INFORME DE VIGILANCIA DE LAS VARIANTES GENÓMICAS DEL CORONAVIRUS SARS-CoV-2 EN CATALUÑA. Semana 49 - 2021 (6 de diciembre de 2021- 12 de diciembre de 2021) CASOS NOTIFICADOS AL SISTEMA DE NOTIFICACIÓN MICROBIOLÓGICA DE CATALUÑA (SNMC)

Resumen de lo más destacado Cribado

Según los resultados del cribado, el porcentaje de casos compatibles con la variante delta ha sido del 97,1% la semana 49 (231 casos) y del 97,8% la semana 48 (1.284 casos). Los casos sospechosos de variante ómicron, la semana 49 han sido del 2,4% (39 casos) y del 0,4% la semana 48 (6 casos).

Secuenciación

Durante la **semana 47**, se han secuenciado **427 casos, lo que representa el 6,4**% 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 42-47, el grupo de edad con más frecuencia de afectación ha sido el de 5-14 años, seguido del grupo de edad de 40-49 años.
- Durante las semanas 42-47, el número más elevado de casos se ha concentrado en Barcelona Ciutat, Barcelona Zona Sud, seguido de Barcelonès Nord-Maresme.
- Durante la semana 47, de los 387 casos de la variante delta que se han diferenciado en sublinajes (90,6%), el AY.43 ha sido el más frecuente (37,9%), seguido del AY.122 (8,7%).

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 80,7% (489 casos) de las muestras secuenciadas durante la semana 18. La semana 25 fue desplazada por la variante delta. Durante las semanas 42-47, se han notificado 2 casos.
- **Beta:** la variante beta presentó un pico de casos a 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 37.

B.1.1.529 (ómicron)

• Del 29 de noviembre al 17 de diciembre se han notificado 13 casos.

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

• Durante las semanas 42-47, no se ha declarado ningún caso del linaje B.1.621 (mu).



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

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

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

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

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



Actualmente, las VOC consideradas son: B.1.1.7 (alfa), B.1.351 (beta), P.1 (gamma), B.1.617.2 (delta) y B.1.1.529 (ómicron).

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

Con esta finalidad, la Subdirección General de Vigilancia y Respuesta a Emergencias de Salud Pública coordina la vigilancia de las variantes del SARS-CoV-2 con los laboratorios que realizan secuenciación (parcial o completa) del genoma del coronavirus SARS-CoV-2. Las secuenciaciones y los cribados de los casos las han realizado los centros que constan en el anexo 1 y los resultados de estos se han notificado al Sistema de Notificación Microbiológica de Cataluña (SNMC). Para más información del procedimiento, se puede consultar el protocolo <u>Vigilancia de nuevas variantes de SARS-CoV-2</u>: integración de la secuenciación genómica del SARS-CoV-2 en el sistema de vigilancia en Cataluña.

Según los **resultados** de **cribado**, el porcentaje de casos compatibles con la variante delta, respecto del número total de PCR positivas realizadas con una PCR capaz de detectar esta variante, ha sido 97,1% (231 casos, 5 centros) la semana 49 (6-12 diciembre 2021) y del 97,8% (1.284 casos, 5 centros) la semana 48 (29 noviembre-5 diciembre 2021). Respecto de los casos de cribado de la variante ómicron la semana 49 ha sido del 2,4% (39 casos, 11 centros) y del 0,4% la semana 48 (6 casos, 7 centros).

Desde el 4 de enero hasta el 28 de noviembre de 2021 (semana 47) 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.

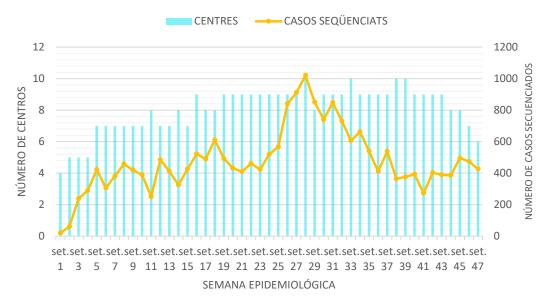
Las variables epidemiológicas analizadas han sido las siguientes: edad, sexo, semana de diagnóstico y servicio de vigilancia epidemiológica (SVE).

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.



