

## INFORME DE VIGILANCIA DE LAS VARIANTES GENÓMICAS DEL CORONAVIRUS SARS-CoV-2. CASOS NOTIFICADOS EN EL SISTEMA DE NOTIFICACIÓN MICROBIOLÓGICA DE CATALUÑA (SNMC), Cataluña 15/04/2021

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 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, interesa controlar el número de mutaciones y ver a qué gen en concreto afectan.

La vigilancia de las variantes del SARS-CoV-2 tiene interés para la salud pública, ya que estas pueden tener una mayor transmisibilidad, ser más virulentas y ocasionar que la enfermedad sea más grave o que tenga más mortalidad, o también pueden escapar a efectos 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, *variantes of concern*) y las variantes de interés (VOI, *variantes of interest*).

Una variante de SARS-CoV-2 es una **VOI** si tiene un genoma con mutaciones que conducen a cambios de aminoácido asociados a sospechas de implicaciones fenotípicas (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 transmisión comunitaria / múltiples casos o se ha detectado en varios países.

Una variante de interés (VOI) de 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 son: B.1.1.7 (británica), B.1.351 (sudafricana) y P.1 (brasileña).

Para saber la prevalencia de las nuevas variantes en Cataluña se realiza una vigilancia de muestras aleatorias y una vigilancia dirigida a aquellas situaciones relevantes para la salud pública que ayuden a entender el contexto de los casos que tienen más transmisibilidad, fallos vacunales, brotes, etc. En este sentido, la Sub-dirección General de Vigilancia Epidemiológica ha coordinado la vigilancia de las variantes de SARS-CoV-2 con los laboratorios que realizan 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 siguientes: Hospital Vall d'Hebron, Hospital Clínic de Barcelona, Hospital Germans Trias i Pujol, Hospital de Bellvitge, Laboratorio de Referencia de Cataluña y Banco de Sangre y Tejidos. Los casos de nuevas variantes se han notificado al Sistema de Notificación Microbiológica de Cataluña (SNMC). Para más información del procedimiento, se puede consultar el protocolo disponible en: <https://canalsalut.gencat.cat/web/.content/A-Z/C/coronavirus-2019-ncov/material-divulgatiu/protocol-vigilancia-secuencia-genomica-noves-variants-sars-cov-2.pdf>.

En este informe se incluyen los casos confirmados por PCR de coronavirus SARS-CoV-2 por una técnica específica que detecta las deleciones del gen S, que, con una correspondencia muy elevada (>90%), se puede asegurar que se trata de la variante británica (B.1.1.7), y en algunos casos, la mutación N501Y del gen S, que comparten las variantes: B.1.1.7, B.1.351 y P.1 (anexo 1).

Esta información se recoge a través de una encuesta semanal que se lleva a cabo en todos los laboratorios declarantes (análisis 1).

Además, se han analizado aquellos casos secuenciados de SARS-CoV-2 de **forma individualizada** de los cuales, por interés de salud pública –indicado desde la Red de Vigilancia Epidemiológica de Cataluña (XVEC) o por selección aleatoria– se ha realizado la secuenciación parcial o completa con el fin de poder confirmar la variante o el linaje como B.1.1.7, B.1.351 o P.1, entre otros que puedan circular. En estos casos se han analizado las variables epidemiológicas como la edad, el sexo, la semana de diagnóstico, la región sanitaria y el servicio de vigilancia epidemiológica (análisis 2).

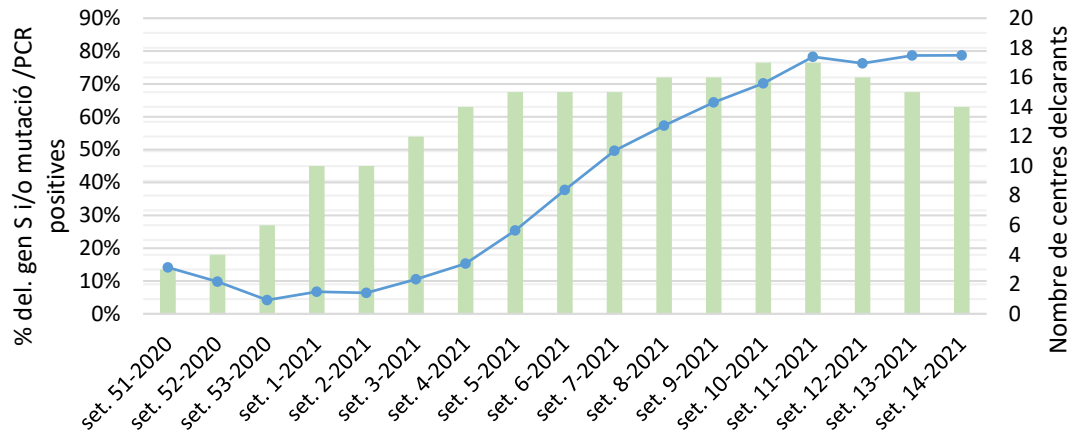
Los casos analizados corresponden al periodo comprendido entre la semana 51 (14-20 de diciembre de 2020), que corresponde al primer caso secuenciado con variante inglesa en Cataluña, y el 11 de abril de 2021 (semana 14).

**Análisis 1:** Para el análisis siguiente, se han tenido en cuenta los casos de los centros que han facilitado la información a partir de una encuesta que recoge el número total de muestras SGTF (marcador para la deleción del gen S) y/o la mutación N501Y del mismo gen, respecto del número total de muestras PCR positivas que han detectado cada semana.

Desde el 14 de diciembre hasta el 11 de abril se han detectado **36.049 casos de SARS-CoV-2 confirmados** con PCR específica. De estos, **15.165** casos tenían deleción y/o mutación en el gen S, lo que representa un **42,1%** de casos sospechosos de nuevas variantes en este periodo.

En la figura 1 se muestran los porcentajes de las nuevas variantes de SAR-CoV-2 a lo largo de las semanas y el número de centros declarantes. Se observa una tendencia al aumento del porcentaje de los casos de las nuevas variantes a lo largo del tiempo que llega al **78,7% la semana 13** (del 29/03/2021 al 04/04/2021), y al **78,7% la última semana analizada** (del 04/04/2021 al 11/04/2021). Los datos de esta última semana son provisionales, con 14 centros declarantes.

