

## INFORME DE VIGILANCIA DE LAS VARIANTES GENÓMICAS DEL CORONAVIRUS SARS-CoV-2 EN CATALUÑA. Semana 35 - 2021 (30 de agosto de 2021 - 5 de septiembre de 2021)

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

#### Resumen del más destacado

Durante la **semana 33**, se han secuenciado **424 casos**, lo que representa el **10,7%** del total de casos de coronavirus SARS-CoV-2 con PCR positiva. El **98,6%** de los casos son de la **variante delta**, seguida de las variantes **alfa** y **gamma**, con un 0,7% respectivamente. En 178 casos se han diferenciado los sublinajes, de los cuales el AY.4 representa el 72,5%.

#### B.1.1.7 (alfa)

Desde el inicio de la vigilancia 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). Durante la semana 33 se han notificado 3 casos.

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

La variante gamma presentó un pico de casos la semana 25 (35 casos). Durante la semana 33 se han notificado 3 casos. El número más elevado de casos se observa en el grupo de 15-29 años (23,4%), seguido del grupo de 40-49 años (17,4%). Los casos se concentran en las comarcas del Barcelonès (24,0%) y el Vallès Occidental (21,9%).

#### 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 759 casos secuenciados la semana 28. El número más elevado de casos se encuentra en el grupo de 15-29 años (26,4%), y, principalmente, a la comarca del Barcelonès (39,7%).

#### B.1.621 (mu)

Desde el 22 de abril se han detectado 150 casos, el pico máximo ha sido la semana 23 (38 casos). No se ha notificado ningún caso desde la semana 32. 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 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 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 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 (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 35 (14 de diciembre de 2020 - 5 de septiembre de 2021).

Durante este periodo se han detectado **90.053 casos de la variante alfa**. De estos, **34.453** casos tenían delección y/o mutación en el gen S, lo que representa un **38,3%** 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 **6,9% la semana 34** (23 de agosto de 2021 - 29 de agosto de 2021) y al **6,3% la semana 35** (30 de agosto de 2021 - 5 de septiembre

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 96,3% la semana 33 (462 casos, 6 centros), al 98,4% la semana 34 (429 casos, 6 centros) y al 90,1% la semana 35 (382 casos y 7 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 - 5 de septiembre 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**

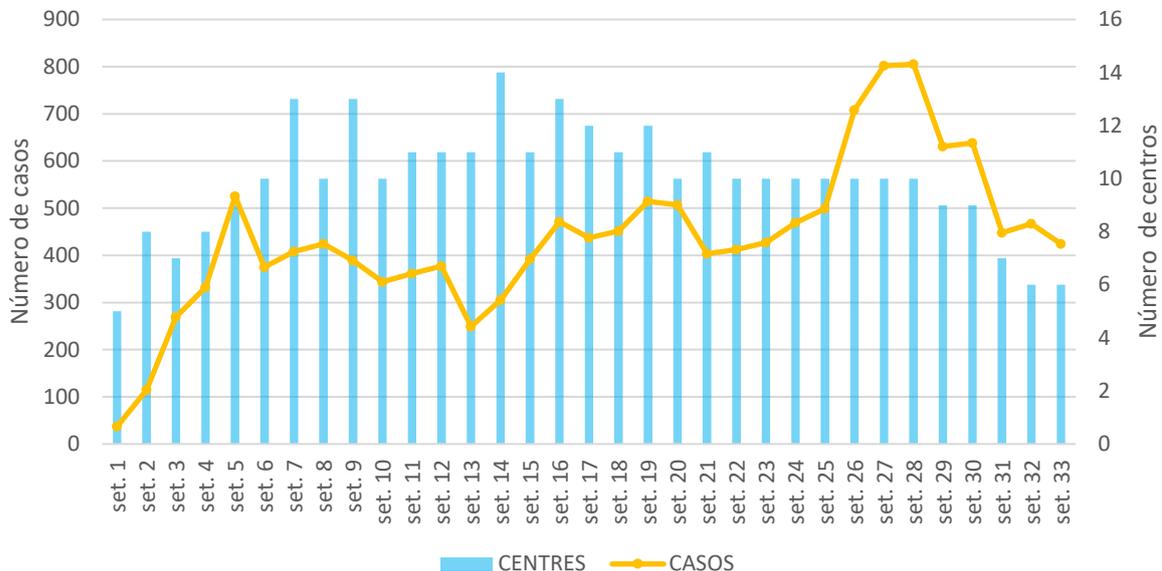
Se han analizado los casos notificados por los centros de forma individualizada de las variantes del SARS-CoV-2 según la secuenciación, parcial o completa, desde el 4 de enero hasta el 22 de agosto de 2021 (semana 33). Hay que tener en cuenta que los resultados de secuenciación se notifican con unos 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 14.415 casos**. El número de secuenciaciones ha aumentado en las primeras semanas, con un pico máximo durante la semana 28 (805 casos) (figura 2). Entre las semanas 1 y 27, el número de secuenciaciones semanales ha sido entre 37 y 802, respectivamente. Los datos de la semana 33, con 424 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 - 22 de agosto de 2021*

