

INFORME DE VIGILANCIA DE LAS VARIANTES GENÓMICAS DEL CORONAVIRUS SARS-CoV-2 EN CATALUÑA. Semana 40 - 2021 (4 de octubre de 2021 - 10 de octubre de 2021)

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

Resumen de lo más destacado

Durante la **semana 38**, se han secuenciado **226 casos**, lo que representa el **15,2%** 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 33-34, los grupos de edad con más frecuencia de afectación han sido los de 15-29 y 40-49 años, y durante las semanas 37-38 han sido los grupos de 40-49 años y 5-14 años.
- Durante las semanas 33-38, el número más elevado de casos se ha concentrado en el Barcelonès Nord-Maresme, en el Vallès y en la Catalunya Central.
- De los 86 casos de la variante delta en los que se ha diferenciado el sublinaje la semana 38, el 65,1% son de sublinaje AY.4.

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; llegó al pico de 79,8% (410 casos) de las muestras secuenciadas durante la semana 19. La semana 25 fue desplazada por la variante delta. Durante las semanas 33-38, se ha notificado 1 caso.
- **Beta:** la variante beta presentó un pico de casos las semanas 17 (25 casos) y 19 (22 casos). El último caso se notificó durante la semana 26.
- **Gamma:** la variante gamma presentó un pico de casos la semana 25 (35 casos). Durante las semanas 33-38 se han notificado 5 casos.

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

- Durante las seis últimas semanas (semana 33-38) ha habido un caso de B.1.621 (mu) y dos casos de B.1.575 y B.1.1.

Cribado

Según los resultados del cribado, el porcentaje de casos compatibles con la variante delta fue del 95,7% la semana 40 (178 casos) y del 97,3% la semana 39 (326 casos).

Todos los virus, incluido el SARS-CoV-2, cambian constantemente a través de mutaciones que confieren pequeñas diferencias genéticas. Una variante genética del coronavirus SARS-CoV-2 tiene unas 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 al efecto de los anticuerpos adquiridos después de una infección natural o de la vacunación. Así pues, es importante conocer las variantes que se encuentran en cada territorio con el fin de saber la prevalencia de las variantes circulantes, la situación epidemiológica y evaluar las medidas de salud pública que se tengan que tomar en caso necesario.

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

Una variante del SARS-CoV-2 es una **VOI** si tiene un genoma con mutaciones que conducen a cambios de aminoácido que pueden incluir cambios en la epidemiología, antigenicidad o virulencia, o cambios que tienen un impacto negativo en el diagnóstico, las vacunas, las terapias o las medidas sociales y de salud pública; si se ha identificado que causa múltiples casos de transmisión comunitaria o se ha detectado en varios países.

Una VOI del SARS-CoV-2 pasa a ser una **VOC** si se ha demostrado que, además, está asociada a un aumento de la transmisibilidad o cambio perjudicial en la epidemiología de la COVID-19, un aumento de la virulencia o cambio en la presentación clínica de la enfermedad, o una disminución de la eficacia de las medidas sociales y de salud pública (diagnóstico, tratamiento y vacunas).

Actualmente, las VOC consideradas son: B.1.1.7 (alfa), B.1.351 (beta), P.1 (gamma) y B.1.617.2 (delta).

Para saber la prevalencia de las variantes circulantes en Cataluña se realiza una vigilancia de secuenciación con muestras aleatorias y una vigilancia dirigida –indicada desde la Red de Vigilancia Epidemiológica de Cataluña (XVEC)– de las situaciones relevantes para la salud pública que ayuden a entender el contexto de los casos que tienen más transmisibilidad, personas con sospecha de reinfecciones o vacunadas, entre otras, con el fin de poder confirmar la variante, el linaje o el sublinaje.

Con esta finalidad, la Subdirección General de Vigilancia y Respuesta a Emergencias de Salud Pública coordina la vigilancia de las variantes del SARS-CoV-2 con los laboratorios que realizan secuenciación (parcial o completa) del genoma del coronavirus SARS-CoV-2. Las secuenciaciones y los cribados de los casos las han realizado los centros que constan en el anexo 1 y los resultados 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 del cribado** de cuatro centros notificadores, el porcentaje de casos compatibles con la variante delta (B.1.617.2), respecto del número total de PCR positivas realizadas con una PCR capaz de detectar esta variante, fue del 97,3% (326 casos, 4) la semana 39 (26 de septiembre - 1 de octubre 2021) y del 95,7% (178 casos la semana 40 (4 de octubre - 10 de octubre 2021).

Desde el 4 de enero hasta el 26 de septiembre de 2021 (semana 38) se han analizado los **casos notificados secuenciados** 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.