*Figura 1: Porcentaje de casos confirmados de nuevas variantes a lo largo del tiempo. Cataluña diciembre 2020 - 11 de abril 2021.*



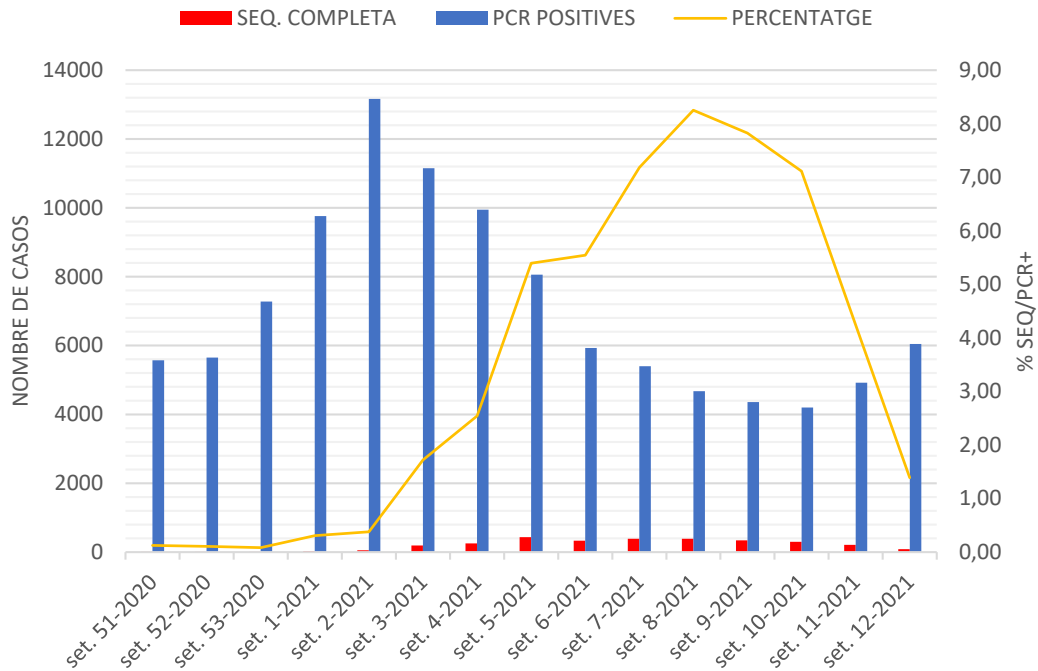
Fuente: Sistema de Notificación Microbiológica de Cataluña. Sub-dirección General de Vigilancia y Respuesta a Emergencias de Salud Pública. Secretaría de Salud Pública.

**Análisis 2:** Se han analizado todos los casos que, de forma individualizada, han notificado los centros de las variantes del coronavirus SARS-CoV-2 obtenidas según si se ha hecho cribado, secuenciación parcial o secuenciación completa, desde el 14 de diciembre de 2020 hasta el 11 de abril de 2021.

Los casos notificados están depurados y se han contrastado con los casos confirmados por PCR obtenidos del registro TAGA-COVID-19.

Durante las semanas 10 (08/03/21-14/03/21), 11 (15/03/21-21/03/21) y 12 (22/03/21-28/03/21) se ha realizado la **secuenciación** de los casos de coronavirus SARS-CoV-2 positivos por PCR en el 7,1%, 4,3% y 1,4% del total de casos, respectivamente (figura 2).

*Figura 2. Casos secuenciados en función de las PCR+ Cataluña diciembre 2020 - 28 de marzo de 2021.*



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

La secuenciación ha sido muy heterogénea entre los servicios de vigilancia epidemiológica (SVE). Durante la semana 12, los porcentajes de secuenciación notificados han variado entre el 6,7%, en el Barcelonès Nord-Maresme, el 2,3% en el Vallès, el 0,8% en la Cataluña Central, el 0,5% en Girona, el 0,2% en Barcelona Zona Sud y Barcelona Ciutat y el 0% en Lleida, Tarragona y Terres de l'Ebre (tabla 1).



Tabla 1. Porcentaje de casos con secuenciación completa en función de PCR+ por SVE y semana epidemiológica. Cataluña, diciembre 2020 - 28 de marzo de 2021.

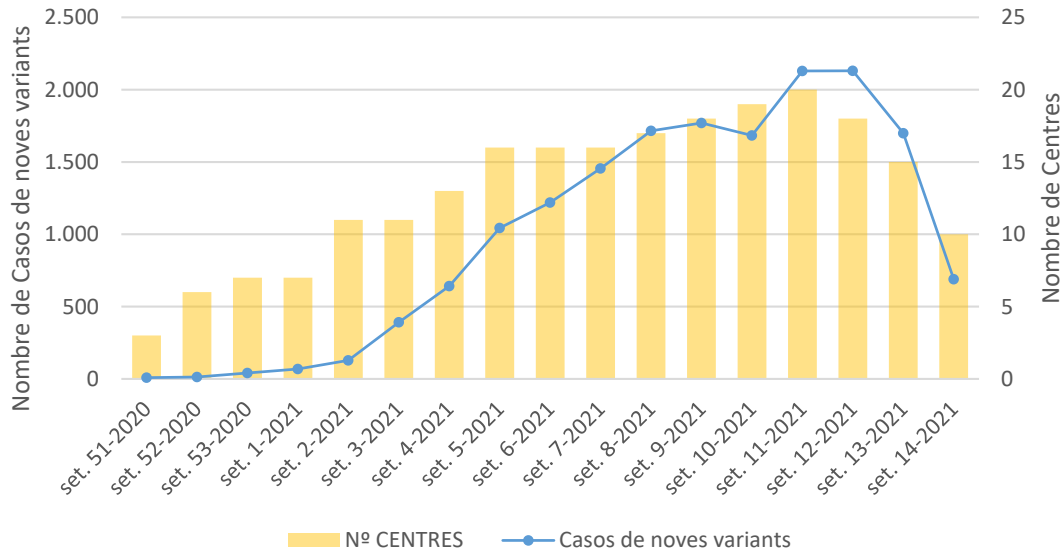
	Barcelona Zona Sud	Barcelonès Nord - Maresme	Catalunya Central	Ciutat Barcelona	Girona	Lleida	Tarragona	Terres de l'Ebre	Vallès
set. 51-2020	0,0%	0,0%	0,3%	0,2%	0,3%	0,0%	0,0%	0,0%	0,2%
set. 52-2020	0,1%	0,0%	0,0%	0,2%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,2%
set. 53-2020	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,1%
set. 1-2021	0,0%	0,7%	0,0%	0,6%	0,0%	0,0%	0,1%	1,5%	0,5%
set. 2-2021	0,1%	0,1%	0,9%	0,7%	0,1%	0,0%	0,6%	2,3%	0,1%
set. 3-2021	0,2%	4,2%	0,7%	3,6%	0,1%	0,0%	0,4%	5,5%	1,2%
set. 4-2021	0,1%	6,6%	0,6%	3,7%	0,7%	0,2%	0,5%	5,8%	2,8%
set. 5-2021	0,5%	15,0%	3,2%	5,9%	2,8%	1,3%	1,0%	3,4%	4,7%
set. 6-2021	3,7%	7,2%	1,6%	8,2%	2,9%	1,9%	16,7%	28,2%	2,9%
set. 7-2021	6,0%	12,5%	2,6%	9,6%	4,7%	2,3%	6,6%	9,3%	5,8%
set. 8-2021	10,8%	12,4%	2,6%	13,1%	6,9%	2,4%	1,1%	8,7%	5,4%
set. 9-2021	7,1%	14,0%	4,5%	11,5%	7,0%	0,0%	0,0%	7,7%	6,3%
set. 10-2021	1,5%	9,3%	8,6%	15,7%	1,4%	1,0%	1,8%	0,0%	8,0%
set. 11-2021	0,3%	7,2%	4,2%	10,0%	1,2%	1,6%	0,4%	0,0%	3,1%
set. 12-2021	0,2%	6,7%	0,8%	0,2%	0,5%	0,0%	0,0%	0,0%	2,3%

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

Durante el periodo de estudio (14 de diciembre - 11 de abril), **se han notificado 16.830 casos de nuevas variantes**. A lo largo de las semanas, el número de muestras positivas de nuevas variantes han ido aumentando, con un pico máximo la semana 12 (22/03/21-28/03/21) de 2.131 casos.

