

INFORME DE VIGILANCIA DE LAS VARIANTES GENÓMICAS DEL CORONAVIRUS SARS-CoV-2 EN CATALUÑA. Semana 43 - 2021 (25 de octubre de 2021 - 31 de octubre de 2021)

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

Resumen de lo más destacado

Durante la **semana 41**, se han secuenciado **125 casos**, lo que representa el **12,0%** del total de casos de coronavirus SARS-CoV-2 con PCR positiva. El **98,4%** 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 36-41, el grupo de edad con más frecuencia de afectación ha sido el de 40-49 años, y durante la semana 41 han sido los grupos de 40-49 años y 5-14 años.
- Durante las semanas 36-41, el número más elevado de casos se ha concentrado en Girona, seguido del Vallès y del Barcelonès Nord-Maresme.
- De los 123 casos de la variante delta, en los que se ha diferenciado el sublinaje la semana 41, el 42,4% son de sublinaje AY.4
- Entre las semanas 36-41 se han detectado 10 casos del sublinaje AY.4.2.

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 80,5% (490 casos) de las muestras secuenciadas durante la semana 18. La semana 25 fue desplazada por la variante delta. Durante las semanas 36-41, se ha notificado 1 caso.
- **Beta:** la variante beta presentó un pico de casos las semanas 17 (36 casos) y 18 (23 casos). El último caso se notificó durante la semana 32.
- **Gamma:** la variante gamma presentó un pico de casos la semana 25 (42 casos). El último caso se notificó durante la semana 35.

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

- Durante las semanas 36-41, el linaje más frecuente es el B.1.621 (mu) con 7 casos (2 casos 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 99,5% la semana 43 (184 casos) y del 99,3% (147 casos) la semana 42.

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 hacen secuenciación (parcial o completa) del genoma del coronavirus SARS-CoV-2. Las secuenciaciones y los cribados de los casos los han realizado los centros que constan en el anexo 1 y los resultados de estos se han notificado al Sistema de Notificación Microbiológica de Cataluña (SNMC). Para más información del procedimiento, se puede consultar el protocolo [Vigilancia de nuevas variantes de SARS-CoV-2: integración de la secuenciación genómica del SARS-CoV-2 en el sistema de vigilancia en Cataluña](#).

Según los **resultados de cribado** 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 99,5% (184 casos) la semana 43 (25-31 de octubre 2021) y del 99,3% (147 casos) la semana 42 (18-24 de octubre 2021).

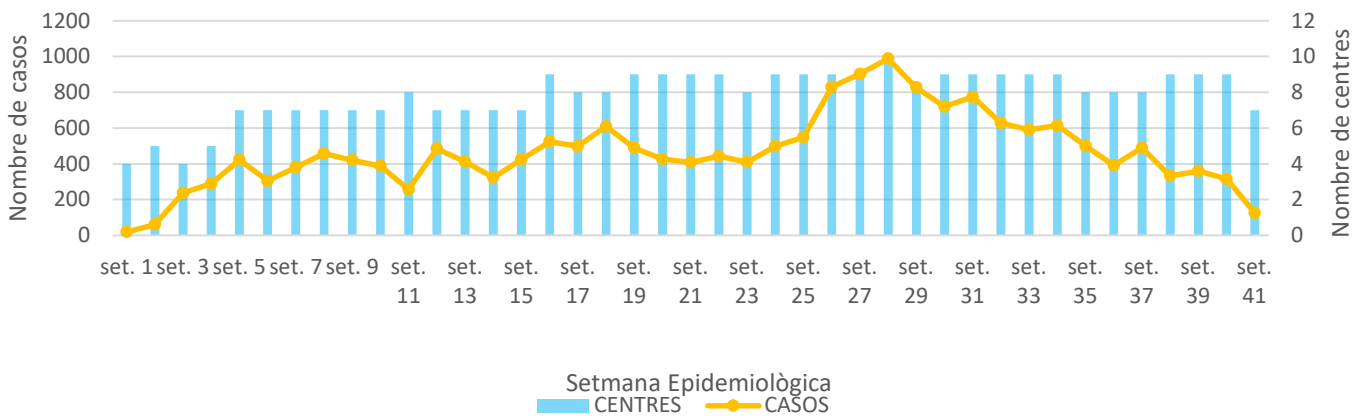
Desde el 4 de enero hasta el 17 de octubre de 2021 (semana 41) se han analizado los **casos secuenciados notificados** por los centros de forma individualizada de las variantes del SARS-CoV-2. Hay que tener en cuenta que los resultados de secuenciación se notifican con unos 15 días de retraso desde el diagnóstico.

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

Los casos notificados se han extraído del repositorio VARCO y están validados, depurados y contrastados con los casos confirmados por PCR obtenidos del registro TAGA-COVID-19.

Durante el periodo de estudio **se han secuenciado 19.127 casos**. El número de secuenciaciones ha aumentado en las primeras semanas, con un pico máximo durante la semana 28 (988 casos) (figura 1). Entre las semanas 1 y 27, el número de secuenciaciones semanales ha estado entre 20 y 903, respectivamente. Los datos de la semana 41, con 125 casos secuenciados, son provisionales, dado que hay centros que las notifican con retraso.

