

INFORME DE VIGILANCIA DE LAS VARIANTES GENÓMICAS DEL CORONAVIRUS SARS-CoV-2 EN CATALUÑA, Semana 19- 2021 (10/05/2021 al 16/05/2021)

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

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.](#)

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).

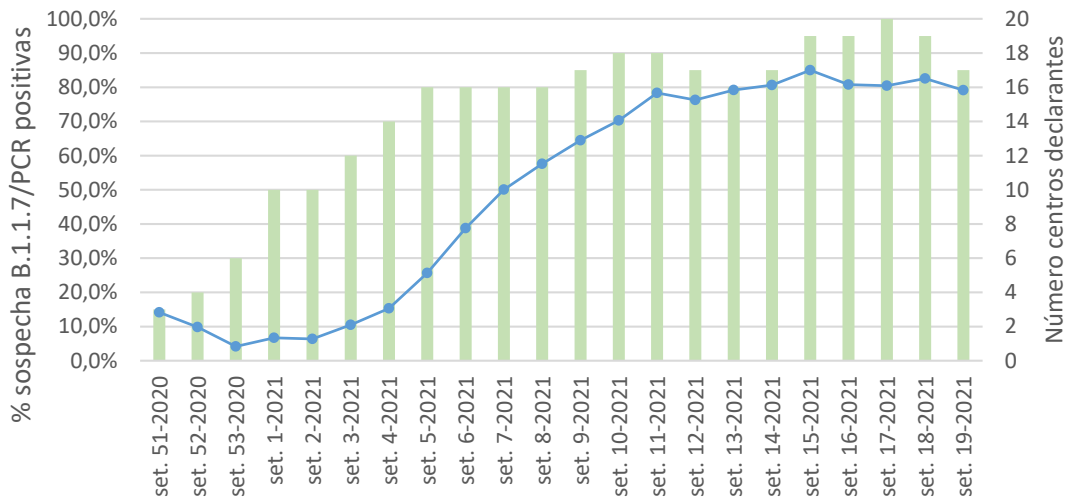
Los casos analizados corresponden al periodo comprendido entre la semana 51 (14-20 de diciembre de 2020), que corresponde al primer caso secuenciado con variante inglesa en Cataluña, y el 16 de mayo de 2021 (semana 19).

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 semanal 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 positivas realizadas con una PCR capaz de detectar la B.1.1.7.

Desde el 14 de diciembre hasta el 16 de mayo se han detectado **49.283 casos de SARS-CoV-2 confirmados** con PCR específica. De estos, **25.964** casos tenían delección y/o mutación en el gen S, lo que representa un **52,7%** 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 total de muestras positivas realizadas con una PCR capaz de detectar la B.1.1.7 y el número de centros declarantes. Se observa una tendencia al aumento del porcentaje de los casos a lo largo del tiempo que llega al **82,5% la semana 18** (del 03/05/2021 al 09/05/2021), y al **79,1% la última semana analizada** (del 10/05/2021 al 16/05/2021). 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 realizadas con una PCR capaz de detectar la B.1.1.7. Cataluña diciembre 2020 - 16 de mayo 2021.



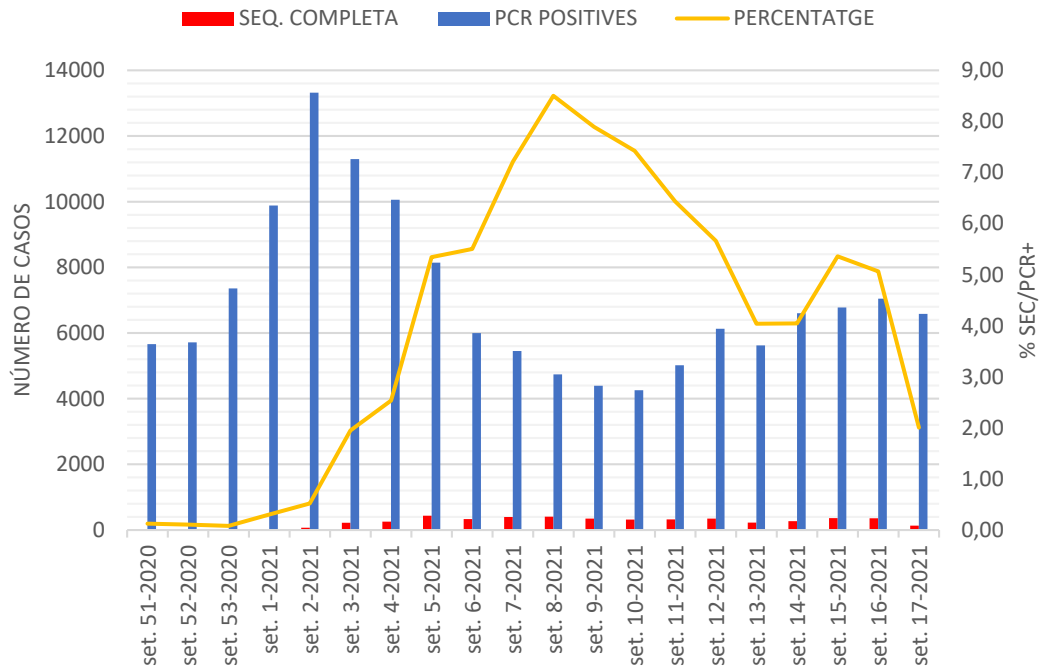
Fuente: Sistema de Notificación Microbiológica de Cataluña. Subdirección General de Vigilancia y Respuesta a Emergencias de Salud Pública. Secretaría de Salud Pública.