Los datos de la semana 14 son provisionales, dado que hay centros que lo notifican con retraso (figura 3, tabla 2).

Figura 3. Número de casos de nuevas variantes por semanas epidemiológicas y número de centros declarantes. Cataluña diciembre 2020 - 11 de abril de 2021.



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

Tabla 2. Incidencia de casos de nuevas variantes según semana epidemiológica. Cataluña diciembre 2020 - 11 de abril de 2021.

SEMANA EPIDEMIOLÓGICA	CASOS	% CASOS
SEMANA 51 - (14/12/20 - 20/12/20)	9	0,05%
SEMANA 52 - (21/12/20 - 27/12/20)	13	0,1%
SEMANA 53 - (28/12/20 - 03/01/21)	41	0,2%
SEMANA 1 - (04/01/21 - 10/01/21)	68	0,4%
SEMANA 2 - (11/01/21 - 17/01/21)	128	0,8%
SEMANA 3 - (18/01/21 - 24/01/21)	392	2,3%
SEMANA 4 - (25/01/21 - 31/01/21)	642	3,8%
SEMANA 5 - (01/02/21 - 07/02/21)	1.044	6,2%
SEMANA 6 - (08/02/21 - 14/02/21)	1.220	7,2%
SEMANA 7 - (15/02/21 - 21/02/21)	1.455	8,6%
SEMANA 8 - (22/02/21 - 28/02/21)	1.716	10,2%
SEMANA 9 - (01/03/21 - 07/03/21)	1.770	10,5%
SEMANA 10 - (08/03/21 - 14/03/21)	1.683	10,0%
SEMANA 11 - (15/03/21 - 21/03/21)	2.130	12,7%
SEMANA 12 - (22/03/21 - 28/03/21)	2.131	12,7%
SEMANA 13 - (29/04/21 - 04/04/21)	1.699	10,1%
SEMANA 14 - (05/04/21 - 11/04/21)	689	4,1%
<b>TOTAL</b>	<b>16.830</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.



De las 16.830 muestras analizadas, se ha realizado la secuenciación completa al 17,9% y la parcial al 1,9% (tabla 3).

Tabla 3. *Número de casos de nuevas variantes por tipo de técnica.  
Cataluña diciembre 2020 - 11 de abril de 2021.*

<b>TIPO DE TÉCNICA</b>	<b>CASOS</b>	<b>% CASOS</b>
Cribado PCR	13.488	80,1%
Secuenciación completa	3.016	17,9%
Secuenciación parcial	326	1,9%
<b>TOTAL</b>	<b>16.830</b>	<b>100,0%</b>

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

Según las variantes circulantes destaca el 91,5% de casos de la variante británica (UK) (tabla 4).

Tabla 4. Número de casos por variante.  
Cataluña diciembre 2020 - 11 de abril de 2021.

	VARIANTE	CASOS	% CASOS
VOC	UK - B.1.1.7	15.392	91,5%
	SA - B.1.351	58	0,3%
	BR - P.1	19	0,1%
VOI	VOI y otros	1.361	8,1%
	<b>TOTAL</b>	<b>16.830</b>	<b>100,0%</b>

Nota: UK = variante United Kingdom, S. A. = variante Sudáfrica, BR= variante Brasil.

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

## Variantes de más impacto en la salud pública (VOC)

Mientras que en las variantes UK y S. A. predomina la detección por cribado, en la variante BR predomina la secuenciación. Cuando se ha encontrado un patrón compatible para las variantes S. A. o BR se ha realizado una PCR para buscar la mutación K417N/T, la E484K o V1176F (tabla 5).

Tabla 5. Número de casos de VOC por tipo de técnica.  
Cataluña diciembre 2020 - 11 de abril de 2021.

TIPO DE TÉCNICA	UK	% UK	S. A.	% SA	BR	% BR
Cribado PCR	13.454	87,4%	34	58,6%	0	0,0%
Secuenciación completa	1.639	10,6%	24	41,4%	19	100,0%
Secuenciación parcial	299	1,9%	0	0,0%	0	0,0%
<b>TOTAL</b>	<b>15.392</b>	<b>100,0%</b>	<b>58</b>	<b>100,0%</b>	<b>19</b>	<b>100,0%</b>

UK = variante United Kingdom, S. A. = variante Sudáfrica, BR= variante Brasil.

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

La variante B.1.1.7 (15.392 casos) se encuentra en todo el territorio de Cataluña, aunque, en la región sanitaria de Barcelona, es donde se observan la mayoría de los casos (61,3%). Con respecto a la variante B.1.351 (58 casos), la mayoría se encuentran también en Barcelona (93%), mientras que, en el caso de la variante P.1 (19 casos), la mayoría de casos se concentran entre la Cataluña Central (42,1%) y Girona (42,1%) (tabla 6).





Tabla 6. Comparativa de región sanitaria por VOC.  
 Cataluña diciembre 2020 - 11 de abril de 2021.

REGIÓN SANITARIA	VARIANTE					
	UK - B.1.1.7	% UK	SA - B.1.351	% SA	BR - P.1	% BR
Alt Pirineu i Aran	284	1,8%	0	0%	0	0,0%
Barcelona	9.435	61,3%	54	93%	2	10,5%
Camp de Tarragona	273	1,8%	0	0%	0	0,0%
Catalunya Central	2.303	15,0%	1	2%	8	42,1%
Girona	529	3,4%	1	2%	8	42,1%
Lleida	1.773	11,5%	0	0%	0	0,0%
Terres de l'Ebre	142	0,9%	0	0%	0	0,0%
Fuera de Cataluña	12*	0,1%	0	0%	0	0,0%
Desconocido	641	4,2%	2	3%	1	5,3%
<b>TOTAL</b>	<b>15.392</b>	<b>100,0%</b>	<b>58</b>	<b>100,0%</b>	<b>19</b>	<b>100,0%</b>

\*Elche (n=1); Reino Unido (n=1); Gijón (n=1); Fraga (n=1); Almería (n=2); País Vasco (n=1); Murcia (n=1); Dortmund (n=1); Madrid (n=1); Alicante (n=1), Guipúzcoa (n=1).