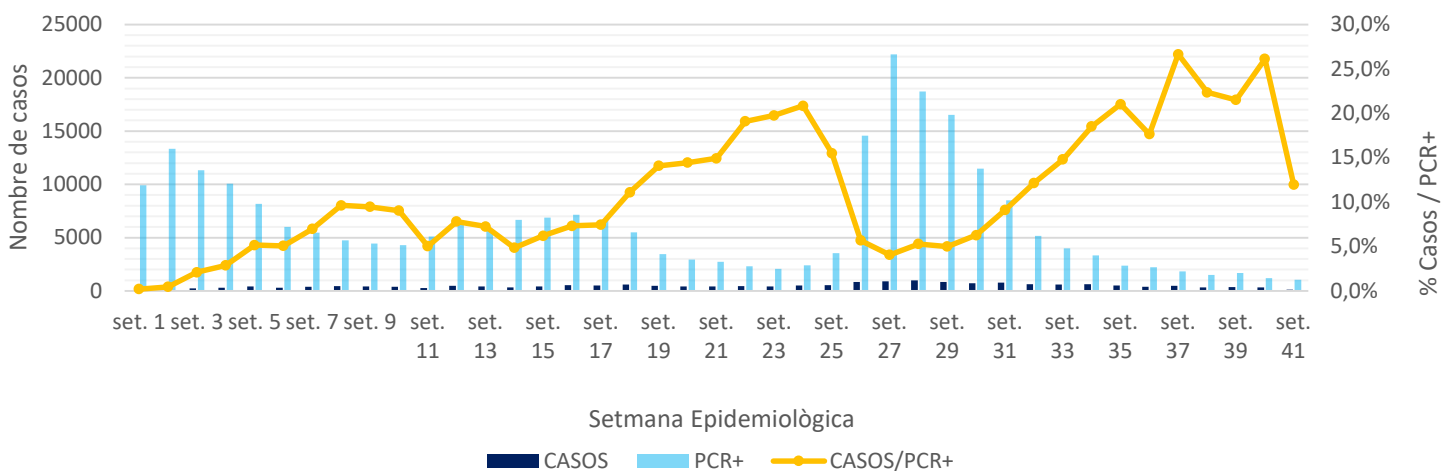
Figura 1. Número de casos de SARS-CoV-2 secuenciados por número de centros declarantes. Cataluña, 4 de enero - 17 de octubre de 2021



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

Durante las semanas 39 (27 de septiembre - 3 de octubre), 40 (4 - 17 de octubre) y 41 (11 - 17 de octubre) se ha realizado la secuenciación completa de los casos de SARS-CoV-2 positivos por PCR en 360 muestras (21,5%), 316 muestras (26,1%) y 125 muestras (12,0%) 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 - 17 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.

El porcentaje de secuenciación ha sido muy heterogéneo entre los SVE y ha ido cambiando a lo largo de los meses. Durante el mes de octubre, el SVE con más porcentaje de secuenciación con respecto a casos de SARS-CoV-2 con PCR positiva ha sido Girona (17,5%), seguido de la Catalunya Central (12,6%) (tabla 1).

Tabla 1. Número de casos de SARS-CoV-2 secuenciados y porcentaje por SVE y mes de diagnóstico. Cataluña, 4 de enero - 17 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	31	0,3	131	2,4	0	0,0	187	2,0	5	0,2	0	0,0	10	0,3	0	0,0	80	1,0
Febrer	232	5,5	437	11,8	63	2,7	401	8,9	60	3,1	46	2,6	10	1,0	3	1,5	232	4,9
Març	185	5,5	366	14,5	140	5,2	462	10,5	89	4,2	98	4,7	20	2,0	7	7,8	354	7,0
Abril	279	6,9	260	11,2	184	6,3	396	8,1	115	3,2	79	2,9	18	1,1	14	4,2	414	6,5
Maig	292	12,1	415	29,5	152	10,5	326	12,0	170	7,5	46	5,1	37	3,1	9	4,5	468	15,3
Juny	237	8,8	507	22,7	140	17,6	413	9,4	228	22,9	66	14,9	41	4,3	19	9,9	476	12,5
Juliol	330	2,4	924	10,1	203	6,9	1190	5,5	259	5,2	34	1,1	79	1,7	15	2,4	540	3,6
Agost	375	9,1	753	24,8	184	11,8	445	9,8	427	18,9	23	2,1	165	11,7	11	3,3	276	6,9
Setembre	254	22,4	332	39,7	98	9,0	210	14,8	281	28,9	43	7,3	111	21,9	9	3,8	336	25,2
Octubre	61	9,2	43	9,4	66	12,6	70	9,8	123	17,5	68	12,4	20	5,1	4	1,5	69	8,8

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

Motivos de secuenciación

De los casos secuenciados de los que ha sido notificado el tipo de secuenciación (16.494 casos), el 68,8% ha sido aleatorio y el 31,2% no aleatorio. De estos últimos, el motivo de secuenciación no aleatorio más frecuente ha sido “vacunación”, con 3.544 casos (68,9%).

Durante las semanas 36-41, el motivo de secuenciación no aleatorio más frecuente ha sido “vacunación” (71,0%-91,2%), seguido de “brote” (3,3%-22,6%) (tabla 2).