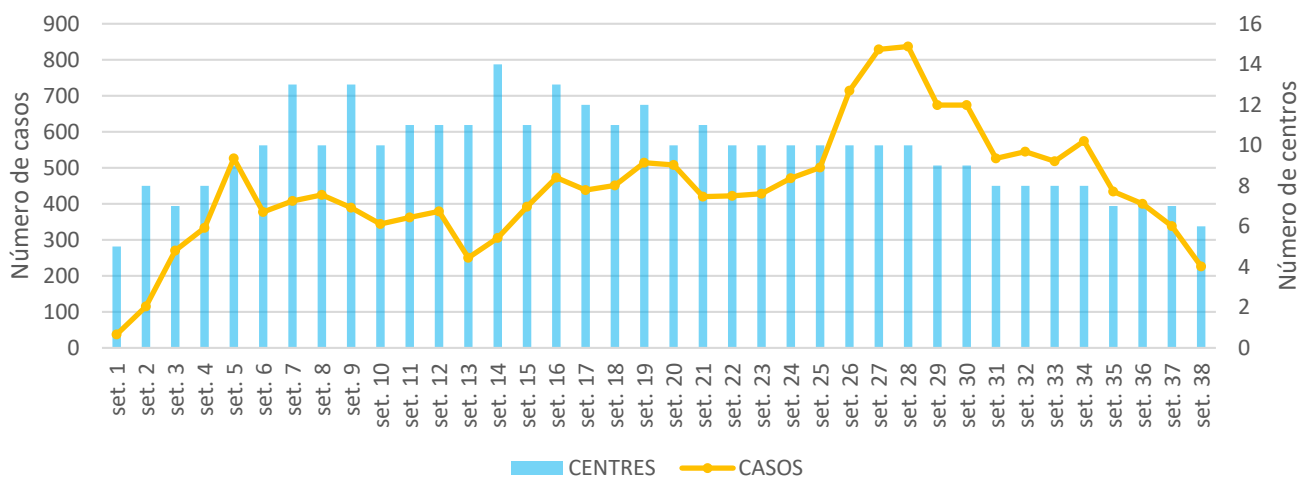
Las variables epidemiológicas analizadas han sido las siguientes: edad, sexo, semana de diagnóstico y servicio de vigilancia epidemiológica (SVE).

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

Durante el periodo de estudio **se han secuenciado 16.827 casos**. El número de secuenciaciones ha aumentado en las primeras semanas, con un pico máximo durante

la semana 28 (837 casos) (figura 1). Entre las semanas 1 y 27, el número de secuenciaciones semanales ha estado entre 37 y 829, respectivamente. Los datos de la semana 38, con 226 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 - 26 de septiembre de 2021

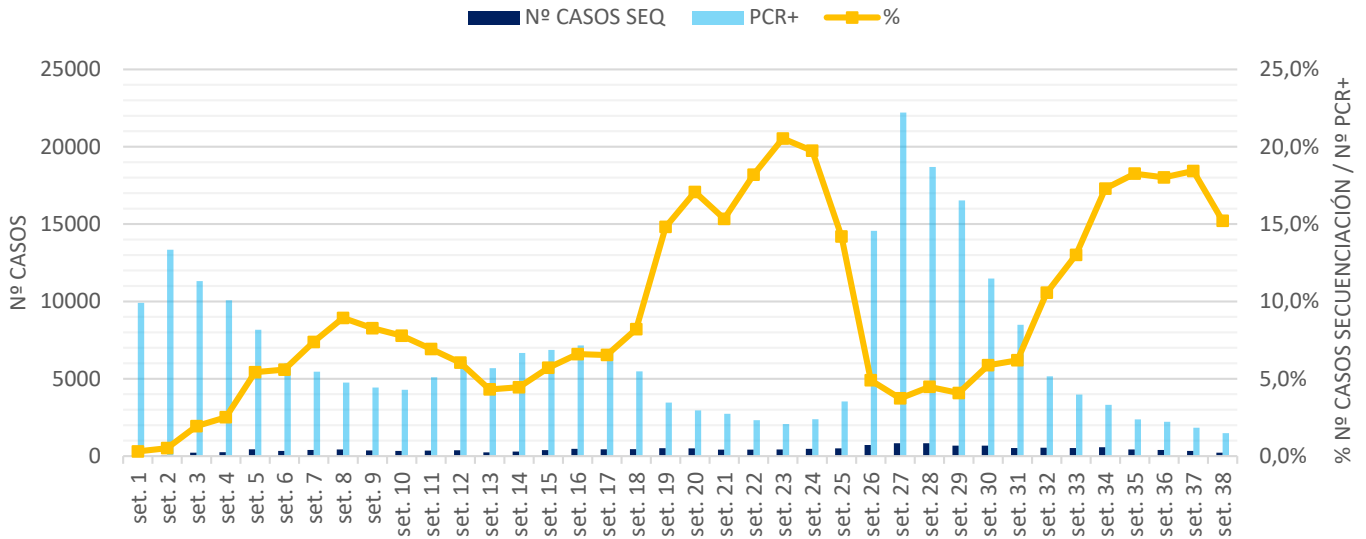


Fuente: Sistema de Notificación Microbiológica de Cataluña. Subdirección General de Vigilancia y Respuesta a Emergencias de Salud Pública. Secretaría de Salud Pública.

De las 16.827 muestras analizadas, se ha realizado la secuenciación completa al 97,7% y la parcial, al 2,3%.

Durante las semanas 36 (6-12 de septiembre), 37 (13-19 de septiembre) y 38 (20-26 de septiembre) se ha realizado la secuenciación completa de los casos de SARS-CoV-2 positivos por PCR en 400 muestras (18,0%), 338 muestras (18,4%) y 226 muestras (15,2%) 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 - 26 de septiembre de 2021



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

La secuenciación ha sido muy heterogénea entre los SVE y ha ido cambiando a lo largo de los meses. Durante el mes de septiembre, los SVE con más porcentaje de secuenciación con respecto a casos de SARS-CoV-2 con PCR positiva han sido el Barcelonès Nord-Maresme (29,8%), seguido de Girona (22,9%) y de Barcelona Zona Sud (14,0%) (tabla1).

