

INFORME DE VIGILANCIA DE LAS VARIANTES GENÓMICAS DEL CORONAVIRUS SARS-CoV-2 EN CATALUÑA. Semana 41 - 2021 (11 de octubre de 2021 - 17 de octubre de 2021)

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

Resumen de lo más destacado

Durante la **semana 39**, se han secuenciado **155 casos**, lo que representa el **9,3%** del total de casos de coronavirus SARS-CoV-2 con PCR positiva. El **100,0%** 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 34-35, los grupos de edad con más frecuencia de afectación han sido los de 15-29 y 40-49 años, y durante las semanas 38-39 han sido los grupos de 40-49 años y 5-14 años.
- Durante las semanas 34-39, el número más elevado de casos se ha concentrado en Girona, seguido del Barcelonès Nord-Maresme y Barcelona Zona Sud.
- De los 55 casos de la variante delta en los que se ha diferenciado el sublinaje la semana 39, el 54,5% 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; llegando al pico de 80,6% (475 casos) de las muestras secuenciadas durante la semana 18. La semana 25 fue desplazada por la variante delta. Durante las semanas 34-39, se han notificado 6 casos.
- **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 (40 casos). Durante las semanas 34-39 se han notificado 2 casos.

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

- Durante las seis últimas semanas (semana 34-39) el sublinaje más frecuente es el B.1.621 (mu): 1 caso de B.1.621 y 5 casos de B.1.621.1.

Cribado

Según los resultados del cribado, el porcentaje de casos compatibles con la variante delta fue del 99,2% la semana 41 (130 casos) y del 95,7% la semana 40 (178 casos).

Todos los virus, incluido el SARS-CoV-2, cambian constantemente a través de mutaciones que confieren pequeñas diferencias genéticas. Una variante genética del coronavirus SARS-CoV-2 tiene una o más mutaciones que la diferencian de las otras variantes circulantes. La mayoría de las mutaciones no tienen ningún impacto o tienen poco con respecto a cambios en el desarrollo de la enfermedad. No obstante, de todas las mutaciones, las que más preocupan son las que afectan al gen que codifica por la proteína de la espícula, la proteína S, ya que es la que interacciona con el receptor celular ACE2 (enzima convertidora de la angiotensina) y que puede afectar a su transmisibilidad. Esta proteína es la más expuesta y la más antigénica, sobre la cual actúan los anticuerpos. Por lo tanto, es importante controlar el número de mutaciones y los genes afectados.

La vigilancia de las variantes del SARS-CoV-2 tiene interés para la salud pública, ya que estas pueden tener más transmisibilidad, ser más virulentas y ocasionar que la enfermedad sea más grave o que tenga más mortalidad, o también pueden escapar del efecto de los anticuerpos adquiridos después de una infección natural o de la vacunación. Así pues, es importante conocer las variantes que se encuentran en cada territorio con el fin de saber la prevalencia de las variantes circulantes, la situación epidemiológica y evaluar las medidas de salud pública que se tengan que tomar en caso necesario.

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

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

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

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

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

Con esta finalidad, la Subdirección General de Vigilancia y Respuesta a Emergencias de Salud Pública coordina la vigilancia de las variantes del SARS-CoV-2 con los laboratorios que realizan secuenciación (parcial o completa) del genoma del coronavirus SARS-CoV-2. Las secuenciaciones y los cribados de los casos las han realizado los centros que constan en el anexo 1 y los resultados 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 95,7% (178 casos la semana 40 (4 de octubre - 10 de octubre 2021) y del 99,2% (130 casos, 4) la semana 41 (11 de octubre - 17 de octubre 2021).

Desde el 4 de enero hasta el 3 de octubre de 2021 (semana 39) 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.

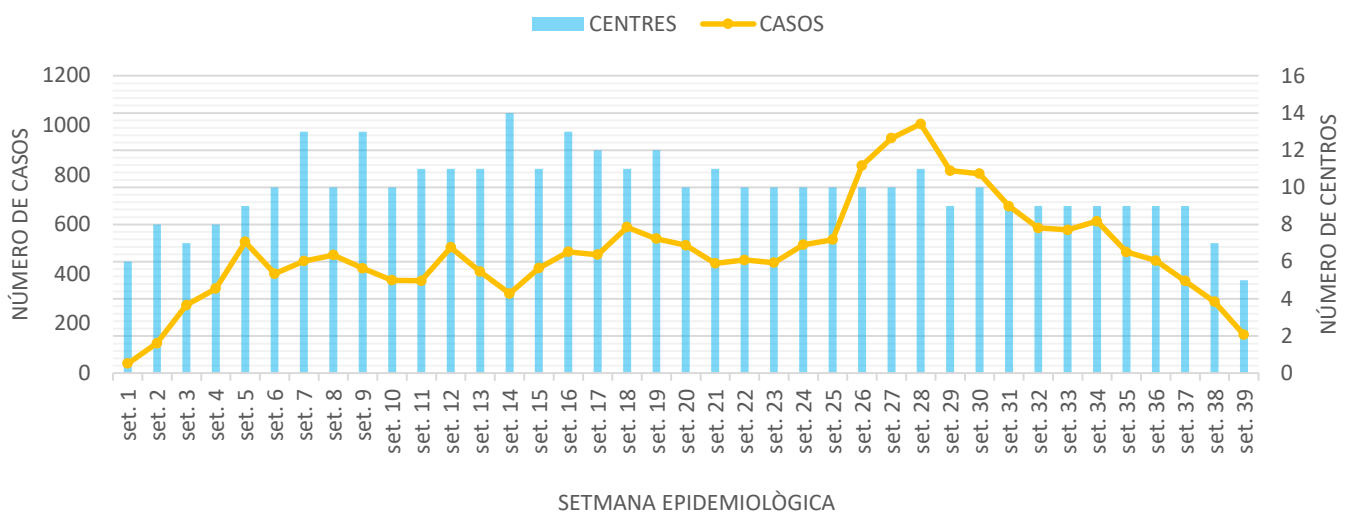
Las variables epidemiológicas analizadas han sido las siguientes: edad, sexo, semana de diagnóstico y servicio de vigilancia epidemiológica (SVE).

