

INFORME DE VIGILANCIA DE LAS VARIANTES GENÓMICAS DEL CORONAVIRUS SARS-CoV-2 EN CATALUÑA. Semana 39 - 2021 (27 de septiembre de 2021 - 3 de octubre de 2021)

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

Resumen de lo más destacado

Durante la **semana 37**, se han secuenciado **212 casos**, lo que representa el **11,6%** del total de casos de coronavirus SARS-CoV-2 con PCR positiva. El **97,6%** de los casos son de la **variante delta**. En 121 casos de la variante delta se han diferenciado sublinajes, de los cuales el AY.4 representa el 86,8%.

B.1.1.7 (alfa)

Desde el inicio de la vigilancia de la secuenciación, la variante alfa ha ido aumentando progresivamente hasta llegar al 79,8% de las muestras secuenciadas durante la semana 19 (410 casos). Durante la semana 37 se ha notificado 1 caso.

Los casos se concentran en el grupo de edad de 15-29 años (19,5%) y en la comarca del Barcelonès (40,3%), seguimiento del Vallès Oriental (12,2%).

B.1.351 (beta)

La variante beta ha presentado un pico de casos las semanas 17 (25 casos) y 19 (22 casos). El último caso se notificó durante la semana 26. La distribución por edad es bastante uniforme, con un número de casos más elevado en el grupo de 15-29 años (15,8%), seguido del grupo de 40-49 años (12,5%). Los casos se concentran en las comarcas del Barcelonès (27,6%), el Vallès Occidental (23,0%) y el Baix Llobregat (23,0%).

P.1 (gamma)

La variante gamma presentó un pico de casos la semana 25 (35 casos). No se ha notificado ningún caso desde la semana 36. El número más elevado de casos se observa en el grupo de 15-29 años (22,9%), seguido del grupo de 40-49 años (17,4%). Los casos se concentran en las comarcas del Barcelonès (25,0%) y el Vallès Occidental (21,5%).

B.1.617.2 (delta)

Desde el primer caso notificado en Cataluña (16 de abril de 2021), la variante delta ha aumentado de forma importante hasta llegar a los 776 casos secuenciados la semana 28. El número más elevado de casos se encuentra en el grupo de 15-29 años (23,4%) y, principalmente, en la comarca del Barcelonès (25,0%).

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 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 conversiva de la angiotensina) y que puede afectar su transmisibilidad. Esta proteína es la más expuesta y la más antigénica, sobre la que 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, terapias o 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 otros, con el fin de poder confirmar la variante, linaje o 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 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, 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**, 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 97,6% (241 casos, 4 centros notificantes) en la semana 38 (20 de septiembre - 26 de septiembre 2021) y del 97,3% (326 casos, 4 centros notificantes) en la semana 39 (26 de septiembre - 1 de octubre 2021).

Desde el 4 de enero hasta el 19 de septiembre de 2021 (semana 37) se han analizado los casos notificados por los centros de forma individualizada de las variantes del SARS-CoV-2 según la **secuenciación, parciales o completas**. Se debe tener en cuenta que los resultados de secuenciación se notifican con unos 15 días de retraso desde el diagnóstico.