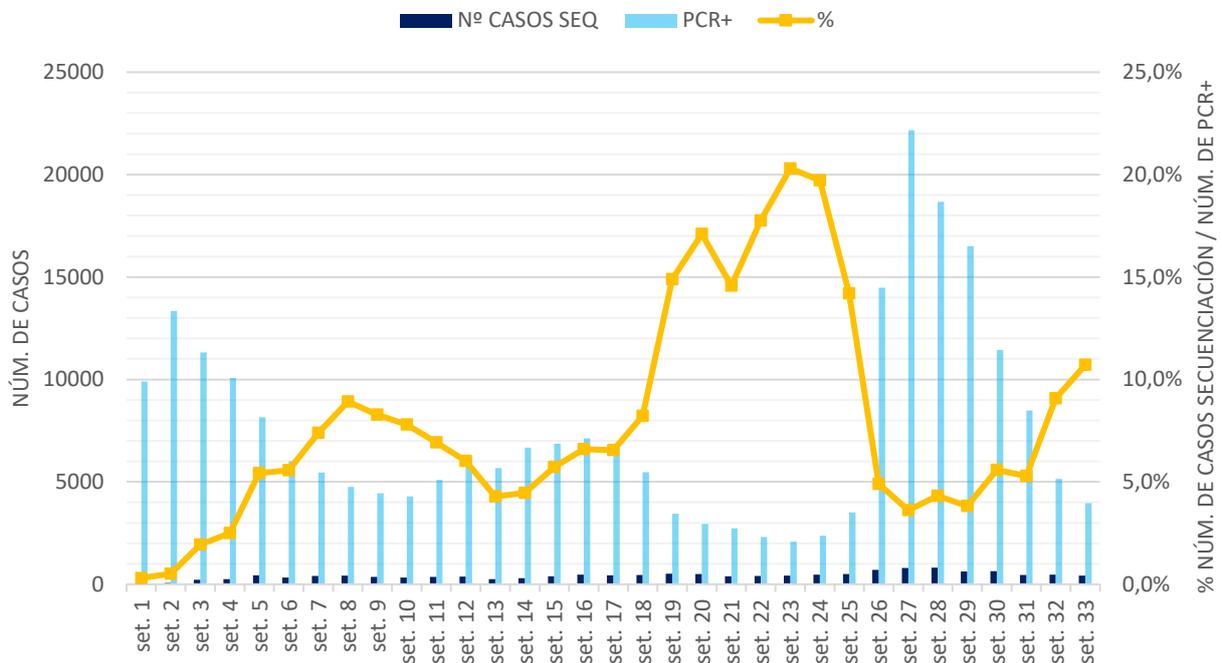


Fuente: Sistema de Notificación Microbiológica de Cataluña. Subdirección General de Vigilancia y Respuesta a Emergencias de Salud Pública. Secretaría de Salud Pública.

De las 14.415 muestras analizadas, se ha realizado la secuenciación completa al 97,3% y la parcial, al 2,7%.

Durante las semanas 31 (2 de agosto de 2021 - 8 de agosto de 2021), 32 (9 de agosto de 2021 - 22 de agosto de 2021) y 33 (16 de agosto de 2021 - 22 de agosto de 2021) se ha realizado la secuenciación completa de los casos de SARS-CoV-2 positivos por PCR en 448 muestras (5,3%), 467 muestras (9,1%) y 424 muestras (10,7%) del total de casos, respectivamente (figura 3).

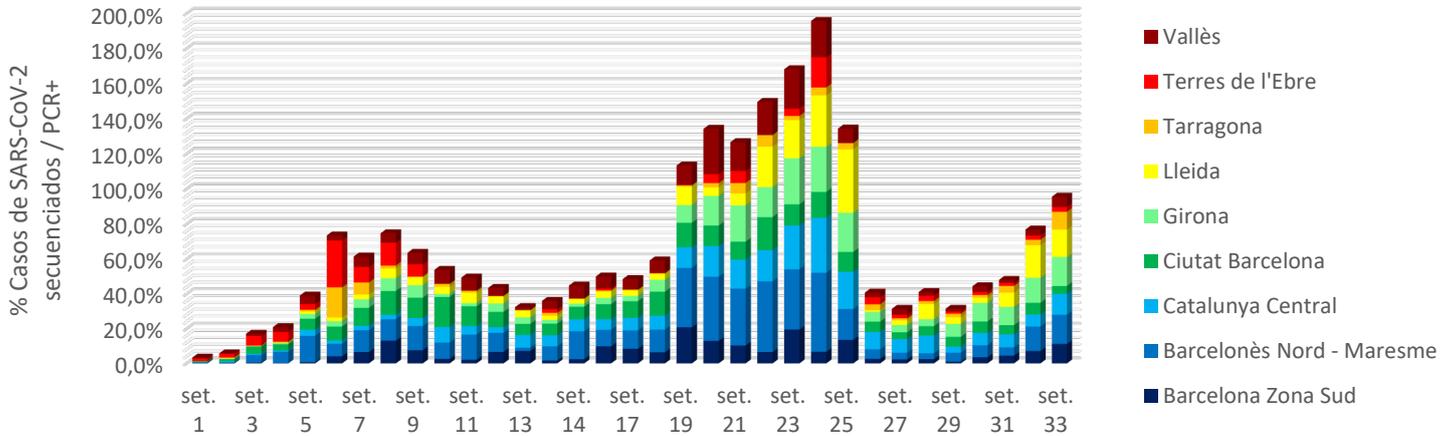
**Figura 3. Número y porcentaje de casos de SARS-CoV-2 secuenciados por semanas. Cataluña, 4 de enero - 22 de agosto de 2021**



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 33, los porcentajes de secuenciación han variado: el 16,9% en el Barcelonès Nord-Maresme, el 16,6% en Girona, el 15,6% en Lleida, el 12,1% en la Catalunya Central, el 11,2% en Barcelona Zona Sud, el 10,1% en Tarragona, el 5,9% en el Vallès, el 4,5% en Barcelona Ciutat y el 2,7% en les Terres de l'Ebre (figura 4).

Figura 4. Porcentaje de casos de SARS-CoV-2 secuenciados por SVE y semana. Cataluña, 4 de enero - 22 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 (10,5%), seguido del de Lleida (10,4%) (tabla 1).

Tabla 1. Número de casos de SARS-CoV-2 secuenciados y porcentaje por SVE y mes de diagnóstico. Cataluña, 4 de enero - 22 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	10,6	224	4,8
Març	147	4,4	278	11,0	154	5,7	472	10,7	84	4,0	98	4,7	7	0,7	1	1,1	300	5,9
Abril	265	6,6	228	9,8	196	6,7	383	7,8	98	2,7	82	3,0	11	0,7	2	0,6	380	6,0
Maig	272	11,3	364	25,9	171	11,8	364	13,4	243	10,7	53	5,9	28	2,4	5	2,5	394	13,0
Juny	237	8,8	440	19,7	170	21,4	460	10,5	181	18,2	74	16,7	41	4,3	17	8,9	381	10,2
Juliol	308	2,2	413	4,5	201	6,9	1117	5,2	292	5,9	141	4,6	80	1,7	14	2,2	372	2,5
Agost	220	5,4	255	8,5	96	6,2	208	4,6	235	10,5	113	10,4	54	3,8	6	1,8	102	2,6

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 de 2020. Tiene unas 17 mutaciones, de las cuales 9 están en el gen S. Entre las que más preocupan, está 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.

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 en octubre de 2020. Esta variante tiene unas 21 mutaciones, de las cuales 9 están en el gen S. Comparte algunas mutaciones con la variante alfa, y, 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.

Esta variante desplazó al resto de variantes circulantes en Sudáfrica desde el mes de noviembre.

