

INFORME DE VIGILANCIA DE LAS VARIANTES GENÓMICAS DEL CORONAVIRUS SARS-CoV-2 EN CATALUÑA. Semana 29 - 2021 (19 de julio de 2021 – 25 de julio de 2021)

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

Resumen de lo más destacado

Durante la **semana 27**, se han secuenciado **656 casos**, lo que representa el **3,0%** del total de casos de SARS-CoV-2 con PCR positiva. El **88,0%** de los casos son de la **variante delta**, seguidos del **7,6%** de la **variante alfa** y del 2,3% de la variante gama. La variante B.1.621 ha representado el 0,5%. No se han detectado casos de la variante beta.

B.1.1.7 (alfa)

Desde el inicio de la secuenciación, la variante alfa ha ido aumentando progresivamente hasta llegar al 79,8% de las muestras secuenciadas durante la semana 19 (410 casos). Desde entonces, ha ido disminuyendo gradualmente hasta el 7,6% (50 casos) en la semana 27.

Los casos se concentran en el grupo de edad de 15-29 años (19,1%) y en la comarca del Barcelonès (40,4%), 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 la última semana no se ha detectado ningún caso. 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%), el Vallès Occidental (23,6%) y el Baix Llobregat (23,6%).

P.1 (gama)

La variante gama presentó un pico de casos la semana 25 (35 casos). Durante la última semana se han notificado 15 casos. El número más elevado de casos se observa en el grupo de 15-29 años (23,0%), seguido del grupo de 40-49 años (17,6%). Los casos se concentran en las comarcas del Vallès Occidental (23,3%) y el Barcelonès (22,0%).

B.1.617.2 (delta)

Desde el primer caso notificado en Cataluña (16 abril de 2021), la variante delta aumenta de forma importante hasta alcanzar los 577 casos secuenciados en la semana 27 (88,0%). El número más elevado de casos se encuentra en el grupo de 15-29 años (36,8%), y principalmente, en la comarca del Barcelonès (38,8%).

B.1.621

Desde el 22 de abril se han detectado 143 casos, de los cuales 3 casos en la semana 27. El grupo de edad con mayor frecuencia de casos es el de 15-29 años (29,4%). El 75,5% 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 una o más mutaciones que la diferencian de las otras variantes circulantes. La mayoría de las mutaciones tienen poco o ningún impacto en cuanto a cambios en el desarrollo de la enfermedad. No obstante, de todas las mutaciones, las que más preocupan son aquellas que afectan al gen que codifica por la proteína de la espícula, la proteína 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 que 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 reviste 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 mayor 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 deban tomar en caso necesario.

Las variantes del SARS-CoV-2 se clasifican en dos categorías: las variantes de preocupación (VOC) y las variantes de interés (VOI).

Una variante del SARS-CoV-2 es una **VOI** si tiene un genoma con mutaciones que conducen a cambios de aminoácido asociados a sospechas de efectos fenotípicos (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 múltiples casos de transmisión comunitaria o se ha detectado en varios países.

Una variante de interés (VOI) del 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 del SARS-CoV-2, en la 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 (gama) 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 las situaciones relevantes para la salud pública que ayuden a entender el contexto de los casos que tienen mayor transmisibilidad, personas con sospecha de reinfecciones o vacunadas, entre otros. Con dicha finalidad, la Subdirección General de Vigilancia y Respuesta a Emergencias de Salud Pública ha coordinado la vigilancia de las variantes del 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, puede consultar el protocolo [Vigilancia de nuevas variantes de SARS-CoV-2: integración de la secuenciación genómica del SARS-CoV-2 en el sistema de vigilancia en Cataluña](#).

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 (completo 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 la variante B.1.1.7 (alfa) respecto del número total de muestras positivas realizadas con una PCR capaz de detectar esta variante.

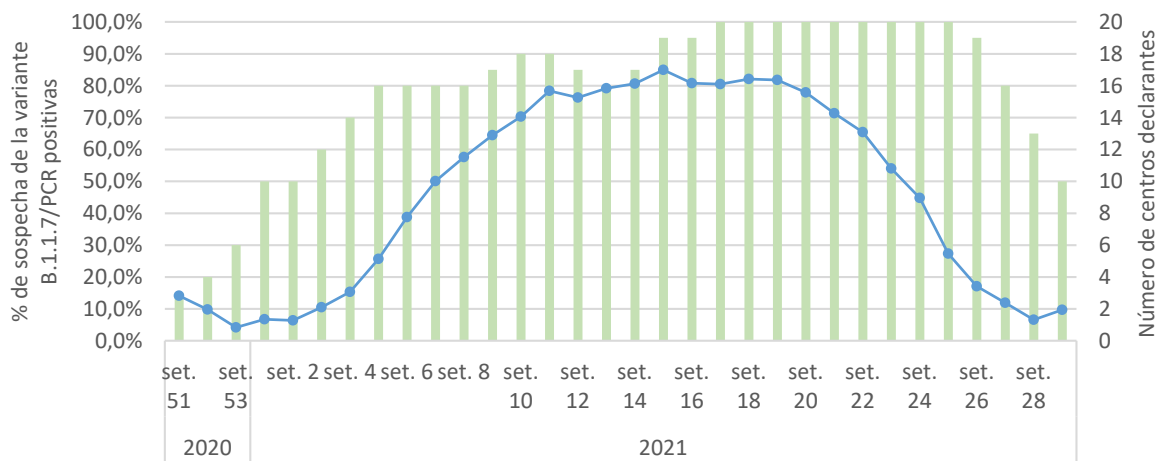
Los casos analizados corresponden al periodo comprendido entre la semana 51 y la semana 28 (14 de diciembre de 2020 - 25 de julio de 2021).

Durante el periodo de estudio se han detectado **76.850 casos de la variante alfa**. De estos, **33.564** casos tenían delección y/o mutación en el gen S, lo que representa un **43,7%** 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% en la semana 15. A partir de la semana 20 se observa una disminución, que llega al **6,6% en la semana 28** (12 de julio de 2021 –

18 de julio de 2021), y al **9,7% la semana 29** (19 de julio 2021 – 25 de julio 2021). Los datos de esta última semana son provisionales, con 10 centros declarantes. Algunos centros han notificado los resultados del cribado de casos compatibles con la variante B.1.617.2 respecto del número total de PCR positivas realizadas con una PCR capaz de detectar esta variante, en la que el porcentaje llega al 88,7% (779 casos), con 4 centros declarantes en la semana 28, y al 96,6% (235 casos), con 3 centros declarantes en la semana 29.