Tabla1. Número de casos de SARS-CoV-2 secuenciados y porcentaje por SVE y mes de diagnóstico. Cataluña, 4 de enero - 26 de septiembre de 2021

MES	Barcelona Zona Sud		Barcelonès Nord - Maresme		Catalunya Central		Ciutat Barcelona		Girona		Lleida		Tarragona		Terres de l'Ebre		Vallès	
	CASOS	%	CASOS	%	CASOS	%	CASOS	%	CASOS	%	CASOS	%	CASOS	%	CASOS	%	CASOS	%
Gener	20	0,2	154	2,8	19	0,6	226	2,4	8	0,2	2	0,1	15	0,4	28	3,8	88	1,1
Febrer	204	4,9	449	12,1	62	2,6	416	9,2	81	4,2	49	2,8	63	6,3	21	10,6	224	4,8
Març	147	4,4	278	11,0	154	5,7	476	10,8	84	4,0	98	4,7	7	0,7	1	1,1	300	5,9
Abril	265	6,6	228	9,8	196	6,7	386	7,9	98	2,7	82	3,0	11	0,7	2	0,6	380	5,9
Maig	301	12,4	364	25,9	171	11,8	365	13,4	243	10,7	53	5,9	28	2,4	5	2,5	394	12,9
Juny	238	8,9	443	19,8	170	21,4	462	10,5	184	18,5	74	16,7	41	4,3	17	8,9	381	10,0
Juliol	327	2,3	434	4,7	202	6,9	1152	5,3	299	6,0	141	4,5	84	1,8	14	2,2	377	2,5
Agost	370	9,0	441	14,5	181	11,6	395	8,7	368	16,3	148	13,6	123	8,7	13	4,0	209	5,3
Setembre	159	14,0	249	29,8	86	7,9	130	9,2	223	22,9	48	8,2	53	10,5	26	11,0	182	13,6

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

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

La **variante alfa**, que pertenece al linaje **B.1.1.7**, se detectó por primera vez en Reino Unido en septiembre de 2020. Tiene unas 17 mutaciones, de las cuales 9 se encuentran en el gen S. Entre las que más preocupan, se encuentra 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). Eso, junto con la mutación N501Y, puede afectar a la unión del virus a la célula. Esta variante desplazó al resto de variantes circulantes en Sudáfrica desde el mes de noviembre. El primer caso notificado en Cataluña fue diagnosticado el 19 de enero de 2021.

A principios de enero de 2021, Japón notificó una nueva variante, la **variante gamma**, que pertenece al linaje **P.1**. Presenta 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 de 2021 se notificó el primer caso de **B.1.617.2**.

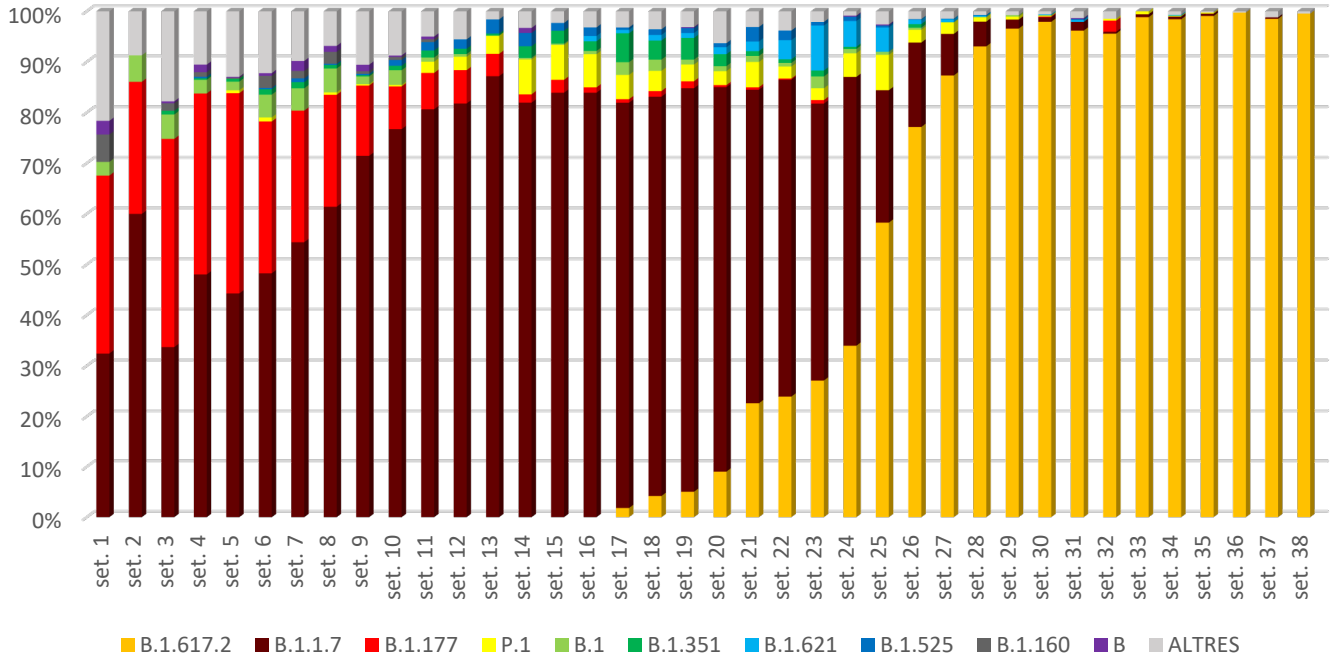
Del total de casos secuenciados desde el 4 de enero (16.827 casos), el 87,3% (n = 14.688) han sido VOC (alfa, beta, gamma o delta) y el 12,7% (n = 2.139) VOI.

La variante alfa ha sido la más frecuente hasta la semana 34 (6.476 casos). Al inicio del 2021 se observa un aumento progresivo de los casos con un pico máximo la semana 19 (410 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. El último caso se detectó durante la semana 32 (figura 3).

Desde la semana 27 no se ha detectado ningún caso de variante beta y, desde la semana 36 no se ha detectado ningún caso de variante gamma.

Los primeros casos de la variante delta se detectaron durante la semana 17 (8 casos). Desde entonces, ha presentado un crecimiento notable, ha superado a la variante alfa la semana 25 e incluso la ha desplazado (figura 3). Desde entonces, la variante delta es la variante predominante en todo el territorio, con 225 casos notificados durante la semana 38 (tabla 2).