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, y entre las cuales se encuentra la mutación N501Y y la E484K, que, 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 del 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 variantes, que tienen algunas diferencias en sus mutaciones. Las variantes B.1.617.1 y B.1.617.3 presentan las mutaciones E484Q y L452R, mientras que la B.1.617.2 sólo presenta la mutación L452R. De las tres variantes, el B.1.617.1 y el B.1.617.2 han experimentado una expansión importante en los últimos meses; por el contrario, la B.1.617.3 no parece que se haya extendido. En Cataluña, el 16 de abril del 2021 se notificó el primer caso de **B.1.617.2**.

Del total de casos secuenciados desde el 4 de enero (14.415), el 85,3% han sido VOC (alfa, beta, gamma y delta) y el 14,7%, VOI (tabla 2).

*Tabla 2. Número de casos de SARS-CoV-2 por VOC y VOI. Cataluña, 4 de enero - 22 de agosto de 2021*

	<b>VARIANTE</b>	<b>CASOS</b>	<b>% CASOS</b>
VOC	Alfa - B.1.1.7	6.408	44,5%
	Beta - B.1.351	151	1,0%
	Gamma - P.1	334	2,3%
	Delta	5.405	37,5%
VOI	B.1.177	981	6,8%
	B.1	195	1,4%
	B.1.621	150	1,0%
	B.1.525	102	0,7%
	Otras VOI	689	4,8%
	<b>TOTAL</b>	<b>14.415</b>	<b>100,0%</b>

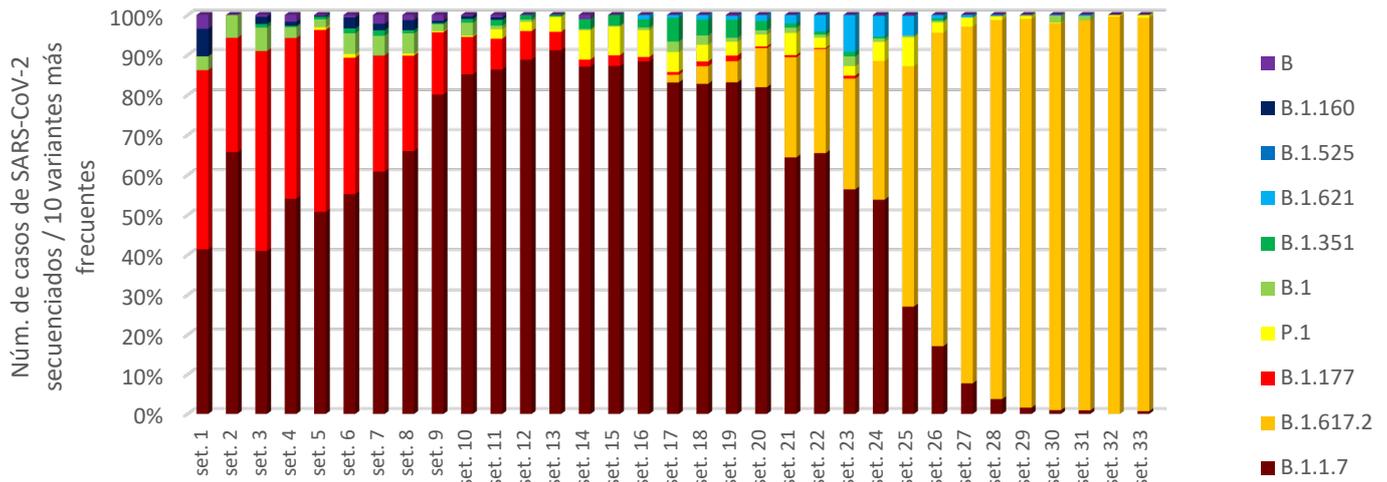
Fuente: Sistema de Notificación Microbiológica de Cataluña. Subdirección General de Vigilancia y Respuesta a Emergencias de Salud Pública. Secretaría de Salud Pública

La variante alfa ha sido la más frecuente, con 6.408 casos (44,5%). Al inicio de 2021 se observa un aumento progresivo de los casos (32,4% la semana 1 y 87,2% la semana 13), llegando al pico máximo la semana 19 (410 casos), sin embargo, a partir de la semana 20, disminuye de forma importante (figuras 5 y 6). En contrapartida, los casos de la variante B.1.177, más presente al inicio de 2021, fueron disminuyendo a lo largo de las semanas, y no hay ningún caso detectado desde la semana 24 (figura 5).

Los primeros casos de la variante delta se detectaron durante la semana 17 (8 casos). Desde entonces, esta variante ha presentado un crecimiento notable, superando la variante alfa la semana 25 y desplazándola (figuras 5 y 6). La variante delta es la predominante a todo el territorio, con 418 casos notificados durante la semana 33 (tabla 3 y tabla 4).

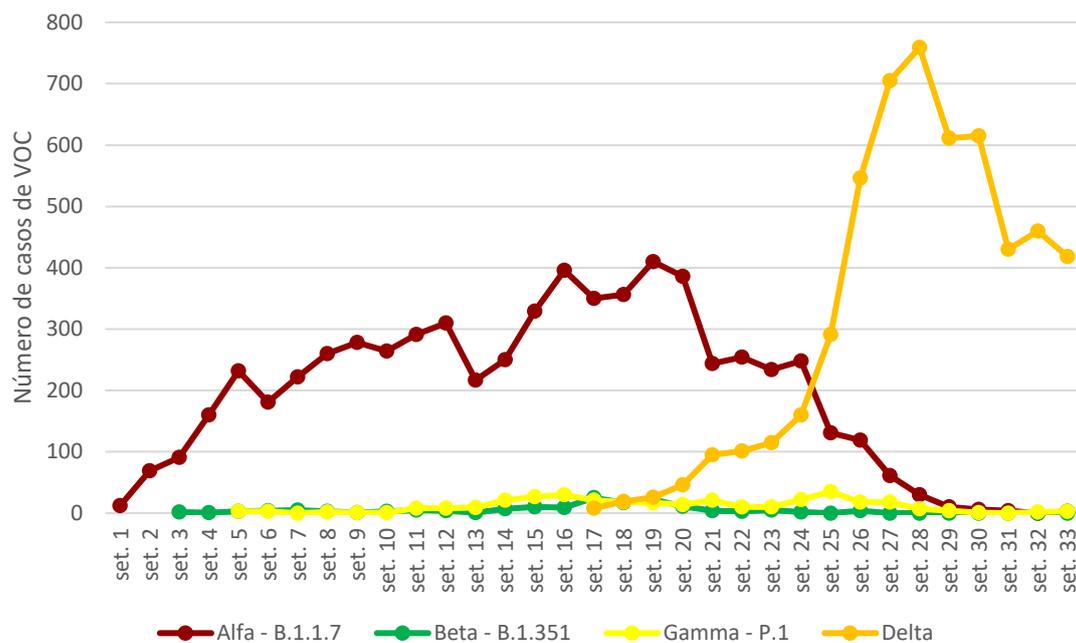
Desde la semana 27 no se ha detectado ningún caso de la variante beta y, durante la semana 33 se han detectado 3 casos de la variante alfa y 3 casos de la variante gamma.