Tabla 2. Motivo de secuenciación no aleatoria por los casos de las últimas 6 semanas.
Cataluña, 4 de enero - 17 de octubre de 2021

MOTIU SEQÜENCIACIÓ NO ALEATÒRIA	set. 36		set. 37		set. 38		set. 39		set. 40		set. 41	
	CASOS	%	CASOS	%	CASOS	%	CASOS	%	CASOS	%	CASOS	%
Altres	1	1,1%	0	0,0%	1	0,8%	1	0,9%	0	0,0%	0	0,0%
Antecedent de viatge a països endèmics	0	0,0%	1	0,5%	2	1,6%	0	0,0%	1	1,4%	1	3,2%
Brot	3	3,3%	16	7,9%	10	7,8%	10	8,8%	8	10,8%	7	22,6%
Cas greu (ingrés hospitalari)	1	1,1%	1	0,5%	2	1,6%	0	0,0%	1	1,4%	0	0,0%
Sospita reinfecció	3	3,3%	4	2,0%	6	4,7%	6	5,3%	3	4,1%	1	3,2%
Vacunat	83	91,2%	180	89,1%	108	83,7%	96	85,0%	61	82,4%	22	71,0%
TOTAL	91	100%	202	100%	129	100%	113	100%	74	100%	31	100%

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). Eso, junto con la mutación N501Y, puede afectar a la unión del virus a la célula. Esta variante desplazó al resto de variantes circulantes a Sudáfrica desde el mes de noviembre. El primer caso notificado en Cataluña fue diagnosticado el 19 de enero de 2021.

A principios de enero de 2021, Japón notificó una nueva variante, la **variante gamma**, que pertenece al linaje **P.1**. Presenta 17 mutaciones de las cuales 10 están en el gen S,

y entre las cuales hay la mutación N501Y y la E484K, que, como la variante beta, tiene la mutación K417T, pero con un cambio de T (treonina), en lugar de N (asparagina, en la variante beta) (anexo 2). El primer caso en Cataluña registrado en el SNMC fue el 5 de febrero del 2021.

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

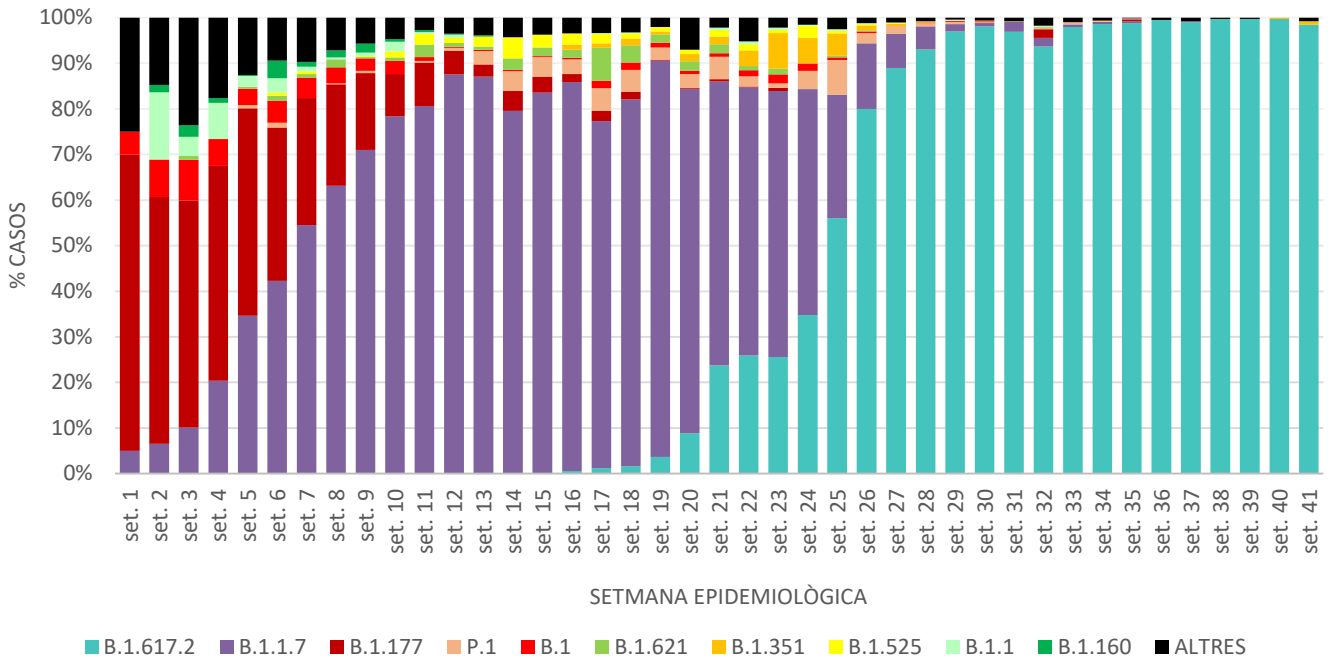
Del total de casos secuenciados desde el 4 de enero (19.127 casos), el 87,7% (n = 16.781) han sido VOC (alfa, beta, gamma o delta) y el 12,3% (n = 2.346) VOI.

La variante alfa ha sido la más frecuente hasta la semana 24 (6.534 casos). Al inicio del 2021 se observa un aumento progresivo de los casos con un pico máximo la semana 18 (490 casos), y la semana 20 disminuyen de forma importante (figuras 3 y 4). En contrapartida, los casos de la variante B.1.177, más presente al inicio del 2021, han ido disminuyendo a lo largo de las semanas. El último caso de esta variante se detectó durante la semana 32 (figura 3).

Desde la semana 33 no se ha detectado ningún caso de variante beta. Respecto de la variante gamma, no se ha detectado ningún caso desde la semana 35.

Los primeros casos de la variante delta se detectaron durante la semana 16 (3 casos). Desde entonces, ha presentado un crecimiento notable, ha superado 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 123 casos notificados durante la semana 41 (tabla 3).

Figura 3. Porcentaje de los casos de los 10 linajes y variantes del SARS-CoV-2 más frecuentes por semana. Cataluña, 4 de enero - 17 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.

