POR SEXO.	12
GRÁFICO 8. DISTRIBUCIÓN DE LOS CASOS SEGÚN RESULTADOS DE SECUENCIACIÓN POR GRUPO DE EDAD.	12
GRÁFICO 9. DISTRIBUCIÓN DE LOS CASOS CON RESULTADOS DE SECUENCIACIÓN SEGÚN, HOSPITALIZACIÓN, INGRESO EN UCI Y FALLECIMIENTO Y VARIANTE.	13
GRÁFICO 10. PROPORCIÓN DE CASOS SEGÚN SEXO POR CADA VARIANTE DE INTERÉS*	13
GRÁFICO 11. PROPORCIÓN DE CASOS SEGÚN GRUPO DE EDAD Y VARIANTE DE INTERÉS*	14
GRÁFICO 12. PROPORCIÓN DE CASOS HOSPITALIZADOS POR CADA VARIANTE DE INTERÉS*	14
GRÁFICO 13. PROPORCIÓN DE CASOS INGRESADOS EN UCI POR CADA VARIANTE DE INTERÉS*	15
GRÁFICO 14. PROPORCIÓN DE CASOS FALLECIDOS POR CADA VARIANTE DE INTERÉS*	15
GRÁFICO 15. PROPORCIÓN DE CASOS HOSPITALIZADOS SEGÚN GRUPO DE EDAD Y VARIANTE DE INTERÉS*	16
GRÁFICO 16. PROPORCIÓN DE CASOS INGRESADOS EN UCI SEGÚN GRUPO DE EDAD Y VARIANTE DE INTERÉS*	16
GRÁFICO 17. PROPORCIÓN DE CASOS FALLECIDOS SEGÚN GRUPO DE EDAD Y VARIANTE DE INTERÉS*	16
GRÁFICO 18. NÚMERO DE BROTES SECUENCIADOS POR CADA VARIANTE/S PRESENTE/S, SEGÚN EL NÚMERO DE CASOS ASOCIADOS AL BROTE.....	19
GRÁFICO 19. NÚMERO DE BROTES SECUENCIADOS POR CADA VARIANTE/S PRESENTE/S EN EL BROTE, SEGÚN LA DIFERENCIA EN DÍAS, ENTRE EL PRIMER Y ÚLTIMO CASO	19
GRÁFICO 20. DISTRIBUCIÓN DE VARIANTES SEGÚN ÁMBITO DEL BROTE	20
GRÁFICO 21. PROPORCIÓN DE CASOS FALLECIDOS E INGRESADOS ASOCIADOS A BROTES POR CADA VARIANTE/S PRESENTE/S 21	21

1. Introducción

El 30 de enero de 2020 el Comité de Emergencias del Reglamento Sanitario Internacional declaró el brote detectado en Wuhan (China), asociado a diversas manifestaciones clínicas englobadas bajo el término COVID-19 y producido por el nuevo coronavirus SARS-CoV-2, Emergencia de Salud Pública de Importancia Internacional y posteriormente, el 11 de marzo de 2020 la OMS reconoció la situación generada por SARS-CoV-2 como pandemia global.

Siguiendo los protocolos nacionales, en la Comunidad de Madrid (CM) la Estrategia de Vigilancia y Control frente a esta pandemia ha tenido varias etapas, iniciándose la última en marzo de 2022, tras la fase aguda. Con anterioridad, el abordaje de vigilancia y control estaba dirigido a todos los casos detectados, mientras que la nueva estrategia se centra en los casos confirmados en personas con factores de vulnerabilidad (de edad igual o mayor de 60 años, inmunodeprimidas y embarazadas), casos asociados a ámbitos vulnerables y los casos graves (casos que requieren ingreso hospitalario).

Desde el inicio de la pandemia, la detección e identificación de las diferentes variantes de SARS-CoV-2 circulantes, están siendo un pilar fundamental en la vigilancia epidemiológica. Las variantes de mayor impacto para la salud pública son aquellas más transmisibles, más virulentas o que pueden escapar, total o parcialmente, al efecto de los anticuerpos adquiridos tras la infección natural o la vacunación con variantes previas.

Para identificarlas, además del cribado inicial de las muestras, en el que se realiza una primera identificación presuntiva, la secuenciación supone la identificación definitiva de la variante en cuestión, ya que analiza de forma completa la secuencia de nucleótidos del genoma, y por tanto de la presencia de posibles mutaciones, que permitan su asignación a un linaje concreto.

El procedimiento de la integración de la secuenciación genómica en la vigilancia del SARS-CoV-2 en la CM se puede consultar en el siguiente enlace https://www.comunidad.madrid/sites/default/files/doc/sanidad/epid/procedimiento_secuenciacion_laboratorios_cm.pdf

Los criterios principales para la selección de casos para proceder a la secuenciación son:

1. Determinación de la incidencia de las variantes de interés para la salud pública en el conjunto de la población.
2. Identificación precoz de nuevas variantes de SARS-CoV-2 de interés para la salud pública que presenten:
 - Aumento de la transmisibilidad.
 - Aumento de la virulencia.
 - Sospechas de reinfección.
 - Sospechas de fallos vacunales
 - Cualquier otro cambio fenotípico que afecte al control epidemiológico que implique modificaciones de las intervenciones en salud pública.

3. Identificación de grupos vulnerables asociados a la infección por nuevas variantes.

Hay que tener en consideración que los criterios para seleccionar muestras a secuenciar únicamente se pueden aplicar cuando las condiciones de la muestra clínica lo permiten (por ejemplo no son elegibles aquellos casos cuyo resultado positivo a PCR se ha obtenido a ciclos altos).

2. Objetivos

2.1 Objetivo general

Conocer las características de los casos y los brotes por SARS-CoV-2, según variante identificada.

2.2 Objetivos específicos

- Conocer la relación entre los resultados del cribado y de la secuenciación en los casos seleccionados.
- Conocer las características de los casos según las variantes predominantes: 4ª, 5ª y 6ª olas (Alpha, Delta y Ómicron).
- Conocer la magnitud y ámbitos de exposición de los brotes asociados a las variantes predominantes: 4ª, 5ª y 6ª olas (Alpha, Delta y Ómicron).
- Conocer las variantes identificadas en los casos importados.

3. Metodología

A partir de la semana 12 (23 de marzo de 2022), cambió la estrategia de vigilancia epidemiológica, y pasó a centrarse en los ámbitos y grupos vulnerables y en los casos graves. En el presente informe se analizan los casos por COVID-19 con inicio de síntomas entre la semana 1 del 2021 y la semana 12 del 2022, con los resultados de secuenciación genómica. Los brotes analizados son aquellos en los que el inicio de síntomas del primer caso asociado se da durante ese mismo período de tiempo.

Los datos se han extraído del Registro de casos COVID-19 de la Red de Vigilancia Epidemiológica de la Comunidad de Madrid.

Se analizan todos los casos con resultados de secuenciación, y de forma diferenciada aquellos cuya muestra de PCR ha sido secuenciada por muestreo aleatorio o centinela, las cuales representan la circulación comunitaria.

