

INFORME DE VIGILANCIA DE LAS VARIANTES GENÓMICAS DEL CORONAVIRUS SARS-CoV-2 EN CATALUÑA. Semana 33 - 2021 (16 de agosto de 2021 – 22 de agosto de 2021)

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

Resumen de lo más destacado

Durante la **semana 31**, se han secuenciado **286 casos**, lo que representa el **3,7%** del total de casos de coronavirus SARS-CoV-2 con PCR positiva. El **95,5%** de los casos son de la **variante delta**, dentro de esta variante se han detectado varios sublinajes, de los cuales el AY.4, que representa el 18,2%. No se ha notificado ningún caso de las variantes alfa, beta ni gamma.

B.1.1.7 (alfa)

Desde el inicio de la vigilancia de la secuenciación, la variante alfa fue aumentando progresivamente hasta llegar al 79,8% de las muestras secuenciadas durante la semana 19 (410 casos). Desde entonces, ha ido disminuyendo gradualmente hasta llegar al 0,0% (0 casos) la semana 31.

Los casos se concentran en el grupo de edad de 15-29 años (19,3%) y en la comarca del Barcelonès (40,2%), seguida del Vallès Oriental (12,2%).

B.1.351 (beta)

La variante beta ha presentado un pico de casos las semanas 17 (25 casos) y 19 (22 casos). El último caso se notificó durante la semana 26. La distribución por edad es bastante uniforme, con un número de casos más elevado en el grupo de 15-29 años (15,9%), seguido del grupo de 40-49 años (12,6%). Los casos se concentran en las comarcas del Barcelonès (27,8%), el Vallès Occidental (23,2%) y el Baix Llobregat (23,2%).

P.1 (gamma)

La variante gamma presentó un pico de casos la semana 25 (35 casos). Durante la última semana no se ha notificado ningún caso. El número más elevado de casos se observa en el grupo de 15-29 años (23,5%), seguido del grupo de 40-49 años (17,4%). Los casos se concentran en las comarcas del Barcelonès (24,1%) y el Vallès Occidental (22,3%).

B.1.617.2 (delta)

Desde el primer caso notificado en Cataluña (16 de abril de 2021), la variante delta ha aumentado de forma importante hasta llegar a los 761 casos secuenciados la semana 28. Durante la semana 31 se han notificado 273 casos. El número más elevado de casos se encuentra en el grupo de 15-29 años (29,3%), y principalmente, en la comarca del Barcelonès (40,0%).

B.1.621

Desde el 22 de abril se han detectado 150 casos de esta variante, el pico máximo ha sido la semana 23 (38 casos). Durante las últimas semanas se han notificado entre 1 y 2 casos por semana. El grupo de edad con más frecuencia de casos es el de 15-29 años (28,0%). El 74,7% 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 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 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 más transmisibilidad, ser más virulentas y ocasionar que la enfermedad sea más grave o que tenga más mortalidad, o también pueden escapar del efecto de los anticuerpos adquiridos después de una infección natural o de la vacunación. Así pues, es importante conocer las variantes que hay 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 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 coronavirus SARS-CoV-2, en el 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 (gamma) y B.1.617.2 (delta).

Para saber la prevalencia de las variantes circulantes en Cataluña se hace 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 más transmisibilidad, personas con sospecha de reinfecciones o vacunadas, entre otras. Con esta 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 hacen 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 [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 (completa o parcial).

Análisis 1. Análisis de las muestras por cribado

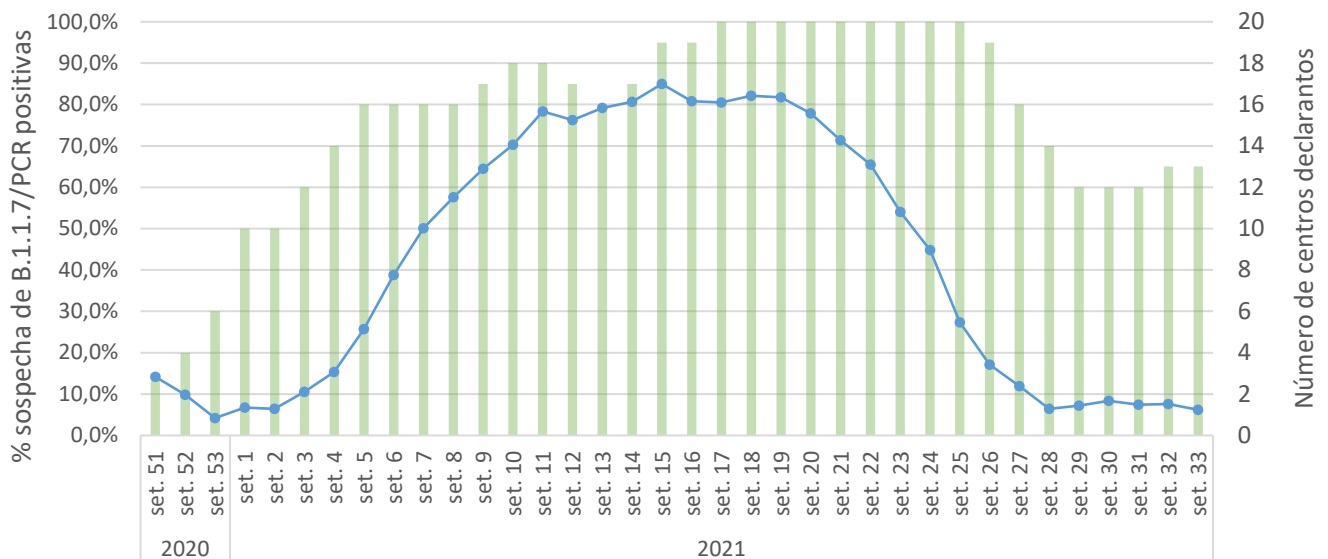
Se ha analizado la información obtenida a partir de una encuesta semanal que recoge el número total de muestras compatibles con la variante B.1.1.7 (alfa) respecto del número total de muestras positivas realizadas con una PCR capaz de detectar esta variante.

Los casos analizados corresponden al periodo comprendido entre la semana 51 y la semana 33 (14 de diciembre de 2020 – 22 de agosto de 2021).

Durante este periodo se han detectado **87.828 casos de la variante alfa**. De estos, **34.306** casos tenían delección y/o mutación en el gen S, lo que representa un **39,1%** 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 **7,6% la semana 32** (9 de agosto de 2021 - 15 de agosto de 2021), y al **6,2% la semana 33** (16 de agosto de 2021 - 22 de agosto de 2021). Los datos de esta última semana son provisionales, con 13 centros declarantes. Algunos centros han notificado los resultados de 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, el porcentaje llega al 93,8% la semana 31 (679 casos, 4 centros), al 94,5% la semana 32 (597 casos, 6 centros) y al 96,2% la semana 33 (444 casos, 5 centros).