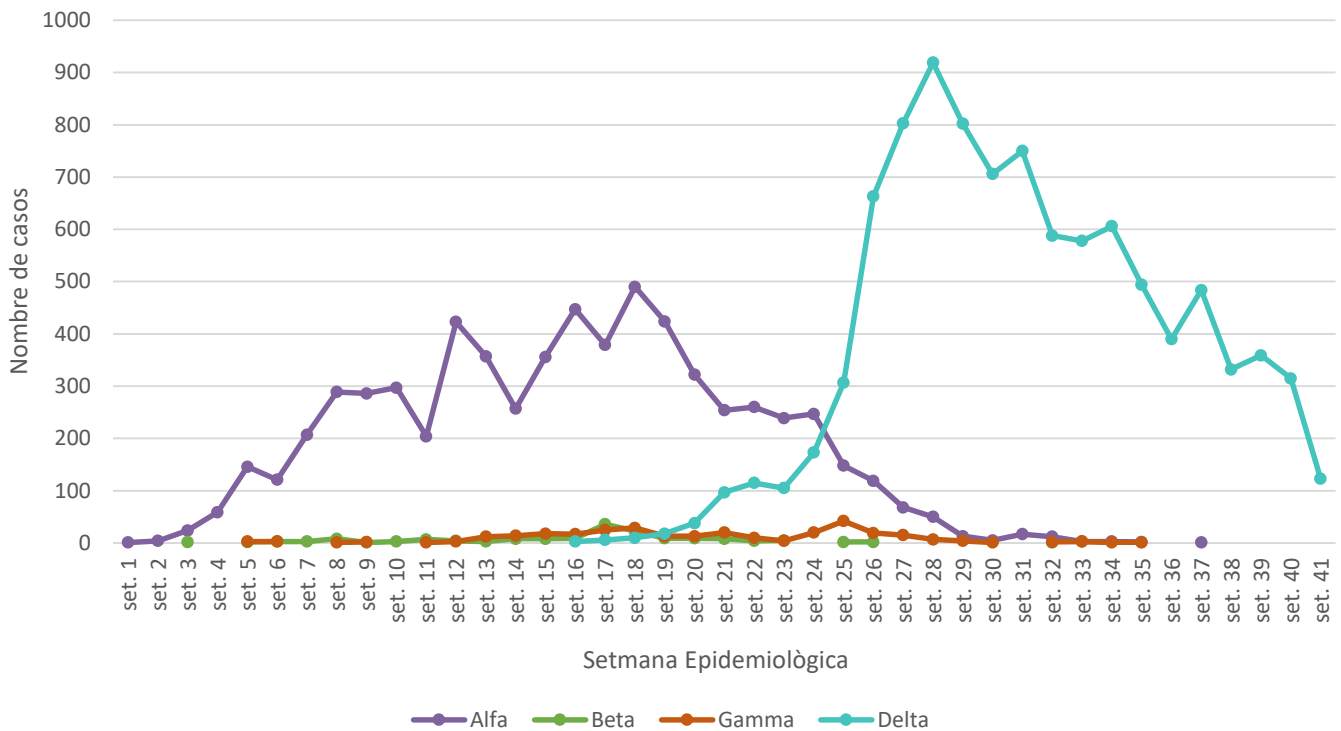
Durante las seis últimas semanas se observa la variante delta mayoritaria respecto de las otras variantes, que presentan entre 1 y 5 casos por semana; no obstante, se observa una bajada en el número de casos a lo largo del tiempo, a causa del menor número de casos SARS-CoV-2 positivos (tabla 3).

Tabla 3. Número de casos de SARS-CoV-2 según variantes durante las seis últimas semanas epidemiológicas. Cataluña, 4 de enero - 17 de octubre de 2021

	B.1.617.2		B.1.621.1		B.1.621		B.1.1.7		P.1.7		B.1.551		B.1.1.318		B.1.575		TOTAL
	CASOS	%	CASOS	%	CASOS	%	CASOS	%	CASOS	%	CASOS	%	CASOS	%	CASOS	%	
set. 36	390	99,5%	1	0,3%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	1	0,3%	0	0,0%	0	0,0%	392
set. 37	484	99,0%	3	0,6%	0	0,0%	1	0,2%	1	0,2%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	489
set. 38	332	99,7%	1	0,3%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	333
set. 39	359	99,7%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	1	0,3%	360
set. 40	315	99,7%	0	0,0%	1	0,3%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	316
set. 41	123	98,4%	0	0,0%	1	0,8%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	1	0,8%	0	0,0%	125