Para los brotes se ha considerado que, al haber un vínculo epidemiológico entre los casos asociados a un brote, si uno o varios de estos casos son secuenciados, el resto de casos del brote deberán compartir, con alta probabilidad, la misma variante infectiva, a excepción de aquellos

brotes en los que efectivamente se han producido varios resultados de secuenciación, que, por otro lado, son muy poco frecuentes.

Todas las determinaciones virológicas se han realizado en los laboratorios de referencia de la CM, pertenecientes a los hospitales: 12 de Octubre, Ramón y Cajal, La Paz y Gregorio Marañón. Ello nos permite asegurar la estabilidad de la población vigilada y un abordaje metodológico común.

Las variables estudiadas en los casos han sido: sexo, edad, requerimiento de hospitalización, fallecimiento, caso importado y los resultados del cribado mediante PCR capaces de detectar mutaciones específicas para la identificación presuntiva de variantes y de la secuenciación genómica.

Para los brotes, se ha estudiado el número de casos asociados, el ámbito y el número de casos ingresados y fallecidos asociados según la variante identificada.

4. Resultados

4.1 Relación entre resultados de cribado con PCR específicas y la secuenciación genómica

En la CM, en el período analizado han sido notificados 8.139 casos en los que se cuenta con resultados de secuenciación. De éstos, en 5.622 casos, se dispone de un resultado asociado de cribado previo.

En el 94,4% de estos casos ha habido una correcta correlación entre el resultado del cribado y el resultado de la secuenciación, lo que evidencia el correcto uso del cribado como indicador inicial válido de la circulación de las variantes en el ámbito comunitario en nuestra Región.

Para la variante Alpha el resultado ha coincidido en el 98,1% de los casos, para Delta en el 95,3% y para Ómicron en el 99,4%. En la Tabla 1 de muestran la correlación de los resultados según variante.

Tabla 1. Correlación de resultados de secuenciación y cribado según variante

Secuenciación	Cribado previo						Total
	Alpha	Beta / Gamma/Zeta	Delta	Ómicron	Ómicron BA.2	Otras	
Alpha	998	6	5	2	0	6	1017
	98,1%	0,6%	0,5%	0,2%	0,0%	0,6%	100,0%
B.1.177	3	1	0	0	0	4	8
	37,5%	12,5%	0,0%	0,0%	0,0%	50,0%	100,0%
Beta	1	67	0	0	0	1	69
	1,45%	97,10%	0,00%	0,00%	0,00%	1,45%	100,00%
Delta	7	3	2285	8	0	95	2398
	0,3%	0,1%	95,3%	0,3%	0,0%	4,0%	100,0%
Eta	2	2	0	0	0	2	6
	33,3%	33,3%	0,0%	0,0%	0,0%	33,3%	100,0%
Gamma	5	142	0	0	0	4	151
	3,3%	94,0%	0,0%	0,0%	0,0%	2,7%	100,0%
Iota	2	3	1	0	0	2	8
	25,0%	37,5%	12,5%	0,0%	0,0%	25,0%	100,0%
Lambda	0	0	0	0	0	9	9
	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	100,0%	100,0%
Mu	3	28	2	0	1	24	58
	5,2%	48,3%	3,5%	0,0%	1,7%	41,4%	100,0%
Otras	5	27	9	4	1	19	65
	7,7%	41,5%	13,9%	6,2%	1,5%	29,2%	100,0%
Zeta	0	1	0	0	0	0	1
	0,0%	100,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	100,0%
Ómicron	0	0	0	1252	2	5	1259
	0,0%	0,0%	0,0%	99,4%	0,2%	0,4%	100,0%
Ómicron BA.2	0	0	0	213	349	11	573
	0,0%	0,0%	0,0%	37,2%	60,9%	1,9%	100,0%
Total	1026	280	2302	1479	353	182	5622
	18,3%	5,0%	41,0%	26,3%	6,3%	3,2%	100,0%

4.2 Distribución de los casos según criterio de selección para la secuenciación genómica

El período analizado coincide se inicia en la semana 1 de 2021, coincidiendo con la tercera ola, la cual se extendió hasta la undécima semana de 2021 (desde el 7 de diciembre de 2020 al 21 de marzo de 2021), teniendo su máxima incidencia en la tercera semana de 2021. La cuarta ola en la que predominó la circulación de la variante Alpha se extendió desde la semana 12 a 25 de 2021 (desde el 22 de marzo al 27 de junio) y alcanzó su máximo en la semana 14. La quinta ola, donde ha predominado la variante Delta, se inicia en la semana 26 de 2021 (el 28 de junio), tuvo su máxima incidencia en la semana 30 y su mínimo valor en la semana 40. A partir de la semana 41 (11 de octubre de 2021) se inicia la sexta ola, que ha ocasionado las mayores incidencias de toda la pandemia asociada a variante Ómicron, teniendo su mayor incidencia en la semana 52 de 2021 hasta alcanzar su mínimo en la semana 10 de 2022 (que finalizó el 13 de marzo).

El porcentaje de casos semanales con resultados de secuenciación con respecto al total de casos en las fechas analizadas (n = 1.222.262), ha variado en el tiempo según la situación epidémica (gráfico 1).

