

INFORME DE VIGILANCIA DE LAS VARIANTES GENÓMICAS DEL CORONAVIRUS SARS-CoV-2. CASOS NOTIFICADOS AL SISTEMA DE NOTIFICACIÓN MICROBIOLÓGICA DE CATALUÑA (SNMC), Cataluña 07/05/2021 – Semana 17-2021

Todos los virus, incluido el SARS-CoV-2, cambian constantemente a través de mutaciones que confieren pequeñas diferencias genéticas. Una variante genética del coronavirus SARS-CoV-2 tiene unas o más mutaciones que la diferencian de las otras variantes circulantes. La mayoría de mutaciones no tienen ningún impacto o tienen poco con respecto a cambios en el desarrollo de la enfermedad. No obstante, de todas las mutaciones, las que más preocupan son las que afectan al gen que codifica por la proteína de la espícula, la S, ya que es la que interacciona con el receptor celular ACE2 (enzima convertidora de la angiotensina) y que puede afectar su transmisibilidad. Esta proteína es la más expuesta y la más antigénica, sobre la cual actúan los anticuerpos. Por lo tanto, interesa controlar el número de mutaciones y ver a qué gen en concreto afectan.

La vigilancia de las variantes del SARS-CoV-2 tiene interés para la salud pública, ya que estas pueden tener una mayor transmisibilidad, ser más virulentas y ocasionar que la enfermedad sea más grave o que tenga más mortalidad, o también pueden escapar a efectos de los anticuerpos adquiridos después de una infección natural o de la vacunación. Así, pues, es importante conocer las variantes que se encuentran en cada territorio con el fin de saber la prevalencia de las variantes circulantes, la situación epidemiológica y evaluar las medidas de salud pública que se tengan que tomar en caso necesario.

Las variantes del SARS-CoV-2 se clasifican en dos categorías, las variantes de preocupación (VOC, *variantes of concern*) y las variantes de interés (VOI, *variantes of interest*).

Una variante de SARS-CoV-2 es una **VOI** si tiene un genoma con mutaciones que conducen a cambios de aminoácido asociados a sospechas de implicaciones

fenotípicas (que pueden incluir cambios en la epidemiología, antigenicidad o virulencia, o cambios que tienen un impacto negativo en el diagnóstico, las vacunas, las terapias o las medidas sociales y de salud pública), si se ha identificado que causa transmisión comunitaria / múltiples casos o se ha detectado en varios países.

Una variante de interés (VOI) de SARS-CoV-2 pasa a ser una **VOC** si se ha demostrado que, además, está asociada a un aumento de la transmisibilidad o cambio perjudicial en la epidemiología de la COVID-19, un aumento de la virulencia o cambio en la presentación clínica de la enfermedad, o una disminución de la eficacia de las medidas sociales y de salud pública (diagnóstico, tratamiento y vacunas). Actualmente, las VOC son: B.1.1.7 (británica), B.1.351 (sudafricana) y P.1 (brasileña).

Para saber la prevalencia de las nuevas variantes en Cataluña se realiza una vigilancia de muestras aleatorias y una vigilancia dirigida a aquellas situaciones relevantes para la salud pública que ayuden a entender el contexto de los casos que tienen más transmisibilidad, fallos vacunales, brotes, etc. En este sentido, la Subdirección General de Vigilancia Epidemiológica ha coordinado la vigilancia de las variantes de SARS-CoV-2 con los laboratorios que realizan el cribado y/o la secuenciación (parcial o completa) del genoma del coronavirus SARS-CoV-2. Las secuenciaciones de los casos las han realizado los centros siguientes: Hospital Vall d'Hebron, Hospital Clínico de Barcelona, Hospital Germans Trias i Pujol, Hospital de Bellvitge, Laboratorio de Referencia de Cataluña y Banco de Sangre y Tejidos. Los casos de nuevas variantes se han notificado al Sistema de Notificación Microbiológica de Cataluña (SNMC). Para más información del procedimiento, se puede consultar el [protocolo disponible](#).

En este informe se incluyen los casos confirmados por PCR de coronavirus SARS-CoV-2 por una técnica específica que detecta las deleciones del gen S, que, con una correspondencia muy elevada (>90%), se puede asegurar de que se trata de la variante británica (B.1.1.7), y en algunos casos, la mutación N501Y del gen S, que comparten las variantes: B.1.1.7, B.1.351 y P.1 (anexo 1).

Esta información se recoge a través de una encuesta semanal que se lleva a término en todos los laboratorios declarantes (análisis 1).

Además, se han analizado aquellos casos secuenciados de SARS-CoV-2 de **forma individualizada** de los cuales, por interés de salud pública –indicado desde la Red de Vigilancia Epidemiológica de Cataluña (XVEC) o por selección aleatoria– se ha realizado la secuenciación parcial o completa con el fin de poder confirmar la variante o el linaje como B.1.1.7, B.1.351 o P.1, entre otros que puedan circular. En estos casos se han analizado las variables epidemiológicas como la edad, el sexo, la semana de diagnóstico, la región sanitaria y el servicio de vigilancia epidemiológica (análisis 2).

Los casos analizados corresponden al periodo comprendido entre la semana 51 (14-20 de diciembre de 2020), que corresponde al primer caso secuenciado con variante inglesa en Cataluña, y el 2 de mayo de 2021 (semana 17).

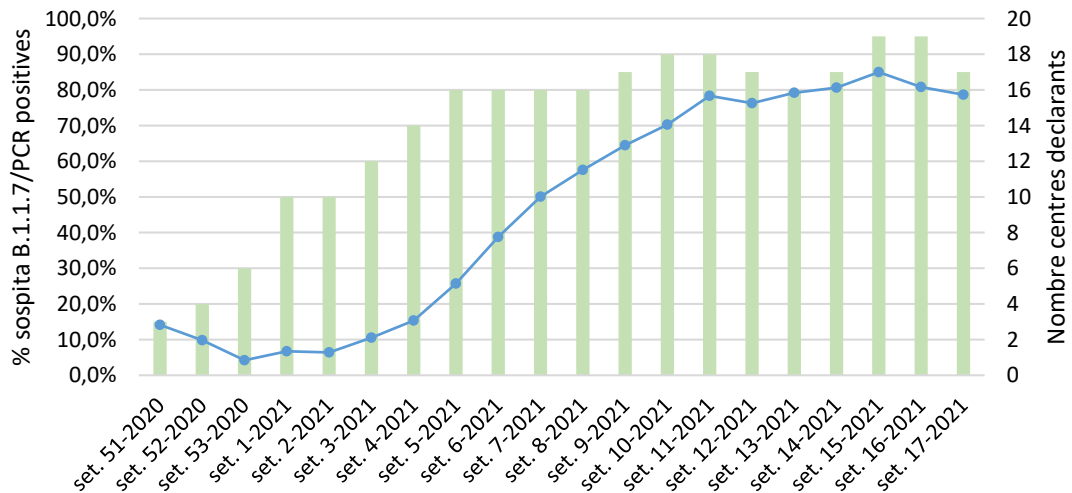
Análisis 1: Para el análisis siguiente, se han tenido en cuenta los casos de los centros que han facilitado la información a partir de una encuesta que recoge el número total de muestras con la delección 69/70 del gen S (y, en algunos casos, la mutación N501Y del mismo gen), respecto del número total de muestras PCR positivas que han detectado cada semana.

Desde el 14 de diciembre hasta el 2 de mayo se han detectado **44.473 casos de SARS-CoV-2 confirmados** con PCR específica. De estos, **22.007** casos tenían delección y/o mutación en el gen S, lo que representa un **49,5%** de casos sospechosos de nuevas variantes en este periodo.