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

## Variante B.1.1.7 (UK)

El 16 de diciembre de 2020 se detectó en Cataluña el primer caso de la nueva variante del Reino Unido (UK), que pertenece al linaje B.1.1.7 (denominado VOC 202012/01). Esta variante se ha extendido rápidamente en numerosos países a escala mundial, y hay evidencias importantes que presenta una mayor transmisibilidad.

Esta variante tiene unas 17 mutaciones, de las cuales 9 están en el gen S. Las que más preocupan son la mutación N501Y, que afecta a la región de unión en el receptor (RBD, *receptor binding domain*); la deleción 69/90, porque causa un cambio en la conformación de la proteína, y la P681H (anexo 1).

El 4 de febrero de 2021 se detectó en el Reino Unido que algunos aislamientos de esta variante habían adquirido la mutación E484K. Es probable que esta variante tenga propiedades idénticas a la B.1.1.7 sin la E484K, pero puede haber una disminución en la neutralización por anticuerpos monoclonales y sueros de convalecientes, como se observa en otras variantes con la mutación E484K. Este aspecto está en estudio.

Mediante PCR que incluyen la diana del gen S y/o la mutación del gen N501Y se hacen cribados para valorar la presencia y evolución en el territorio de la variante B.1.1.7.

Durante el periodo de análisis, se han detectado 15.392 casos de variante B.1.1.7. Las mujeres representan un porcentaje ligeramente superior (51,2%) respecto de los hombres (48,8%) (tabla 7).

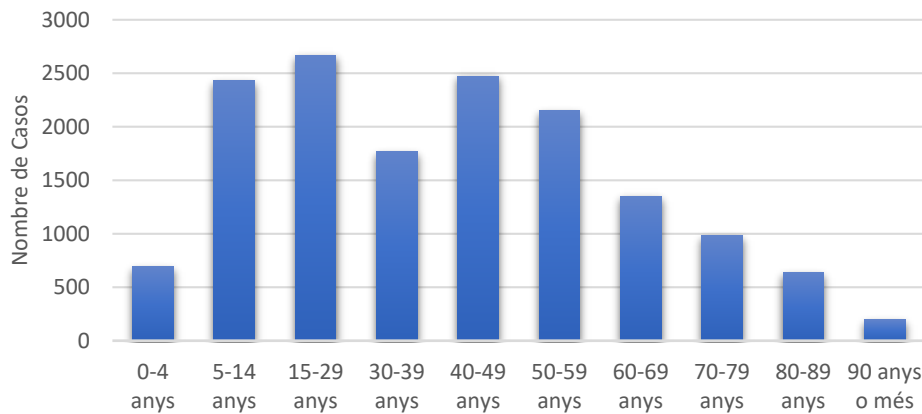
**Tabla 7. Número de casos por la variante UK en función del sexo.**  
*Cataluña diciembre 2020 - 11 de abril de 2021.*

SEXO	CASOS	% CASOS
Mujer	7.876	51,2%
Hombre	7.505	48,8%
Desconocido	11	0,1%
<b>TOTAL</b>	<b>15.392</b>	<b>100,0%</b>

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

Según los grupos de edad, destaca una mayor incidencia de casos en el grupo de 15 a 29 años, seguido del grupo de 40 a 49 años (figura 4).

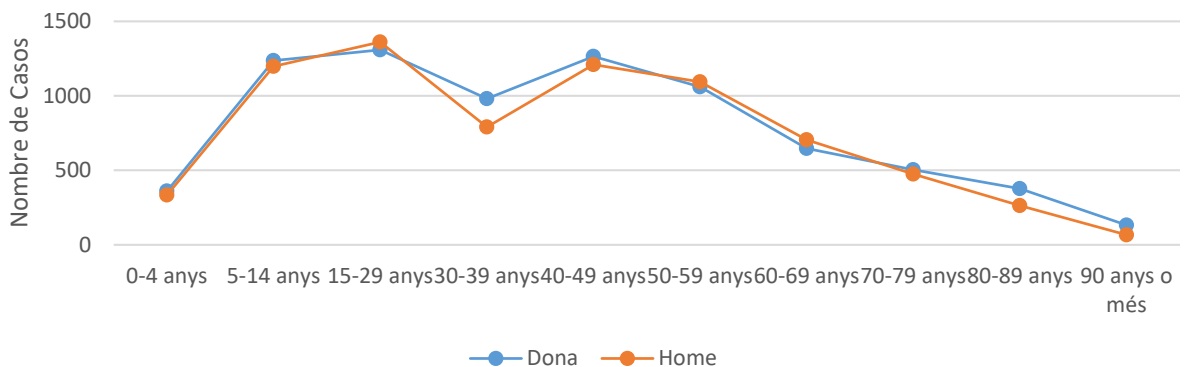
**Figura 4. Número de casos por la variante UK en función de los grupos de edad.**  
*Cataluña diciembre 2020 - 11 de abril de 2021.*



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

En función del sexo y grupo de edad, se observa que en el grupo de 30 a 39 años y en el de mayores de 80 años es más frecuente en las mujeres que en los hombres (figura 5).

**Figura 5. Número de casos por la variante UK en función de los grupos de edad y sexo.**  
*Cataluña diciembre 2020 - 11 de abril de 2021.*



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

En el análisis de la distribución en función de los servicios de vigilancia epidemiológica (SVE) y diferenciando entre la secuenciación (parcial y completa) y el cribado, destaca un porcentaje superior de muestras analizadas sólo por cribado en todos los SVE (tabla 8).

*Tabla 8. Número de casos por la variante UK en función del SVE  
Cataluña diciembre 2020 - 11 de abril de 2021.*

