

## INFORME DE VIGILANCIA DE LAS VARIANTES GENÓMICAS DEL CORONAVIRUS SARS-CoV-2 EN CATALUÑA. Semana 28 - 2021 (12/07/21 – 18/07/21)

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

#### Resumen de lo más destacado

Durante la **semana 26**, se han secuenciado **381 casos**, lo que representa el **2,7%** del total de casos de coronavirus SARS-CoV-2 con PCR positiva. El **71,4%** de los casos son de la **variante delta**, seguida del **21,8%** de la **variante alfa** y del 2,9% de la variante gamma. La variante B.1.621 ha representado el 0,5% y la variante beta el 0,3%.

#### B.1.1.7 (alfa)

Desde el inicio de la secuenciación, la variante alfa ha ido aumentando progresivamente hasta llegar al 79,7% de las muestras secuenciadas durante la semana 19 (409 casos). Desde entonces, ha ido disminuyendo gradualmente hasta el 21,8% (83 casos) la semana 26.

Los casos se concentran en el grupo de edad de 15-29 años (18,9%) y en la comarca del Barcelonès (40,2%) seguida del Vallès Oriental (12,4%).

#### B.1.351 (beta)

La variante beta ha presentado un pico de casos las semanas 17 (25 casos) y 19 (22 casos). Durante las últimas semanas se detectan entre 1-5 casos por semana. La distribución según la edad es bastante uniforme, con un número de casos más elevado en el grupo de 15-29 años (16,2%), seguido del grupo de 40-49 años (12,8%). Los casos se concentran en las comarcas del Barcelonès (27,7%), Vallès Occidental (23,6%) y Baix Llobregat (23,6%).

#### P.1 (gamma)

La variante gamma presentó un pico de casos la semana 25 (35 casos). Durante la última semana se han notificado 11 casos. El número más elevado de casos se observa en el grupo de 15-29 años (22,9%), seguido del grupo de 40-49 años (18,5%). Los casos se concentran en las comarcas del Vallès Occidental (24,3%) y Barcelonès (19,2%).

#### B.1.617.2 (delta)

Desde el primer caso notificado en Cataluña (16 de abril de 2021), el variante delta aumenta de forma importante hasta llegar a los 272 casos secuenciados la semana 26 (71,4%). El número más elevado de casos se encuentra en el grupo de 15-29 años (38,5%), y principalmente, en la comarca del Barcelonès (31,8%).

#### B.1.621

Desde el 22 de abril se han detectado 136 casos, de los cuales 2 casos la semana 26. El grupo de edad con más frecuencia de casos es el de 15-29 años (29,4%). El 75,7% de los casos se localizan en Barcelona.

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, es importante controlar el número de mutaciones y los genes afectados.

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 con 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, *variants of concern*) y las variantes de interés (VOI, *variants 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).

La Organización Mundial de la Salud (OMS) estableció, a partir del 31 de mayo de 2021, una nueva nomenclatura de las variantes de SARS-CoV-2 en que utiliza el alfabeto

griego. Esta decisión tiene como finalidad simplificar discusiones y evitar estigmatizar a los países donde se han identificado por primera vez las variantes.

Actualmente, las VOC consideradas son: B.1.1.7 (alfa), B.1.351 (beta), P.1 (gam) y B.1.617.2 (delta).

Para saber la prevalencia de las variantes circulantes 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, personas con sospecha de reinfecciones o vacunadas, entre otros. En este sentido, la Subdirección General de Vigilancia y Respuesta a Emergencias de Salud Pública 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 que constan en el anexo 1. Los casos con las 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 incluye un primer análisis de cribado de los casos compatibles con la variante B.1.1.7, y un segundo análisis de los casos secuenciados (completa o parcial).

### **Análisis 1. Análisis de las muestras por cribado.**

**Se ha analizado la información obtenida a partir de una encuesta semanal que recoge el número total de muestras compatibles con B.1.1.7 (alfa) respecto del número total de muestras positivas realizadas con una PCR capaz de detectar la B.1.1.7.**

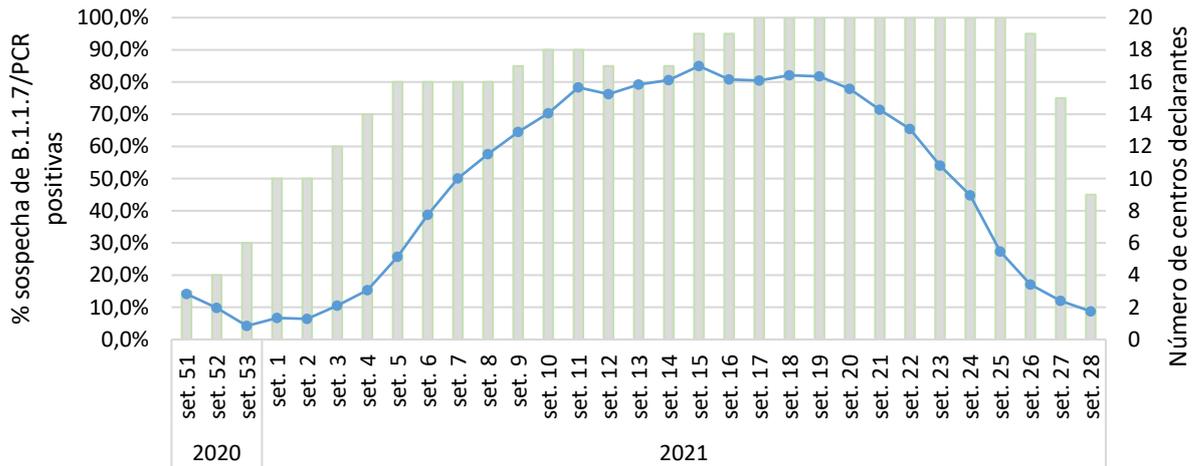
Los casos analizados corresponden al periodo comprendido entre la semana 51 y la semana 28 (14 de diciembre de 2020 - 18 de julio de 2021).

Durante el periodo de estudio se han detectado **71.884 casos de la variante alfa**. De estos, **33.206** casos tenían delección y/o mutación en el gen S, lo que representa un **46,2%** de casos sospechosos de B.1.1.7.

En la figura 1 se observa una tendencia al aumento del porcentaje de los casos a lo largo del tiempo hasta un máximo del 85% la semana 15. A partir de la semana 20 se observa una disminución, que llega al **12,0% la semana 27** (del 05/07/2021 al 11/07/2021), y al **8,8% la semana 28** (del 12/07/2021 al 18/07/2021). Los datos de esta última semana son provisionales, con 9 centros notificadores. Dos centros han notificado

los resultados de cribado de casos compatibles con la B.1.617.2 respecto del número total de PCR positivas realizadas con una PCR capaces de detectar la B.1.617.2, variantes en que el porcentaje llega al 92,4%.

**Figura 1. Porcentaje 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 - 18 de julio de 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. Análisis de las muestras secuenciadas.**

Se han analizado los casos notificados por los centros de forma individualizada de las variantes de SARS-CoV-2 según la secuenciación, parcial o completa, desde el 4 de enero hasta el 04 de julio de 2021 (semana 26). Hay que tener en cuenta que los resultados de secuenciación se notifican con unos 15 días de retraso desde el diagnóstico.

