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 48 - 2021 (29 de noviembre de 2021 - 5 de diciembre de 2021)

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

Resumen de lo más destacado

Cribado

Según los resultados del cribado, el porcentaje de casos compatibles con la variante delta ha sido del 97,8% la semana 48 (1.284 casos) y del 98,6% la semana 47 (822 casos). Los casos sospechosos de variante ómicron la semana 48 han sido del 0,3% (5 casos).

Secuenciación

Durante la **semana 46**, se han secuenciado **450 casos, lo que representa el 9,6%** del total de casos de coronavirus SARS-CoV-2 con PCR positiva. El **99,6%** 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 41-46, el grupo de edad con más frecuencia de afectación ha sido el de 5-14 años, seguido del grupo de edad 40-49 años.
- Durante las semanas 41-46, el número más elevado de casos se ha concentrado en Barcelona Zona Sud, seguido de Barcelona Ciudad y el Vallès.
- Durante la semana 46, de los 384 casos de la variante delta que se han diferenciado en sublinajes (85,3%), el AY.43 ha sido el más frecuente (31,1%), seguido del AY.36 (7,8%).

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 80,7% (489 casos) de las muestras secuenciadas durante la semana 18. La semana 25 fue desplazada por la variante delta. Durante las semanas 41-46, se han notificado 2 casos.
- **Beta:** la variante beta presentó un pico de casos a 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). El último caso se notificó durante la semana 37.

B.1.1.529 (ómicron)

- Del 29 de noviembre al 5 de diciembre se han notificado 5 casos.

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

- Durante las semanas 41-46, el linaje B.1.621 (mu) ha presentado 1 caso (la semana 41).

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), B.1.617.2 (delta) y B.1.1.529 (ómicron).

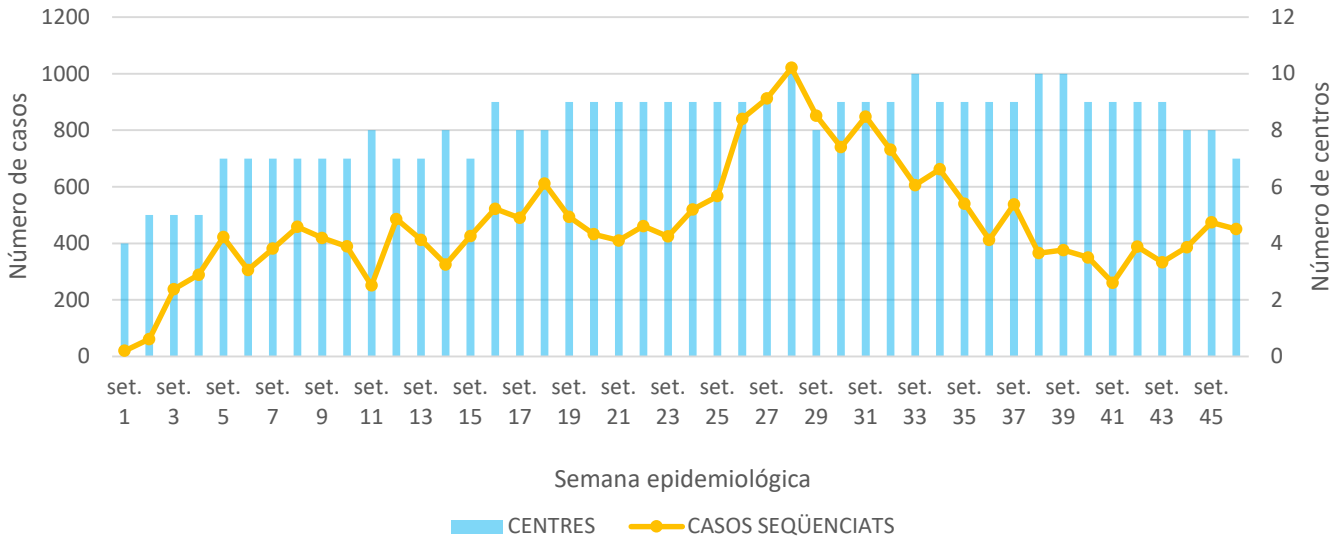
Para saber la prevalencia de las variantes circulantes en Cataluña se realiza una vigilancia de secuenciación con muestras aleatorias y una vigilancia dirigida −indicada desde la Red de Vigilancia Epidemiológica de Cataluña (XVEC)− de las situaciones relevantes para la salud pública que ayuden a entender 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 hacen 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**, el porcentaje de casos compatibles con la variante delta, respecto del número total de PCR positivas realizadas con una PCR capaz de detectar esta variante, ha sido del 97,8% (1.284 casos, 5 centros) la semana 48 (29 novembre-5 diciembre 2021) y del 98,6% (822 casos, 4 centros) la semana 47 (22-28 de noviembre 2021). Respecto de los casos de cribado de la variante ómicron la semana 48 ha sido del 0,3% (5 casos, 6 centros).

Desde el 4 de enero hasta el 21 de noviembre de 2021 (semana 46) 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 21.896 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 46, con 450 casos secuenciados, son provisionales, dado que hay centros que las notifican con retraso.

