

INFORME DE VIGILANCIA DE LAS VARIANTES GENÓMICAS DEL CORONAVIRUS SARS-CoV-2 EN CATALUÑA. Semana 2 - 2022 (10 de enero - 16 de enero de 2022)

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 ómicron ha sido del 89,7% (5.447 casos) la semana 2 y del 83,0% (3.949 casos) la semana 1. La variante delta ha representado el 7,5% (85 casos) la semana 2 y el 9,8% (106 casos) la semana 1.

Secuenciación

Durante la **semana 52**, se han secuenciado **623 casos**, lo que representa el **2,4%** del total de casos de coronavirus SARS-CoV-2 con PCR positiva. El **83,0% de los casos han sido de la variante ómicron y el 17,0%** de los casos de la variante **delta**.

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

Ómicron (BA.1, BA.2 y BA.3)

- El primer caso en Cataluña se notificó durante la semana 47.
- Durante las semanas 47-52 se han notificado 1.297 casos.
- El grupo de edad con más frecuencia ha sido el de 15-29 años (25,8%), seguido del de 30-39 años (17,9%).

Delta (B.1.617.2)

- Desde el primer caso notificado en Cataluña (16 de abril de 2021), la presencia de esta variante ha ido aumentando de forma importante hasta la semana 51, donde ha sido desplazada por la variante ómicron.
- Durante las semanas 47-52, el grupo de edad con más frecuencia de afectación ha sido el de 5-14 años (18,0%).
- De los 104 casos de la variante delta que se han diferenciado en sublinajes la semana 52 (98,1%), el AY.43 ha sido el más frecuente (23,1%), seguido del AY.4 (10,6%).

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

- **Alfa:** la variante alfa fue la variante mayoritaria desde principios del año 2021, hasta la semana 25, que fue desplazada por la variante delta. Durante las semanas 47-52, no se ha notificado ningún 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). El último caso se notificó durante la semana 43.

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

- Durante las semanas 47-52, se ha notificado 1 caso del linaje B.1.621 (mu).

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 (BA.1, BA.2 y BA.3) (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 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**, el porcentaje de casos compatibles con la variante ómicron ha sido del 89,7% (5.447 casos, 13 centros declarantes) la semana 2 (10-16 enero 2022) y del 83,0% (3.949 casos, 13 centros) la semana 1 (3-9 enero 2022), respecto del número total de PCR positivas realizadas con una PCR capaz de detectar esta variante. Los casos compatibles con la variante han sido del 7,5% (85 casos, 6 centros) la semana 2 y del 9,8% (106 casos, 6 centros) la semana 1.

Desde el 4 de enero hasta el 2 de enero de 2021 (semana 52) 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.

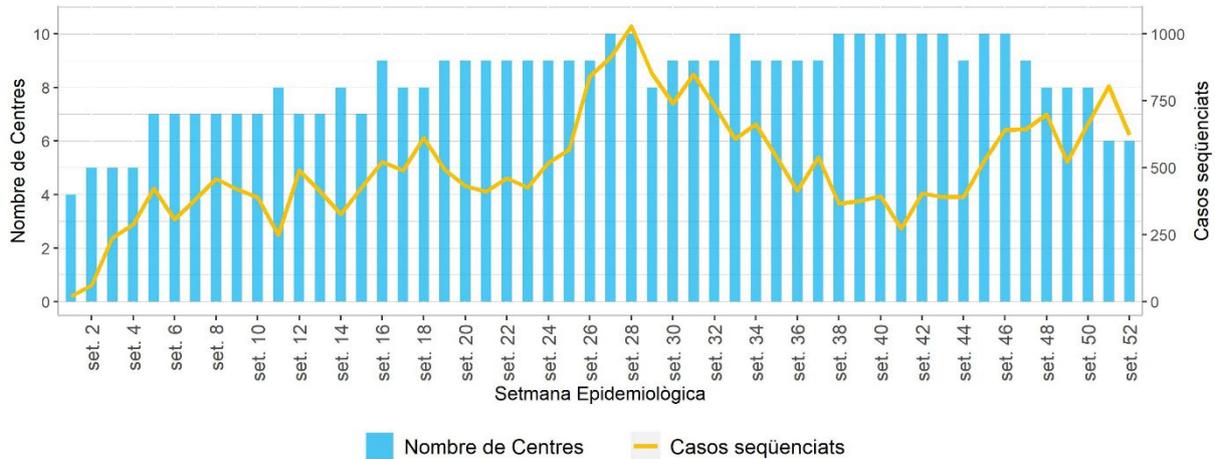
Las variables epidemiológicas analizadas han sido las siguientes: edad, sexo, semana de diagnóstico y servicio de vigilancia epidemiológica (SVE).