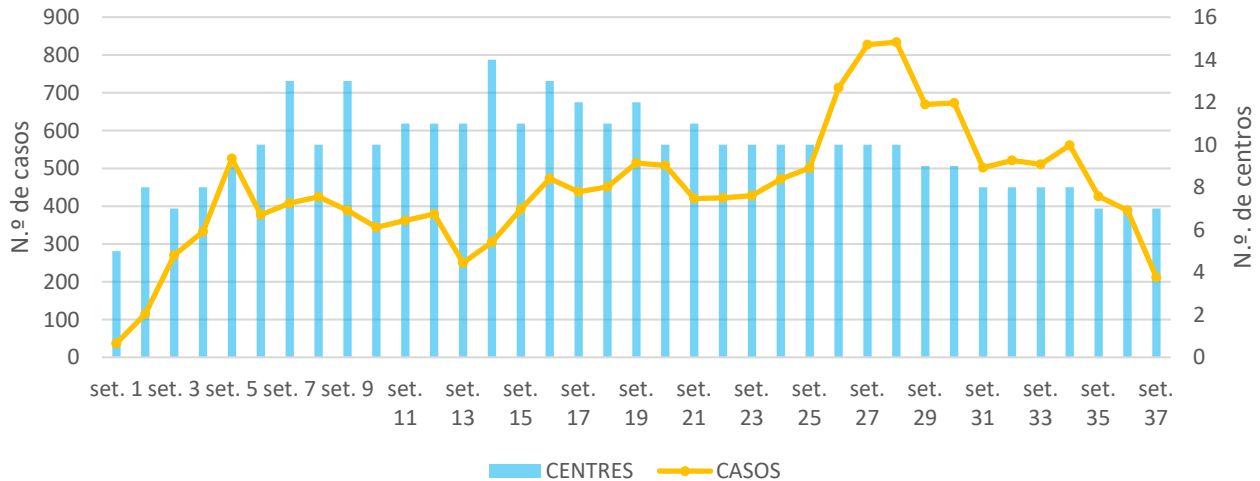
Las variables epidemiológicas analizadas han sido las siguientes: edad, sexo, semana de diagnóstico y servicio de vigilancia epidemiológica (SVE).

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 16.377 casos**. El número de secuenciaciones ha aumentado en las primeras semanas, con un pico máximo durante la semana 28 (834 casos) (figura 1). Entre las semanas 1 y 27, el número de

secuenciacions semanales ha estado entre 37 y 827, respectivamente. Los datos de la semana 37, con 212 casos secuenciados, son provisionales, dado que existen 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 - 19 de septiembre de 2021

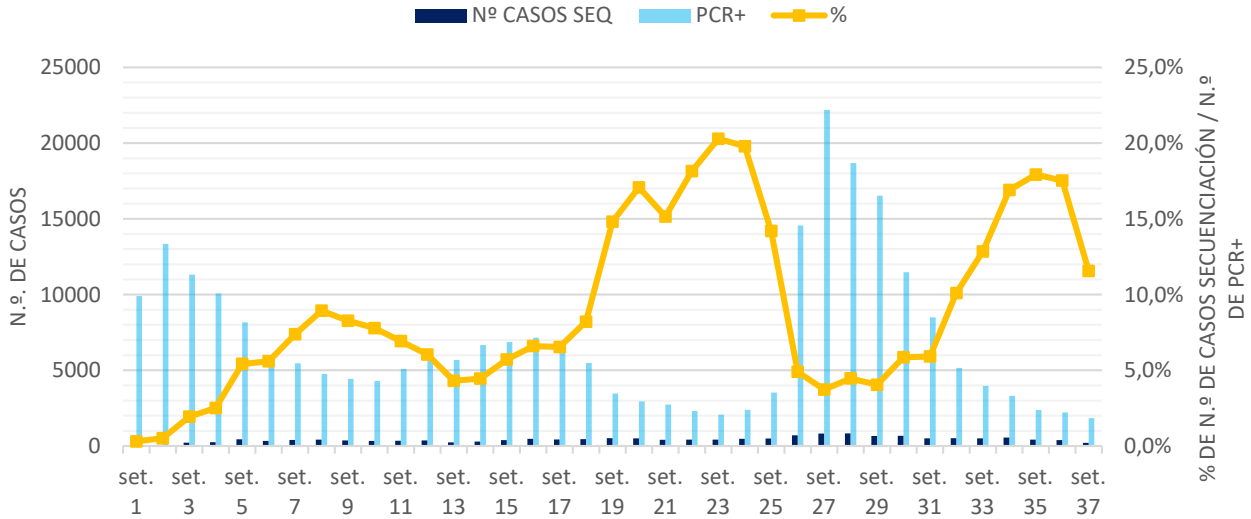


Fuente: Sistema de Notificación Microbiológica de Cataluña. Subdirección General de Vigilancia y Respuesta a Emergencias de Salud Pública. Secretaría de Salud Pública.