**Figura 5. Porcentaje de los casos de los 10 linajes y variantes del SARS-CoV-2 más frecuentes por semana. Cataluña, 4 de enero - 22 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.

**Figura 6. Número de casos de SARS-CoV-2 por VOC y semana. Cataluña, 4 de enero - 22 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 y variantes del SARS-CoV-2 más frecuentes por mes de diagnóstico. Cataluña, 4 de enero - 22 de agosto de 2021*

MES	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	TOTAL
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	1.257	0	143	22	21	14	0	22	6	8	113	1.606
Abril	1.397	8	23	104	10	50	8	27	0	3	48	1.678
Maig	1.467	199	18	71	31	55	25	26	0	1	81	1.974
Juny	904	953	4	86	22	10	106	17	0	2	43	2.147
Juliol	149	2.911	0	38	12	4	10	3	0	0	31	3.158
Agost	7	1.334	0	5	7	0	1	1	0	0	12	1.367
<b>TOTAL</b>	<b>6.408</b>	<b>5.405</b>	<b>981</b>	<b>334</b>	<b>195</b>	<b>151</b>	<b>150</b>	<b>102</b>	<b>41</b>	<b>37</b>	<b>611</b>	<b>14.415</b>

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 - 22 de agosto de 2021*

	B.1.617.2		P.1.7		B.1.1.7		P.1		B.1		B.1.1.121		B.1.621.1		B.1.525		B.1.575		B.1.621		TOTAL
	N	%	N	%	N	%	N	%	N	%	N	%	N	%	N	%	N	%	N	%	
set. 31	430	96,0	5	1,1	4	0,9	0	0,0	5	1,1	1	0,2	0	0,0	1	0,2	1	0,2	1	0,2	448
set. 32	460	108,5	4	0,9	0	0,0	2	0,5	0	0,0	0	0,0	1	0,2	0	0,0	0	0,0	0	0,0	467
set. 33	418	98,6	0	0,0	3	0,7	3	0,7	0	0,0	0	0,0	0	0,0	0	0,0	0	0,0	0	0,0	424

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

A partir de la semana 30 se han detectado diferentes sublinajes de la variante delta. La semana 33, el sublinaje AY.4 ha sido el más frecuente, con 129 casos de un total de 178 casos de sublinajes identificados, lo que representa un 72,5% de los sublinajes conocidos. Los otros sublinajes identificados son: AY.1, AY.3, AY.5, AY.7.1, AY.9, AY.12, AY.19, AY.20, AY.23, AY.24 y AY.25 (tabla 5).

**Tabla 5. Número de casos por cada sublinaje de la variante delta.**  
 Cataluña, 4 de enero - 22 de agosto de 2021

	SUBLLINATGES - DELTA											
	Δ - AY.1		Δ - AY.3		Δ - AY.4		Δ - AY.5		Δ - AY.7.1		Δ - AY.9	
	CASOS	%	CASOS	%	CASOS	%	CASOS	%	CASOS	%	CASOS	%
set. 31	0	0,0	0	0,0	121	0,8	5	0,0	0	0,0	4	0,0
set. 32	0	0,0	0	0,0	184	0,8	7	0,0	2	0,0	4	0,0
set. 33	0	0,0	0	0,0	129	0,7	6	0,0	0	0,0	6	0,0

	SUBLLINATGES - DELTA												TOTAL
	Δ - AY.12		Δ - AY.19		Δ - AY.20		Δ - AY.23		Δ - AY.24		Δ - AY.25		
	CASOS	%	CASOS	%	CASOS	%	CASOS	%	CASOS	%	CASOS	%	
	23	0,1	0	0,0	0	0,0	0	0,0	0	0,0	1	0,0	154
	28	0,1	0	0,0	2	0,0	5	0,0	3	0,0	2	0,0	237
	23	0,1	1	0,0	0	0,0	8	0,0	0	0,0	5	0,0	178

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 6).

**Tabla 6. Número de casos de SARS-CoV-2 por VOC y sexo.**  
 Cataluña, 4 de enero - 22 de agosto de 2021

SEXE	VARIANT							
	Alfa - B.1.1.7	% Alfa	Beta - B.1.351	% Beta	Gamma - P.1	% Gamma	Delta	% Delta
Dona	3.251	50,7%	82	54,3%	169	50,6%	2.906	53,8%
Home	3.156	49,3%	69	45,7%	165	49,4%	2.498	46,2%
Desconegut	1	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	1	0,0%
<b>Total</b>	<b>6.408</b>	<b>100,0%</b>	<b>151</b>	<b>100,0%</b>	<b>334</b>	<b>100,0%</b>	<b>5.405</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 40-49 años de forma generalizada para todas las VOC. Destaca, en la variante delta, el grupo de 15-29 años, con el 26,4% (tabla 7).

**Tabla 7. Número de casos de SARS-CoV-2 por VOC y grupo de edad.**  
**Cataluña, 4 de enero - 22 de agosto de 2021**

EDAT	VARIANT						Delta	% Delta
	Alfa - B.1.1.7	% Alfa	Beta - B.1.351	% Beta	Gamma - P.1	% Gamma		
0-4 anys	401	6,3%	6	4,0%	17	5,1%	263	4,9%
5-14 anys	986	15,4%	17	11,3%	38	11,4%	545	10,1%
15-29 anys	1.236	19,3%	24	15,9%	78	23,4%	1.426	26,4%
30-39 anys	708	11,0%	18	11,9%	45	13,5%	658	12,2%
40-49 anys	971	15,2%	19	12,6%	58	17,4%	773	14,3%
50-59 anys	857	13,4%	15	9,9%	47	14,1%	532	9,8%
60-69 anys	514	8,0%	13	8,6%	26	7,8%	463	8,6%
70-79 anys	378	5,9%	13	8,6%	13	3,9%	311	5,8%
80-89 anys	260	4,1%	13	8,6%	8	2,4%	302	5,6%
90 anys o més	93	1,5%	13	8,6%	4	1,2%	128	2,4%
Desconegut	4	0,1%	0	0,0%	0	0,0%	4	0,1%
<b>Total</b>	<b>6.408</b>	<b>100,0%</b>	<b>151</b>	<b>100,0%</b>	<b>334</b>	<b>100,0%</b>	<b>5.405</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.