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 – 15 de agosto 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

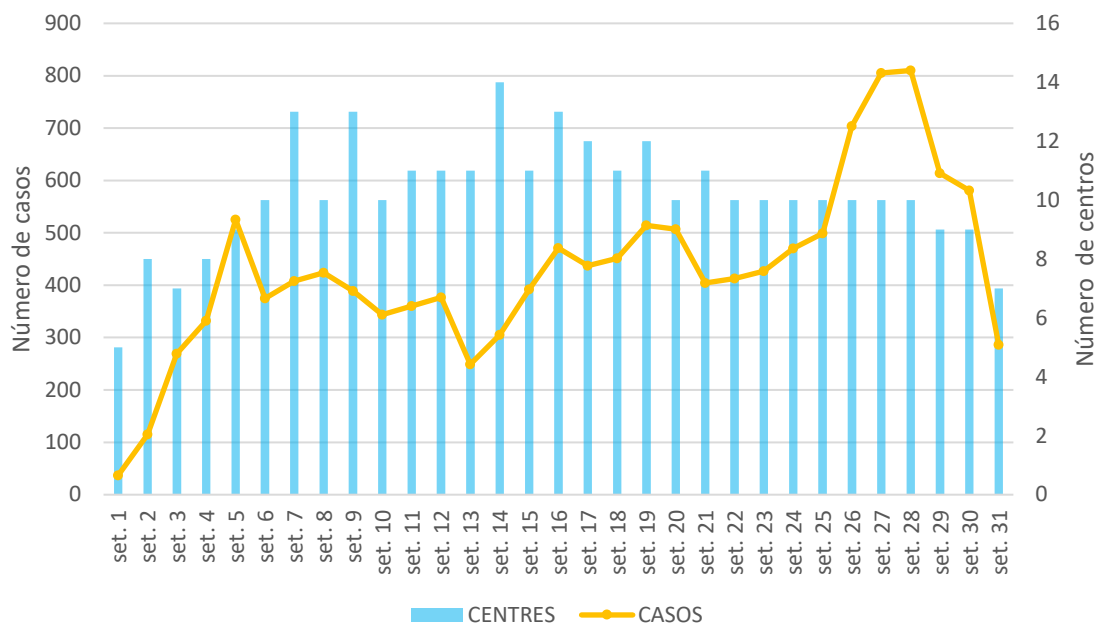
Se han analizado los casos notificados por los centros de forma individualizada de las variantes del SARS-CoV-2 según la secuenciación, parcial o completa, desde el 4 de enero hasta el 8 de agosto de 2021 (semana 31). Hay que tener en cuenta que los resultados de secuenciación se notifican con unos 15 días de retraso desde el diagnóstico.

La secuenciación se realiza de forma aleatoria o por algún motivo de interés para la salud pública –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 13.294 casos**. El número de secuenciaciones ha aumentado en las primeras semanas, con un pico máximo durante la semana 28 (810 casos) (figura 2). Entre las semanas 1 y 27, el número de secuenciaciones semanales ha sido entre 37 y 805, respectivamente. Los datos de la semana 31, con 286 casos secuenciados, son provisionales, dado que hay centros que las notifican con retraso.

Figura 2. Número de casos de SARS-CoV-2 secuenciados por número de centros declarantes. Cataluña, 4 de enero - 8 de agosto de 2021



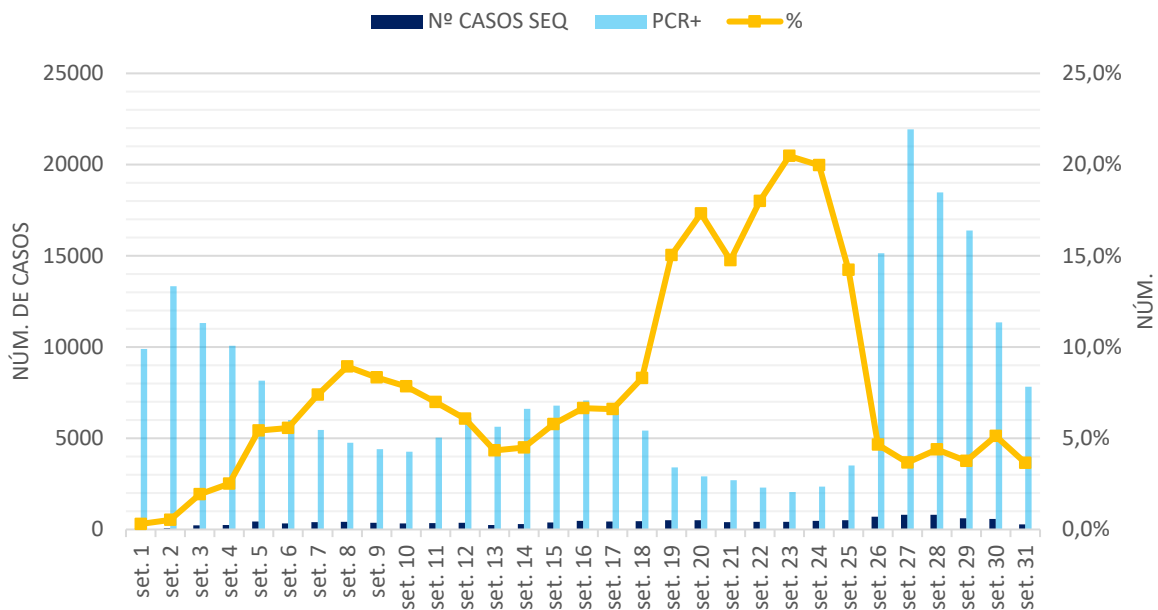
Fuente: Sistema de Notificación Microbiológica de Cataluña. Subdirección General de Vigilancia y Respuesta a Emergencias de Salud Pública. Secretaría de Salud Pública.

De las 13.294 muestras analizadas, se ha realizado la secuenciación completa al 97,1% y la parcial, al 2,9%.



Durante las semanas 29 (19 de julio de 2021 - 25 de julio de 2021), 30 (26 de julio de 2021 - 1 de agosto de 2021) y 31 (2 de agosto de 2021 - 8 de agosto de 2021) se ha realizado la secuenciación completa de los casos de SARS-CoV-2 positivos por PCR en 614 muestras (3,7%), 581 muestras (5,1%) y 286 muestras (3,7%) del total de casos, respectivamente. El porcentaje de secuenciación de esta última semana ha sido más bajo (figura 3).