Los casos notificados 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 19.112 casos**. El número de secuenciaciones ha aumentado en las primeras semanas, con un pico máximo durante

la semana 28 (1.006 casos) (figura 1). Entre las semanas 1 y 27, el número de secuenciaciones semanales ha estado entre 39 y 948, respectivamente. Los datos de la semana 39, con 155 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 - 3 de octubre de 2021

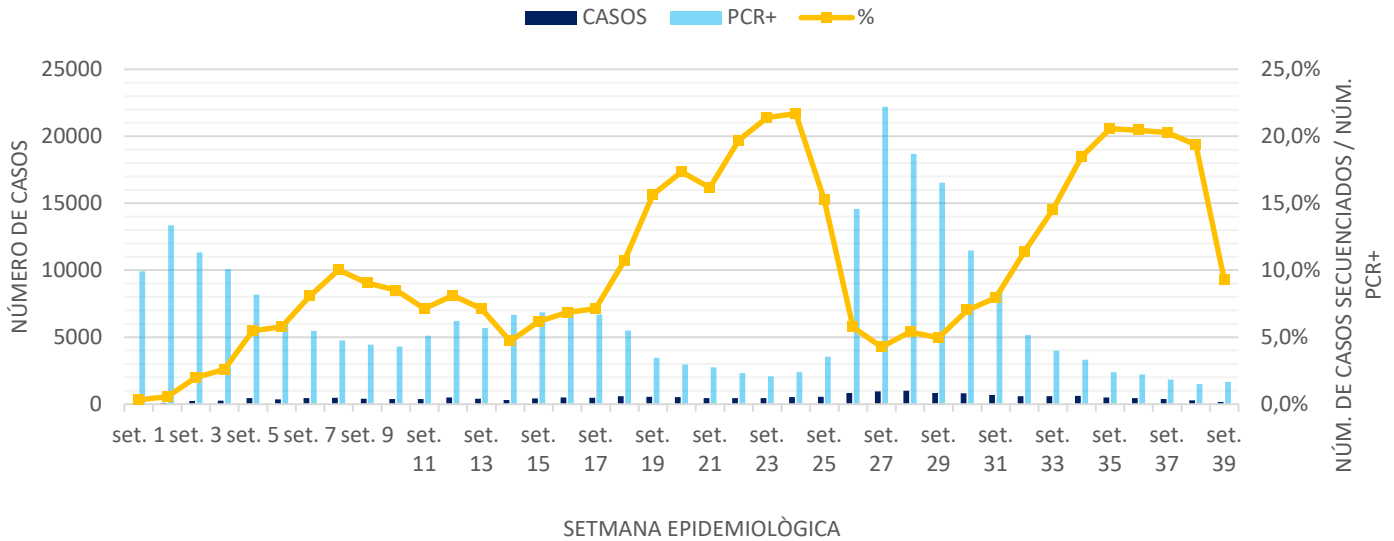


Fuente: Sistema de Notificación Microbiológica de Cataluña. Subdirección General de Vigilancia y Respuesta a Emergencias de Salud Pública. Secretaría de Salud Pública.

De las 19.112 muestras analizadas, se ha realizado la secuenciación completa al 97,9% y la parcial, al 2,1%.

Durante las semanas 37 (13-19 de septiembre), 38 (20-3 de octubre) y 39 (27 de septiembre - 3 de octubre) se ha realizado la secuenciación completa de los casos de SARS-CoV-2 positivos por PCR en 372 muestras (20,3%), 288 muestras (19,4%) y 155 muestras (9,3%) 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 - 3 de octubre 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 octubre, los SVE con más porcentaje de secuenciación con respecto a casos de SARS-CoV-2 con PCR positiva han sido la Cataluña Central (6,2%), seguido de Barcelona Ciutat (1,1%) (tabla 1).