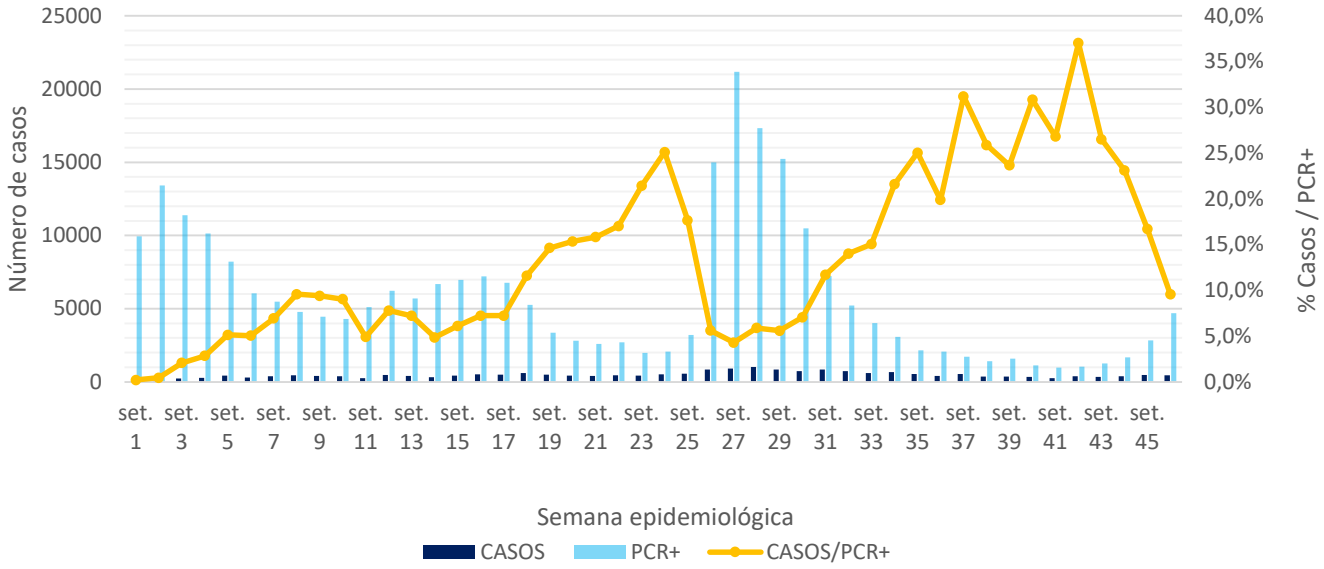
Figura 1. Número de casos de SARS-CoV-2 secuenciados por número de centros declarantes. Cataluña, 4 de enero - 21 de noviembre de 2021



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 44 (1 - 7 de noviembre), 45 (8 - 14 de noviembre) y 46 (15 - 21 de noviembre) se ha realizado la secuenciación completa de los casos de SARS-CoV-2 positivos por PCR en 386 muestras (23,1%), 474 muestras (16,7%) y 450 muestras (9,6%) 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 - 21 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 (13,0%), seguido de Barcelona Zona Sud (7,9%) (tabla 1).

Tabla 1. Número de casos de SARS-CoV-2 secuenciados y porcentaje por SVE y mes de diagnóstico. Cataluña, 4 de enero - 21 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	11	0,3	0	0,0	80	1,0
Febrer	232	5,5	434	11,7	63	2,7	401	8,8	60	3,1	46	2,6	10	1,0	3	1,5	232	4,9
Març	185	5,5	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	278	6,9	260	11,2	184	6,2	396	7,9	115	3,3	79	2,9	19	1,1	14	4,2	413	6,2
Maig	289	12,5	416	32,0	152	11,2	313	12,1	183	8,4	55	6,3	37	3,2	9	4,6	466	15,1
Juny	236	8,8	525	25,7	140	17,9	457	10,5	231	22,9	73	16,3	41	4,2	19	9,9	482	12,6
Juliol	334	2,5	950	11,4	202	7,4	1220	6,0	264	5,6	35	1,2	79	1,8	15	2,5	547	3,8
Agost	384	10,0	835	30,5	184	12,9	548	13,0	441	20,3	23	2,2	167	12,6	12	3,9	307	8,3
Setembre	256	24,5	356	48,9	98	9,6	254	18,9	306	32,9	43	7,7	116	23,7	9	4,0	357	28,5
Octubre	236	36,8	178	44,0	112	23,2	227	32,6	205	30,2	139	26,7	53	14,1	5	1,9	240	32,6
Novembre	238	7,9	240	13,0	77	4,4	211	6,6	153	6,3	75	4,7	35	3,3	6	1,3	236	6,8

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 cuales ha sido notificado el tipo de secuenciación (19.485 casos), el 68,5% ha sido aleatorio y el 31,5% no aleatorio. De estos últimos, el motivo de secuenciación no aleatorio más frecuente ha sido “vacunación”, con 4.182 casos (68,1%).

Durante las semanas 41-46, el motivo de secuenciación no aleatorio más frecuente ha sido “vacunación” (60,0%-85,4%), seguido de “brote” (5,7%-26,3%) (tabla 2).