De las 16.377 muestras analizadas, se ha realizado la secuenciación completa al 97,6% y la parcial, al 2,4%.

Durante las semanas 35 (30 de agosto – 5 de septiembre de 2021), 36 (6-19 de septiembre de 2021) y 37 (13-19 de septiembre de 2021) se ha realizado la secuenciación completa de los casos de SARS-CoV-2 positivos por PCR en 426 muestras (17,9%), 389 muestras (17,5%) y 212 muestras (11,6%) 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 - 19 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, el SVE con más porcentaje de secuenciación con respecto a casos de SARS-CoV-2 con PCR positiva ha sido el de Barcelonès Nord i Maresme (15,4%), seguido del de Girona (14,5%) y Barcelona Sud (14,1%) (tabla 1).

Tabla 1. Número de casos de SARS-CoV-2 secuenciados y porcentaje por SVE y mes de diagnóstico. Cataluña, 4 de enero - 19 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	296	12,2	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	441	19,7	170	21,4	462	10,5	181	18,2	74	16,7	41	4,3	17	8,9	381	10,0
Juliol	327	2,3	427	4,7	202	6,9	1154	5,4	299	6,0	141	4,5	83	1,8	14	2,2	376	2,5
Agost	371	9,0	383	12,6	181	11,6	396	8,7	368	16,3	148	13,6	123	8,7	13	4,0	199	5,0
Setembre	158	14,1	127	15,4	67	6,2	98	7,0	140	14,5	37	6,3	43	8,6	9	3,8	116	8,8

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 el 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 el 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.

Al principio 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.

El **variante delta (B.1.617.2)** fue detectado 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).

Dentro del linaje B.1.617 hay tres variantes, que tienen algunas diferencias en sus mutaciones. Las variantes B.1.617.1 y B.1.617.3 presentan las mutaciones E484Q y L452R, mientras que la B.1.617.2 solo presenta la mutación L452R. De las tres variantes, el B.1.617.1 y el B.1.617.2 han experimentado una expansión importante en los últimos meses; por el contrario, la B.1.617.3 no parece que se haya extendido.

En Cataluña, el 16 de abril del 2021 se notificó el primer caso de **B.1.617.2**.

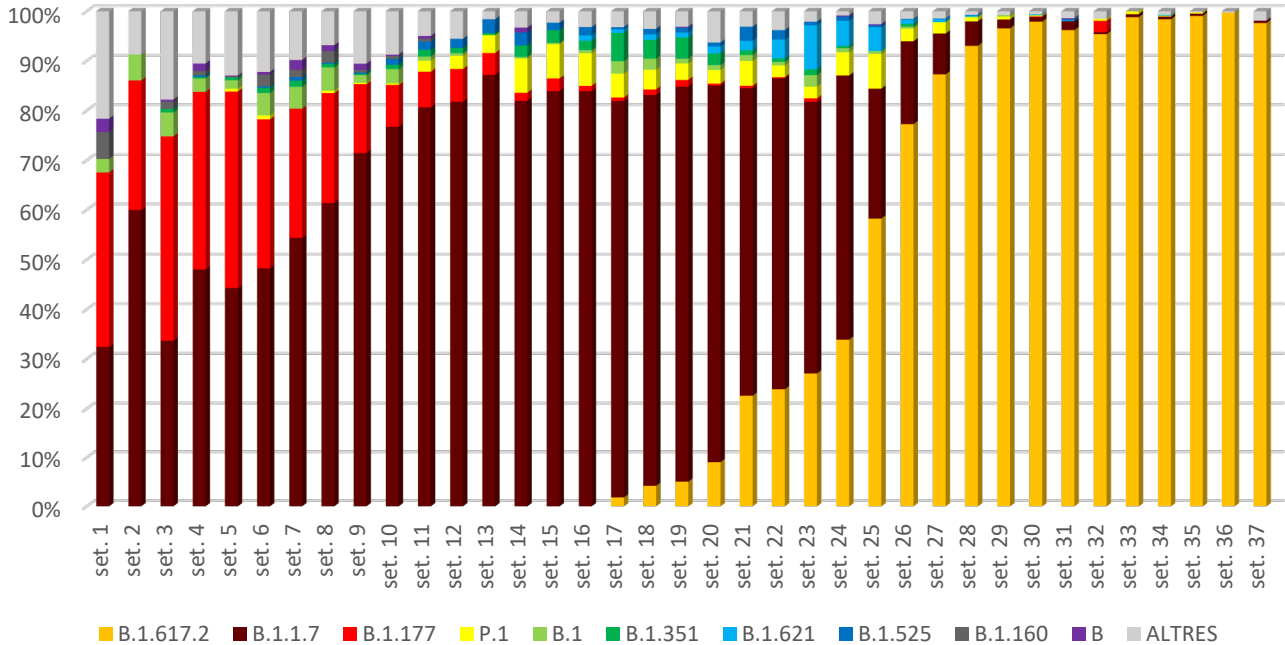
Del total de casos secuenciados desde el 4 de enero (16.377 casos), el 87,0% (n = 14.240) han sido VOC (alfa, beta, gamma y delta) y el 13,0% (n = 2.137) VOI.