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 26.239 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 52, con 623 casos secuenciados, son provisionales, dado que hay centros que los notifican con retraso.

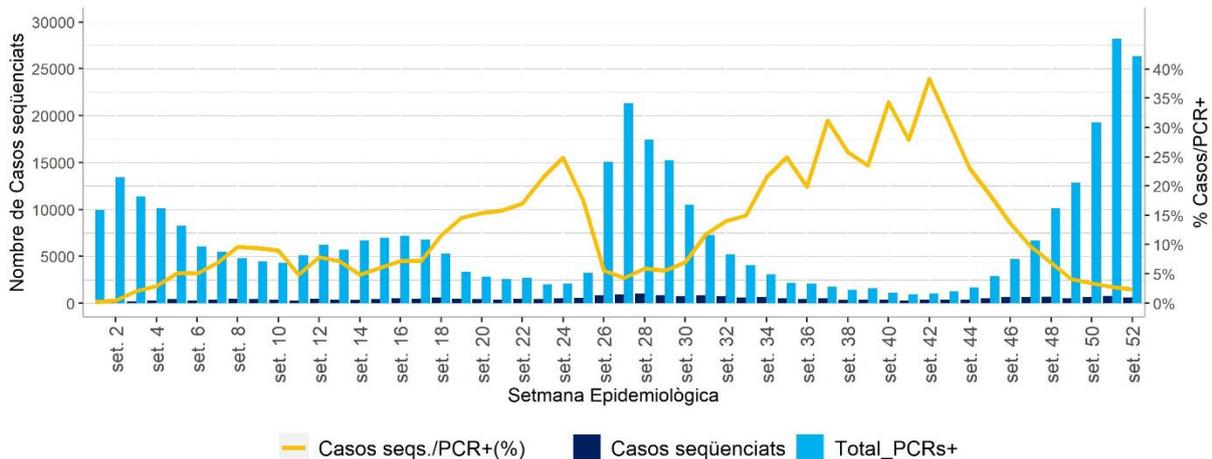
Figura 1. Número de casos de SARS-CoV-2 secuenciados por número de centros declarantes. Cataluña, 4 de enero 2021- 2 de enero de 2022



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 50 (13 - 19 de diciembre), 51 (20 - 26 de diciembre) y 52 (27 de diciembre - 2 de enero) se ha realizado la secuenciación completa de los casos de SARS-CoV-2 positivos por PCR en 665 muestras (3,4%), 804 muestras (2,8%) y 623 muestras (2,4%) 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 2021 - 2 de enero de 2022



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 diciembre, el SVE con más porcentaje de secuenciación con respecto a casos de SARS-CoV-2 con PCR positiva han sido Barcelona Ciutat (4,8%) y el Barcelonès Nord-Maresme (4,8%), seguido de Girona (4,6%) (tabla 1).



Tabla 1. Número de casos de SARS-CoV-2 secuenciados y porcentaje por SVE y mes de diagnóstico. Cataluña, 4 de enero 2021 - 2 de enero de 2022

	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	35	0,4%	134	2,3%	0	0%	208	2,2%	5	0,2%	0	0%	12	0,3%	0	0%	91	1%
Febrer	232	5,5%	439	11,8%	63	2,7%	399	8,7%	60	3,1%	46	2,6%	10	1%	3	1,5%	231	4,9%
Març	184	5,4%	362	14,3%	140	5,2%	466	10,5%	89	4,2%	100	4,7%	20	2%	7	7,7%	356	7%
Abril	278	6,9%	261	11,3%	186	6,3%	397	8%	115	3,3%	79	2,9%	18	1,1%	14	4,2%	413	6,2%
Maig	288	12,5%	414	31,8%	153	11,2%	314	12,1%	183	8,4%	55	6,3%	37	3,2%	9	4,6%	467	15,1%
Juny	237	8,8%	525	25,7%	139	17,7%	457	10,4%	232	23%	73	16,2%	41	4,2%	19	9,9%	479	12,4%
Juliol	336	2,6%	951	11,5%	203	7,5%	1,213	5,9%	264	5,6%	35	1,2%	85	1,9%	15	2,5%	547	3,8%
Agost	384	10%	834	30,5%	184	13%	550	13%	441	20,2%	23	2,2%	167	12,6%	12	3,9%	307	8,3%
Setembre	256	24,4%	355	48,8%	99	9,7%	255	18,9%	304	32,7%	43	7,7%	117	23,9%	9	4%	356	28%
Octubre	239	37,3%	227	56%	112	23,2%	265	37,8%	229	33,7%	139	26,6%	54	14,2%	7	2,7%	249	32,5%
Novembre	349	11,6%	471	25,6%	115	6,5%	374	11,6%	316	13%	162	10,1%	58	5,5%	6	1,3%	498	14,1%
Desembre	340	2,9%	462	4,8%	133	2,3%	945	4,8%	350	4,6%	3	0,1%	183	4,2%	34	2,5%	446	1,8%