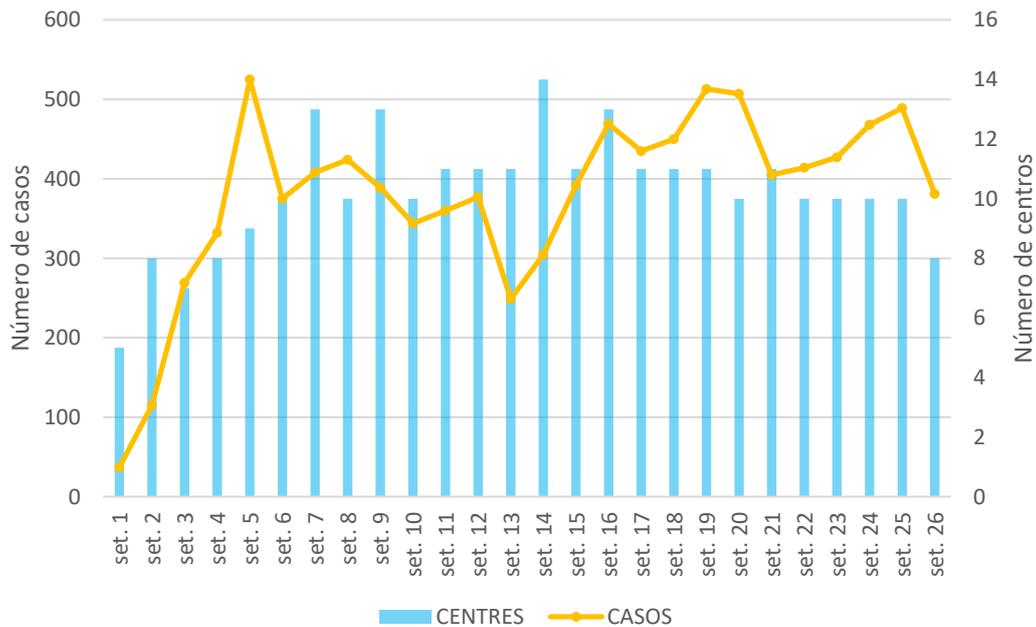
La secuenciación se realiza de forma aleatoria o por algún motivo de interés para la salud pública –indicada desde la Red de Vigilancia Epidemiológica de Cataluña (XVEC) con el fin de poder confirmar la variante o el linaje. Las variables epidemiológicas analizadas han sido las siguientes: edad, sexo, semana de diagnóstico, región sanitaria y servicio de vigilancia epidemiológica (SVE).

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

Durante el periodo de estudio **se han secuenciado 9.859 casos**. El número de secuenciaciones ha aumentado en las primeras semanas con un pico máximo durante

la semana 5 (525 casos) (figura 2). Entre las semanas 6 y 26, el número de secuenciaciones semanales ha sido entre 249-513. Los datos de la semana 26, con 381 casos secuenciados, son provisionales, dado que hay centros que lo notifican con retraso.

*Figura 2. Número de casos de SARS-CoV-2 secuenciados según número de centros declarantes. Cataluña, 4 de enero - 04 de julio de 2021.*

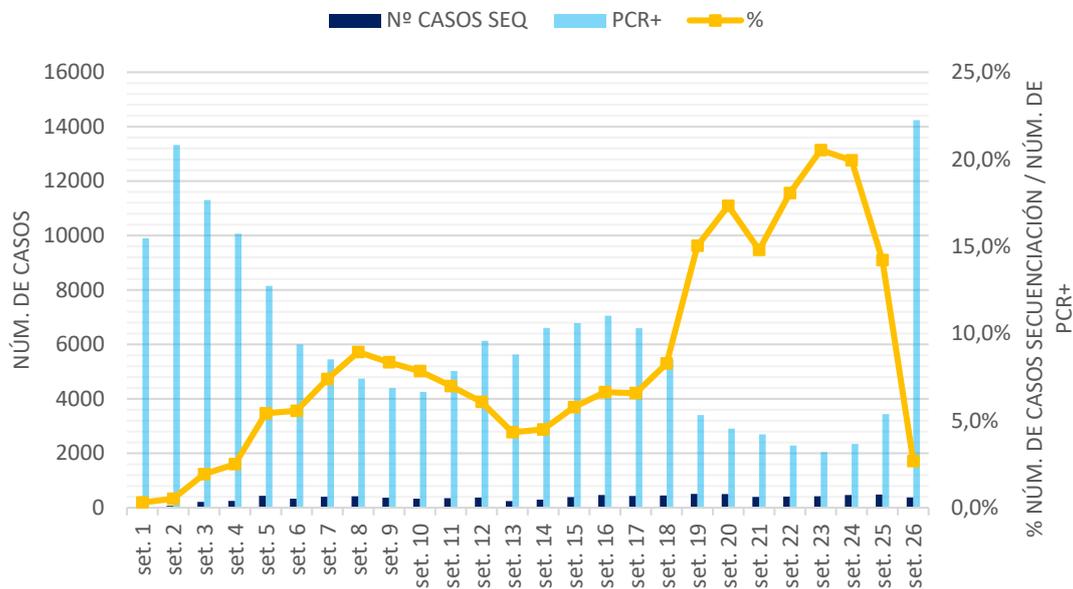


Fuente: Sistema de Notificación Microbiológica de Cataluña. Subdirección General de Vigilancia y Respuesta a Emergencias de Salud Pública. Secretaría de Salud Pública.

De las 9.859 muestras analizadas, se ha realizado la secuenciación completa al 96,0% y la parcial al 4,0%.

Durante las semanas 24 (14/06/21 - 20/06/21), 25 (21/06/21 - 27/06/21) y 26 (28/06/21 - 04/07/21) se ha realizado la secuenciación completa de los casos de SARS-CoV-2 positivos por PCR en 468 muestras (19,9%), 489 muestras (14,2%) y 381 muestras (2,7%) del total de casos, respectivamente. El porcentaje de secuenciación de esta última semana ha sido mucho más bajo por el gran número de casos SARS-CoV-2 con PCR positiva (figura 3).

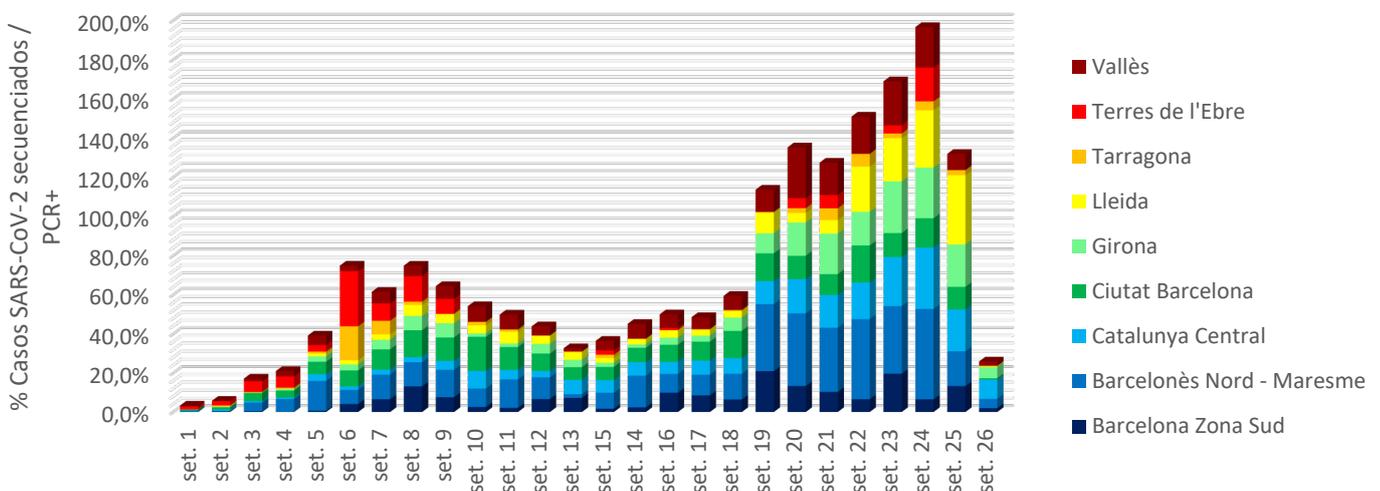
**Figura 3. Número y porcentaje de casos SARS-CoV-2 secuenciados según semanas. Cataluña, 4 de enero - 04 de julio de 2021.**



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 SVE y ha ido cambiando a lo largo de las semanas. Durante la semana 26, los porcentajes de secuenciación han variado desde el 9,9% en la Catalunya Central, el 5,7% en Girona, el 4,8% en el Barcelonès Nord-Maresme, el 2,2% en el Vallès, el 2,0% en Barcelona Zona Sud, el 0,7% en Barcelona Ciutat, el 0,5% en Tarragona, y el 0,2% en Lleida (figura 4).