Tabla 1. Número de casos de SARS-CoV-2 secuenciados y porcentaje por SVE y mes de diagnóstico. Cataluña, 4 de enero - 3 de octubre de 2021

	Barcelona Zona Sud		Barcelonès Nord - Maresme		Catalunya Central		Ciutat Barcelona		Girona		Lleida		Tarragona		Terres de l'Ebre		Vallès	
	CASOS	%	CASOS	%	CASOS	%	CASOS	%	CASOS	%	CASOS	%	CASOS	%	CASOS	%	CASOS	%
gener	66	0,7	167	3,0	19	0,6	357	3,8	10	0,3	2	0,1	16	0,4	28	3,8	96	1,2
febrer	244	5,8	467	12,6	97	4,1	538	11,9	84	4,3	50	2,8	64	6,4	21	10,6	254	5,4
març	207	6,1	369	14,6	186	6,9	537	12,2	97	4,6	99	4,7	14	1,4	3	3,3	380	7,5
abril	277	6,9	258	11,1	215	7,3	411	8,4	107	3,0	82	3,0	19	1,1	15	4,5	414	6,5
maig	307	12,7	426	30,3	181	12,5	408	15,0	248	11,0	53	5,9	35	3,0	8	4,0	459	15,0
juny	241	9,0	504	22,6	170	21,4	490	11,1	185	18,6	74	16,7	41	4,3	17	8,9	449	11,8
juliol	328	2,4	871	9,5	206	7,0	1160	5,4	300	6,0	142	4,6	91	1,9	15	2,4	524	3,5
agost	373	9,1	623	20,5	182	11,7	417	9,2	368	16,3	148	13,6	174	12,3	13	4,0	262	6,6
setembre	230	20,3	260	31,1	99	9,0	174	12,3	289	29,7	50	8,5	100	19,7	32	13,6	219	16,4
octubre	0	0,0	0	0,0	18	6,2	4	1,1	0	0,0	0	0,0	1	0,5	0	0,0	0	0,0

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 en la célula. Esta variante desplazó al resto de variantes circulantes a Sudáfrica desde el mes de noviembre. El primer caso notificado en Cataluña fue diagnosticado el 19 de enero de 2021.

A principios de enero de 2021, Japón notificó una nueva variante, la **variante gamma**, que pertenece al linaje **P.1**. Presenta 17 mutaciones de las cuales 10 están en el gen S, y entre las cuales hay la mutación N501Y y la E484K, que, como la variante beta, tiene la mutación K417T, pero con un cambio de T (treonina), en lugar de N (asparagina, en la variante beta) (anexo 2). El primer caso en Cataluña registrado en el SNMC fue el 5 de febrero del 2021.

La **variante delta (B.1.617.2)** fue detectada por primera vez en la India en octubre del 2020. Presenta unas 13-15 mutaciones, de las cuales destacan la mutación E484Q, en la misma posición que la mutación E484K (presente en las variantes beta y gamma), y la mutación L452R (presente también en la variante épsilon, B.1.427/B.1.429). En Cataluña, el 16 de abril del 2021 se notificó el primer caso de **B.1.617.2**.

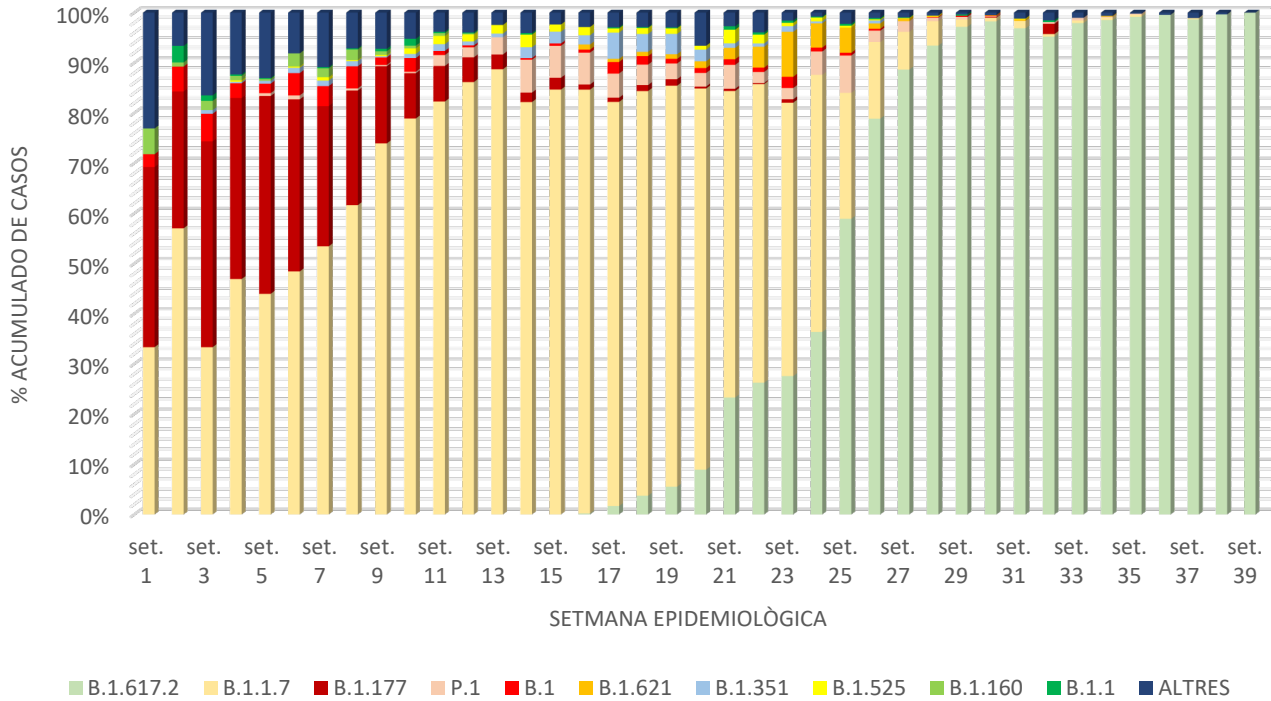
Del total de casos secuenciados desde el 4 de enero (19.112 casos), el 87,9% (n = 16.797) han sido VOC (alfa, beta, gamma o delta) y el 12,1% (n = 2.315) VOI.