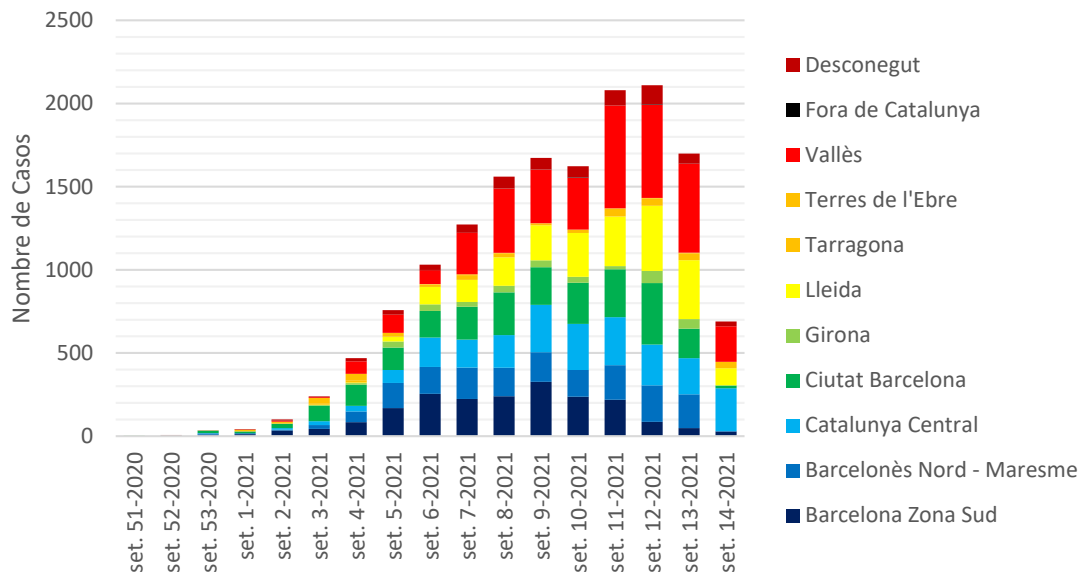
SVE	CRIBADO	% CRIB.	SECUENCIACIÓN	% SEC.	TOTAL
Barcelona Zona Sud	1.812	89,9%	203	10,1%	2.015
Barcelonès Nord - Maresme	1.289	73,5%	464	26,5%	1.753
Cataluña Central	2.104	93,1%	155	6,9%	2.259
Barcelona Ciutat	1.742	74,3%	602	25,7%	2.344
Girona	312	80,2%	77	19,8%	389
Lleida	2.057	99,7%	7	0,3%	2.064
Tarragona	259	89,6%	30	10,4%	289
Terres de l'Ebre	115	81,0%	27	19,0%	142
Vallès	3.164	90,8%	320	9,2%	3.484
Fuera de Cataluña	10	83,3%	2	16,7%	12*
Desconocido	590	92,0%	51	8,0%	641
<b>TOTAL</b>	<b>13.454</b>	<b>87,4%</b>	<b>1.938</b>	<b>12,6%</b>	<b>15.392</b>

\*Elche (n=1); Reino Unido (n=1); Gijón (n=1); Fraga (n=1); Almería (n=2); País Vasco (n=1); Murcia (n=1); Dortmund (n=1); Madrid (n=1); Alicante (n=1), Guipúzcoa (n=1).

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

En las últimas semanas, el mayor número de casos con variante UK se presenta principalmente en el Vallès (Occidental/Oriental), aunque, en la semana 14, la Cataluña Central presenta una frecuencia ligeramente superior (figura 6).

*Figura 6. Número de casos por la variante UK en función del SVE  
Cataluña diciembre 2020 - 11 de abril de 2021.*



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

Por comarca, la variante UK está más presente en el Barcelonès (23,5%), seguido por el Vallès Occidental (16,3%) y el Segrià (7,2%) (tabla 9).

*Tabla 9. Número de casos por la variante UK en función de la comarca.  
 Cataluña diciembre 2020 - 11 de abril 2021*

COMARCA	CASOS	% CASOS	COMARCA	CASOS	% CASOS
Alt Camp	25	0,2%	Montsià	112	0,7%
Alt Empordà	38	0,2%	Noguera	127	0,8%
Alt Penedès	217	1,4%	Osona	666	4,3%
Alt Urgell	19	0,1%	Pallars Jussà	38	0,2%
Alta Ribagorça	22	0,1%	Pallars Sobirà	50	0,3%
Anoia	437	2,8%	Pla de l'Estany	21	0,1%
Aran	79	0,5%	Pla d'Urgell	293	1,9%
Bages	983	6,4%	Priorat	2	0,0%
Baix Camp	152	1,0%	Ribera d'Ebre	5	0,0%
Baix Ebre	48	0,3%	Ripollès	28	0,2%
Baix Empordà	23	0,1%	Segarra	39	0,3%
<b>Baix Llobregat</b>	<b>1.088</b>	<b>7,1%</b>	<b>Segrià</b>	<b>1.104</b>	<b>7,2%</b>
Baix Penedès	28	0,2%	Selva	123	0,8%
<b>Barcelonès</b>	<b>3.618</b>	<b>23,5%</b>	Solsonès	7	0,0%
Berguedà	89	0,6%	Tarragonès	65	0,4%
Cerdanya	85	0,6%	Terra Alta	5	0,0%
Conca de Barberà	11	0,1%	Urgell	154	1,0%
Garraf	179	1,2%	<b>Vallès Occidental</b>	<b>2.516</b>	<b>16,3%</b>
Garrigues	48	0,3%	Vallès Oriental	945	6,1%
Garrotxa	52	0,3%	Desconocido	641	4,2%
Gironès	110	0,7%	Fuera de Cataluña	12*	0,1%
Maresme	982	6,4%	<b>TOTAL</b>	<b>15.392</b>	<b>100,0%</b>
Moianès	106	0,7%			

\*Elche (n=1); Reino Unido (n=1); Gijón (n=1); Fraga (n=1); Almería (n=2); País Vasco (n=1); Murcia (n=1); Dortmund (n=1); Madrid (n=1); Alicante (n=1); Guipúzcoa (n=1).

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

## Variante B.1.351 (Sudáfrica)

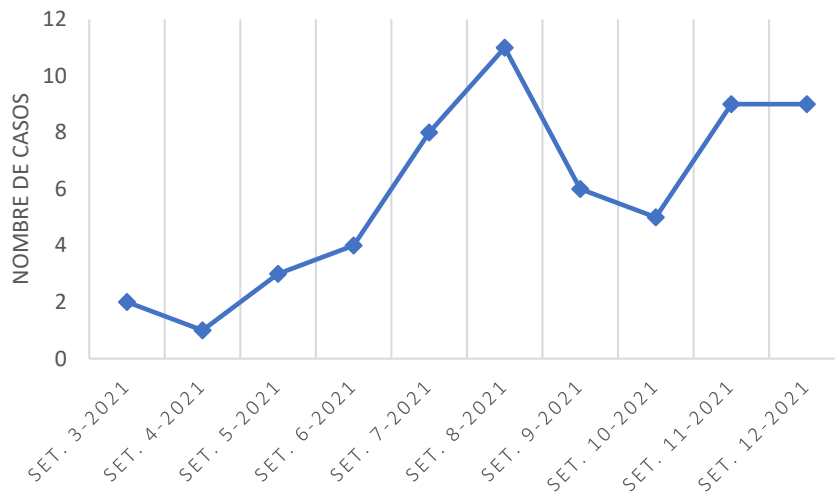
El 18 de diciembre de 2020, Sudáfrica anunció la detección de una nueva variante, del linaje B.1.351 (denominado 20H/501Y.V2). La variante B.1.352 tiene unas 21 mutaciones, de las cuales 9 están en el gen S. Comparte algunas mutaciones (como la N501Y) con la variante británica, pero preocupa porque, además, tiene otras mutaciones en la misma región 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 1). Eso, junto con la mutación N501Y, puede afectar a la unión del virus en la célula. Preocupa el hecho de que podría escaparse de la neutralización por los anticuerpos.

Esta variante desplazó al resto de variantes circulantes en Sudáfrica desde el mes de noviembre, lo que indica que podría tener una mayor capacidad de transmisión.

El primer caso notificado en Cataluña registrado en el SNMC fue diagnosticado el 19 de enero del 2021.

En total se han notificado **58 casos** de esta variante, de los cuales 24 (41,4%) se han confirmado por secuenciación completa (figura 7).

