

## **INFORME DE VIGILANCIA DE LAS VARIANTES GENÓMICAS DEL CORONAVIRUS SARS-CoV-2. CASOS NOTIFICADOS AL SISTEMA DE NOTIFICACIÓN MICROBIOLÓGICA DE CATALUÑA (SNMC), Cataluña 14/05/2021 – Semana 18-2021**

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 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](#).

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 9 de mayo de 2021 (semana 18).

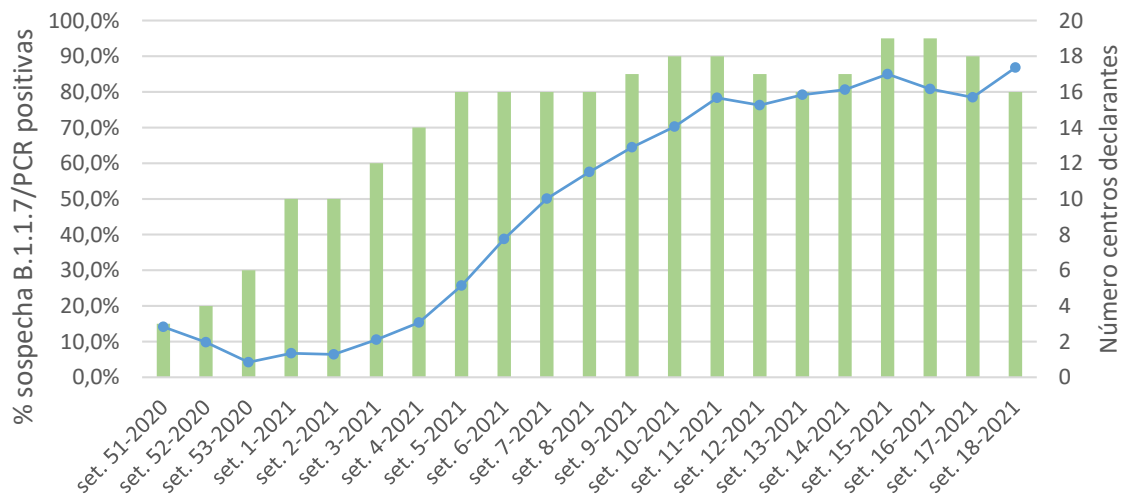
**Análisis 1:** Para el análisis siguiente, se han tenido en cuenta los casos de los centros que han facilitado la información a partir de una encuesta que recoge el número total de muestras con la delección 69/70 del gen S (y, en algunos casos, la mutación N501Y del mismo gen), respecto del número total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

Desde el 14 de diciembre hasta el 9 de mayo se han detectado **46.593 casos de SARS-CoV-2 confirmados** con PCR específica. De estos, **23.838** casos tenían delección y/o mutación en el gen S, lo que representa un **51,2%** 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 realizadas 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 **78,5% la semana 17** (del 26/04/2021 al 02/05/2021), y al **86,8% la última semana analizada** (del 03/05/2021 al 09/05/2021). Los datos de esta última semana son provisionales, con 16 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 realizadas con una PCR capaz de detectar la B.1.1.7.**

*Cataluña diciembre 2020 - 09 de mayo 2021.*



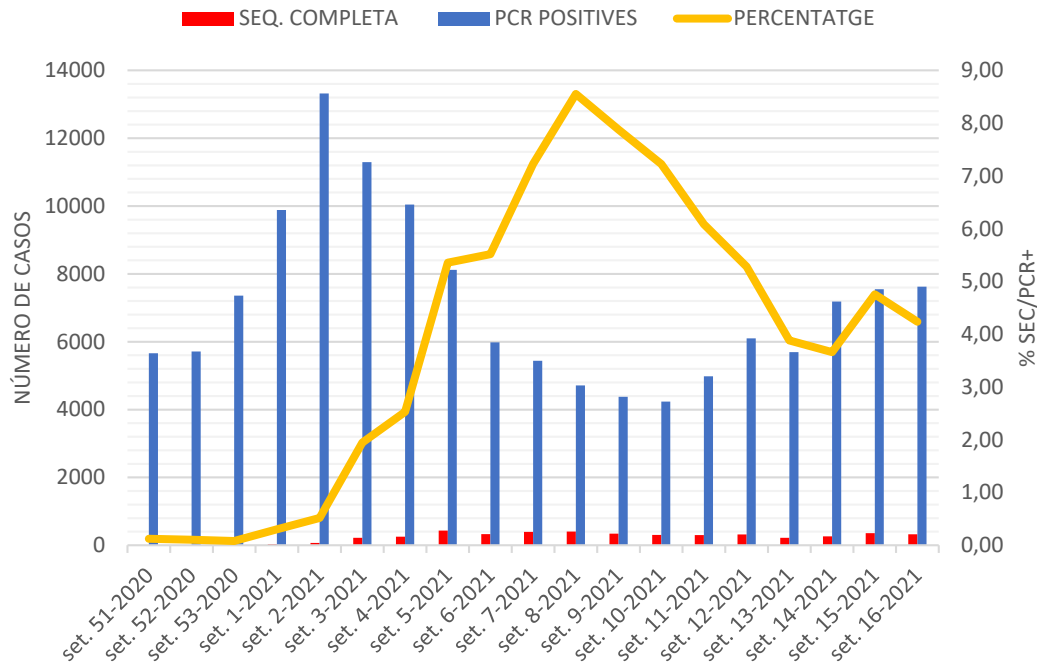
Fuente: Sistema de Notificación Microbiológica de Cataluña. Subdirección General de Vigilancia y Respuesta a Emergencias de Salud Pública. Secretaría de Salud Pública.