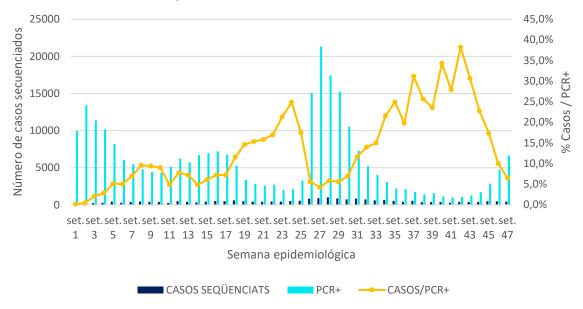
Durante el periodo de estudio **se han secuenciado 22.496 casos.** El número de secuenciaciones ha aumentado en las primeras semanas, con un pico máximo durante la semana 28 (1.021 casos) (figura 1). Los datos de la semana 47, con 427 casos secuenciados, son provisionales, dado que hay centros que las notifican con retraso.

Figura 1. Número de casos de SARS-CoV-2 secuenciados por número de centros declarantes. Cataluña, 4 de enero - 28 de noviembre de 2021



Durante las semanas 45 (8 - 14 de noviembre), 46 (15 - 21 de noviembre) y 47 (22 - 28 de noviembre) se ha realizado la secuenciación completa de los casos de SARS-CoV-2 positivos por PCR en 496 muestras (17,4%), 474 muestras (10,0%) y 427 muestras (6,4%) del total de casos, respectivamente (figura 2).

Figura 2. Número y porcentaje de casos de SARS-CoV-2 secuenciados por semanas. Cataluña, 4 de enero - 28 de noviembre de 2021



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 noviembre, el SVE con más porcentaje de secuenciación con respecto a casos de SARS-CoV-2 con PCR positiva ha sido el Barcelonès Nord-Maresme (16,8%), seguido de Barcelona Zona Sud (10,6%) (tabla 1).

Tabla 1. Número de casos de SARS-CoV-2 secuenciados y porcentaje por SVE y mes de diagnóstico. Cataluña, 4 de enero - 28 de noviembre de 2021

	Barcel Zona S	-	Barcelo Nord Mares	l -	Catalu Centi	•	Ciuta Barcel	-	Giro	na	Lleid	la	Tarrag	ona	Terres l'Ebr		Vallè	ès
	CASOS	%	CASOS	%	CASOS	%	CASOS	%	CASOS	%	CASOS	%	CASOS	%	CASOS	%	CASOS	%
Gener	31	0,4	131	2,4	0	0,0	187	2,1	5	0,2	0	0,0	11	0,3	0	0,0	80	1,0
Febrer	232	5,5	434	11,7	63	2,7	401	8,8	60	3,1	46	2,6	10	1,0	3	1,5	232	4,9
Març	185	5,5	366	1 4,5	141	5,2	462	10,4	89	4,2	98	4,7	20	2,0	7	7,7	354	6,9
Abril	278	6,9	260	11,2	184	6,2	396	7,9	115	3,3	79	2,9	19	1,1	14	4,2	413	6,2
Maig	289	1 2,5	416	3 2,0	152	11,2	313	12,1	183	8,4	55	6,3	37	3,2	9	4 ,6	466	15 ,1
Juny	236	8,8	525	25 ,7	140	1 7,8	457	10,4	231	2 2,9	73	16 ,3	41	4,2	19	9,9	482	12,5
Juliol	334	2,5	950	11,4	202	7,4	1220	5,9	264	5,6	35	1,2	79	1,8	15	2,5	547	3,8
Agost	384	10,0	835	30 ,5	184	12 ,9	548	12,9	441	20 ,3	23	2,2	167	12 ,6	12	3 ,9	307	8,3
Setembre	256	2 4,4	356	4 9,0	98	9,6	254	1 8,8	306	3 2,9	43	7,7	116	23,7	9	4,0	357	28,1
Octubre	238	37,1	228	5 6,3	112	2 3,2	265	3 7,9	229	3 3,7	139	26, 6	53	1 4,0	7	2,7	248	32,3
Novembre	320	10,6	310	1 6,8	105	5,9	302	9,4	279	1 1,5	78	4,8	38	3,6	6	1,3	290	8,2

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 (22.496 casos), el 61,3% ha sido aleatorio y el 27,9% no aleatorio. De estos últimos, el motivo de secuenciación no aleatorio más frecuente ha sido "vacunación", con 4.308 casos (68,5%).