*Figura 7. Evolución del número de casos detectados por la variante S. A. a lo largo del tiempo. Cataluña diciembre 2020 - 11 de abril de 2021.*



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

Según la distribución por sexos, el 62,1% (36 casos) corresponde a hombres (tabla 10).

*Tabla 10. Número de casos por la variante SA en función del sexo. Cataluña diciembre 2020 - 11 de abril de 2021.*

SEXO	CASOS	% CASOS
Mujer	22	37,9%
Hombre	36	62,1%
<b>TOTAL</b>	<b>58</b>	<b>100,0%</b>

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

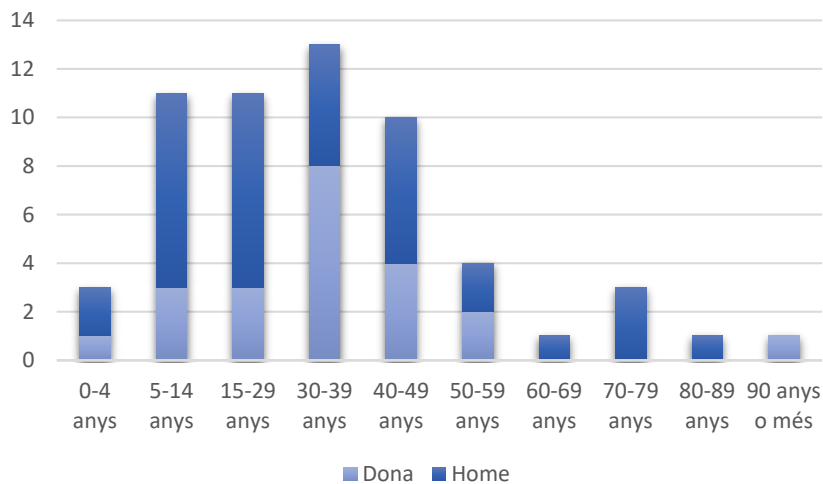
Respecto a los grupos de edad, el grupo de 30-39 años es el grupo con más frecuencia de casos (22,4%), seguido del grupo de los niños de 5 a 14 años y del de 15 a 29 años (19,0%) (tabla 11, figura 8).

**Tabla 11. Número de casos por la variante SA en función de los grupos de edad.**  
 Cataluña diciembre 2020 - 11 de abril de 2021.

EDAD	CASOS	% CASOS
0-4 años	3	5,2%
5-14 años	11	19,0%
15-29 años	11	19,0%
30-39 años	13	22,4%
40-49 años	10	17,2%
50-59 años	4	6,9%
60-69 años	1	1,7%
70-79 años	3	5,2%
80-89 años	1	1,7%
90 años o más	1	1,7%
<b>TOTAL</b>	<b>58</b>	<b>100,0%</b>

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

**Figura 8. Número de casos por la variante SA en función de los grupos de edad y sexo.**  
 Cataluña diciembre 2020 - 11 de abril de 2021.



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

Los casos de la variante Sudafricana se localizan principalmente en el Vallès Occidental y Oriental, con un 53,4%, seguido de Barcelona Ciutat, con un 29,3% (tabla 12).

**Tabla 12. Número de casos por la variante SA en función del SVE.**  
 Cataluña diciembre 2020 - 11 de abril de 2021.

SVE	CASOS	% CASOS
Barcelona Zona Sud	6	10,3%
Barcelonès Nord - Maresme	1	1,7%
Cataluña Central	1	1,7%
Barcelona Ciutat	17	29,3%

SVE	CASOS	% CASOS
Vallès	31	53,4%
Desconocido	2	3,4%
<b>TOTAL</b>	<b>58</b>	<b>100,0%</b>

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

De los 24 casos secuenciados, se han detectado 17 casos esporádicos y 4 brotes (7 casos).

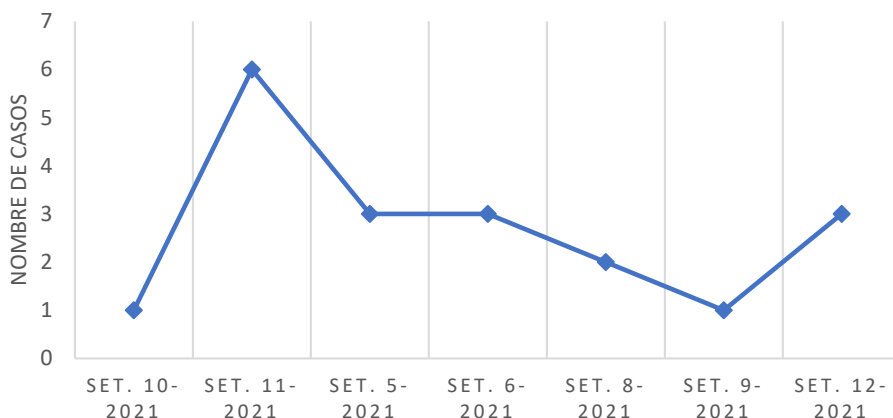
Un primer brote, de ámbito domiciliario, corresponde a un niño de 4 años y a su padre, con 5 contactos estrechos convivientes en Barcelona Ciutat. Un segundo brote ha estado de ámbito familiar no conviviente a Gelida, con una mujer y un hombre (marido y mujer), con 6 y 3 contactos estrechos, respectivamente. El tercer brote, de ámbito escolar, a un hombre de 45 años de Sant Cugat del Vallès, con 6 convenientes, y a un niño de 9 años con 3 contactos estrechos (convivientes), en el cual todos han dado negativo, y 1 caso (un hombre de 16 años) de un cuarto brote de ámbito familiar/domiciliario y enseñanza, con 3 casos que ha tenido lugar en Gurb. De los 17 casos esporádicos, por ahora, no se dispone de más información.

## Variante P.1 (Brasil)

A principios de enero de 2021, Japón notificó una nueva variante en cuatro personas procedentes de la Amazonia brasileña. La nueva variante pertenece al linaje B.1.1.28.1 y presenta unas 17 mutaciones de las cuales 10 están en el gen S, entre las cuales hay la mutación N501Y y la E484K e, igual que la variante sudafricana, tiene la mutación K417T, pero con un cambio de T (treonina), en lugar de N (asparagina, en la variante sudafricana) (anexo 1).

El primer caso en Cataluña registrado en el SNMC fue del 5 de febrero del 2021. En total, se han notificado 19 casos de esta variante, todos confirmados por secuenciación (figura 9).

*Figura 9. Evolución del número de casos detectados por la variante BR a lo largo del tiempo. Cataluña diciembre 2020 - 11 de abril de 2021.*



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

Según la distribución por sexos, el 63,2% (12 casos) corresponde a hombres (tabla 13).