Tabla 2. Motivo de secuenciación no aleatoria por los casos de las últimas 6 semanas. Cataluña, 4 de enero - 21 de noviembre de 2021

MOTIU SEQÜENCIACIÓ NO ALEATÒRIA	set. 41		set. 42		set. 43		set. 44		set. 45		set. 46	
	CASO	%	CASO	%	CASO	%	CASO	%	CASO	%	CASO	%
Altres	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	4	4,2%	0	0,0%	6	3,8%
Antecedent de viatge a països endèmics	1	1,2%	4	3,3%	2	2,3%	2	2,1%	0	0,0%	2	1,3%
Brot	7	8,5%	14	#####	7	8,0%	25	#####	28	#####	9	5,7%
Cas greu (ingrés hospitalari)	0	0,0%	0	0,0%	1	1,1%	1	1,1%	3	1,9%	15	9,4%
Situació d'alta transmissibilitat o virulènc	0	0,0%	2	1,6%	0	0,0%	4	4,2%	1	0,6%	9	5,7%
Sospita reinfecció	4	4,9%	5	4,1%	2	2,3%	2	2,1%	12	7,7%	21	#####
Vacunat	70	#####	98	#####	76	#####	57	#####	112	#####	97	#####
TOTAL	**82**	**100%**	**123**	**20%**	**88**	**14%**	**95**	**40%**	**156**	**28%**	**159**	**39%**

Otros: 3 casos = vacunado + situación de alta transmisibilidad o virulencia; 1 caso = viaje (Londres), 6 casos = brote + fallo vacunal

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). Eso, junto con la mutación N501Y, puede afectar a la unión del virus a la célula. Esta variante desplazó al resto de variantes circulantes a 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**.

El 24 de noviembre de 2021, Sudáfrica notificó a la OMS una nueva variante del coronavirus SARS-CoV-2, la llamada **ómicron** (**B.1.1.529**). El 26 de noviembre de 2021, la OMS y el ECDC la incluyeron entre las variantes consideradas VOC. La variante ómicron presenta una gran cantidad de mutaciones en la proteína de la espícula (más de 30), muchas ya identificadas en las variantes alfa y delta, lo que parece que le confiera más capacidad de transmisión; no obstante, se están estudiando las características de esta variante. En Cataluña, del 29 de noviembre al 5 de diciembre se han notificado 5 casos.

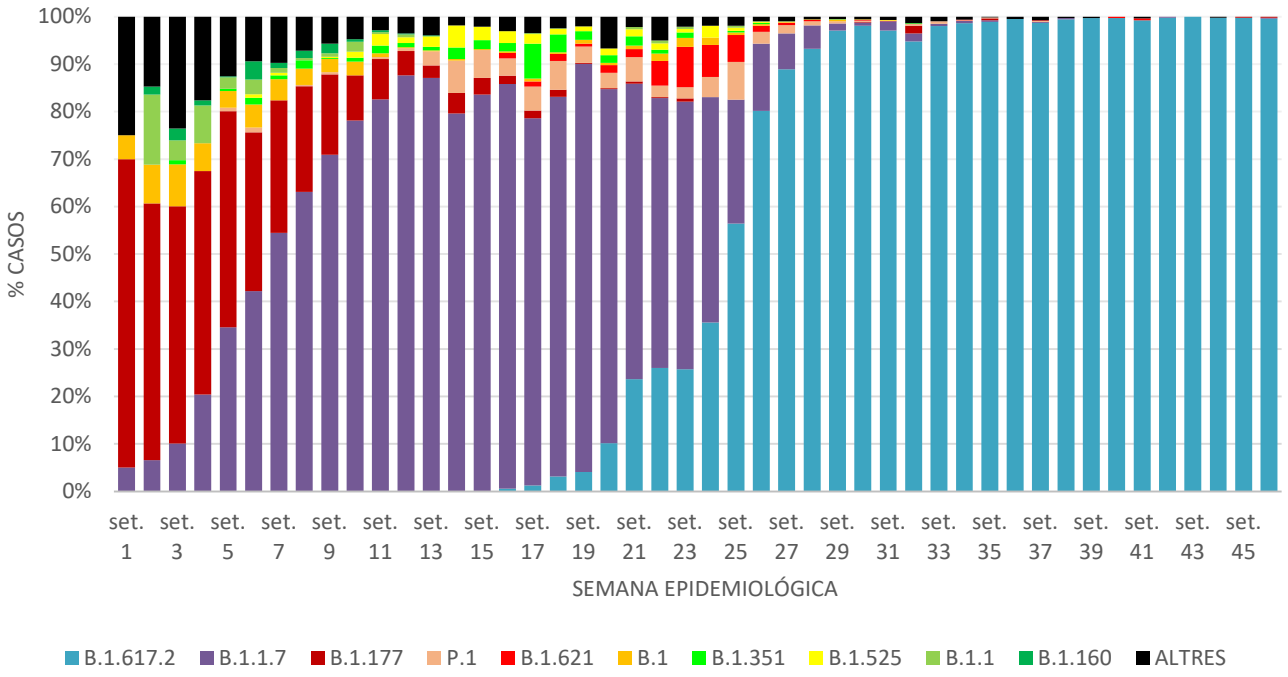
Del total de casos secuenciados desde el 4 de enero (21.896 casos), el 89,4% (n = 19.569) han sido VOC (alfa, beta, gamma o delta) y el 10,6% (n = 2.327) VOI.

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 41-46, se han notificado 2 casos.

Desde la semana 33 no se ha detectado ningún caso de variante beta. Respecto de la variante gamma, no se ha notificado ningún caso desde la semana 37.

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 448 casos notificados durante la semana 46 (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 - 21 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.