La variante alfa ha sido la más frecuente hasta la semana 34 (6.451 casos). Al inicio del 2021 se observa un aumento progresivo de los casos (32,4% la semana 1 y 87,2% la semana 13), con un pico máximo en la semana 19 (410 casos), y en 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, fueron disminuyendo a lo largo de las semanas, con ningún caso detectado entre las semanas 24 y 29. En la semana 32 se detectaron 12 casos (figura 3).

Los primeros casos de la variante delta se detectaron durante la semana 17 (8 casos). Desde entonces, ha presentado un crecimiento notable superando a la variante alfa en la semana 25 y desplazándola (figuras 3 y 4). Desde entonces, la variante delta es la variante predominante en todo el territorio, con 207 casos notificados durante la semana 37 (tablas 2 y 3).

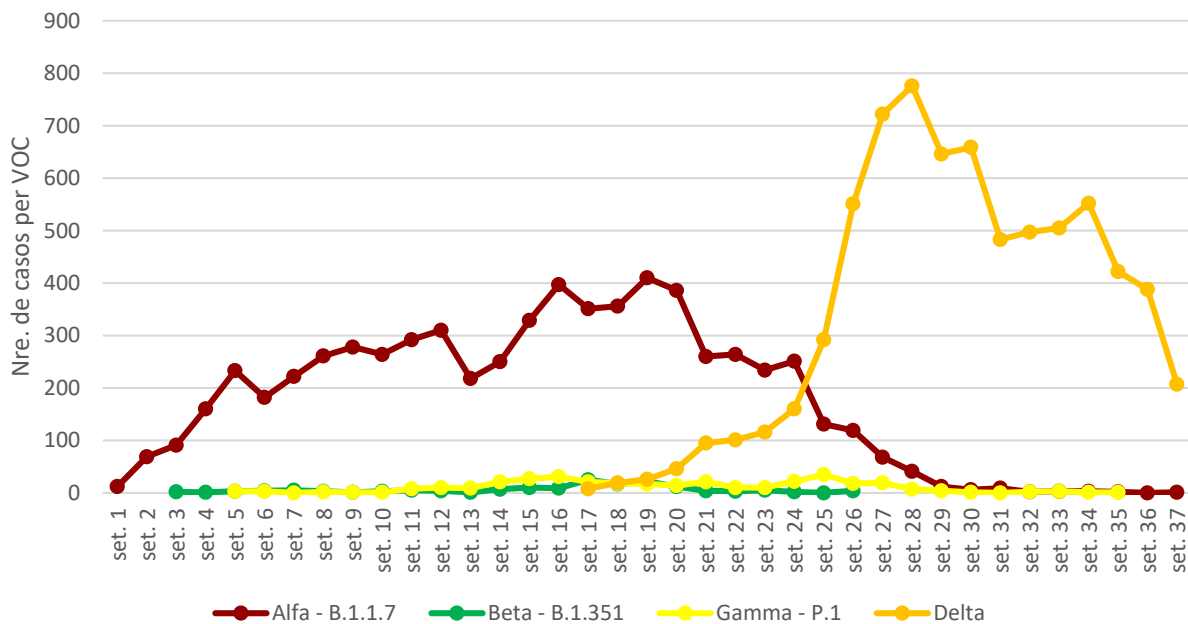
Desde la semana 27 no se ha detectado ningún caso de variante beta y desde la semana 36 no se ha detectado ningún caso de variante gamma.