**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 9 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 14 (05/04/21-11/04/21), 15 (12/04/21-18/04/21) y 16 (19/04/21 - 25/04/21) se ha hecho la **secuenciación** de los casos de coronavirus SARS-CoV-2 positivos por PCR en 263 muestras (3,66%), 359 muestras (4,75%) y 323 muestras (4,24%) del total de casos, respectivamente, (figura 2).

**Figura 2. Casos secuenciados en función de las PCR+ Cataluña diciembre 2020 - 25 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 16, los porcentajes de secuenciación notificados han variado desde el 9,0% en Barcelona Zona Sud, el 8,0% en el Barcelonès Nord-Maresme, el 5,0% en la Catalunya Central, el 4% en el Vallès, el 3,0% en Girona y 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 - 25 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	1.595	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%	1.471	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%	619	3%	1.019	10%	387	5%	398	2%	182	7%	45	9%	1.102	6%
set. 8-2021	711	13%	675	12%	503	3%	834	13%	378	7%	374	2%	177	2%	23	13%	1.033	5%
set. 9-2021	698	8%	681	14%	542	5%	730	12%	330	7%	371	0%	103	0%	13	8%	909	6%
set. 10-2021	612	3%	518	9%	576	9%	633	16%	350	1%	403	1%	170	2%	0	0%	954	8%
set. 11-2021	645	2%	417	14%	672	4%	950	10%	437	2%	447	2%	253	1%	18	0%	1.141	7%
set. 12-2021	807	6%	562	11%	613	3%	1.262	7%	626	5%	558	1%	316	0%	0	0%	1.337	5%
set. 13-2021	819	7%	591	2%	489	7%	1.123	6%	607	4%	551	1%	268	0%	57	0%	1.187	2%
set. 14-2021	1.031	2%	558	7%	750	5%	1.397	6%	813	1%	685	1%	376	0%	47	0%	1.522	4%
set. 15-2021	1.023	2%	580	14%	894	5%	1.283	6%	1.000	1%	703	0%	460	0%	64	0%	1.542	7%
set. 16-2021	1.032	9%	612	8%	796	5%	1.138	3%	911	3%	717	0%	460	0%	101	0%	1.858	4%

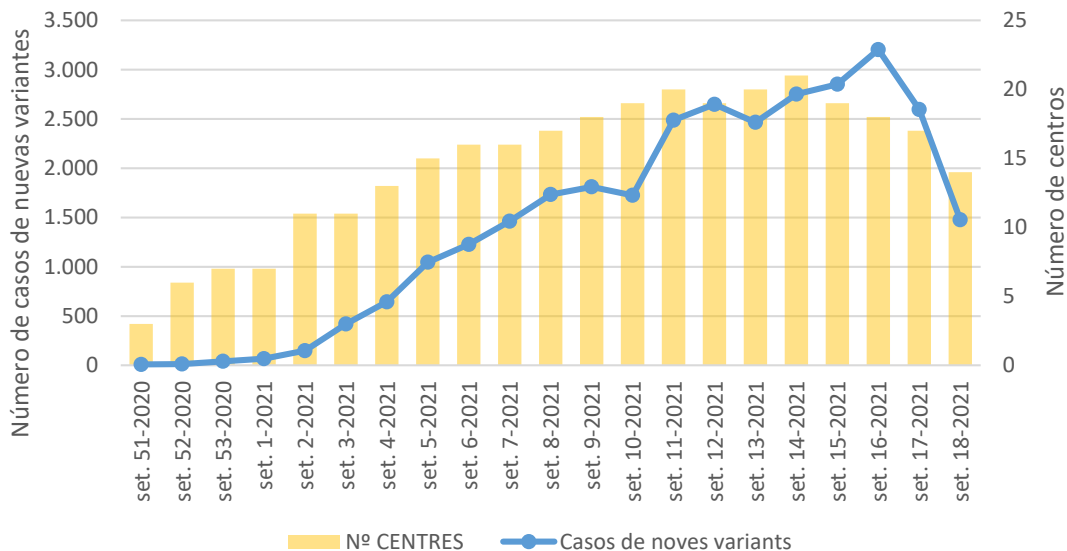
Fuente: Sistema de Notificación Microbiológica de Cataluña. Subdirección General de Vigilancia y Respuesta a Emergencias de Salud Pública. Secretaría de Salud Pública.

Durante el periodo de estudio (14 de diciembre - 09 de mayo), **se han notificado 30.827 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 16 (19/04/21 - 25/04/21) de 3.203 casos.

Durante la primera semana de estudio; semana 51 (14/12/20 - 20/12/20) se notificaron 9 casos, mientras que a la última semana de estudio; semana 18 (03/05/21 - 09/05/21) se han notificado 1.477.

Los datos de la semana 18 son provisionales, dado que hay centros que lo notifican con retraso (figura 3).