Figura 1. Porcentaje de casos compatibles con la variante B.1.1.7 respecto del número total de PCR positivas realizadas con una PCR capaz de detectar esta variante. Cataluña diciembre 2020 – 25 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

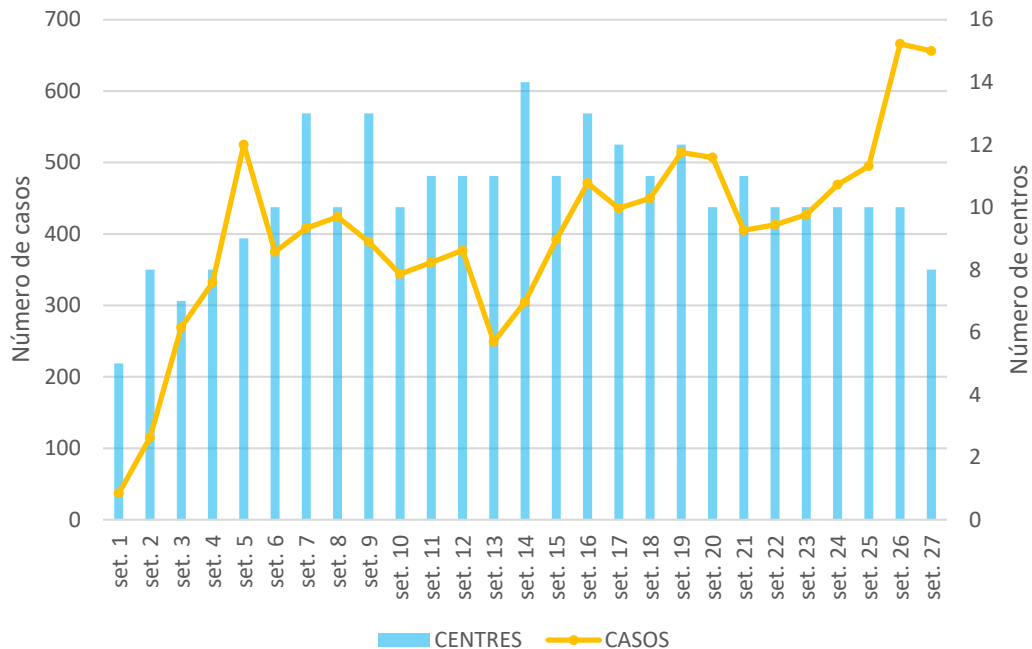
Se han analizado los casos notificados por los centros de forma individualizada de las variantes del SARS-CoV-2 según la secuenciación, parcial o completa, desde el 4 de enero hasta el 11 de julio de 2021 (semana 27). Se debe tener en cuenta que los resultados de secuenciación se notifican con unos 15 días de retraso desde el diagnóstico.

La secuenciación se realiza de forma aleatoria o por algún motivo de interés para la salud pública –indicado 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 10.810 casos**. El número de secuenciaciones ha aumentado en las primeras semanas con un pico máximo durante la semana 26 (666 casos) (figura 2). Entre las semanas 1 y 25, el número de secuenciaciones semanales ha estado entre 37 y 525. Los datos de la semana 27, con 656 casos secuenciados, son provisionales, dado que hay centros que lo notifican con retraso.

Figura 2. Número de casos de SARS-CoV-2 secuenciados por número de centros declarantes. Cataluña, 4 de enero - 11 de julio de 2021

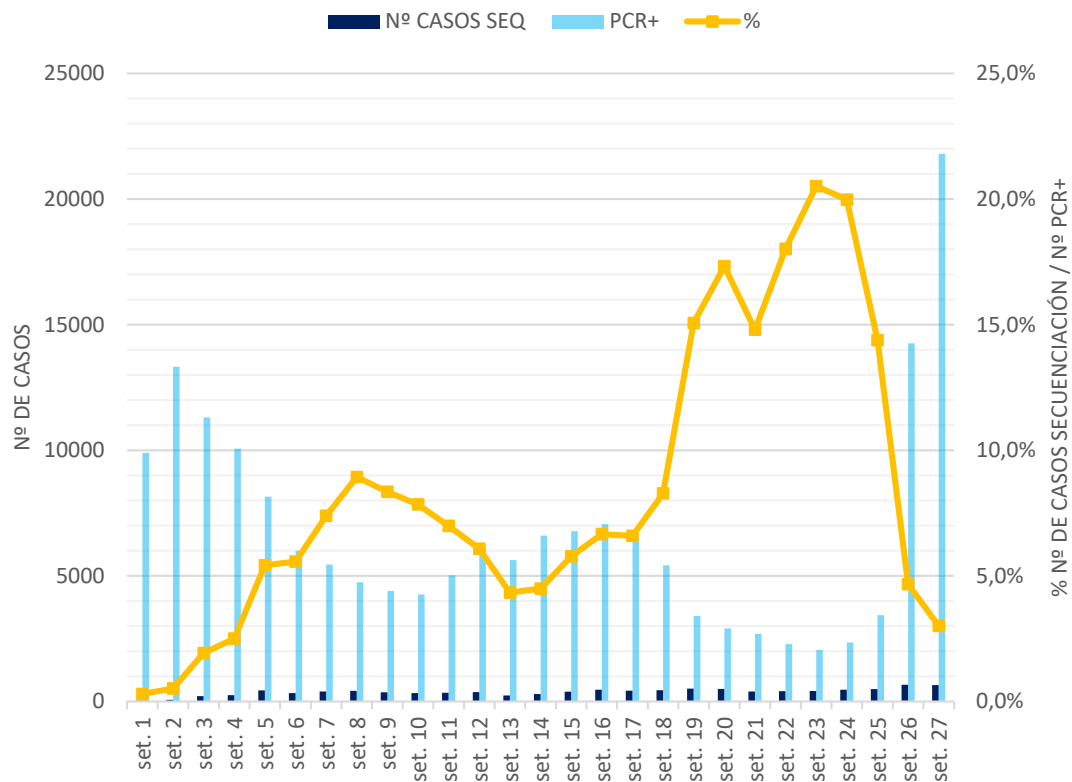


Fuente: Sistema de Notificación Microbiológica de Cataluña. Subdirección General de Vigilancia y Respuesta a Emergencias de Salud Pública. Secretaría de Salud Pública.

De las 10.810 muestras analizadas, se ha realizado la secuenciación completa en el 96,4% de las muestras y parcial en el 3,6%.

Durante las semanas 25 (21 de junio de 2021 - 27 de junio de 2021), 26 (28 de junio de 2021 - 4 de julio de 2021) y 27 (5 de julio de 2021 - 11 de julio de 2021) se ha hecho la secuenciación completa de los casos de SARS-CoV-2 positivos por PCR en 495 muestras (14,4%), 666 muestras (4,7%) y 656 muestras (3,0%) del total de casos, respectivamente. El porcentaje de secuenciación de esta última semana ha sido mucho más bajo dado el gran número de casos SARS-CoV-2 con PCR positiva (figura 3).