En la figura 1 se muestran los porcentajes de casos compatibles con B.1.1.7, respecto del número de PCR positivas hechas con una PCR capaz de detectar la B.1.1.7 a lo largo de las semanas, así como el número de centros declarantes. Se observa una tendencia al aumento del porcentaje de los casos a lo largo del tiempo que llega al **80,8% la semana 16** (del 19/04/2021 al 25/04/2021), y al **78,7% la última semana analizada** (del 26/04/2021 al 02/05/2021). Los datos de esta última semana son provisionales, con 17 centros declarantes.

Figura 1: Porcentaje a lo largo del tiempo de casos compatibles con la B.1.1.7 respecto del número total de PCR positivas hechas con una PCR capaz de detectar la B.1.1.7.

Cataluña diciembre 2020 - 2 de mayo 2021.



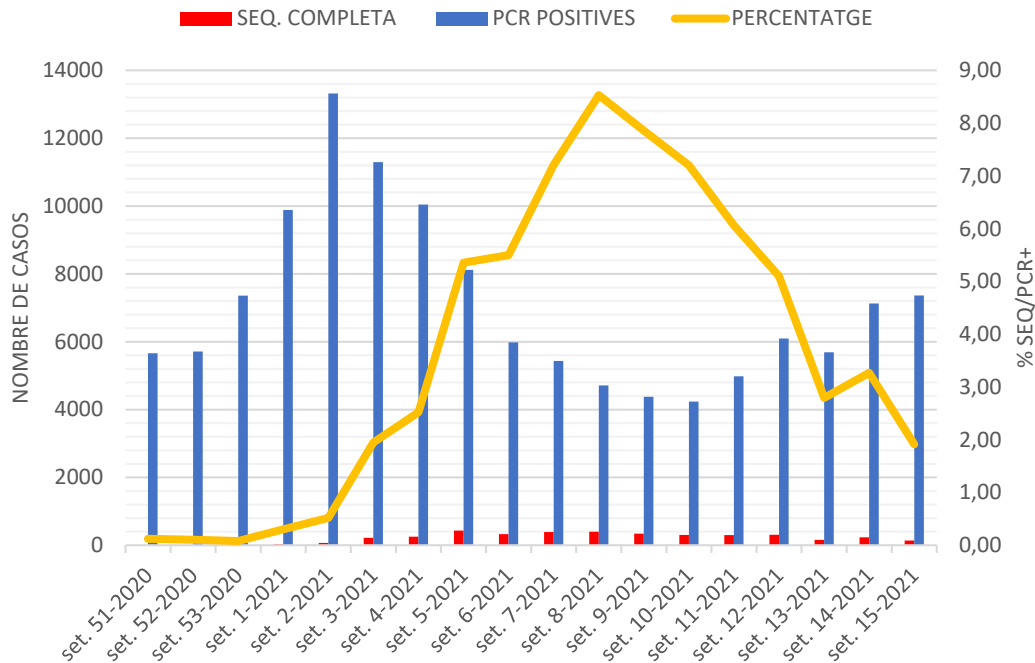
Fuente: Sistema de Notificación Microbiológica de Cataluña. Subdirección General de Vigilancia y Respuesta a Emergencias de Salud Pública. Secretaría de Salud Pública.

Análisis 2: Se han analizado todos los casos que, de forma individualizada, han notificado los centros de las variantes del coronavirus SARS-CoV-2 obtenidas según si se ha hecho cribado, secuenciación parcial o secuenciación completa, desde el 14 de diciembre de 2020 hasta el 2 de mayo de 2021.

Los casos notificados están depurados y se han contrastado con los casos confirmados por PCR obtenidos del registro TAGA-COVID-19.

Durante las semanas 13 (29/03/21-04/04/21), 14 (05/04/21-11/04/21) y 15 (12/04/21-18/04/21) se ha hecho la **secuenciación** de los casos de coronavirus SARS-CoV-2 positivos por PCR en 159 muestras (2,79%), 233 muestras (3,27%) y 141 muestras (1,91%) del total de casos, respectivamente, (figura 2).

Figura 2. Casos secuenciados en función de las PCR+ Cataluña diciembre 2020 – 18 de abril de 2021.



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

La secuenciación ha sido muy heterogénea entre los servicios de vigilancia epidemiológica (SVE). Durante la semana 15, los porcentajes de secuenciación notificados han variado entre el 9,3% en el Barcelonès Nord-Maresme, el 3,7% en la Catalunya Central, el 3,0% en el Vallès, el 0,6% en Girona, el 0,1% en Barcelona Ciutat y el 0,0% en los otros servicios de vigilancia epidemiológica (tabla 1).

Tabla 1. Número de casos con PCR positivas y porcentaje de secuenciación completa por SVE y semana epidemiológica. Cataluña, diciembre 2020 - 18 de abril de 2021.

	Barcelona Zona Sud		Barcelonès Nord - Maresme		Catalunya Central		Ciutat Barcelona		Girona		Lleida		Tarragona		Terres de l'Ebre		Vallès	
	Nº	%	Nº	%	Nº	%	Nº	%	Nº	%	Nº	%	Nº	%	Nº	%	Nº	%
set. 51-2020	1.091	0%	507	0%	380	0%	1.124	0%	793	0%	388	0%	381	0%	0	0%	911	0%
set. 52-2020	1.206	0%	434	0%	431	0%	1.285	0%	545	0%	429	0%	536	0%	39	0%	808	0%
set. 53-2020	1.594	0%	642	0%	485	0%	1.487	0%	690	0%	490	0%	822	0%	69	0%	1.082	0%
set. 1-2021	1.995	0%	1.157	1%	743	0%	1.837	1%	673	0%	603	0%	917	0%	135	1%	1.824	0%
set. 2-2021	2.683	0%	1.687	0%	1.055	1%	2.473	1%	885	0%	686	0%	1.065	1%	177	2%	2.606	0%
set. 3-2021	2.238	0%	1.148	4%	733	1%	2.562	4%	850	0%	664	0%	994	0%	235	6%	1.867	1%
set. 4-2021	1.902	0%	1.407	7%	684	1%	2.131	4%	738	1%	607	0%	628	1%	157	6%	1.786	3%
set. 5-2021	1.561	1%	1.272	15%	666	3%	1.470	6%	653	3%	556	1%	388	1%	90	3%	1.461	5%
set. 6-2021	1.020	4%	955	7%	562	2%	1.162	8%	518	3%	422	2%	247	17%	39	28%	1.056	3%
set. 7-2021	883	6%	801	13%	618	3%	1.019	10%	387	5%	398	2%	182	7%	45	9%	1.101	6%
set. 8-2021	711	13%	675	12%	503	3%	833	13%	378	7%	374	2%	177	1%	23	13%	1.033	5%
set. 9-2021	698	7%	681	14%	541	5%	730	12%	330	7%	370	0%	103	0%	13	8%	909	6%
set. 10-2021	612	2%	518	9%	576	9%	633	16%	350	1%	403	1%	170	2%	0	0%	954	8%
set. 11-2021	644	2%	417	14%	672	4%	950	10%	437	2%	447	2%	253	1%	18	0%	1.141	7%
set. 12-2021	807	5%	562	11%	612	2%	1.262	7%	626	5%	558	1%	315	0%	0	0%	1.337	5%
set. 13-2021	819	1%	591	2%	489	4%	1.122	6%	607	4%	551	1%	268	0%	57	0%	1.186	2%
set. 14-2021	1.025	0%	552	7%	742	4%	1.390	6%	808	1%	683	1%	371	0%	47	0%	1.506	4%
set. 15-2021	1.000	0%	568	9%	865	4%	1.243	0%	973	1%	695	0%	447	0%	64	0%	1.509	3%