**Figura 3. Número de casos de nuevas variantes por semanas epidemiológicas y número de centros declarantes. Cataluña diciembre 2020 - 9 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.

De las 30.827 muestras analizadas, se ha realizado la secuenciación completa al 15,2% y la parcial al 1,2% (tabla 2).

**Tabla 2. Número de casos de nuevas variantes por tipo de técnica. Cataluña diciembre 2020 - 9 de mayo de 2021.**

TIPO TÉCNICA	CASOS	% CASOS
Cribado PCR	25.761	83,6%
Secuenciación completa	4.692	15,2%
Secuenciación parcial	374	1,2%
<b>TOTAL</b>	<b>30.827</b>	<b>100,0%</b>

\*De estos 30.827 casos, 58 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 94,2% de casos de la variante británica (UK) (tabla 3).

**Tabla 3. Número de casos por variante.**  
**Cataluña diciembre 2020 - 9 de mayo de 2021.**

	VARIANTE	CASOS	% CASOS
VOC	UK - B.1.1.7	29.031	94,2%
	SA - B.1.351	99	0,3%
	BR - P.1	82	0,3%
VOI	VOI y otros	1.615	5,2%
	<b>TOTAL</b>	<b>30.827</b>	<b>100,0%</b>

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 88,4%, mientras que en las variantes SA y BR predomina la secuenciación completa (65,7% y 100,0%, respectivamente) (tabla 4). Cuando se ha encontrado un patrón compatible para la variante SA se ha realizado una PCR para buscar la mutación K417N/T, la E484K o V1176F.

**Tabla 4. Número de casos de VOC por tipo de técnica.**  
**Cataluña diciembre 2020 - 9 de mayo de 2021.**

TIPO TÉCNICA	UK	% UK	SA	% SA	BR	% BR
Cribado PCR	25.669	88,4%	34	34,3%	0	0,0%
Secuenciación completa	3.046	10,5%	65	65,7%	82	100,0%
Secuenciación parcial	316	1,1%	0	0,0%	0	0,0%
<b>TOTAL</b>	<b>29.031</b>	<b>100,0%</b>	<b>99</b>	<b>100,0%</b>	<b>82</b>	<b>100,0%</b>

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.

La variante B.1.1.7 (29.031 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 (62,9%). La variante B.1.351 (99 casos) y la variante P.1 (82 casos), se concentran también en Barcelona (91% y 64,6%, respectivamente) (tabla 5).



Tabla 5. Comparativa de región sanitaria para VOC.  
 Cataluña diciembre 2020 - 9 de mayo de 2021.

REGIÓN SANITARIA	VARIANTE					
	UK - B.1.1.7	% UK	SA - B.1.351	% SA	BR - P.1	% BR
Alto Pirineu i Aran	504	1,7%	0	0%	0	0,0%
Barcelona	18.258	62,9%	90	91%	53	64,6%
Camp de Tarragona	652	2,2%	0	0%	0	0,0%
Catalunya Central	4.333	14,9%	5	5%	18	22,0%
Girona	1.155	4,0%	2	2%	10	12,2%
Lleida	3.140	10,8%	0	0%	0	0,0%
Terres de l'Ebre	195	0,7%	0	0%	0	0,0%
Fuera de Cataluña	28	0,1%	1	1%	1	1,2%
Desconocido	766	2,6%	1	1%	0	0,0%
<b>TOTAL</b>	<b>29.031</b>	<b>100,0%</b>	<b>99</b>	<b>100,0%</b>	<b>82</b>	<b>100,0%</b>

\*Otras CCAA (n=23); Fuera de España (n=7)

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 delección 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 29.031 casos de variante B.1.1.7. No se observan diferencias entre la frecuencia de casos de hombres y mujeres (tabla 6).

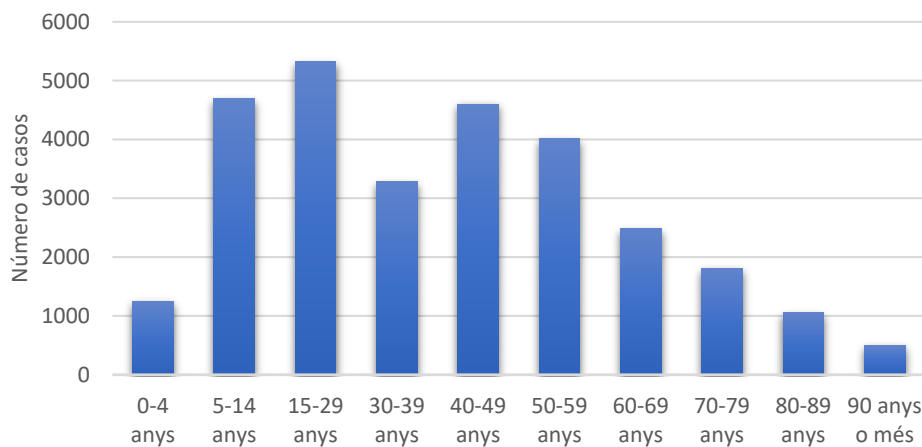
*Tabla 6. Número de casos por la variante UK en función del sexo. Cataluña diciembre 2020 - 9 de mayo de 2021.*

<b>SEXO</b>	<b>CASOS</b>	<b>% CASOS</b>
Mujer	14.734	50,8%
Hombre	14.284	49,2%
Desconocido	13	0,0%
<b>TOTAL</b>	<b>29.031</b>	<b>100,0%</b>

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).