Análisis 2: Se han analizado todos los casos que, de forma individualizada, han notificado los centros de las variantes del coronavirus SARS-CoV-2 según cribado, secuenciación parcial o secuenciación completa, desde el 14 de diciembre de 2020 hasta el 16 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 15 (12/04/21-18/04/21), 16 (19/04/21 - 25/04/21) y 17 (26/04/21 - 02/05/21) se ha realizado la **secuenciación** de los casos de coronavirus SARS-CoV-2 positivos por PCR en 363 muestras (5,36%), 357 muestras (5,07%) y 132 muestras (2,00%) del total de casos, respectivamente, (figura 2).

Figura 2. Casos secuenciados en función de las PCR+ 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.

La secuenciación ha sido muy heterogénea entre los servicios de vigilancia epidemiológica (SVE). Durante la semana 17, los porcentajes de secuenciación notificados han variado desde el 6,8% en el Barcelona Zona Sud, el 4,5% en la Catalunya Central, el 2,7% en Barcelonès Nord-Maresme, el 1,1% en Barcelona Ciutat, el 0,4% en Vallès, el 0,2% en Lleida, 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 - 2 de mayo 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	1.093	0,0	508	0,0	380	0,3	1.125	0,2	793	0,3	388	0,0	381	0,0	0	0,0	908	0,2
set. 52-2020	1.206	0,1	435	0,0	430	0,0	1.285	0,2	545	0,0	429	0,0	535	0,2	39	0,0	809	0,2
set. 53-2020	1.598	0,1	643	0,2	486	0,0	1.482	0,1	689	0,0	490	0,0	821	0,0	69	0,0	1.081	0,2
set. 1-2021	1.996	0,0	1.156	0,7	743	0,0	1.834	0,5	673	0,0	605	0,0	918	0,1	136	1,5	1.825	0,5
set. 2-2021	2.681	0,3	1.688	0,1	1.055	0,9	2.473	1,1	885	0,2	688	0,0	1.069	0,6	177	2,3	2.604	0,2
set. 3-2021	2.238	0,4	1.148	4,4	733	0,7	2.563	4,3	851	0,1	665	0,0	994	0,4	235	5,5	1.869	1,3
set. 4-2021	1.903	0,1	1.411	6,6	684	0,7	2.133	3,6	739	0,7	611	0,2	628	0,6	157	5,7	1.792	2,8
set. 5-2021	1.565	0,6	1.275	15,3	666	3,3	1.478	5,9	654	2,8	560	1,3	388	1,0	90	3,3	1.464	4,8
set. 6-2021	1.023	3,9	955	7,2	562	1,8	1.169	8,0	518	2,9	420	1,9	247	17,0	39	28,2	1.063	2,8
set. 7-2021	886	6,4	801	12,6	620	2,6	1.018	9,6	387	4,9	401	2,2	186	7,0	45	8,9	1.107	5,9
set. 8-2021	713	13,0	677	12,4	506	2,6	840	13,0	379	7,4	378	2,4	179	1,7	23	13,0	1.044	5,3
set. 9-2021	699	7,6	683	13,9	543	4,6	733	11,7	330	7,3	375	0,3	112	0,0	13	7,7	908	6,5
set. 10-2021	614	2,6	519	9,4	576	8,7	639	17,1	350	1,4	405	1,0	172	1,7	0	0,0	962	8,0
set. 11-2021	648	2,2	419	14,6	672	4,6	956	11,1	438	1,6	448	2,0	256	0,8	18	0,0	1.165	7,5
set. 12-2021	812	6,5	565	11,2	613	2,9	1.270	8,7	626	5,0	560	0,7	319	0,0	0	0,0	1.347	4,7
set. 13-2021	812	7,0	583	1,9	474	7,4	1.108	6,1	603	3,8	545	1,1	265	0,0	52	0,0	1.179	1,7
set. 14-2021	949	1,7	510	7,8	656	5,9	1.286	6,7	761	1,2	650	0,9	355	0,3	45	0,0	1.386	4,8
set. 15-2021	915	2,3	522	15,5	753	6,5	1.130	7,0	922	1,7	653	0,3	419	0,0	62	0,0	1.399	7,5
set. 16-2021	958	9,7	558	9,1	710	5,5	1.025	3,6	854	3,5	680	0,3	435	0,2	93	0,0	1.735	5,5
set. 17-2021	974	6,8	518	2,7	662	4,5	1.064	1,1	903	0,0	528	0,2	352	0,0	105	0,0	1.477	0,4