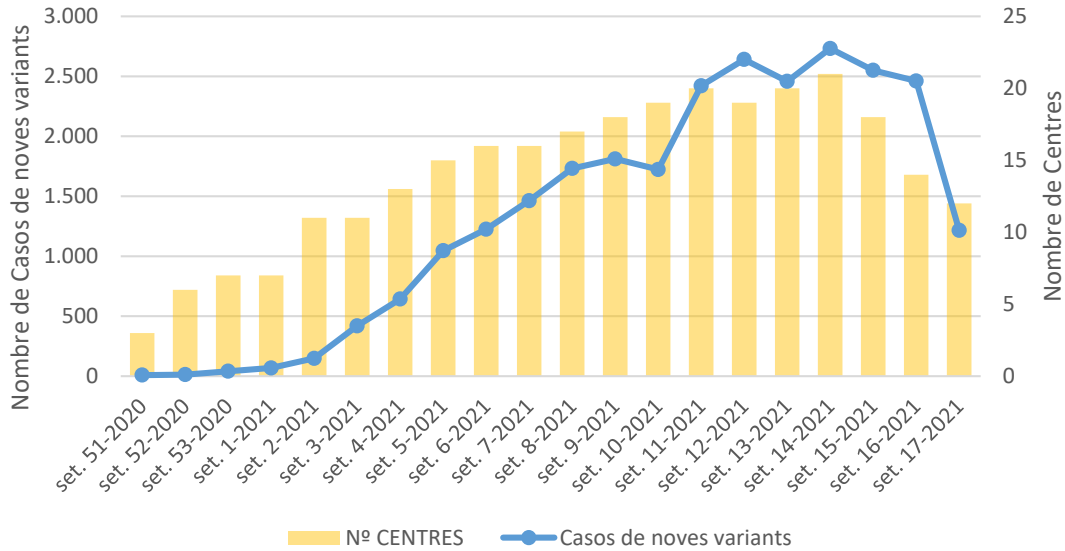
Fuente: Sistema de Notificación Microbiológica de Cataluña. Subdirección General de Vigilancia y Respuesta a Emergencias de Salud Pública. Secretaría de Salud Pública.

Durante el periodo de estudio (14 de diciembre - 2 de mayo), **se han notificado 26.820 casos de nuevas variantes**. A lo largo de las semanas, el número de muestras positivas de nuevas variantes han ido aumentando, con un pico máximo la semana 14 (05/04/21-11/04/21) de 2.732 casos.

Los datos de la semana 17 son provisionales, dado que hay centros que lo notifican con retraso (figura 3, tabla 2).



Figura 3. Número de casos de nuevas variantes por semanas epidemiológicas y número de centros declarantes. Cataluña diciembre 2020 - 2 de mayo de 2021.



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

Tabla 2. Incidencia de casos de nuevas variantes según semana epidemiológica. Cataluña diciembre 2020 - 2 de mayo de 2021.

SEMANA EPIDEMIOLÓGICA	CASOS	% CASOS
SEMANA 51 - (14/12/20 - 20/12/20)	9	0,03%
SEMANA 52 - (21/12/20 - 27/12/20)	13	0,0%
SEMANA 53 - (28/12/20 - 03/01/21)	41	0,2%
SEMANA 1 - (04/01/21 - 10/01/21)	68	0,3%
SEMANA 2 - (11/01/21 - 17/01/21)	148	0,6%
SEMANA 3 - (18/01/21 - 24/01/21)	419	1,6%
SEMANA 4 - (25/01/21 - 31/01/21)	643	2,4%
SEMANA 5 - (01/02/21 - 07/02/21)	1.046	3,9%
SEMANA 6 - (08/02/21 - 14/02/21)	1.225	4,6%
SEMANA 7 - (15/02/21 - 21/02/21)	1.463	5,5%
SEMANA 8 - (22/02/21 - 28/02/21)	1.732	6,5%
SEMANA 9 - (01/03/21 - 07/03/21)	1.811	6,8%
SEMANA 10 - (08/03/21 - 14/03/21)	1.723	6,4%
SEMANA 11 - (15/03/21 - 21/03/21)	2.421	9,0%
SEMANA 12 - (22/03/21 - 28/03/21)	2.641	9,8%
SEMANA 13 - (29/04/21 - 04/04/21)	2.458	9,2%
SEMANA 14 - (05/04/21 - 11/04/21)	2.732	10,2%



SEMANA EPIDEMIOLÓGICA	CASOS	% CASOS
SEMANA 15 - (12/04/21 - 18/04/21)	2.550	9,5%
SEMANA 16 - (19/04/21 - 25/04/21)	2.461	9,2%
SEMANA 17 - (26/04/21 - 02/05/21)	1.216	4,5%
TOTAL	26.820	100,0%

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

De las 26.820 muestras analizadas, se ha realizado la secuenciación completa al 14,8% y la parcial al 1,4% (tabla 3).

Tabla 3. Número de casos de nuevas variantes por tipo de técnica. Cataluña diciembre 2020 - 2 de mayo de 2021.

TIPO DE TÉCNICA	CASOS	% CASOS
Cribado PCR	22.486	83,8%
Secuenciación completa	3.964	14,8%
Secuenciación parcial	370	1,4%
TOTAL	26.820	100,0%

*De estos 26.820 casos, 56 corresponden a un cribado donde se detectan mutaciones compatibles con la variante sudafricana o brasileña.

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

Según las variantes circulantes, destaca el 93,9% de casos de la variante británica (UK) (tabla 4).

Tabla 4. Número de casos por variante. Cataluña diciembre 2020 - 2 de mayo de 2021.

	VARIANTE	CASOS	% CASOS
VOC	UK - B.1.1.7	25.137	93,9%
	SA - B.1.351	72	0,3%
	BR - P.1	48	0,2%
VOI	VOI y otros	1.507	5,6%
	TOTAL	26.764	100,0%

Nota: UK = variante United Kingdom, SA = variante Sudáfrica, BR= variante Brasil.
 Fuente: Sistema de Notificación Microbiológica de Cataluña. Subdirección General de Vigilancia y Respuesta a Emergencias de Salud Pública. Secretaría de Salud Pública.

Variantes de preocupación con más impacto en la salud pública (VOC)

La variante UK se ha determinado principalmente por cribado de PCR (sospecha) en un 89,1%, mientras que en las variantes S. A. y BR predomina la secuenciación completa (52,8% y 97,9%, respectivamente) (tabla 5). Cuando se ha encontrado un patrón compatible para la variante S. A. se ha hecho una PCR para buscar la mutación K417N/T, la E484K o V1176F.

*Tabla 5. Número de casos de VOC por tipo de técnica.
Cataluña diciembre 2020 - 2 de mayo de 2021.*

TIPO DE TÉCNICA	UK	% UK	S. A.	% SA	BR	% BR
Cribado PCR	22.396	89,1%	34	47,2%	0	0,0%
Secuenciación completa	2.427	9,7%	38	52,8%	47	97,9%
Secuenciación parcial	314	1,2%	0	0,0%	1	2,1%
TOTAL	25.137	100,0%	72	100,0%	48	100,0%

UK = variante United Kingdom, S. A. = variante Sudáfrica, BR= variante Brasil.

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

La variante B.1.1.7 (25.137 casos) se encuentra en todo el territorio de Cataluña, aunque, en la región sanitaria de Barcelona, es donde se observan la mayoría de los casos (62,2%). Las variantes B.1.351 (72 casos) y la variante P.1 (48 casos), se concentran también en Barcelona (90% y 60,4%, respectivamente) (tabla 6).

