



RESPUESTA DEL GOBIERNO

(184) PREGUNTA ESCRITA CONGRESO

184/33506, 184/33507,
184/33508

21/01/2021

83034, 83035,
83036

AUTOR/A: SALVÁ VERD, Antonio (GVOX); RODRÍGUEZ ALMEIDA, Andrés Alberto (GVOX); GARRIGA VAZ DE CONCICAO, Ignacio (GVOX); JARA MORENO, Mercedes (GVOX); STEEGMANN OLMEDILLAS, Juan Luis (GVOX)

RESPUESTA:

En relación con el asunto interesado, se señala que la Ponencia de Alertas y Planes de Preparación y Respuesta y la Comisión de Salud Pública del Consejo Interterritorial del Sistema Nacional de Salud, han aprobado un protocolo de “Integración de la Secuenciación Genómica en la Vigilancia del SARS-CoV-2” (con fecha de 22 de enero de 2021), elaborado por la Ponencia de Alertas del Ministerio de Sanidad con la participación del Instituto de Salud Carlos III (ISCIII), que ofrece una guía para trabajar en la determinación de la incidencia de las variantes genéticas del virus, así como en la identificación de nuevas variantes que puedan ser de interés para la salud pública.

Este protocolo es un mecanismo activo para integrar la información genómica a la vigilancia a nivel nacional, que incluye una red de laboratorios designados por las comunidades autónomas, con el fin de aumentar la capacidad y velocidad de la caracterización de las muestras sospechosas, así como identificar qué variantes están circulando en nuestro país. Al mismo tiempo, se está implementando a nivel nacional una vigilancia centinela de las infecciones respiratorias agudas en Atención Primaria y Hospitalaria que incluye el envío sistemático de un subgrupo aleatorio de muestras positivas de COVID-19 mediante este sistema al Centro Nacional de Microbiología. Este proceso de vigilancia permitirá la caracterización clínico-epidemiológica de las variantes genéticas de SARS-CoV-2 que circulan en las distintas áreas geográficas de nuestro país, así como la identificación de las características fenotípicas y genotípicas que puedan influir en factores como la capacidad de transmisión o la efectividad de la vacuna.



El protocolo estará en permanente revisión en función de la evolución de la pandemia y de la información nueva que se disponga de la infección por SARS-CoV-2, y se puede consultar en la página web del Ministerio de Sanidad:

https://www.mscbs.gob.es/profesionales/saludPublica/ccayes/alertasActual/nCoV/documentos/Integracion_de_la_secuenciacion_genomica-en_la_vigilancia_del_SARS-CoV-2.pdf

En relación con la variante brasileña del virus SARS-CoV-2, variante B.1.1.28.1, se indica que no se ha detectado aún en España, según consta en la última Evaluación Rápida de Riesgo: “Circulación de VOC B.1.1.7 y otras variantes de SARS-CoV-2 de interés para la salud pública en España”, elaborada por el CCAES (Centro de Coordinación de Alertas y Emergencias Sanitarias) el 26 de enero de 2021, por lo que no se han realizado estudios con esta variante, y por lo tanto no se dispone aún de información suficiente para poder confirmar o descartar si la variante brasileña será más contagiosa o conferirá más morbilidad/mortalidad en España.

Según este documento, en el último periodo se han detectado nuevas variantes del virus SARS-CoV-2 en el mundo:

- La variante de Reino Unido (B.1.1.7), detectada en España en varias Comunidades Autónomas, y de la que se considera que España tiene un riesgo de diseminación muy alto.
- La variante de Sudáfrica (B.1.351), que se ha detectado en varios países europeos, y en un caso en Galicia, en una persona con antecedentes de viaje a Sudáfrica.
- La variante de Brasil (B.1.1.28.1), que ha aumentado su incidencia en la región amazónica de Manaus, pero que de momento no se ha detectado en nuestro país.

Respecto a los estudios de secuenciación de SARS-Cov-2 que se han realizado en España en el año 2021, cabe informar que el Centro Nacional de Microbiología lleva realizando secuenciación del genoma del virus desde el inicio de la pandemia, dirigidos al estudio de brotes o para análisis filogenéticos.

Madrid, 22 de febrero de 2021