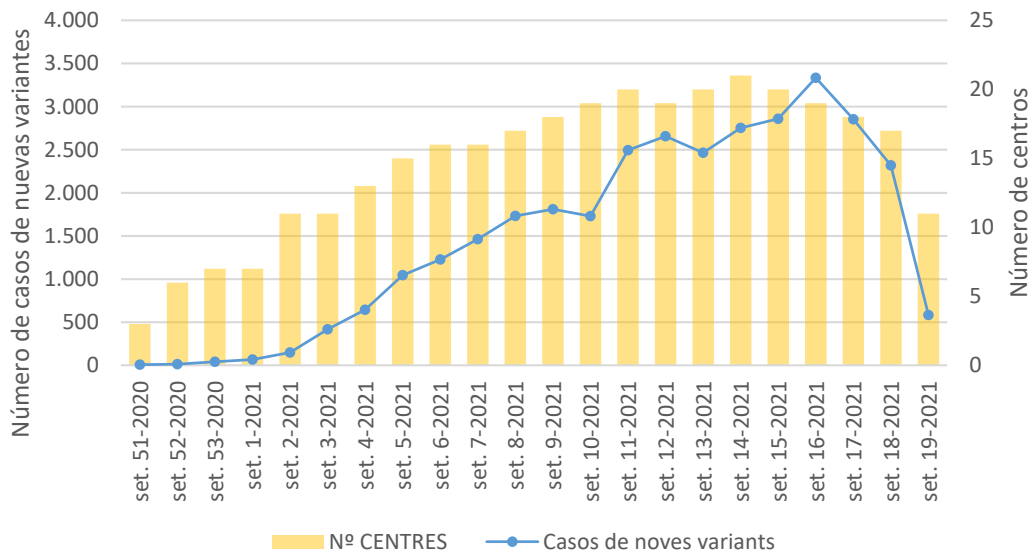
Fuente: Sistema de Notificación Microbiológica de Cataluña. Subdirección General de Vigilancia y Respuesta a Emergencias de Salud Pública. Secretaría de Salud Pública.

Durante el periodo de estudio (14 de diciembre - 16 de mayo), **se han notificado 32.672 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 3.334 casos.

Durante la primera semana de estudio; semana 51 (14/12/20 - 20/12/20) se notificaron 9 casos, mientras que en la última semana de estudio; semana 19 (10/05/21 - 16/05/21) se han notificado 584 casos.

Los datos de la semana 19 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 - 16 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 32.672 muestras analizadas, se ha realizado la secuenciación completa al 15,1% y la parcial al 1,2% (tabla 2).

Tabla 2. Número de casos de nuevas variantes por tipo de técnica. Cataluña diciembre 2020 - 16 de mayo de 2021.

TIPO TÉCNICA	CASOS	% CASOS
Cribado PCR	27.352	83,7%
Secuenciación completa	4.944	15,1%
Secuenciación parcial	376	1,2%
TOTAL	32.672	100,0%

*De estos 32.672 casos, 71 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 94,4% de casos de la variante británica (UK) (tabla 3).



*Tabla 3. Número de casos por variante.
 Cataluña diciembre 2020 - 16 de mayo de 2021.*

	VARIANTE	CASOS	% CASOS
VOC	UK - B.1.1.7	30.788	94,2%
	SA - B.1.351	120	0,4%
	BR - P.1	94	0,3%
VOI	VOI y otros	1.670	5,1%
	TOTAL	32.672	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 88,5%, mientras que en las variantes SA y BR predomina la secuenciación completa (70,0% y 98,9%, 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 - 16 de mayo de 2021.*

TIPO DE TÉCNICA	UK	% UK	SA	% SA	BR	% BR
Cribado PCR	27.247	88,5%	34	28,3%	0	0,0%
Secuenciación completa	3.224	10,5%	84	70,0%	93	98,9%
Secuenciación parcial	317	1,0%	2	1,7%	1	1,1%
TOTAL	30.788	100,0%	120	100,0%	94	100,0%

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 (30.788 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 (61,7%). Las variantes B.1.351 (120 casos) y P.1 (94 casos) se concentran también en Barcelona (91,7% y 68,1%, respectivamente) (tabla 5).



*Tabla 5. Comparativa de región sanitaria por VOC.
 Cataluña diciembre 2020 - 16 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	529	1,7%	0	0,0%	0	0,0%
Barcelona	18.985	61,7%	110	91,7%	64	68,1%
Camp de Tarragona	709	2,3%	0	0,0%	0	0,0%
Catalunya Central	4.958	16,1%	5	4,2%	18	19,1%
Girona	1.255	4,1%	2	1,7%	10	10,6%
Lleida	3.295	10,7%	0	0,0%	0	0,0%
Terres de l'Ebre	197	0,6%	0	0,0%	0	0,0%
Fuera de Cataluña	28	0,1%	1	0,8%	1	1,1%
Desconocido	832	2,7%	2	1,7%	1	1,1%
TOTAL	30.788	100,0%	120	100,0%	94	100,0%

*Otras CA (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 realizan 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 30.788 casos de variante B.1.1.7. No se observan diferencias importantes entre la frecuencia de casos de hombres y mujeres (tabla 6).