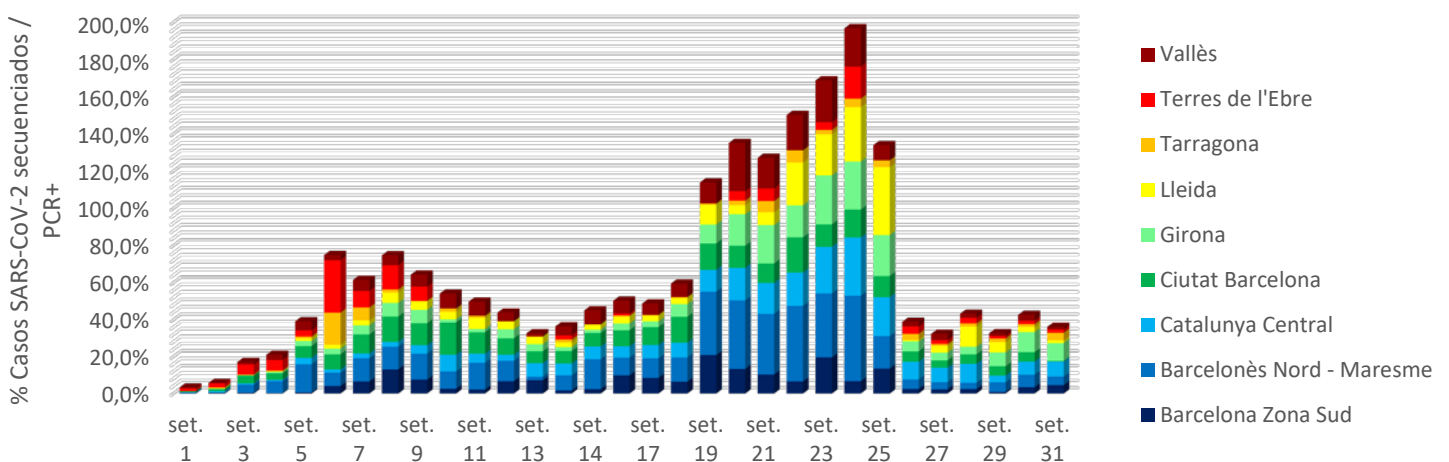
Figura 3. Número y porcentaje de casos de SARS-CoV-2 secuenciados por semanas. Cataluña, 4 de enero - 8 de agosto de 2021



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 31, los porcentajes de secuenciación han variado: el 9,7% en Girona, el 8,1% en la Catalunya Central, el 4,6% en el Barcelonès Nord-Maresme y Barcelona Zona Sud, el 4,1% en Tarragona, el 1,8% en les Terres de l'Ebre, 1,5% en Lleida, el 1,3% en el Vallès y el 0,4% en Barcelona Ciutat (figura 4).

Figura 4. Porcentaje de casos de SARS-CoV-2 secuenciados por SVE y semana. Cataluña, 4 de enero - 8 de agosto 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 agosto, el SVE con más porcentaje de secuenciación con respecto a casos de SARS-CoV-2 con PCR positiva ha sido el de Girona (11,2%), seguido del de la Catalunya Central (8,9%) (tabla 1).

Tabla 1. Número de casos de SARS-CoV-2 secuenciados y porcentaje por SVE y mes de diagnóstico. Cataluña, 4 de enero - 8 de agosto 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	9,1	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	10,8	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	237	8,7	439	19,1	170	20,8	458	10,2	181	17,9	74	16,6	41	4,3	17	8,8	379	9,8
Juliol	304	2,2	411	4,5	203	6,9	1031	4,8	291	5,9	178	5,7	79	1,7	14	2,3	366	2,5
Agost	70	4,9	57	5,5	36	8,9	9	0,6	73	11,2	6	1,6	20	4,0	2	2,2	22	1,7

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

De los 13.294 casos secuenciados (tabla 2), el 83,5% han sido VOC (alfa, beta, gamma y delta) y el 16,5%, VOI.

Tabla 2. Número de casos de SARS-CoV-2 por VOC y VOI. Cataluña, 4 de enero - 8 de agosto de 2021

	VARIANTE	CASOS	% CASOS
VOC	Alfa - B.1.1.7	6.403	48,2%
	Beta - B.1.351	151	1,1%
	Gamma - P.1	328	2,5%
	Delta	4.299	32,3%
VOI	B.1.177	981	7,4%
	B.1	195	1,5%
	B.1.621	150	1,1%
	B.1.525	102	0,8%
	Otros VOI	685	5,2%
	TOTAL	13.294	100,0%

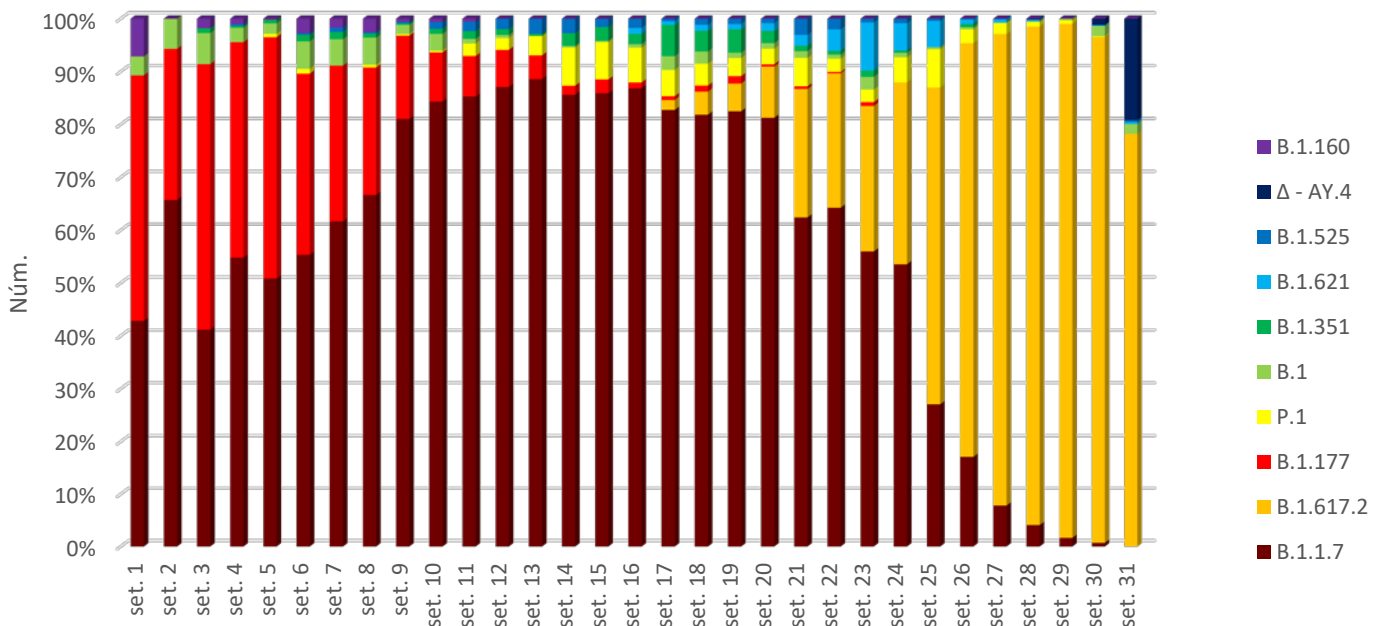
Fuente: Sistema de Notificación Microbiológica de Cataluña. Subdirección General de Vigilancia y Respuesta a Emergencias de Salud Pública. Secretaría de Salud Pública

La variante alfa ha sido la más frecuente, con 6.403 casos (48,2%). Durante las primeras semanas de 2021, 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 ningún caso desde la semana 24.

