Generalitat de Catalunya
Departament de Salut
Secretaria de Salut Publica
Subdirecció General de Vigilància i Resposta a Emergències de Salut Pública

INFORME DE VIGILANCIA DE LAS VARIANTES GENÓMICAS DEL CORONAVIRUS SARS-CoV-2 EN CATALUÑA. Semana 46 -2021 (15 de noviembre de 2021 - 21 de noviembre de 2021)

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

Resumen de lo más destacado

Durante la **semana 44,** se han secuenciado **358 casos, lo que representa el 21,5%** del total de casos de coronavirus SARS-CoV-2 con PCR positiva. El **99,7%** de los casos son de la **variante delta.**

Variantes de preocupación (VOC, *variants of concern*)

B.1.617.2 (delta)

- Desde el primer caso notificado en Cataluña (16 de abril de 2021), la presencia de esta variante ha ido aumentando de forma importante. A partir de la semana 25, es la variante predominante en Cataluña.
- Durante las semanas 39-44, el grupo de edad con más frecuencia de afectación ha sido el de 40-49 años, y, durante la semana 43, han sido los grupos de 5-14 años y 40-49 años.
- Durante las semanas 39-44, el número más elevado de casos se ha concentrado en Barcelona Zona Sud, seguido del Vallès y de Barcelona Ciutat.
- Durante la semana 44, de los 275 casos de la variante delta que se han diferenciado en sublinajes (76,8%), el AY.43 ha sido el más frecuente (41,3%), seguido del AY.4 (7,5%).

B.1.1.7 (alfa), B.1.351 (beta) y P.1 (gamma)

- **Alfa:** la variante alfa fue la variante mayoritaria desde principios del año 2021; llegando al pico de 79,3% (490 casos) de las muestras secuenciadas durante la semana 18. La semana 25 fue desplazada por la variante delta. Durante las semanas 39-44, se ha notificado 1 caso.
- **Beta:** la variante beta presentó un pico de casos las semanas 17 (36 casos) y 18 (23 casos). El último caso se notificó durante la semana 32.
- **Gamma:** la variante gamma presentó un pico de casos la semana 25 (42 casos). Durante las semanas 39-44 no se ha notificado ningún caso.

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

- Durante las semanas 39-44, el linaje B.1.621 (mu) ha presentado 2 casos (las semanas 40 y 41).

Cribado

Según los resultados del cribado, el porcentaje de casos compatibles con la variante delta ha sido del 98,2% la semana 46 (589 casos) y del 98,0% la semana 45 (341 casos).

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 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 a 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 se encuentran en cada territorio con el fin de saber la prevalencia de las variantes circulantes, la situación epidemiológica y evaluar las medidas de salud pública que se tengan que tomar en caso necesario.

Las variantes del SARS-CoV-2 se clasifican en dos categorías: las variantes de preocupación (VOC, *variants of concern*) y las variantes de interés (VOI, *variants of interest*).

Una variante 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).

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 realiza una vigilancia de secuenciación con muestras aleatorias y una vigilancia dirigida −indicada desde la Red de Vigilancia Epidemiológica de Cataluña (XVEC)− de 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 el fin de poder confirmar la variante, el linaje o el sublinaje.

Con esta finalidad, la Subdirección General de Vigilancia y Respuesta a Emergencias de Salud Pública coordina la vigilancia de las variantes del SARS-CoV-2 con los laboratorios que realizan secuenciación (parcial o completa) del genoma del coronavirus SARS-CoV-2. Las secuenciaciones y los cribados de los casos las han realizado los centros que constan en el anexo 1 y los resultados de estos 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.

Según los **resultados de cribado** de cuatro centros notificadores, el porcentaje de casos compatibles con la variante delta (B.1.617.2), respecto del número total de PCR positivas realizadas con una PCR capaz de detectar esta variante, fue del 98,2% (589 casos) la semana 46 (15-21 de noviembre de 2021) y del 98,0% (341 casos) la semana 45 (8-14 de noviembre de 2021).

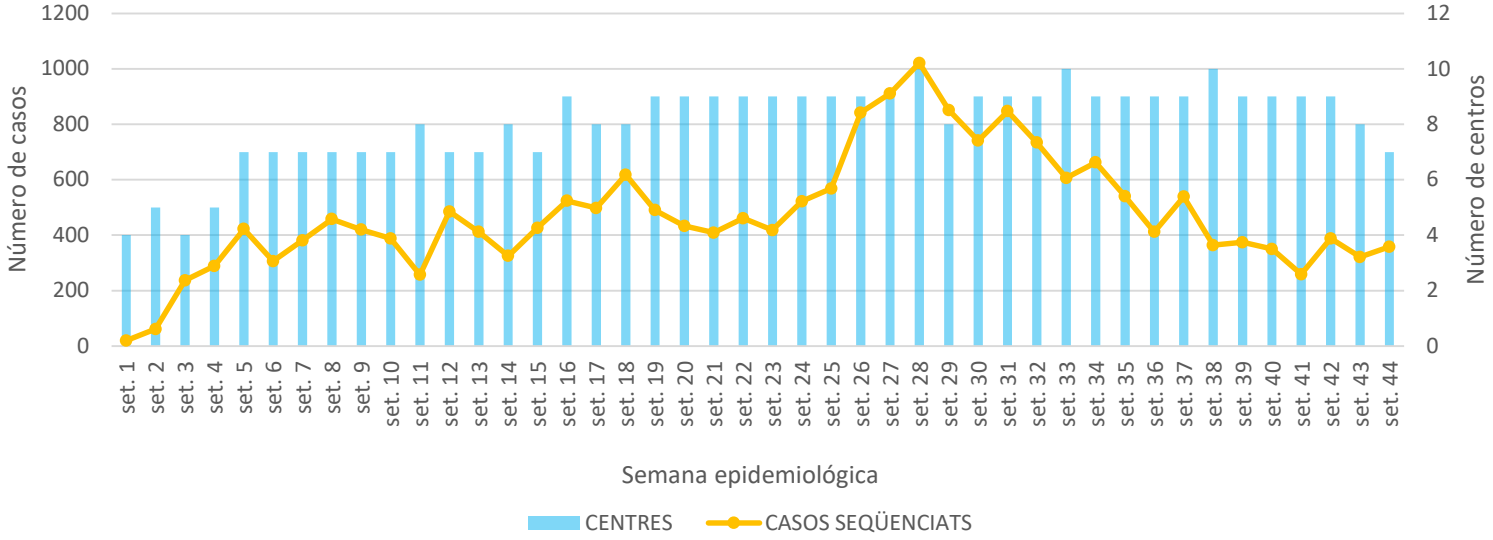
Desde el 4 de enero hasta el 7 de noviembre de 2021 (semana 44) se han analizado los **casos secuenciados notificados** por los centros de forma individualizada de las variantes del SARS-CoV-2. Hay que tener en cuenta que los resultados de secuenciación se notifican con unos 15 días de retraso desde el diagnóstico.