Durante las semanas 42-47, el motivo de secuenciación no aleatorio más frecuente ha sido "vacunación" (60,0%-91,3%), seguido de "brote" (5,4%-26,3%) (tabla 2).



Tabla 2. Motivo de secuenciación no aleatoria por los casos de las últimas 6 semanas. Cataluña, 4 de enero - 28 de noviembre de 2021

	set. 42		set. 43		set. 44		set. 45		set. 46		set.	47
	CASOS	%	CASOS	%	CASOS	%	CASOS	%	CASOS	%	CASOS	%
Altres	0	0,0%	0	0,0%	4	4,2%	0	0,0%	6	3,6%	0	0,0%
Antecedent de viatge a països endèmics	4	3,0%	3	3,0%	2	2,1%	0	0,0%	2	1,2%	0	0,0%
Brot	14	10,4%	7	7,0%	25	26,3%	28	1 7,7%	9	5,4%	2	2,2%
Cas amb presentació clínica inusual	6	4,4%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%
Cas greu (ingrés hospitalari)	0	0,0%	1	1,0%	1	1,1%	3	1,9%	16	9,5%	1	1,1%
Situació d'alta transmissibilitat o virulència	2	1,5%	0	0,0%	4	4,2%	1	0,6%	9	5,4%	0	0,0%
Vacunat	104	77,0%	87	87,0%	57	60,0%	113	71,5%	105	62,5%	84	91,3%
Sospita reinfecció	5	3,7%	2	2,0%	2	2,1%	13	8,2%	21	12,5%	5	5,4%
TOTAL	135	100%	100	100%	95	100%	158	100%	168	100%	92	100%

Otros: 3 casos = vacunado + situación de alta transmisibilidad o virulencia; 1 caso = viaje (Londres), 6 casos = brote + fallo vacunal

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 deleción 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**.

El 24 de noviembre de 2021, Sudáfrica notificó a la OMS una nueva variante del coronavirus SARS-CoV-2, la llamada **ómicron** (**B.1.1.529**). El 26 de noviembre de 2021, la OMS y el ECDC la incluyeron entre las variantes consideradas VOC. La variante ómicron presenta una gran cantidad de mutaciones en la proteína de la espícula (más de 30), muchas ya identificadas en las variantes alfa y delta, lo que parece que le confiera más capacidad de transmisión; no obstante, se están estudiando las características de esta variante. En Cataluña, del 29 de noviembre al 17 de diciembre se han notificado 13 casos.

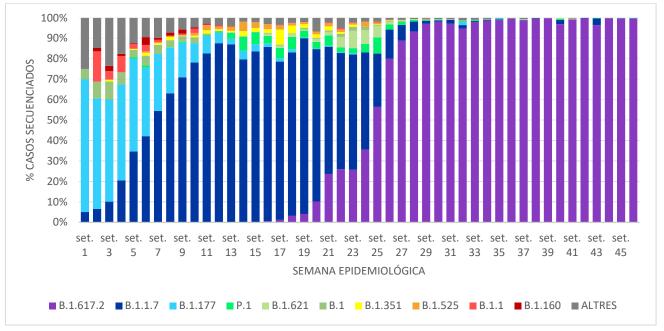
Del total de casos secuenciados desde el 4 de enero (22.496 casos), el 89,6% (n = 20.168) han sido VOC (alfa, beta, gamma o delta) y el 10,3% (n = 2.328) VOI.

La variante alfa ha sido la más frecuente hasta la semana 24 (6.550 casos). Al inicio de 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 de 2021, han ido disminuyendo a lo largo de las semanas. Durante las semanas 42-46, se han notificado 2 casos.

Desde la semana 33 no se ha detectado ningún caso de <u>variante beta</u>. Respecto <u>de la</u> variante gamma, no se ha notificado ningún caso desde la semana 37.

Los primeros casos de la <u>variante delta</u> se detectaron durante la semana 16 (3 casos). Desde entonces, ha presentado un crecimiento notable y ha superado a la variante alfa la semana 25 (figura 3). Desde entonces, la variante delta es la variante predominante en todo el territorio, con 427 casos notificados durante la semana 47 (figura 3).

Figura 3. Porcentaje de los casos de los 10 linajes y variantes del SARS-CoV-2 más frecuentes por semana. Cataluña, 4 de enero - 28 de noviembre de 2021



Durante las seis últimas semanas se han detectado entre 375-495 casos semanales de variante delta (tabla 3).