La variante delta ha aparecido durante la semana 17, con 8 casos, y ha presentado un crecimiento notable del número de casos, hasta llegar al pico máximo de 760 casos la semana 28 (figura 5 y tabla 3); ha desplazado a la variante alfa. Durante las últimas semanas, ha detectado diferentes sublinajes de la variante delta. El sublinaje AY.4 ha sido el más frecuente, con 52 casos la semana 31, lo que representa un 19,2% del total de casos de la variante delta. Los otros sublinajes son: AY.12 (1,0%) y AY.9 (0,7%). El 74,1% de la variante delta (B.1.617.2) no tiene caracterizado ningún sublinaje (tabla 4).

Figura 5. Porcentaje de los casos de los 10 linajes del SARS-CoV-2 más frecuentes por semana. Cataluña, 4 de enero - 8 de agosto 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 por mes de diagnóstico. Cataluña, 4 de enero - 8 de agosto 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	Δ - AY.4	B.1.160	ALTRES	
Gener	332	0	273	0	28	3	0	1	0	9	107	753
Febrer	895	0	520	8	64	15	0	5	0	26	199	1.732
Març	1.256	0	143	22	21	14	0	22	0	6	121	1.605
Abril	1.397	8	23	104	10	50	8	27	0	0	51	1.678
Maig	1.467	199	18	71	31	55	25	26	0	0	83	1.975
Juny	905	947	4	86	22	10	106	17	0	0	47	2.144
Juliol	151	2.837	0	37	12	4	10	3	8	0	36	3.098
Agost	0	233	0	0	7	0	1	1	52	0	15	309
TOTAL	6.403	4.224	981	328	195	151	150	102	60	41	659	13.294

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

Tabla 4. Número de casos de SARS-CoV-2 durante las tres últimas semanas epidemiológicas. Cataluña, 4 de enero - 8 de agosto de 2021

	LLINATGE																			TOTAL			
	B.1.617.2		Δ - AY.4		B.1		B.1.1.7		P.1.7		P.1		Δ - AY.12		B.1.575		B.1.621		Δ - AY.9		ALTRES		
	N	%	N	%	N	%	N	%	N	%	N	%	N	%	N	%	N	%	N			%	
set. 29	593	96,6	0	0,0	2	0,3	10	1,6	3	0,5	4	0,7	0	0,0	0	0,0	0	0,0	0	0,0	2	0,3	614
set. 30	551	94,8	7	1,2	11	1,9	4	0,7	2	0,3	1	0,2	0	0,0	2	0,3	1	0,2	0	0,0	2	0,3	581
set. 31	212	74,1	52	18,2	5	1,7	0	0,0	4	1,4	0	0,0	3	1,0	1	0,3	1	0,3	2	0,7	6	2,1	286

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 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 encuentran la mutación N501Y (afecta a la región de unión en el receptor o 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, en Reino Unido, se detectó 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 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 la 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 del Cabo Oriental de Sudáfrica a 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 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.

A principios 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 están en el gen S, entre el cual hay las mutaciones N501Y y la E484K, y, como 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.

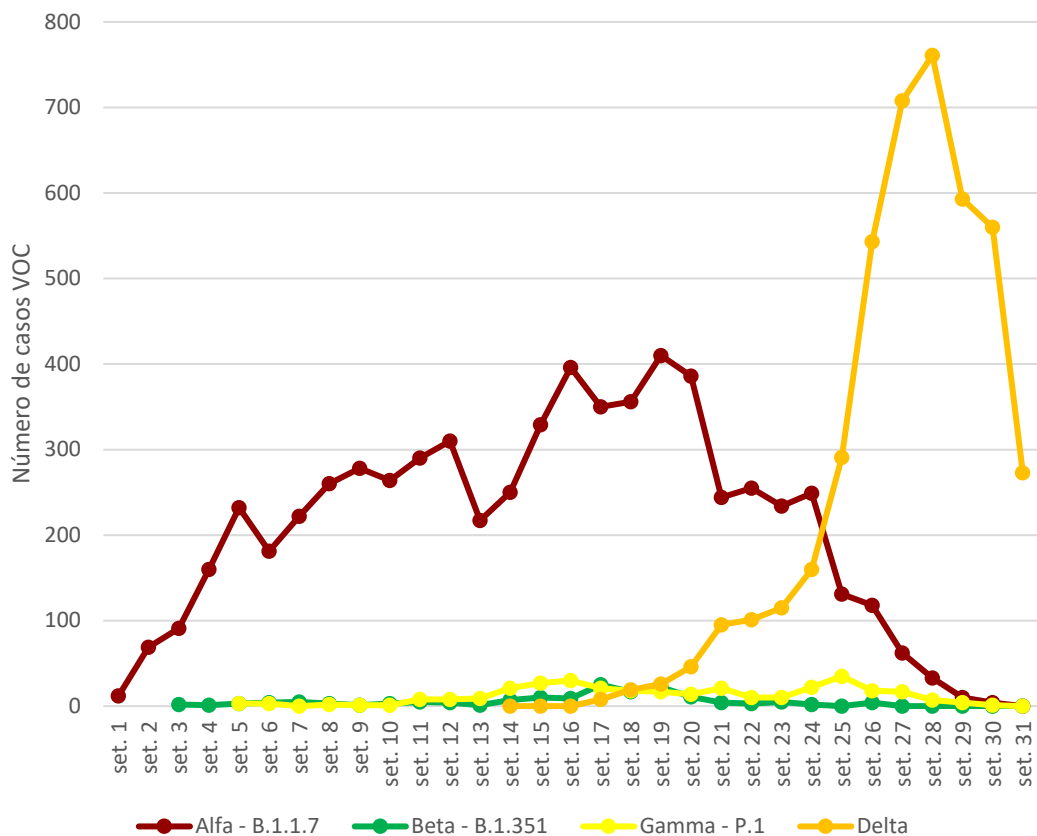
La **variante delta (B.1.617.2)** fue detectada por primera vez en la India en octubre del 2020. Presenta unas 13-15 mutaciones, de las cuales destacan la mutación E484Q, en la misma posición que la mutación E484K (presente en las variantes beta y gamma) y la mutación L452R (presente también en la variante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

Desde las primeras semanas de 2021, se observó un aumento rápido de la variante alfa, que llegó al pico máximo la semana 19 (410 casos). A partir de la semana 25 la variante alfa ha sido desplazada por la variante delta. Durante la semana 31 se han notificado 273 casos de la variante delta (figura 6).

Por el contrario, el número de casos de las variantes beta y gamma se mantienen en un número muy bajo, entre 1-3 casos por semana. Desde la semana 27 no se ha detectado ningún caso nuevo de variante beta (B.1.351).

Figura 6. Número de casos de SARS-CoV-2 por VOC y semana. Cataluña, 4 de enero - 8 de agosto 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 por VOC y sexo.
 Cataluña, 4 de enero - 8 de agosto de 2021

SEXE	VARIANT							
	Alfa - B.1.1.7	% Alfa	Beta - B.1.351	% Beta	Gamma - P.1	% Gamma	Delta	% Delta
Dona	3.250	50,8%	82	54,3%	166	50,6%	2.295	53,4%
Home	3.152	49,2%	69	45,7%	162	49,4%	2.003	46,6%
Desconegut	1	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	1	0,0%
Total	6.403	#####	151	#####	328	100,0%	4.299	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 de 40-49 años de forma generalizada para todas las VOC. Destaca en la variante delta el grupo de 15-29 años, con el 29,2% (tabla 6).