Las variables epidemiológicas analizadas han sido las siguientes: edad, sexo, semana de diagnóstico y servicio de vigilancia epidemiológica (SVE).

Los casos notificados se han extraído del repositorio VARCO y están validados, depurados y contrastados con los casos confirmados por PCR obtenidos del registro TAGA-COVID-19.

Durante el periodo de estudio **se han secuenciado 20.948 casos.** El número de secuenciaciones ha aumentado en las primeras semanas, con un pico máximo durante la semana 28 (1.021 casos) (figura 1). Los datos de la semana 44, con 358 casos secuenciados, son provisionales, dado que hay centros que las notifican con retraso.

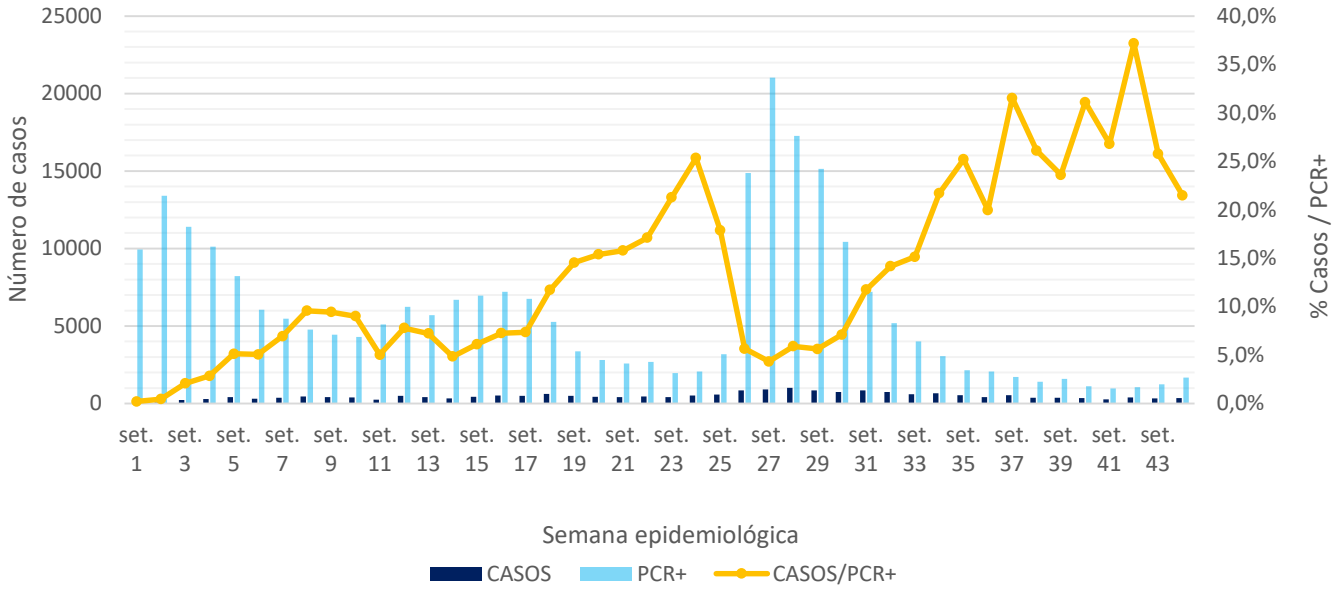
Figura 1. Número de casos de SARS-CoV-2 secuenciados por número de centros declarantes. Cataluña, 4 de enero - 7 de noviembre de 2021



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

Durante las semanas 42 (18 - 24 de octubre), 43 (25 - 31 de octubre) y 44 (1 - 7 de noviembre) se ha realizado la secuenciación completa de los casos de SARS-CoV-2 positivos por PCR en 388 muestras (37,2%), 321 muestras (25,8%) y 358 muestras (21,5%) del total de casos, respectivamente (figura 2).

Figura 2. Número y porcentaje de casos de SARS-CoV-2 secuenciados por semanas. Cataluña, 4 de enero - 7 de noviembre de 2021



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

El porcentaje de secuenciación ha sido muy heterogéneo entre los SVE y ha ido cambiando a lo largo de los meses. Durante el mes de noviembre, el SVE con más porcentaje de secuenciación con respecto a casos de SARS-CoV-2 con PCR positiva ha sido el Barcelonès Nord-Maresme (6,6%), seguido de Barcelona Ciutat (4,8%) (tabla 1).

Tabla 1. Número de casos de SARS-CoV-2 secuenciados y porcentaje por SVE y mes de diagnóstico. Cataluña, 4 de enero - 7 de noviembre de 2021

	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	31	0,4	131	2,4	0	0,0	187	2,1	5	0,2	0	0,0	10	0,3	0	0,0	80	1,0
Febrer	232	5,5	436	11,7	63	2,7	402	8,8	60	3,1	46	2,6	10	1,0	3	1,5	232	4,9
Març	184	5,4	366	14,5	141	5,2	462	10,4	89	4,2	98	4,7	20	2,0	7	7,7	354	6,9
Abril	279	6,9	260	11,2	184	6,2	396	7,9	115	3,3	79	2,9	19	1,1	14	4,2	414	6,2
Maig	289	12,5	419	32,2	152	11,2	326	12,6	183	8,4	45	5,2	37	3,2	9	4,6	468	15,2
Juny	236	8,8	524	25,7	140	17,9	460	10,6	232	22,9	66	14,8	41	4,2	19	9,9	483	12,6
Juliol	334	2,5	950	11,5	202	7,4	1222	6,0	264	5,7	35	1,2	79	1,8	15	2,5	547	3,8
Agost	383	10,0	837	30,6	184	12,9	552	13,1	441	20,4	23	2,2	167	12,7	12	3,9	306	8,3
Setembre	256	24,5	356	49,0	98	9,6	256	19,1	304	32,9	43	7,7	117	24,0	9	4,0	357	28,8
Octubre	236	36,9	177	43,5	112	23,2	216	31,1	205	30,3	139	26,7	53	14,1	5	2,0	239	32,4
Novembre	69	4,5	61	6,6	27	3,1	71	4,8	31	2,6	39	4,7	5	1,0	1	0,4	43	2,7