Tabla 3. Número de casos de SARS-CoV-2 según variantes durante las seis últimas semanas epidemiológicas. Cataluña, 4 de enero - 28 de noviembre de 2021

	B.1.617.2		B.1.1.7		B.1.177		P.1		B.1.640		
	CASOS	%	CASOS	%	CASOS	%	CASOS	%	CASOS	%	TOTAL
set. 42	402	99,8%	1	0,2%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	403
set. 43	375	96,4%	13	3,3%	0	0,0%	1	0,3%	0	0,0%	389
set. 44	385	99,7%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	1	0,3%	386
set. 45	495	99,8%	0	0,0%	1	0,2%	0	0,0%	0	0,0%	496
set. 46	472	99,6%	1	0,2%	1	0,2%	0	0,0%	0	0,0%	474
set. 47	427	100,0%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	427

1000 Número de casos secuenciados 800 600 400 200 set. set. set. set. set. set. set. 3 5 7 15 17 19 21 23 25 27 29 31 33 35 39 9 11 13 37 Setmana epidemiològica Alfa Beta **—**Gamma Delta

Figura 4. Número de casos de SARS-CoV-2 por VOC y semana. Cataluña, 4 de enero - 28 de noviembre de 2021

A partir de la semana 30 se empezaron a detectar sublinajes de la variante delta; actualmente se han identificado más de 70 sublinajes diferentes en Cataluña. Hay que tener presente que la variante delta se va reclasificando en sublinajes de forma constante, por lo tanto, los datos de este informe pueden estar no actualizadas según las reclasificaciones de GISAID.

Durante la semana 47, se han identificado 386 casos de sublinajes delta (90,4%), de los cuales el AY.43 ha sido el más frecuente (37,8%), seguido del AY.4.2 (6,2%) (figura 5).

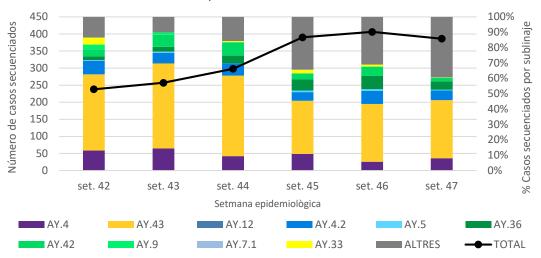


Figura 5. Porcentaje de los casos de los 10 sublinajes de delta más frecuentes por semana. Cataluña, 4 de enero - 28 de noviembre de 2021



No se encuentra mucha diferencia entre hombres y mujeres, donde el rango del porcentaje de casos las últimas seis semanas (42-47) es del 51,3% - 54,9% en mujeres y del 45,1% - 48,7% en hombres.

Con respecto a los **grupos de edad**, durante la semana 47 se mantiene una tendencia elevada de casos en el grupo de 5-14 años, pero destaca un pequeño repunte en algunos grupos de edad respecto de las semanas anteriores (figura 6).

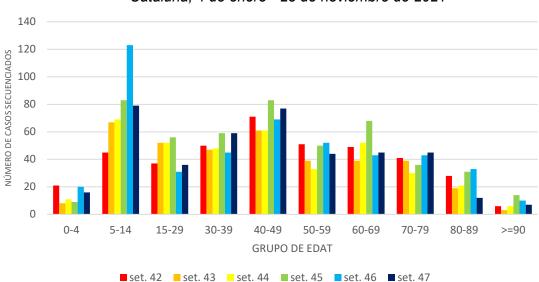


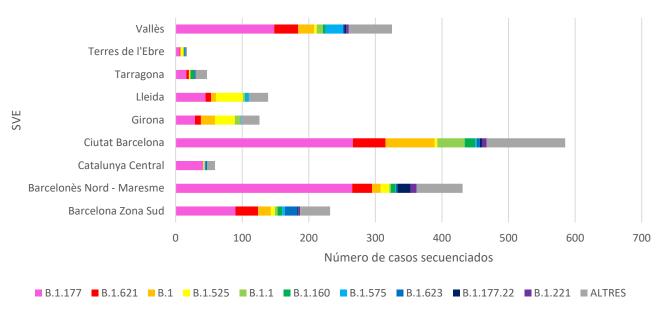
Figura 6. Número de casos de SARS-CoV-2 por delta y grupo de edad. Cataluña, 4 de enero - 28 de noviembre de 2021

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 otras

Desde el 4 de enero, la variante B.1.177 (no VOC) ha sido la más frecuente, con un 45,7% (1.038 casos), seguido del linaje B.1.621 (8,3%; 190 casos) y B.1 (8,1%; 183 casos). Por SVE, Barcelona concentra la mayoría de los casos de la B.1.177 y de B.1 (figura 7).