*Tabla 13. Número de casos por la variante BR en función del sexo.  
 Cataluña diciembre 2020 - 11 de abril de 2021.*

SEXO	CASOS	% CASOS
Mujer	7	36,8%
Hombre	12	63,2%
<b>TOTAL</b>	<b>19</b>	<b>100%</b>

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

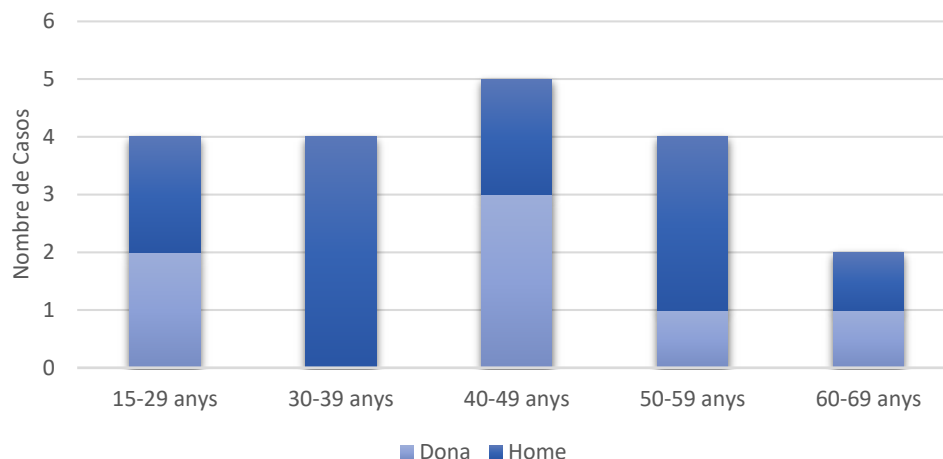
Se han detectado casos en el grupo de entre los 15-69 años con un porcentaje ligeramente superior en el grupo de 40-49 (26,3%) (tabla 14, figura 10).

*Tabla 14. Número de casos por la variante BR en función de los grupos de edad.  
 Cataluña diciembre 2020 - 11 de abril de 2021.*

EDAD	CASOS	% CASOS
15-29 años	4	21,1%
30-39 años	4	21,1%
40-49 años	5	26,3%
50-59 años	4	21,1%
60-69 años	2	10,5%
<b>TOTAL</b>	<b>19</b>	<b>100%</b>

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

*Figura 10. Número de casos por la variante BR en función de los grupos de edad y sexo.  
 Cataluña diciembre 2020 - 11 de abril de 2021.*



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

Con respecto a la distribución por SVE, el 42,1% de los casos han tenido lugar en la Cataluña Central, concretamente en Osona y Girona, y más concretamente en la Selva (tabla 15, tabla 16).



*Tabla 15. Número de casos por la variante BR en función del SVE.  
 Cataluña diciembre 2020 - 11 de abril de 2021.*

<b>SVE</b>	<b>CASOS</b>	<b>% CASOS</b>
Barcelonès Nord - Maresme	2	10,5%
Cataluña Central	8	42,1%
Barcelona Ciutat	1	5,3%
Girona	7	36,8%
Desconocido	1	5,3%
<b>TOTAL</b>	<b>19</b>	<b>100,0%</b>

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

*Tabla 16. Número de casos por la variante BR en función de la comarca.  
 Cataluña diciembre 2020 - 11 de abril de 2021.*

<b>COMARCA</b>	<b>CASOS</b>	<b>% CASOS</b>
Bages	2	10,5%
Barcelonès	2	10,5%
Maresme	1	5,3%
Osona	6	31,6%
Selva	7	36,8%
Desconocido	1	5,3%
<b>TOTAL</b>	<b>19</b>	<b>100%</b>

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

De los 19 casos secuenciados desde el 5 de febrero hasta el 21 de marzo, se han detectado 12 casos esporádicos y 3 brotes (7 casos). De estos, 3 casos (dos mujeres de 23 y 56 años y un hombre de 67 años) de un primer brote de ámbito familiar y lúdico en Santa Eugènia de Berga, con 11 casos en total; 2 casos (dos mujeres de 47 y 48 años) de un brote comunitario en Viladrau, con 7 casos en total, y 2 casos (un hombre de 47 años y una mujer de 67) de un brote comunitario en Sant Fruitós del Bages, con 14 casos en total.

Los 12 casos restantes son casos esporádicos de los cuales no se dispone de más información.

## Variantes de interés (VOI)

La repercusión de que otras variantes diferentes de las anteriores mencionadas puedan llegar a tener un papel importante todavía se desconoce. No obstante, es recomendable el seguimiento de los casos para conocer cambios de la situación epidemiológica.

En Cataluña, se han detectado 67 linajes diferentes de los mencionados anteriormente (tabla 17), de los cuales se destacan:

#### B.1.525 (Nigeria)

La variante B.1.525 no contiene la mutación N501Y, que sí que está presente en las variantes UK, S. A. y BR, pero contiene las mutaciones E484K y F888L, y la delección 69/70.

Los primeros casos se detectaron en diciembre del 2020 en el 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 17 casos de esta variante, todos confirmados por secuenciación, y de los cuales 9 corresponden a mujeres y 8 a hombres. Los rangos de edad varían: 5-14 años (n=1); 15-29 años (n=4); 30-39 años (n=3); 40-49 años (n=5); 60-69 años (n=2); 80-89 años (n=2). Con respecto al SVE, han quedado distribuidos de la manera siguiente: Lleida (n= 11); Barcelonès Nord-Maresme (n=2); Barcelona Ciutat (n=2); Vallès (n=1); Desconocido (n=1).

#### P.2

Se han detectado 2 casos de la variante P.2. Un caso en un hombre de 45 años en Montornès del Vallès (SVE Vallès) y el otro una niña de 10 años del Prat de Llobregat (SVE Barcelona Zona Sud).

#### B.1.1.222 (Mexicana)

Actualmente hay 5 casos de esta variante detectados en Cataluña. El primer caso, que se diagnosticó el 1 de febrero de 2021, corresponde a una mujer de 61 años; los otros 4, a hombres, de 13, 28, 36 y 64 años, de los cuales, tres viven en Badalona y uno en Sant Adrià del Besòs (SVE Barcelonès Nord-Maresme).

#### B.1.427 (Californiana)

Se han detectado 2 casos de esta variante en Cataluña. El 26 de febrero de 2021, 1 caso de un niño de 10 años, en Barcelona Ciutat, en un brote de ámbito familiar con 5 afectados (no se tiene información del resto de casos), y, el 9 de marzo de 2021, 1 otro caso, en un hombre de 68 años, también en Barcelona Ciutat.