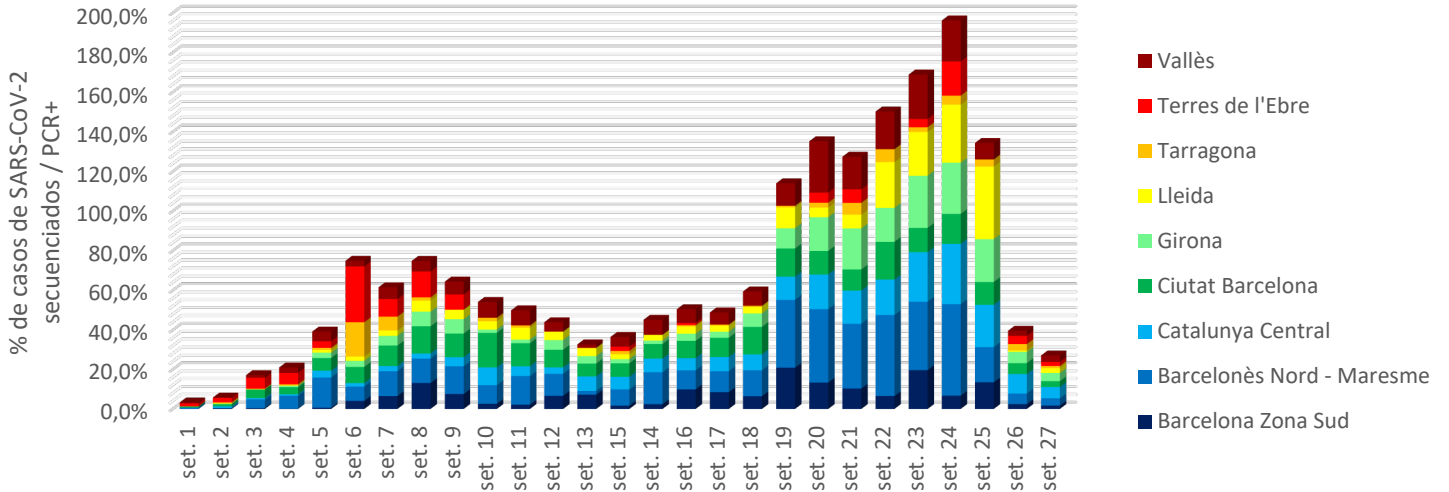
Figura 3. Número y porcentaje de casos SARS-CoV-2 secuenciados por semanas. Catalunya, 4 de enero - 11 de julio de 2021



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

La secuenciación ha sido muy heterogénea entre los SVE y ha ido cambiando a lo largo de las semanas. Durante la semana 27, los porcentajes de secuenciación han variado desde el 5,7% en la Catalunya Central, el 4,1% en Girona, el 3,7% en el Barcelonès Nord-Maresme, el 3,2% en el Vallès, el 3,0% en Barcelona Ciutat, el 2,5% en Lleida, el 2,1% en Terres de l'Ebre, 1,7% en Barcelona Zona Sud, y el 1,0% en Tarragona (figura 4).

Figura 4. Porcentaje de casos de SARS-CoV-2 secuenciados según SVE y semana. Cataluña, 4 de enero - 11 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 SARS-CoV-2 con PCR positiva ha sido el de Catalunya Central, seguido del de Barcelonès Nord-Maresme y Girona (tabla 1).

Tabla 1. Número de casos de SARS-CoV-2 secuenciados y porcentaje por SVE y mes de diagnóstico. Cataluña, 4 de enero - 11 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	11	0,7	2	0,6	380	6,0
Maig	273	11,4	364	25,9	171	11,9	364	13,6	243	10,8	53	5,9	28	2,4	5	2,5	394	13,1
Juny	236	8,9	438	19,7	168	21,1	455	10,6	180	18,1	74	16,9	41	4,4	17	8,9	379	10,1
Juliol	96	0,8	120	1,6	52	2,2	307	1,7	86	2,1	18	0,7	24	0,6	5	1,0	165	1,3

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

De los 10.810 casos secuenciados (tabla 2), el 80,9% han sido VOC (alfa, beta, gama y delta) y el 19,1%, VOI.

Tabla 2. Número de casos de SARS-CoV-2 por VOC y VOI. Cataluña, 4 de enero - 11 de julio de 2021

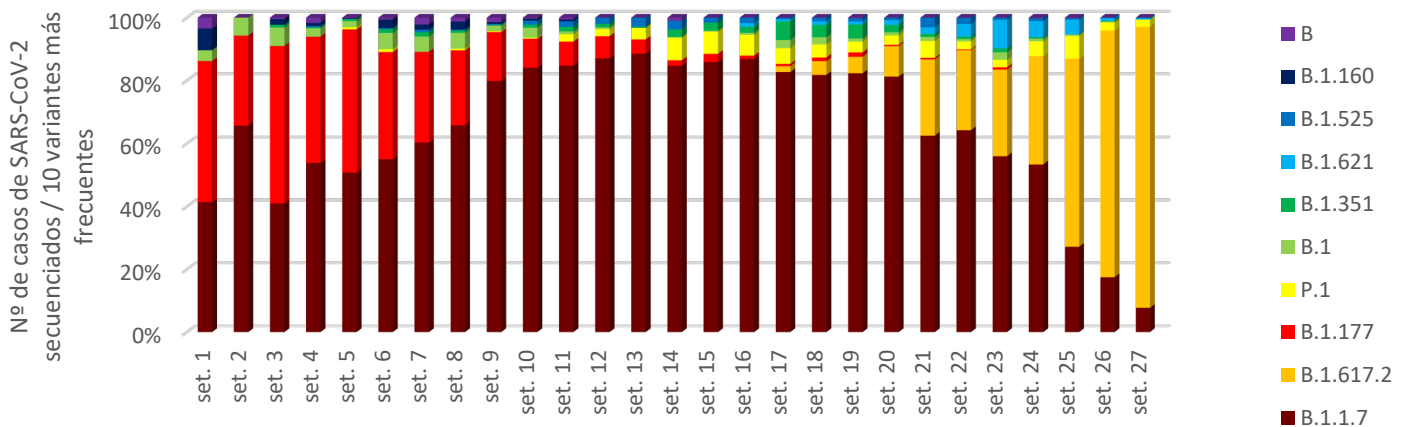
	VARIANTE	CASOS	% CASOS
VOC	Alfa - B.1.1.7	6.338	58,6%
	Beta - B.1.351	148	1,4%
	Gama - P.1	313	2,9%
	Delta - B.1.617.2	1.946	18,0%
VOI	B.1.177	981	9,1%
	B.1	175	1,6%
	B.1.621	143	1,3%
	B.1.525	100	0,9%
	Otras VOI	666	6,2%
	TOTAL	10.810	100,0%

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 6.338 casos (58,6%). Durante las primeras semanas se observa un progresivo aumento 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 ningún caso desde la semana 24.