La variante alfa ha sido la más frecuente hasta la semana 34 (7.166 casos). Al inicio del 2021 se observa un aumento progresivo de los casos con un pico máximo la semana 18 (475 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 de esta variante se detectó durante la semana 32 (figura 3).

Desde la semana 27 no se ha detectado ningún caso de variante beta. Respecto de la variante gamma, se han detectado 2 casos durante las semanas 34-39.

Los primeros casos de la variante delta se detectaron durante la semana 17 (8 casos). Desde entonces, ha presentado un crecimiento notable, ha superado la variante alfa la semana 25 e, incluso lo ha desplazado (figura 3). Desde entonces, la variante delta es la variante predominante en todo el territorio, con 155 casos notificados durante la semana 39 (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 - 3 de octubre de 2021



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

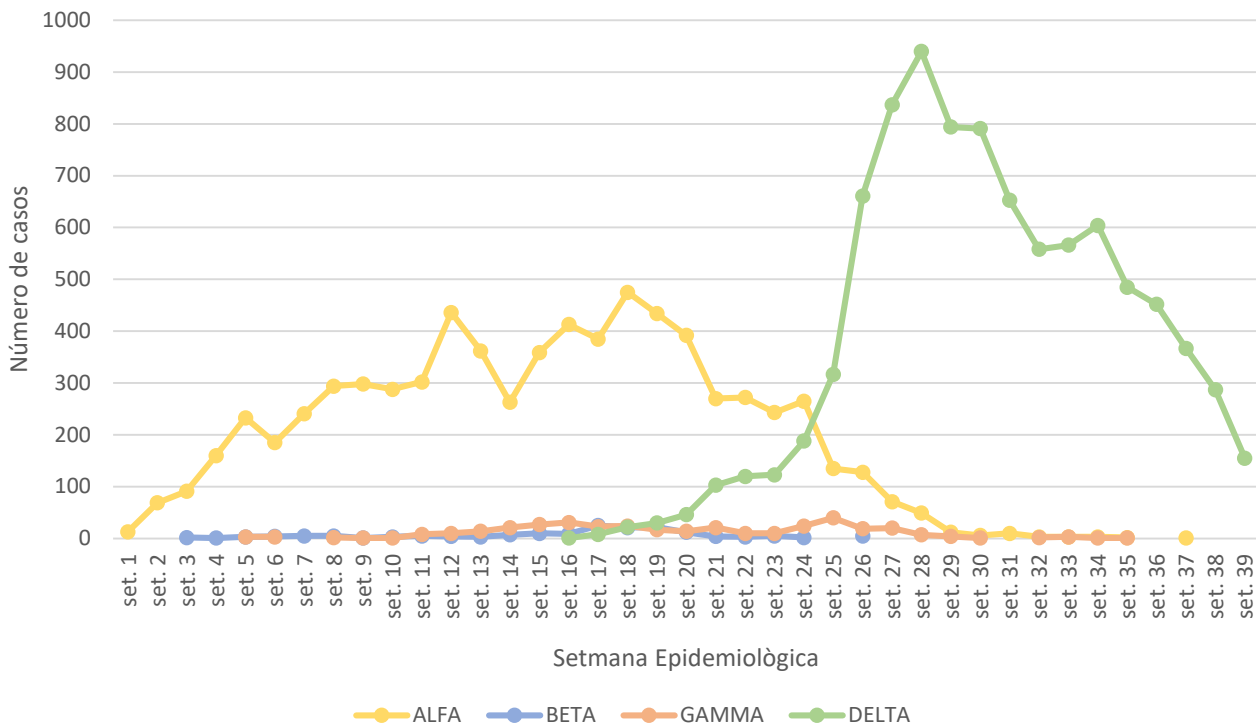
Durante las seis últimas semanas, se observa la variante delta mayoritaria respecto de las otras variantes, que presentan entre 0 y 3 casos por semana; no obstante, se observa una bajada en el número de casos a lo largo del tiempo, a causa del menor número de casos SARS-CoV-2 positivos (tabla 2).