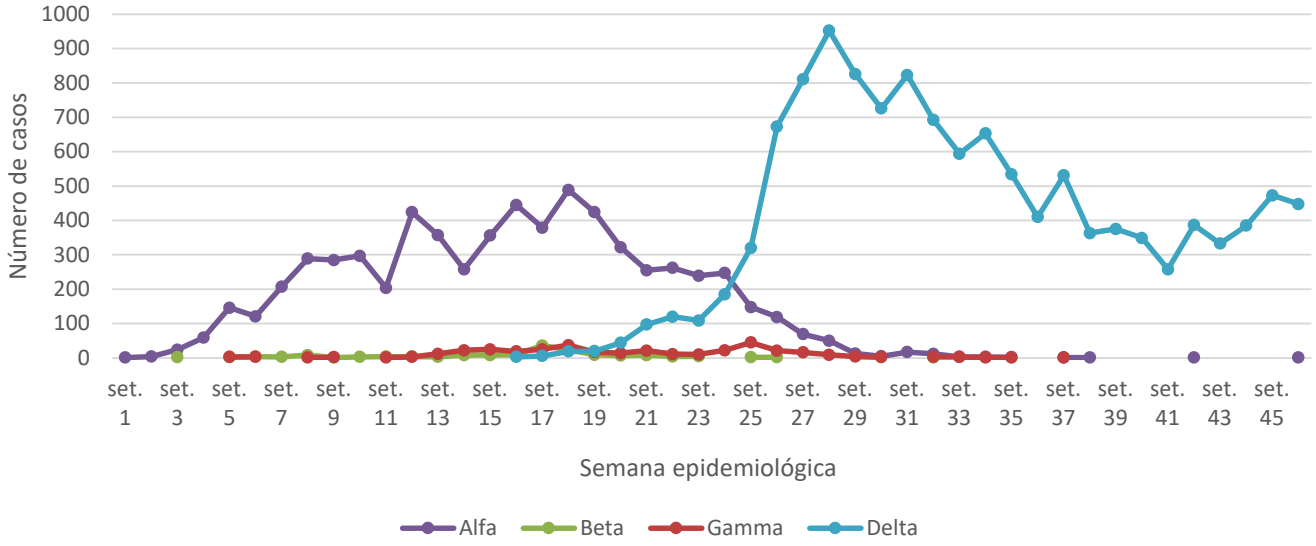
Durante las seis últimas semanas se han detectado entre 258-473 casos semanales de variante delta (tabla 3).

Tabla 3. Número de casos de SARS-CoV-2 según variantes durante las seis últimas semanas epidemiológicas. Cataluña, 4 de enero - 21 de noviembre de 2021

	B.1.617.2		B.1.1.7		B.1.177		B.1.1.318		B.1.640		B.1.621		
	CASOS	%	CASOS	%	CASOS	%	CASOS	%	CASOS	%	CASOS	%	TOTAL
set. 41	258	99,2%	0	###	0	###	1	###	0	###	1	###	**260**
set. 42	387	99,7%	1	###	0	###	0	###	0	###	0	###	**388**
set. 43	333	#####	0	###	0	###	0	###	0	###	0	###	**333**
set. 44	385	99,7%	0	###	0	###	0	###	1	###	0	###	**386**
set. 45	473	99,8%	0	###	1	###	0	###	0	###	0	###	**474**
set. 46	448	99,6%	1	###	1	###	0	###	0	###	0	###	**450**

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 - 21 de noviembre de 2021



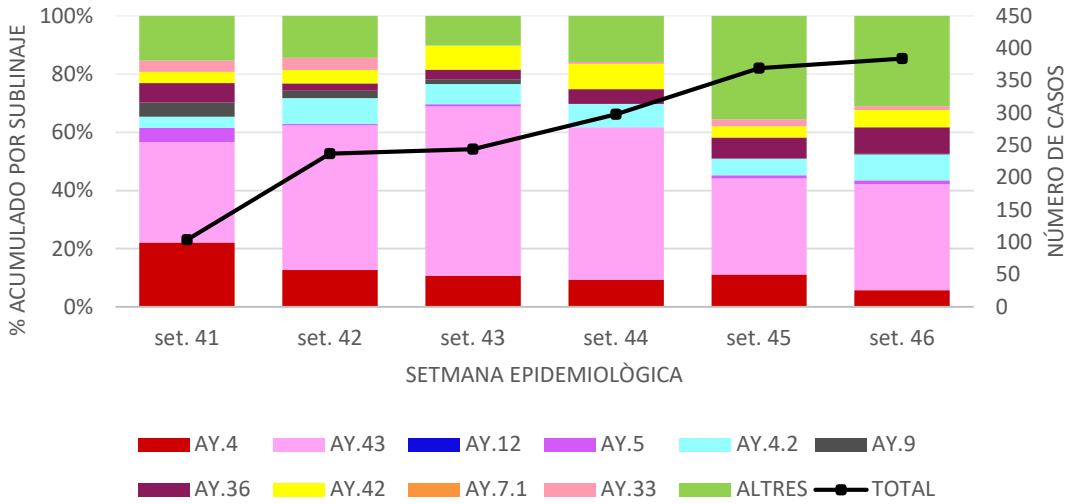
Fuente: Sistema de Notificación Microbiológica de Cataluña. Subdirección General de Vigilancia y Respuesta a Emergencias de Salud Pública. Secretaría de Salud Pública.