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

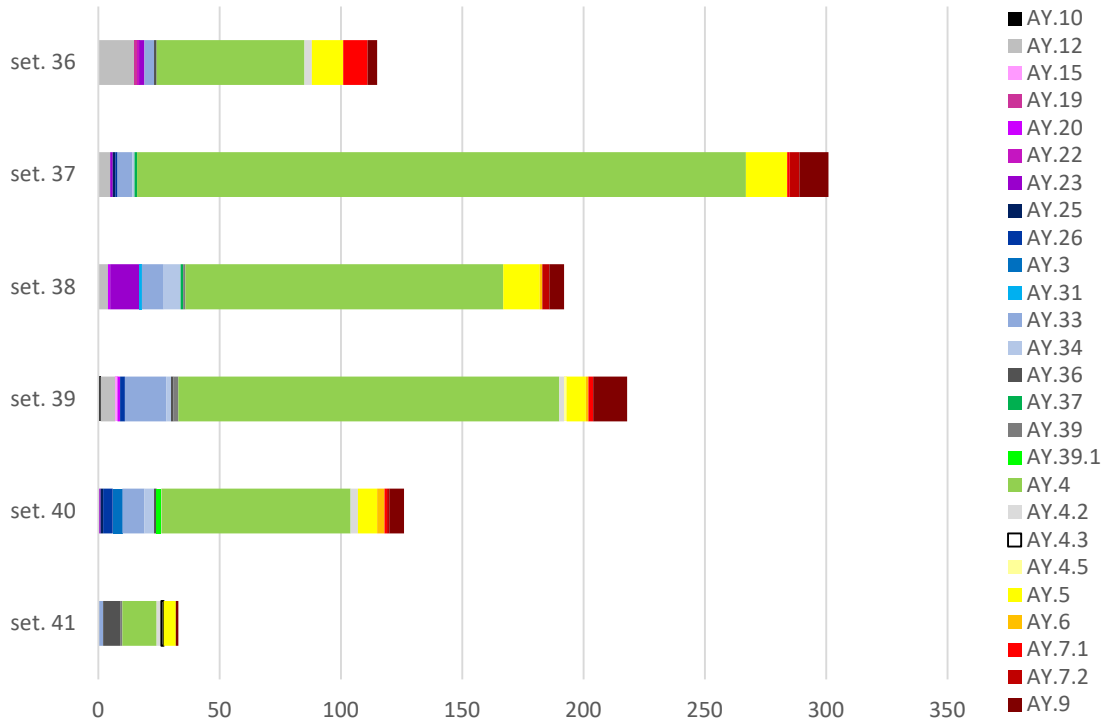
Figura 4. Número de casos de SARS-CoV-2 por VOC y semana. Cataluña, 4 de enero - 17 de octubre de 2021



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 26 sublinajes en Cataluña. Durante la semana 41, se han identificado 33 casos de sublinajes delta, de los cuales el sublinaje AY.4 ha sido el más frecuente, con 14 casos (42,4%), seguido del AY.36 con 7 casos (21,2%) (figura 5). Entre las semanas 36 - 41 se han detectado 10 casos del sublinaje AY.4.2, 3 casos durante la semana 36, 2 casos durante la semana 39, 3 casos durante la semana 40 y 2 casos durante la semana 41.

Figura 5. Número de casos de cada sublinaje de la variante delta en función de la semana. Cataluña, 4 de enero - 17 de octubre de 2021

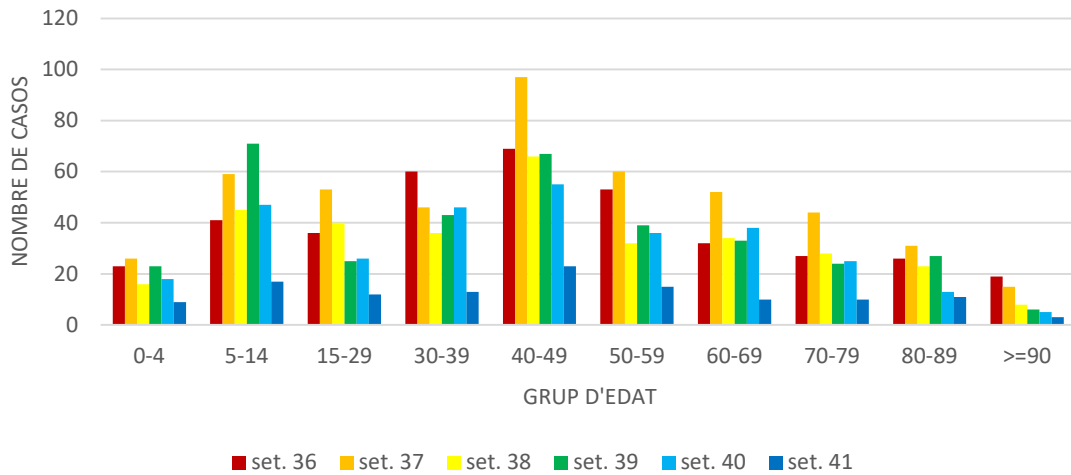


Fuente: Sistema de Notificación Microbiológica de Cataluña. Subdirección General de Vigilancia y Respuesta a Emergencias de Salud Pública. Secretaría de Salud Pública.

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 las últimas seis semanas (36-41) es del 48,0% - 52,9% en mujeres y del 47,1% - 52,0% en hombres.

Con respecto a los **grupos de edad**, se observa un aumento de casos la semana 36 principalmente en el grupo de 40-49 años. En estas últimas semanas han disminuido el número de casos casi en todos los grupos de edad. Durante la semana 41, los grupos de edad con un número de casos más elevado son el de 40-49 años, seguido del de 5-14 (figura 6).