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

	B.1.617.2		B.1.1.7		B.1.621.1		P.1.7		P.1		B.1.575		B.1.551		B.1.621		TOTAL
	CASOS	%	CASOS	%	CASOS	%	CASOS	%	CASOS	%	CASOS	%	CASOS	%	CASOS	%	
set. 34	604	98,5%	3	0,5%	0	0,0%	3	0,5%	1	0,2%	1	0,2%	0	0,0%	1	0,2%	613
set. 35	485	99,2%	2	0,4%	0	0,0%	0	0,0%	1	0,2%	1	0,2%	0	0,0%	0	0,0%	489
set. 36	452	99,6%	0	0,0%	1	0,2%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	1	0,2%	0	0,0%	454
set. 37	367	98,7%	1	0,3%	3	0,8%	1	0,3%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	372
set. 38	287	99,7%	0	0,0%	1	0,3%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	288
set. 39	155	100,0%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	155

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

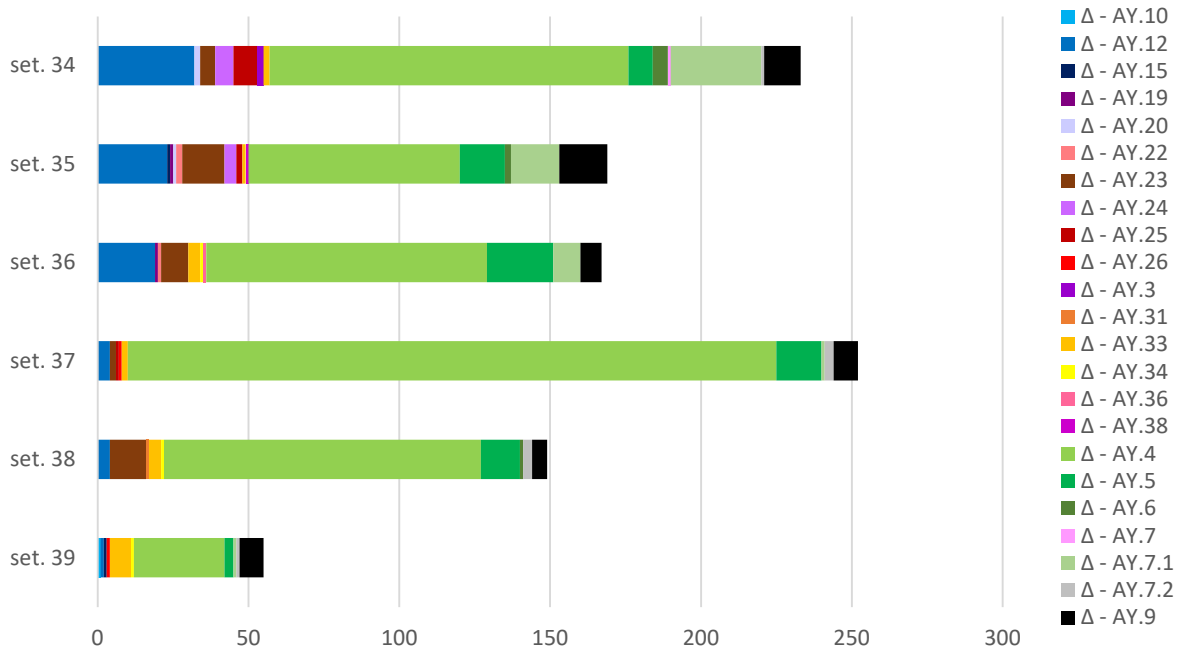
Figura 4. Número de casos de SARS-CoV-2 por VOC y semana. Cataluña, 4 de enero - 3 de octubre de 2021



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

A partir de la semana 30 se empezó a detectar sublinajes de la variante delta; actualmente, se han identificado más de 23 sublinajes en Cataluña, de los 38 sublinajes definidos. Durante la semana 39, el sublinaje AY.4 ha sido el más frecuente, con 30 casos de un total de 55 casos de sublinajes identificados, lo que representa el 54,5%, seguido del AY.9, con el 14,5% (8 casos) (figura 5).

Figura 5. Número de casos de cada sublinaje de la variante delta en función de la semana. Cataluña, 4 de enero - 3 de octubre de 2021