A partir de la semana 30 se empezó a detectar sublinajes de la variante delta; actualmente se han identificado más de 70 sublinajes diferentes a 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 - 21 de noviembre de 2021



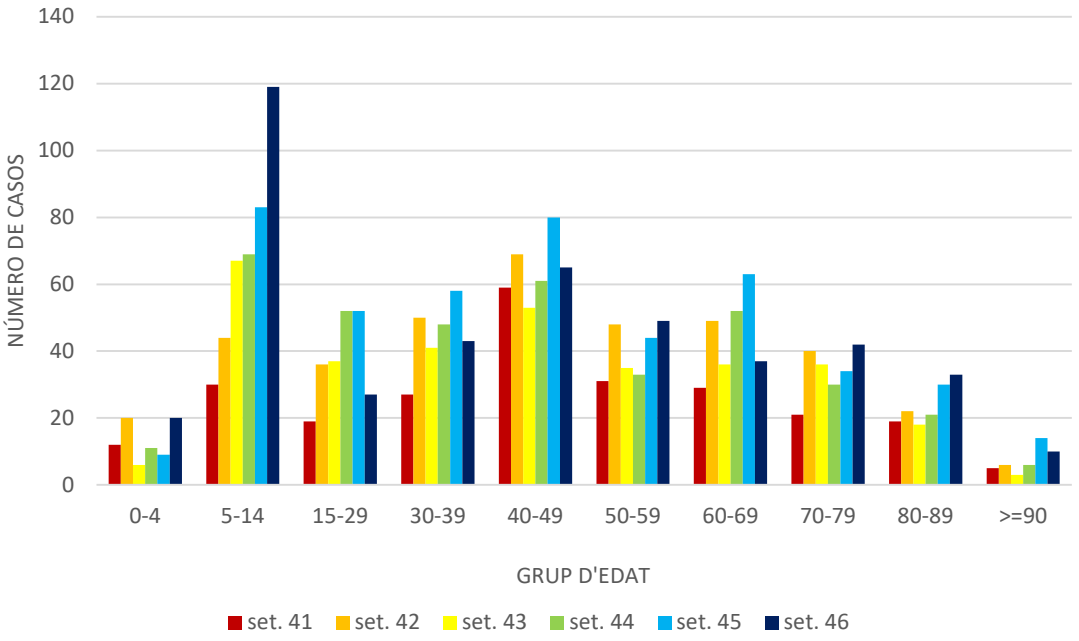
Fuente: Sistema de Notificación Microbiológica de Cataluña. Subdirección General de Vigilancia y Respuesta a Emergencias de Salud Pública. Secretaría de Salud Pública.

Durante la semana 46, se han identificado 384 casos de sublinajes delta, de los cuales el sublinaje AY.43 ha sido el más frecuente, con 140 casos (31,1%), seguido del AY.36 con 35 casos (7,8%) (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 (41-46) es del 50,8% - 55,6% en mujeres y del 44,4% - 49,2% en hombres.

Con respecto a los **grupos de edad**, se observa un gran aumento de los casos en el grupo de 5-14 años durante la semana 46 respecto de las semanas anteriores. (figura 6).

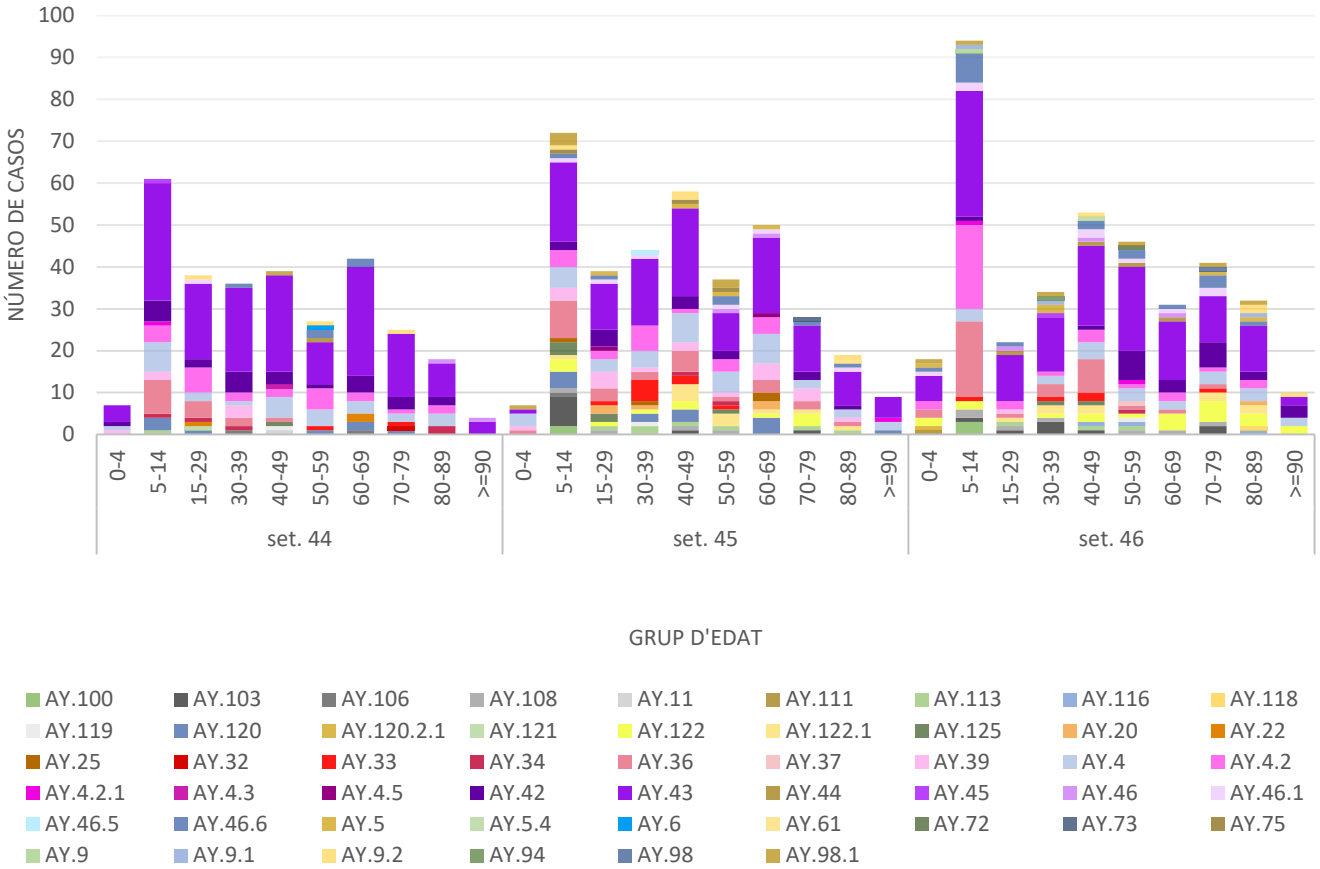
Figura 6. Número de casos de SARS-CoV-2 por delta y grupo de edad. Cataluña, 4 de enero - 21 de noviembre de 2021