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

Motivos de secuenciación

De los casos secuenciados de los que ha sido notificado el tipo de secuenciación (18.085 casos), el 68,8% ha sido aleatorio y el 31,2% no aleatorio. De estos últimos, el motivo de secuenciación no aleatorio más frecuente ha sido “vacunación”, con 3.912 casos (69,4%).

Durante las semanas 39-44, el motivo de secuenciación no aleatorio más frecuente ha sido “vacunación” (60,0%-86,1%), seguido de “brote” (29,3%-8,2%) (tabla 2).

Tabla 2. Motivo de secuenciación no aleatoria por los casos de las últimas 6 semanas. Cataluña, 4 de enero - 7 de noviembre de 2021

	set. 39		set. 40		set. 41		set. 42		set. 43		set. 44	
MOTIU SEQÜENCIACIÓ NO ALEATÒRIA	**CASOS**	**%**	**CASOS**	**%**	**CASOS**	**%**	**CASOS**	**%**	**CASOS**	**%**	**CASOS**	**%**
Altres	1	0,8%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	1	1,3%
Antecedent de viatge a països endèmics	0	0,0%	1	1,1%	1	1,2%	4	3,3%	2	2,5%	1	1,3%
Brot	10	8,2%	8	8,7%	7	8,5%	14	11,4%	7	8,8%	22	29,3%
Cas greu (ingrés hospitalari)	0	0,0%	1	1,1%	0	0,0%	0	0,0%	1	1,3%	0	0,0%
Situació d'alta transmissibilitat o virulència	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	2	1,6%	0	0,0%	4	5,3%
Sospita reinfecció	6	4,9%	4	4,3%	4	4,9%	5	4,1%	2	2,5%	2	2,7%
Vacunat	105	86,1%	76	82,6%	70	85,4%	98	79,7%	68	85,0%	45	60,0%
Vincle epidemiològic on hi ha una nova variant	0	0,0%	2	2,2%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%
TOTAL	**122**	**100%**	**92**	**98%**	**82**	**100%**	**123**	**100%**	**80**	**100%**	**75**	**100%**

Otros: 1 caso = trabajadora de una residencia, 1 caso = viaje (Londres)

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 se encuentran 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 deleción 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 se encuentran 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). Ello, 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 17 mutaciones de las cuales 10 están en el gen S, y entre las cuales hay 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). En Cataluña, el 16 de abril del 2021 se notificó el primer caso de **B.1.617.2**.

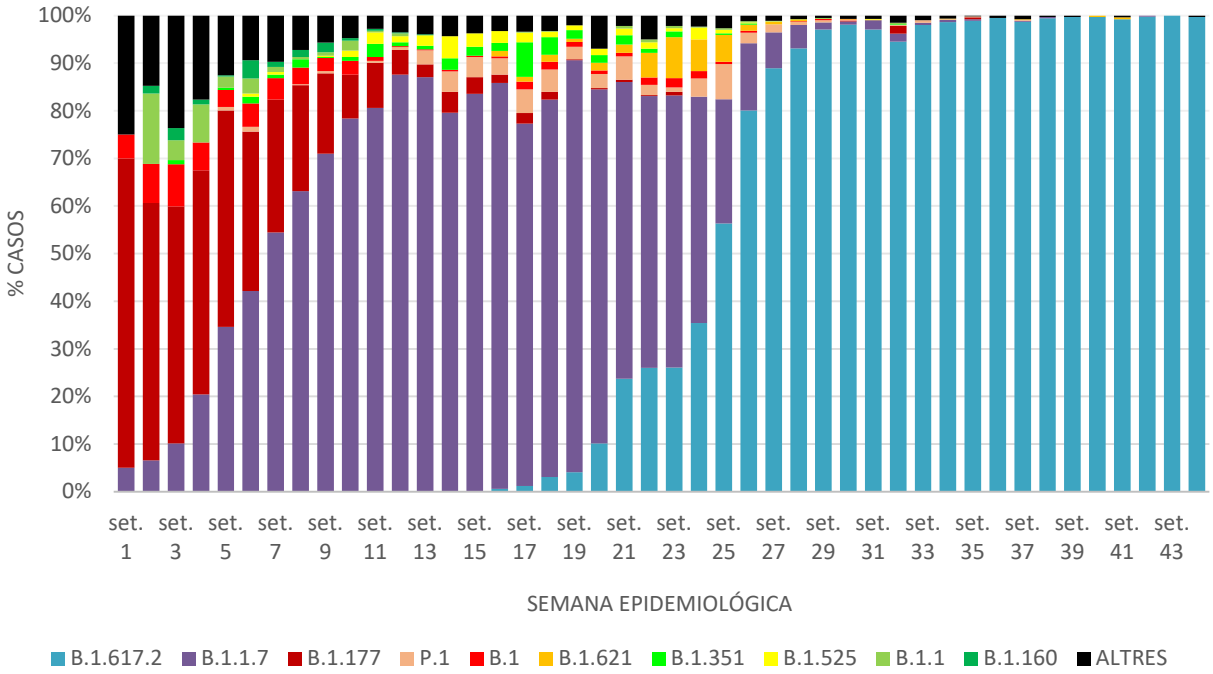
Del total de casos secuenciados desde el 4 de enero (20.948 casos), el 88,6% (n = 18.563) han sido VOC (alfa, beta, gamma o delta) y el 11,4% (n = 2.385) VOI.