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 que ha sido notificado el tipo de secuenciación (23.625 casos), el 69,2% ha sido aleatorio y el 30,8% no aleatorio. De estos últimos, el motivo de secuenciación no aleatorio más frecuente ha sido “vacunación”, con 4.934 casos (67,7%).

Durante las semanas 47-52, el motivo de secuenciación no aleatorio más frecuente ha sido “vacunación” (28,1%-85,3%), seguido de “brote” (4,1%-24,2%) (tabla 2).

Tabla 2. Motivo de secuenciación no aleatoria por los casos de las últimas seis semanas. Cataluña, 4 de enero 2021 - 2 de enero de 2022

	set. 47		set. 48		set. 49		set. 50		set. 51		set. 52	
	Casos	%	Casos	%								
Altres	0	0%	0	0%	1	0,8%	10	6%	7	4,8%	19	38,8%
Antecedent de viatge a països endèmics	0	0%	8	3,6%	2	1,6%	3	1,8%	1	0,7%	0	0%
Brot	21	9,7%	27	12,3%	30	24,2%	12	7,2%	19	13%	2	4,1%
Cas greu (ingrés hospitalari)	1	0,5%	1	0,5%	3	2,4%	4	2,4%	7	4,8%	0	0%
Situació d'alta transmissibilitat o virulència	0	0%	1	0,5%	1	0,8%	1	0,6%	0	0%	0	0%
Sospita reinfecció	10	4,6%	4	1,8%	8	6,5%	17	10,2%	19	13%	6	12,2%
Vacunat	185	85,3%	179	81,4%	76	61,3%	92	55,4%	41	28,1%	21	42,9%
Víncle epidemiològic on hi ha una nova variant	0	0%	0	0%	3	2,4%	27	16,3%	52	35,6%	1	2%
Total	217	100%	220	100%	124	100%	166	100%	146	100%	49	100%

Otros: 2 casos = paciente atípico; 1 caso = brote + Fallo vacunal; 9 casos = sospecha ómicron; 25 casos = reinfección + postvacunal

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 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 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 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.

El **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**, que engloba los linajes **BA.1** (mayoritario), **BA.2** y **BA.3**. El 26 de noviembre de 2021, la OMS y el ECDC la incluyeron entre las variantes consideradas VOC. Esta variante presenta una gran cantidad de mutaciones en la proteína de la espícula (más de 30), muchas ya identificadas en las variantes alfa y delta. En Cataluña, el 28 de noviembre de 2021 se notificó el primer caso de esta variante.