Figura 3. Porcentaje de los casos de los 10 linajes y variantes del SARS-CoV-2 más frecuentes por semana. Cataluña, 4 de enero - 19 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.

Figura 4. Número de casos de SARS-CoV-2 por VOC y semana. Cataluña, 4 de enero - 19 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.

Tabla 2. Número de casos de los 10 linajes y variantes del SARS-CoV-2 más frecuentes por mes de diagnóstico. Cataluña, 4 de enero - 19 de septiembre de 2021

MES	B.1.617.2	B.1.1.7	B.1.177	P.1	B.1	B.1.351	B.1.621	B.1.525	B.1.160	B	ALTRES	TOTAL
Gener	0	332	273	0	29	3	0	1	9	7	101	755
Febrer	0	898	521	8	64	15	0	5	26	16	183	1.736
Març	0	1.259	143	24	21	14	0	22	6	8	113	1.610
Abril	8	1.399	23	105	10	50	8	27	0	3	48	1.681
Maig	199	1.492	18	71	31	56	25	26	0	1	82	2.001
Juny	957	908	4	86	23	10	106	17	0	2	43	2.156
Juliol	3.016	169	1	39	4	4	10	3	0	0	33	3.279
Agost	2.261	18	12	6	0	0	2	1	0	1	19	2.320
Setembre	830	2	0	1	0	0	0	0	0	0	6	839
TOTAL	7.271	6.477	995	340	182	152	151	102	41	38	628	16.377

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

Tabla 3. Número de casos de SARS-CoV-2 durante las tres últimas semanas epidemiológicas. Cataluña, 4 de enero - 19 de septiembre de 2021

	B.1.617.2		B.1.621.1		B.1.1.7		P.1.7		B.1.575		P.1		TOTAL
	N	%	N	%	N	%	N	%	N	%	N	%	
set. 35	422	99,1%	0	0,0%	2	0,5%	0	0,0%	1	0,2%	1	0,2%	426
set. 36	388	99,7%	1	0,3%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	389
set. 37	207	97,6%	3	1,4%	1	0,5%	1	0,5%	0	0,0%	0	0,0%	212

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 han detectado diferentes sublinajes de la variante delta. La semana 37, el sublinaje AY.4 ha sido el más frecuente, con 105 casos de un total de 121 casos de sublinajes identificados, lo que representa un 86,8%. Los otros sublinajes identificados son: AY.1, AY.3 - AY.6, AY.7.1, AY.7.2, AY.9, AY.10, AY.12, AY.15, AY.19, AY.20, AY.22 - AY.25 (tabla 4).

Tabla 4. Número de casos por cada sublinaje de la variante delta.
 Cataluña, 4 de enero - 19 de septiembre de 2021

	SUBLLINATGES - DELTA											
	Δ - AY.4		Δ - AY.5		Δ - AY.6		Δ - AY.9		Δ - AY.12		Δ - AY.15	
	CASOS	%	CASOS	%	CASOS	%	CASOS	%	CASOS	%	CASOS	%
set. 35	52	42,3%	13	10,6%	2	1,6%	12	9,8%	19	15,4%	1	0,8%
set. 36	72	59,0%	19	15,6%	0	0,0%	7	5,7%	14	11,5%	0	0,0%
set. 37	105	86,8%	5	4,1%	0	0,0%	5	4,1%	3	2,5%	0	0,0%

SUBLLINATGES - DELTA												
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	%	
1	0,8%	1	0,8%	2	1,6%	14	11,4%	4	3,3%	2	1,6%	123
1	0,8%	0	0,0%	1	0,8%	8	6,6%	0	0,0%	0	0,0%	122
0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	2	1,7%	0	0,0%	1	0,8%	121

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, en la que en las cuatro VOC el rango del porcentaje de casos es del 50,7%-54,6% en mujeres y del 45,4%-49,9% en hombres.