Tabla 6. Número de casos de SARS-CoV-2 por VOC y grupo de edad.
 Cataluña, 4 de enero - 8 de agosto de 2021

EDAT	VARIANT							
	Alfa - B.1.1.7	% Alfa	Beta - B.1.351	% Beta	Gamma - P.1	% Gamma	Delta	% Delta
0-4 anys	400	6,2%	6	4,0%	15	4,6%	199	4,6%
5-14 anys	983	15,4%	17	11,3%	38	11,6%	430	10,0%
15-29 anys	1.238	19,3%	24	15,9%	77	23,5%	1.256	29,2%
30-39 anys	706	11,0%	18	11,9%	45	13,7%	543	12,6%
40-49 anys	970	15,1%	19	12,6%	57	17,4%	602	14,0%
50-59 anys	858	13,4%	15	9,9%	46	14,0%	416	9,7%
60-69 anys	514	8,0%	13	8,6%	26	7,9%	336	7,8%
70-79 anys	378	5,9%	13	8,6%	12	3,7%	209	4,9%
80-89 anys	259	4,0%	13	8,6%	8	2,4%	222	5,2%
90 anys o més	93	1,5%	13	8,6%	4	1,2%	82	1,9%
Desconegut	4	0,1%	0	0,0%	0	0,0%	4	0,1%
Total	6.403	#####	151	#####	328	100,0%	4.299	100,0%

Fuente: Sistema de Notificación Microbiológica de Cataluña. 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 en Barcelona. La variante alfa es más frecuente en Barcelona Ciutat, la beta en Barcelona Sud, la gamma predomina en el Vallès y el delta tiene más casos en Barcelona Ciutat (tabla 7).

Tabla 7. Número de casos de SARS-CoV-2 por VOC y SVE.
 Cataluña, 4 de enero - 8 de agosto de 2021

SVE	VARIANT							
	Alfa - B.1.1.7	% Alfa	Beta - B.1.351	% Beta	Gamma - P.1	% Gamma	Delta	% Delta
Barcelona Zona Sud	771	12,0%	44	29,1%	28	8,5%	523	12,2%
Barcelonès Nord - Maresme	1.283	20,0%	17	11,3%	30	9,1%	644	15,0%
Catalunya Central	603	9,4%	5	3,3%	34	10,4%	314	7,3%
Ciutat Barcelona	1.660	25,9%	27	17,9%	56	17,1%	1.219	28,4%
Girona	493	7,7%	7	4,6%	29	8,8%	393	9,1%
Lleida	177	2,8%	2	1,3%	21	6,4%	198	4,6%
Tarragona	63	1,0%	2	1,3%	13	4,0%	128	3,0%
Terres de l'Ebre	40	0,6%	0	0,0%	1	0,3%	25	0,6%
Vallès	1.148	17,9%	39	25,8%	102	31,1%	573	13,3%
Fora de Catalunya*	5	0,1%	2	1,3%	2	0,6%	4	0,1%
Desconegut	160	2,5%	6	4,0%	12	3,7%	278	6,5%
Total	6.403	#####	151	#####	328	100,0%	4.299	100,0%

*Otras CA (n = 13)

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 por VOC y región sanitaria.
 Cataluña, 4 de enero - 8 de agosto de 2021

REGIÓ SANITÀRIA	VARIANT							
	Alfa - B.1.1.7	% Alfa	Beta - B.1.351	% Beta	Gamma - P.1	% Gamma	Delta	% Delta
Alt Pirineu i Aran	34	0,5%	0	0,0%	0	0,0%	35	0,8%
Barcelona	4.794	74,9%	124	82,1%	212	64,6%	2.897	67,4%
Camp de Tarragona	62	1,0%	2	1,3%	13	4,0%	124	2,9%
Catalunya Central	614	9,6%	5	3,3%	36	11,0%	315	7,3%
Girona	560	8,7%	10	6,6%	31	9,5%	458	10,7%
Lleida	134	2,1%	2	1,3%	21	6,4%	163	3,8%
Terres de l'Ebre	40	0,6%	0	0,0%	1	0,3%	25	0,6%
Fora de Catalunya*	5	0,1%	2	1,3%	2	0,6%	4	0,1%
Desconegut	160	2,5%	6	4,0%	12	3,7%	278	6,5%
TOTAL	6.403	100,0%	151	100,0%	328	100,0%	4.299	100,0%

*Otras CA (n = 13)

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



Tabla 9. Número de casos de SARS-CoV-2 por VOC y comarca.
 Cataluña, 4 de enero - 8 de agosto de 2021