En el ámbito territorial, la variante alfa y delta son más frecuentes en Barcelona Ciutat; la beta, en Barcelona Sud, y la gamma en el Vallès (tabla 8).

**Tabla 8. Número de casos de SARS-CoV-2 por VOC y SVE.**  
**Cataluña, 4 de enero - 22 de agosto de 2021**

SVE	VARIANT						Delta	% Delta
	Alfa - B.1.1.7	% Alfa	Beta - B.1.351	% Beta	Gamma - P.1	% Gamma		
Barcelona Zona Sud	772	12,0%	44	29,1%	28	8,4%	676	12,5%
Barcelonès Nord - Maresme	1.283	20,0%	17	11,3%	30	9,0%	844	15,6%
Catalunya Central	603	9,4%	5	3,3%	34	10,2%	372	6,9%
Ciutat Barcelona	1.663	26,0%	27	17,9%	57	17,1%	1.501	27,8%
Girona	493	7,7%	7	4,6%	29	8,7%	556	10,3%
Lleida	180	2,8%	2	1,3%	26	7,8%	257	4,8%
Tarragona	63	1,0%	2	1,3%	13	3,9%	163	3,0%
Terres de l'Ebre	40	0,6%	0	0,0%	1	0,3%	29	0,5%
Vallès	1.148	17,9%	39	25,8%	102	30,5%	661	12,2%
Fora de Catalunya*	5	0,1%	2	1,3%	2	0,6%	4	0,1%
Desconegut	158	2,5%	6	4,0%	12	3,6%	342	6,3%
<b>Total</b>	<b>6.408</b>	<b>100,0%</b>	<b>151</b>	<b>100,0%</b>	<b>334</b>	<b>100,0%</b>	<b>5.405</b>	<b>100,0%</b>

\*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 9).

Tabla 9. Número de casos de SARS-CoV-2 por VOC y región sanitaria.  
 Cataluña, 4 de enero - 22 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	33	0,5%	0	0,0%	0	0,0%	38	0,7%
Barcelona	4.798	74,9%	124	82,1%	213	63,8%	3.612	66,8%
Camp de Tarragona	62	1,0%	2	1,3%	13	3,9%	158	2,9%
Cataluna Central	614	9,6%	5	3,3%	36	10,8%	369	6,8%
Girona	560	8,7%	10	6,6%	31	9,3%	635	11,7%
Lleida	138	2,2%	2	1,3%	26	7,8%	218	4,0%
Terres de l'Ebre	40	0,6%	0	0,0%	1	0,3%	29	0,5%
Fora de Catalunya*	5	0,1%	2	1,3%	2	0,6%	4	0,1%
Desconegut	158	2,5%	6	4,0%	12	3,6%	342	6,3%
<b>TOTAL</b>	<b>6.408</b>	<b>100,0%</b>	<b>151</b>	<b>100,0%</b>	<b>334</b>	<b>100,0%</b>	<b>5.405</b>	<b>100,0%</b>

\*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 10).

Tabla 10. Número de casos de SARS-CoV-2 por VOC y comarca.  
 Cataluña, 4 de enero - 22 de agosto de 2021