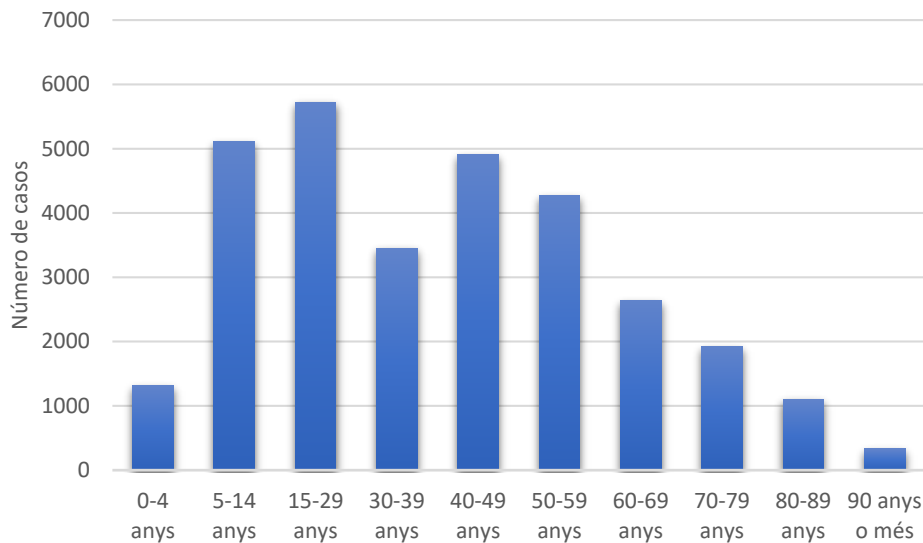
Tabla 6. Número de casos por la variante UK en función del sexo. Cataluña diciembre 2020 - 16 de mayo de 2021.

SEXO	CASOS	% CASOS
Mujer	15.620	50,7%
Hombre	15.155	49,2%
Desconocido	13	0,0%
TOTAL	30.788	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 - 16 de mayo de 2021.

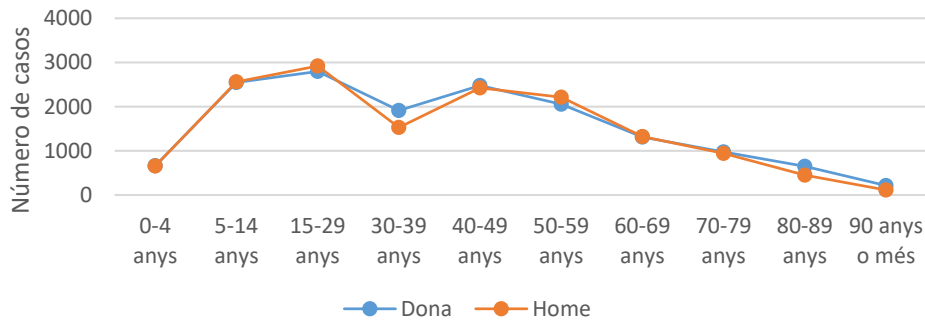


Fuente: Sistema de Notificación Microbiológica de Cataluña. Subdirección General de Vigilancia y Respuesta a Emergencias de Salud Pública. Secretaría de Salud Pública.

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. Cataluña diciembre 2020 - 16 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 7).

Tabla 7. Número de casos por la variante UK en función del SVE. Cataluña diciembre 2020 - 16 de mayo de 2021.