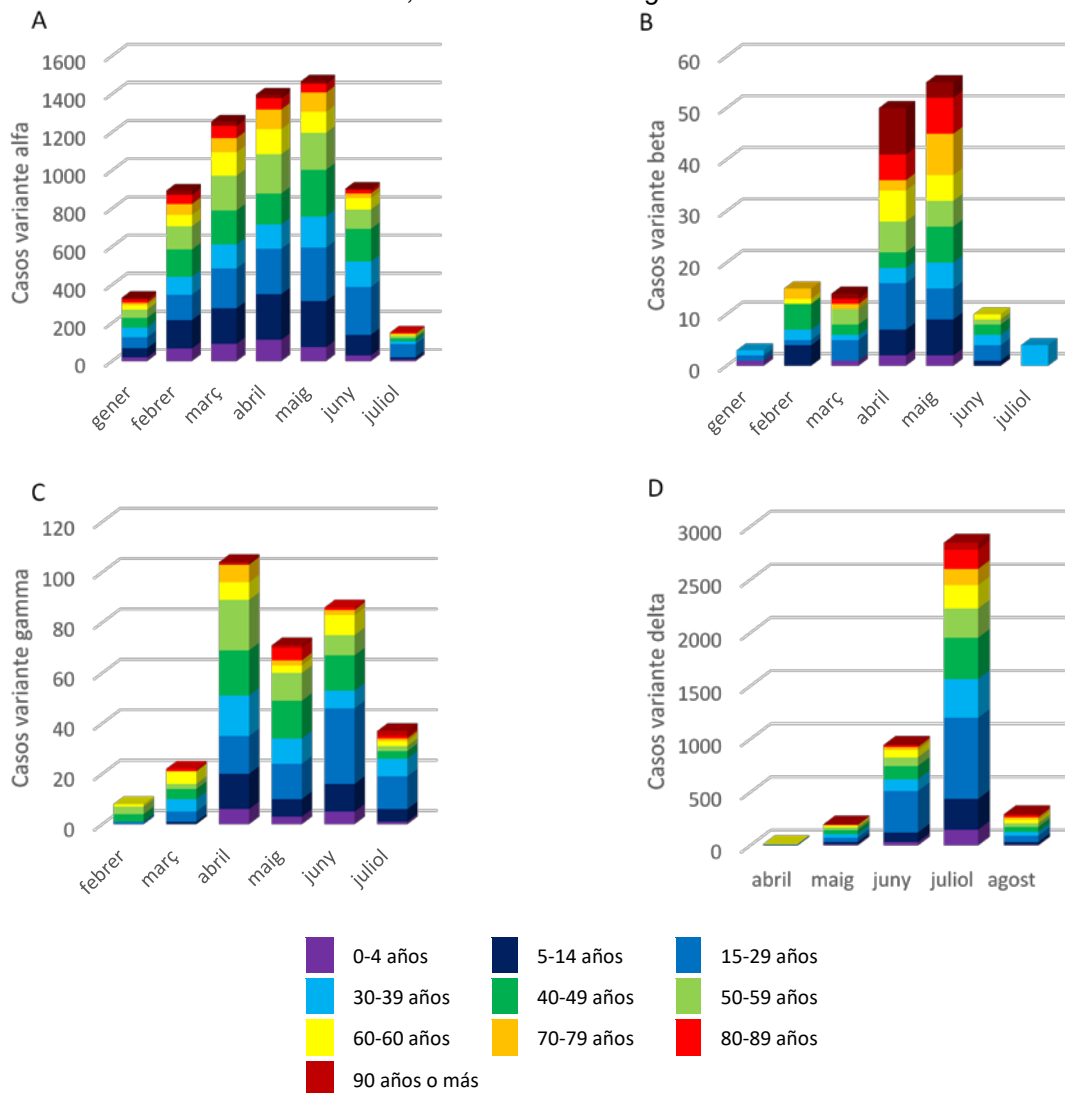
COMARCA	VARIANT							
	Alfa - B.1.1.7	% Alfa	Beta - B.1.351	% Beta	Gamma - P.1	% Gamma	Delta	% Delta
Alt Camp	6	0,1%	0	0,0%	1	0,3%	14	0,3%
Alt Empordà	72	1,1%	3	2,0%	2	0,6%	43	1,0%
ALT PENEDÈS	29	0,5%	2	1,3%	0	0,0%	33	0,8%
Alta Ribagorça	5	0,1%	0	0,0%	0	0,0%	1	0,0%
Anoia	31	0,5%	0	0,0%	18	5,5%	17	0,4%
Aran	17	0,3%	0	0,0%	0	0,0%	7	0,2%
Bages	191	3,0%	3	2,0%	6	1,8%	98	2,3%
Baix Camp	15	0,2%	1	0,7%	3	0,9%	35	0,8%
Baix Ebre	12	0,2%	0	0,0%	0	0,0%	13	0,3%
Baix Empordà	37	0,6%	2	1,3%	2	0,6%	36	0,8%
BAIX LLOBREGAT	490	7,7%	35	23,2%	22	6,7%	343	8,0%
Baix Penedès	9	0,1%	0	0,0%	0	0,0%	15	0,3%
BARCELONÈS	2.576	40,2%	42	27,8%	79	24,1%	1.718	40,0%
Berguedà	21	0,3%	0	0,0%	1	0,3%	13	0,3%
Cerdanya	1	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	8	0,2%
Conca de Barberà	1	0,0%	0	0,0%	1	0,3%	0	0,0%
Garraf	24	0,4%	1	0,7%	0	0,0%	23	0,5%
Garrigues	3	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	4	0,1%
Garrotxa	52	0,8%	1	0,7%	1	0,3%	33	0,8%
GIRONÈS	154	2,4%	0	0,0%	6	1,8%	133	3,1%
MARESME	596	9,3%	8	5,3%	13	4,0%	272	6,3%
Moianès	21	0,3%	0	0,0%	1	0,3%	4	0,1%
Montsià	23	0,4%	0	0,0%	0	0,0%	9	0,2%
Noguera	10	0,2%	1	0,7%	3	0,9%	26	0,6%
Osona	347	5,4%	2	1,3%	9	2,7%	185	4,3%
Pallars Jussà	6	0,1%	0	0,0%	0	0,0%	2	0,0%
Pallars Sobirà	7	0,1%	0	0,0%	0	0,0%	12	0,3%
PLA DE L'ESTANY	17	0,3%	0	0,0%	0	0,0%	22	0,5%
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%	2	0,0%
RIPOLLÈS	20	0,3%	0	0,0%	0	0,0%	23	0,5%
Segarra	8	0,1%	1	0,7%	0	0,0%	8	0,2%
Segrià	75	1,2%	0	0,0%	17	5,2%	85	2,0%
Selva	140	2,2%	1	0,7%	18	5,5%	106	2,5%
Solsonès	10	0,2%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%
Tarragonès	29	0,5%	1	0,7%	8	2,4%	62	1,4%
Terra Alta	2	0,0%	0	0,0%	1	0,3%	1	0,0%
Urgell	36	0,6%	0	0,0%	1	0,3%	40	0,9%
Vallès Occidental	357	5,6%	35	23,2%	73	22,3%	295	6,9%
Vallès Oriental	783	12,2%	4	2,6%	28	8,5%	276	6,4%
Fora de Catalunya*	5	0,1%	2	1,3%	2	0,6%	4	0,1%
Desconegut	160	2,5%	6	4,0%	12	3,7%	278	6,5%
Total	6.403	100,0%	151	100,0%	328	100,0%	4.299	100,0%

*Otras CA (n = 13)

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 de más de 60 años (figura 7A). Por el contrario, la variante delta, muy poco presente en abril, ha aumentado sobre todo en la población de 15-29 años (figura 7D).

Figura 7. Número de casos de SARS-CoV-2 por VOC según meses y grupo de edad. Cataluña, 4 de enero - 8 de agosto de 2021