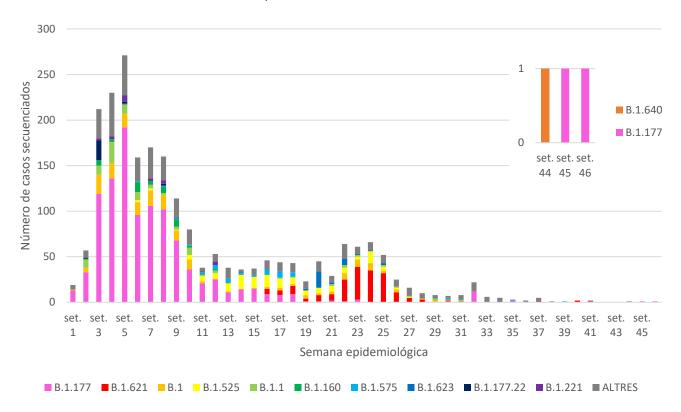
Figura 7. Número de casos de los 10 linajes de SARS-CoV-2 más frecuentes por SVE. Cataluña, 4 de enero - 28 de noviembre de 2021



La variante B.1.177 fue la más 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. La semana 41 se ha detectado 1 caso de la variante mu (figura 8).



Figura 8. Número de casos de los 10 linajes de SARS-CoV-2 más frecuentes por semanas. Cataluña, 4 de enero - 28 de noviembre de 2021



VOI y otros linajes circulantes

Tabla 4. VOI y otras variantes circulantes. Cataluña, 4 de enero - 28 de noviembre de 2021

LINAJE	CASOS	% CASOS	LINAJE	CASOS	% CASOS
Α	3	0,1%	B.1.177.62	2	0,1%
A.2	1	0,0%	B.1.177.7	6	0,3%
A.2.5	2	0,1%	B.1.177.72	1	0,0%
A.21	3	0,1%	B.1.177.74	2	0,1%
A.27	18	0,8%	B.1.177.75	2	0,1%
В	12	0,5%	B.1.177.76	2	0,1%
B.1	183	8,1%	B.1.177.81	4	0,2%
B.1.1	97	4,3%	B.1.177.84	1	0,0%
B.1.1.116	3	0,1%	B.1.177.86	1	0,0%
B.1.1.122	1	0,0%	B.1.221	25	1,1%
B.1.1.126	4	0,2%	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	4	0,2%
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.1.1.285	4	0,2%	B.1.378	1	0,0%
B.1.1.29	4	0,2%	B.1.393	2	0,1%
B.1.1.296	1	0,0%	B.1.416	3	0,1%
B.1.1.316	2	0,1%	B.1.416.1	16	0,7%
B.1.1.318	4	0,2%	B.1.427	3	0,1%
B.1.1.348	2	0,1%	B.1.441	2	0,1%
B.1.1.388	1	0,0%	B.1.466.2	1	0,0%
B.1.1.397	4	0,2%	B.1.469	2	0,1%
B.1.1.409	5	0,2%	B.1.525	135	5,9%
B.1.1.420	9	0,4%	B.1.526	11	0,5%
B.1.1.44	1	0,0%	B.1.530	1	0,0%
B.1.1.487	7	0,3%	B.1.551	2	0,1%
B.1.1.519	6	0,3%	B.1.5575.1	1	0,0%
B.1.1.523	6	0,3%	B.1.561	1	0,0%
B.1.1.64	1	0,0%	B.1.566	1	0,0%
B.1.1.74	8	0,4%	B.1.575	43	1,9%
B.1.111	4	0,2%	B.1.575.1	11	0,5%