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

Durante las últimas semanas, el sublinaje más frecuente ha sido AY.43 de forma generalizada. Destaca el grupo de edad de 5-14 años con el número más elevado de casos y sublinajes diferentes (figura 7).

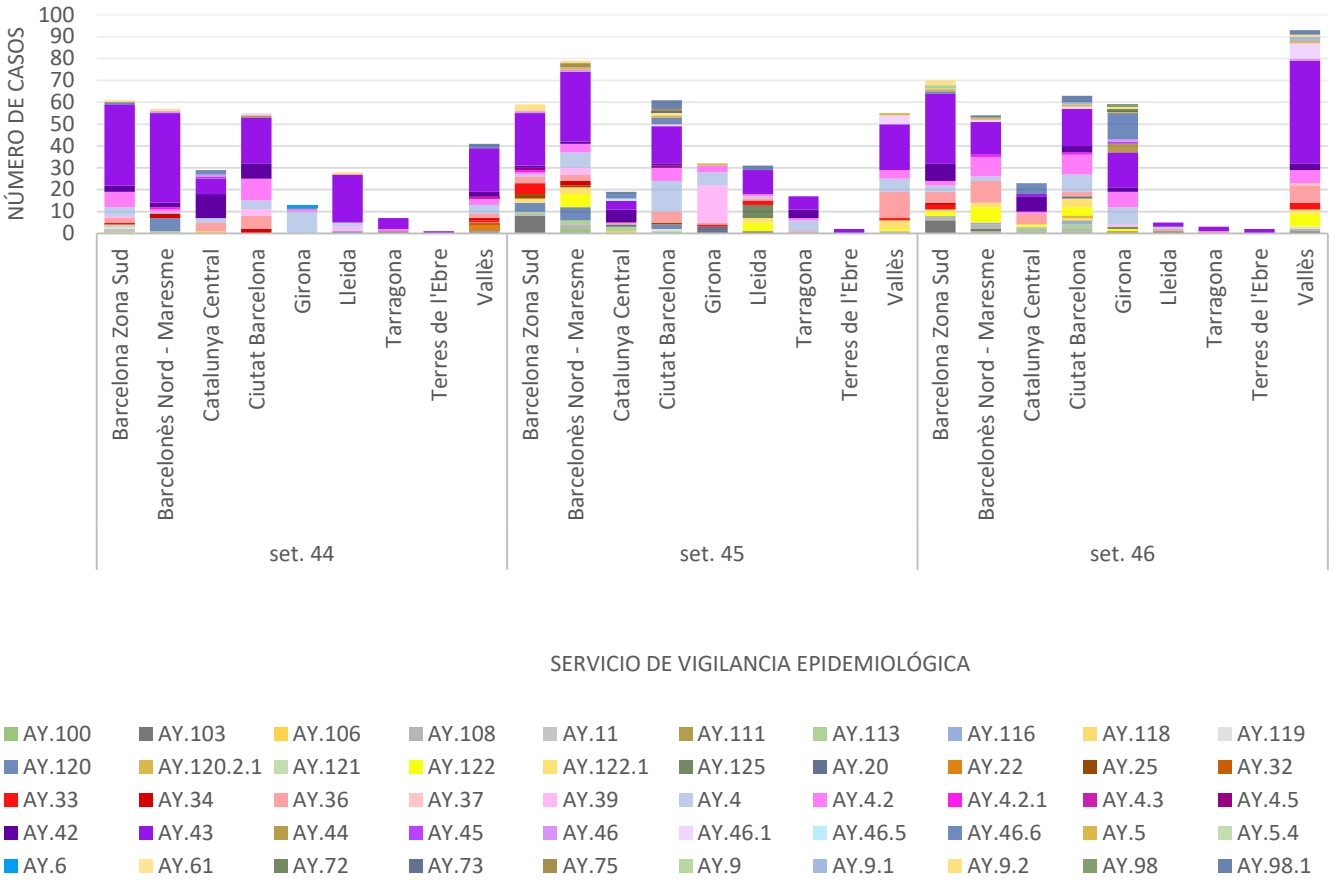
Figura 7. Número de casos de SARS-CoV-2 por sublinajes delta según grupo de edad y semana. Cataluña, 4 de enero - 21 de noviembre de 2021