Gráfico 1. Proporción de casos secuenciados respecto al total de casos positivos

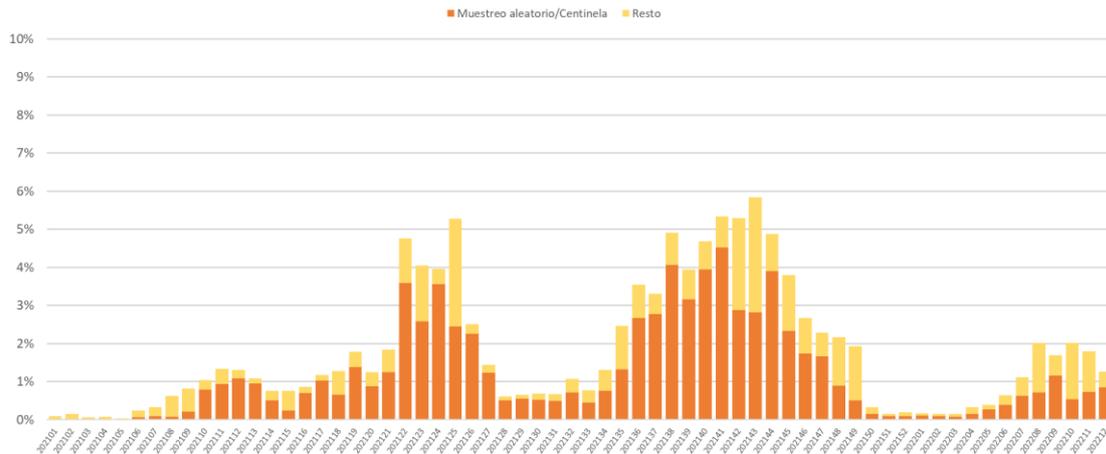
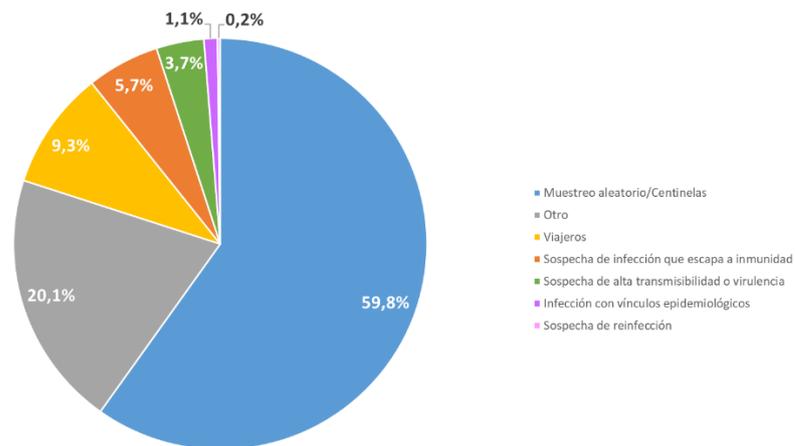
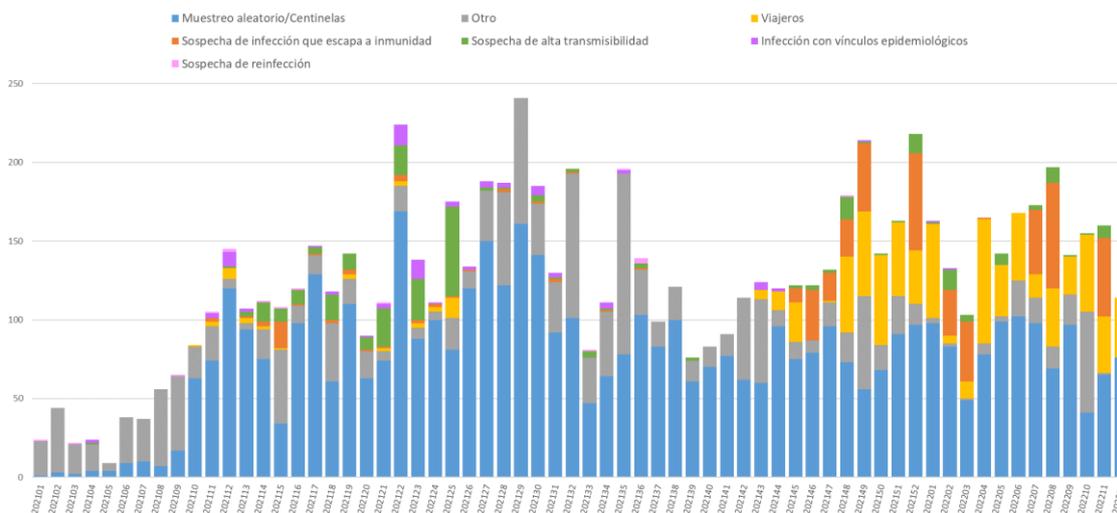


Gráfico 2. Proporción de secuenciaci3nes seg3n el motivo de selecci3n



Durante el per3odo de estudio, se observa que la secuenciaci3n por muestreo aleatorio o por pertenencia a la poblaci3n centinela, se ha mantenido como el m3s frecuente a lo largo del tiempo (gr3fico 3).

Gráfico 3. Distribución temporal del número de secuenciaci3nes, según el motivo de selecci3n



4.3 Características de los casos seleccionados mediante muestreo aleatorio/centinela

Del total de casos con resultado de secuenciaci3n, 4.871 se han seleccionado mediante muestreo aleatorio o centinela de los cuatro hospitales de referencia en la CM. De estos casos, el 46,9% fueron hombres y el 53,1% mujeres. El 24,4% son casos hospitalizados, el 3,4% son casos ingresados en UCI y el 2,7% son casos fallecidos.

En los gr3ficos 4 y 5 se muestra la evoluci3n temporal de los resultados de secuenciaci3n, evidenci3ndose la sustituci3n sucesiva de las variantes predominantes en cada ola (Alpha en 4ª ola, Delta en 5ª ola y 3micron en la 6ª ola). Se observa c3mo tanto en la 4ª como en la 5ª olas los resultados de secuenciaci3n de las variantes predominantes, se anticipan al comienzo de las respectivas olas, no as3 en la 6ª ola, donde los resultados de 3micron aparecen ya comenzada la 6ª ola y coincidiendo todav3a con una presencia importante de resultados de la variante Delta.

Gráfico 4. Serie temporal del número de secuenciaci3nes realizadas por cada variante y serie temporal de la incidencia acumulada, respecto a semana epidemiol3gica y n3 de ola.

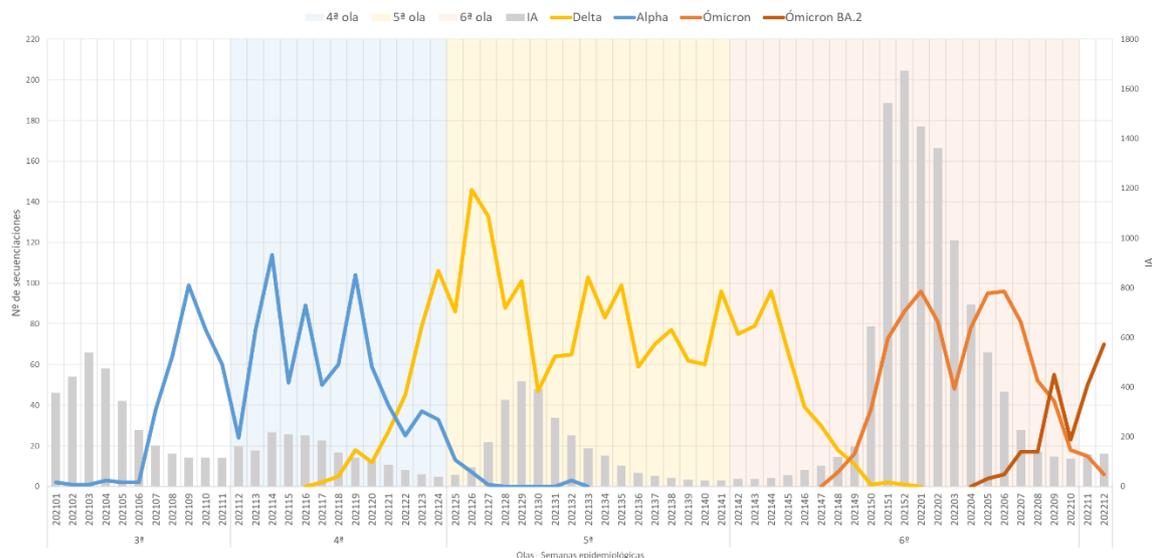
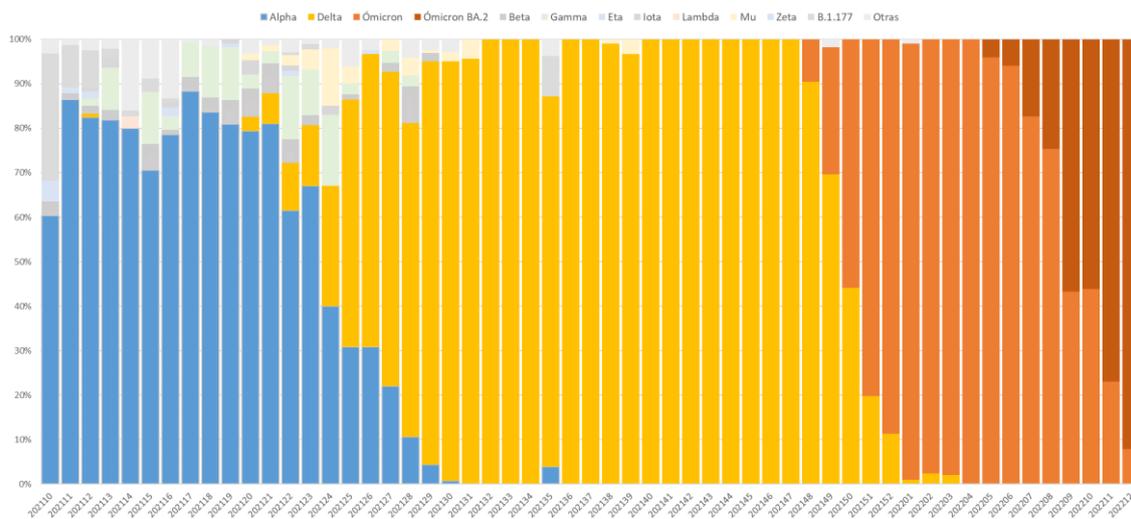