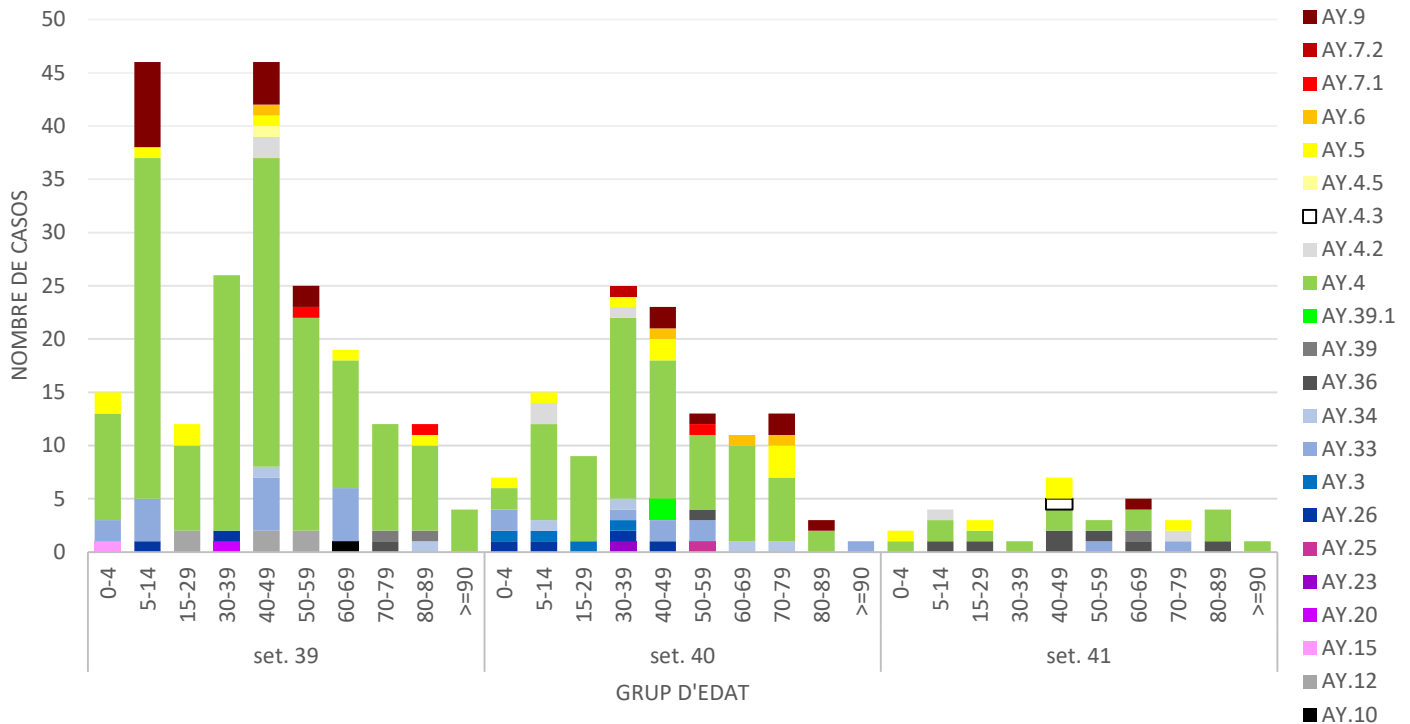
Figura 6. Número de casos de SARS-CoV-2 por delta y grupo de edad. Cataluña, 4 de enero - 17 de octubre de 2021



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 41 destacan los grupos de edad de 40 a 49 años y 60-69 años, ya que presentan 4 sublinajes diferentes (figura 7).

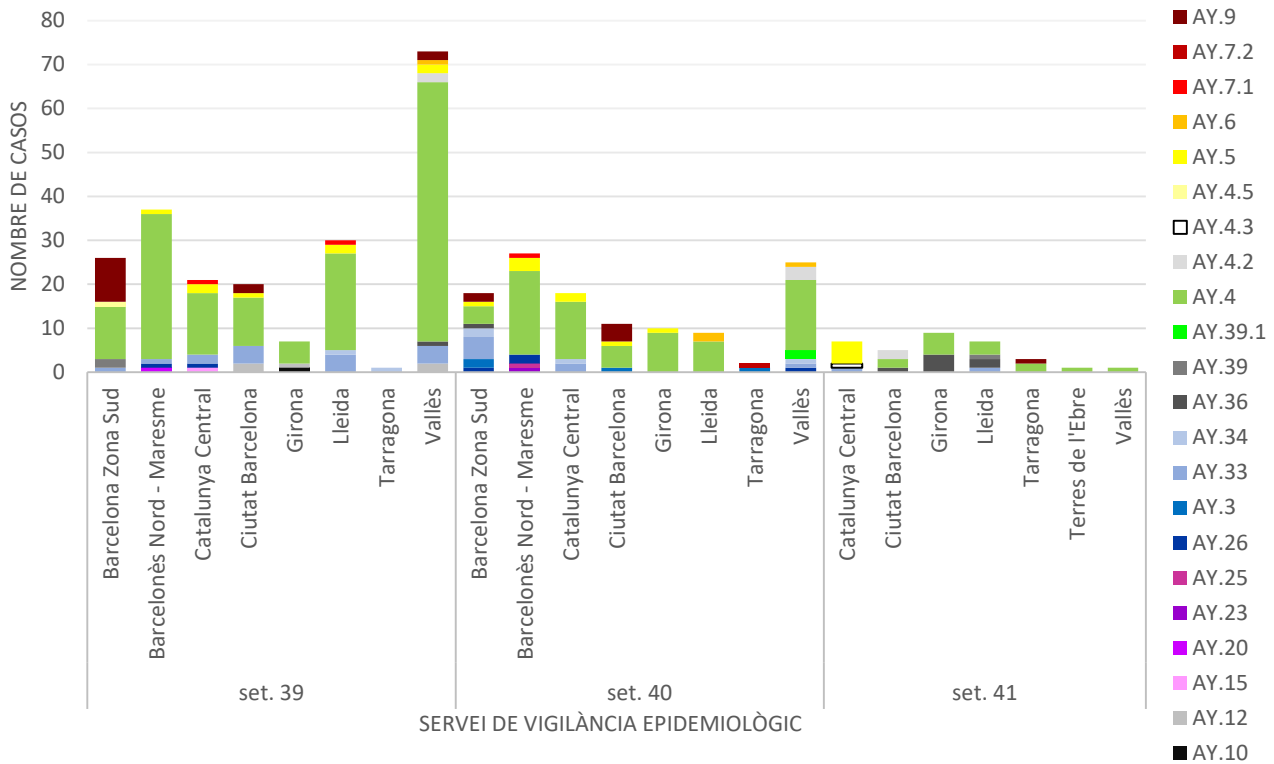
Figura 7. Número de casos de SARS-CoV-2 por sublinajes delta según grupo de edad y semana. Cataluña, 4 de enero - 17 de octubre de 2021



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 41 destaca la variedad de sublinajes en Lleida, con 4 sublinajes diferentes (figura 8).