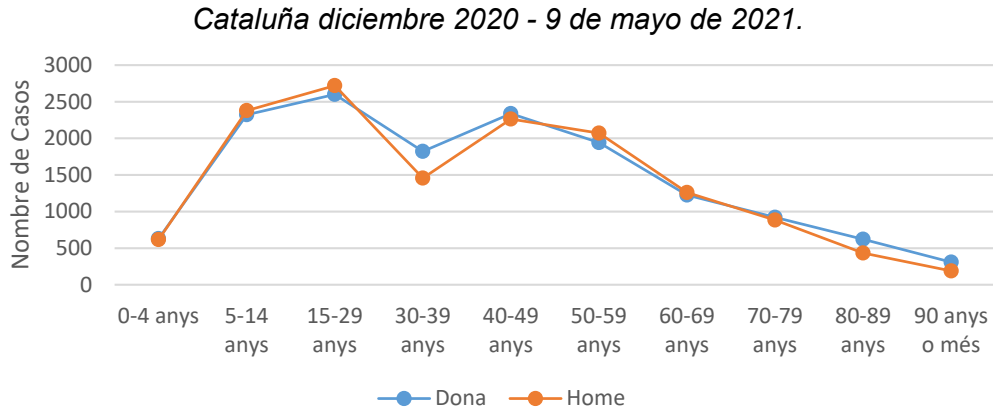
*Figura 4. Número de casos por la variante UK en función de los grupos de edad. Cataluña diciembre 2020 - 9 de mayo de 2021.*



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 y de 80 a 89 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 ligeramente superior (figura 5).

**Figura 5. Número de casos por la variante UK 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.

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 7).

**Tabla 7. Número de casos por la variante UK en función del SVE**

**Cataluña diciembre 2020 - 9 de mayo de 2021.**

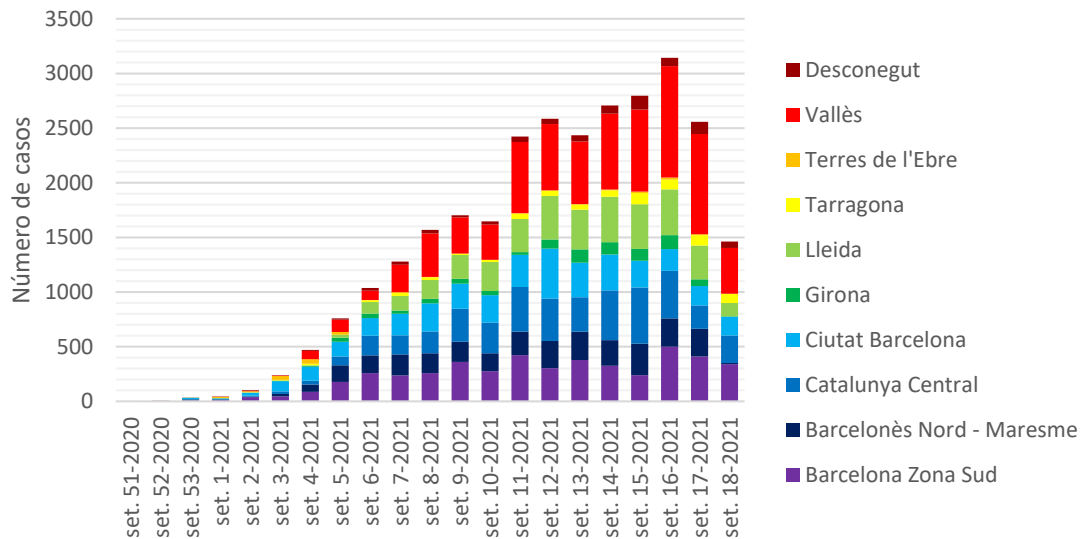
SVE	CRIBADO	% CRIB.	SECUENCIACIÓN	% SEC.	TOTAL
Barcelona Zona Sud	4.190	89,6%	488	10,4%	4.678
Barcelonès Nord - Maresme	2.219	76,2%	693	23,8%	2.912
Catalunya Central	3.945	92,3%	327	7,7%	4.272
Barcelona Ciutat	2.754	74,5%	942	25,5%	3.696
Girona	728	81,6%	164	18,4%	892
Lleida	3.651	99,7%	12	0,3%	3.663
Tarragona	670	95,2%	34	4,8%	704
Terres de l'Ebre	168	86,2%	27	13,8%	195
Vallès	6.611	91,5%	613	8,5%	7.224
Fuera de Cataluña	27	93,1%	2	6,9%	29
Desconocido	706	92,2%	60	7,8%	766
<b>TOTAL</b>	<b>25.669</b>	<b>88,4%</b>	<b>3.362</b>	<b>11,6%</b>	<b>29.031</b>

\*Otras CA (n=22); fuera de España (n=7).

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 Barcelona Zona Sud (figura 6).

*Figura 6. Número de casos por la variante UK en función del SVE Cataluña diciembre 2020 - 9 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 (18,0%) y el Baix Llobregat (8,2%) (tabla 8).