**Figura 4. Porcentaje de casos de SARS-CoV-2 secuenciados según SVE y semana. Cataluña, 4 de enero - 04 de julio de 2021.**



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

Durante el mes de junio, el SVE con más porcentaje de secuenciación con respecto a casos de coronavirus SARS-CoV-2 con PCR positiva ha sido el de la Catalunya Central, seguida del Barcelonès Nord-Maresme y Girona (tabla 1).

*Tabla 1. Número de casos de SARS-CoV-2 secuenciados y porcentaje según SVE y mes de diagnóstico. Cataluña, 4 de enero - 04 de julio de 2021.*

MES	Barcelona Zona Sud		Barcelonès Nord - Maresme		Catalunya Central		Ciutat Barcelona		Girona		Lleida		Tarragona		Terres de l'Ebre		Vallès	
	CASOS	%	CASOS	%	CASOS	%	CASOS	%	CASOS	%	CASOS	%	CASOS	%	CASOS	%	CASOS	%
Gener	20	0,2	154	2,8	19	0,6	224	2,4	8	0,2	2	0,1	15	0,4	28	3,9	88	1,1
Febrer	204	4,9	449	12,1	62	2,6	413	9,2	81	4,2	49	2,8	63	6,3	21	10,7	224	4,8
Març	147	4,4	278	11,0	154	5,7	472	10,9	84	4,0	98	4,7	7	0,7	1	1,1	300	5,9
Abril	265	6,6	228	9,9	196	6,7	383	7,9	98	2,8	82	3,0	8	0,5	2	0,6	380	6,0
Maig	273	11,4	364	25,9	172	12,0	364	13,6	243	10,8	53	5,9	27	2,3	5	2,5	394	13,1
Juny	226	8,5	429	19,3	169	21,3	364	8,5	180	18,2	71	16,2	31	3,3	13	6,8	370	9,9
Juliol	18	0,2	31	0,6	9	0,5	8	0,1	27	0,9	0	0,0	0	0,0	0	0,0	28	0,3

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

De los 9.859 casos secuenciados (tabla 2), el 79,3% han sido VOC (alfa, beta, gamma y delta) y el 20,7% VOI.

*Tabla 2. Número de casos de SARS-CoV-2 según variantes VOC y VOI. Cataluña, 4 de enero - 04 de julio de 2021.*

	VARIANTE	CASOS	% CASOS
VOC	Alfa - B.1.1.7	6.253	63,4%
	Beta - B.1.351	148	1,5%
	Gamma - P.1	292	3,0%
	Delta - B.1.617.2	1.124	11,4%
VOI	B.1.177	981	10,0%
	B.1	175	1,8%
	B.1.621	136	1,4%
	B.1.525	99	1,0%
	Otros VOI	651	6,6%
<b>TOTAL</b>		<b>9.859</b>	<b>100,0%</b>

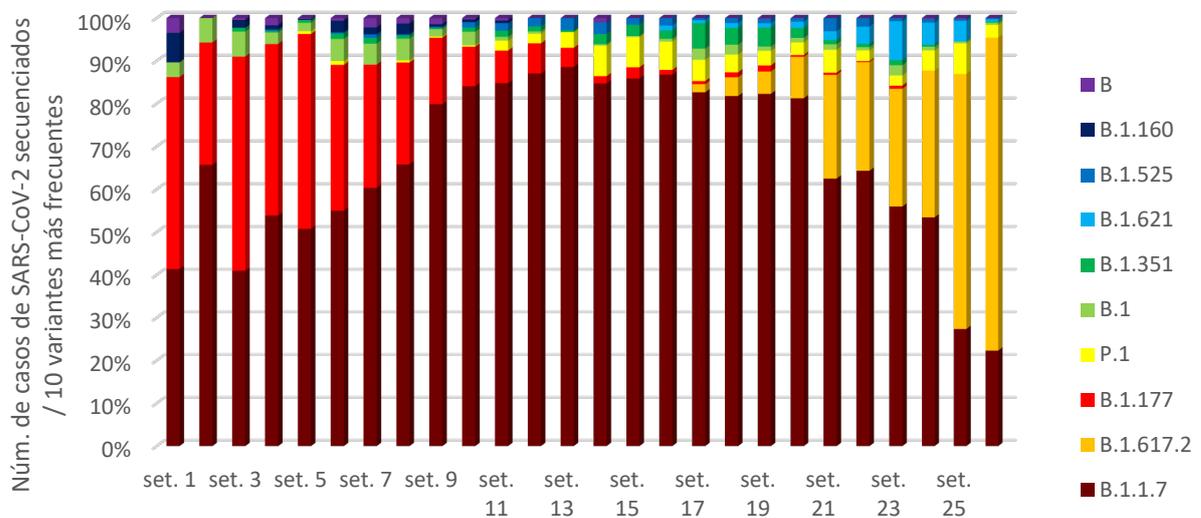
Fuente: Sistema de Notificación Microbiológica de Cataluña. Subdirección General de Vigilancia y Respuesta a Emergencias de Salud Pública. Secretaría de Salud Pública.

La variante alfa es la más frecuente, con 6.253 casos (63,4%). Durante las primeras semanas se observa un aumento progresivo de los casos (32,4% la semana 1 y 87,2%

la semana 13) y a partir de la semana 20 disminuyen de forma importante. En contrapartida, los casos de la variante B.1.177 han disminuido a lo largo de las semanas con 0 casos desde la semana 24.

El variante delta ha aparecido la semana 17, con 8 casos, y ha ido presentando un crecimiento notable del número de casos, hasta llegar al pico máximo de 283 casos la semana 25 (figura 5 y tabla 3); ha desplazado a la variante alfa.

*Figura 5. Porcentaje de los casos de los 10 linajes de SARS-CoV-2 más frecuentes según semana. Cataluña, 4 de enero - 04 de julio 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 3. Número de casos de los 10 linajes de SARS-CoV-2 más frecuentes según el mes de diagnóstico. Cataluña, 4 de enero - 04 de julio de 2021.*

MES	LLINATGE										ALTRES	TOTAL
	B.1.1.7	B.1.617.2	B.1.177	P.1	B.1	B.1.351	B.1.621	B.1.525	B.1.160	B		
Gener	332	0	273	0	28	3	0	1	9	7	100	753
Febrer	895	0	520	8	64	15	0	5	26	16	183	1.732
Març	1.256	0	143	22	21	14	0	22	6	8	113	1.605
Abril	1.393	8	23	104	10	50	8	27	0	3	48	1.674
Maig	1.467	199	18	71	31	55	25	26	0	1	82	1.975
Juny	882	818	4	83	21	10	102	17	0	2	43	1.982
Juliol	28	99	0	4	0	1	1	1	0	0	4	138
<b>TOTAL</b>	<b>6.253</b>	<b>1.124</b>	<b>981</b>	<b>292</b>	<b>175</b>	<b>148</b>	<b>136</b>	<b>99</b>	<b>41</b>	<b>37</b>	<b>573</b>	<b>9.859</b>

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

Durante la semana 26, la variante más frecuente ha sido la B.1.617.2 (71,4%), seguida de las variantes B.1.1.7 (21,8%), P.1 (2,9%) y B.1.621 (0,5%) (tabla 4).

*Tabla 4. Número de casos de SARS-CoV-2 durante las tres últimas semanas epidemiológicas. Cataluña, 4 de enero - 04 de julio de 2021.*

	LLINATGE																			TOTAL			
	B.1.617.2		B.1.1.7		P.1		B.1.621		B.1		B.1.525		B.1.623		B.1.1		AY.1		B.1.351		ALTRES		
	N	%	N	%	N	%	N	%	N	%	N	%	N	%	N	%	N	%	N		%	N	%
set. 24	159	17,0	248	26,5	22	2,4	24	2,6	4	0,4	4	0,4	1	0,1	0	0,0	2	0,2	2	0,2	470	50,2	936
set. 25	283	28,9	130	13,3	35	3,6	23	2,4	2	0,2	2	0,2	2	0,2	1	0,1	2	0,2	0	0,0	498	50,9	978
set. 26	272	35,7	83	10,9	11	1,4	2	0,3	2	0,3	1	0,1	1	0,1	3	0,4	0	0,0	1	0,1	386	50,7	762

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 (VOC, *variants of concern*)

La **variante alfa**, que pertenece al linaje **B.1.1.7**, se detectó por primera vez en el Reino Unido en septiembre del 2020 y se ha extendido rápidamente por numerosos países a escala mundial. Tiene unas 17 mutaciones, de las cuales 9 se encuentran en el gen S. Entre las que más preocupan, se encuentra la mutación N501Y (afecta a la región de unión en el receptor: RBD, *receptor binding domain*), la delección 69/90 (causa un cambio en la conformación de la proteína) y la P681H (anexo 2). El 4 de febrero de 2021 se detectó en 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.