LINAJE	CASOS	% CASOS	LINAJE	CASOS	% CASOS
B.1.153	4	0,2%	B.1.596	1	0,0%
B.1.160	46	2,0%	B.1.617.1	4	0,2%
B.1.166	1	0,0%	B.1.620	6	0,3%
B.1.170	1	0,0%	B.1.621	190	8,4%
B.1.177	1.038	45,7%	B.1.621.1	15	0,7%
B.1.177.10	2	0,1%	B.1.623	34	1,5%
B.1.177.12	1	0,0%	B.1.640	1	0,0%
B.1.177.14	3	0,1%	B.1.717.2	10	0,4%
B.1.177.15	21	0,9%	B.31	1	0,0%
B.1.177.21	1	0,0%	B.60	1	0,0%
B.1.177.22	27	1,2%	C.36	3	0,1%
B.1.177.29	3	0,1%	C.37	13	0,6%
B.1.177.31	6	0,3%	N.5	1	0,0%
B.1.177.32	23	1,0%	P.1.1	2	0,1%
B.1.177.4	1	0,0%	P.1.2	8	0,4%
B.1.177.43	14	0,6%	P.1.7	22	1,0%
B.1.177.44	1	0,0%	P.2	2	0,1%
B.1.177.50	4	0,2%	P.4	1	0,0%
B.1.177.53	3	0,1%	R.1	2	0,1%
			TOTAL	2.273	100,0%

ANEXO 1. LABORATORIOS NOTIFICADORES

SECUENCIACIÓN

Banco de Sangre y Tejidos

Hospital Clínico

Hospital Joan XXIII

Hospital Universitario Arnau de Vilanova de Lleida

Hospital Universitario de Bellvitge

Hospital Universitario de Girona Doctor Josep Trueta

Hospital Universitario Germans Trias i Pujol

Hospital Universitario Vall d'Hebron

Laboratorio de Referencia de Cataluña

CRIBADO DE LA VARIANTE DELTA U ÓMICRON

Banco de Sangre y Tejidos

Hospital Clínico

Hospital Joan XXIII

Hospital Universitario de Bellvitge

Hospital Universitario Vall d'Hebron

Althaia (Red Asistencial Universitaria de Manresa)

CATLAB

Hospital Universitario San Juan de Dios

Laboratorio Echevarne

Synlab

Teletest

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

Principales variantes de preocupación (VOC) para la salud pública

VARIANTE	Mutaciones de interés	Pais detectado por primera vez	Año y mes del primer caso detectado	Evidencia impacto en la transmisibilidad	Evidencia impacto en la inmunidad	Evidencia impacto de la gravedad	Transmisión en UE/EEE
B.1.1.7 (alfa)	del 69-70, N501Y, D614G, P681H, Y144 del, A540D	Reino Unido	Septiembre 2020	Sí	No	Sí	Circulación drásticamente reducida a UE/EEE a causa de la aparición de la variante delta
B.1.351 (beta)	K417N, E484K, N501Y, D614G, A701V	Sudáfrica	Septiembre 2020	Sí	Sí	Sí	Comunitaria
P.1 (gamma)	K417T, E484K, N501Y, D614G, H655Y	Brasil	Diciembre 2020	Sí	Sí	Sí	Comunitaria
B.1.617.2 (delta) y linajes AY	L452R, T478K, D614G, P681R	India	Diciembre 2020	Sí	Sí	Sí	Dominante
B.1.1.529 (ómicron)	*	Sudáfrica y Botsuana	Noviembre 2021		Sí		Comunitaria

*A67V, Δ 69-70, T95I, G142D, Δ 143-145, Δ 211, ins214EPE, G339D, S371L, S373P, S375F, K417N, N440K, G446S, S477N, T478K, E484A, Q493R, G496S, Q498R, N501Y, Y505H, T547K, D614G, H655Y, N679K, P681H, N764K, D796Y, N856K, Q954H, N969K, L981F

Variantes de interés (VOI)

VARIANTE	Mutaciones de interés	País detectado por primera vez	Año y mes del primer caso detectado	Evidencia impacto transmisibilidad	Evidencia impacto inmunidad	Transmisión en UE/EEE
C.37 (lambda)	L452Q, G75V, T76I, F490S, D614G, T859N	Perú	Diciembre 2020		Sí	Esporádico/Viaje
B.1.621 (mu)	R346K, E484K, N501Y, D614G, P681H	Colombia	Enero 2021	Sí	Sí	Esporádico/Viaje

Tabla basada en: https://www.ecdc.europa.eu/en/covid-19/variants-concern. Fecha: 13 diciembre del 2021.



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

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

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

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