*Tabla 8. Número de casos por la variante UK en función de la comarca. Cataluña diciembre 2020 - 9 de mayo 2021*

COMARCA	CASOS	% CASOS	COMARCA	CASOS	% CASOS
Alt Camp	35	0,1%	Baix Empordà	58	0,2%
Alt Empordà	57	0,2%	<b>Baix Llobregat</b>	<b>2.384</b>	<b>8,2%</b>
Alt Penedès	523	1,8%	Baix Penedès	69	0,2%
Alt Urgell	52	0,2%	<b>Barcelonès</b>	<b>6.343</b>	<b>21,8%</b>
Alta Ribagorça	23	0,1%	Berguedà	225	0,8%
Anoia	1.199	4,1%	Cerdanya	157	0,5%
Aran	105	0,4%	Conca de Barberà	22	0,1%
Bages	1.791	6,2%	Garraf	428	1,5%
Baix Camp	464	1,6%	Garrigues	118	0,4%
Baix Ebre	41	0,1%	Garrotxa	77	0,3%



COMARCA	CASOS	% CASOS
Gironès	143	0,5%
Maresme	1.598	5,5%
Moianès	148	0,5%
Montsià	130	0,4%
Noguera	296	1,0%
Osona	947	3,3%
Pallars Jussà	69	0,2%
Pallars Sobirà	106	0,4%
Pla de l'Estany	24	0,1%
Pla d'Urgell	483	1,7%
Priorat	4	0,0%
Ribera d'Ebre	15	0,1%
Ripollès	37	0,1%

COMARCA	CASOS	% CASOS
Segarra	65	0,2%
Segrià	1.860	6,4%
Selva	503	1,7%
Solsonès	18	0,1%
Tarragonès	108	0,4%
Terra Alta	13	0,0%
Urgell	306	1,1%
<b>Vallès Occidental</b>	<b>5.216</b>	<b>18,0%</b>
Vallès Oriental	1.976	6,8%
Fuera de Catalunya	29	0,1%
Desconocido	766	2,6%
<b>TOTAL</b>	<b>29.031</b>	<b>100,0%</b>

\* Otros CA (n=22); fuera de España (n=7).

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.

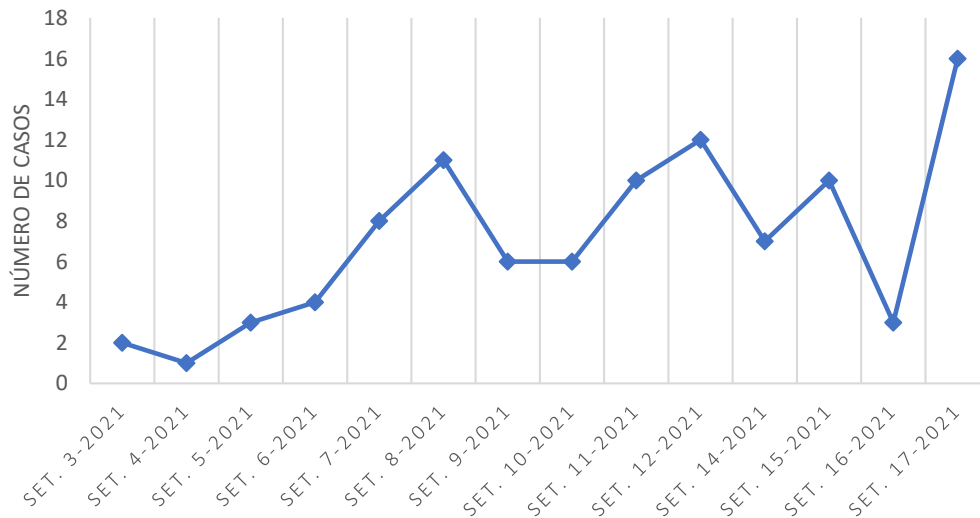
La variante B.1.351 tiene unas 21 mutaciones, de las cuales 9 están en el gen S. Comparte algunas mutaciones (como la N501Y) con la variante británica, pero preocupa porque, además, tiene otras mutaciones en la misma región RBD: E484K y K417N. La mutación E484K supone un cambio de aminoácido asociado 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 en 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 **99 casos** de esta variante, de los cuales 65 (65,7%) se han confirmado por secuenciación completa (figura 7). Los últimos casos se han detectado en la semana 17.

*Figura 7. Evolución del número de casos detectados por la variante SA a lo largo del tiempo.  
Cataluña diciembre 2020 - 9 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 51,5% (51 casos) corresponde a las mujeres, el 48,5% restante (48 casos) corresponde a los hombres (tabla 9).