La 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 577 casos en la semana 27 (figura 5 y tabla 3), y ha desplazado a la variante alfa.

Figura 5. Porcentaje de los casos de los 10 linajes del SARS-CoV-2 más frecuentes por semana. Cataluña, 4 de enero - 11 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 del SARS-CoV-2 más frecuentes por mes de diagnóstico. Cataluña, 4 de enero - 11 de julio de 2021

MES	LLINATGE										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		ALTRES
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	1.396	8	23	104	10	50	8	27	0	3	48	1.677
Maig	1.467	199	18	71	31	55	25	26	0	1	82	1.975
Juny	904	941	4	86	21	10	105	17	0	2	44	2.134
Juliol	88	798	0	22	0	1	5	2	0	0	18	934
TOTAL	6.338	1.946	981	313	175	148	143	100	41	37	588	10.810

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 27, la variante mayoritaria ha sido la variante B.1.617.2 (88,0%), seguimiento de las variantes B.1.1.7 (7,6%), P.1 (2,3%) 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 - 11 de julio de 2021

	LLINATGE																TOTAL						
	B.1.617.2		B.1.1.7		P.1		B.1.621		P.1.2		B.1.1		B.1		AY.1			B.1.525		B.1.620		ALTRES	
	N	%	N	%	N	%	N	%	N	%	N	%	N	%	N	%		N	%	N	%	N	%
set. 25	288	58,2	131	26,5	35	7,1	23	4,6	2	0,4	2	0,4	2	0,4	1	0,2	2	0,4	1	0,2	8	1,6	495
set. 26	511	76,7	114	17,1	17	2,6	6	0,9	2	0,3	2	0,3	2	0,3	3	0,5	1	0,2	2	0,3	6	0,9	666
set. 27	577	88,0	50	7,6	15	2,3	3	0,5	2	0,3	1	0,2	0	0,0	0	0,0	1	0,2	0	0,0	7	1,1	656

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)

La **variante alfa**, que pertenece al linaje **B.1.1.7**, se detectó por primera vez en el Reino Unido en septiembre de 2020 y se ha extendido rápidamente en numerosos países a escala mundial. Tiene unas 17 mutaciones, de las cuales 9 están en el gen S. De las que más preocupan son la mutación N501Y (afecta a la región de unión al receptor o RBD); 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 el Reino Unido que algunos aislamientos de esta variante habían adquirido la mutación E484K. Es probable que esta variante tenga propiedades idénticas a la variante B.1.1.7 sin la E484K, pero puede

haber una disminució en la neutralització per anticòrps monoclonals i sueros de convalescents, com es observa en altres variants amb la mutació E484K. Aquest aspecte està en estudi.

En Catalunya, el 16 de desembre de 2020 es detectà el primer cas de variant alfa.

El 18 de desembre de 2020, el Departament de Salut de Sudàfrica anuncià la detecció d'una nova variant, la **variant beta**, pertanyent al linatge **B.1.351**. Es detectà per primera vegada a la província del Cap Oriental de Sudàfrica a octubre de 2020. Aquesta variant té unes 21 mutacions, de les quals 9 estan en el gen S. Comparteix algunes mutacions amb la variant alfa, però preocupa perquè, a més, té altres mutacions en la mateixa RBD: E484K i K417N. La mutació E484K suposa un canvi d'aminoàcid associat a un canvi de càrrega (un aminoàcid amb càrrega negativa es substitueix per un altre amb càrrega positiva) (anexo 2). A més, juntament amb la mutació N501Y, pot afectar a la unió del virus a la cèl·lula. Preocupa el fet que podria escapar-se de la neutralització per als anticòrps.

Aquesta variant desplaçà el rest dels variants circulants a Sudàfrica des del mes de novembre, el que indica que podria tenir més capacitat de transmissió.

El primer cas notificat a Catalunya va ser diagnosticat el 19 de gener de 2021.

Al principi de gener de 2021, Japó notificà una nova variant, la **variant gama**, que pertany al linatge **P.1**. Presenta unes 17 mutacions, de les quals 10 estan en el gen S, entre les quals hi ha la mutació N501Y i la E484K, i, com a la variant beta, té la mutació K417T, però amb un canvi de Thr (treonina), en lloc de N (asparagina, en la variant beta) (anexo 2). El primer cas a Catalunya registrat a l'SNMC va ser el 5 de febrer de 2021.

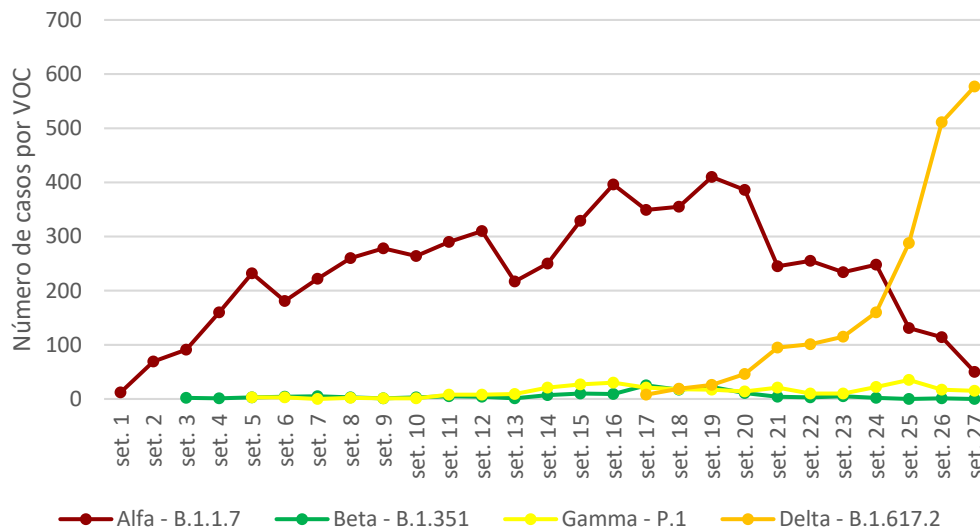
La **variant delta (B.1.617.2)** va ser detectada per primera vegada a l'Índia a octubre de 2020. Presenta unes 13-15 mutacions, de les quals destaquen la mutació E484Q, en la mateixa posició que la mutació E484K (present en les variants beta i gama) i la mutació L452R (present també en la variant èpsilon, B.1.427/B.1.429).