*Tabla 6. Comparativa de región sanitaria por VOC.
Cataluña diciembre 2020 - 2 de mayo de 2021.*

REGIÓN SANITARIA	VARIANTE					
	UK - B.1.1.7	% UK	SA - B.1.351	% SA	BR - P.1	% BR
Alt Pirineu i Aran	470	1,9%	0	0%	0	0,0%
Barcelona	15.639	62,2%	65	90%	29	60,4%
Campo de Tarragona	542	2,2%	0	0%	0	0,0%
Catalunya Central	3.674	14,6%	3	4%	8	16,7%
Girona	1.046	4,2%	2	3%	10	20,8%
Lleida	2.911	11,6%	0	0%	0	0,0%
Terres de l'Ebre	167	0,7%	0	0%	0	0,0%
Fuera de Cataluña	22	0,1%	1	1%	1	2,1%
Desconocido	666	2,6%	1	1%	0	0,0%
TOTAL	25.137	100,0%	72	100,0%	48	100,0%

*Otras CCAA (n=19); Fuera de España (n=5)

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

Variante B.1.1.7 (UK)

El 16 de diciembre de 2020 se detectó en Cataluña el primer caso de la nueva variante del Reino Unido (UK), que pertenece al linaje B.1.1.7 (denominado VOC 202012/01). Esta variante se ha extendido rápidamente en numerosos países a escala mundial, y hay evidencias importantes que presenta una mayor transmisibilidad.

Esta variante tiene unas 17 mutaciones, de las cuales 9 están en el gen S. Las que más preocupan son la **mutación N501Y**, que afecta a la región de unión en el receptor (RBD, *receptor binding domain*); la deleción 69/90, porque causa un cambio en la conformación de la proteína, y la P681H (anexo 1).

El 4 de febrero de 2021 se detectó en el Reino Unido que algunos aislamientos de esta variante habían adquirido la **mutación E484K**. Es probable que esta variante tenga propiedades idénticas a la B.1.1.7 sin la E484K, pero puede haber una disminución en la neutralización por anticuerpos monoclonales y sueros de convalecientes, como se observa en otras variantes con la mutación E484K. Este aspecto está en estudio.

Mediante PCR que incluyen la diana del gen S y/o la mutación del gen N501Y se hacen cribados para valorar la presencia y evolución en el territorio de la variante B.1.1.7.

Durante el periodo de análisis, se han detectado 25.137 casos de variante B.1.1.7. Las mujeres representan un porcentaje ligeramente superior (50,9%) respecto de los hombres (49,1%) (tabla 7).

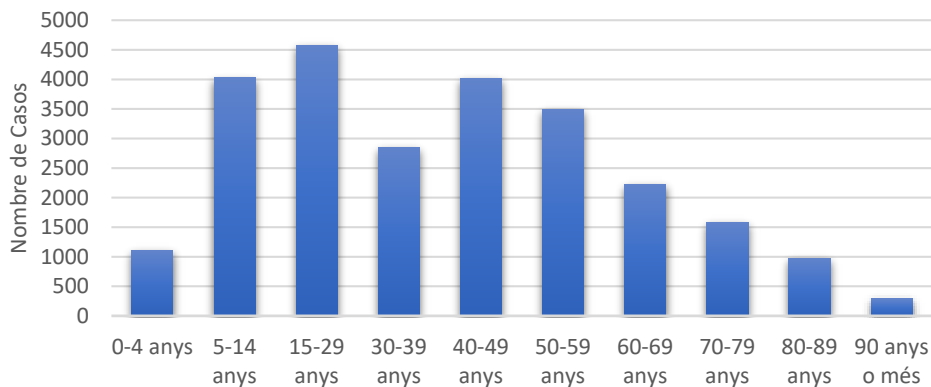
*Tabla 7. Número de casos por la variante UK en función del sexo.
Cataluña diciembre 2020 - 2 de mayo de 2021.*

SEXO	CASOS	% CASOS
Mujer	12.792	50,9%
Hombre	12.333	49,1%
Desconocido	12	0,0%
TOTAL	25.137	100,0%

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

Según los grupos de edad, destaca una mayor incidencia de casos en el grupo de 15 a 29 años, seguido del grupo de 5 a 14 años y de 40 a 49 años (figura 4).

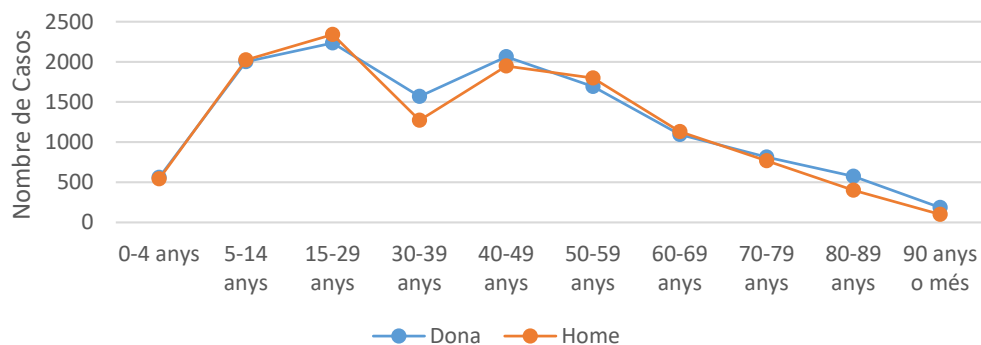
Figura 4. Número de casos por la variante UK en función de los grupos de edad. Cataluña diciembre 2020 - 2 de mayo de 2021.



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

En función del sexo y grupo de edad, se observa que en los grupos de 30 a 39 años, 40 a 49 años y mayores de 80 años la frecuencia de casos es más elevada en mujeres que en hombres, mientras que en los grupos de 15 a 29 años y de 50 a 59 años los hombres presentan una frecuencia superior. (figura 5)

Figura 5. Número de casos por la variante UK en función de los grupos de edad y sexo. Cataluña diciembre 2020 - 2 de mayo de 2021.



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

En el análisis de la distribución en función de los servicios de vigilancia epidemiológica (SVE) y diferenciando entre el cribado y la secuenciación (parcial y completa), destaca un porcentaje superior de muestras analizadas sólo por cribado en todos los SVE (tabla 8).

*Tabla 8. Número de casos por la variante UK en función del SVE
Cataluña diciembre 2020 - 2 de mayo de 2021.*