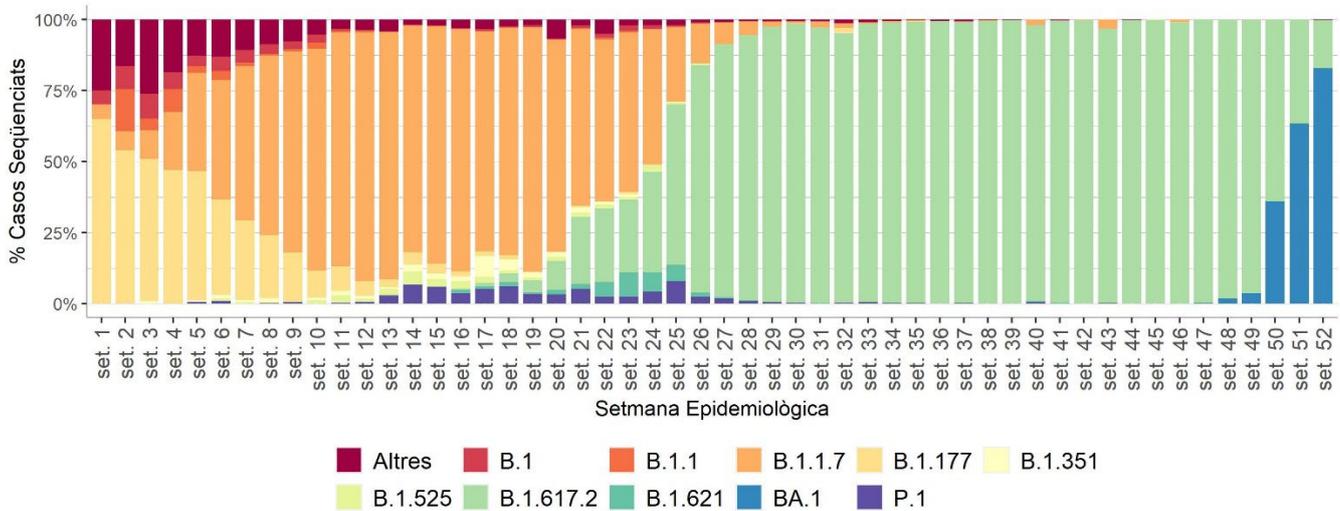
Del total de casos secuenciados desde el 4 de enero (26.239 casos), el 91,1% (n = 23.910) han sido VOC (alfa, beta, gamma, delta u ómicron) y el 8,9% (n = 2.329) VOI.

La variante alfa ha sido la más frecuente hasta la semana 24 (6.550 casos). Al inicio del 2021 se observó un aumento progresivo de los casos, con un pico máximo la semana 18 (490 casos), y la semana 20 fueron disminuyendo de forma importante (figuras 3 y 4). En contrapartida, los casos de la variante B.1.177, más presente al inicio de 2021, fueron disminuyendo a lo largo de las semanas. Durante las semanas 47-52, no se ha notificado ningún caso de variante alfa.

No se ha detectado ningún caso de variante beta ni de variante gamma desde la semana 33 y 37, respectivamente.

Los primeros casos de la variante delta se detectaron durante la semana 16 (3 casos). Desde entonces ha presentado un crecimiento notable. Superó la variante alfa la semana 25 y ha sido la variante predominante en todo el territorio hasta la semana 50. En la semana 51 (295 casos) ha sido desplazada por la variante ómicron (509 casos). Esta variante fue detectada por primera vez la semana 47 y desde entonces ha presentado un incremento exponencial (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 2021 - 2 de enero de 2022



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

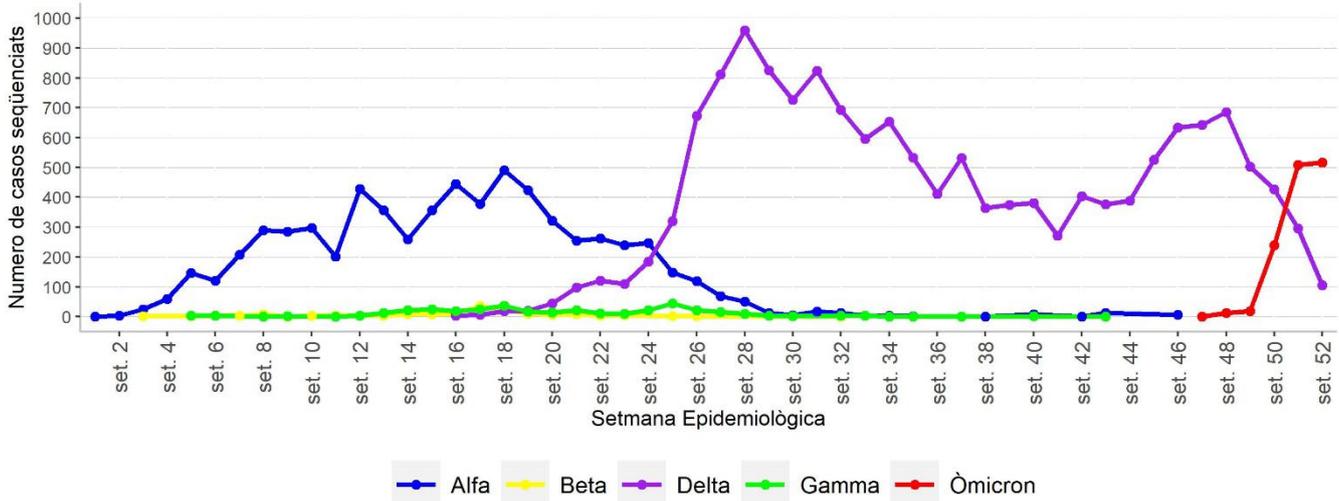
Durante las semanas 47-50 la variante delta se ha mantenido estable, pero con la aparición de la variante ómicron se ha visto desplazada muy rápidamente (semanas 51 y 52) (tabla 3, figura 4).