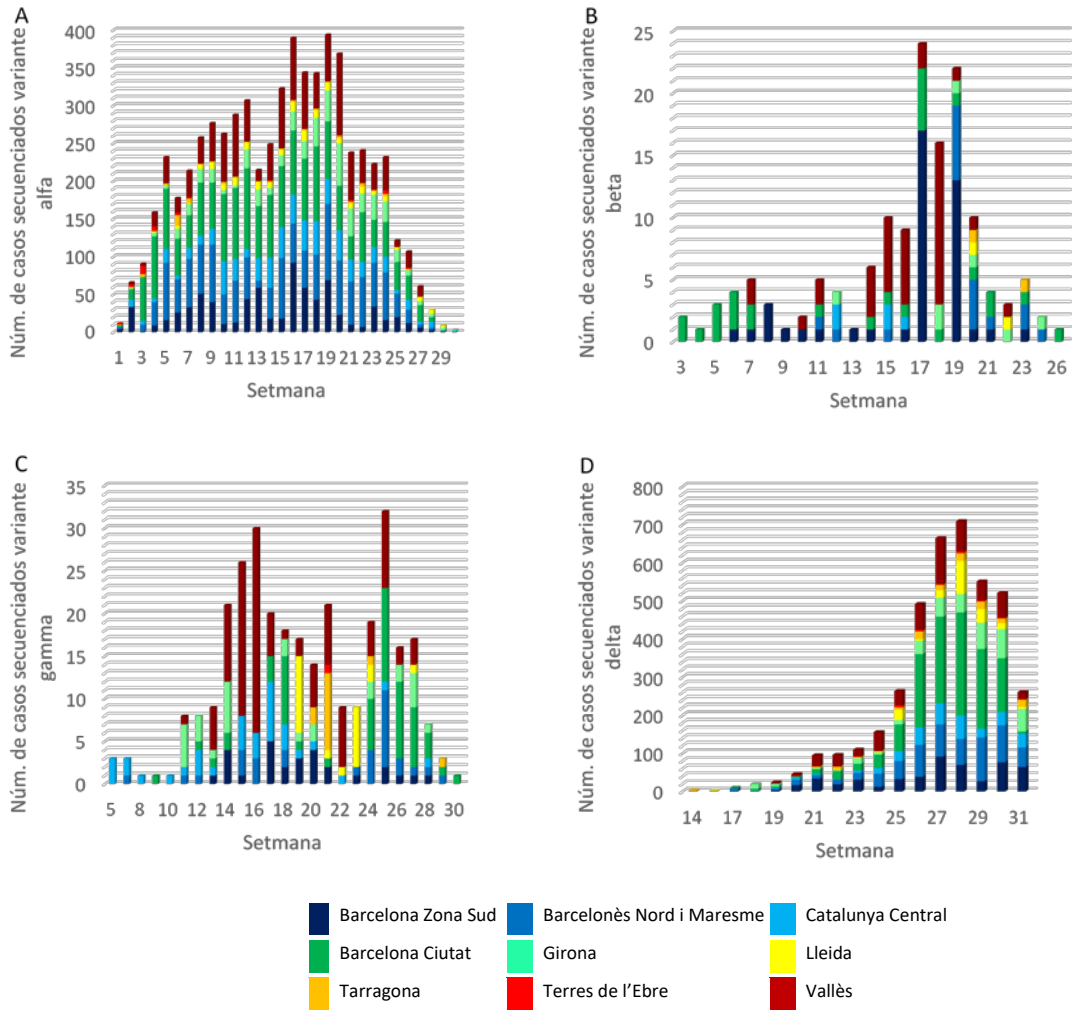


Fuente: Sistema de Notificación Microbiológica de Cataluña. Subdirección General de Vigilancia y Respuesta a Emergencias de Salud Pública. Secretaría de Salud Pública.

Se observa una disminución de la variante alfa desde la semana 20 en todos los SVE (figura 8A). Las variantes beta y 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 i Maresme, el 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 - 8 de agosto de 2021



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

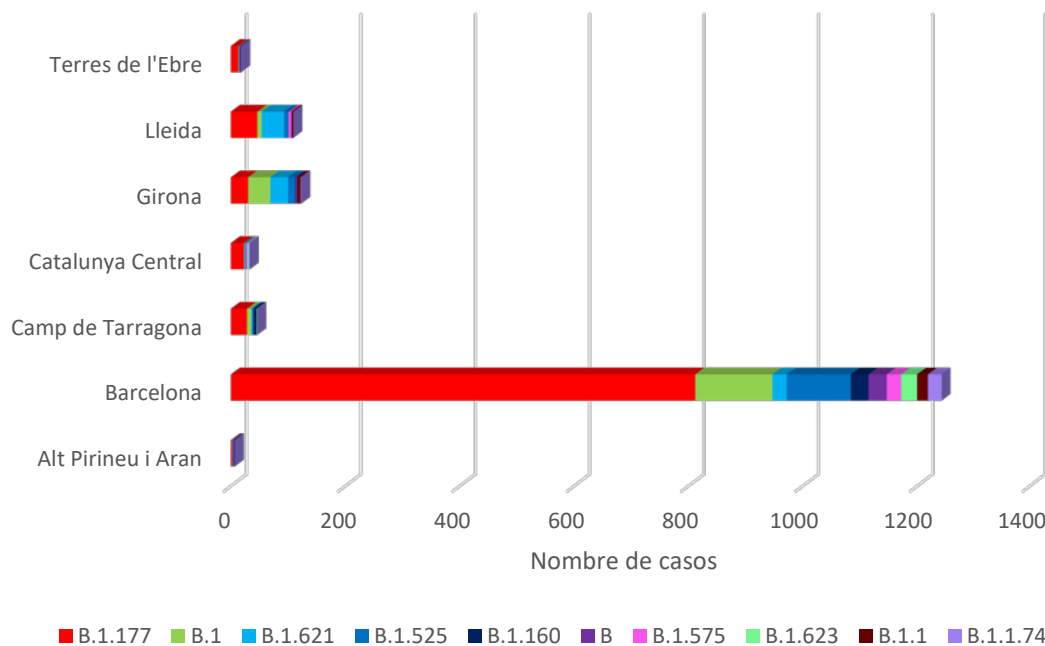
Variantes de interés (VOI, *variants of interest*)

Todavía se desconoce la repercusión que pueden tener otras variantes diferentes de las mencionadas más arriba. 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 de las VOI, el B.1.177 ha sido el más frecuente, con un 48,0% (981 casos), seguido del B.1, con un 9,5% (195 casos) y el B.1.621, con un 5,0% (150 casos) (tabla 10).

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

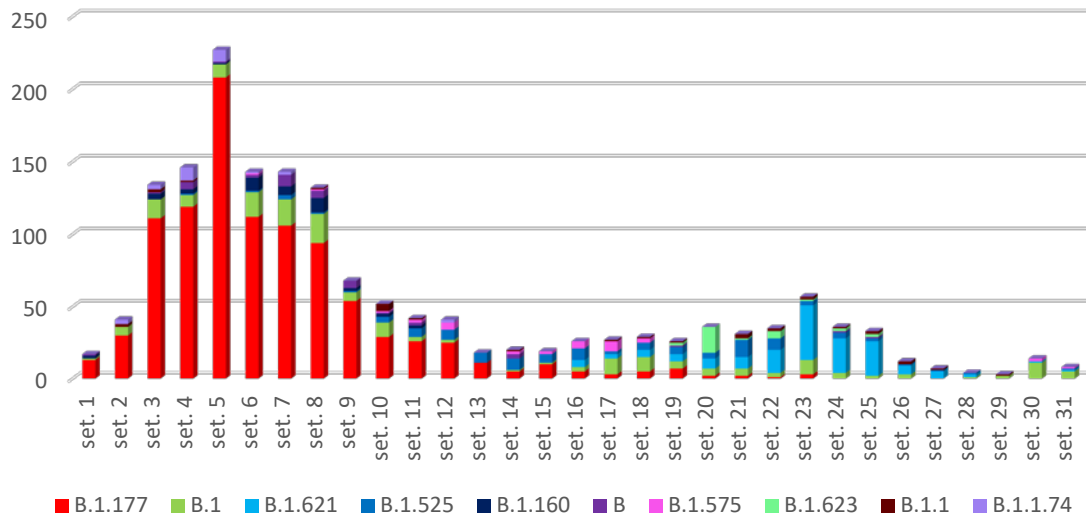
Figura 9. Número de casos de los 10 linajes por VOI de SARS-CoV-2 más frecuentes por región sanitaria. Cataluña, 4 de enero - 8 de agosto de 2021



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 a 9, y, posteriormente, fue desplazada por la variante alfa. La variante B.1.525 fue ganando presencia, junto con la variante B.1.621, de la cual la semana 23 se han detectado 38 casos.