En Cataluña, el 16 de diciembre de 2020 se detectó el primer caso de variante alfa.

El 18 de diciembre de 2020, el Departamento de Salud de Sudáfrica anunció la detección de una nueva variante, la **variante beta**, perteneciente al linaje **B.1.351**. Se detectó por primera vez en la provincia de Eastern Cape de Sudáfrica en octubre de 2020. Esta variante tiene unas 21 mutaciones, de las cuales 9 se encuentran en el gen S. Comparte algunas mutaciones con la variante alfa, 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 2). 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 el resto de variantes circulantes a Sudáfrica desde el mes de noviembre, lo que indica que podría tener más capacidad de transmisión.

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

Al principio de enero de 2021, Japón notificó una nueva variante, la **variante gamma**, que pertenece al linaje **P.1**. Presenta unas 17 mutaciones, de las cuales 10 se encuentran en el gen S, entre las cuales hay las mutaciones N501Y y la E484K, e, igual que la variante beta, tiene la mutación K417T, pero con un cambio de T (treonina), en lugar de N (asparagina, en la variante beta) (anexo 2). El primer caso en Cataluña registrado en el SNMC fue el 5 de febrero de 2021.

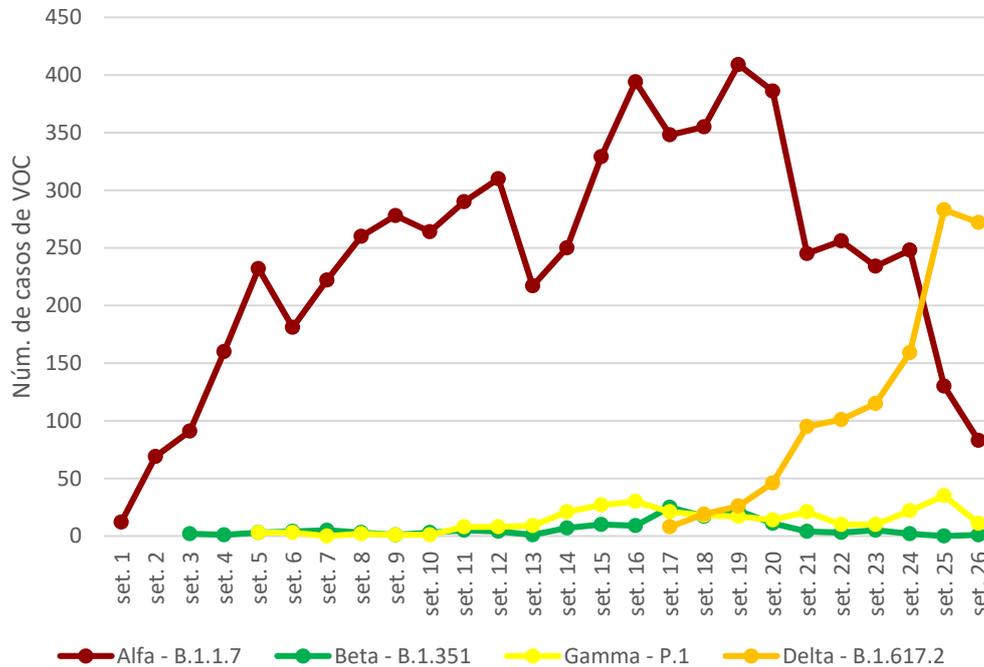
El **variante delta (B.1.617.2)** fue detectado por primera vez en la India en octubre del 2020. Presenta unas 13-15 mutaciones, de las cuales destacan la mutación E484Q, en la misma posición que la mutación E484K (presente en las variantes beta y gamma) y la mutación L452R (presente también en la variante épsilon, 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 sólo presenta la mutación L452R. 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. En Cataluña, el 16 de abril del 2021 se notificó el primer caso de esta variante.

En todo el territorio catalán se observó un aumento rápido de la variante alfa desde la semana 1, que llegó al pico máximo la semana 19 (409 casos). A partir de entonces, los casos de la variante alfa empiezan a disminuir rápidamente, hasta llegar a 83 la semana 26. Esta variante está siendo desplazada por la delta, de la cual se observa que a partir de la semana 20 empiezan a aumentar los casos. Actualmente, hay 1.124 casos confirmados de la variante delta y durante la semana 26 se notificaron 272 (figura 6).

Por el contrario, el número de casos de las variantes beta y gamma se mantiene muy bajo. En el caso de la variante beta, se ha notificado un total 148 casos, y es durante la semana 17 cuando se observa el pico máximo (25 casos). En el caso de la variante gamma, hasta hoy se han notificado 292 casos. Se ha observado un aumento progresivo de esta variante con un pico de 35 casos notificados la semana 25 (figura 6).

**Figura 6. Número de casos de SARS-CoV-2 según VOC y semana. Cataluña, 4 de enero - 04 de julio 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 las variantes en función del sexo, no hay mucha diferencia entre hombres y mujeres (tabla 5).

**Tabla 5. Número de casos de SARS-CoV-2 según VOC y sexo. Cataluña, 4 de enero - 04 de julio de 2021.**

SEXE	VARIANT							
	Alfa - B.1.1.7	% Alfa	Beta - B.1.351	% Beta	Gamma - P.1	% Gamma	Delta - B.1.617.2	% Delta
Dona	3.174	50,8%	80	54,1%	148	50,7%	560	49,8%
Home	3.078	49,2%	68	45,9%	144	49,3%	563	50,1%
Desconegut	1	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	1	0,1%
<b>Total</b>	<b>6.253</b>	<b>#####</b>	<b>148</b>	<b>100,0%</b>	<b>292</b>	<b>100,0%</b>	<b>1.124</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.

Con respecto a los grupos de edad, los porcentajes más elevados se concentran en los grupos de 15-29 años y de 40-49 años de forma generalizada para todas las VOC. Destaca en la variante delta el grupo de 15-29 años, con el 38,4% (tabla 6).

Tabla 6. Número de casos de SARS-CoV-2 según VOC y grupo de edad.  
 Cataluña, 4 de enero - 04 de julio de 2021.

EDAT	VARIANT							
	Alfa - B.1.1.7	% Alfa	Beta - B.1.351	% Beta	Gamma - P.1	% Gamma	Delta - B.1.617.2	% Delta
0-4 anys	391	6,3%	6	4,1%	11	3,8%	34	3,0%
5-14 anys	969	15,5%	17	11,5%	33	11,3%	105	9,3%
15-29 anys	1.180	18,9%	24	16,2%	67	22,9%	432	38,4%
30-39 anys	688	11,0%	15	10,1%	38	13,0%	141	12,5%
40-49 anys	950	15,2%	19	12,8%	54	18,5%	166	14,8%
50-59 anys	845	13,5%	15	10,1%	44	15,1%	103	9,2%
60-69 anys	509	8,1%	13	8,8%	24	8,2%	78	6,9%
70-79 anys	371	5,9%	13	8,8%	12	4,1%	32	2,8%
80-89 anys	254	4,1%	13	8,8%	7	2,4%	20	1,8%
90 anys o més	93	1,5%	13	8,8%	2	0,7%	10	0,9%
Desconegut	3	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	3	0,3%
<b>Total</b>	<b>6.253</b>	<b>#####</b>	<b>148</b>	<b>100,0%</b>	<b>292</b>	<b>100,0%</b>	<b>1.124</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.

Con respecto a los SVE, los porcentajes más elevados se localizan de forma generalizada en el Vallès y Barcelona. La variante alfa es más frecuente en Barcelona Ciutat, la beta en Barcelona Zona Sud, la gamma predomina en el Vallès y la delta también en el Vallès, seguido del Barcelonès Nord-Maresme (tabla 7).