#### VOI y otros linajes circulantes

*Tabla 17. VOI y otras variantes circulantes.  
 Cataluña diciembre 2020 - 11 de abril de 2021.*

LINAJE	CASOS	% CASOS	LINAJE	CASOS	% CASOS	LINAJE	CASOS	% CASOS
A.2	1	0,1%	B.1.1	4	0,3%	B.1.1.161	2	0,2%
A.21	3	0,2%	B.1.1.116	3	0,2%	B.1.1.222	5	0,4%
A.27	5	0,4%	B.1.1.122	1	0,1%	B.1.1.242	1	0,1%
A.3	1	0,1%	B.1.1.126	4	0,3%	B.1.1.250	5	0,4%
B	31	2,4%	B.1.1.15	1	0,1%	B.1.1.26	5	0,4%
B.1	96	7,3%	B.1.1.152	8	0,6%	B.1.1.269	8	0,6%



LINAJE	CASOS	% CASOS	LINAJE	CASOS	% CASOS	LINAJE	CASOS	% CASOS
B.1.1.285	5	0,4%	B.1.177.1	1	0,1%	B.1.36.31	1	0,1%
B.1.1.29	11	0,8%	B.1.177.10	3	0,2%	B.1.361	17	1,3%
B.1.1.296	1	0,1%	B.1.177.14	4	0,3%	B.1.378	1	0,1%
B.1.1.313	1	0,1%	B.1.177.15	21	1,6%	B.1.416	3	0,2%
B.1.1.33	1	0,1%	B.1.177.18	1	0,1%	B.1.416.1	13	1,0%
B.1.1.38	2	0,2%	B.1.177.2	1	0,1%	B.1.427	2	0,2%
B.1.1.39	1	0,1%	B.1.177.22	27	2,1%	B.1.5	5	0,4%
B.1.1.44	1	0,1%	B.1.177.4	3	0,2%	B.1.525	17	1,3%
B.1.1.519	2	0,2%	B.1.177.7	2	0,2%	B.1.575	1	0,1%
B.1.1.64	1	0,1%	B.1.2	2	0,2%	B.1.575.1	1	0,1%
B.1.1.74	26	2,0%	B.1.221	25	1,9%	B.10	1	0,1%
B.1.1.85	1	0,1%	B.1.221.1	1	0,1%	B.31	1	0,1%
B.1.111	1	0,1%	B.1.222	1	0,1%	B.40	3	0,2%
B.1.128	1	0,1%	B.1.235	6	0,5%	P.2	2	0,2%
B.1.160	36	2,8%	B.1.258	8	0,6%	R.1	1	0,1%
B.1.166	1	0,1%	B.1.331	1	0,1%	<b>TOTAL</b>	<b>1.307</b>	<b>100,0%</b>
B.1.177	851	65,1%	B.1.36	4	0,3%			

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

## LABORATORIOS QUE NOTIFICAN CRIBADO Y/O SECUENCIACIÓN

- Althaia (Red Asistencial Universitaria de Manresa)
- Banco de Sangre y Tejidos\*
- CATLAB
- Consorcio del Laboratorio Intercomarcal (CLI)
- Hospital Clínico\*
- Hospital Germans Trias i Pujol\*
- Hospital Joan XXIII
- Hospital Parc Taulí
- Hospital Universitario Arnau de Vilanova
- Hospital Universitario de Bellvitge\*
- Hospital Universitario Vall d'Hebron\*
- Hospital Universitario de Girona Doctor Josep Trueta
- Hospital Sant Joan de Dios (Esplugues)
- Hospital Sant Joan de Reus
- Laboratorio de Referencia de Catalunya\*
- Laboratori ECHEVARNE
- Lab. GENETICS
- Laboratori MDB
- SYNLAB (Diagnósticos Globales, S. A.)
- Teletest

\*Laboratorios que realizan la secuenciación del genoma del coronavirus SARS-CoV-2 en Cataluña.



NOTA: Estos laboratorios pueden cambiar dependiendo de las capacidades y las técnicas que utilicen en su centro.

## ANEXO 1: MUTACIONES Y CARACTERÍSTICAS DE CADA VARIANTE DEL CORONAVIRUS SARS-COV-2

### Principales variantes de interés para la salud pública (VOC)

VARIANTE	MUTACIONES MÁS RELEVANTES	IMPACTO POTENCIAL PARA LA SALUD PÚBLICA	DISPERSIÓN GEOGRÁFICA
B.1.1.7 (UK)	N501Y, del 69-70 P681H, Y144 del, A540D	Aumento de la transmisibilidad. Posible incremento de la letalidad. Escaso efecto sobre la inmunidad. Ligera reducción de la efectividad vacunal.	Predominando en el Reino Unido, Irlanda, Israel y rápida progresión a otros países (especialmente europeos).
B.1.351 (501.V2) (Sudáfrica)	N501Y, E484K, K417N, L18F, A701V, del ORF1b	Probable aumento de la transmisibilidad. Reducción de la neutralización de sueros mono y policlonales. Reducción de la efectividad vacunal entre moderada y alta.	Sudáfrica, Zambia, Botsuana y otros países del sur de África; casos en numerosos países europeos. Importante presencia en el Tirol (Austria).
P.1 (Brasil)	S: N501Y, E484K, K417T, del ORF1b	Transmisibilidad y escape a la respuesta inmunitaria en estudio. Reducción de títulos de anticuerpos neutralizados en sueros vacunados.	Región de Manaus (Brasil). Casos en otros países, la mayoría con vínculo con el Brasil.

### Otras variantes de interés (VOI)

VARIANTE	MUTACIONES MÁS RELEVANTES	IMPACTO POTENCIAL PARA LA SALUD PÚBLICA	DISPERSIÓN GEOGRÁFICA
P.2	E484K	Mutaciones compatibles con la reducción de la capacidad de neutralización.	Brasil (Río de Janeiro). Casos aislados en otros países, relacionados con viajes.
B.1.525	E484K, F888L, del 69-70, Q677H	Mutaciones compatibles con la reducción de la capacidad de neutralización.	Dinamarca, Reino Unido, Países Bajos, Noruega, EUA, Canadá. Relacionados con Nigeria.
B.1.427/B.1.429	L425R, S13I, W152C	Mutaciones compatibles con el aumento de la transmisión.	Aumento en noviembre-diciembre en California.
B.1.526	E484K, A701V D253G	Mutaciones compatibles con la reducción de la capacidad de neutralización.	Rápida expansión en el área metropolitana de Nueva York.
C.16	L425R	Mutaciones compatibles con la reducción de la capacidad de neutralización.	Expansión geográfica en Portugal desde noviembre.
A.23.1	F157L, V367F, Q613H, P681R	Mutaciones compatibles con el aumento de la transmisión.	Detectada recientemente en el Reino Unido. Escasos casos en otros países.
VOC 202102/02	Similar a B.1.1.7 y E484K	Similar a B.1.1.7 y posible mayor escape a la respuesta inmunitaria.	23 casos en Inglaterra, 1 caso en los Países Bajos.



Tabla basada en la: *Evaluación rápida de riesgo. Circulación de variantes de SARS-CoV-2 de interés para la salud pública en España*. Fecha: 4 de marzo de 2021.

**Elaboración:** Pilar Ciruela, Aurora Sabrià, Cèlia Serrano, Carolina Ferrer, Sergi Mendoza, Jacobo Mendioroz.

**Agradecimientos:** Red del Sistema de Notificación Microbiológica de Cataluña (SNMC) y 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.  
Sub-dirección General de Vigilancia y Respuesta a Emergencias de Salud Pública.