Figura 3. Porcentaje de los casos de los 10 linajes y variantes del SARS-CoV-2 más frecuentes por semana. Cataluña, 4 de enero - 26 de septiembre de 2021



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

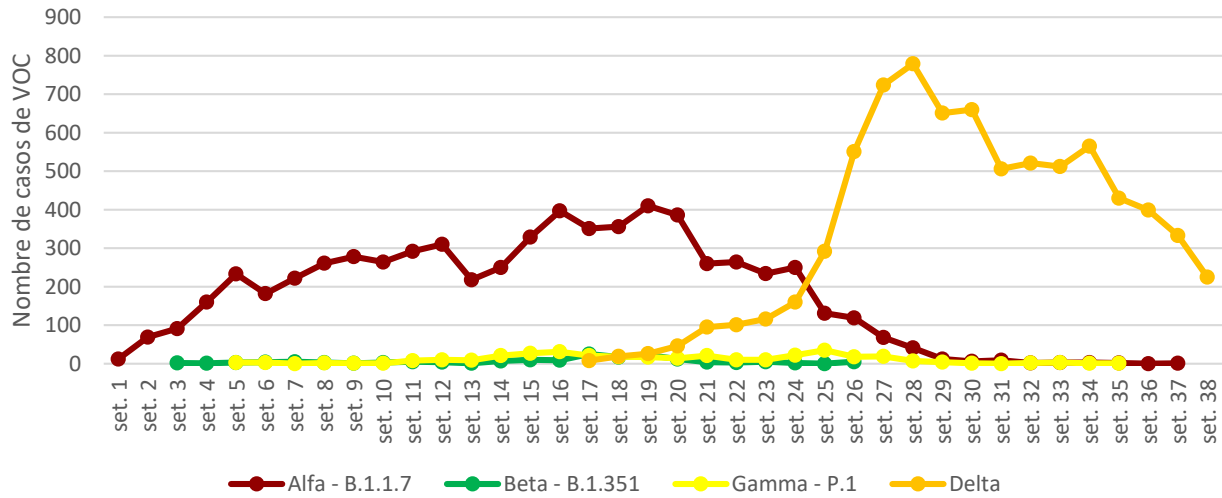
Durante las seis últimas semanas se observa la variante delta mayoritaria respecto de las otras variantes, que presentan entre ninguno y 5 casos por semana; no obstante, se observa una bajada en el número de casos a lo largo del tiempo a causa del menor número de casos SARS-CoV-2 positivos (tabla 2).

Tabla 2. Número de casos de SARS-CoV-2 según variantes durante las seis últimas semanas epidemiológicas. Cataluña, 4 de enero - 26 de septiembre de 2021

	B.1.617.2		B.1.1.7		B.1.621.1		P.1		P.1.7		B.1.575		B.1.621		TOTAL
	N	%	N	%	N	%	N	%	N	%	N	%	N	%	
set. 33	512	98,8%	3	0,6%	0	0,0%	3	0,6%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	518
set. 34	565	98,4%	3	0,5%	0	0,0%	1	0,2%	3	0,5%	1	0,2%	1	0,2%	574
set. 35	430	99,1%	2	0,5%	0	0,0%	1	0,2%	0	0,0%	1	0,2%	0	0,0%	434
set. 36	399	99,8%	0	0,0%	1	0,3%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	400
set. 37	333	98,5%	1	0,3%	3	0,9%	0	0,0%	1	0,3%	0	0,0%	0	0,0%	338
set. 38	225	99,6%	0	0,0%	1	0,4%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	226

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 - 26 de septiembre de 2021



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

A partir de la semana 30 se empezó a detectar sublinajes de la variante delta; actualmente, se han identificado 16 sublinajes, de los 38 sublinajes definidos. Durante la semana 38, el sublinaje AY.4 ha sido el más frecuente, con 56 casos de un total de 86 casos de los sublinajes identificados, lo que representa un 65,1%, seguido del AY.5, con el 15,1% (tabla 3).

Tabla 3. Número de casos por cada sublinaje de la variante delta. Cataluña, 4 de enero - 26 de septiembre de 2021

SUBLLINATGES - DELTA

	Δ - AY.3		Δ - AY.4		Δ - AY.5		Δ - AY.6		Δ - AY.7.1		Δ - AY.7.2		Δ - AY.9		Δ - AY.10	
	CASOS	%	CASOS	%	CASOS	%	CASOS	%	CASOS	%	CASOS	%	CASOS	%	CASOS	%
set. 33	0	0,0%	143	65,6%	7	3,2%	3	1,4%	12	5,5%	0	0,0%	7	3,2%	2	0,9%
set. 34	2	0,9%	110	52,1%	6	2,8%	4	1,9%	24	11,4%	1	0,5%	12	5,7%	0	0,0%
set. 35	0	0,0%	57	43,5%	13	9,9%	2	1,5%	0	0,0%	0	0,0%	15	11,5%	0	0,0%
set. 36	0	0,0%	76	59,4%	21	16,4%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	7	5,5%	0	0,0%
set. 37	0	0,0%	202	87,8%	11	4,8%	0	0,0%	0	0,0%	3	1,3%	8	3,5%	0	0,0%
set. 38	0	0,0%	56	65,1%	13	15,1%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	1	1,2%	0	0,0%