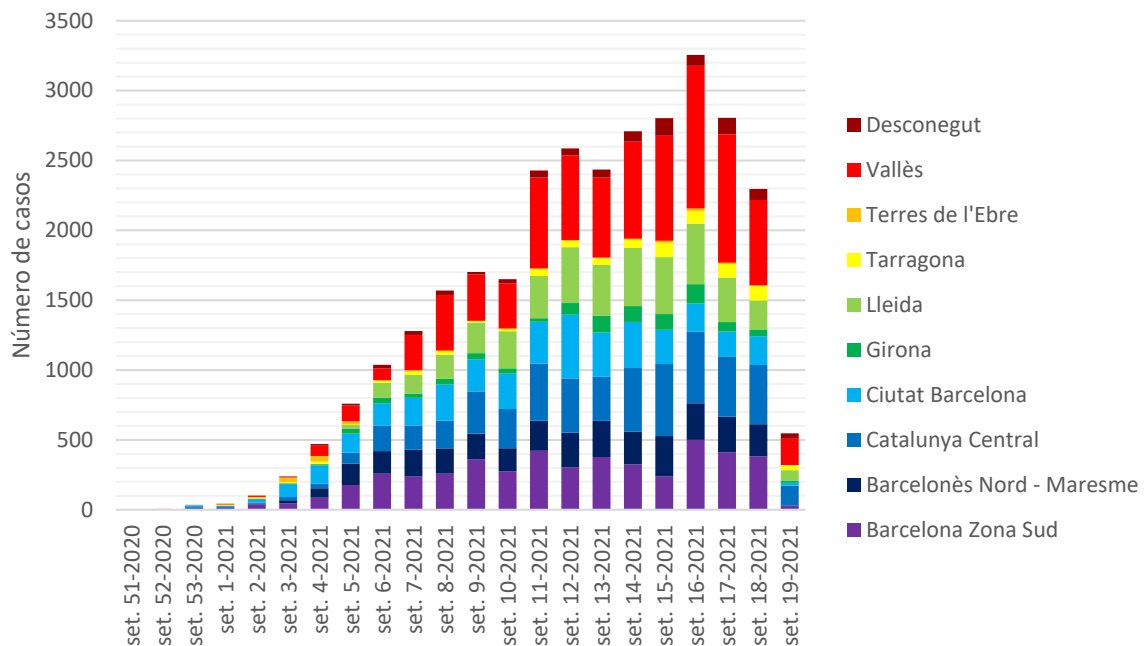
SVE	CRIBADO	% CRIB.	SECUENCIACIÓN	% SEC.	TOTAL
Barcelona Zona Sud	4.199	88,4%	549	11,6%	4.748
Barcelonès Nord-Maresme	2.439	77,6%	703	22,4%	3.142
Catalunya Central	4.514	92,5%	366	7,5%	4.880
Barcelona Ciutat	2.779	73,8%	985	26,2%	3.764
Girona	800	82,1%	174	17,9%	974
Lleida	3.836	99,6%	15	0,4%	3.851
Tarragona	726	95,3%	36	4,7%	762
Terres de l'Ebre	170	86,3%	27	13,7%	197
Vallès	6.989	91,9%	620	8,1%	7.609
Fuera de Cataluña	27	93,1%	2	6,9%	29
Desconocido	768	92,3%	64	7,7%	832
TOTAL	27.247	88,5%	3.541	11,5%	30.788

*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 la Catalunya Central (figura 6).

Figura 6. Número de casos por la variante UK en función del SVE Cataluña diciembre 2020 - 16 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 (21,3%), seguido por el Vallès Occidental (17,7%) y el Baix Llobregat (7,8%) (tabla 8).

Tabla 8. Número de casos por la variante UK en función de la comarca. Cataluña diciembre 2020 - 16 de mayo 2021

COMARCA	CASOS	% CASOS	COMARCA	CASOS	% CASOS
Alt Camp	36	0,1%	Anoia	1.234	4,0%
Alt Empordà	57	0,2%	Aran	105	0,3%
Alt Penedès	535	1,7%	Bages	2.231	7,2%
Alt Urgell	54	0,2%	Baix Camp	517	1,7%
Alta Ribagorça	23	0,1%	Baix Ebre	41	0,1%



COMARCA	CASOS	% CASOS
Baix Empordà	85	0,3%
Baix Llobregat	2.415	7,8%
Baix Penedès	71	0,2%
Barcelonès	6.555	21,3%
Berguedà	298	1,0%
Cerdanya	167	0,5%
Conca de Barberà	22	0,1%
Garraf	447	1,5%
Garrigues	125	0,4%
Garrotxa	88	0,3%
Gironès	145	0,5%
Maresme	1.695	5,5%
Moianès	171	0,6%
Montsià	130	0,4%
Noguera	317	1,0%
Osona	984	3,2%
Pallars Jussà	78	0,3%
Pallars Sobirà	112	0,4%

COMARCA	CASOS	% CASOS
Pla de l'Estany	24	0,1%
Pla d'Urgell	496	1,6%
Priorat	4	0,0%
Ribera d'Ebre	16	0,1%
Ripollès	37	0,1%
Segarra	68	0,2%
Segrià	1.952	6,3%
Selva	545	1,8%
Solsonès	26	0,1%
Tarragonès	110	0,4%
Terra Alta	14	0,0%
Urgell	321	1,0%
Vallès Occidental	5.444	17,7%
Vallès Oriental	2.130	6,9%
Fuera de Catalunya	30	0,1%
Desconocido	833	2,7%
TOTAL	30.788	100,0%

* 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.

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.