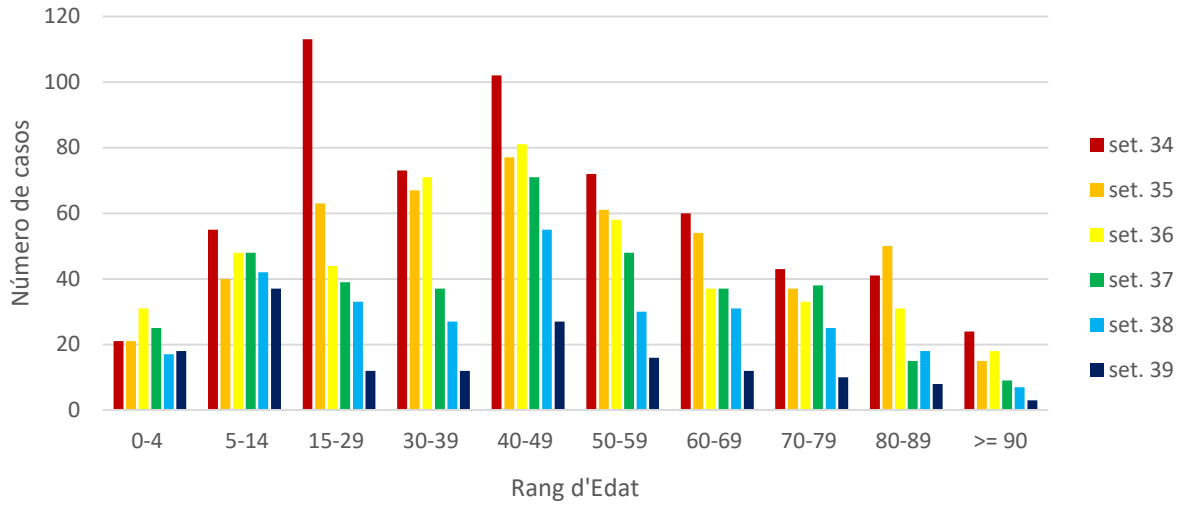


Fuente: Sistema de Notificación Microbiológica de Cataluña. Subdirección General de Vigilancia y Respuesta a Emergencias de Salud Pública. Secretaría de Salud Pública.

En el análisis de las variantes **en función del sexo**, no se encuentra mucha diferencia entre hombres y mujeres, donde el rango del porcentaje de casos en las últimas seis semanas (SE34-SE39) es del 50,2%-54,8% en mujeres y del 45,2%-49,8% 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, han disminuido el número de casos casi en todos los grupos de edad. Durante la semana 39, los grupos de edad con un número de casos más elevado son el de 40-49 años y el de 5-14 años (figura 6).

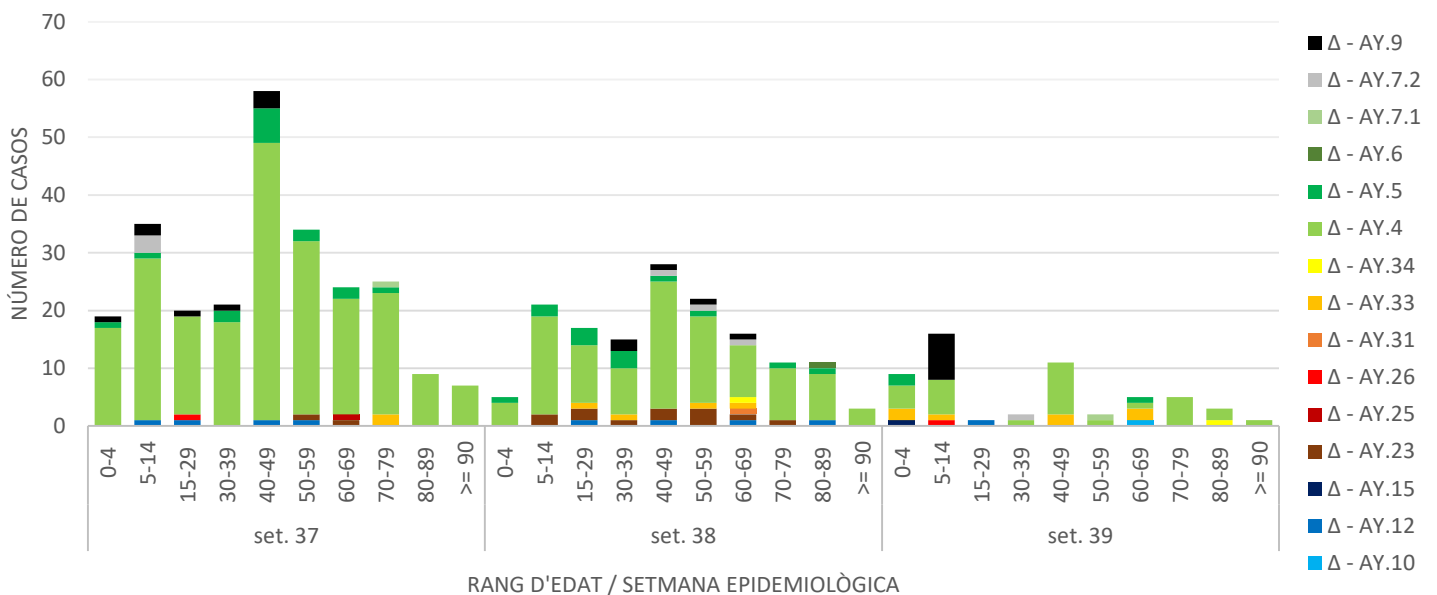
Figura 6. Número de casos de SARS-CoV-2 por delta y grupo de edad. Cataluña, 4 de enero - 3 de octubre de 2021



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

En general, el sublinaje AY.4 es el más frecuente en todos los grupos de edad. Durante la semana 39 destaca el grupo de edad de 5 a 14 años, ya que presenta 4 sublinajes diferentes de los cuales el AY.9 (8 casos) supera en frecuencia el AY.4 (6 casos), seguido de los AY.26 (1 caso) y AY.33 (1 caso) (figura 7).