SUBLLINATGES - DELTA

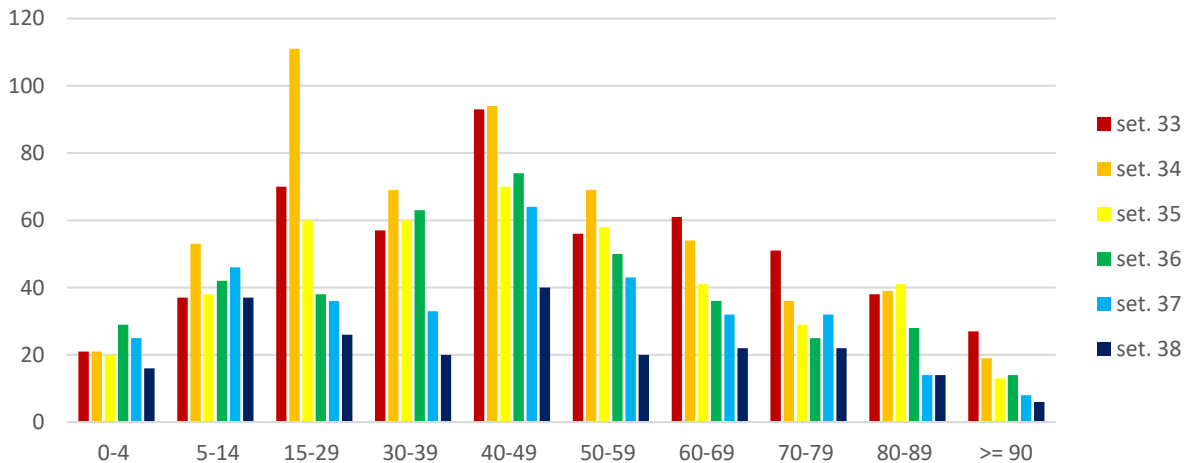
Δ - AY.12		Δ - AY.15		Δ - AY.19		Δ - AY.20		Δ - AY.22		Δ - AY.23		Δ - AY.24		Δ - AY.25		TOTAL
CASOS	%	CASOS	%	CASOS	%	CASOS	%	CASOS	%	CASOS	%	CASOS	%	CASOS	%	
27	12,4%	0	0,0%	1	0,5%	0	0,0%	0	0,0%	10	4,6%	0	0,0%	6	2,8%	218
31	14,7%	0	0,0%	0	0,0%	2	0,9%	0	0,0%	5	2,4%	6	2,8%	8	3,8%	211
19	14,5%	1	0,8%	1	0,8%	1	0,8%	2	1,5%	14	10,7%	4	3,1%	2	1,5%	131
14	10,9%	0	0,0%	1	0,8%	0	0,0%	1	0,8%	8	6,3%	0	0,0%	0	0,0%	128
3	1,3%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	2	0,9%	0	0,0%	1	0,4%	230
4	4,7%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	12	14,0%	0	0,0%	0	0,0%	86

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

En el análisis de las variantes **en función del sexo**, no se encuentra mucha diferencia entre hombres y mujeres, donde el rango del porcentaje de casos las últimas seis semanas (SE33-SE39) es de 48,9%-55,9% en mujeres y del 44,1%-51,1% en hombres.

Con respecto a los grupos de edad, se observa un aumento de casos la semana 34 principalmente en el grupo de 15-29 años. En estas últimas semanas, ha disminuido el número de casos casi en todos los grupos de edad. Durante la semana 38, los grupos de edad con un número de casos más elevado son el de 40-49 años y el de 5-14 años (figura 5).

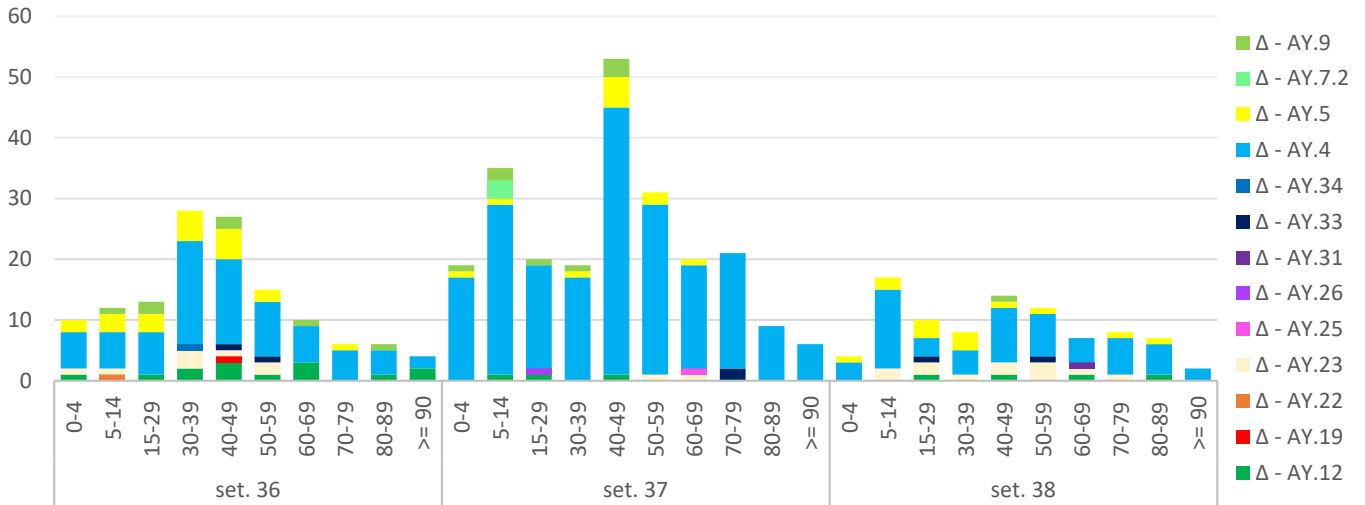
Figura 5. Número de casos de SARS-CoV-2 por delta y grupo de edad. Cataluña, 4 de enero - 26 de septiembre de 2021



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

En función de la edad y de los sublinajes, el grupo de 40-49 años presenta más variedad de sublinajes la semana 36 ($n = 7$), el grupo de 5-14 años la semana 37 y los grupos de 15-29 y 40-49 la semana 38 ($n = 5$) (figura 6).