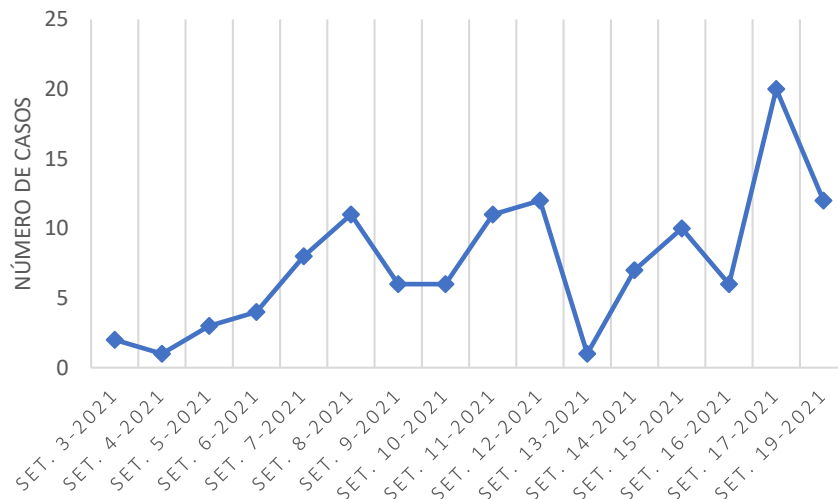
La variante B.1.351 tiene unas 21 mutaciones, de las cuales 9 están en el gen S. Comparte algunas mutaciones (como la N501Y) con la variante británica, pero preocupa porque, además, tiene otras mutaciones en la misma región RBD: E484K y K417N. La mutación E484K supone un cambio de aminoácido asociado 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 **120 casos** de esta variante, de los cuales 84 (70,0%) se han confirmado por secuenciación completa. En la figura 7 se muestra la distribución semanal de los casos.

Figura 7. Evolución del número de casos detectados por la variante SA a lo largo del tiempo. Cataluña diciembre 2020 - 16 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% (65 casos) corresponde a las mujeres, el 45,8% restante (55 casos) corresponde a los hombres (tabla 9).

Tabla 9. Número de casos por la variante SA en función del sexo. Cataluña diciembre 2020 - 16 de mayo de 2021.

SEXO	CASOS	% CASOS
Mujer	65	54,2%
Hombre	55	45,8%
TOTAL	120	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 a 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 (15,8%), seguido del grupo de adultos de 30-39 años (15,0%) y de los niños de 5-14 años junto con los adultos de 40-49 años (12,5%) (tabla 10, figura 8).

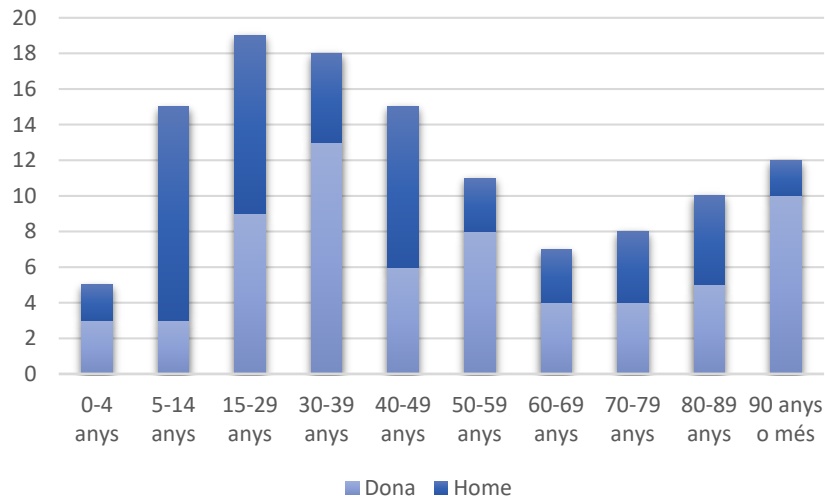
Tabla 10. Número de casos por la variante SA en función de los grupos de edad. Cataluña diciembre 2020 - 16 de mayo de 2021.

EDAD	CASOS	% CASOS
0-4 años	5	4,2%
5-14 años	15	12,5%
15-29 años	19	15,8%
30-39 años	18	15,0%
40-49 años	15	12,5%
50-59 años	11	9,2%
60-69 años	7	5,8%
70-79 años	8	6,7%
80-89 años	10	8,3%
90 años o más	12	10,0%
TOTAL	120	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.

Cataluña diciembre 2020 - 16 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.

Los casos de la variante sudafricana se localizan principalmente en el Vallès Occidental y Oriental, con un 38,3%, seguido de Barcelona Zona Sud, con un 31,7% (tabla 11).

Tabla 11. Número de casos por la variante SA en función del SVE. Cataluña diciembre 2020 - 16 de mayo de 2021.

SVE	CASOS	% CASOS
Barcelona Zona Sud	38	31,7%
Barcelonès Nord - Maresme	3	2,5%
Catalunya Central	5	4,2%
Barcelona Ciutat	24	20,0%
Girona	1	0,8%
Vallès	46	38,3%
Fuera de Cataluña	1	0,8%
Desconocido	2	1,7%
TOTAL	120	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 12. Número de casos por la variante SA en función de la comarca. Cataluña diciembre 2020 - 16 de mayo de 2021.



COMARCA	CASOS	% CASOS
Alt Penedès	2	1,7%
Bages	3	2,5%
Baix Empordà	1	0,8%
Baix Llobregat	30	25,0%
Barcelonès	29	24,2%
Garraf	1	0,8%
Maresme	3	2,5%
Osona	2	1,7%
Vallès Occidental	43	35,8%
Vallès Oriental	3	2,5%
Fuera de Catalunya	1	0,8%
Desconocido	2	1,7%
TOTAL	120	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 86 casos secuenciados, 23 casos forman parte de 5 brotes diferentes. Otros 30 casos relacionados con estos brotes han sido PCR positivo.