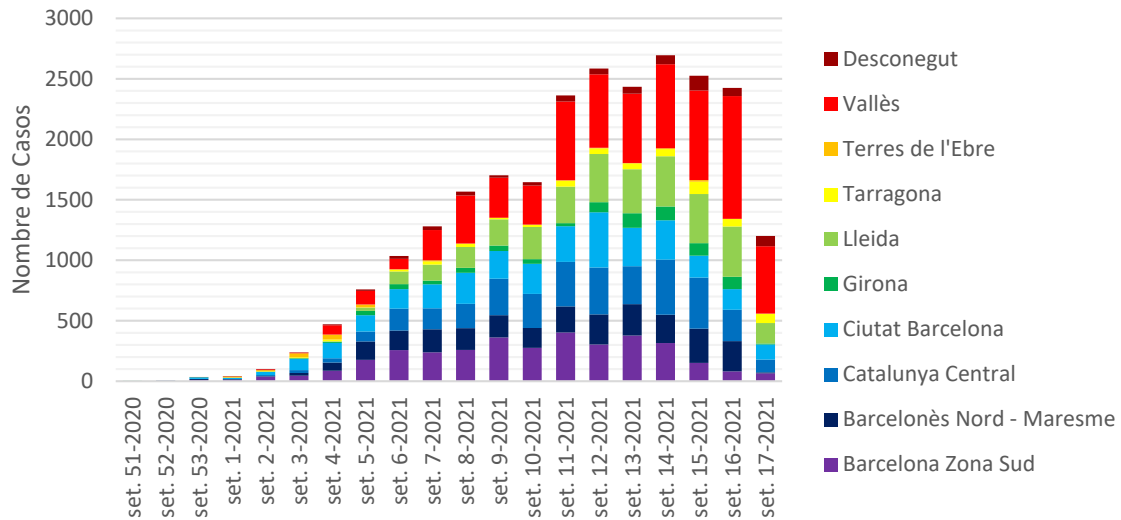
SVE	CRIBADO	% CRIB.	SECUENCIACIÓN	% SEC.	TOTAL
Barcelona Zona Sud	3.158	91,4%	296	8,6%	3.454
Barcelonès Nord - Maresme	2.029	76,8%	614	23,2%	2.643
Catalunya Central	3.338	92,7%	264	7,3%	3.602
Barcelona Ciutat	2.548	75,5%	829	24,5%	3.377
Girona	664	82,7%	139	17,3%	803
Lleida	3.391	99,7%	9	0,3%	3.400
Tarragona	538	94,2%	33	5,8%	571
Terres de l'Ebre	140	83,8%	27	16,2%	167
Vallès	5.944	92,4%	488	7,6%	6.432
Fuera de Cataluña	20	90,9%	2	9,1%	22
Desconocido	626	94,0%	40	6,0%	666
TOTAL	22.396	89,1%	2.741	10,9%	25.137

*Otras CCAA (n=17); fuera de España (n=5).

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

En las últimas semanas, el mayor número de casos con variante UK se presenta principalmente en el Vallès (Occidental/Oriental), seguido de Lleida (figura 6).

Figura 6. Número de casos por la variante UK en función del SVE Cataluña diciembre 2020 - 2 de mayo de 2021.



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

Por comarca, la variante UK está más presente en el Barcelonès (21,8%), seguido por el Vallès Occidental (18,6%) y el Baix Llobregat (7,4%) (tabla 9).

Tabla 9. Número de casos por la variante UK en función de la comarca. Cataluña diciembre 2020 - 2 de mayo 2021

COMARCA	CASOS	% CASOS	COMARCA	CASOS	% CASOS
Alt Camp	30	0,1%	Cerdanya	154	0,6%
Alt Empordà	47	0,2%	Conca de Barberà	15	0,1%
Alt Penedès	369	1,5%	Garraf	267	1,1%
Alt Urgell	40	0,2%	Garrigues	110	0,4%
Alta Ribagorça	23	0,1%	Garrotxa	78	0,3%
Anoia	761	3,0%	Gironès	131	0,5%
Aran	105	0,4%	Maresme	1.473	5,9%
Bages	1.634	6,5%	Moianès	141	0,6%
Baix Camp	385	1,5%	Montsià	121	0,5%
Baix Ebre	57	0,2%	Noguera	262	1,0%
Baix Empordà	56	0,2%	Osona	897	3,6%
Baix Llobregat	1.851	7,4%	Pallars Jussà	64	0,3%
Baix Penedès	45	0,2%	Pallars Sobirà	93	0,4%
Barcelonès	5.487	21,8%	Pla de l'Estany	24	0,1%
Berguedà	202	0,8%	Pla d'Urgell	461	1,8%



COMARCA	CASOS	% CASOS
Priorat	4	0,0%
Ribera d'Ebre	9	0,0%
Ripollès	37	0,1%
Segarra	64	0,3%
Segrià	1.717	6,8%
Selva	438	1,7%
Solsonès	18	0,1%
Tarragonès	84	0,3%

COMARCA	CASOS	% CASOS
Terra Alta	9	0,0%
Urgell	286	1,1%
Vallès Occidental	4.681	18,6%
Vallès Oriental	1.719	6,8%
Desconocido	666	2,6%
Fuera de Cataluña	22	0,1%
TOTAL	25.137	100,0%

* Otras CCAA (n=17); fuera de España (n=5).

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

Variante B.1.351 (Sudáfrica)

El 18 de diciembre de 2020, el Departamento de Salud de Sudáfrica anunció la detección de una nueva variante, el linaje B.1.351 (denominada 20H/501Y.V2). Esta variante se detectó por primera vez en la provincia de Eastern Cape de Sudáfrica en octubre de 2020.

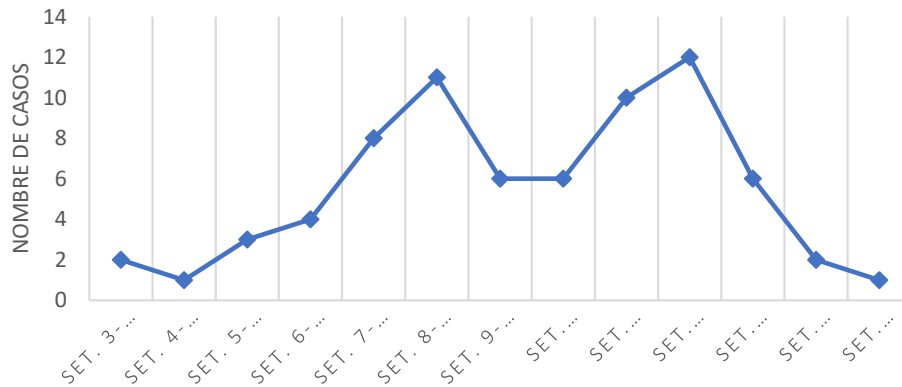
La variante B.1.351 tiene unas 21 mutaciones, de las cuales 9 están al gen S. Comparte algunas mutaciones (como la N501Y) con la variante británica, pero preocupa porque, además, tiene otras mutaciones en la misma región RBD: E484K y K417N. La mutación E484K supone un cambio de aminoácido asociado a un cambio de carga (un aminoácido con carga negativa se sustituye por otro con carga positiva) (anexo 1). Eso, junto con la mutación N501Y, puede afectar a la unión del virus a la célula. Preocupa el hecho de que podría escaparse de la neutralización por los anticuerpos.

Esta variante desplazó al resto de variantes circulantes en Sudáfrica desde el mes de noviembre, lo que indica que podría tener una mayor capacidad de transmisión.

El primer caso notificado en Cataluña registrado en el SNMC fue diagnosticado el 19 de enero del 2021.

En total se han notificado **72 casos** de esta variante, de los cuales 38 (52,8%) se han confirmado por secuenciación completa (figura 7). El último caso detectado por la variante S. A. fue durante la semana 16.

Figura 7. Evolución del número de casos detectados por la variante S. A. a lo largo del tiempo.
Cataluña diciembre 2020 - 2 de mayo de 2021.



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

Según la distribución por sexos, el 56,9% (41 casos) corresponde a hombres (tabla 10).

Tabla 10. Número de casos por la variante SA en función del sexo.
Cataluña diciembre 2020 - 2 de mayo de 2021.