Con respecto a los grupos de edad, los porcentajes más elevados se concentran en los grupos de 15-29 años y 40-49 años de forma generalizada para todas las VOC.

Destaca, en la variante delta, el grupo de 15-29 años, con el 23,4% (tabla 5).

Tabla 5. Número de casos de SARS-CoV-2 por VOC y grupo de edad.
 Cataluña, 4 de enero - 19 de septiembre de 2021

EDAT	VARIANT							
	Alfa	% Alfa	Beta	% Beta	Gamma	% Gamma	Delta	% Delta
0-4 anys	404	6,2%	6	3,9%	17	5,0%	357	4,9%
5-14 anys	992	15,3%	17	11,2%	38	11,2%	715	9,8%
15-29 anys	1.260	19,5%	24	15,8%	78	22,9%	1.701	23,4%
30-39 anys	721	11,1%	18	11,8%	47	13,8%	905	12,4%
40-49 anys	981	15,1%	19	12,5%	59	17,4%	1.073	14,8%
50-59 anys	861	13,3%	15	9,9%	47	13,8%	760	10,5%
60-69 anys	519	8,0%	13	8,6%	27	7,9%	658	9,0%
70-79 anys	380	5,9%	14	9,2%	13	3,8%	454	6,2%
80-89 anys	260	4,0%	13	8,6%	9	2,6%	452	6,2%
90 anys o més	95	1,5%	13	8,6%	5	1,5%	191	2,6%
Desconegut	4	0,1%	0	0,0%	0	0,0%	5	0,1%
Total	6.477	100,0%	152	100,0%	340	100,0%	7.271	100,0%

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, la variante alfa y delta son más frecuentes al Servicio de Vigilancia Epidemiológica (SVE) de Barcelona Ciutat; la beta, en Barcelona Sud, y la gamma en el Vallès (tabla 6).

Tabla 6. Número de casos de SARS-CoV-2 por VOC y SVE.
 Cataluña, 4 de enero - 19 de septiembre de 2021

SVE	VARIANT							
	Alfa	% Alfa	Beta	% Beta	Gamma	% Gamma	Delta	% Delta
Barcelona Zona Sud	798	12,3%	44	28,9%	28	8,2%	1.000	13,8%
Barcelonès Nord - Maresme	1.295	20,0%	17	11,2%	30	8,8%	1.097	15,1%
Catalunya Central	603	9,3%	5	3,3%	35	10,3%	523	7,2%
Ciutat Barcelona	1.681	26,0%	27	17,8%	62	18,2%	1.806	24,8%
Girona	493	7,6%	7	4,6%	29	8,5%	849	11,7%
Lleida	180	2,8%	2	1,3%	26	7,6%	325	4,5%
Tarragona	63	1,0%	2	1,3%	13	3,8%	275	3,8%
Terres de l'Ebre	41	0,6%	0	0,0%	1	0,3%	44	0,6%
Vallès	1.152	17,8%	39	25,7%	102	30,0%	873	12,0%
Fora de Catalunya*	5	0,1%	2	1,3%	2	0,6%	4	0,1%
Desconegut	166	2,6%	7	4,6%	12	3,5%	475	6,5%
Total	6.477	100,0%	152	100,0%	340	100,0%	7.271	100,0%

*Otras CC. AA. (n = 13)

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

La variante alfa es más frecuente en las comarcas del Barcelonès. La variante beta se localiza sobre todo en el Barcelonès, en el Baix Llobregat y en el Vallès Occidental. La variante gamma predomina en el Barcelonès, seguido del Vallès Occidental, y la variante delta destaca en la comarca del Barcelonès (tabla 7).