Figura 8. Número de casos de SARS-CoV-2 por sublinajes delta y SVE. Cataluña, 4 de enero - 17 de octubre de 2021

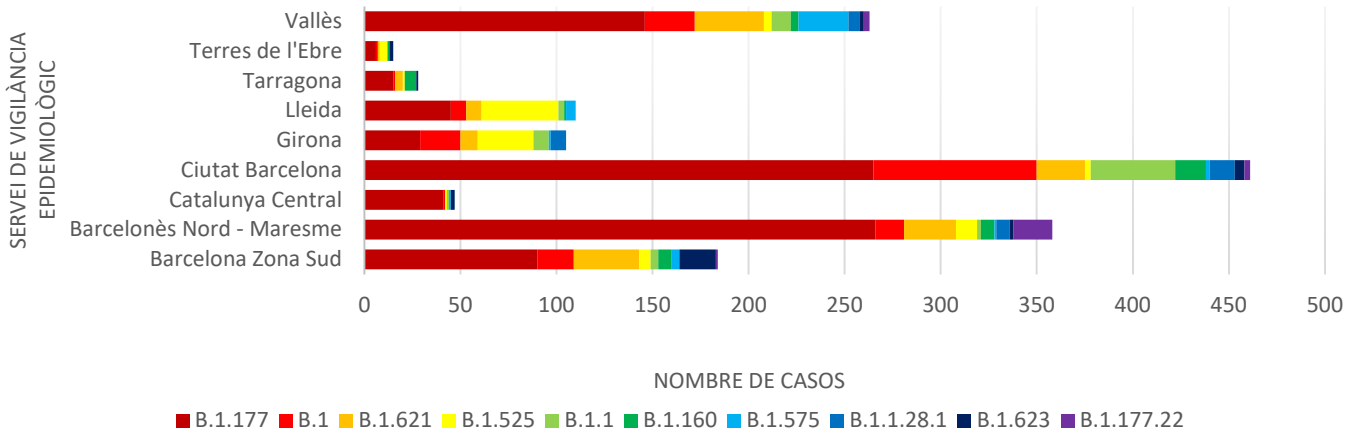


Fuente: Sistema de Notificación Microbiológica de Cataluña. Subdirección General de Vigilancia y Respuesta a Emergencias de Salud Pública. Secretaría de Salud Pública.

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

Desde el 4 de enero, la variante B.1.177 (no VOC) ha sido la más frecuente, con un 45,4% (1.041 casos), seguida del linaje B.1 (8,6%; 197 casos) y B.1.621 (7,0%; 161 casos). Por SVE, Barcelona concentra la mayoría de los casos de la B.1.177 y de B.1 (figura 9).

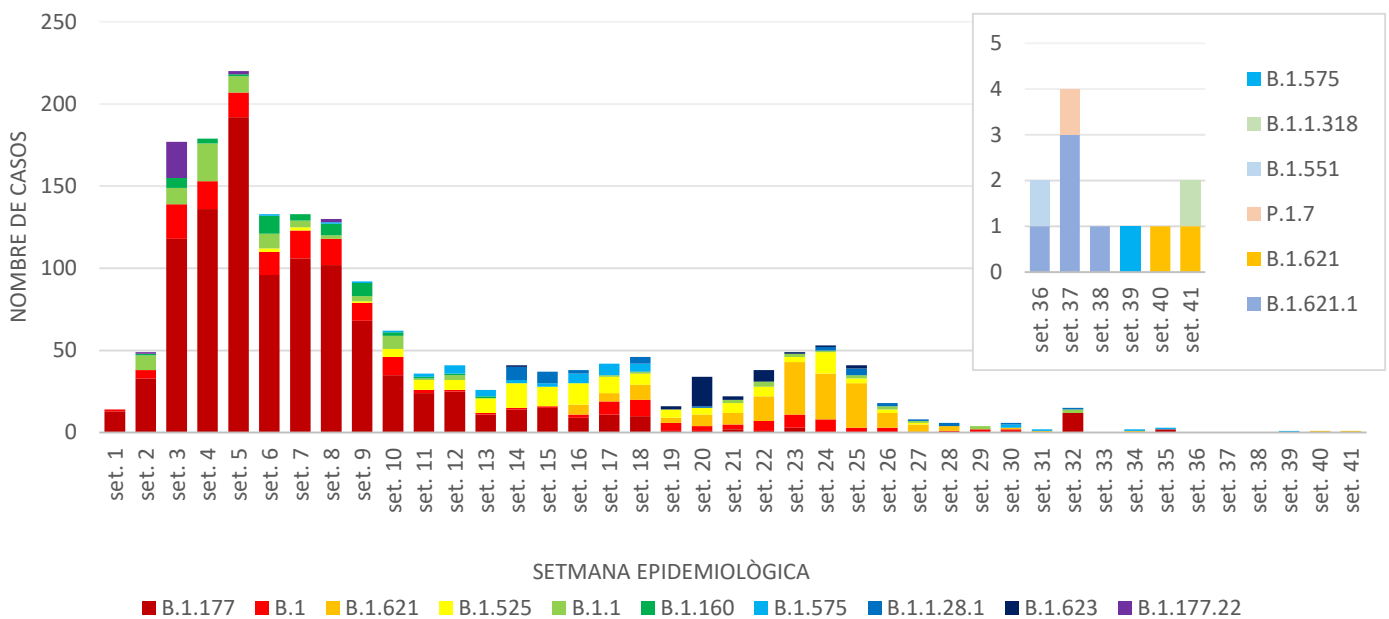
Figura 9. Número de casos de los 10 linajes de SARS-CoV-2 más frecuentes por SVE. Cataluña, 4 de enero - 17 de octubre de 2021



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 en las semanas 23-25. Durante las últimas semanas se han detectado 7 casos (2 casos de B.1.621 y 5 casos de B.1.621.1) (figura 10).