Tabla 3. Número de casos de SARS-CoV-2 según variantes durante las seis últimas semanas epidemiológicas. Cataluña, 4 de enero 2021 - 2 de enero de 2022

	B.1.617.2		BA.1		B.1.621		BA.2		Total
	Casos	%	Casos	%	Casos	%	Casos	%	
set. 47	642	99,7%	1	0,2%	1	0,2%	0	0%	644
set. 48	685	98,1%	13	1,9%	0	0%	0	0%	698
set. 49	502	96,4%	19	3,6%	0	0%	0	0%	521
set. 50	426	64,1%	239	35,9%	0	0%	0	0%	665
set. 51	295	36,7%	509	63,3%	0	0%	0	0%	804
set. 52	106	17%	516	82,8%	0	0%	1	0,2%	623

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 según VOC y semana. Cataluña, 4 de enero 2021 - 2 de enero de 2022



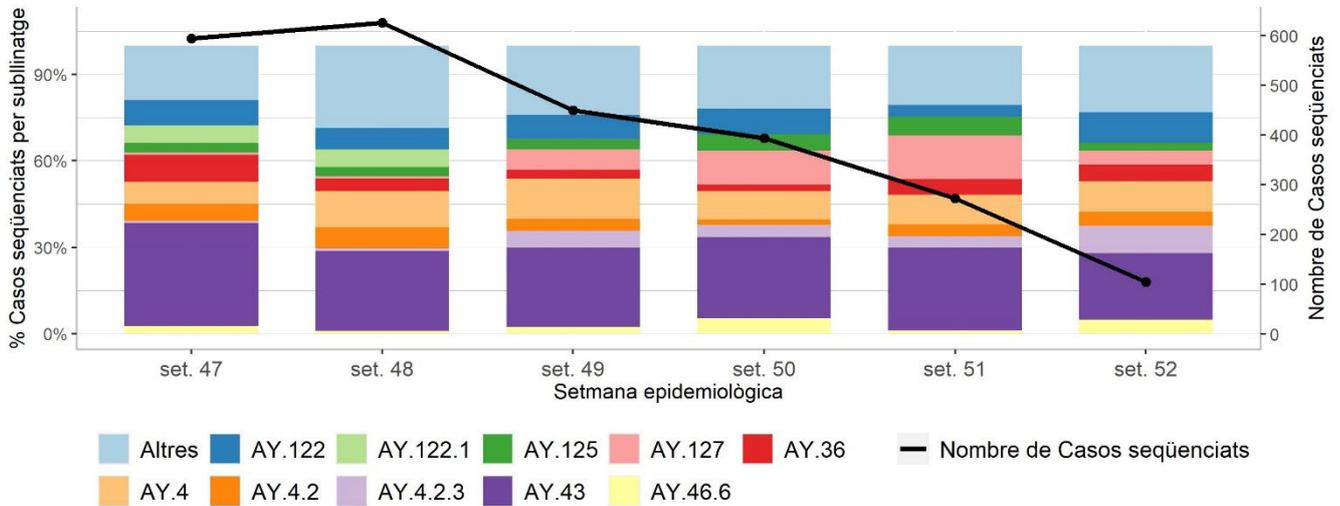
Fuente: Sistema de Notificación Microbiológica de Cataluña. Subdirección General de Vigilancia y Respuesta a Emergencias de Salud Pública. Secretaría de Salud Pública.

A partir de la semana 30 se empezaron a detectar **sublinajes de la variante delta**; actualmente se han identificado más de 90 sublinajes diferentes en Cataluña.

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

Durante la semana 52, se han identificado 104 casos de sublinajes delta, de los cuales el AY.43 ha sido el más frecuente, con 24 casos (23,1%), seguido del AY.4, con 11 casos (10,6%) (figura 5).