Tabla 7. Número de casos de SARS-CoV-2 según VOC y SVE.  
 Cataluña, 4 de enero - 04 de julio de 2021.

SVE	VARIANT							
	Alfa - B.1.1.7	% Alfa	Beta - B.1.351	% Beta	Gamma - P.1	% Gamma	Delta - B.1.617.2	% Delta
Barcelona Zona Sud	757	12,1%	44	29,7%	26	8,9%	178	15,8%
Barcelonès Nord - Maresme	1.274	20,4%	17	11,5%	27	9,2%	217	19,3%
Catalunya Central	589	9,4%	5	3,4%	33	11,3%	102	9,1%
Ciutat Barcelona	1.609	25,7%	26	17,6%	37	12,7%	184	16,4%
Girona	480	7,7%	7	4,7%	24	8,2%	90	8,0%
Lleida	162	2,6%	2	1,4%	20	6,8%	31	2,8%
Tarragona	59	0,9%	2	1,4%	12	4,1%	22	2,0%
Terres de l'Ebre	39	0,6%	0	0,0%	1	0,3%	6	0,5%
Vallès	1.132	18,1%	39	26,4%	99	33,9%	227	20,2%
Fora de Catalunya*	4	0,1%	2	1,4%	2	0,7%	3	0,3%
Desconegut	148	2,4%	4	2,7%	11	3,8%	64	5,7%
<b>Total</b>	<b>6.253</b>	<b>#####</b>	<b>148</b>	<b>100,0%</b>	<b>292</b>	<b>100,0%</b>	<b>1.124</b>	<b>100,0%</b>

\*Otras CA (n=11)

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

En la región sanitaria Barcelona es donde hay más frecuencia de casos de las cuatro VOC, con respecto a las otras regiones (tabla 8).

*Tabla 8. Número de casos de SARS-CoV-2 VOC por región sanitaria. Cataluña, 4 de enero - 04 de julio de 2021.*

REGIÓ SANITÀRIA	VARIANT							
	Alfa - B.1.1.7	% Alfa	Beta - B.1.351	% Beta	Gamma - P.1	% Gamma	Delta - B.1.617.2	% Delta
Alt Pirineu i Aran	29	0,5%	0	0,0%	0	0,0%	15	1,3%
Barcelona	4.707	75,3%	123	83,1%	185	63,4%	785	69,8%
Camp de Tarragona	58	0,9%	2	1,4%	12	4,1%	18	1,6%
Catalunya Central	598	9,6%	5	3,4%	35	12,0%	102	9,1%
Girona	545	8,7%	10	6,8%	26	8,9%	115	10,2%
Lleida	125	2,0%	2	1,4%	20	6,8%	16	1,4%
Terres de l'Ebre	39	0,6%	0	0,0%	1	0,3%	6	0,5%
Fora de Catalunya*	4	0,1%	2	1,4%	2	0,7%	3	0,3%
Desconegut	148	2,4%	4	2,7%	11	3,8%	64	5,7%
<b>TOTAL</b>	<b>6.253</b>	<b>100,0%</b>	<b>148</b>	<b>100,0%</b>	<b>292</b>	<b>100,0%</b>	<b>1.124</b>	<b>100,0%</b>

\*Otras CA (n=11)

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

La variante alfa es más frecuente en las comarcas del Vallès Oriental y del Barcelonès. La variante beta se localiza sobre todo en el Barcelonès, Baix Llobregat y en el Vallès Occidental. La variante gamma predomina en el Vallès Occidental, seguido de Barcelonès, y la variante delta destaca en la comarca del Barcelonès y del Vallès Occidental (tabla 9).

Tabla 9. Número de casos de SARS-CoV-2 VOC por comarca.  
 Cataluña, 4 de enero - 04 de julio de 2021.

COMARCA	VARIANT							
	Alfa - B.1.1.7	% Alfa	Beta - B.1.351	% Beta	Gamma - P.1	% Gamma	Delta - B.1.617.2	% Delta
Alt Camp	6	0,1%	0	0,0%	1	0,3%	1	0,1%
Alt Empordà	69	1,1%	3	2,0%	1	0,3%	5	0,4%
Alt Penedès	28	0,4%	2	1,4%	0	0,0%	13	1,2%
Alta Ribagorça	3	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%
Anoia	29	0,5%	0	0,0%	18	6,2%	10	0,9%
Aran	15	0,2%	0	0,0%	0	0,0%	1	0,1%
Bages	189	3,0%	3	2,0%	6	2,1%	31	2,8%
Baix Camp	14	0,2%	1	0,7%	3	1,0%	5	0,4%
Baix Ebre	11	0,2%	0	0,0%	0	0,0%	5	0,4%
Baix Empordà	36	0,6%	2	1,4%	2	0,7%	4	0,4%
Baix Llobregat	483	7,7%	35	23,6%	21	7,2%	108	9,6%
Baix Penedès	9	0,1%	0	0,0%	0	0,0%	4	0,4%
Barcelonès	2.515	40,2%	41	27,7%	56	19,2%	357	31,8%
Berguedà	21	0,3%	0	0,0%	0	0,0%	3	0,3%
Conca de Barberà	1	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%
Garraf	24	0,4%	1	0,7%	0	0,0%	6	0,5%
Garrigues	3	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	1	0,1%
Garrotxa	52	0,8%	1	0,7%	1	0,3%	7	0,6%
Gironès	149	2,4%	0	0,0%	2	0,7%	31	2,8%
Maresme	591	9,5%	8	5,4%	13	4,5%	95	8,5%
Moianès	20	0,3%	0	0,0%	1	0,3%	1	0,1%
Montsià	23	0,4%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%
Noguera	10	0,2%	1	0,7%	2	0,7%	5	0,4%
Osona	337	5,4%	2	1,4%	9	3,1%	57	5,1%
Pallars Jussà	6	0,1%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%
Pallars Sobirà	7	0,1%	0	0,0%	0	0,0%	8	0,7%
Pla de l'Estany	17	0,3%	0	0,0%	0	0,0%	2	0,2%
Priorat	2	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%
Ribera d'Ebre	3	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%
Ripollès	20	0,3%	0	0,0%	0	0,0%	7	0,6%
Segarra	6	0,1%	1	0,7%	0	0,0%	3	0,3%
Segrià	71	1,1%	0	0,0%	17	5,8%	6	0,5%
Selva	136	2,2%	1	0,7%	18	6,2%	34	3,0%
Solsonès	9	0,1%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%
Tarragonès	26	0,4%	1	0,7%	8	2,7%	11	1,0%
Terra Alta	2	0,0%	0	0,0%	1	0,3%	1	0,1%
Urgell	33	0,5%	0	0,0%	1	0,3%	8	0,7%
Vallès Occidental	350	5,6%	35	23,6%	71	24,3%	134	11,9%
Vallès Oriental	775	12,4%	4	2,7%	27	9,2%	93	8,3%
Fora de Catalunya*	4	0,1%	2	1,4%	2	0,7%	3	0,3%
Desconegut	148	2,4%	4	2,7%	11	3,8%	64	5,7%
<b>Total</b>	<b>6.253</b>	<b>100,0%</b>	<b>148</b>	<b>100,0%</b>	<b>292</b>	<b>100,0%</b>	<b>1.124</b>	<b>100,0%</b>