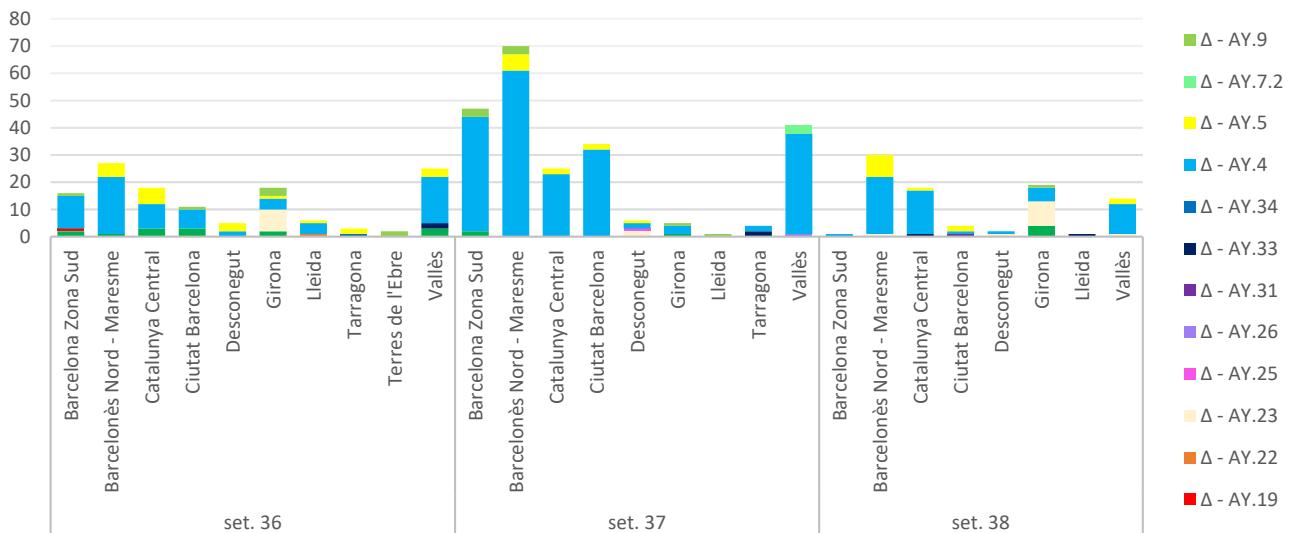
Figura 6. Número de casos de SARS-CoV-2 por sublinajes delta y SVE. Cataluña, 4 de enero - 26 de septiembre de 2021



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

En el ámbito territorial, se observa un número más elevado de casos del sublinaje AY.4 en el Barcelonès Nord-Maresme, en la Catalunya Central y en el Vallès durante la semana 38. Con respecto al sublinaje AY.5, se observa un mayor número de casos en el Barcelonès Nord-Maresme. Girona es el SVE con más casos de AY.23 (figura 7).

Figura 7. Número de casos de SARS-CoV-2 por sublinajes delta y SVE. Cataluña, 4 de enero - 26 de septiembre de 2021



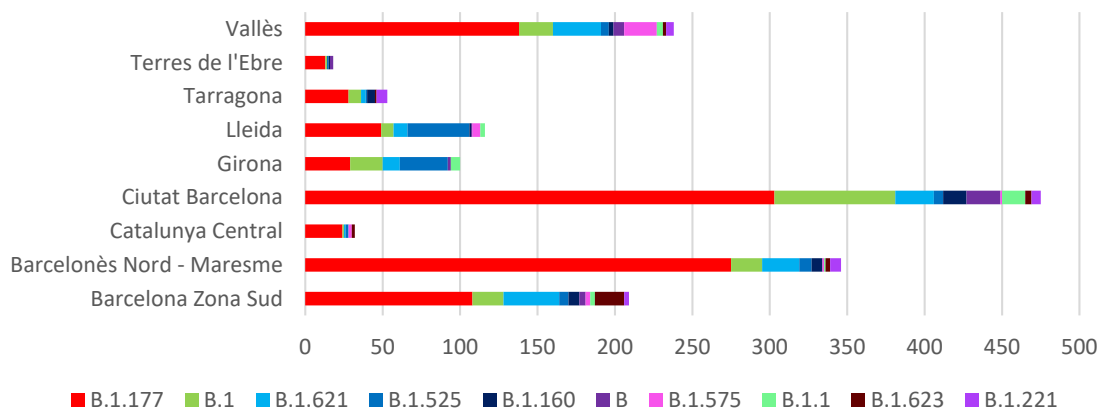
*Otras CA (n = 13)

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

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

Desde el 4 de enero, la variante B.1.177 ha sido la VOI más frecuente, con un 46,5% (995 casos), seguida del linaje B.1 (8,5%; 182 casos) y B.1.621 (7,1%; 152 casos) (tabla 4). Por SVE, Barcelona concentra la mayoría de los casos de la B.1.177 y de B.1 (figura 8).