*Tabla 9. Número de casos por la variante SA en función del sexo.  
Cataluña diciembre 2020 - 9 de mayo de 2021.*

<b>SEXO</b>	<b>CASOS</b>	<b>% CASOS</b>
Mujer	51	51,5%
Hombre	48	48,5%
<b>TOTAL</b>	<b>99</b>	<b>100,0%</b>

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



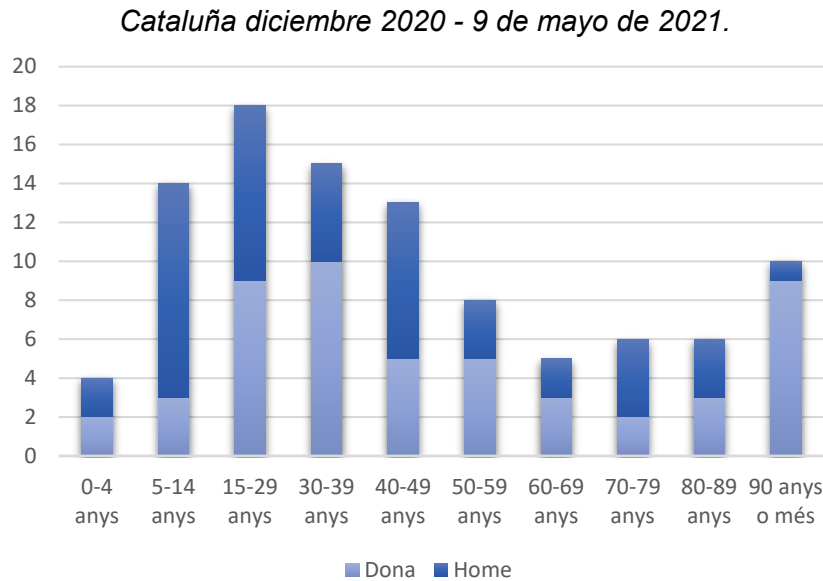
Respecto de los grupos de edad, se han detectado casos en todas las franjas de edad, aunque los jóvenes de 15-29 años es el grupo con más frecuencia de casos (18,2%), seguido del grupo de adultos de 30-39 años (15,2%) y del de niños de 5-14 años (14,1%) (tabla 10, figura 8).

*Tabla 10. Número de casos la variante SA en función de los grupos de edad. Cataluña diciembre 2020 - 9 de mayo de 2021.*

<b>EDAD</b>	<b>CASOS</b>	<b>% CASOS</b>
0-4 años	4	4,0%
5-14 años	14	14,1%
15-29 años	18	18,2%
30-39 años	15	15,2%
40-49 años	13	13,1%
50-59 años	8	8,1%
60-69 años	5	5,1%
70-79 años	6	6,1%
80-89 años	6	6,1%
90 años o más	10	10,1%
<b>TOTAL</b>	<b>99</b>	<b>100,0%</b>

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 43,4%, seguido de Barcelona Zona Sud, con un 25,3% (tabla 11).

**Tabla 11. Número de casos por la variante SA en función del SVE. Cataluña diciembre 2020 - 9 de mayo de 2021.**

<b>SVE</b>	<b>CASOS</b>	<b>% CASOS</b>
Barcelona Zona Sud	25	25,3%
Barcelonès Nord - Maresme	3	3,0%
Catalunya Central	5	5,1%
Barcelona Ciutat	20	20,2%
Girona	1	1,0%
Vallès	43	43,4%
Fuera de Cataluña	1	1,0%
Desconocido	1	1,0%
<b>TOTAL</b>	<b>99</b>	<b>100,0%</b>

\*Otras CCAA (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 12. Número de casos por la variante SA en función de la comarca.  
Cataluña diciembre 2020 - 09 de mayo de 2021.*

<b>COMARCA</b>	<b>CASOS</b>	<b>% CASOS</b>
Alt Penedès	2	2,0%
Bages	3	3,0%
Baix Empordà	1	1,0%
Baix Llobregat	18	18,2%
<b>Barcelonès</b>	<b>24</b>	<b>24,2%</b>
Garraf	1	1,0%
Maresme	3	3,0%
Osona	2	2,0%
<b>Vallès Occidental</b>	<b>40</b>	<b>40,4%</b>
Vallès Oriental	3	3,0%
Fuera de Cataluña	1	1,0%
Desconocido	1	1,0%
<b>TOTAL</b>	<b>99</b>	<b>100,0%</b>

\*Otras CCAA (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 65 casos secuenciados, 23 corresponden a 5 brotes diferentes. El total de afectados en estos brotes ha sido de 53 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 enseñanza (3 casos) en Gurb con 1 caso secuenciado. Un quinto brote ha tenido lugar en la residencia municipal Can Comelles de Esparreguera, con más de 26 afectados, de los cuales se han secuenciado 16 casos.

De los 34 casos de cribado, 8 casos corresponden a 4 brotes al Vallès. El total de afectados en estos brotes ha sido de 20 casos.

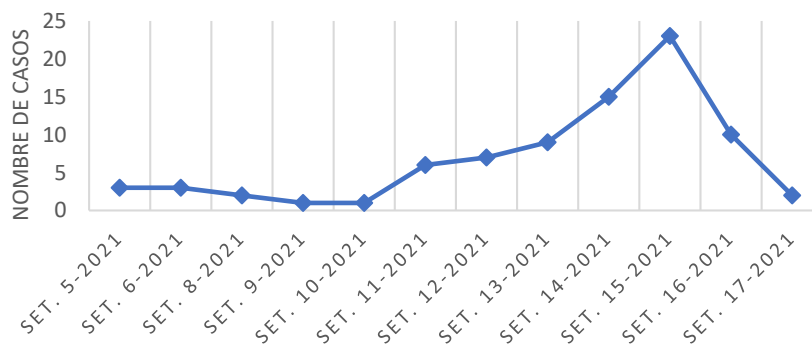
## Variante P.1 (Brasil)

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 82 casos de esta variante, todos confirmados por secuenciación (figura 9). El último caso detectado por la variante BR fue durante la semana 17.