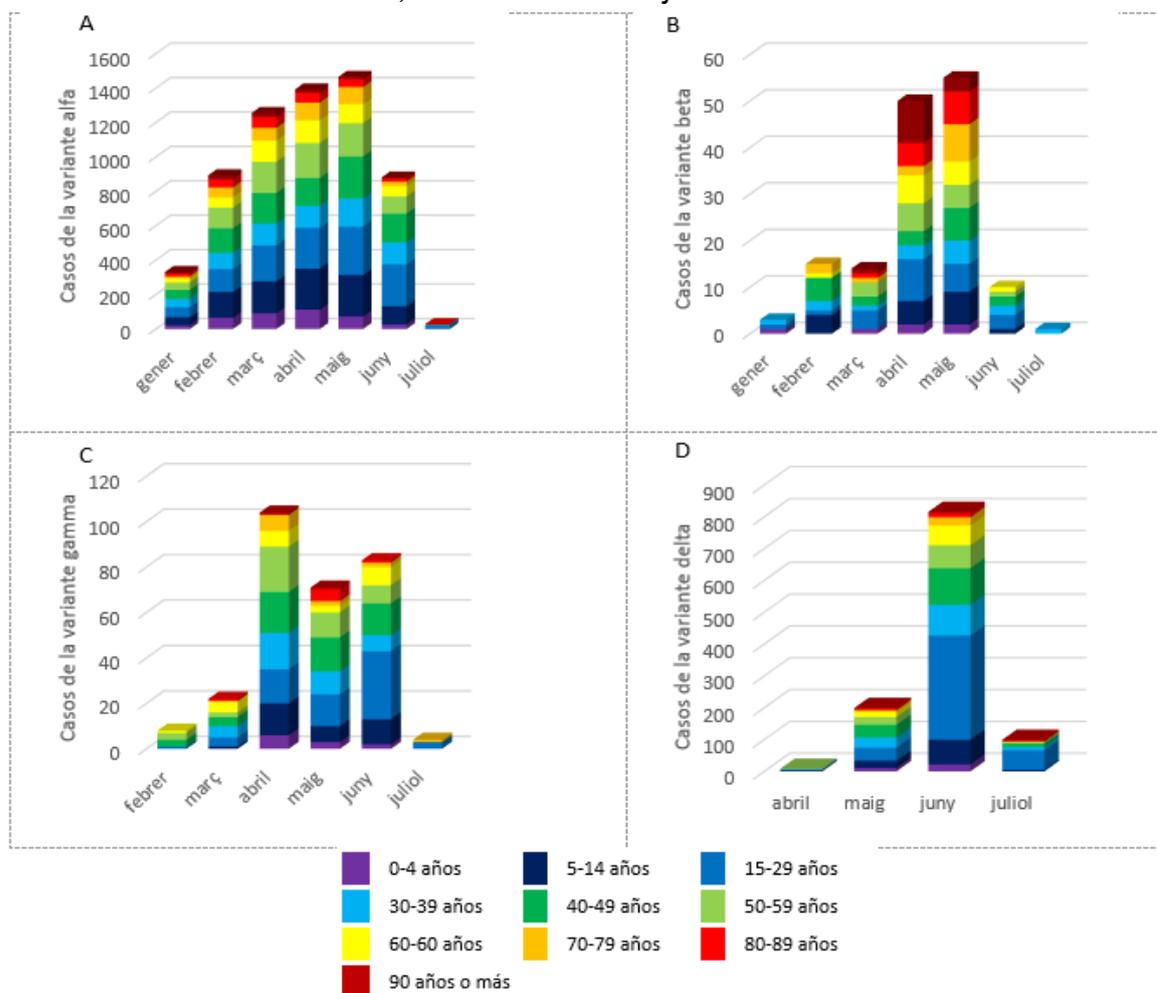
\*Otras CA (n=11)

Fuente: Sistema de Notificación Microbiológica de Cataluña. Subdirecció General de Vigilància y Respuesta a Emergències de Salut Pública. Secretaria de Salut Pública.

En el análisis de las variantes según los meses y los grupos de edad, se observa cómo los casos de la variante alfa aumentaron de enero a febrero, sobre todo, hasta mayo. En junio, en cambio, se observa una bajada, sobre todo en la población de más de 60 años (figura 7A). Por el contrario, el variante delta, muy poco presente en abril, ha aumentado su presencia rápidamente sobre todo entre la población de 15-29 años (38,4%). En cambio, en la población de más de 70 años representa el 5,8% (figura 7D).

*Figura 7. Número de casos de SARS-CoV-2 por VOC según los meses y el grupo de edad.*

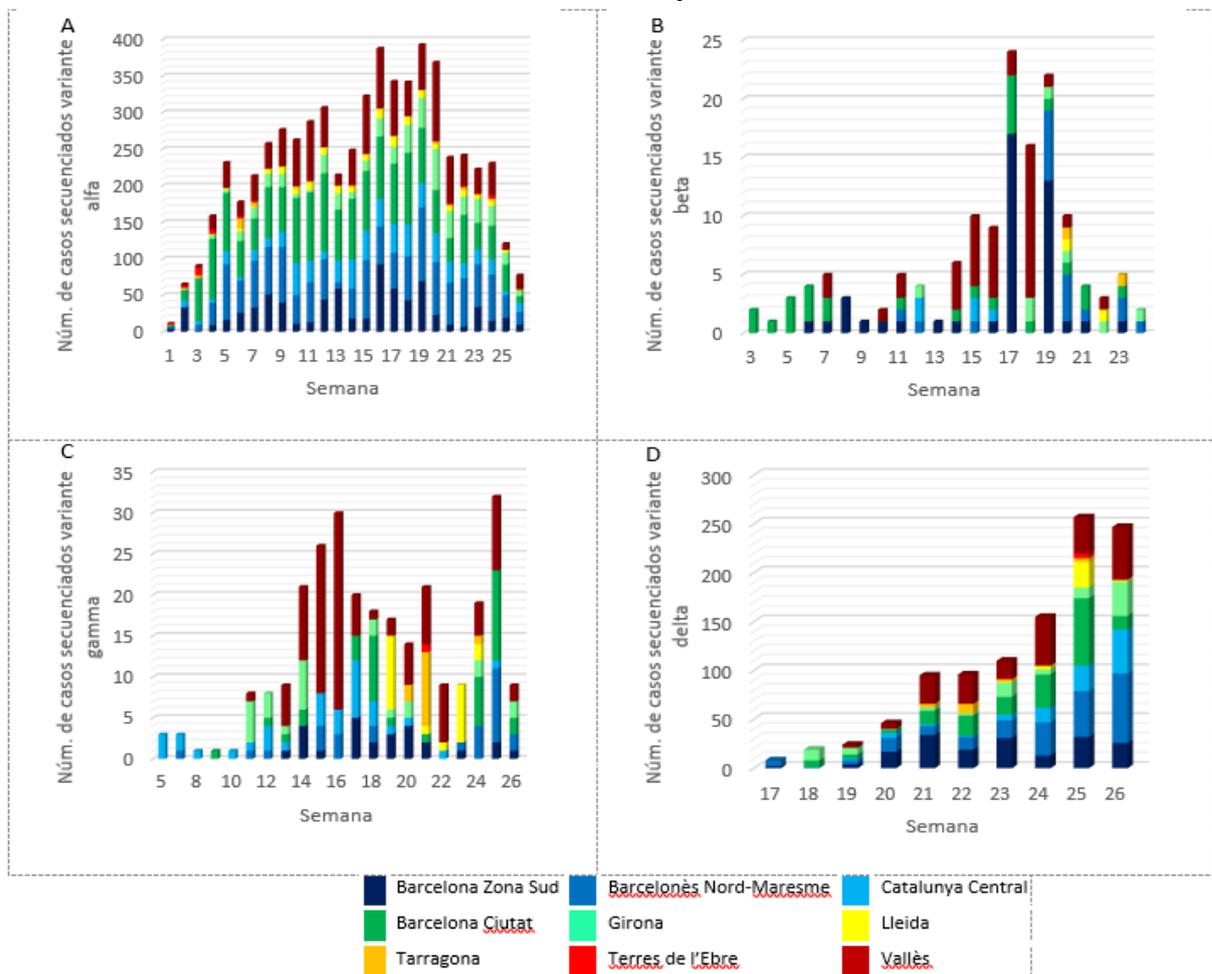
*Cataluña, 4 de enero - 04 de julio de 2021.*



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

Se observa una disminució de la variant alfa sobre tot en el SVE de Lleida la semana 24 (figura 8A). Las variantes beta y gamma se van detectando de manera desigual a lo largo de las semanas en los diferentes SVE (figura 8B y 8C), aunque la semana 25 se ha observado un aumento de la variante gamma principalmente en los SVE del Barcelonès Nord-Maresme, Vallès y Barcelona Ciutat. También la semana 25 han aumentado el número de casos de la variante delta en la mayoría de los SVE (figura 8D).