Dintre del linatge B.1.617 hi ha tres sublinatges, que tenen algunes diferències en les seves mutacions. Els sublinatges B.1.617.1 i B.1.617.3 presenten les mutacions E484Q i L452R, mentre que el B.1.617.2 només presenta la mutació L452R. De les tres sublinatges, el B.1.617.1 i el B.1.617.2 han experimentat una expansió important en els últims mesos; per el contrari, el B.1.617.3 no sembla que s'hagi estès. A Catalunya, el 16 d'abril de 2021 es notificà el primer cas d'aquesta variant.

En todo el territorio catalán se observó un rápido aumento de la variante alfa, la cual llegó al máximo pico en la semana 19 (410 casos). A partir de entonces, los casos de variante alfa empiezan a disminuir rápidamente, y llegaron a 50 en la semana 27. Esta variante ha sido desplazada por la delta en la semana 25. Durante la semana 27 se notificaron 577 (figura 6).

Por el contrario, el número de casos de las variantes beta y gama se mantienen en un número muy bajo, 148 casos y 313 casos, respectivamente, (figura 6).

Figura 6. Número de casos de SARS-CoV-2 por VOC y semana.
Cataluña, 4 de enero - 11 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 existe demasiada diferencia entre hombres y mujeres (tabla 5).

Tabla 5. Número de casos de SARS-CoV-2 por VOC y sexo.
Cataluña, 4 de enero - 11 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	3.215	50,7%	80	54,1%	158	50,5%	1.007	51,7%
Home	3.122	49,3%	68	45,9%	155	49,5%	938	48,2%
Desconegut	1	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	1	0,1%
Total	6.338	100,0%	148	100,0%	313	100,0%	1.946	100,0%

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 40-49 años de forma generalizada para todas las VOC. Destaca a la variante delta el grupo de 15-29 años, con el 36,7% (tabla 6).

Tabla 6. Número de casos de SARS-CoV-2 por VOC y grupo de edad.
 Catalunya, 4 de enero - 11 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	400	6,3%	6	4,1%	15	4,8%	88	4,5%
5-14 anys	981	15,5%	17	11,5%	35	11,2%	197	10,1%
15-29 anys	1.211	19,1%	24	16,2%	72	23,0%	714	36,7%
30-39 anys	698	11,0%	15	10,1%	42	13,4%	238	12,2%
40-49 anys	959	15,1%	19	12,8%	55	17,6%	264	13,6%
50-59 anys	853	13,5%	15	10,1%	45	14,4%	180	9,2%
60-69 anys	509	8,0%	13	8,8%	26	8,3%	129	6,6%
70-79 anys	374	5,9%	13	8,8%	12	3,8%	68	3,5%
80-89 anys	257	4,1%	13	8,8%	8	2,6%	48	2,5%
90 anys o més	93	1,5%	13	8,8%	3	1,0%	16	0,8%
Desconegut	3	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	4	0,2%
Total	6.338	100,0%	148	100,0%	313	100,0%	1.946	100,0%

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

En cuanto 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 gama predomina en el Vallès y la delta tiene más casos en Barcelona Ciutat, seguida del Vallès (tabla 7).

Tabla 7. Número de casos de SARS-CoV-2 por VOC y SVE.
 Cataluña, 4 de enero - 11 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	765	12,1%	44	29,7%	27	8,6%	256	13,2%
Barcelonès Nord - Maresme	1.278	20,2%	17	11,5%	28	8,9%	307	15,8%
Catalunya Central	590	9,3%	5	3,4%	33	10,5%	142	7,3%
Ciutat Barcelona	1.646	26,0%	26	17,6%	49	15,7%	514	26,4%
Girona	485	7,7%	7	4,7%	28	8,9%	139	7,1%
Lleida	166	2,6%	2	1,4%	20	6,4%	48	2,5%
Tarragona	63	1,0%	2	1,4%	12	3,8%	55	2,8%
Terres de l'Ebre	40	0,6%	0	0,0%	1	0,3%	14	0,7%
Vallès	1.148	18,1%	39	26,4%	102	32,6%	351	18,0%
Fora de Catalunya*	4	0,1%	2	1,4%	2	0,6%	4	0,2%
Desconegut	153	2,4%	4	2,7%	11	3,5%	116	6,0%
Total	6.338	100,0%	148	100,0%	313	100,0%	1.946	100,0%

*Otras CC. AA. (n = 12)

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 de 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 - 11 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	30	0,5%	0	0,0%	0	0,0%	18	0,9%
Barcelona	4.771	75,3%	123	83,1%	202	64,5%	1.403	72,1%
Camp de Tarragona	62	1,0%	2	1,4%	12	3,8%	51	2,6%
Catalunya Central	600	9,5%	5	3,4%	35	11,2%	142	7,3%
Girona	550	8,7%	10	6,8%	30	9,6%	168	8,6%
Lleida	128	2,0%	2	1,4%	20	6,4%	30	1,5%
Terres de l'Ebre	40	0,6%	0	0,0%	1	0,3%	14	0,7%
Fora de Catalunya*	4	0,1%	2	1,4%	2	0,6%	4	0,2%
Desconegut	153	2,4%	4	2,7%	11	3,5%	116	6,0%
TOTAL	6.338	100,0%	148	100,0%	313	100,0%	1.946	100,0%

* Otras CC. AA. (n = 12)

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 Barcelonès y el Vallès Oriental.

La variante beta se localiza sobre todo en el Barcelonès, el Baix Llobregat y el Vallès Occidental. La variante gama predomina en el Vallès Occidental, seguido del Barcelonès, y la variante delta destaca en la comarca del Barcelonès y el Vallès Occidental (tabla 9).