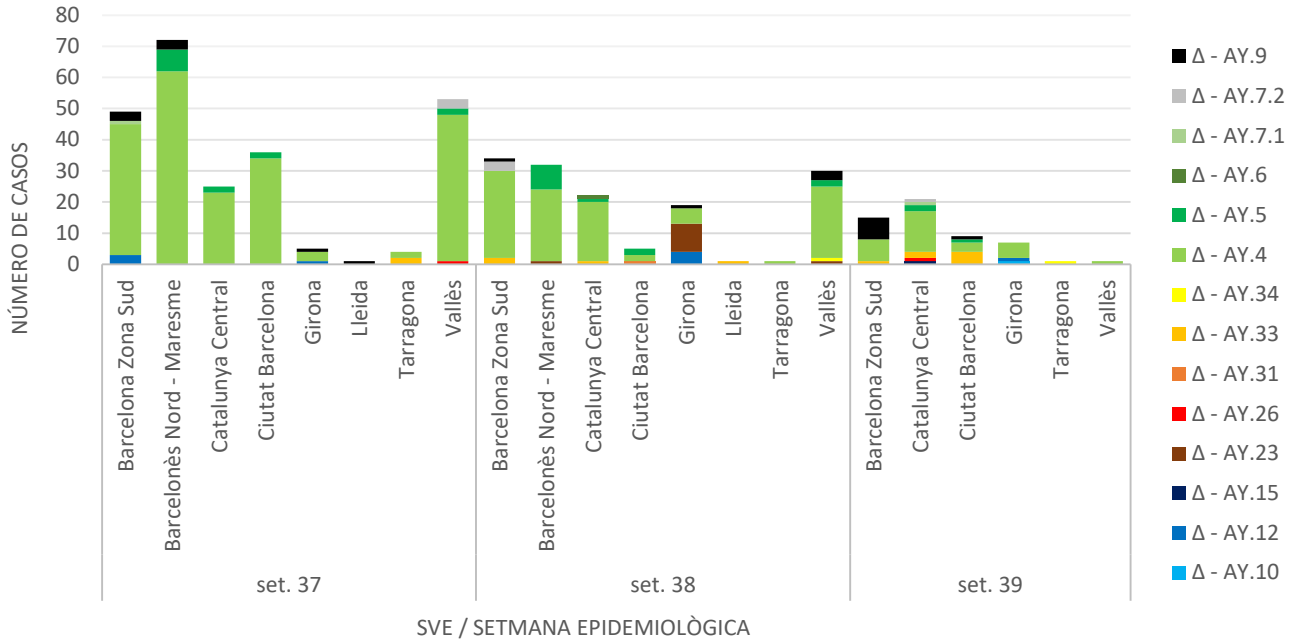
Figura 7. Número de casos de SARS-CoV-2 por sublinajes delta según grupo de edad y semana. Cataluña, 4 de enero - 3 de octubre de 2021



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 de forma generalizada. Durante la semana 39 destaca la variedad de sublinajes en la Cataluña Central (7 sublinajes). Barcelona Zona Sud destaca por presentar el AY.9 y AY.4 con el mismo número de casos (7 casos) del total de 15 casos (figura 8).

Figura 8. Número de casos de SARS-CoV-2 por sublinajes delta y SVE. Cataluña, 4 de enero - 3 de octubre de 2021

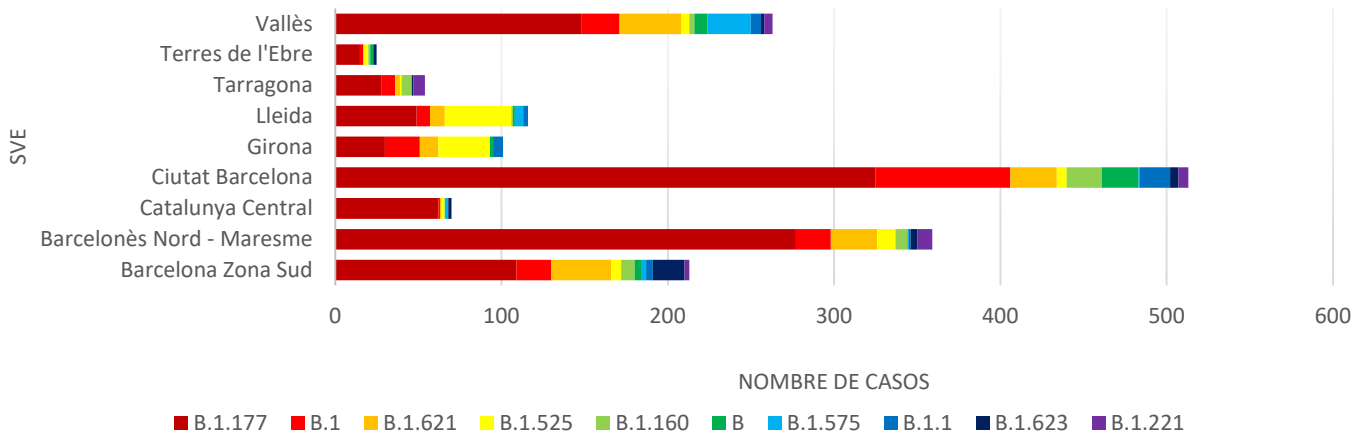


Fuente: Sistema de Notificación Microbiológica de Cataluña. Subdirección General de Vigilancia y Respuesta a Emergencias de Salud Pública. Secretaría de Salud Pública.