*Figura 8. Número de casos de SARS-CoV-2 VOC por SVE. Cataluña, 4 de enero - 04 de julio de 2021.*



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

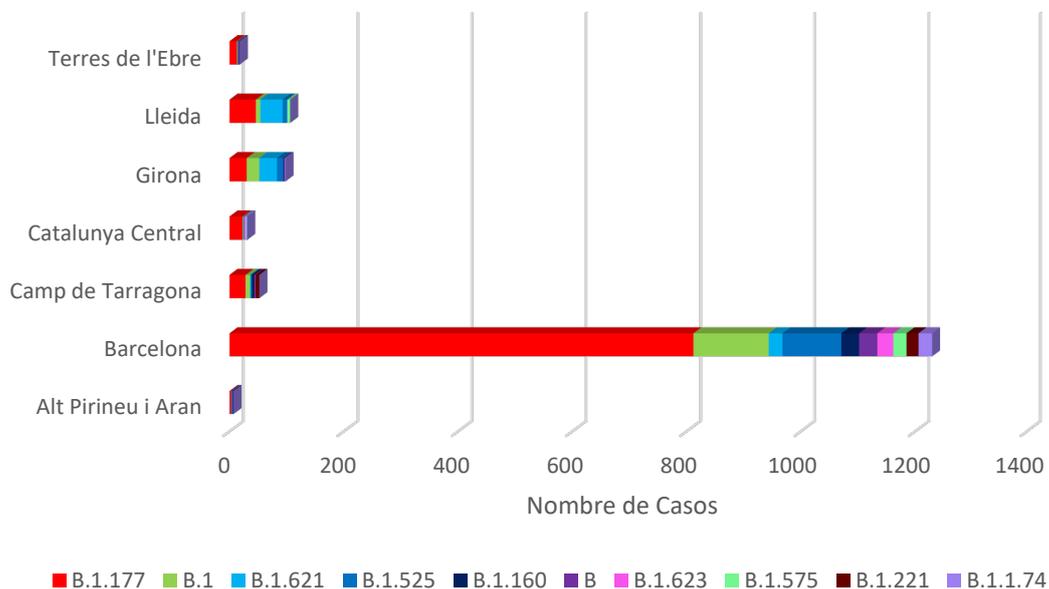
### Variantes de interés (VOI, *variants of interest*)

La repercusión de que otras variantes diferentes de las anteriores mencionadas puedan llegar a tener un papel importante todavía se desconoce. Por eso es recomendable el seguimiento de los casos con el fin de conocer cambios de la situación epidemiológica.

En el análisis de los linajes VOI, el B.1.177 ha sido el más frecuente, con un 49,7% (981 casos), seguido del B.1, con un 8,9% (175 casos), y el B.1.621, con 5,0% (136 casos), (tabla 10).

Durante el periodo de estudio, por región sanitaria, se observa que en Barcelona se concentran la mayoría de casos de la B.1.177 y de la variante B.1 (figura 9).

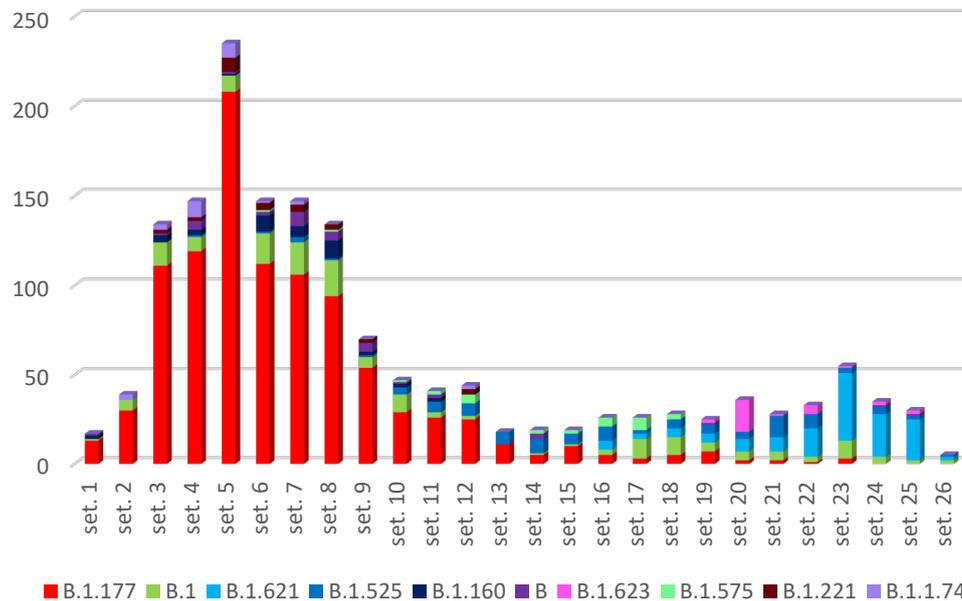
*Figura 9. Número de casos de los 10 linajes VOI de SARS-CoV-2 más frecuentes según región sanitaria. Cataluña, 4 de enero - 04 de julio de 2021.*



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

La variante B.1.177 estuvo muy presente durante las semanas 3 y 9, y, posteriormente, fue desplazada por la variante alfa. La B.1.525 fue ganando presencia, así como la variante B.1.621, de la cual, la semana 23, se han detectado 38 casos, y las últimas semanas ha sido la VOI más frecuente (figura 10).

*Figura 10. Número de casos de los 10 linajes VOI de SARS-CoV-2 más frecuentes según semanas. Cataluña, 4 de enero - 04 de julio de 2021.*



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

### A continuación, se detallan algunos linajes con características especiales:

#### B.1.525 (eta)

La variante B.1.525 no contiene la mutación N501Y, que sí que está presente en las variantes alfa, beta y gamma, pero contiene las mutaciones E484K y F888L, y la delección 69/70.

Los primeros casos se detectaron en diciembre del 2020 en 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 99 casos de esta variante, todos confirmados por secuenciación. El 50,5% de los casos corresponde a mujeres. La franja de edad con más casos ha sido la de 15-29 años (20,2%). El 39,4% de los casos se localizan en la región sanitaria de Lleida. Durante la semana 26 se notificó 1 caso.

## P.2 (zeta)

Se han detectado 2 casos de esta variante la semana 7. En un hombre de 45 años en el SVE del Vallès y en una niña de 10 años en el SVE de Barcelona Zona Sur.

### B.1.427 (épsilon)

Se han notificado 4 casos de esta variante entre las semanas 8 y 14. El rango de edad ha sido de 10 a 68 años. Se han localizado en el SVE de Barcelona Ciutat, Barcelona Zona Sud y Girona.

### B.1.621

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

El primer caso notificado en Cataluña fue el 22 de abril de 2021. Actualmente hay 136 casos confirmados. El 52,2% de los casos corresponde a hombres. El grupo de edad con más frecuencia de casos es el de 15-29 años (29,4%). El 75,7% de los casos se localizan en Barcelona. Durante la semana 26 se notificaron 2 casos.