Figura 10. Número de casos de los 10 linajes de SARS-CoV-2 más frecuentes por semanas. Cataluña, 4 de enero - 17 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 4. VOI y otras variantes circulantes.
 Cataluña, 4 de enero - 17 de octubre de 2021*

LINAJE	CASOS	% CASOS	LINAJE	CASOS	% CASOS
A	3	0,1%	B.1.177.53	3	0,1%
A.2	1	0,0%	B.1.177.62	2	0,1%
A.2.5	2	0,1%	B.1.177.7	6	0,3%
A.21	3	0,1%	B.1.177.72	1	0,0%
A.27	18	0,8%	B.1.177.74	2	0,1%
B	12	0,5%	B.1.177.75	2	0,1%
B.1	197	8,6%	B.1.177.76	2	0,1%
B.1.1	101	4,4%	B.1.177.81	4	0,2%
B.1.1.116	3	0,1%	B.1.177.84	1	0,0%
B.1.1.122	1	0,0%	B.1.177.86	1	0,0%
B.1.1.126	4	0,2%	B.1.221	25	1,1%
B.1.1.134	1	0,0%	B.1.221.1	1	0,0%
B.1.1.141	4	0,2%	B.1.23	1	0,0%
B.1.1.15	1	0,0%	B.1.234	1	0,0%
B.1.1.152	9	0,4%	B.1.235	2	0,1%
B.1.1.161	2	0,1%	B.1.258	11	0,5%
B.1.1.166	1	0,0%	B.1.280	2	0,1%
B.1.1.222	3	0,1%	B.1.351.2	2	0,1%
B.1.1.242	1	0,0%	B.1.351.3	1	0,0%
B.1.1.250	1	0,0%	B.1.36	4	0,2%
B.1.1.26	1	0,0%	B.1.36.24	1	0,0%
B.1.1.269	7	0,3%	B.1.36.31	5	0,2%
B.1.1.28	12	0,5%	B.1.361	2	0,1%
B.1.1.28.1	35	1,5%	B.1.378	1	0,0%
B.1.1.285	4	0,2%	B.1.393	2	0,1%
B.1.1.29	4	0,2%	B.1.416	3	0,1%
B.1.1.296	1	0,0%	B.1.416.1	16	0,7%
B.1.1.316	2	0,1%	B.1.427	3	0,1%
B.1.1.318	3	0,1%	B.1.441	2	0,1%
B.1.1.348	2	0,1%	B.1.466.2	1	0,0%
B.1.1.388	1	0,0%	B.1.469	2	0,1%
B.1.1.397	4	0,2%	B.1.525	131	5,7%
B.1.1.409	5	0,2%	B.1.526	11	0,5%
B.1.1.420	9	0,4%	B.1.530	1	0,0%
B.1.1.44	1	0,0%	B.1.551	2	0,1%
B.1.1.487	7	0,3%	B.1.5575.1	1	0,0%
B.1.1.519	6	0,3%	B.1.561	1	0,0%
B.1.1.523	6	0,3%	B.1.566	1	0,0%
B.1.1.64	1	0,0%	B.1.575	43	1,9%



LINAJE	CASOS	% CASOS	LINAJE	CASOS	% CASOS
B.1.1.74	8	0,3%	B.1.575.1	11	0,5%
B.1.111	4	0,2%	B.1.596	1	0,0%
B.1.153	4	0,2%	B.1.617.1	4	0,2%
B.1.160	46	2,0%	B.1.620	6	0,3%
B.1.166	1	0,0%	B.1.621	161	7,0%
B.1.170	1	0,0%	B.1.621.1	15	0,7%
B.1.177	1.041	45,4%	B.1.623	34	1,5%
B.1.177.10	2	0,1%	B.1.717.2	10	0,4%
B.1.177.12	1	0,0%	B.31	1	0,0%
B.1.177.14	3	0,1%	B.60	1	0,0%
B.1.177.15	21	0,9%	C.36	3	0,1%
B.1.177.21	1	0,0%	C.37	12	0,5%
B.1.177.22	27	1,2%	N.5	1	0,0%
B.1.177.29	3	0,1%	P.1.1	2	0,1%
B.1.177.31	6	0,3%	P.1.2	8	0,3%
B.1.177.32	23	1,0%	P.1.7	22	1,0%
B.1.177.4	1	0,0%	P.2	2	0,1%
B.1.177.43	14	0,6%	P.4	1	0,0%
B.1.177.44	1	0,0%	R.1	2	0,1%
B.1.177.50	4	0,2%	TOTAL	2.291	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 Arnau de Vilanova de Lleida

Hospital Universitario de Bellvitge

Hospital Universitario de Girona Doctor Josep Trueta

Hospital Universitario Germans Trias i Pujol

Hospital Universitario Vall d'Hebron

Laboratorio de Referencia de Cataluña

CRIBADO DE LA VARIANTE DELTA

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 (VOC)

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 mucho 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 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
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 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.