SEXO	CASOS	% CASOS
Mujer	31	43,1%
Hombre	41	56,9%
TOTAL	72	100,0%

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

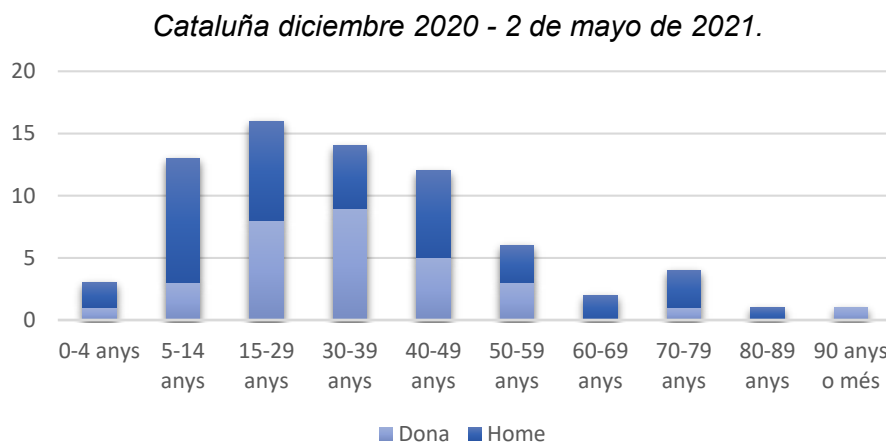
Respecto de los grupos de edad, se han detectado casos en todas las franjas de edad, aunque los jóvenes de 15-29 años es el grupo con más frecuencia de casos (22,2%), seguido del grupo de adultos de 30-39 años (19,4%) y del de niños de 5-14 años (18,1%) (tabla 11, figura 8).

Tabla 11. Número de casos por la variante SA en función de los grupos de edad. Cataluña diciembre 2020 - 2 de mayo de 2021.

EDAD	CASOS	% CASOS
0-4 años	3	4,2%
5-14 años	13	18,1%
15-29 años	16	22,2%
30-39 años	14	19,4%
40-49 años	12	16,7%
50-59 años	6	8,3%
60-69 años	2	2,8%
70-79 años	4	5,6%
80-89 años	1	1,4%
90 años o más	1	1,4%
TOTAL	72	100,0%

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

Figura 8. Número de casos por la variante SA en función de los grupos de edad y sexo.



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

Los casos de la variante sudafricana se localizan principalmente en el Vallès Occidental y Oriental, con un 52,8%, seguido de Barcelona Ciutat, con un 25,0% (Tabla 12).



*Tabla 12. Número de casos por la variante SA en función del SVE.
Cataluña diciembre 2020 - 2 de mayo de 2021.*

SVE	CASOS	% CASOS
Barcelona Zona Sud	7	9,7%
Barcelonès Nord - Maresme	3	4,2%
Catalunya Central	3	4,2%
Barcelona Ciutat	18	25,0%
Girona	1	1,4%
Vallès	38	52,8%
Fuera de Cataluña	1	1,4%
Desconocido	1	1,4%
TOTAL	72	100,0%

*Otras CA (n=1)

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

*Tabla 13. Número de casos por la variante SA en función de la comarca.
Cataluña diciembre 2020 - 2 de mayo de 2021.*

COMARCA	CASOS	% CASOS
Alt Penedès	2	2,8%
Bages	1	1,4%
Baix Empordà	1	1,4%
Baix Llobregat	2	2,8%
Barcelonès	21	29,2%
Maresme	3	4,2%
Osona	2	2,8%
Vallès Occidental	35	48,6%
Vallès Oriental	3	4,2%
Fuera de Cataluña	1	1,4%
Desconocido	1	1,4%
TOTAL	72	100,0%

*Otras CA (n=1)

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

De los 38 casos secuenciados, 7 corresponden a 4 brotes diferentes. El total de afectados en estos brotes ha sido 21 casos.

Un primer brote domiciliario (7 casos) en Barcelona Ciutat, con 2 casos secuenciados. Un segundo brote ha sido de ámbito familiar no conviviente (9 casos) en Gelida, con 2 casos secuenciados. El tercer brote de ámbito escolar (2 casos) en Sant Cugat del Vallès (los 2 casos han sido secuenciados). Un cuarto brote de ámbito familiar/domiciliario y en la enseñanza (3 casos) en Gurb con 1 caso secuenciado.

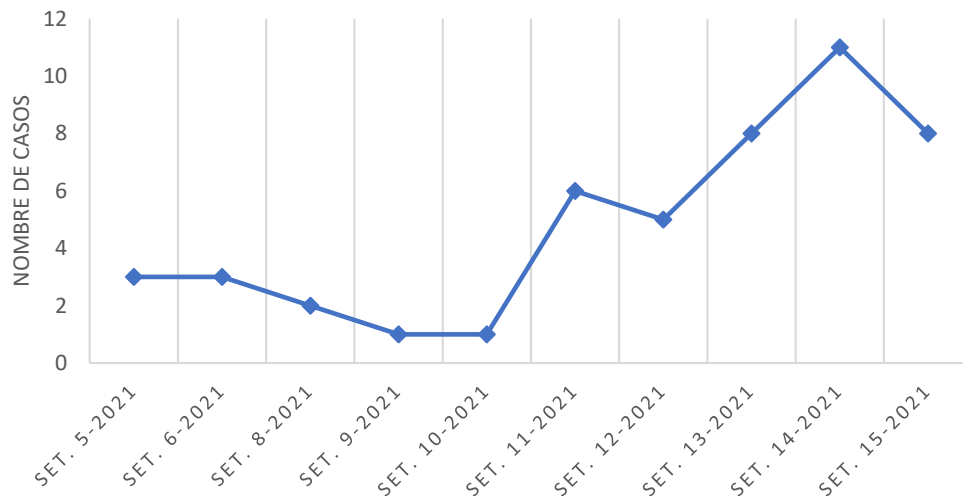
De los 34 casos de cribado, 8 corresponden a 4 brotes diferentes. El total de afectados en estos brotes ha sido de 20 casos. Los 4 brotes han tenido lugar en el Vallès.

Variante P.1 (Brasil)

A principios de enero de 2021, Japón notificó una nueva variante en cuatro personas procedentes de la Amazonia brasileña. La nueva variante pertenece al linaje B.1.1.28.1 y presenta unas 17 mutaciones de las cuales 10 están en el gen S, entre las cuales hay la mutación N501Y y la E484K e, igual que la variante sudafricana, tiene la mutación K417T, pero con un cambio de T (treonina), en lugar de N (asparagina, en la variante sudafricana) (anexo 1).

El primer caso en Cataluña registrado en el SNMC fue del 5 de febrero del 2021. En total, se han notificado 48 casos de esta variante, todos confirmados por secuenciación (figura 9). El último caso detectado por la variante BR fue durante la semana 15.

Figura 9. Evolución del número de casos detectados por la variante BR a lo largo del tiempo.
Cataluña diciembre 2020 - 2 de mayo de 2021.



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

Según la distribución por sexos, el 54,2% (26 casos) corresponde a hombres (tabla 14).

Tabla 14. Número de casos por la variante BR en función del sexo.
Cataluña diciembre 2020 - 2 de mayo de 2021.

SEXO	CASOS	% CASOS
Mujer	22	45,8%
Hombre	26	54,2%
TOTAL	48	100%

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

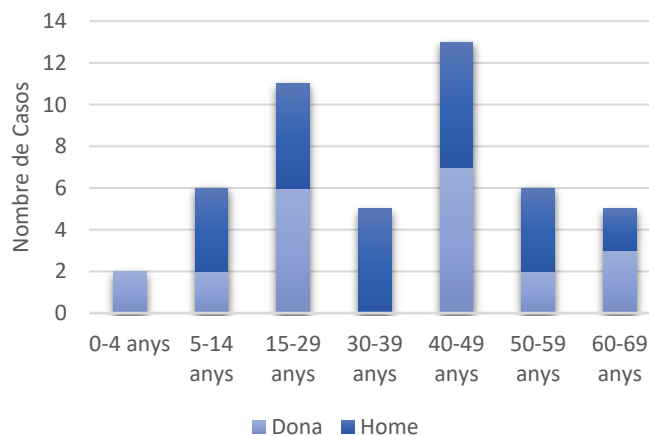
El grupo de edad con más casos es el de 40-49 años, que presenta 13 casos (27,1%), seguido del grupo 15-29 años con 11 casos (22,9%) (tabla 14, figura 10).