Tabla 7. Número de casos de SARS-CoV-2 por VOC y comarca.
Cataluña, 4 de enero - 19 de septiembre de 2021

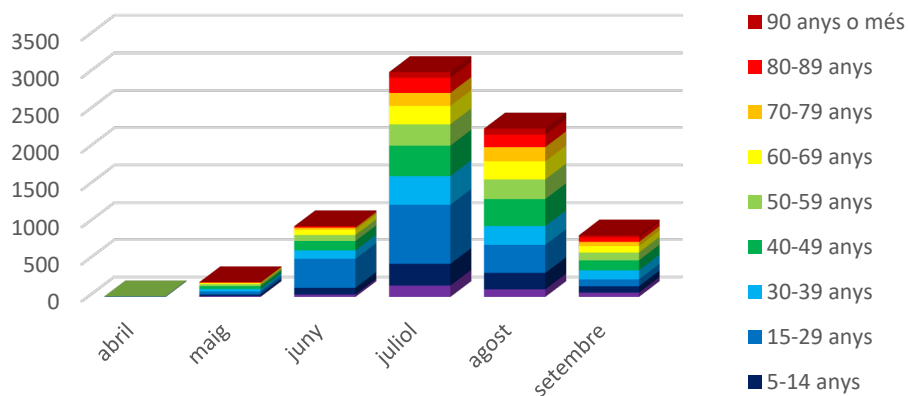
COMARCA	VARIANT							
	Alfa	% Alfa	Beta	% Beta	Gamma	% Gamma	Delta	% Delta
Alt Camp	6	0,1%	0	0,0%	1	0,3%	31	0,4%
Alt Empordà	72	1,1%	3	2,0%	2	0,6%	121	1,7%
Alt Penedès	29	0,4%	2	1,3%	0	0,0%	53	0,7%
Alta Ribagorça	4	0,1%	0	0,0%	0	0,0%	1	0,0%
Anoia	31	0,5%	0	0,0%	19	5,6%	41	0,6%
Aran	16	0,2%	0	0,0%	0	0,0%	7	0,1%
Bages	191	2,9%	3	2,0%	6	1,8%	147	2,0%
Baix Camp	15	0,2%	1	0,7%	3	0,9%	58	0,8%
Baix Ebre	13	0,2%	0	0,0%	0	0,0%	23	0,3%
Baix Empordà	37	0,6%	2	1,3%	2	0,6%	69	0,9%
Baix Llobregat	506	7,8%	35	23,0%	22	6,5%	673	9,3%
Baix Penedès	9	0,1%	0	0,0%	0	0,0%	59	0,8%
Barcelonès	2.612	40,3%	42	27,6%	85	25,0%	2.639	36,3%
Berguedà	21	0,3%	0	0,0%	1	0,3%	26	0,4%
Cerdanya	1	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	7	0,1%
Conca de Barberà	1	0,0%	0	0,0%	1	0,3%	5	0,1%
Garraf	24	0,4%	1	0,7%	0	0,0%	57	0,8%
Garrigues	3	0,0%	0	0,0%	4	1,2%	8	0,1%
Garrotxa	52	0,8%	1	0,7%	1	0,3%	55	0,8%
Gironès	154	2,4%	0	0,0%	6	1,8%	304	4,2%
Maresme	604	9,3%	8	5,3%	13	3,8%	483	6,6%
Moianès	21	0,3%	0	0,0%	1	0,3%	4	0,1%
Montsià	23	0,4%	0	0,0%	0	0,0%	15	0,2%
Noguera	10	0,2%	1	0,7%	3	0,9%	64	0,9%
Osona	347	5,4%	2	1,3%	9	2,6%	311	4,3%
Pallars Jussà	7	0,1%	0	0,0%	0	0,0%	3	0,0%
Pallars Sobirà	7	0,1%	0	0,0%	0	0,0%	13	0,2%
Pla de l'Estany	17	0,3%	0	0,0%	0	0,0%	37	0,5%
Priorat	2	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	0	0,0%
Ribera d'Ebre	3	0,0%	0	0,0%	0	0,0%	3	0,0%
Ripollès	20	0,3%	0	0,0%	0	0,0%	43	0,6%
Segarra	8	0,1%	1	0,7%	0	0,0%	10	0,1%
Segrià	78	1,2%	0	0,0%	18	5,3%	145	2,0%
Selva	140	2,2%	1	0,7%	18	5,3%	221	3,0%
Solsonès	10	0,2%	0	0,0%	0	0,0%	2	0,0%
Tarragonès	29	0,4%	1	0,7%	8	2,4%	120	1,7%
Terra Alta	2	0,0%	0	0,0%	1	0,3%	3	0,0%
Urgell	37	0,6%	0	0,0%	1	0,3%	61	0,8%
Vallès Occidental	357	5,5%	35	23,0%	73	21,5%	422	5,8%
Vallès Oriental	787	12,2%	4	2,6%	28	8,2%	448	6,2%
Fora de Catalunya*	5	0,1%	2	1,3%	2	0,6%	4	0,1%
Desconegut	166	2,6%	7	4,6%	12	3,5%	475	6,5%
Total	6.477	100,0%	152	100,0%	340	100,0%	7.271	100,0%