Figura 5. Porcentaje de los casos de los 10 sublinajes de delta más frecuentes por semana. Cataluña, 4 de enero 2021 - 2 de enero de 2022

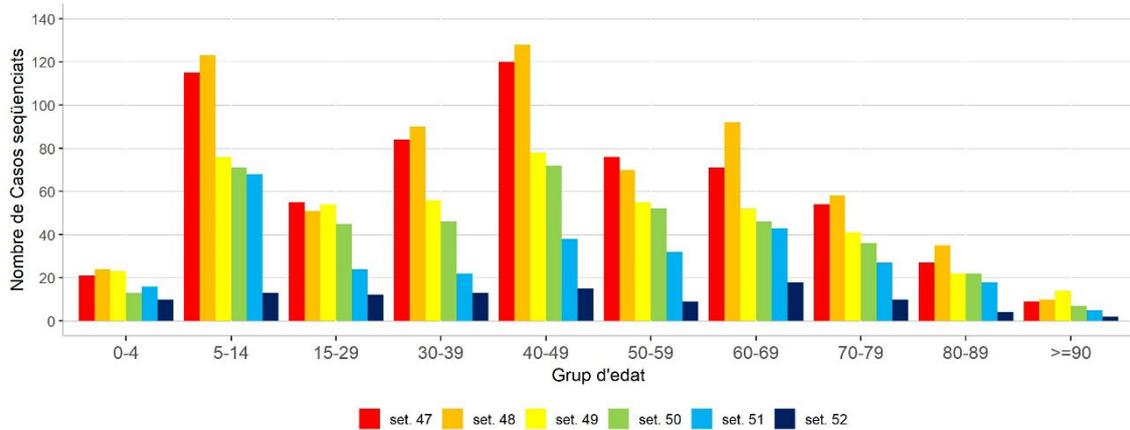


Fuente: Sistema de Notificación Microbiológica de Cataluña. Subdirección General de Vigilancia y Respuesta a Emergencias de Salud Pública. Secretaría de Salud Pública.

En el análisis en **función del sexo** de la variante **delta** no se encuentra mucha diferencia entre hombres y mujeres, donde el rango del porcentaje de casos las últimas seis semanas (47-52) es del 47,5% - 55,2% en mujeres y del 44,8% - 52,5% en hombres.

Con respecto a los **grupos de edad** de casos de esta variante, de las últimas seis semanas, el grupo de 5-14 años ha sido el más numeroso (18,0%). La semana 52, el grupo mayoritario ha sido el de 60-69 años, con 18 casos (17,0%), seguido del grupo de 40-49 años, con 15 casos (14,2%) (figura 6).

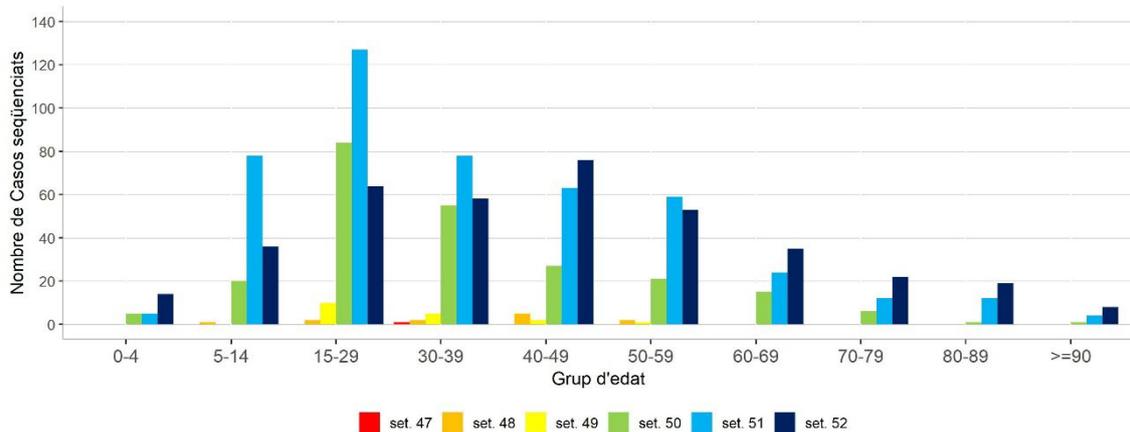
Figura 6. Número de casos de SARS-CoV-2 por delta y grupo de edad. Cataluña, 4 de enero 2021- 2 de enero de 2022



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

En el caso de la **variante ómicron y grupos de edad**, el 25,8% del total de casos notificados las semanas 47-52 pertenecen al grupo de 15-29 años, seguido del 17,9% del grupo de 30-39 años (figura 7).