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 46 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 - 21 de noviembre de 2021

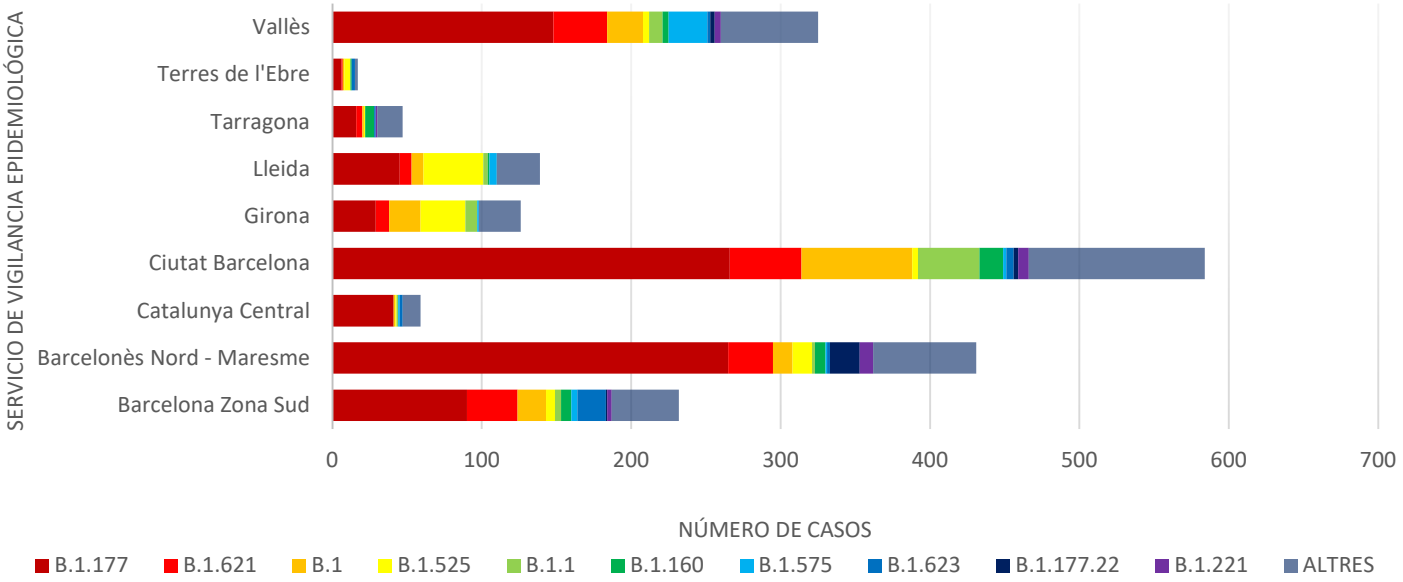


Fuente: Sistema de Notificación Microbiológica de Cataluña. Subdirección General de Vigilancia y Respuesta a Emergencias de Salud Pública. Secretaría de Salud Pública.

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 45,7% (1.038 casos), seguida del linaje B.1.621 (8,3%; 189 casos) y B.1 (8,1%; 183 casos). Por SVE, Barcelona concentra la mayoría de los casos de la B.1.177 y de B.1 (figura 9).

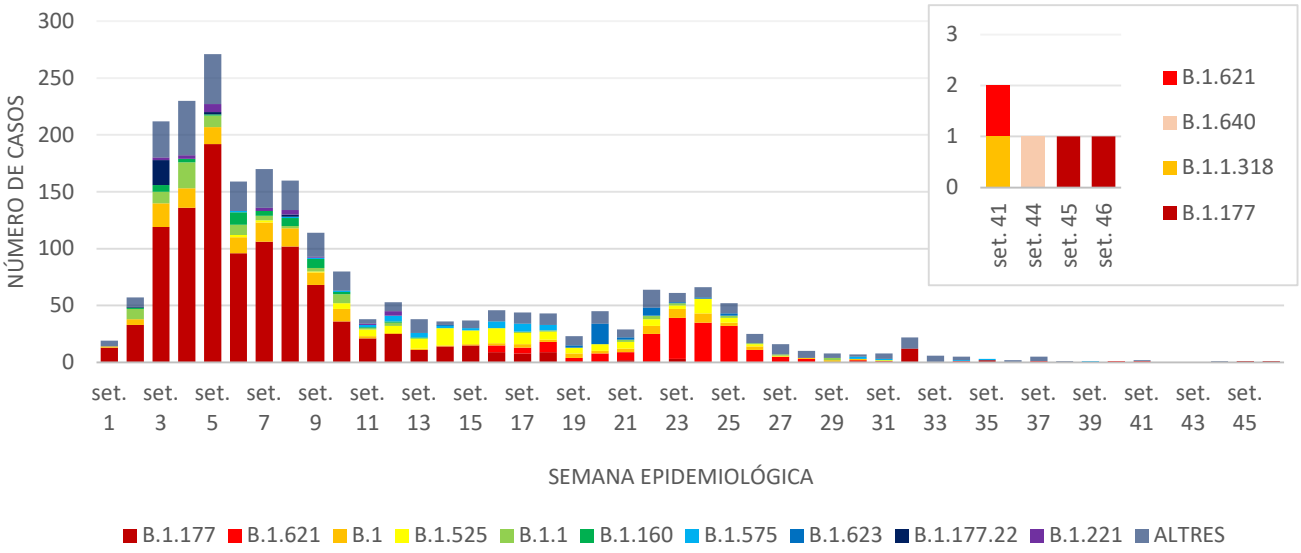
Figura 9. Número de casos de los 10 linajes de SARS-CoV-2 más frecuentes por SVE. Cataluña, 4 de enero - 21 de noviembre de 2021



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. La semana 41 se ha detectado 1 caso de la variante mu (figura 10).