La variante alfa ha sido la más frecuente hasta la semana 24 (6.550 casos). Al inicio del 2021 se observa un aumento progresivo de los casos con un pico máximo la semana 18 (490 casos), y la semana 20 disminuyen de forma importante (figuras 3 y 4). En contrapartida, los casos de la variante B.1.177, más presente al inicio del 2021, han ido disminuyendo a lo largo de las semanas. Durante las semanas 38-44, se ha notificado 1 caso.

Desde la semana 33 no se ha detectado ningún caso de variante beta. Respecto de la variante gamma, durante las semanas 39-44 no se ha notificado ningún caso.

Los primeros casos de la variante delta se detectaron durante la semana 16 (3 casos). Desde entonces, ha presentado un crecimiento notable y ha superado a la variante alfa la semana 25 (figura 3). Desde entonces, la variante delta es la variante predominante en todo el territorio, con 357 casos notificados durante la semana 44 (figura 3).

Figura 3. Porcentaje de los casos de los 10 linajes y variantes del SARS-CoV-2 más frecuentes por semana. Cataluña, 4 de enero - 7 de noviembre de 2021



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

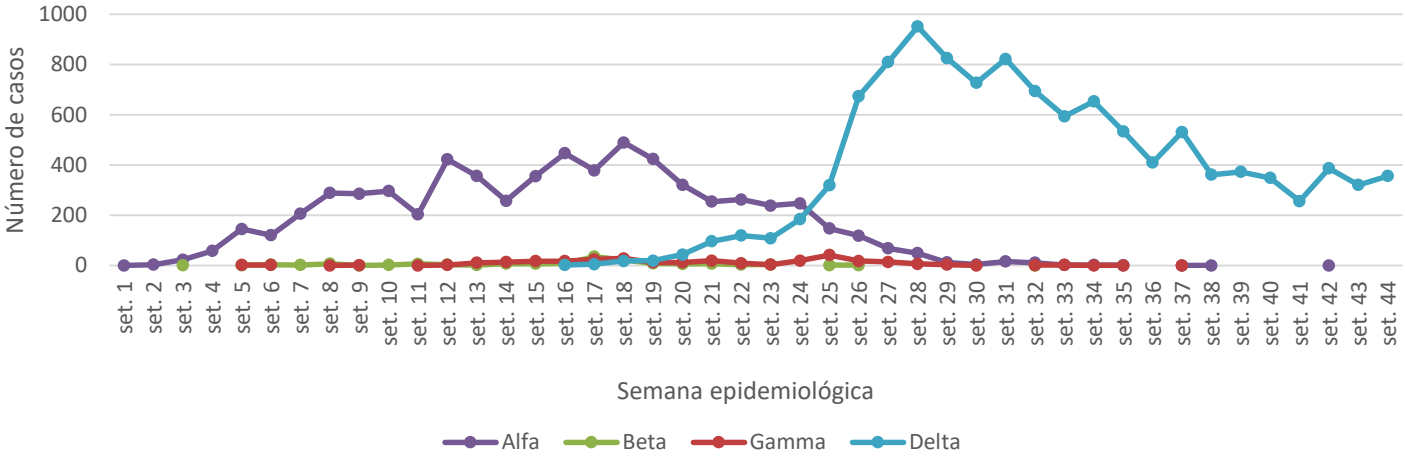
Durante las seis últimas semanas se han detectado entre 257-387 casos semanales de variante delta (tabla 3).

Tabla 3. Número de casos de SARS-CoV-2 según variantes durante las seis últimas semanas epidemiológicas. Cataluña, 4 de enero - 7 de noviembre de 2021

	B.1.617.2		B.1.621		B.1.640		B.1.1.7		B.1.1.318		B.1.575		
	CASOS	%	CASOS	%	CASOS	%	CASOS	%	CASOS	%	CASOS	%	TOTAL
set. 39	373	99,7%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	1	0,3%	**374**
set. 40	349	99,7%	1	0,3%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	**350**
set. 41	257	99,2%	1	0,4%	0	0,0%	0	0,0%	1	0,4%	0	0,0%	**259**
set. 42	387	99,7%	0	0,0%	0	0,0%	1	0,3%	0	0,0%	0	0,0%	**388**
set. 43	321	100,0%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	**321**
set. 44	357	99,7%	0	0,0%	1	0,3%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	**358**

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

Figura 4. Número de casos de SARS-CoV-2 por VOC y semana. Cataluña, 4 de enero - 7 de noviembre de 2021



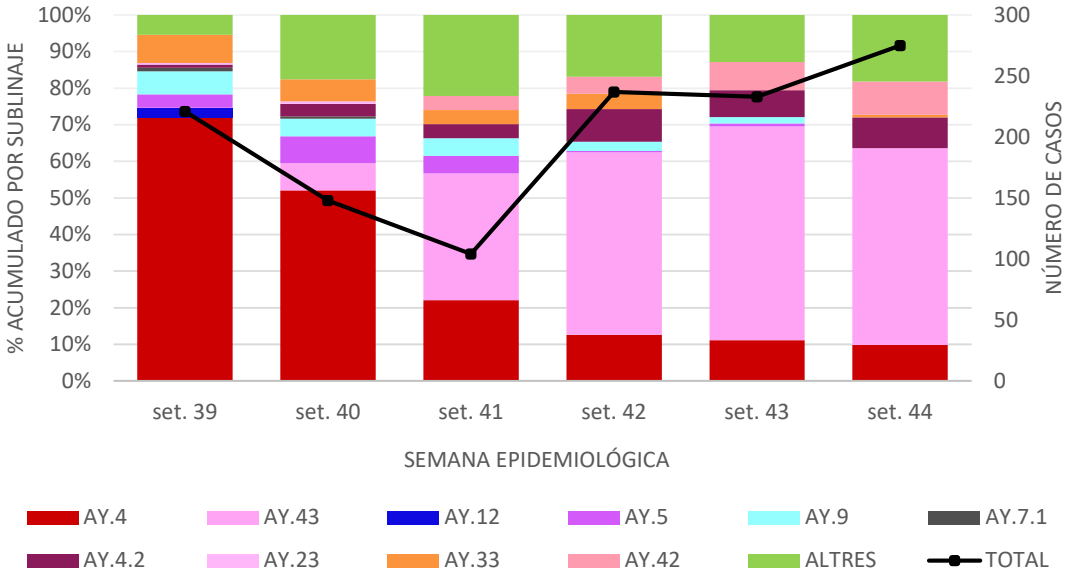
Fuente: Sistema de Notificación Microbiológica de Cataluña. Subdirección General de Vigilancia y Respuesta a Emergencias de Salud Pública. Secretaría de Salud Pública.