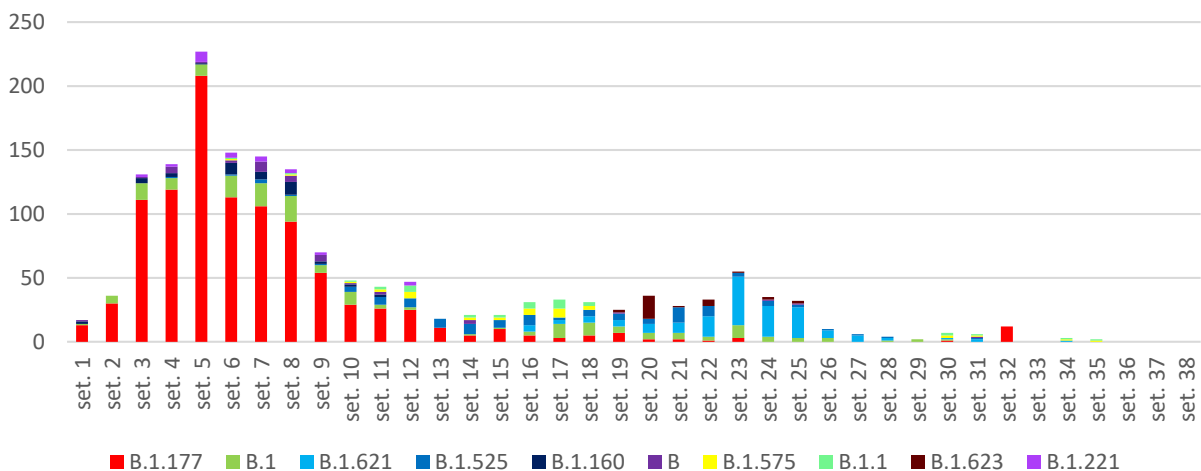
Figura 8. Número de casos de los 10 linajes por VOI de SARS-CoV-2 más frecuentes por SVE. Cataluña, 4 de enero - 26 de septiembre de 2021



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

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 (figura 9).

Figura 9. Número de casos de los 10 linajes por VOI de SARS-CoV-2 más frecuentes por semanas. Cataluña, 4 de enero - 26 de septiembre de 2021





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

VOI y otros linajes circulantes

*Tabla 4. VOI y otras variantes circulantes.
 Cataluña, 4 de enero - 26 de septiembre de 2021*

LINAJE	CASOS	% CASOS	LINAJE	CASOS	% CASOS
A	4	0,2%	B.1.177.22	27	1,3%
A.2	1	0,0%	B.1.177.29	1	0,0%
A.2.5	1	0,0%	B.1.177.31	1	0,0%
A.21	4	0,2%	B.1.177.32	4	0,2%
A.27	17	0,8%	B.1.177.4	3	0,1%
A.3	1	0,0%	B.1.177.40	1	0,0%
B	38	1,8%	B.1.177.43	1	0,0%
B.1	182	8,8%	B.1.177.62	1	0,0%
B.1.1	34	1,6%	B.1.177.7	2	0,1%
B.1.1.116	3	0,1%	B.1.177.81	2	0,1%
B.1.1.121	1	0,0%	B.1.195	1	0,0%
B.1.1.122	1	0,0%	B.1.2	1	0,0%
B.1.1.126	4	0,2%	B.1.221	28	1,4%
B.1.1.134	1	0,0%	B.1.221.1	1	0,0%
B.1.1.141	4	0,2%	B.1.222	1	0,0%
B.1.1.143	1	0,0%	B.1.235	6	0,3%
B.1.1.15	1	0,0%	B.1.258	7	0,3%
B.1.1.152	8	0,4%	B.1.280	2	0,1%
B.1.1.161	2	0,1%	B.1.331	1	0,0%
B.1.1.222	6	0,3%	B.1.36	4	0,2%
B.1.1.238	1	0,0%	B.1.36.31	3	0,1%
B.1.1.242	1	0,0%	B.1.361	17	0,8%
B.1.1.250	5	0,2%	B.1.378	1	0,0%
B.1.1.26	5	0,2%	B.1.393	2	0,1%
B.1.1.269	8	0,4%	B.1.401	1	0,0%
B.1.1.28	10	0,5%	B.1.416	3	0,1%
B.1.1.285	5	0,2%	B.1.416.1	15	0,7%
B.1.1.29	12	0,6%	B.1.427	4	0,2%
B.1.1.296	1	0,0%	B.1.441	2	0,1%
B.1.1.313	1	0,0%	B.1.469	2	0,1%
B.1.1.318	2	0,1%	B.1.525	102	4,9%
B.1.1.33	1	0,0%	B.1.526	9	0,4%
B.1.1.348	2	0,1%	B.1.530	1	0,0%
B.1.1.38	3	0,1%	B.1.551	1	0,0%
B.1.1.397	2	0,1%	B.1.5575.1	1	0,0%



LINAJE	CASOS	% CASOS	LINAJE	CASOS	% CASOS
B.1.1.420	4	0,2%	B.1.561	1	0,0%
B.1.1.44	1	0,0%	B.1.575	34	1,6%
B.1.1.487	4	0,2%	B.1.575.1	12	0,6%
B.1.1.519	4	0,2%	B.1.596	2	0,1%
B.1.1.523	5	0,2%	B.1.617.1	5	0,2%
B.1.1.64	1	0,0%	B.1.620	4	0,2%
B.1.1.74	28	1,4%	B.1.621	152	7,4%
B.1.1.77	2	0,1%	B.1.621.1	13	0,6%
B.1.1.85	1	0,0%	B.1.623	31	1,5%
B.1.111	3	0,1%	B.10	1	0,0%
B.1.128	1	0,0%	B.31	1	0,0%
B.1.153	2	0,1%	B.40	3	0,1%
B.1.160	41	2,0%	C.36	2	0,1%
B.1.166	1	0,0%	C.37	12	0,6%
B.1.177	995	48,1%	N.5	1	0,0%
B.1.177.1	1	0,0%	P.1.1	2	0,1%
B.1.177.10	3	0,1%	P.1.2	8	0,4%
B.1.177.14	4	0,2%	P.1.7	21	1,0%
B.1.177.15	21	1,0%	P.2	2	0,1%
B.1.177.18	1	0,0%	P.4	1	0,0%
B.1.177.21	2	0,1%	R.1	3	0,1%
			TOTAL	2.068	100,0%