Figura 7. Número de casos de SARS-CoV-2 por ómicron y grupo de edad. Cataluña, 4 de enero 2021 - 2 de enero de 2022



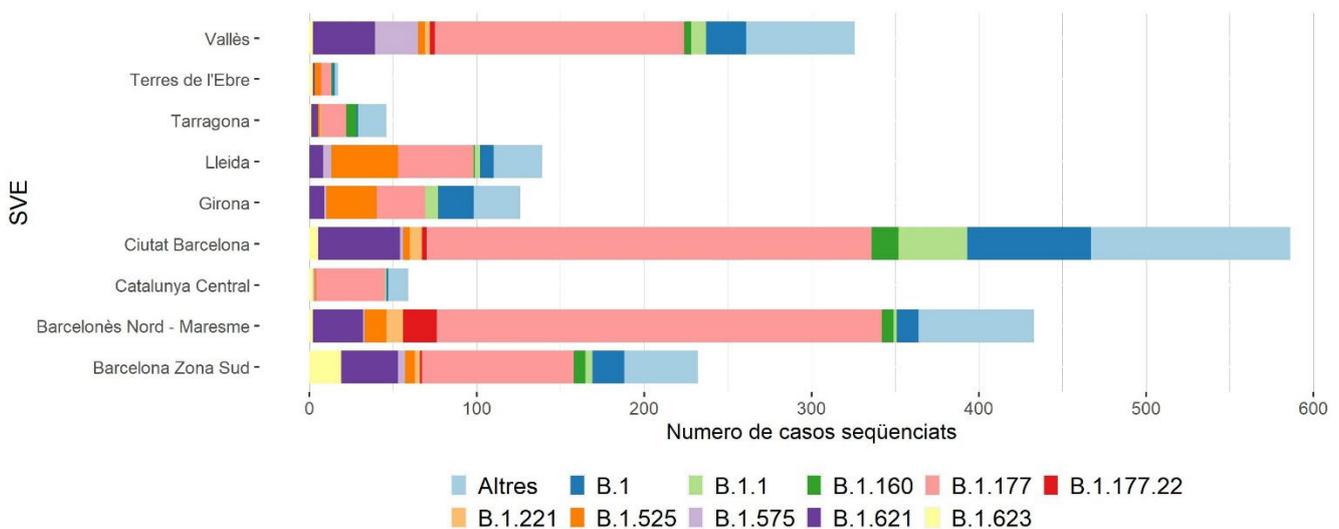
Fuente: Sistema de Notificación Microbiológica de Cataluña. Subdirección General de Vigilancia y Respuesta a Emergencias de Salud Pública. Secretaría de Salud Pública.

El 37,9% de los casos de esta variante corresponden a la SVE de Barcelona Ciutat, seguido del 11,7% del Vallès.

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 45,6% (1.038 casos), seguido del linaje B.1.621 (8,4%; 191 casos) y B.1 (8,0%; 183 casos). Por SVE, Barcelona concentra la mayoría de los casos de la B.1.177 y de B.1 (figura 8).

Figura 8. Número de casos de los 10 linajes de SARS-CoV-2 más frecuentes por SVE. Cataluña, 4 de enero 2021- 2 de enero de 2022



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. Entre las semanas 47-52 se ha detectado 1 caso de la variante mu.



VOI y otros linajes circulantes

*Tabla 4. VOI y otras variantes circulantes.
 Cataluña, 4 de enero 2021 - 2 de enero de 2022*