A partir de la semana 30 se empezó a detectar sublinajes de la variante delta; actualmente, se han identificado más de 52 sublinajes diferentes en Cataluña.

Hay que tener presente que la variante delta se va reclasificando en sublinajes de forma constante; por lo tanto, los datos de este informe pueden estar no actualizados según las reclasificaciones de GISAID.

En las últimas semanas, el sublinaje predominante ha sido el AY.43 (figura 5).

Figura 5. Porcentaje de los casos de los 10 sublinajes de delta más frecuentes por semana. Cataluña, 4 de enero - 7 de noviembre de 2021



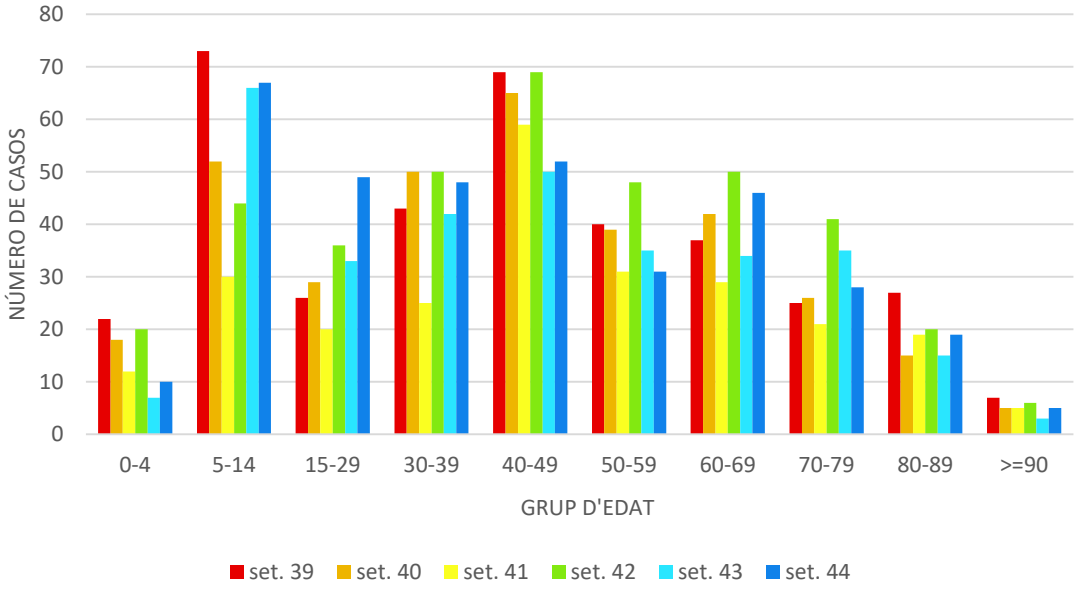
Fuente: Sistema de Notificación Microbiológica de Cataluña. Subdirección General de Vigilancia y Respuesta a Emergencias de Salud Pública. Secretaría de Salud Pública.

Durante la semana 44, se han identificado 275 casos de sublinajes delta, de los cuales el sublinaje AY.43 ha sido el más frecuente, con 148 casos (41,3%), seguido del AY.4 con 27 casos (7,5%) y del AY.42 con 25 casos (7,0%) (figura 5)

En el análisis de las variantes **en función del sexo**, no se encuentra mucha diferencia entre hombres y mujeres, donde el rango del porcentaje de casos las últimas seis semanas (39-44) es del 51,0% - 53,7% en mujeres y del 46,3% - 49,0% en hombres.

Con respecto a los **grupos de edad**, durante las semanas 43 y 44 se observa un aumento de casos en el grupo de 5-14 años con respecto a semanas anteriores. (figura 6).

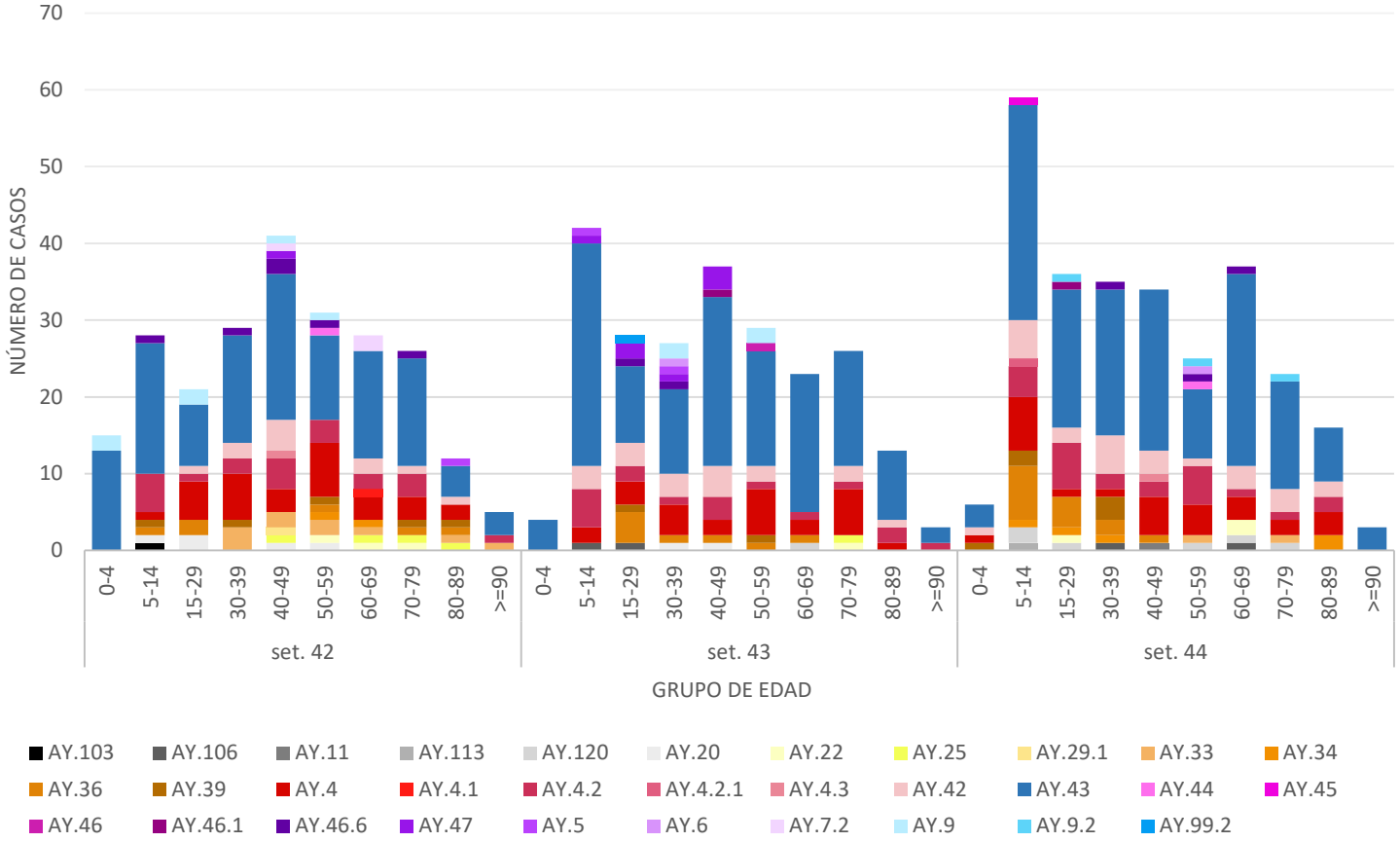
Figura 6. Número de casos de SARS-CoV-2 por delta y grupo de edad. Cataluña, 4 de enero - 7 de noviembre de 2021