Tabla 9. Número de casos de SARS-CoV-2 VOC por comarca.
Cataluña, 4 de enero - 11 de julio de 2021

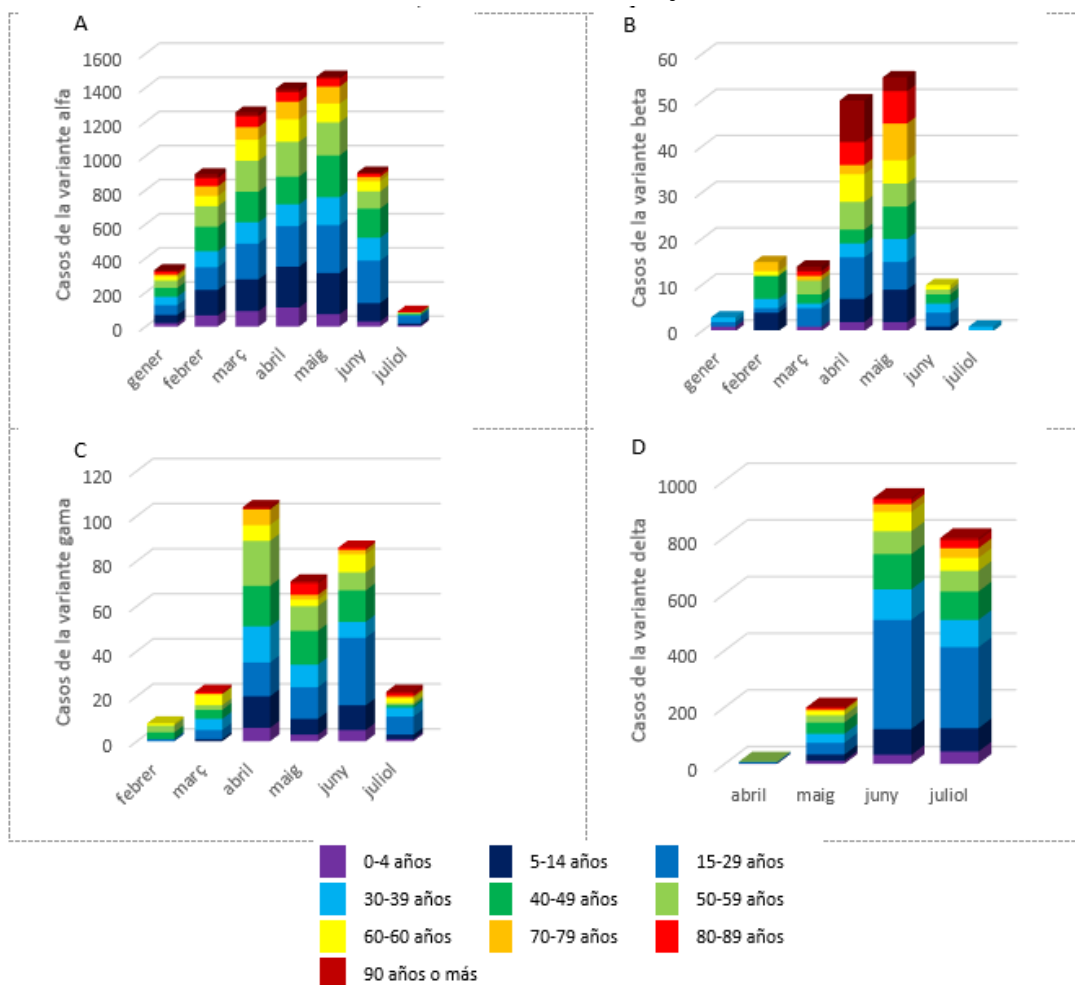
COMARCA	VARIANT							
	Alfa - B.1.1.7	% Alfa	Beta - B.1.351	% Beta	Gamma - P.1	% Gamma	Delta - B.1.617.2	% Delta
Alt Camp	6	0,1%	0	0,0%	1	0,3%	3	0,2%
Alt Empordà	70	1,1%	3	2,0%	2	0,6%	8	0,4%
Alt Penedès	28	0,4%	2	1,4%	0	0,0%	17	0,9%
Alta Ribagorça	3	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%
Anoia	29	0,5%	0	0,0%	18	5,8%	12	0,6%
Aran	15	0,2%	0	0,0%	0	0,0%	3	0,2%
Bages	187	3,0%	3	2,0%	6	1,9%	42	2,2%
Baix Camp	15	0,2%	1	0,7%	3	1,0%	13	0,7%
Baix Ebre	12	0,2%	0	0,0%	0	0,0%	9	0,5%
Baix Empordà	37	0,6%	2	1,4%	2	0,6%	16	0,8%
Baix Llobregat	487	7,7%	35	23,6%	22	7,0%	168	8,6%
Baix Penedès	9	0,1%	0	0,0%	0	0,0%	6	0,3%
Barcelonès	2.559	40,4%	41	27,7%	69	22,0%	755	38,8%
Berguedà	21	0,3%	0	0,0%	0	0,0%	6	0,3%
Cerdanya	1	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%
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%	10	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%	12	0,6%
Gironès	151	2,4%	0	0,0%	5	1,6%	46	2,4%
Maresme	592	9,3%	8	5,4%	13	4,2%	127	6,5%
Moianès	21	0,3%	0	0,0%	1	0,3%	1	0,1%
Montsià	23	0,4%	0	0,0%	0	0,0%	3	0,2%
Noguera	10	0,2%	1	0,7%	2	0,6%	7	0,4%
Osona	340	5,4%	2	1,4%	9	2,9%	81	4,2%
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%	9	0,5%
Pla de l'Estany	17	0,3%	0	0,0%	0	0,0%	5	0,3%
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%	1	0,1%
Ripollès	20	0,3%	0	0,0%	0	0,0%	10	0,5%
Segarra	7	0,1%	1	0,7%	0	0,0%	4	0,2%
Segrià	72	1,1%	0	0,0%	17	5,4%	12	0,6%
Selva	137	2,2%	1	0,7%	18	5,8%	42	2,2%
Solsonès	9	0,1%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%
Tarragonès	29	0,5%	1	0,7%	8	2,6%	32	1,6%
Terra Alta	2	0,0%	0	0,0%	1	0,3%	1	0,1%
Urgell	34	0,5%	0	0,0%	1	0,3%	13	0,7%
Vallès Occidental	357	5,6%	35	23,6%	73	23,3%	195	10,0%
Vallès Oriental	783	12,4%	4	2,7%	28	8,9%	156	8,0%
Fora de Catalunya*	4	0,1%	2	1,4%	2	0,6%	4	0,2%
Desconegut	153	2,4%	4	2,7%	11	3,5%	116	6,0%
Total	6.338	100,0%	148	100,0%	313	100,0%	1.946	100,0%

*Otras CC. AA. (n = 12)

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 por meses y grupos de edad, se observa cómo los casos de la variante alfa aumentaron progresivamente hasta mayo. En junio, en cambio, se observa una bajada, sobre todo en la población mayor de 60 años (figura 7A). Por el contrario, la variante delta, muy poco presente en abril, ha aumentado su presencia rápidamente sobre todo en la población de 15-29 años (36,7%). En cambio, en la población mayor de 70 años representa el 7,0% (figura 7D).

Figura 7. Número de casos de SARS-CoV-2 por VOC por meses y grupo de edad. Cataluña, 4 de enero - 11 de julio de 2021.