Tabla 15. Número de casos por la variante BR en función de los grupos de edad. Cataluña diciembre 2020 - 2 de mayo de 2021.

EDAD	CASOS	% CASOS
0-4 años	2	4,2%
5-14 años	6	12,5%
15-29 años	11	22,9%
30-39 años	5	10,4%
40-49 años	13	27,1%
50-59 años	6	12,5%
60-69 años	5	10,4%
TOTAL	48	100%

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

Figura 10. Número de casos por la variante BR en función de los grupos de edad y sexo. Cataluña diciembre 2020 - 2 de mayo de 2021.



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

Con respecto a la distribución por SVE, casi la mitad de los casos (45,8%) han tenido lugar en el Vallès (Occidental/Oriental), y el 18,8% en Girona (tabla 15, tabla 16).



*Tabla 16. Número de casos por la variante BR en función del SVE.
Cataluña diciembre 2020 - 2 de mayo de 2021.*

SVE	CASOS	% CASOS
Barcelona Zona Sud	1	2,1%
Barcelonès Nord - Maresme	3	6,3%
Catalunya Central	8	16,7%
Barcelona Ciutat	4	8,3%
Girona	9	18,8%
Vallès	22	45,8%
Fuera de Cataluña	1	2,1%
TOTAL	48	100,0%

*Otras CA (n=1)

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

*Tabla 17. Número de casos por la variante BR en función de la comarca.
Cataluña diciembre 2020 - 2 de mayo de 2021.*

COMARCA	CASOS	% CASOS
Bages	2	4,2%
Baix Llobregat	1	2,1%
Barcelonès	5	10,4%
Gironès	1	2,1%
Maresme	2	4,2%
Osona	6	12,5%
Selva	8	16,7%
Vallès Occidental	9	18,8%
Vallès Oriental	13	27,1%
Fuera de Cataluña	1	2,1%
TOTAL	48	100%

*Otras CA (n=1)

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

De los 48 casos secuenciados, 7 casos corresponden a 3 brotes diferentes. El total de afectados en estos brotes ha sido de 32.

Un primer brote, de ámbito familiar y lúdico, (11 casos) en Santa Eugènia de Berga, con 3 casos secuenciados. Un segundo brote, de ámbito comunitario, en Viladrau (7 casos),

con 2 casos secuenciados. Un tercer brote, de ámbito comunitario, en Sant Fruitós del Bages (14 casos), con 2 casos secuenciados.

Variantes de interés (VOI)

La repercusión de que otras variantes diferentes de las anteriores mencionadas puedan llegar a tener un papel importante todavía se desconoce. No obstante, es recomendable el seguimiento de los casos para conocer cambios de la situación epidemiológica.

En Cataluña, se han detectado 83 linajes diferentes de los mencionados anteriormente (tabla 17), de los cuales se destacan:

B.1.525 (Nigeria)

La variante B.1.525 no contiene la mutación N501Y, que sí que está presente en las variantes UK, S. A. y BR, pero contiene las mutaciones E484K y F888L, y la delección 69/70.

Los primeros casos se detectaron en diciembre del 2020 en el Reino Unido y en Nigeria, y el 15 de febrero la variante ya era predominante en Nigeria.

En Cataluña, el primer caso notificado al SNMC fue diagnosticado el 25 de enero de 2021. En total, se han notificado 35 casos de esta variante, todos confirmados por secuenciación. Más de la mitad de los casos (54,3%) se sitúan en las franjas de edad de entre 15 y 49 años, mientras que la frecuencia de sexo se distribuye de forma uniforme (aproximadamente, el 50% en ambos grupos). Veintiséis de los 35 casos (74,3%) se localizan en la región sanitaria de Lleida.

P.2

Se han detectado 2 casos de la variante P.2. Un caso en un hombre de 45 años en Montornès del Vallès (SVE Vallès) y el otro una niña de 10 años del Prat de Llobregat (SVE Barcelona Zona Sud).

B.1.1.222 (Mexicana)

Actualmente hay 5 casos de esta variante detectados en Cataluña. El primer caso, de que se diagnosticó el 1 de febrero de 2021, corresponde a una mujer de 61 años; los otros 4, a hombres de 13, 28, 36 y 64 años, de los cuales, tres viven en Badalona y uno en Sant Adrià del Besòs (SVE Barcelonés Norte-Maresme).

B.1.427 (Californiana)

Se han detectado 4 casos de esta variante en Cataluña. El 26 de febrero de 2021, 1 caso de un niño de 10 años, en Barcelona Ciutat, en un brote de ámbito familiar con 5 afectados (no se tiene información del resto de casos), y, el 9 de marzo de 2021, 1 caso, en un hombre de 68 años, también en Barcelona Ciutat. El 18 de marzo de 2021 1 caso en una mujer de 26 años de Castelldefels. El 8 de abril se diagnosticó 1 caso de una mujer de 31 años en Girona.

B.1.617 (India)

Esta variante se detectó por primera vez en la India en octubre de 2020. Presenta unas 13-15 mutaciones, de las cuales destacan: la mutación E4884Q (en la misma posición que la mutación E484K (presente en las variantes sudafricana y brasileña) y la mutación L452R (presente también en la variante californiana, la B.1.427/B.1.429).

Actualmente, hay dos casos confirmados de esta variante en Cataluña. El primer caso, con fecha de 16 de abril de 2021, en un hombre de 32 años en el SVE de Lleida. El segundo caso, con fecha de 28 de abril de 2021, en un hombre de 49 años en Barcelona Ciutat.



VOI y otros linajes circulantes

*Tabla 18. VOI y otras variantes circulantes.
 Cataluña diciembre 2020 - 2 de mayo de 2021.*

LINAJE	CASOS	% CASOS	LINAJE	CASOS	% CASOS
A.2	1	0,1%	B.1.128	1	0,1%
A.21	3	0,2%	B.1.160	39	2,7%
A.27	7	0,5%	B.1.166	1	0,1%
A.3	1	0,1%	B.1.177	901	62,4%
B	33	2,3%	B.1.177.1	1	0,1%
B.1	106	7,3%	B.1.177.10	3	0,2%
B.1.1	10	0,7%	B.1.177.14	4	0,3%
B.1.1.116	3	0,2%	B.1.177.15	21	1,5%
B.1.1.122	1	0,1%	B.1.177.18	1	0,1%
B.1.1.126	4	0,3%	B.1.177.2	1	0,1%
B.1.1.143	1	0,1%	B.1.177.21	2	0,1%
B.1.1.15	1	0,1%	B.1.177.22	27	1,9%
B.1.1.152	8	0,6%	B.1.177.32	4	0,3%
B.1.1.161	2	0,1%	B.1.177.4	3	0,2%
B.1.1.222	5	0,3%	B.1.177.40	1	0,1%
B.1.1.238	1	0,1%	B.1.177.43	1	0,1%
B.1.1.242	1	0,1%	B.1.177.62	1	0,1%
B.1.1.250	5	0,3%	B.1.177.7	2	0,1%
B.1.1.26	5	0,3%	B.1.177.81	2	0,1%
B.1.1.269	8	0,6%	B.1.195	1	0,1%
B.1.1.28	2	0,1%	B.1.2	2	0,1%
B.1.1.285	5	0,3%	B.1.221	29	2,0%
B.1.1.29	12	0,8%	B.1.221.1	1	0,1%
B.1.1.296	1	0,1%	B.1.222	1	0,1%
B.1.1.313	1	0,1%	B.1.235	6	0,4%
B.1.1.33	1	0,1%	B.1.258	8	0,6%
B.1.1.348	1	0,1%	B.1.331	1	0,1%
B.1.1.38	3	0,2%	B.1.36	4	0,3%
B.1.1.420	1	0,1%	B.1.36.31	1	0,1%
B.1.1.44	1	0,1%	B.1.361	17	1,2%
B.1.1.487	4	0,3%	B.1.378	1	0,1%
B.1.1.519	2	0,1%	B.1.416	3	0,2%
B.1.1.64	1	0,1%	B.1.416.1	14	1,0%
B.1.1.74	26	1,8%	B.1.427	4	0,3%
B.1.1.85	1	0,1%	B.1.5	5	0,3%
B.1.111	1	0,1%	B.1.525	35	2,4%
			B.1.526	1	0,1%