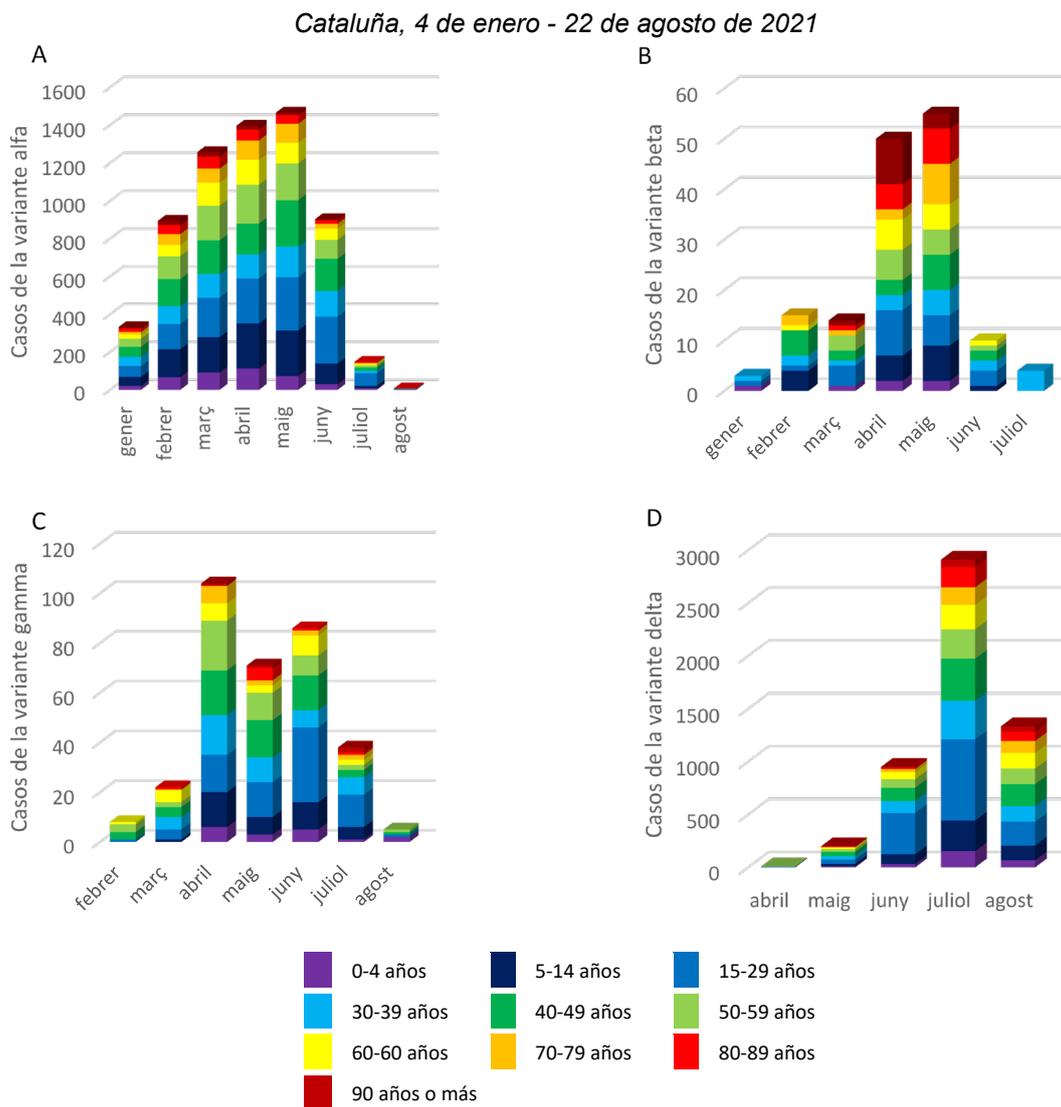
COMARCA	VARIANT							
	Alfa - B.1.1.7	% Alfa	Beta - B.1.351	% Beta	Gamma - P.1	% Gamma	Delta	% Delta
Alt Camp	6	0,1%	0	0,0%	1	0,3%	18	0,3%
Alt Empordà	72	1,1%	3	2,0%	2	0,6%	71	1,3%
Alt Penedès	29	0,5%	2	1,3%	0	0,0%	38	0,7%
Alta Ribagorça	4	0,1%	0	0,0%	0	0,0%	1	0,0%
Anoia	31	0,5%	0	0,0%	18	5,4%	29	0,5%
Aran	16	0,2%	0	0,0%	0	0,0%	7	0,1%
Bages	191	3,0%	3	2,0%	6	1,8%	115	2,1%
Baix Camp	15	0,2%	1	0,7%	3	0,9%	40	0,7%
Baix Ebre	12	0,2%	0	0,0%	0	0,0%	16	0,3%
Baix Empordà	37	0,6%	2	1,3%	2	0,6%	52	1,0%
Baix Llobregat	490	7,6%	35	23,2%	22	6,6%	435	8,0%
Baix Penedès	9	0,1%	0	0,0%	0	0,0%	23	0,4%
Barcelonès	2.580	40,3%	42	27,8%	80	24,0%	2.148	39,7%
Berguedà	21	0,3%	0	0,0%	1	0,3%	16	0,3%
Cerdanya	1	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	7	0,1%
Conca de Barberà	1	0,0%	0	0,0%	1	0,3%	2	0,0%
Garraf	24	0,4%	1	0,7%	0	0,0%	41	0,8%
Garrigues	3	0,0%	0	0,0%	4	1,2%	7	0,1%
Garrotxa	52	0,8%	1	0,7%	1	0,3%	44	0,8%
Gironès	154	2,4%	0	0,0%	6	1,8%	194	3,6%
Maresme	596	9,3%	8	5,3%	13	3,9%	361	6,7%
Moianès	21	0,3%	0	0,0%	1	0,3%	3	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%	47	0,9%
Osona	347	5,4%	2	1,3%	9	2,7%	213	3,9%
Pallars Jussà	7	0,1%	0	0,0%	0	0,0%	3	0,1%
Pallars Sobirà	7	0,1%	0	0,0%	0	0,0%	13	0,2%
Pla de l'Estany	17	0,3%	0	0,0%	0	0,0%	28	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%	29	0,5%
Segarra	8	0,1%	1	0,7%	0	0,0%	8	0,1%
Segrià	78	1,2%	0	0,0%	18	5,4%	117	2,2%
Selva	140	2,2%	1	0,7%	18	5,4%	139	2,6%
Solsonès	10	0,2%	0	0,0%	0	0,0%	1	0,0%
Tarragonès	29	0,5%	1	0,7%	8	2,4%	78	1,4%
Terra Alta	2	0,0%	0	0,0%	1	0,3%	2	0,0%
Urgell	37	0,6%	0	0,0%	1	0,3%	43	0,8%
Vallès Occidental	357	5,6%	35	23,2%	73	21,9%	339	6,3%
Vallès Oriental	783	12,2%	4	2,6%	28	8,4%	320	5,9%
Fora de Catalunya*	5	0,1%	2	1,3%	2	0,6%	4	0,1%
Desconegut	158	2,5%	6	4,0%	12	3,6%	342	6,3%
<b>Total</b>	<b>6.408</b>	<b>100,0%</b>	<b>151</b>	<b>100,0%</b>	<b>334</b>	<b>100,0%</b>	<b>5.405</b>	<b>100,0%</b>

\*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, poco presente en abril, ha aumentado sobre todo entre la población de 15-29 años (figura 7D).