Figura 10. Número de casos de los 10 linajes de SARS-CoV-2 más frecuentes por semanas. Cataluña, 4 de enero - 21 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 - 21 de noviembre de 2021

LINAJE	CASOS	% CASOS	LINAJE	CASOS	% CASOS
A	3	0,1%	B.1.177.7	6	0,3%
A.2	1	0,0%	B.1.177.72	1	0,0%
A.2.5	2	0,1%	B.1.177.74	2	0,1%
A.21	3	0,1%	B.1.177.75	2	0,1%
A.27	18	0,8%	B.1.177.76	2	0,1%
B	12	0,5%	B.1.177.81	4	0,2%
B.1	183	8,1%	B.1.177.84	1	0,0%
B.1.1	97	4,3%	B.1.177.86	1	0,0%
B.1.1.116	3	0,1%	B.1.221	25	1,1%
B.1.1.122	1	0,0%	B.1.221.1	1	0,0%
B.1.1.126	4	0,2%	B.1.23	1	0,0%
B.1.1.141	4	0,2%	B.1.234	1	0,0%
B.1.1.15	1	0,0%	B.1.235	2	0,1%
B.1.1.152	9	0,4%	B.1.258	11	0,5%
B.1.1.161	2	0,1%	B.1.280	2	0,1%
B.1.1.166	1	0,0%	B.1.351.2	2	0,1%
B.1.1.222	3	0,1%	B.1.351.3	4	0,2%
B.1.1.242	1	0,0%	B.1.36	4	0,2%
B.1.1.250	1	0,0%	B.1.36.24	1	0,0%

LINAJE	CASOS	% CASOS	LINAJE	CASOS	% CASOS
B.1.1.26	1	0,0%	B.1.36.31	5	0,2%
B.1.1.269	7	0,3%	B.1.361	2	0,1%
B.1.1.28	12	0,5%	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	135	5,9%
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	1,9%
B.1.1.74	8	0,4%	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	8,3%
B.1.170	1	0,0%	B.1.621.1	15	0,7%
B.1.177	1.038	45,7%	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	0,4%
B.1.177.4	1	0,0%	P.1.7	22	1,0%
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%
B.1.177.53	3	0,1%	**TOTAL**	**2.272**	**100,0%**
B.1.177.62	2	0,1%			

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 y 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

CRIBADO DE LA VARIANTE ÓMICRON

Althaia (Red Asistencial Universitaria de Manresa)

CATLAB

Hospital Clínico

Hospital Universitario San Juan de Dios

Teletest

Synlab

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

Principales variantes de preocupación (VOC) para la salud pública

VARIANTE	Mutaciones de interés	País detectado por primera vez	Año y mes del primer caso detectado	Evidencia impacto en la transmisibilidad	Evidencia impacto en la inmunidad	Evidencia impacto de la gravedad	Transmisión en UE / EEE
B.1.1.7 (alfa)	del 69-70, N501Y, D614G, P681H, Y144 del, A540D	Reino Unido	Septiembre 2020	Sí	No	Sí	Circulación drásticamente reducida a UE/EEE a causa de la aparición de la variante delta
B.1.351 (beta)	K417N, E484K, N501Y, D614G, A701V	Sudáfrica	Septiembre 2020	Sí	Sí	Sí	Comunitaria
P.1 (gamma)	K417T, E484K, N501Y, D614G, H655Y	Brasil	Diciembre 2020	Sí	Sí	Sí	Comunitaria
B.1.617.2 (delta) y linajes AY	L452R, T478K, D614G, P681R	India	Diciembre 2020	Sí	Sí	Sí	Dominante
B.1.1.529 (ómicron)	*	Sudáfrica y Botsuana	Noviembre 2021		Sí		Comunitaria

*A67V, Δ69-70, T95I, G142D, Δ143-145, Δ211, ins214EPE, G339D, S371L, S373P, S375F, K417N, N440K, G446S, S477N, T478K, E484A, Q493R, G496S, Q498R, N501Y, Y505H, T547K, D614G, H655Y, N679K, P681H, N764K, D796Y, N856K, Q954H, N969K, L981F

Variantes de interés (VOI)

VARIANTE	Mutaciones de interés	País detectado por primera vez	Año y mes del primer caso detectado	Evidencia impacto en la transmisibilidad	Evidencia impacto en la inmunidad	Transmisión en UE/EEE
C.37 (lambda)	L452Q, G75V, T76I, F490S, D614G, T859N	Perú	Diciembre 2020		Sí	Esporádico/Viaje
B.1.621 (mu)	R346K, E484K, N501Y, D614G, P681H	Colombia	Enero 2021	Sí	Sí	Esporádico/Viaje

Tabla basada en: ECDC variantes de preocupación. Fecha: 13 diciembre 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.