LINAJE	CASOS	% CASOS
B.1.575	8	0,6%
B.1.575.1	4	0,3%
B.1.596	1	0,1%
B.1.617.1	2	0,1%
B.10	1	0,1%
B.1620	1	0,1%

LINAJE	CASOS	% CASOS
B.31	1	0,1%
B.40	3	0,2%
P.2	2	0,1%
R.1	3	0,2%
TOTAL	1.445	100,0%

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

LABORATORIOS QUE NOTIFICAN CRIBADO Y/O SECUENCIACIÓN

- Althaia (Red Asistencial Universitaria de Manresa)
- Banco de Sangre y Tejidos*
- CATLAB
- Consorcio del Laboratorio Intercomarcal (CLI)
- Hospital Clínico*
- Hospital de Palamós
- Hospital de Olot Comarcal de la Garrotxa
- Hospital Germans Trias i Pujol*
- Hospital Sant Juan de Dios (Esplugues)
- Hospital Parc Taulí
- Hospital Universitario de Girona Doctor Josep Trueta
- Hospital Universitario Arnau de Vilanova
- Hospital Universitario de Bellvitge*
- Hospital Universitario Vall d'Hebron*
- Hospital Sant Joan de Reus
- Hospital Joan XXIII
- Lab. GENETICS
- Laboratorio de Referencia de Catalunya*
- Laboratorio ECHEVARNE
- Laboratorio MDB
- SYNLAB (Diagnósticos Globales, S. A.)
- Teletest

*Laboratorios que realizan la secuenciación del genoma del coronavirus SARS-CoV-2 en Cataluña.

NOTA: Estos laboratorios pueden cambiar dependiendo de las capacidades y las técnicas que utilicen en su centro.



ANEXO 1: MUTACIONES Y CARACTERÍSTICAS DE CADA VARIANTE DEL CORONAVIRUS SARS-COV-2

Principales variantes de interés para la salud pública (VOC)

VARIANTE	MUTACIONES MÁS RELEVANTES	IMPACTO POTENCIAL PARA LA SALUD PÚBLICA	DISPERSIÓN GEOGRÁFICA
B.1.1.7 (UK)	N501Y, del 69-70, P681H, Y144 del, A540D	Aumento de la transmisibilidad. Posible incremento de la letalidad. Escaso efecto sobre la inmunidad. Ligera reducción de la efectividad vacunal.	Predominante en el Reino Unido, Irlanda, Israel y rápida progresión en otros países (especialmente europeos).
B.1.351 (501.V2) (Sudáfrica)	N501Y, E484K, K417N, L18F, A701V, del ORF1b	Probable aumento de la transmisibilidad. Reducción de la neutralización de sueros mono y policlonales. Reducción de la efectividad vacunal entre moderada y alta.	Sudáfrica, Zambia, Botsuana y otros países del sur de África; casos en numerosos países europeos. Importante presencia en el Tirol (Austria).
P.1 (Brasil)	S: N501Y, E484K, K417T, del ORF1b	Transmisibilidad y escape a la respuesta inmunitaria en estudio. Reducción de títulos de anticuerpos neutralizados en sueros vacunados.	Región de Manaus (Brasil). Casos en otros países, la mayoría con vínculo con el Brasil.

Otras variantes de interés (VOI)

VARIANTE	MUTACIONES MÁS RELEVANTES	IMPACTO POTENCIAL PARA LA SALUD PÚBLICA	DISPERSIÓN GEOGRÁFICA
P.2	E484K	Mutaciones compatibles con la reducción de la capacidad de neutralización.	Brasil (Río de Janeiro). Casos aislados en otros países, relacionados con viajes.
B.1.525	E484K, F888L, del 69-70, Q677H	Mutaciones compatibles con la reducción de la capacidad de neutralización.	Dinamarca, Reino Unido, Países Bajos, Noruega, EE.UU., Canadá. Relacionados con Nigeria.
B.1.427/B.1.429	L425R, S13I, W152C	Mutaciones compatibles con el aumento de la transmisión.	Aumento en noviembre-diciembre en California.
B.1.526	E484K, A701V D253G	Mutaciones compatibles con la reducción de la capacidad de neutralización.	Rápida expansión en el área metropolitana de Nueva York.
C.16	L425R	Mutaciones compatibles con la reducción de la capacidad de neutralización.	Expansión geográfica en Portugal desde noviembre.



VARIANTE	MUTACIONES MÁS RELEVANTES	IMPACTO POTENCIAL PARA LA SALUD PÚBLICA	DISPERSIÓN GEOGRÁFICA
A.23.1	F157L, V367F, Q613H, P681R	Mutaciones compatibles con el aumento de la transmisión.	Detectada recientemente en el Reino Unido. Escasos casos en otros países.
B.1.1.7 con E484K	Similar a B.1.1.7 y E484K	Similar a B.1.1.7 y posible mayor escape a la respuesta inmunitaria.	23 casos en Inglaterra, 1 caso en los Países Bajos.
B.1.617	L452R, P618R, +/- E484Q	Mutaciones compatibles con posible escape a la inmunidad y con moderado aumento de la transmisibilidad	Reciente expansión en la India coincidiendo con un aumento de la incidencia. La mayoría de los casos detectados en otros países son importados.
B.1.621	R346K, E484K, N501Y	Mutaciones compatibles con aumento de la transmisibilidad y escape a la respuesta inmunitaria en variantes previas	La mayor parte de las secuencias provienen de Colombia.

Tabla basada en la: *Actualización de la situación epidemiológica de las variantes de SARS-CoV-2 de importancia en salud pública en España*. Fecha: 4 de mayo de 2021.

(https://www.mscbs.gob.es/profesionales/saludPublica/ccayes/alertasActual/nCov/documentos/COVID19/Actualizacion_variantes_20210504.pdf)

Elaboración: Pilar Ciruela, Aurora Sabrià, Cèlia Serrano, Carolina Ferrer, Sergi Mendoza, Jacobo Mendioroz.

Agradecimientos: Red del Sistema de Notificación Microbiológica de Cataluña (SNMC) y Red de Vigilancia Epidemiológica de Cataluña (XVEC).

Fuente: Sistema de Notificación Microbiológica de Cataluña y TAGA-COVID-19 Servicio de Prevención y Control de Enfermedades Emergentes. Subdirección General de Vigilancia y Respuesta a Emergencias de Salud Pública.