Figura 10. Número de casos de los 10 linajes por VOI de SARS-CoV-2 más frecuentes por semanas. Cataluña, 4 de enero - 8 de agosto 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 102 casos de esta variante, todos 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 (21,6%). El 39,0% de los casos se localizan en la Región Sanitaria Lleida, seguida de Girona (31,0%). Durante la semana 31 se detectó 1 caso.

P.2 (zeta)

Se han detectado 2 casos la semana 7: en un hombre de 45 años en el SVE del Vallès y en una niña de 10 años en la SVE de 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 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 de las cuales y la N501Y de las cuales.

El primer caso notificado en Cataluña fue el 22 de abril de 2021. Actualmente, hay 150 casos confirmados. El 54,0% de los casos corresponde a hombres. El grupo de edad con más frecuencia de casos es el de 15-29 años (28,0%). El 74,7% de los casos se localizan en Barcelona. Desde la semana 28 se notifican entre 1 y 2 casos por semana.

VOI y otros linajes circulantes

*Tabla 10. VOI y otras variantes circulantes.
Cataluña, 4 de enero - 8 de agosto de 2021*



LINAJE	CASOS	% CASOS	LINAJE	CASOS	% CASOS
A	4	0,2%	B.1.177.29	1	0,0%
A.2	1	0,0%	B.1.177.31	1	0,0%
A.2.5	1	0,0%	B.1.177.32	4	0,2%
A.21	4	0,2%	B.1.177.4	3	0,1%
A.27	17	0,8%	B.1.177.40	1	0,0%
A.3	1	0,0%	B.1.177.43	1	0,0%
B	37	1,8%	B.1.177.62	1	0,0%
B.1	195	9,5%	B.1.177.7	2	0,1%
B.1.1	30	1,5%	B.1.177.81	2	0,1%
B.1.1.116	3	0,1%	B.1.195	1	0,0%
B.1.1.121	1	0,0%	B.1.2	1	0,0%
B.1.1.122	1	0,0%	B.1.221	28	1,4%
B.1.1.126	4	0,2%	B.1.221.1	1	0,0%
B.1.1.134	1	0,0%	B.1.222	1	0,0%
B.1.1.141	4	0,2%	B.1.235	6	0,3%
B.1.1.143	1	0,0%	B.1.258	7	0,3%
B.1.1.15	1	0,0%	B.1.280	2	0,1%
B.1.1.152	8	0,4%	B.1.331	1	0,0%
B.1.1.161	2	0,1%	B.1.36	4	0,2%
B.1.1.222	6	0,3%	B.1.36.31	3	0,1%
B.1.1.238	1	0,0%	B.1.361	17	0,8%
B.1.1.242	1	0,0%	B.1.378	1	0,0%
B.1.1.250	5	0,2%	B.1.393	2	0,1%
B.1.1.26	5	0,2%	B.1.401	1	0,0%
B.1.1.269	8	0,4%	B.1.416	3	0,1%
B.1.1.28	10	0,5%	B.1.416.1	15	0,7%
B.1.1.285	5	0,2%	B.1.427	4	0,2%
B.1.1.29	12	0,6%	B.1.441	2	0,1%
B.1.1.296	1	0,0%	B.1.469	2	0,1%
B.1.1.313	1	0,0%	B.1.525	102	5,0%
B.1.1.318	2	0,1%	B.1.526	9	0,4%
B.1.1.33	1	0,0%	B.1.530	1	0,0%
B.1.1.348	2	0,1%	B.1.551	1	0,0%
B.1.1.38	3	0,1%	B.1.5575.1	1	0,0%
B.1.1.397	2	0,1%	B.1.561	1	0,0%
B.1.1.420	4	0,2%	B.1.575	32	1,6%
B.1.1.44	1	0,0%	B.1.575.1	12	0,6%
B.1.1.487	4	0,2%	B.1.596	2	0,1%
B.1.1.519	4	0,2%	B.1.617.1	5	0,2%
B.1.1.523	5	0,2%	B.1.620	4	0,2%
B.1.1.64	1	0,0%	B.1.621	150	7,3%
B.1.1.74	28	1,4%	B.1.621.1	8	0,4%
B.1.1.77	2	0,1%	B.1.623	31	1,5%



B.1.1.85	1	0,0%	B.10	1	0,0%
B.1.111	3	0,1%	B.31	1	0,0%
B.1.128	1	0,0%	B.40	3	0,1%
B.1.153	2	0,1%	C.36	2	0,1%
B.1.160	41	2,0%	C.37	12	0,6%
B.1.166	1	0,0%	N.5	1	0,0%
B.1.177	981	48,0%	P.1.1	2	0,1%
B.1.177.1	1	0,0%	P.1.2	8	0,4%
B.1.177.10	3	0,1%	P.1.7	10	0,5%
B.1.177.14	4	0,2%	P.2	2	0,1%
B.1.177.15	21	1,0%	P.4	1	0,0%
B.1.177.18	1	0,0%	R.1	3	0,1%
B.1.177.21	2	0,1%	TOTAL	2.042	100,0%
B.1.177.22	27	1,3%			

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 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 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
Laboratorio ECHEVARNE
Laboratorio 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.1.1.7 (alfa)	N501Y, del 69-70, P681H, del Y144, A540D	Aumento de la transmisibilidad. Posible incremento de la gravedad y la letalidad. Efecto escaso sobre la inmunidad.	Predominante en Europa y en otros países como Israel. Aumento rápido 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.	Sudáfrica; casos en numerosos países europeos. Prevalencia un poco más elevada en algunos departamentos de Francia.
P.1 (gamma)	S: N501Y, E484K, K417T, del ORF1b	Probable aumento de la transmisibilidad y escape moderado a la respuesta inmunitaria.	Dominante en América del Sur, especialmente en 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 de la gravedad.	Expansión reciente 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.1.427/B.1.429 (épsilon)	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. Pocos casos en países europeos.
P.2 (zeta)	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.1.525 (eta)	E484K, F888L, del 69-70, Q677H	Mutaciones compatibles con el escape a la respuesta inmunitaria respecto de las 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 respecto de las variantes previas.	Expansión rápida 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.
C.37 (lambda)	L452Q, G75V, T76I, F490S, D614G, T859N	Mutaciones posiblemente relacionadas con un aumento de la transmisibilidad y escape a la respuesta inmunitaria respecto de las variantes las previas.	Expansión en el Perú en los meses de mayo y junio. También en otros países sudamericanos, como Chile o Argentina.
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 Reino Unido: casos aislados en otros países.
B.1.621	R346K, E484K, N501Y	Mutaciones compatibles con uno aumento de la transmisibilidad y escape a la respuesta inmunitaria respecto de las 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 Reino Unido. Pocos casos en otros países.

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