Gráfico 5. Serie temporal del porcentaje de secuenciaci3nes por muestreo aleatorio de centinelas, respecto al total, realizadas por cada variante, según semana epidemiol3gica.



4.4 Características de todos los casos con resultados de secuenciación

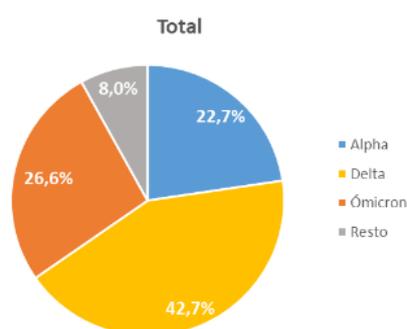
En la tabla 2 se presentan los resultados de las 8.139 secuenciaciones realizadas en la CM por sexo, hasta la semana 12 de 2022.

Tabla 2. Casos confirmados de infección según variantes identificadas por secuenciación por sexo.

Variantes	Mujeres	Hombres	Total
Alfa (B.1.1.7)	843 (10,4%)	862 (10,6%)	1.705 (20,9%)
Beta (B.1.351)*	46 (0,6%)	55 (0,7%)	101 (1,2%)
Gamma (P1)*	118 (1,4%)	109 (1,3%)	227 (2,8%)
Delta (B.1.617.2*, AY)	1.526 (18,7%)	1.775 (21,8%)	3.301 (40,6%)
Zeta (P2)	4 (0%)	2 (0%)	6 (0,1%)
Eta (B.1.525)	14 (0,2%)	9 (0,1%)	23 (0,3%)
Iota (B.1.526)	8 (0,1%)	10 (0,1%)	18 (0,2%)
Lambda (C.37)	7 (0,1%)	13 (0,2%)	20 (0,2%)
Mu (B.1.621)	69 (0,8%)	60 (0,7%)	129 (1,6%)
Ómicron * 1	798 (9,8%)	988 (12,1%)	1.786 (21,9%)
Ómicron (BA.2)*	202 (2,5%)	301 (3,7%)	503 (6,2%)
B.1.177	59 (0,7%)	87 (1,1%)	146 (1,8%)
Otras	79 (1%)	95 (1,2%)	174 (2,1%)
Total	3.773 (46,4%)	4.366 (53,6%)	8.139 (100%)

En la gráfica 6 se muestra la distribución proporcional de los casos con resultados de secuenciación, según variante identificada.

Gráfico 6. Proporción de resultados de secuenciación según la variante identificada.



Por sexo no se aprecian diferencias significativas, si bien la variante Alpha fue más frecuente en hombres que en mujeres y la Ómicron más en mujeres que en hombre (gráfico 7). Por edad, la variante Delta fue más frecuente en el grupo de 0 a 14 años, mientras que la Ómicron lo fue en el de 65 y más años (gráfico 8).

Gráfico 7. Distribución de los casos según resultados de secuenciación por sexo.