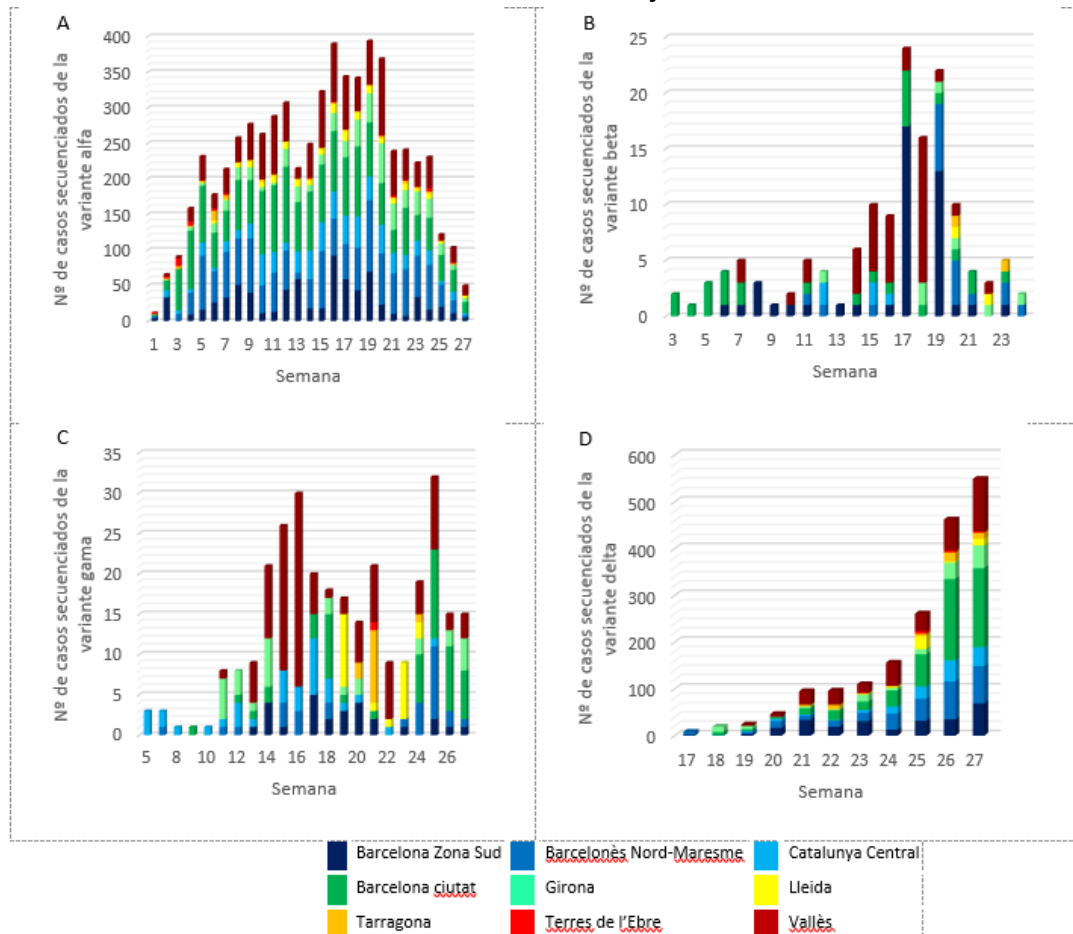


Fuente: Sistema de Notificación Microbiológica de Cataluña. Subdirección General de Vigilancia y Respuesta a Emergencias de Salud Pública. Secretaría de Salud Pública.

Se observa una disminución de la variante alfa desde la semana 20 en todos los SVE (figura 8A). Las variantes beta y gama se van detectando de manera desigual a lo largo de las semanas en los diferentes SVE (figura 8B y 8C), aunque en la semana 25 se ha observado un aumento de la variante gama principalmente en los SVE Nord-Maresme,

Vallès y Barcelona Ciutat. Con respecto a la variante delta, se observa un aumento de casos en todos los SVE desde la semana 20 (figura 8D).

Figura 8. Número de casos de SARS-CoV-2 por VOC y SVE. Cataluña, 4 de enero - 11 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.

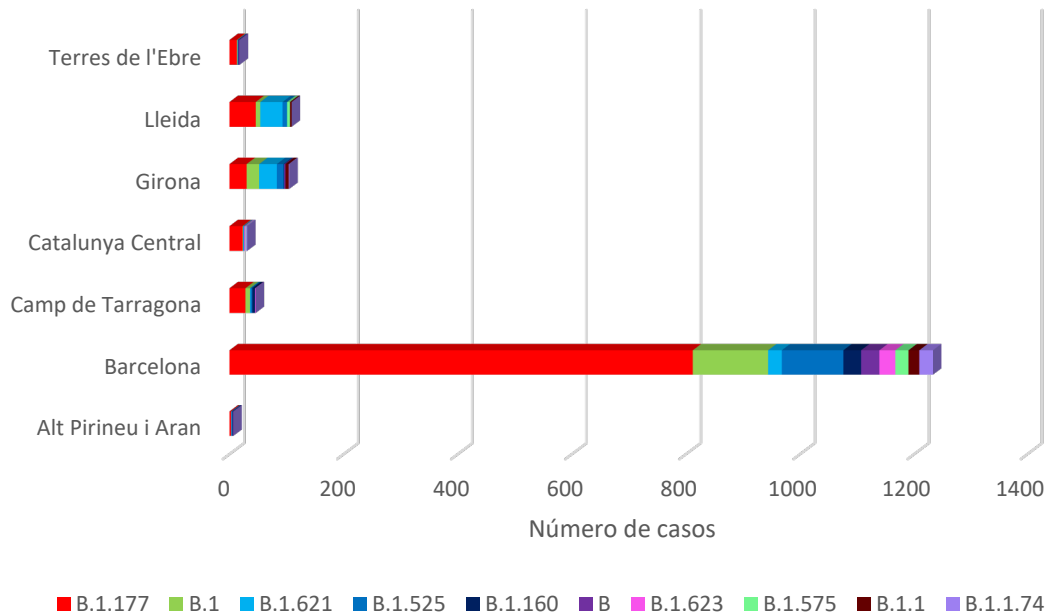
Variantes de interés (VOI)

Todavía se desconoce la repercusión que pueden tener otras variantes diferentes de las mencionadas más arriba. Por ello 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 49,2% (981 casos), seguido del B.1, con un 8,8% (175 casos) y el B.1.621, con 5,0% (143 casos) (tabla 10).