LLINATGE	CASOS	%CASOS	LLINATGE	CASOS	%CASOS
A	3	0,13%	B.1.177.62	2	0,09%
A.2	1	0,04%	B.1.177.7	6	0,26%
A.2.5	2	0,09%	B.1.177.72	1	0,04%
A.21	3	0,13%	B.1.177.74	2	0,09%
A.27	18	0,79%	B.1.177.75	2	0,09%
B	12	0,53%	B.1.177.76	2	0,09%
B.1	183	8,05%	B.1.177.81	4	0,18%
B.1.1	97	4,27%	B.1.177.84	1	0,04%
B.1.1.116	3	0,13%	B.1.177.86	1	0,04%
B.1.1.122	1	0,04%	B.1.221	25	1,1%
B.1.1.126	4	0,18%	B.1.221.1	1	0,04%
B.1.1.141	4	0,18%	B.1.23	1	0,04%
B.1.1.15	1	0,04%	B.1.234	1	0,04%
B.1.1.152	9	0,4%	B.1.235	2	0,09%
B.1.1.161	2	0,09%	B.1.258	11	0,48%
B.1.1.166	1	0,04%	B.1.280	2	0,09%
B.1.1.222	3	0,13%	B.1.351.2	2	0,09%
B.1.1.242	1	0,04%	B.1.351.3	4	0,18%
B.1.1.250	1	0,04%	B.1.36	4	0,18%
B.1.1.26	1	0,04%	B.1.36.24	1	0,04%
B.1.1.269	7	0,31%	B.1.36.31	5	0,22%
B.1.1.28	12	0,53%	B.1.361	2	0,09%
B.1.1.285	4	0,18%	B.1.378	1	0,04%
B.1.1.29	4	0,18%	B.1.393	2	0,09%
B.1.1.296	1	0,04%	B.1.416	3	0,13%
B.1.1.316	2	0,09%	B.1.416.1	16	0,7%
B.1.1.318	4	0,18%	B.1.427	3	0,13%
B.1.1.348	2	0,09%	B.1.441	2	0,09%
B.1.1.388	1	0,04%	B.1.466.2	1	0,04%



B.1.1.397	4	0,18%	B.1.469	2	0,09%
B.1.1.409	5	0,22%	B.1.525	135	5,94%
B.1.1.420	9	0,4%	B.1.526	11	0,48%
B.1.1.44	1	0,04%	B.1.530	1	0,04%
B.1.1.487	7	0,31%	B.1.551	2	0,09%
B.1.1.519	6	0,26%	B.1.5575.1	1	0,04%
B.1.1.523	6	0,26%	B.1.561	1	0,04%
B.1.1.64	1	0,04%	B.1.566	1	0,04%
B.1.1.74	8	0,35%	B.1.575	43	1,89%
B.1.111	4	0,18%	B.1.575.1	11	0,48%
B.1.153	4	0,18%	B.1.596	1	0,04%
B.1.160	46	2,02%	B.1.617.1	4	0,18%
B.1.166	1	0,04%	B.1.620	6	0,26%
B.1.170	1	0,04%	B.1.621	191	8,4%
B.1.177	1,038	45,65%	B.1.621.1	15	0,66%
B.1.177.10	2	0,09%	B.1.623	34	1,5%
B.1.177.12	1	0,04%	B.1.640	1	0,04%
B.1.177.14	3	0,13%	B.1.717.2	10	0,44%
B.1.177.15	21	0,92%	B.31	1	0,04%
B.1.177.21	1	0,04%	B.60	1	0,04%
B.1.177.22	27	1,19%	C.36	3	0,13%
B.1.177.29	3	0,13%	C.37	13	0,57%
B.1.177.31	6	0,26%	N.5	1	0,04%
B.1.177.32	23	1,01%	P.1.1	2	0,09%
B.1.177.4	1	0,04%	P.1.2	8	0,35%
B.1.177.43	14	0,62%	P.1.7	22	0,97%
B.1.177.44	1	0,04%	P.2	2	0,09%
B.1.177.50	4	0,18%	P.4	1	0,04%
B.1.177.53	3	0,13%	R.1	2	0,09%
			Total	2,274	100%

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 U ÓMICRON

Banco de Sangre y Tejidos

Hospital Clínico

Hospital Joan XXIII

Hospital Universitario Arnau de Vilanova de Lleida

Hospital Universitario de Bellvitge

Hospital Universitario Vall d'Hebron

Laboratorio de Referencia de Cataluña

Althaia (Red Asistencial Universitaria de Manresa)

CATLAB

Hospital Universitario Sant Joan de Dios

Laboratorio Echevarne

Laboratorio Cerba Internacional

Synlab

Teletest



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)	*	Sur-África 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	Esporádica/V iaje
B.1.621 (mu)	R346K, E484K, N501Y, D614G, P681H	Colombia	Enero 2021	Sí	Sí	Esporádica/V iaje

Tabla basada en: [ECDC Variantes de preocupación](#). Fecha: 13 diciembre 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.