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

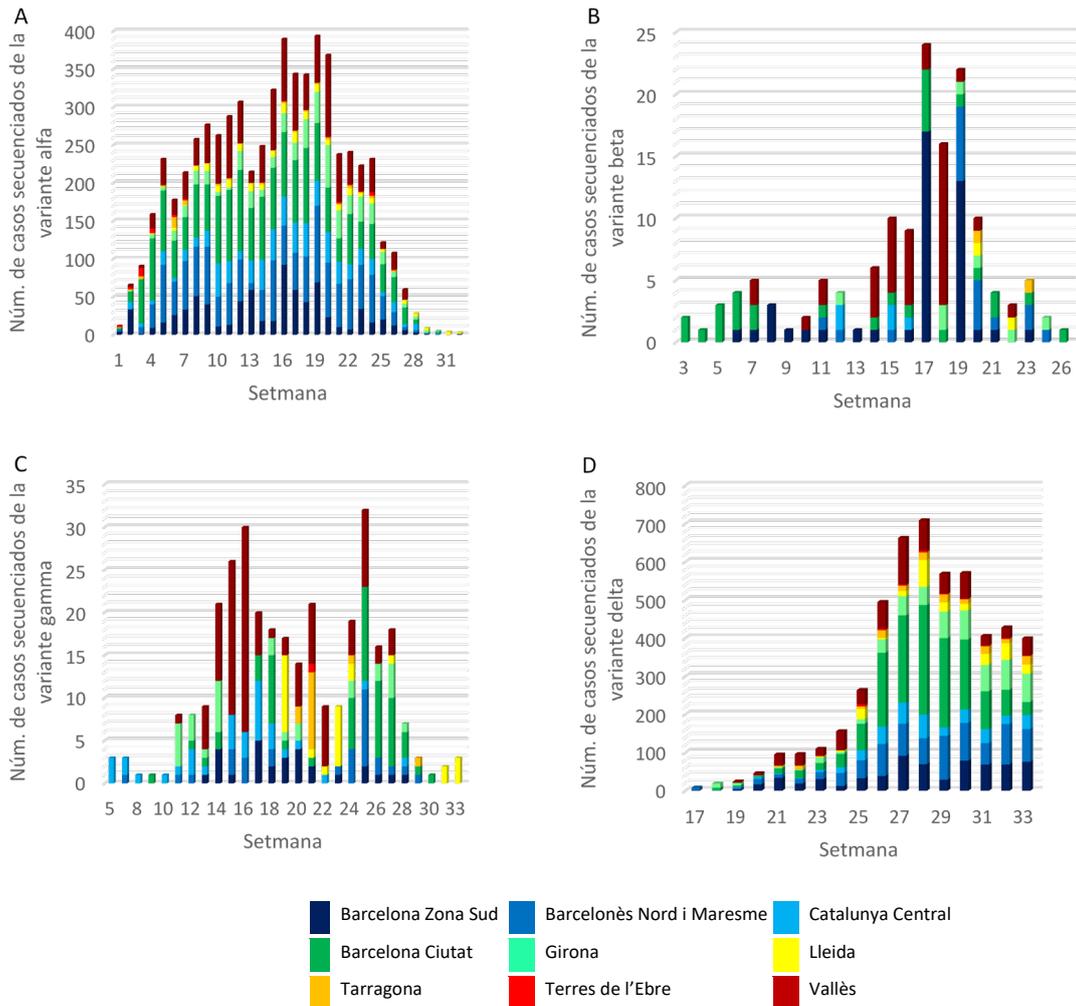


Fuente: Sistema de Notificación Microbiológica de Cataluña. Subdirección General de Vigilancia y Respuesta a Emergencias de Salud Pública. Secretaría de Salud Pública.

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 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 - 22 de agosto de 2021**



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

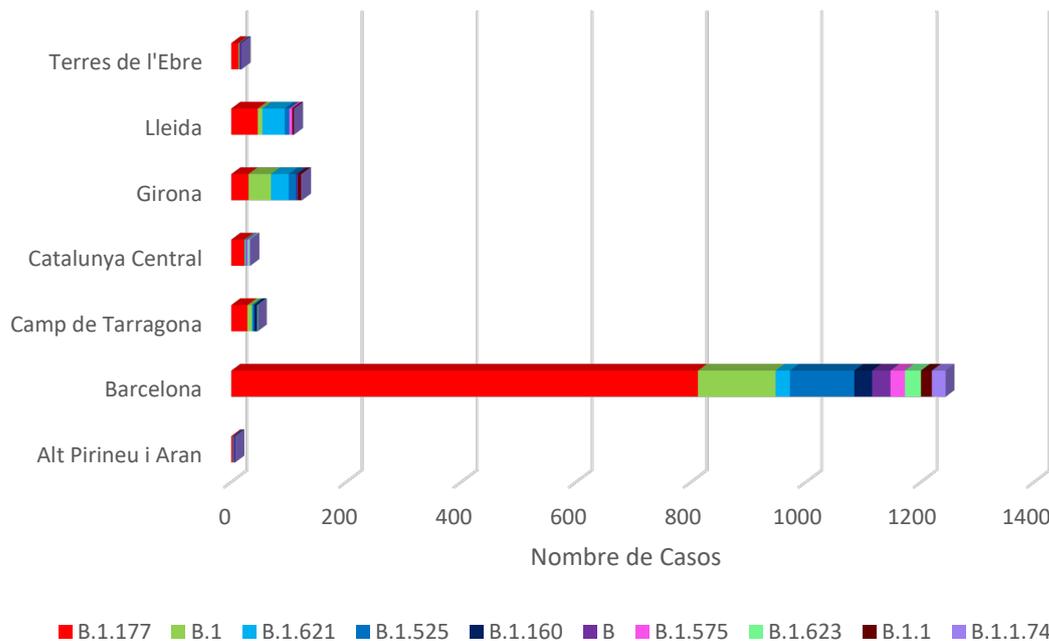
## Variantes de interés (VOI, *variants of interest*)

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 47,9% (981 casos), seguido del B.1, con un 9,5% (195 casos), y el B.1.621, con un 5,0% (150 casos), (tabla 11).

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

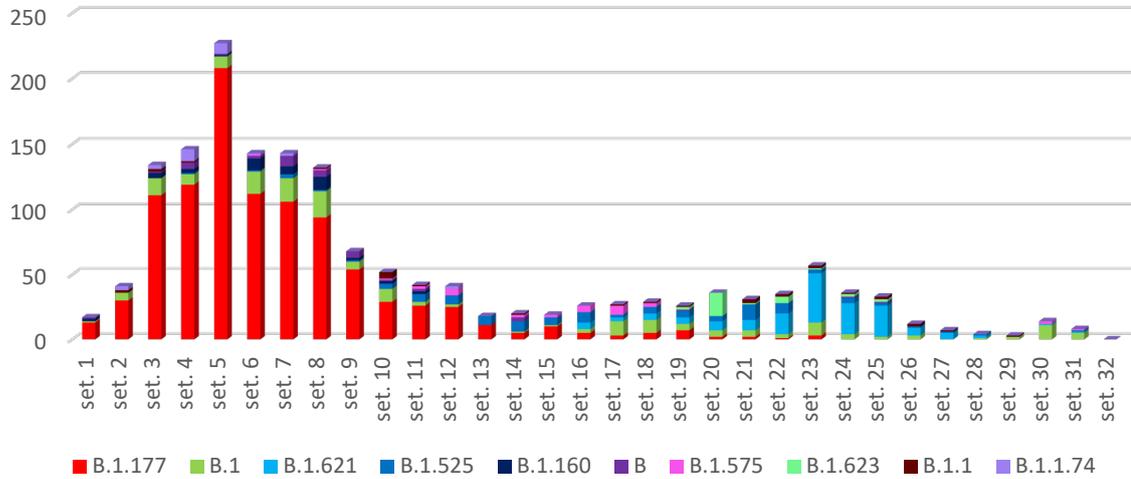
*Figura 9. Número de casos de los 10 linajes por VOI de SARS-CoV-2 más frecuentes por región sanitaria. Cataluña, 4 de enero - 22 de agosto de 2021*



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 - 22 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 el 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 (mu)

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 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 van notificando entre 1 y 2 casos por semana.