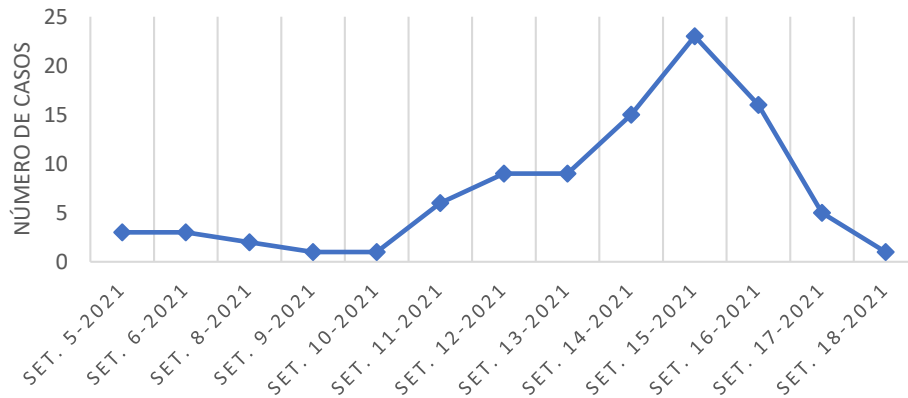
De los 34 casos notificados por cribado, 8 casos forman parte de 4 brotes diferentes. Otros 12 casos relacionados con estos brotes han sido PCR positivos.

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 94 casos de esta variante, todos confirmados por secuenciación (figura 9). El último caso detectado por la variante BR fue durante la semana 18.

Figura 9. Evolución del número de casos detectados por la variante BR a lo largo del tiempo. Cataluña diciembre 2020 - 16 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 48,9% (46 casos) corresponde a hombres, mientras que el 51,1% restante (48 casos) corresponde a las mujeres (tabla 13).

Tabla 13. Número de casos por la variante BR en función del sexo. Cataluña diciembre 2020 - 16 de mayo de 2021.

SEXO	CASOS	% CASOS
Mujer	48	51,1%
Hombre	46	48,9%
TOTAL	94	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 23 casos (24,5%), seguido del grupo 50-59 años con 17 casos (18,1%) (tabla 14, figura 10).

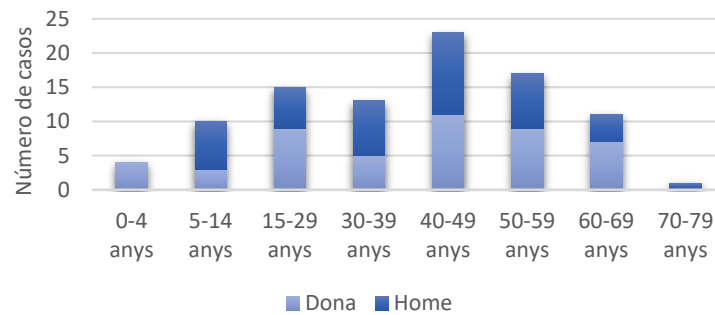
Tabla 14. Número de casos por la variante BR en función de los grupos de edad. Cataluña diciembre 2020 - 16 de mayo de 2021.



EDAD	CASOS	% CASOS
0-4 años	4	4,3%
5-14 años	10	10,6%
15-29 años	15	16,0%
30-39 años	13	13,8%
40-49 años	23	24,5%
50-59 años	17	18,1%
60-69 años	11	11,7%
70-79 años	1	1,1%
TOTAL	94	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 - 16 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 (44,7%) han tenido lugar en el Vallès (Occidental/Oriental), seguido de la Catalunya Central (19,1%) (tabla 15, tabla 16).

Tabla 15. Número de casos por la variante BR en función del SVE. Cataluña diciembre 2020 - 16 de mayo de 2021.

SVE	CASOS	% CASOS
Barcelona Zona Sud	8	8,5%



SVE	CASOS	% CASOS
Barcelonès Nord - Maresme	7	7,4%
Catalunya Central	18	19,1%
Barcelona Ciutat	8	8,5%
Girona	9	9,6%
Vallès	42	44,7%
Fuera de Catalunya	1	1,1%
Desconocido	1	1,1%
TOTAL	94	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 16. Número de casos por la variante BR en función de la comarca. Cataluña diciembre 2020 - 16 de mayo de 2021.

COMARCA	CASOS	% CASOS
Anoia	7	7,4%
Bages	5	5,3%
Baix Llobregat	7	7,4%
Barcelonès	14	14,9%
Gironès	1	1,1%
Maresme	2	2,1%
Osona	6	6,4%
Selva	8	8,5%
Vallès Occidental	23	24,5%
Vallès Oriental	19	20,2%
Desconocido	1	1,1%
Fuera de Catalunya	1	1,1%
TOTAL	94	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 94 casos secuenciados, 7 casos forman parte de 3 brotes diferentes. Otros 25 casos relacionados con estos brotes han sido PCR positivo.