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

Durante la semana 44 se han detectado más casos del sublinaje AY.43 en todos los grupos de edad, de forma similar a la semana anterior, excepto en el grupo de 5-14 años, que ha presentado un gran aumento de casos para todos los sublinajes (figura 7).

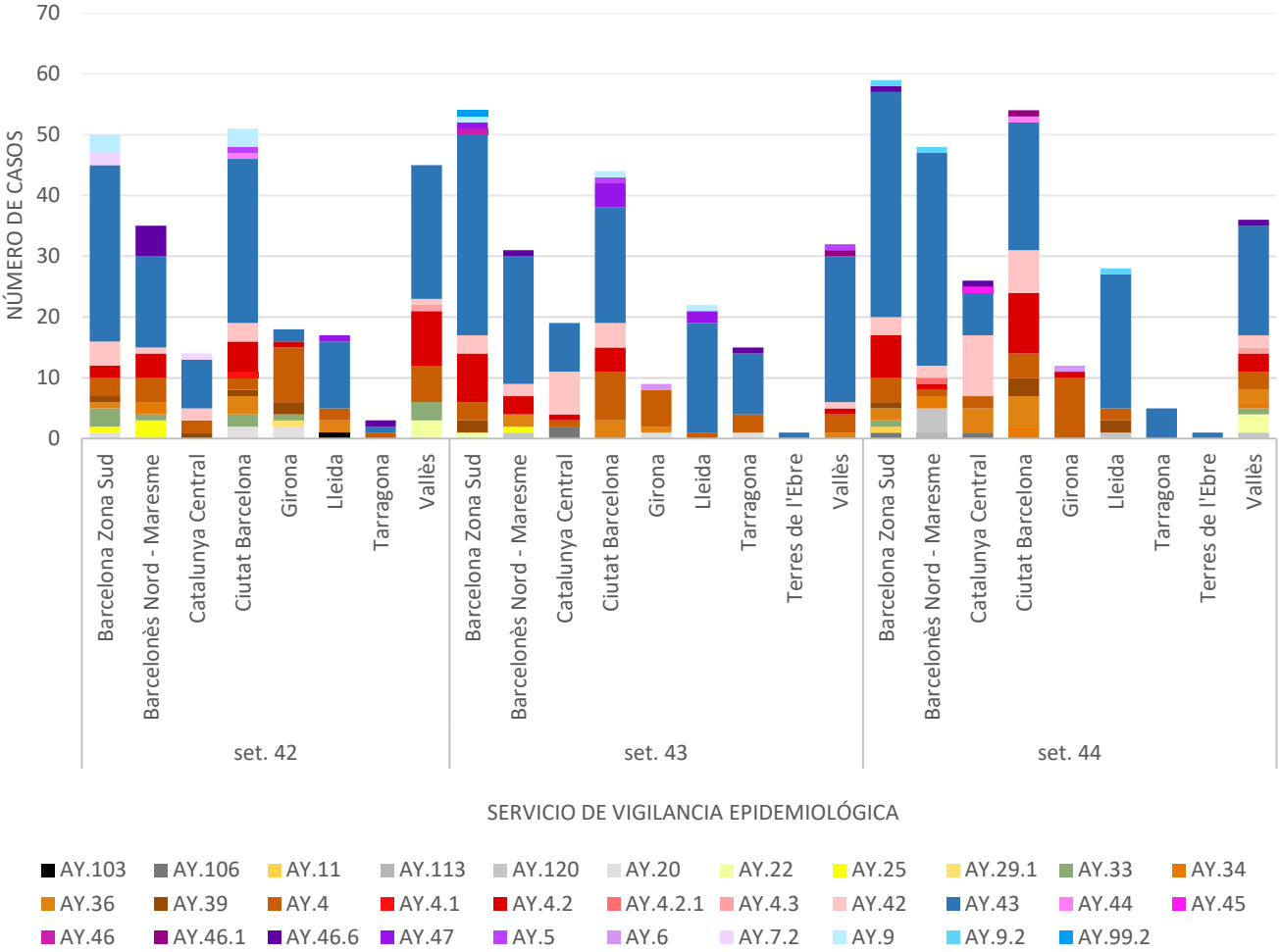
Figura 7. Número de casos de SARS-CoV-2 por sublinajes delta según grupo de edad y semana. Cataluña, 4 de enero - 7 de noviembre de 2021



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

En el ámbito territorial, durante la semana 44, el sublinaje AY.43 ha sido el más frecuente en la mayoría de los SVE (figura 8).