### VOI y otros linajes circulantes

*Tabla 11. VOI y otras variantes circulantes.  
Cataluña, 4 de enero - 22 de agosto de 2021*

LINAJE	CASOS	% CASOS	LINAJE	CASOS	% CASOS
A	4	0,2%	B.1.177.22	27	1,3%
A.2	1	0,0%	B.1.177.29	1	0,0%
A.2.5	1	0,0%	B.1.177.31	1	0,0%
A.21	4	0,2%	B.1.177.32	4	0,2%
A.27	17	0,8%	B.1.177.4	3	0,1%
A.3	1	0,0%	B.1.177.40	1	0,0%
B	37	1,8%	B.1.177.43	1	0,0%
B.1	195	9,5%	B.1.177.62	1	0,0%
B.1.1	30	1,5%	B.1.177.7	2	0,1%
B.1.1.116	3	0,1%	B.1.177.81	2	0,1%
B.1.1.121	1	0,0%	B.1.195	1	0,0%
B.1.1.122	1	0,0%	B.1.2	1	0,0%
B.1.1.126	4	0,2%	B.1.221	28	1,4%
B.1.1.134	1	0,0%	B.1.221.1	1	0,0%
B.1.1.141	4	0,2%	B.1.222	1	0,0%
B.1.1.143	1	0,0%	B.1.235	6	0,3%
B.1.1.15	1	0,0%	B.1.258	7	0,3%
B.1.1.152	8	0,4%	B.1.280	2	0,1%
B.1.1.161	2	0,1%	B.1.331	1	0,0%
B.1.1.222	6	0,3%	B.1.36	4	0,2%



B.1.1.238	1	0,0%	B.1.36.31	3	0,1%
B.1.1.242	1	0,0%	B.1.361	17	0,8%
B.1.1.250	5	0,2%	B.1.378	1	0,0%
B.1.1.26	5	0,2%	B.1.393	2	0,1%
B.1.1.269	8	0,4%	B.1.401	1	0,0%
B.1.1.28	10	0,5%	B.1.416	3	0,1%
B.1.1.285	5	0,2%	B.1.416.1	15	0,7%
B.1.1.29	12	0,6%	B.1.427	4	0,2%
B.1.1.296	1	0,0%	B.1.441	2	0,1%
B.1.1.313	1	0,0%	B.1.469	2	0,1%
B.1.1.318	2	0,1%	B.1.525	102	5,0%
B.1.1.33	1	0,0%	B.1.526	9	0,4%
B.1.1.348	2	0,1%	B.1.530	1	0,0%
B.1.1.38	3	0,1%	B.1.551	1	0,0%
B.1.1.397	2	0,1%	B.1.5575.1	1	0,0%
B.1.1.420	4	0,2%	B.1.561	1	0,0%
B.1.1.44	1	0,0%	B.1.575	32	1,6%
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	4	0,2%	B.1.617.1	5	0,2%
B.1.1.64	1	0,0%	B.1.620	4	0,2%
B.1.1.74	28	1,4%	B.1.621	150	7,3%
B.1.1.77	2	0,1%	B.1.621.1	8	0,4%
B.1.1.85	1	0,0%	B.1.623	31	1,5%
B.1.111	3	0,1%	B.10	1	0,0%
B.1.128	1	0,0%	B.31	1	0,0%
B.1.153	2	0,1%	B.40	3	0,1%
B.1.160	41	2,0%	C.36	2	0,1%
B.1.166	1	0,0%	C.37	12	0,6%
B.1.177	981	47,9%	N.5	1	0,0%
B.1.177.1	1	0,0%	P.1.1	2	0,1%
B.1.177.10	3	0,1%	P.1.2	8	0,4%
B.1.177.14	4	0,2%	P.1.7	15	0,7%
B.1.177.15	21	1,0%	P.2	2	0,1%
B.1.177.18	1	0,0%	P.4	1	0,0%
B.1.177.21	2	0,1%	R.1	3	0,1%
			<b>TOTAL</b>	<b>2.046</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  
Laboratorios 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>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. Efecto escaso sobre la inmunidad.	Fue predominante en Europa y en otros países como Israel. Aumento rápido a escala global. Actualmente ha disminuido la frecuencia de manera mucho importando ante el aumento del delta.
<b>B.1.351 (beta)</b>	N501Y, E484K, K417N, L18F, A701V, del ORF1b	Probable aumento de la transmisibilidad. Reducción de la efectividad de algunas vacunas.	Llegó a predominar en Sudáfrica. Actualmente ha sido sustituida por la variante delta. Casos en numerosos países europeos, pero no ha llegado a desplazar otras variantes.
<b>P.1 (gamma)</b>	S: N501Y, E484K, K417T, del ORF1b	Probable aumento de la transmisibilidad y escape moderado a la respuesta inmunitaria.	Dominante en la América del Sur, especialmente en el Brasil. Actualmente en retroceso ante el aumento de la variante delta. Baja frecuencia en países europeos.
<b>B.1.617.2 (delta) y linajes AY</b>	L452R, P618R	Aumento de la transmisibilidad. Disminución de la efectividad vacunal Posible incremento de la gravedad.	Expansión inicial en la India. Mayoritaria en Europa y globalmente en el momento actual.

### Variantes de interés (VOI)

VARIANTE	MUTACIONES MÁS RELEVANTES	IMPACTO POTENCIAL PARA LA SALUD PÚBLICA	DISPERSIÓN GEOGRÁFICA
<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. Pocos 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.
<b>B.1.525 (eta)</b>	E484K, F888L, del 69-70, Q677H	Mutaciones compatibles con el escape a la respuesta inmunitaria respecto de las variantes previas. Puede dar positivo en	Dinamarca, Reino Unido, Países Bajos, Noruega, EE.UU., Canadá. Países relacionados con Nigeria.



VARIANTE	MUTACIONES MÁS RELEVANTES	IMPACTO POTENCIAL PARA LA SALUD PÚBLICA	DISPERSIÓN GEOGRÁFICA
		el cribado para SGTF.	
<b>B.1.526 (iota)</b>	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>B.1.617.1 (kappa)</b>	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>C.37 (lambda)</b>	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 previas.	Expansión en el Perú en los meses de mayo y junio. También en otros países sudamericanos, como Chile o Argentina.
<b>B.1.1.7 con E484K</b>	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>B.1.621 (mu)</b>	R346K, E484K, N501Y	Mutaciones compatibles con un aumento de la transmisibilidad y escape a la respuesta inmunitaria respecto de las variantes previas.	Descrita por primera vez en Colombia, donde sigue representando un porcentaje importante de casos.
<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. Pocos casos en otros países.

Tabla basada en: [Actualización de la situación epidemiológica de las variantes de SARS-CoV-2 de importancia en salud pública en España](#). Fecha: 6 de septiembre 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.