*Figura 9. Evolución del número de casos detectados por la variante BR a lo largo del tiempo.*

*Cataluña diciembre 2020 - 9 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 48,8% (40 casos) corresponde a hombres, mientras que el 51,2% restante (42 casos) corresponde a las mujeres (tabla 13).

*Tabla 13. Número de casos por la variante BR en función del sexo.*

*Cataluña diciembre 2020 - 2 de mayo de 2021.*

SEXO	CASOS	% CASOS
Mujer	42	51,2%
Hombre	40	48,8%
<b>TOTAL</b>	<b>82</b>	<b>100%</b>

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 19 casos (23,2%), seguido de los grupos de 15-29 años y 50-59 años con 15 casos (18,3%) (tabla 14, figura 10).

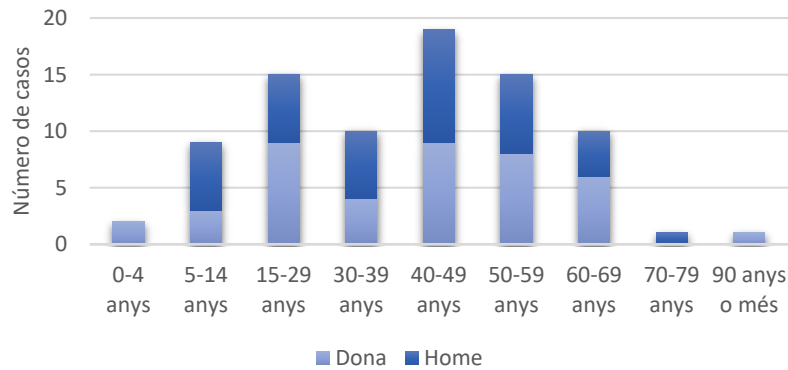
*Tabla 14. Número de casos por la variante BR en función de los grupos de edad. Cataluña diciembre 2020 - 2 de mayo de 2021.*

<b>EDAD</b>	<b>CASOS</b>	<b>% CASOS</b>
0-4 años	2	2,4%
5-14 años	9	11,0%
15-29 años	15	18,3%
30-39 años	10	12,2%
40-49 años	19	23,2%
50-59 años	15	18,3%
60-69 años	10	12,2%
70-79 años	1	1,2%
90 años o más	1	1,2%
<b>TOTAL</b>	<b>82</b>	<b>100%</b>

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 - 9 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 (43,9%) han tenido lugar en el Vallès (Occidental/Oriental), seguido de la Catalunya Central (22,0%) (tabla 15, tabla 16).

**Tabla 15. Número de casos por la variante BR en función del SVE.**  
*Cataluña diciembre 2020 - 9 de mayo de 2021.*

SVE	CASOS	% CASOS
Barcelona Zona Sud	8	9,8%
Barcelonès Nord - Maresme	6	7,3%
Catalunya Central	18	22,0%
Barcelona Ciutat	4	4,9%
Girona	9	11,0%
Vallès	36	43,9%
Fuera de Cataluña	1	1,2%
<b>TOTAL</b>	<b>82</b>	<b>100,0%</b>

\*OTRAS CCAA (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 16. Número de casos por la variante BR en función de la comarca. Cataluña diciembre 2020 - 9 de mayo de 2021.*

<b>COMARCA</b>	<b>CASOS</b>	<b>% CASOS</b>
Anoia	7	8,5%
Bages	5	6,1%
Baix Llobregat	7	8,5%
Barcelonès	9	11,0%
Gironès	1	1,2%
Maresme	2	2,4%
Osona	6	7,3%
Selva	8	9,8%
<b>Vallès Occidental</b>	<b>18</b>	<b>22,0%</b>
<b>Vallès Oriental</b>	<b>18</b>	<b>22,0%</b>
Fuera de Cataluña	1	1,2%
<b>TOTAL</b>	<b>82</b>	<b>100%</b>

\*Otras CCAA (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 82 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 86 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, SA 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 41 casos de esta variante, todos confirmados por secuenciación. La franja de edad con más casos ha sido la de 50-59 años (24,4%), seguido de 40-49 años (22,0%). Más del 60% de los casos 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 Barcelonès Nord-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 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 la variante sudafricana y brasileña) y la mutación L452R (presente también en la variante californiana, la B.1.427/B.1.429).

Dentro del linaje B.1.617 hay tres sublinajes que tienen algunas diferencias en sus mutaciones. Los sublinajes B.1.617.1 y B.1.617.3 presentan las mutaciones E484Q y L452R, mientras que el B.1.617.2 no presenta la mutación E484Q. De los tres sublinajes, el B.1.617.1 y el B.1.617.2 han experimentado una importante expansión en los últimos meses; por el contrario, el B.1.617.3 no parece haberse expandido.

El primer caso notificado en Cataluña fue el 16 de abril de 2021. Actualmente, hay 12 casos confirmados de esta variante que corresponden a: B.1.617 (1 caso); B.1.617.1 (2 casos); B.1.617.2 (9 casos). El 66,7% de los casos corresponde a hombres. El grupo de edad con más frecuencia de casos es el de 30-39 años (50%). Más del 80% de los casos se localizan en la región sanitaria de Girona.