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

Desde el 4 de enero, la variante B.1.177 ha sido la VOI más frecuente, con un 48,1% (1.043 casos), seguida del linaje B.1 (8,6%; 186 casos), y B.1.621 (7,1%; 153 casos). Por SVE, Barcelona concentra la mayoría de los casos de la B.1.177 y de B.1 (figura 9).

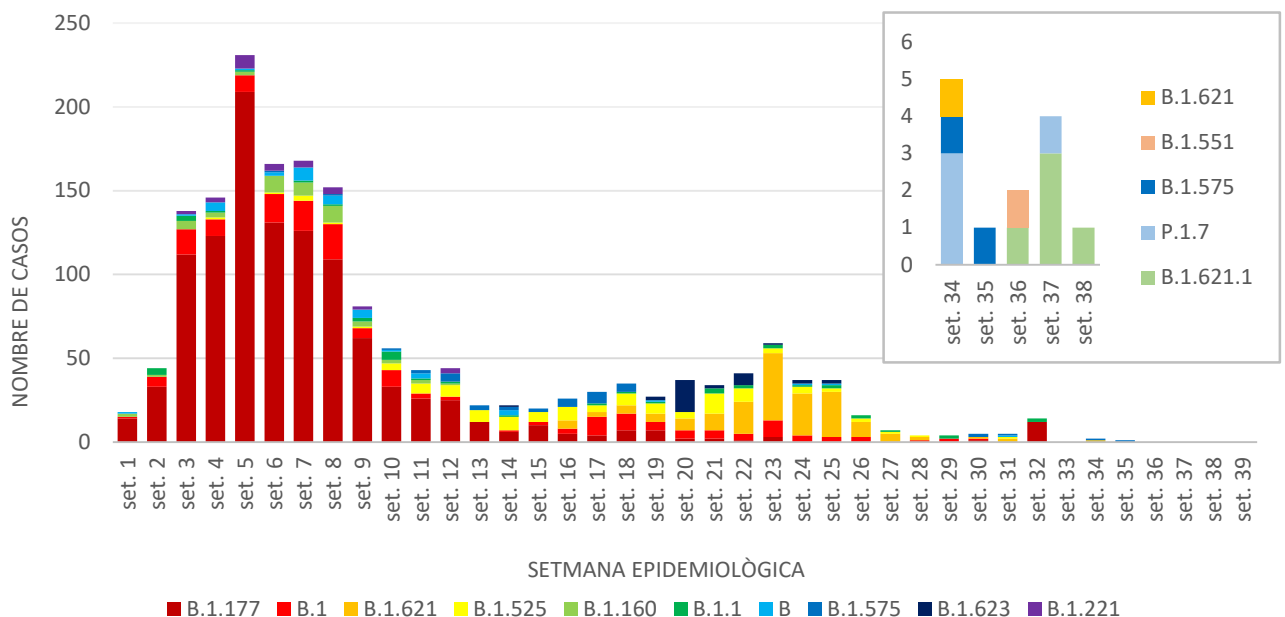
Figura 9. Número de casos de los 10 linajes de SARS-CoV-2 más frecuentes por SVE. Cataluña, 4 de enero - 3 de octubre de 2021



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 a las semanas 23-25. Durante las últimas semanas se han detectado 6 casos (1 caso de B.1.621 y 5 casos de B.1.621.1), 4 casos de los cuales en el SVE Tarragona, 1 caso en Barcelona Sud y 1 caso en Lleida) (figura 10).

Figura 10. Número de casos de los 10 linajes de SARS-CoV-2 más frecuentes por semanas. Cataluña, 4 de enero - 3 de octubre 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 3. VOI y otras variantes circulantes.
 Cataluña, 4 de enero - 3 de octubre 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%
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%



LINAJE	CASOS	% CASOS	LINAJE	CASOS	% CASOS
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 NOTIFICADORES

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 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 India. Mayoritaria en Europa y globalmente en el momento actual.

Variantes de interés (VOI)

VARIANTE	MUTACIONES MÁS RELEVANTES	IMPACTO POTENCIAL PARA LA SALUD PÚBLICA	DISPERSIÓN GEOGRÁFICA
C.37 (lambda)	L452Q, G75V, T76I, F490S, D614G, T859N	Mutaciones posiblemente relacionadas con un aumento de la transmisibilidad y escape a la respuesta inmunitaria respecto de las variantes previas.	Expansión en el Perú los meses de mayo y junio. También en otros países sudamericanos, como Chile o Argentina.
B.1.621 (mu)	R346K, E484K, N501Y	Mutaciones compatibles con 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.

Tabla basada en: [Actualización de la situación epidemiológica de las variantes de SARS-CoV-2 de preocupación \(VOC\) e interés \(VOI\) en salud pública en España](#). Fecha: 18 de octubre del 2021.



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

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

Fuente: Sistema de Notificación Microbiológica de Cataluña y TAGA-COVID-19
Servicio de Prevención y Control de Enfermedades Emergentes.
Subdirección General de Vigilancia y Respuesta a Emergencias de Salud Pública.