Figura 8. Número de casos de SARS-CoV-2 por sublinajes delta y SVE. Cataluña, 4 de enero - 7 de noviembre de 2021

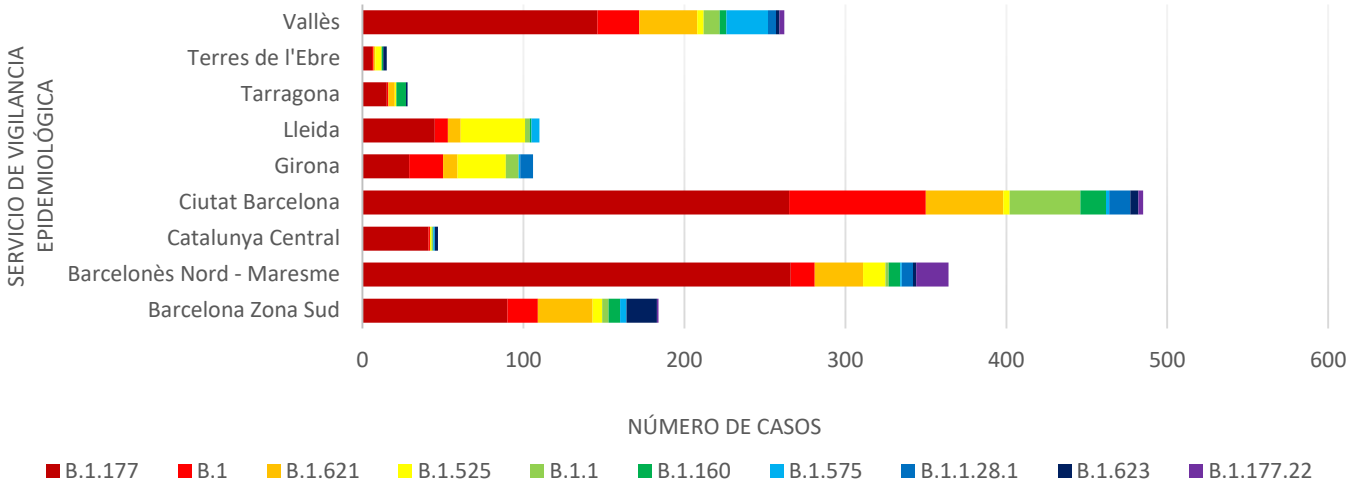


Fuente: Sistema de Notificación Microbiológica de Cataluña. Subdirección General de Vigilancia y Respuesta a Emergencias de Salud Pública. Secretaría de Salud Pública.

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

Desde el 4 de enero, la variante B.1.177 (no VOC) ha sido la más frecuente, con un 44,7% (1.041 casos), seguida del linaje B.1 (8,5%; 198 casos) y B.1.621 (8,1%; 189 casos). Por SVE, Barcelona concentra la mayoría de los casos de la B.1.177 y de B.1 (figura 9).

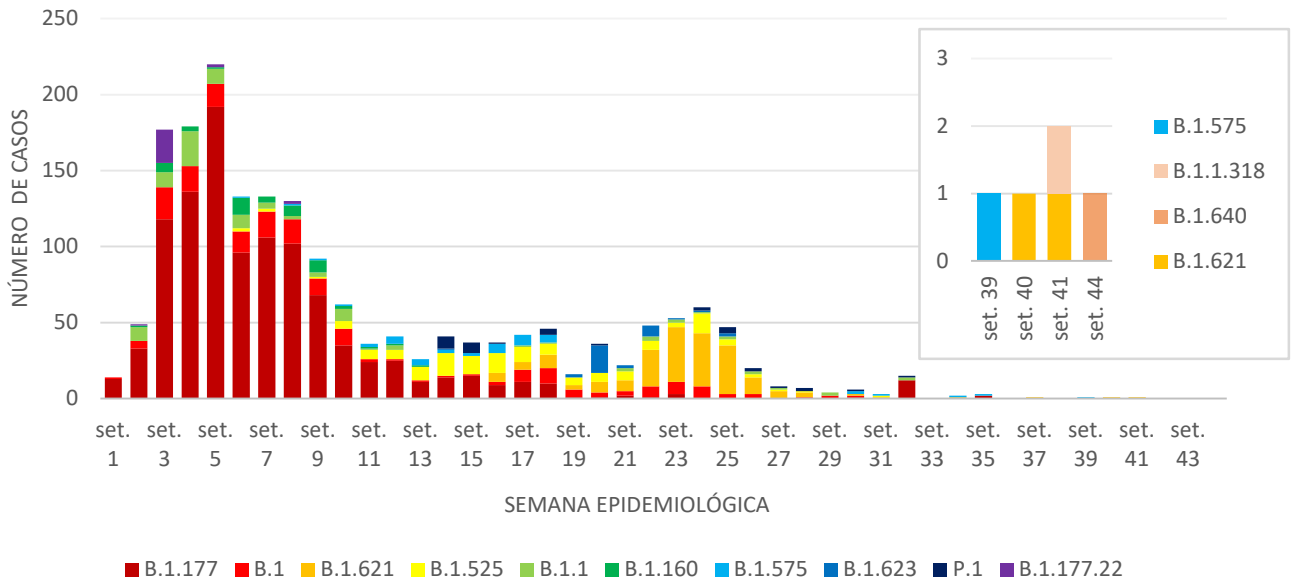
Figura 9. Número de casos de los 10 linajes de SARS-CoV-2 más frecuentes por SVE. Cataluña, 4 de enero - 7 de noviembre de 2021



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 frecuente hasta la semana 9 y, posteriormente, fue desplazada por la variante alfa. La variante B.1.525 fue ganando presencia, así como la variante B.1.621 (mu), sobre todo las semanas 23-25. Durante las últimas semanas se han detectado 2 casos (1 caso durante la semana 40 y un caso durante la semana 41) (figura 10).