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



ANEXO 1. CENTROS NOTIFICADORS

SECUENCIACIÓN

Banco de Sangre y Tejidos

Hospital Clínico

Hospital Joan XXIII

Hospital Universitario de Bellvitge

Hospital Universitario de Girona Doctor Josep Trueta

Hospital Universitario Germans Trias i Pujol

Hospital Universitario Vall d'Hebron

Laboratorio de Referencia de Cataluña

CRIBADO DE LA VARIANTE DELTA

Althaia (Red Asistencial Universitaria de Manresa)

CATLAB

Hospital Clínico

Hospital Joan XXIII

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

Principales variantes de preocupación (VOC) para la salud pública

VARIANTE	MUTACIONES MÁS RELEVANTES	IMPACTO POTENCIAL PARA LA SALUD PÚBLICA	DISPERSIÓN GEOGRÁFICA
B.1.1.7 (alfa)	N501Y, del 69-70, P681H, Y144 del, A540D	Aumento de la transmisibilidad. Posible incremento de la gravedad y la letalidad. Efecto escaso sobre la inmunidad.	Fue predominante en Europa y en otros países como Israel. Aumento rápido a escala global. Actualmente ha disminuido la frecuencia de manera muy importante ante el aumento de la variante delta.
B.1.351 (beta)	N501Y, E484K, K417N, L18F, A701V, del ORF1b	Probable aumento de la transmisibilidad. Reducción de la efectividad de algunas vacunas.	Llegó a predominar en Sudáfrica. Actualmente ha sido sustituida por la variante delta. Casos en numerosos países europeos, pero no ha llegado a desplazar a otras variantes.
P.1 (gamma)	S: N501Y, E484K, K417T, del ORF1b	Probable aumento de la transmisibilidad y escape moderado a la respuesta inmunitaria.	Dominante en la América del Sur, especialmente en Brasil. Actualmente en retroceso ante el aumento de la variante delta. Baja frecuencia en países europeos.
B.1.617.2 (delta) y linajes AY	L452R, P618R	Aumento de la transmisibilidad. Disminución de la efectividad vacunal Posible incremento de la gravedad.	Expansión inicial en la India. Mayoritaria en Europa y globalmente en el momento actual.

Variantes de interés (VOI)

VARIANTE	MUTACIONES MÁS RELEVANTES	IMPACTO POTENCIAL PARA LA SALUD PÚBLICA	DISPERSIÓN GEOGRÁFICA
B.1.427/B.1.429 (épsilon)	L425R, S13I, W152C	Más transmisibilidad y leve a moderado escape a la respuesta inmunitaria respecto de las variantes previas.	Aumento al noviembre-diciembre en California. Pocos casos en países europeos.
P.2 (zeta)	E484K	Mutaciones compatibles con el escape a la respuesta inmunitaria respecto de las variantes previas.	Brasil (Río de Janeiro). Casos aislados en otros países, relacionados con viajes.
B.1.525 (eta)	E484K, F888L, del 69-70, Q677H	Mutaciones compatibles con el escape a la respuesta inmunitaria respecto de las variantes previas. Puede dar positivo en	Dinamarca, Reino Unido, Países Bajos, Noruega, EE.UU., Canadá. Países relacionados con Nigeria.



VARIANTE	MUTACIONES MÁS RELEVANTES	IMPACTO POTENCIAL PARA LA SALUD PÚBLICA	DISPERSIÓN GEOGRÁFICA
		el cribado para SGTF.	
B.1.526 (iota)	E484K, A701V D253G	Mutaciones compatibles con el escape a la respuesta inmunitaria respecto de las variantes previas.	Expansión rápida en el área metropolitana de Nueva York.
B.1.617.1 (kappa)	L452R, P618R, E484Q	Mutaciones relacionadas con un posible aumento de la transmisibilidad y el escape a la inmunidad.	Detectada por primera vez en la India. La mayoría de los casos detectados en otros países son importados.
C.37 (lambda)	L452Q, G75V, T76I, F490S, D614G, T859N	Mutaciones posiblemente relacionadas con un aumento de la transmisibilidad y escape a la respuesta inmunitaria respecto de las variantes previas.	Expansión en Perú en los meses de mayo y junio. También en otros países sudamericanos, como Chile o Argentina.
B.1.1.7 con E484K	Similar a B.1.1.7 y E484K	Similar a la variante B.1.1.7 y escape a la respuesta inmunitaria.	Detectada por primera vez en Reino Unido: casos aislados en otros países.
B.1.621 (mu)	R346K, E484K, N501Y	Mutaciones compatibles con un aumento de la transmisibilidad y escape a la respuesta inmunitaria respecto de las variantes previas.	Descrita por primera vez en Colombia, donde sigue representando un porcentaje importante de casos.
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 Reino Unido. Pocos casos en otros países.

Tabla basada en: [Actualización de la situación epidemiológica de las variantes de SARS-CoV-2 de importancia en salud pública en España](#). Fecha: 6 de septiembre de 2021.

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

Agradecimientos: a los profesionales de la Red del Sistema de Notificación Microbiológica de Cataluña (SNMC) y de la Red de Vigilancia Epidemiológica de Cataluña (XVEC).

Fuente: Sistema de Notificación Microbiológica de Cataluña y TAGA-COVID-19 Servicio de Prevención y Control de Enfermedades Emergentes.

Subdirección General de Vigilancia y Respuesta a Emergencias de Salud Pública.