## VOI y otros linajes circulantes

*Tabla 10. VOI y otras variantes circulantes. Cataluña, 4 de enero - 04 de julio de 2021.*

LINAJE	CASOS	% CASOS	LINAJE	CASOS	% CASOS
A	3	0,2%	B.1.177.22	27	1,4%
A.2	1	0,1%	B.1.177.29	1	0,1%
A.2.5	1	0,1%	B.1.177.31	1	0,1%
A.21	4	0,2%	B.1.177.32	4	0,2%
A.27	17	0,9%	B.1.177.4	3	0,2%
A.3	1	0,1%	B.1.177.40	1	0,1%
AY.1	4	0,2%	B.1.177.43	1	0,1%
B	37	1,9%	B.1.177.62	1	0,1%
B.1	175	8,9%	B.1.177.7	2	0,1%
B.1.1	27	1,4%	B.1.177.81	2	0,1%
B.1.1.116	3	0,2%	B.1.195	1	0,1%
B.1.1.122	1	0,1%	B.1.2	1	0,1%
B.1.1.126	4	0,2%	B.1.221	28	1,4%
B.1.1.134	1	0,1%	B.1.221.1	1	0,1%
B.1.1.141	4	0,2%	B.1.222	1	0,1%
B.1.1.143	1	0,1%	B.1.235	6	0,3%



LINAJE	CASOS	% CASOS	LINAJE	CASOS	% CASOS
B.1.1.15	1	0,1%	B.1.258	7	0,4%
B.1.1.152	8	0,4%	B.1.280	2	0,1%
B.1.1.161	2	0,1%	B.1.331	1	0,1%
B.1.1.222	6	0,3%	B.1.36	4	0,2%
B.1.1.238	1	0,1%	B.1.36.31	3	0,2%
B.1.1.242	1	0,1%	B.1.361	17	0,9%
B.1.1.250	5	0,3%	B.1.378	1	0,1%
B.1.1.26	5	0,3%	B.1.393	2	0,1%
B.1.1.269	8	0,4%	B.1.401	1	0,1%
B.1.1.28	10	0,5%	B.1.416	3	0,2%
B.1.1.285	5	0,3%	B.1.416.1	15	0,8%
B.1.1.29	12	0,6%	B.1.427	4	0,2%
B.1.1.296	1	0,1%	B.1.441	1	0,1%
B.1.1.313	1	0,1%	B.1.469	2	0,1%
B.1.1.318	2	0,1%	B.1.525	99	5,0%
B.1.1.33	1	0,1%	B.1.526	9	0,5%
B.1.1.348	2	0,1%	B.1.530	1	0,1%
B.1.1.38	3	0,2%	B.1.551	1	0,1%
B.1.1.397	2	0,1%	B.1.5575.1	1	0,1%
B.1.1.420	4	0,2%	B.1.561	1	0,1%
B.1.1.44	1	0,1%	B.1.575	29	1,5%
B.1.1.487	4	0,2%	B.1.575.1	12	0,6%
B.1.1.519	4	0,2%	B.1.596	1	0,1%
B.1.1.523	5	0,3%	B.1.617.1	5	0,3%
B.1.1.64	1	0,1%	B.1.620	4	0,2%
B.1.1.74	28	1,4%	B.1.621	136	6,9%
B.1.1.77	2	0,1%	B.1.621.1	1	0,1%
B.1.1.85	1	0,1%	B.1.623	31	1,6%
B.1.111	3	0,2%	B.10	1	0,1%
B.1.128	1	0,1%	B.31	1	0,1%
B.1.153	2	0,1%	B.40	3	0,2%
B.1.160	41	2,1%	C.36	2	0,1%
B.1.166	1	0,1%	C.37	11	0,6%
B.1.177	981	49,7%	N.5	1	0,1%
B.1.177.1	1	0,1%	P.1.1	2	0,1%
B.1.177.10	3	0,2%	P.1.2	2	0,1%
B.1.177.14	4	0,2%	P.2	2	0,1%
B.1.177.15	21	1,1%	P.4	1	0,1%
B.1.177.18	1	0,1%	R.1	3	0,2%
B.1.177.21	2	0,1%	<b>TOTAL</b>	<b>1.975</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.

## **ANEXO 1. LABORATORIOS QUE NOTIFICAN SECUENCIACIÓN Y/O CRIBADO**

### **SECUENCIACIÓN**

Banco de Sangre y Tejidos  
Hospital Clínico  
Hospital Germans Trias y Pujol  
Hospital Universitario de Bellvitge  
Hospital Universitario Vall d'Hebron  
Laboratorio de Referencia de Cataluña  
Hospital Universitario de Girona Doctor Josep Trueta  
Hospital Joan XXIII

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 Figueres  
Hospital de Olot Comarcal de la Garrotxa  
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 2: MUTACIONES I CARACTERÍSTICAS DE CADA VARIANTE DEL CORONAVIRUS SARS-CoV-2

### Principales variantes de preocupación para la salud pública (VOC)

VARIANTE	MUTACIONES MÁS RELEVANTES	IMPACTO POTENCIAL PARA LA SALUD PÚBLICA	DISPERSIÓN GEOGRÁFICA
<b>B.1.1.7 (alfa)</b>	N501Y, del 69-70, P681H, Y144 del, A540D	Aumento de la transmisibilidad. Posible incremento de la gravedad y la letalidad. Escaso efecto sobre la inmunidad.	Predominando en Europa y en otros países como Israel. Rápido aumento global.
<b>B.1.351 (501.V2) (beta)</b>	N501Y, E484K, K417N, L18F, A701V, del ORF1b	Probable aumento de la transmisibilidad. Reducción de la efectividad de algunas vacunas.	Sudáfrica; casos en numerosos países europeos. Prevalencia un poco más elevada en algunos departamentos de Francia.
<b>P.1 (gamma)</b>	S: N501Y, E484K, K417T, del ORF1b	Probable aumento de la transmisibilidad y escape moderado a la respuesta inmunitaria.	Dominando en América del Sur, especialmente Brasil. Baja frecuencia en países europeos (>10% en algunas regiones de Italia).

### Otras variantes de interés (VOI)

VARIANTE	MUTACIONES MÁS RELEVANTES	IMPACTO POTENCIAL PARA LA SALUD PÚBLICA	DISPERSIÓN GEOGRÁFICA
<b>B.1.617.2 (delta)</b>	L452R, P618R	Probable aumento de la transmisibilidad. Leve disminución de la efectividad vacunal (más marcada con vacunación incompleta). Posible incremento en la gravedad.	Reciente expansión en la India coincidiendo con un aumento de la incidencia. Mayoritaria en Reino Unido en el momento actual. Expansión en varios países europeos incluido España.
<b>B.1.427/B.1.429 (épsilon)</b>	L425R, S13I, W152C	Más transmisibilidad y leve a moderado escape a la respuesta inmunitaria respecto de las variantes previas.	Aumento en noviembre-diciembre en California. Escasos casos en países europeos.
<b>P.2 (zeta)</b>	E484K	Mutaciones compatibles con el escape a la respuesta inmunitaria respecto de las variantes previas.	Brasil (Río de Janeiro). Casos aislados en otros países, relacionados con viajes.



VARIANTE	MUTACIONES MÁS RELEVANTES	IMPACTO POTENCIAL PARA LA SALUD PÚBLICA	DISPERSIÓN GEOGRÁFICA
<b>B.1.525 (eta)</b>	E484K, F888L, del 69-70, Q677H	Mutaciones compatibles con el escape a la respuesta inmunitaria contra las variantes previas. Puede dar positivo en el cribado para SGTF	Dinamarca, Reino Unido, Países Bajos, Noruega, EE.UU., Canadá. Relacionados con Nigeria.
<b>B.1.526 (iota)</b>	E484K, A701V D253G	Mutaciones compatibles con el escape a la respuesta inmunitaria contra las variantes previas.	Rápida expansión en el área metropolitana de Nueva York.
<b>B.1.617.1 (kappa)</b>	L452R, P618R, E484Q	Mutaciones relacionadas con posible aumento de la transmisibilidad y el escape a la inmunidad	Detectada por primera vez en la India. La mayoría de los casos detectados en otros países son importados.
<b>B.1.1.7 con E484K</b>	Similar a B.1.1.7 y E484K	Similar a B.1.1.7 y escape a la respuesta inmunitaria.	Detectada por primera vez en Reino Unido: casos aislados en otros países.
<b>B.1.621</b>	R346K, E484K, N501Y	Mutaciones compatibles con uno aumento de la transmisibilidad y escape a la respuesta inmunitaria respecto de variantes previas.	La mayor parte de las secuencias provienen de Colombia.
<b>C.16</b>	L425R	Mutaciones compatibles con la reducción de la capacidad de neutralización.	Expansión geográfica en Portugal desde noviembre.
<b>A.23.1</b>	F157L, V367F, Q613H, P681R	Mutaciones compatibles con el aumento de la transmisión.	Detectada recientemente en Reino Unido. Escasos casos en otros países.

Tabla basada en la: [Actualización de la situación epidemiológica de las variantes de SARS-CoV-2 de importancia en salud pública en España](#). Fecha: 28 de junio de 2021.

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

**Agradecimientos:** a los profesionales de la Red del Sistema de Notificación Microbiológica de Cataluña (SNMC) y de la 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.