Figura 10. Número de casos de los 10 linajes de SARS-CoV-2 más frecuentes por semanas. Cataluña, 4 de enero - 7 de noviembre de 2021



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

VOI y otros linajes circulantes

Tabla 4. VOI y otras variantes circulantes.
Cataluña, 4 de enero - 7 de noviembre de 2021

LINAJE	CASOS	% CASOS	LINAJE	CASOS	% CASOS
A	3	0,1%	B.1.177.53	3	0,1%
A.2	1	0,0%	B.1.177.62	2	0,1%
A.2.5	2	0,1%	B.1.177.7	6	0,3%
A.21	3	0,1%	B.1.177.72	1	0,0%
A.27	18	0,8%	B.1.177.74	2	0,1%
B	12	0,5%	B.1.177.75	2	0,1%
B.1	198	8,5%	B.1.177.76	2	0,1%
B.1.1	101	4,3%	B.1.177.81	4	0,2%
B.1.1.116	3	0,1%	B.1.177.84	1	0,0%
B.1.1.122	1	0,0%	B.1.177.86	1	0,0%
B.1.1.126	4	0,2%	B.1.221	25	1,1%
B.1.1.134	1	0,0%	B.1.221.1	1	0,0%
B.1.1.141	4	0,2%	B.1.23	1	0,0%
B.1.1.15	1	0,0%	B.1.234	1	0,0%
B.1.1.152	9	0,4%	B.1.235	2	0,1%
B.1.1.161	2	0,1%	B.1.258	11	0,5%
B.1.1.166	1	0,0%	B.1.280	2	0,1%
B.1.1.222	3	0,1%	B.1.351.2	2	0,1%
B.1.1.242	1	0,0%	B.1.351.3	4	0,2%
B.1.1.250	1	0,0%	B.1.36	4	0,2%
B.1.1.26	1	0,0%	B.1.36.24	1	0,0%
B.1.1.269	7	0,3%	B.1.36.31	5	0,2%
B.1.1.28	12	0,5%	B.1.361	2	0,1%
B.1.1.28.1	34	1,5%	B.1.378	1	0,0%
B.1.1.285	4	0,2%	B.1.393	2	0,1%
B.1.1.29	4	0,2%	B.1.416	3	0,1%
B.1.1.296	1	0,0%	B.1.416.1	16	0,7%
B.1.1.316	2	0,1%	B.1.427	3	0,1%
B.1.1.318	4	0,2%	B.1.441	2	0,1%
B.1.1.348	2	0,1%	B.1.466.2	1	0,0%
B.1.1.388	1	0,0%	B.1.469	2	0,1%
B.1.1.397	4	0,2%	B.1.525	136	5,8%
B.1.1.409	5	0,2%	B.1.526	11	0,5%
B.1.1.420	9	0,4%	B.1.530	1	0,0%
B.1.1.44	1	0,0%	B.1.551	2	0,1%
B.1.1.487	7	0,3%	B.1.5575.1	1	0,0%
B.1.1.519	6	0,3%	B.1.561	1	0,0%
B.1.1.523	6	0,3%	B.1.566	1	0,0%
B.1.1.64	1	0,0%	B.1.575	43	1,8%

LINAJE	CASOS	% CASOS	LINAJE	CASOS	% CASOS
B.1.1.74	8	0,3%	B.1.575.1	11	0,5%
B.1.111	4	0,2%	B.1.596	1	0,0%
B.1.153	4	0,2%	B.1.617.1	4	0,2%
B.1.160	46	2,0%	B.1.620	6	0,3%
B.1.166	1	0,0%	B.1.621	189	8,1%
B.1.170	1	0,0%	B.1.621.1	15	0,6%
B.1.177	1.041	44,7%	B.1.623	34	1,5%
B.1.177.10	2	0,1%	B.1.640	1	0,0%
B.1.177.12	1	0,0%	B.1.717.2	10	0,4%
B.1.177.14	3	0,1%	B.31	1	0,0%
B.1.177.15	21	0,9%	B.60	1	0,0%
B.1.177.21	1	0,0%	C.36	3	0,1%
B.1.177.22	27	1,2%	C.37	13	0,6%
B.1.177.29	3	0,1%	N.5	1	0,0%
B.1.177.31	6	0,3%	P.1.1	2	0,1%
B.1.177.32	23	1,0%	P.1.2	8	0,3%
B.1.177.4	1	0,0%	P.1.7	22	0,9%
B.1.177.43	14	0,6%	P.2	2	0,1%
B.1.177.44	1	0,0%	P.4	1	0,0%
B.1.177.50	4	0,2%	R.1	2	0,1%
			TOTAL	**2.330**	**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. CENTROS NOTIFICADORES

SECUENCIACIÓN

Banco de Sangre y Tejidos

Hospital Clínico

Hospital Joan XXIII

Hospital Universitario Arnau de Vilanova de Lleida

Hospital Universitario de Bellvitge

Hospital Universitario de Girona Doctor Josep Trueta

Hospital Universitario Germans Trias i Pujol

Hospital Universitario Vall d'Hebron

Laboratorio de Referencia de Cataluña

CRIBADO DE LA VARIANTE DELTA

Althaia (Red Asistencial Universitaria de Manresa)

CATLAB

Hospital Clínico

Hospital Joan XXIII

ANEXO 2. MUTACIONES I CARACTERÍSTICAS DE CADA VARIANTE DEL CORONAVIRUS SARS-CoV-2

Principales variantes de preocupación (VOC) para la salud pública

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. 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 muy importante ante el aumento de la variante delta.
B.1.351 (beta)	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 a otras variantes.
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. Actualmente en retroceso ante el aumento de la variante delta. Baja frecuencia en países europeos.
B.1.617.2 (delta) y linajes AY	L452R, P681R	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
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 previas.	Expansión en Perú los meses de mayo y junio. También en otros países sudamericanos, como Chile o Argentina.
B.1.621 (mu)	R346K, E484K, N501Y	Mutaciones compatibles con uno 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.

Tabla basada en: *Actualización de la situación epidemiológica de las variantes de SARS-CoV-2 de preocupación (VOC) e interés (VOI) en salud pública en España*. Fecha: 18 de octubre del 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.