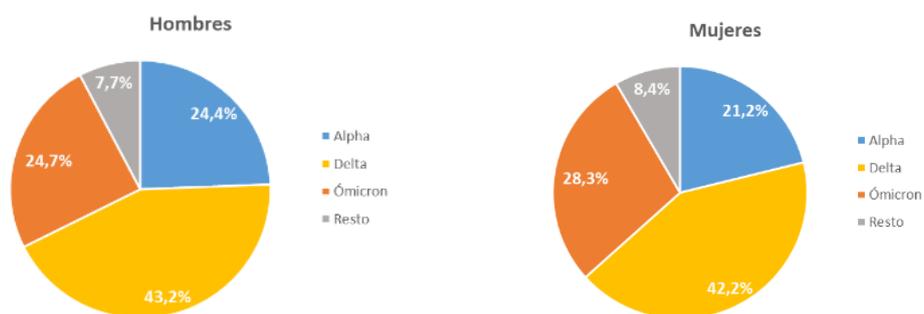
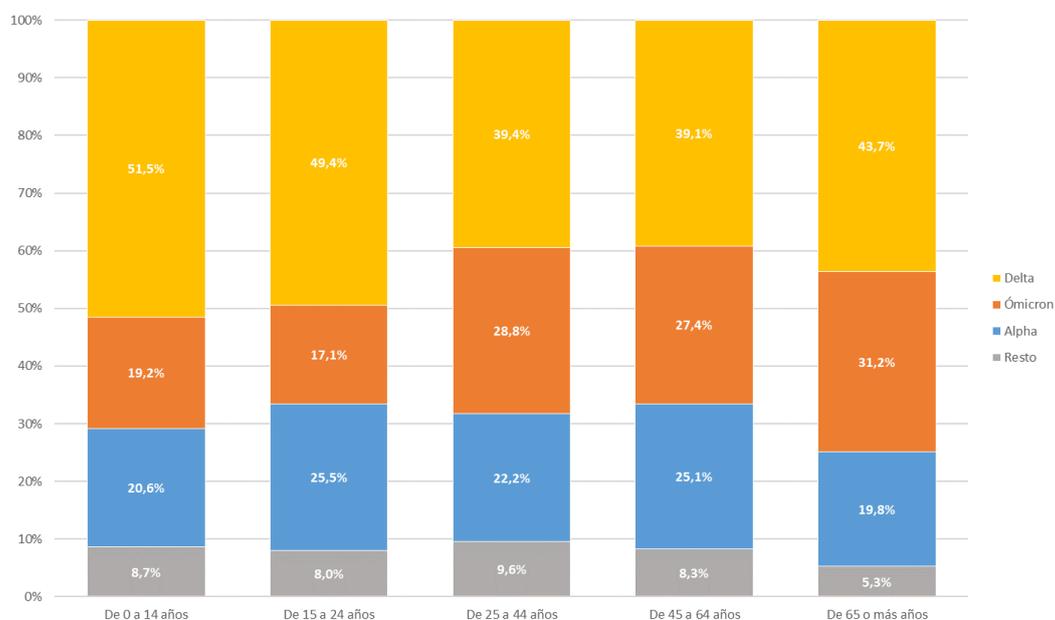
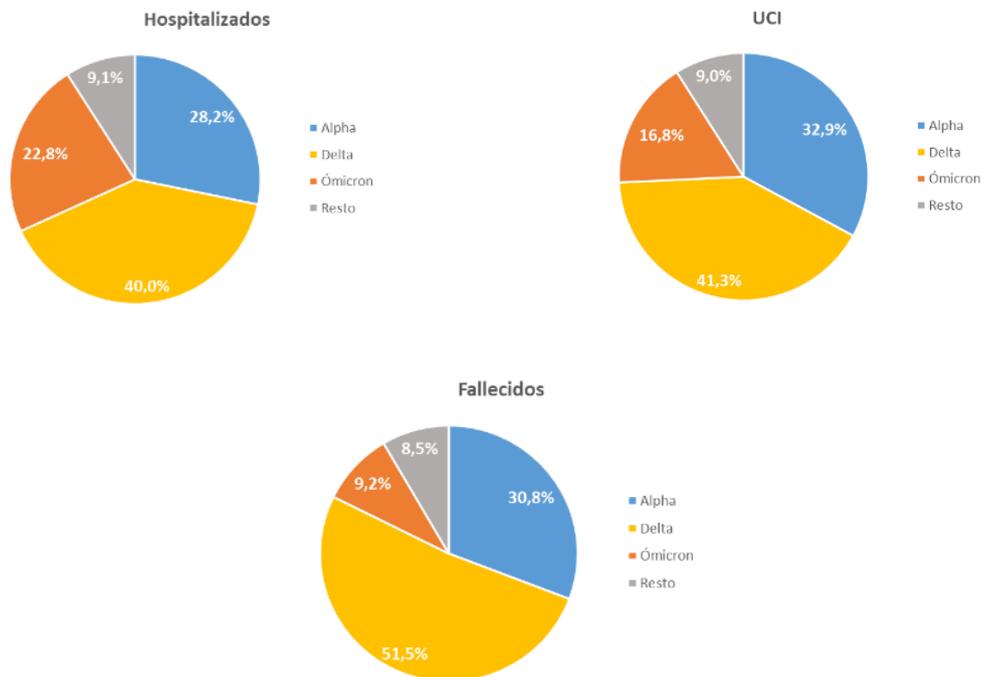


Gráfico 8. Distribución de los casos según resultados de secuenciación por grupo de edad.



Respecto a la severidad de la enfermedad estimado en base a la proporción de casos que han requerido hospitalización, ingreso en UCI y fallecimiento, el incremento de la presencia de la variante Alpha en casos ingresados y fallecidos, y de la variante Delta especialmente en el grupo de fallecidos con respecto al total de casos secuenciados. Además se evidencia la disminución de la presencia de Ómicron en el grupo de fallecidos (gráfico 9).

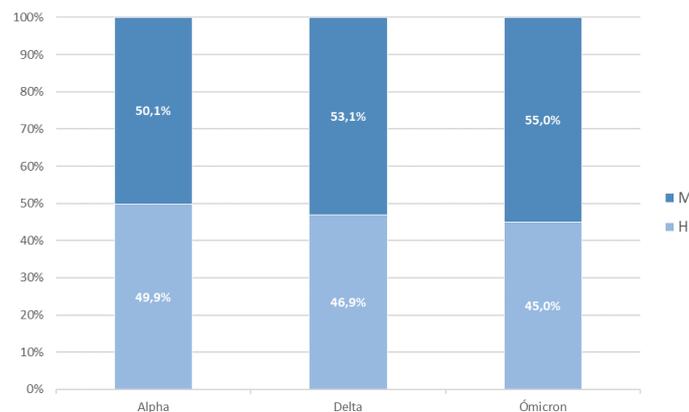
Gráfico 9. Distribución de los casos con resultados de secuenciación según, hospitalización, ingreso en UCI y fallecimiento y variante.



4.5 Distribución de variables según variantes predominantes

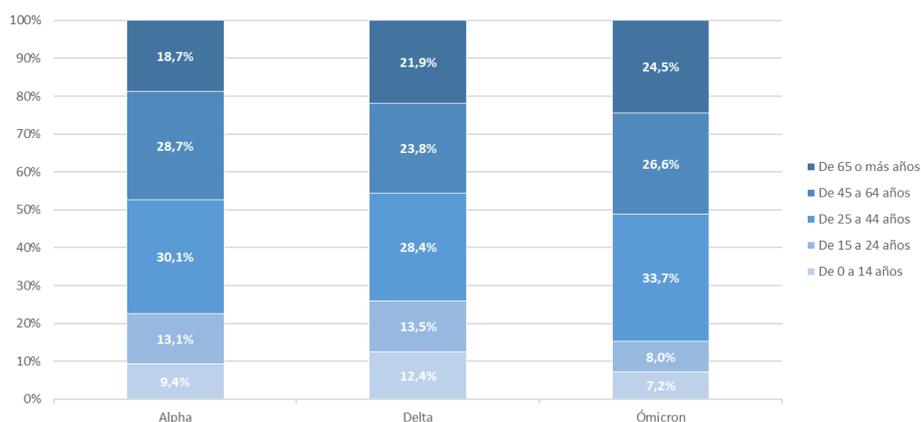
Considerando únicamente las variantes principales que más han afectado a la población de forma sucesiva durante el período de la pandemia analizado: Alpha, Delta y Ómicron, la distribución por sexo muestra un incremento ligeramente creciente en mujeres, desde la aparición de Alpha hasta llegar a Ómicron (gráfico 10). Por edad la proporción de Ómicron es menor en los más jóvenes (gráfico 11), siendo esta diferencia estadísticamente significativa.