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

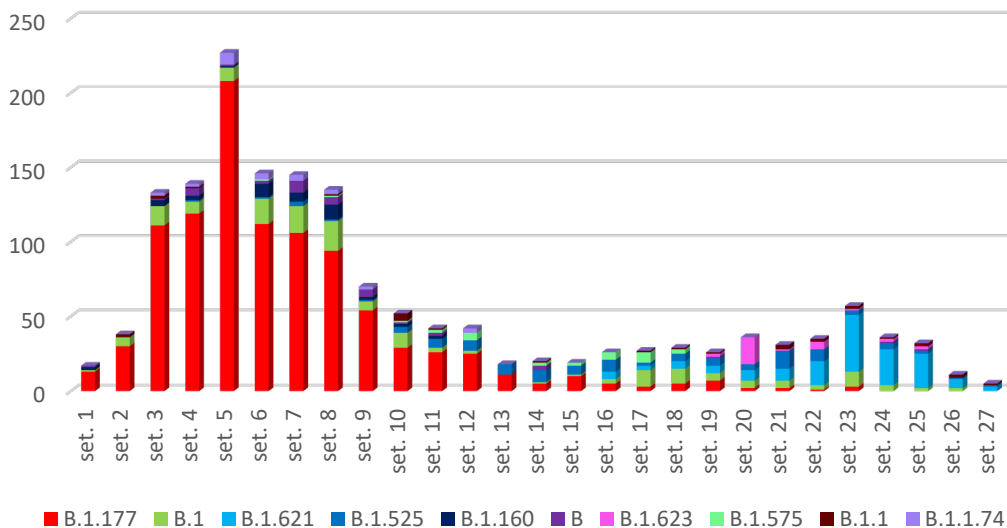
Figura 9. Número de casos de los 10 linajes por VOI de SARS-CoV-2 más frecuentes según región sanitaria. Cataluña, 4 de enero - 11 de julio de 2021



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 fue 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 en la semana 23 se han detectado 38 casos, y en las últimas semanas es la VOI más frecuente (figura 10).

Figura 10. Número de casos de los 10 linajes por VOI de SARS-CoV-2 más frecuentes según semanas. Cataluña, 4 de enero - 11 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 gama, pero contiene las mutaciones E484K y F888L, y la delección 69/70.

Los primeros casos se detectaron en diciembre de 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 100 casos de esta variante, muy confirmados por secuenciación. El 51,0% de los casos corresponde a mujeres. La franja de edad con más casos ha sido la de 15-29 años (21,0%). El 39,4% de los casos se localizan en la región sanitaria de Lleida. Durante la semana 27 se notificó 1 caso.

P.2 (zeta)

Se han detectado 2 casos en la semana 7: en un hombre de 45 años en el SVE Vallès y en una niña de 10 años en el SVE Barcelona Zona Sud.

B.1.427 (épsilon)

Se han notificado 4 casos entre las semanas 8 y 14. El rango de edad ha sido de 10 a 68 años. Se han localizado en el SVE 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 que destacan la R346K, la E484K y la N501Y.

El primer caso notificado en Cataluña fue el 22 de abril de 2021. Actualmente, hay 143 casos confirmados. El 52,4% de los casos corresponde a hombres. El grupo de edad con mayor frecuencia de casos es el de 15-29 años (29,4%). El 75,5% de los casos se localizan en Barcelona. Durante la semana 27 se notificaron 3 casos.

VOI y otros linajes circulantes

Tabla 10. VOI y otras variantes circulantes. Cataluña, 4 de enero - 11 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	8,8%	B.1.177.7	2	0,1%
B.1.1	29	1,5%	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%
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%



LINAJE	CASOS	% CASOS	LINAJE	CASOS	% CASOS
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	2	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	100	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	2	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	143	7,2%
B.1.1.77	2	0,1%	B.1.621.1	2	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	12	0,6%
B.1.177	981	49,2%	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	6	0,3%
B.1.177.14	4	0,2%	P.1.2	1	0,1%
B.1.177.15	21	1,1%	P.2	2	0,1%
B.1.177.18	1	0,1%	P.4	1	0,1%
B.1.177.21	2	0,1%	R.1	3	0,2%
TOTAL	1.994	100,0%			

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 Hermanos Trias i 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 Sant Joan de Déu (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 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.1.1.7 (alfa)	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.	Predominante en Europa y en otros países como Israel. Rápido aumento a escala global.
B.1.351 (501.V2) (beta)	N501Y, E484K, K417N, L18F, A701V, del ORF1b	Probable aumento de la transmisibilidad. Reducción de la efectividad de algunas vacunas.	Cono sur africano; casos en numerosos países europeos. Prevalencia un poco más elevada en algunos departamentos de Francia.
P.1 (gama)	S: N501Y, E484K, K417T, del ORF1b	Probable aumento de la transmisibilidad y escape moderado a la respuesta inmunitaria.	Dominante 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.1.617.2 (delta)	L452R, P618R	Probable aumento de la transmisibilidad. Leve disminución de la efectividad vacunal (más marcada con vacunación incompleta). Posible incremento en la gravedad.	Expansión reciente en la India coincidiendo con un aumento de la incidencia. Mayoritaria en el Reino Unido en el momento actual. Expansión en varios países europeos incluido España.
B.1.427/B.1.429 (épsilon)	L425R, S13I, W152C	Mayor transmisibilidad y leve a moderado escape a la respuesta inmunitaria frente a variantes previas.	Aumento al noviembre-diciembre en California. Pocos casos en países europeos.
P.2 (zeta)	E484K	Mutaciones compatibles con el escape a la respuesta inmunitaria frente a 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.1.525 (eta)	E484K, F888L, del 69-70, Q677H	Mutaciones compatibles con el escape a la respuesta inmunitaria frente a variantes previas. Puede dar positivo en el cribado para SGTF.	Dinamarca, Reino Unido, Países Bajos, Noruega, EE.UU., Canadá. Países relacionados con Nigeria.
B.1.526 (iota)	E484K, A701V D253G	Mutaciones compatibles con el escape a la respuesta inmunitaria frente de variantes previas.	Rápida expansión en el área metropolitana de Nueva York.
B.1.617.1 (kappa)	L452R, P618R, E484Q	Mutaciones relacionadas con un 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.1.1.7 con E484K	Similar a B.1.1.7 y E484K	Similar a la variante B.1.1.7 y escape a la respuesta inmunitaria.	Detectada por primera vez en el Reino Unido: casos aislados en otros países.
B.1.621	R346K, E484K, N501Y	Mutaciones compatibles con un aumento de la transmisibilidad y escape a la respuesta inmunitaria a variantes previas.	La mayor parte de las secuencias provienen de Colombia.
C.16	L425R	Mutaciones compatibles con la reducción de la capacidad de neutralización.	Expansión geográfica en Portugal desde noviembre.
A.23.1	F157L, V367F, Q613H, P681R	Mutaciones compatibles con el aumento de la transmisión.	Detectada recientemente en el Reino Unido. Pocos 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: 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.