### VOI y otros linajes circulantes

*Tabla 17. VOI y otras variantes circulantes.  
Cataluña diciembre 2020 - 9 de mayo de 2021.*

LINAJE	CASOS	% CASOS	LINAJE	CASOS	% CASOS
A.2	1	0,1%	B.1.1.143	1	0,1%
A.21	3	0,2%	B.1.1.15	1	0,1%
A.27	9	0,6%	B.1.1.152	8	0,5%
A.3	1	0,1%	B.1.1.161	2	0,1%
B	33	2,2%	B.1.1.222	5	0,3%
B.1	109	7,3%	B.1.1.238	1	0,1%
B.1.1	10	0,7%	B.1.1.242	1	0,1%
B.1.1.116	3	0,2%	B.1.1.250	5	0,3%
B.1.1.122	1	0,1%	B.1.1.26	5	0,3%
B.1.1.126	4	0,3%	B.1.1.269	8	0,5%
			B.1.1.28	3	0,2%



LINAJE	CASOS	% CASOS
B.1.1.285	5	0,3%
B.1.1.29	12	0,8%
B.1.1.296	1	0,1%
B.1.1.313	1	0,1%
B.1.1.33	1	0,1%
B.1.1.348	1	0,1%
B.1.1.38	3	0,2%
B.1.1.420	2	0,1%
B.1.1.44	1	0,1%
B.1.1.487	4	0,3%
B.1.1.519	2	0,1%
B.1.1.64	1	0,1%
B.1.1.74	26	1,7%
B.1.1.85	1	0,1%
B.1.111	1	0,1%
B.1.128	1	0,1%
B.1.160	39	2,6%
B.1.166	1	0,1%
B.1.177	919	61,6%
B.1.177.1	1	0,1%
B.1.177.10	3	0,2%
B.1.177.14	4	0,3%
B.1.177.15	21	1,4%
B.1.177.18	1	0,1%
B.1.177.2	1	0,1%
B.1.177.21	2	0,1%
B.1.177.22	27	1,8%
B.1.177.32	4	0,3%
B.1.177.4	3	0,2%
B.1.177.40	1	0,1%
B.1.177.43	1	0,1%
B.1.177.62	1	0,1%
B.1.177.7	2	0,1%
B.1.177.81	2	0,1%

LINAJE	CASOS	% CASOS
B.1.195	1	0,1%
B.1.2	2	0,1%
B.1.221	29	1,9%
B.1.221.1	1	0,1%
B.1.222	1	0,1%
B.1.235	6	0,4%
B.1.258	8	0,5%
B.1.331	1	0,1%
B.1.36	4	0,3%
B.1.36.31	1	0,1%
B.1.361	17	1,1%
B.1.378	1	0,1%
B.1.416	3	0,2%
B.1.416.1	14	0,9%
B.1.427	4	0,3%
B.1.5	5	0,3%
B.1.525	41	2,7%
B.1.526	1	0,1%
B.1.575	9	0,6%
B.1.575.1	8	0,5%
B.1.596	1	0,1%
B.1.617	1	0,1%
B.1.617.1	2	0,1%
B.1.617.2	9	0,6%
B.10	1	0,1%
B.1.620	1	0,1%
B.31	1	0,1%
B.40	3	0,2%
N.5	1	0,1%
P.2	2	0,1%
R.1	3	0,2%
<b>TOTAL</b>	<b>1.492</b>	<b>100,0%</b>

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 SECUENCIACIÓN Y/O CRIBADO**

### **SECUENCIACIÓN**

Banco de Sangre y Tejidos

Hospital Clínic

Hospital Germans Trias i Pujol

Hospital Universitario de Bellvitge

Hospital Universitario Vall d'Hebron

Laboratorio de Referencia de Cataluña

NOTA: también notifican resultados de cribado

### **CRIBADO**

Althaia (Red Asistencial Universitaria de Manresa)

CATLAB

Consorcio del Laboratorio Intercomarcal (CLI)

Hospital Sant Juan de Dios (Esplugues)

Hospital de Palamós

Hospital de Olot Comarcal de la Garrotxa

Hospital Parc Taulí

Hospital Universitario de Girona Doctor Josep Trueta

Hospital Joan XXIII

Hospital Universitario Arnau de Vilanova de Lleida

Hospital Sant Joan de Reus

Lab. GENETICS

Laboratorio ECHEVARNE

Laboratorio MDB

SYNLAB (Diagnósticos Globales, SA)

Teletest

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>B.1.1.7 (UK)</b>	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>B.1.351 (501.V2) (Sudáfrica)</b>	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).
<b>P.1 (Brasil)</b>	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
<b>P.2</b>	E484K	Mutaciones compatibles con la reducción de la capacidad de neutralización.	Brasil (Río de Janeiro). Casos aislados en otros países, relacionados con viajes.
<b>B.1.525</b>	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>B.1.427/B.1.429</b>	L425R, S13I, W152C	Mutaciones compatibles con el aumento de la transmisión.	Aumento en noviembre-diciembre en California.
<b>B.1.526</b>	E484K, A701V D253G	Mutaciones compatibles con la reducción de la capacidad de neutralización.	Rápida expansión en el área metropolitana de Nueva York.
<b>C.16</b>	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 a 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.

**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.