Gráfico 10. Proporción de casos según sexo por cada variante de interés*



*test chi-cuadrado con p-valor = 0,054

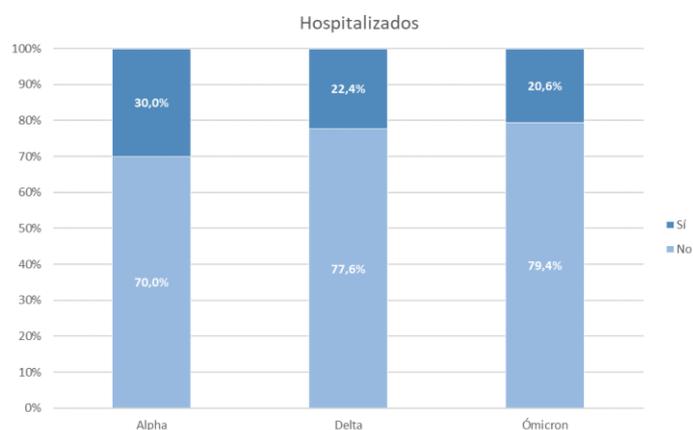
Gráfico 11. Proporción de casos según grupo de edad y variante de interés*



*test chi-cuadrado con p-valor = 0,000

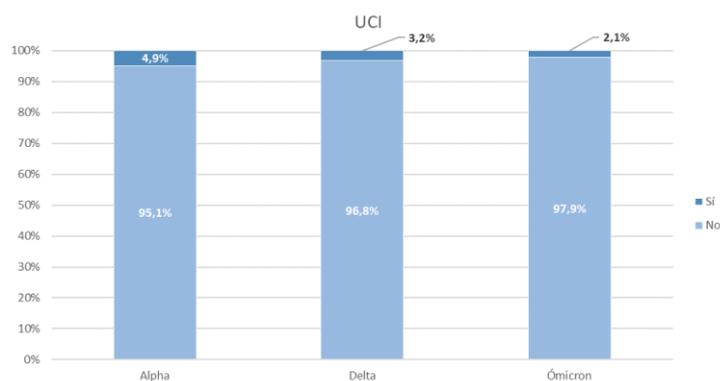
Al considerar la severidad, en las gráficas 12, 13 y 14 se muestra la proporción de casos según las variables, hospitalización, ingreso en UCI y fallecimiento. La mayor proporción de casos que han requerido ingreso, tanto hospitalario como en UCI, se observa en los afectados por la variante Alpha con respecto a las otras dos variantes. También se puede observar la proporción similar de casos fallecidos dentro de las variantes Alpha (3,2%) y Delta (3,1%) con respecto a la menor proporción de los de la variante Ómicron (0,9%). Todas estas diferencias son estadísticamente significativas.

Gráfico 12. Proporción de casos hospitalizados por cada variante de interés*



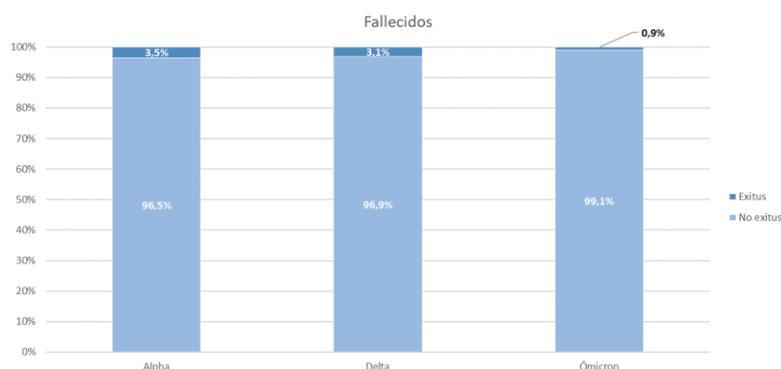
*test chi-cuadrado con p-valor = 0,000

Gráfico 13. Proporción de casos ingresados en UCI por cada variante de interés*



*test chi-cuadrado con p-valor = 0,009

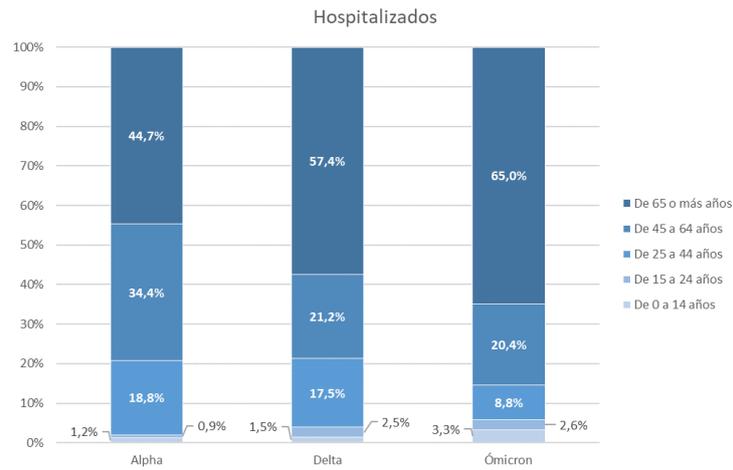
Gráfico 14. Proporción de casos fallecidos por cada variante de interés*



*test chi-cuadrado con p-valor = 0,004

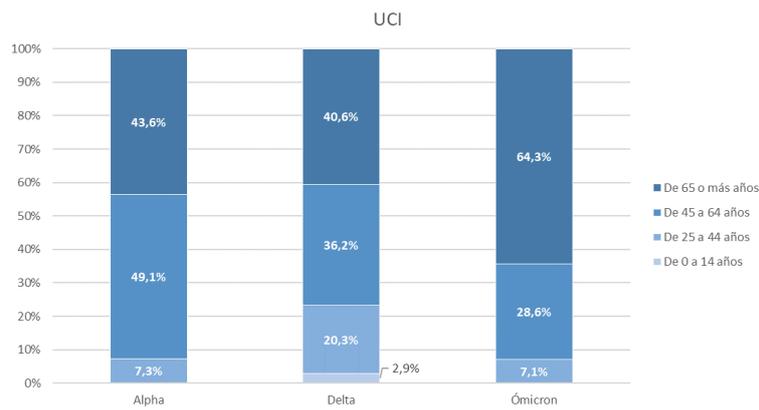
Se ha analizado por cada variante de interés, la proporción de casos según grupos de edad, de manera total y de forma particular para casos hospitalizados, ingresados en UCI y fallecidos. Es reseñable la mayor proporción de casos hospitalizados e ingresados en UCI, entre los afectados por la variante Ómicron en el grupo de personas de 65 o más años, con respecto a las otras dos variantes. Además es reseñable la mayor proporción del grupo de edad de 45 a 64 años en la variante Alpha con respecto a las otras dos variantes tanto en hospitalizados como en UCI (gráficas 15 a 17). Estas diferencias son estadísticamente más significativas en el grupo de hospitalizados que en el de UCI. En el caso del grupo de fallecidos no existe una diferencia estadísticamente significativa.

Gráfico 15. Proporción de casos hospitalizados según grupo de edad y variante de interés*



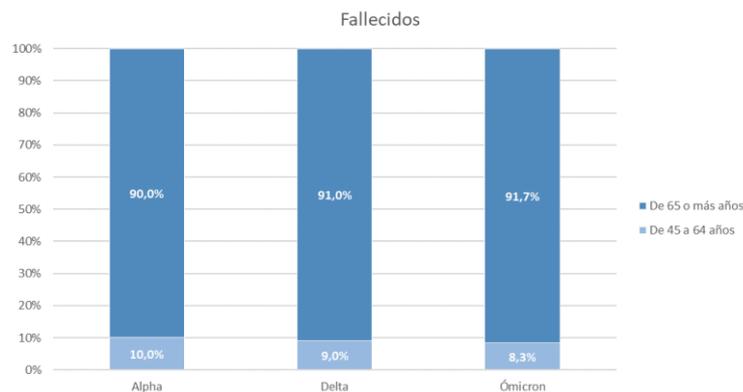
*test chi-cuadrado con p-valor = 0,000

Gráfico 16. Proporción de casos ingresados en UCI según grupo de edad y variante de interés*



*test chi-cuadrado con p-valor = 0,068

Gráfico 17. Proporción de casos fallecidos según grupo de edad y variante de interés*



*test chi-cuadrado con p-valor = 0,797

4.6 Casos importados

Se considera caso importado aquel que ha permanecido fuera de España durante todo el período de incubación de la enfermedad. Hasta la semana 12 de 2022 se han identificado 4.075 casos importados, de los cuales han sido objeto de secuenciación 458 (11,2%).