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 89 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 42 casos de esta variante, todos confirmados por secuenciación. La franja de edad con más casos ha sido la de 50-59 años (23,8%), seguido de la de 40-49 años (21,4%). Más del 60% de los casos se localizan en la región sanitaria de Lleida.

La semana 16 se detectó un brote en Girona con 4 casos confirmados por secuenciación en 2 mujeres de 70-79 años y 2 hombres de 50-59 años.

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 del 2020. Presenta unas 13-15 mutaciones, de las cuales destacan: la mutación E484Q (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).

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 expansión importante en los últimos meses, por el contrario, el B.1.617.3 no parece que se haya expandido.

El primer caso notificado en Cataluña fue el 16 de abril de 2021. Actualmente, hay 20 casos confirmados de esta variante que corresponden a B.1.617.1 (2 casos) y B.1.617.2 (18 casos). El 55,0% de los casos corresponde a hombres. El grupo de edad con más frecuencia de casos es el de 30-39 años (35,0%). El 50% de los casos se localizan en la región sanitaria de Girona.

Durante la semana 18 se notificó un brote de B.1.617.2 en Lloret de Mar con 7 casos confirmados por secuenciación. Tres casos son mujeres (una de 7 años y las otras dos del rango de edad de 30-39 años) y los 4 restantes son hombres (uno de 5-14 años y los otros tres de 30-39 años).



B.1.621 (Colombiana)

La variante B.1.621 tiene varias sustituciones de aminoácidos en la proteína de cuya espícula destacan la R346K, la E484K y la N501Y.

Durante la semana 17 se detectaron dos casos de la variante B.1.621, un niño de 7 años y una mujer de 29 años, ambos residentes de Barcelona Ciutat, y un caso en la semana 19, una mujer de 39 años de l'Hospitalet de Llobregat.

VOI y otros linajes circulantes

*Tabla 17. VOI y otras variantes circulantes.
 Cataluña diciembre 2020 - 16 de mayo de 2021.*

LINAJE	CASOS	% CASOS	LINAJE	CASOS	% CASOS
A	1	0,1%	B.1.1.296	1	0,1%
A.2	1	0,1%	B.1.1.313	1	0,1%
A.21	3	0,2%	B.1.1.33	1	0,1%
A.27	9	0,6%	B.1.1.348	1	0,1%
A.3	1	0,1%	B.1.1.38	3	0,2%
B	33	2,1%	B.1.1.420	2	0,1%
B.1	113	7,4%	B.1.1.44	1	0,1%
B.1.1	11	0,7%	B.1.1.487	4	0,3%
B.1.1.116	3	0,2%	B.1.1.519	3	0,2%
B.1.1.122	1	0,1%	B.1.1.64	1	0,1%
B.1.1.126	4	0,3%	B.1.1.74	28	1,8%
B.1.1.143	1	0,1%	B.1.1.77	1	0,1%
B.1.1.15	1	0,1%	B.1.1.85	1	0,1%
B.1.1.152	8	0,5%	B.1.111	2	0,1%
B.1.1.161	2	0,1%	B.1.128	1	0,1%
B.1.1.222	5	0,3%	B.1.160	39	2,5%
B.1.1.238	1	0,1%	B.1.166	1	0,1%
B.1.1.242	1	0,1%	B.1.177	931	60,6%
B.1.1.250	5	0,3%	B.1.177.1	1	0,1%
B.1.1.26	5	0,3%	B.1.177.10	3	0,2%
B.1.1.269	8	0,5%	B.1.177.14	4	0,3%
B.1.1.28	3	0,2%	B.1.177.15	21	1,4%
B.1.1.285	5	0,3%	B.1.177.18	1	0,1%
B.1.1.29	12	0,8%	B.1.177.2	1	0,1%
			B.1.177.21	2	0,1%



LINAJE	CASOS	% CASOS
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%
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%

LINAJE	CASOS	% CASOS
B.1.416.1	15	1,0%
B.1.427	4	0,3%
B.1.5	5	0,3%
B.1.525	42	2,7%
B.1.526	1	0,1%
B.1.575	14	0,9%
B.1.575.1	8	0,5%
B.1.596	1	0,1%
B.1.617.1	2	0,1%
B.1.617.2	18	1,2%
B.1.621	3	0,2%
B.10	1	0,1%
B.1.620	1	0,1%
B.31	1	0,1%
B.40	3	0,2%
C.37	3	0,2%
N.5	1	0,1%
P.2	2	0,1%
R.1	3	0,2%
TOTAL	1.536	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 SECUENCIACIÓN Y/O CRIBADO

SECUENCIACIÓN

Banco de Sangre y Tejidos

Hospital Clínico

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 San Juan de Dios (Esplugues)

Hospital de Palamós

Hospital de Olot Comarcal de la Garrotxa

Hospital Parco 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

Laboratori ECHEVARNE

Laboratori MDB

SYNLAB (Diagnósticos Globales, S. A.)

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.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 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.