En la tabla 3 se muestra la distribución de los resultados de secuenciación con respecto al continente de procedencia del caso importado.

Tabla 3. Distribución de resultados de secuenciación de casos importados según continente de procedencia

Variante	Continente				Total
	América	Asia	Europa	África	
Alpha	6	0	17	5	28
	21,4%	0,0%	60,7%	17,9%	100,0%
Beta	1	0	0	5	6
	16,7%	0,0%	0,0%	83,3%	100,0%
Gamma	50	0	1	0	51
	98,0%	0,0%	2,0%	0,0%	100,0%
Delta	65	30	86	21	202
	32,2%	14,9%	42,6%	10,4%	100,0%
Zeta	4	0	1	0	5
	80,0%	0,0%	20,0%	0,0%	100,0%
Eta	0	0	0	2	2
	0,0%	0,0%	0,0%	100,0%	100,0%
Iota	1	0	0	0	1
	100,0%	0,0%	0,0%	0,0%	100,0%
Lambda	7	0	0	0	7
	100,0%	0,0%	0,0%	0,0%	100,0%
Mu	63	0	1	0	64
	98,4%	0,0%	1,6%	0,0%	100,0%
Ómicron	6	3	40	6	55
	10,9%	5,5%	72,7%	10,9%	100,0%
Ómicron BA.2	0	1	9	1	11
	0,0%	9,1%	81,8%	9,1%	100,0%
Otras	26	0	0	0	26
	100,0%	0,0%	0,0%	0,0%	100,0%
Total	229	34	155	40	458
	50,0%	7,4%	33,8%	8,7%	100,0%

4.7 Análisis de brotes

Se han identificado 597 brotes que cumplían los criterios de selección.

La relación del nº de brotes según la variante o variantes implicadas en cada brote se muestra en la Tabla 4. Además, en la Tabla 5 se muestran el nº de secuenciaciones asociadas a brotes por resultado de secuenciación.

Tabla 4. Nº de brotes según variante/s asociadas

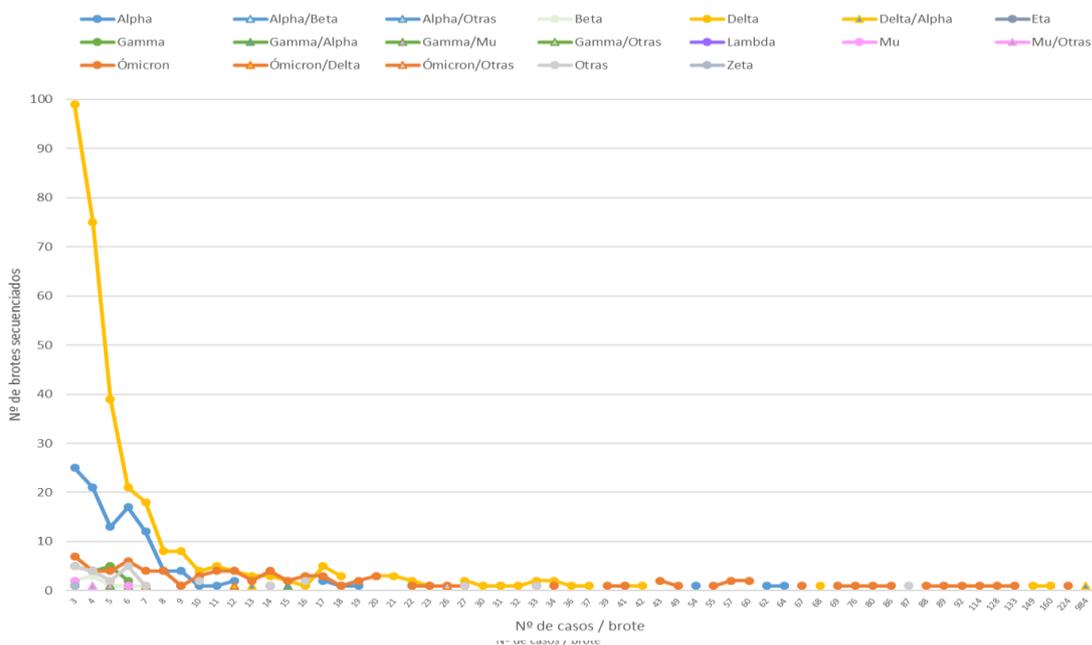
Variante	Nº de brotes
Delta	330
Alpha	116
Ómicron	67
Otras	37
Gamma	18
Beta	9
Mu	3
Alpha/Delta	2
Delta/Otras	2
Ómicron(BA.2)	2
Alpha/Beta	1
Alpha/Gamma	1
Alpha/Otras	1
Delta/Ómicron	1
Eta	1
Gamma/Mu	1
Gamma/Otras	1
Lambda	1
Mu/Otras	1
Zeta	1
Ómicron/Otras	1
Total	597

Tabla 5. Nº de secuenciaci3nes asociadas a brotes por resultado de secuenciación

Variante	Nº de secuenciaci3nes
Delta	648
Alpha	264
Ómicron	108
Otras	56
Gamma	35
Beta	11
Mu	9
Lambda	4
Ómicron(BA.2)	2
Eta	1
Zeta	1
Total	1139

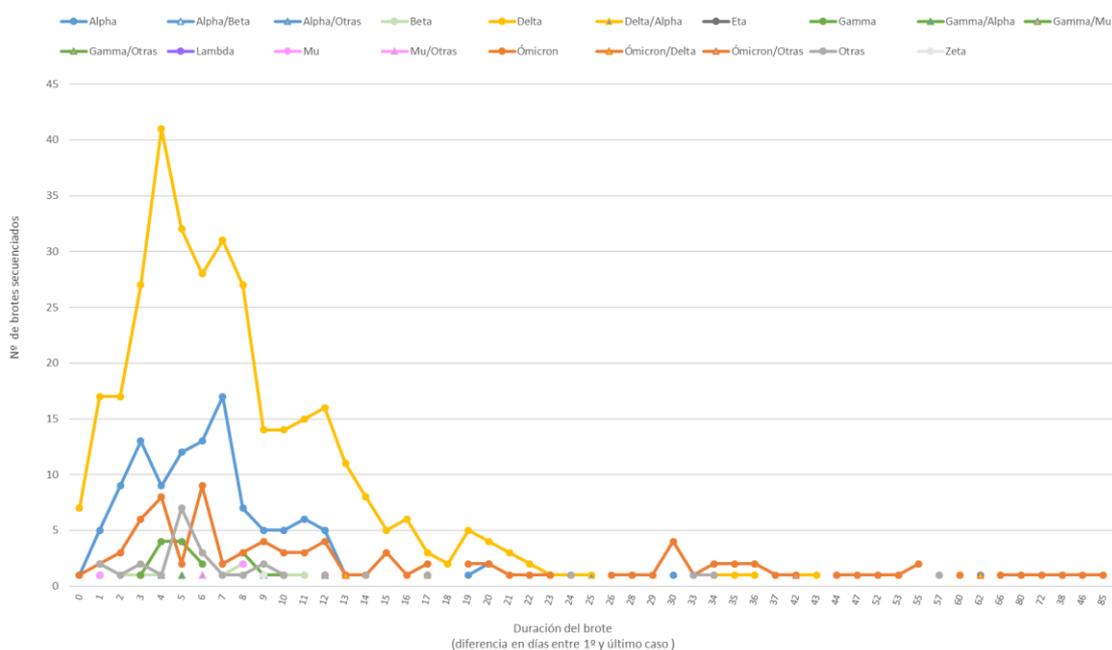
En el gráfico 18 se relacionan el número de brotes por cada variante o variantes secuenciadas en cada brote, según el número de casos asociados al brote. Se aprecia que la mayor cantidad de brotes se encuentran en el rango entre 3 a 5 casos, y desde ese punto en adelante, el rápido descenso del número de brotes secuenciados según aumenta el nº de casos. Además, se observa la presencia, especialmente de la variante Ómicron, en brotes de mayor magnitud, de entre 55 a 142 casos.

Gráfico 18. Número de brotes secuenciados por cada variante/s presente/s, según el número de casos asociados al brote



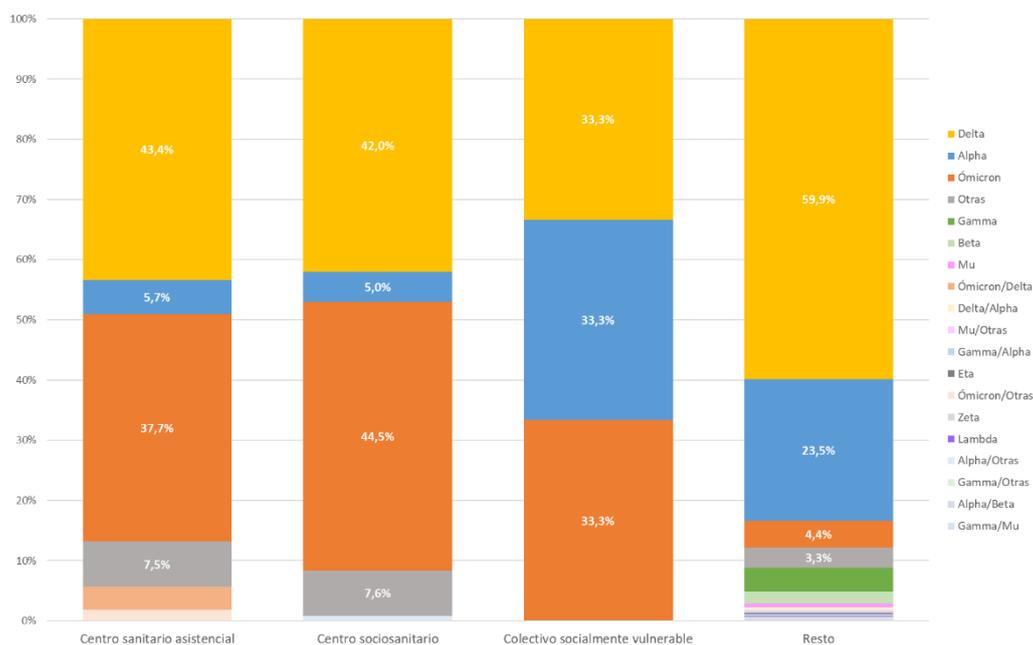
En el gráfico 19 se representa la relación entre el número de brotes secuenciados, por cada variante y su duración en días (como la diferencia entre la fecha entre el primer y último caso). Se puede observar que el pico en todas las variantes se encuentra en el rango entre los 3 y 7 días, y que, a partir de los 20 días de diferencia, hay una presencia significativa, especialmente de la variante Ómicron, en brotes relativamente largos en el tiempo (26 a 55 días).

Gráfico 19. Número de brotes secuenciados por cada variante/s presente/s en el brote, según la diferencia en días, entre el primer y último caso



En el gráfico 20 se presenta la distribución de las variantes según el ámbito en el que se ha producido el brote.

Gráfico 20. Distribución de variantes según ámbito del brote



En las tablas 6 y 7 se muestran el nº de casos ingresados y fallecidos asociados a brotes en los que habido casos con resultado de secuenciación.

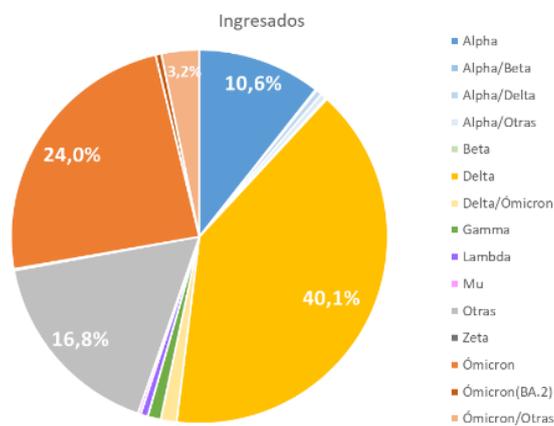
Tabla 6. Nº de casos ingresados asociados a brotes por cada variante/s implicada/s en el brote

variante	Ingresados
Delta	322
Ómicron	193
Otras	135
Alpha	85
Ómicron/Otras	26
Delta/Ómicron	11
Gamma	9
Lambda	5
Alpha/Delta	4
Alpha/Otras	4
Ómicron(BA.2)	4
Mu	2
Alpha/Beta	1
Beta	1
Zeta	1
Total	803

Tabla 7. Nº de casos fallecidos asociados a brotes por cada variante/s implicada/s en el brote

variante	Fallecidos
Delta	53
Ómicron	26
Otras	16
Alpha	6
Gamma	1
Ómicron/Otras	1
Total	103

Gráfico 21. Proporción de casos fallecidos e ingresados asociados a brotes por cada variante/s presente/s



5. Resumen

- Se evidencia el correcto uso del cribado como indicador inicial válido de la circulación de las variantes en el ámbito comunitario en nuestra Región.
- La evolución temporal muestra la sustitución sucesiva de las variantes predominantes en cada ola (Alpha en 4ª ola, Delta en 5ª ola y Ómicron en la 6ª ola). La sustitución no es tan clara en la 6ª ola, donde los resultados de Ómicron aparecen ya comenzada la 6ª ola y coincidiendo todavía con una presencia importante de resultados de la variante Delta.