*Otras CC. AA. (n = 13)

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 la variante delta por meses y grupos de edad, se observa un pico de casos en el mes de junio y julio, sobre todo entre la población de 15-29 años. Durante los meses de agosto y septiembre los grupos de edad más afectados han sido los de 15-29 años y los de 40-49 años. Esta distribución se mantiene a lo largo del mes de septiembre (figura 5)

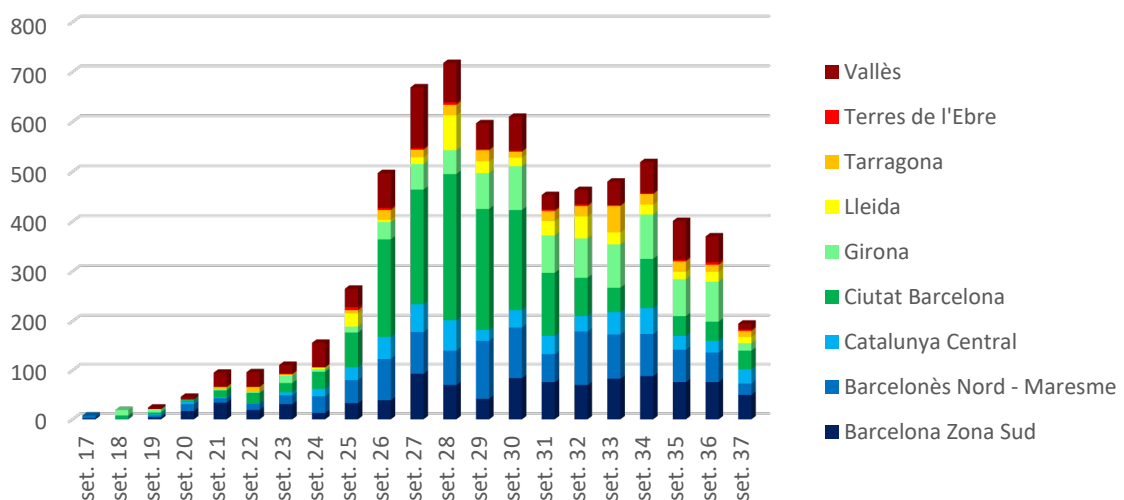
Figura 5. Número de casos de variante delta según los meses y el grupo de edad. Cataluña, 4 de enero - 19 de septiembre de 2021



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

Con respecto al análisis de los SVE por semanas, se observa un aumento de casos de la variante delta en todos los SVE desde la semana 20 (figura 6).

Figura 6. Número de casos de variante delta por SVE. Cataluña, 4 de enero - 19 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.

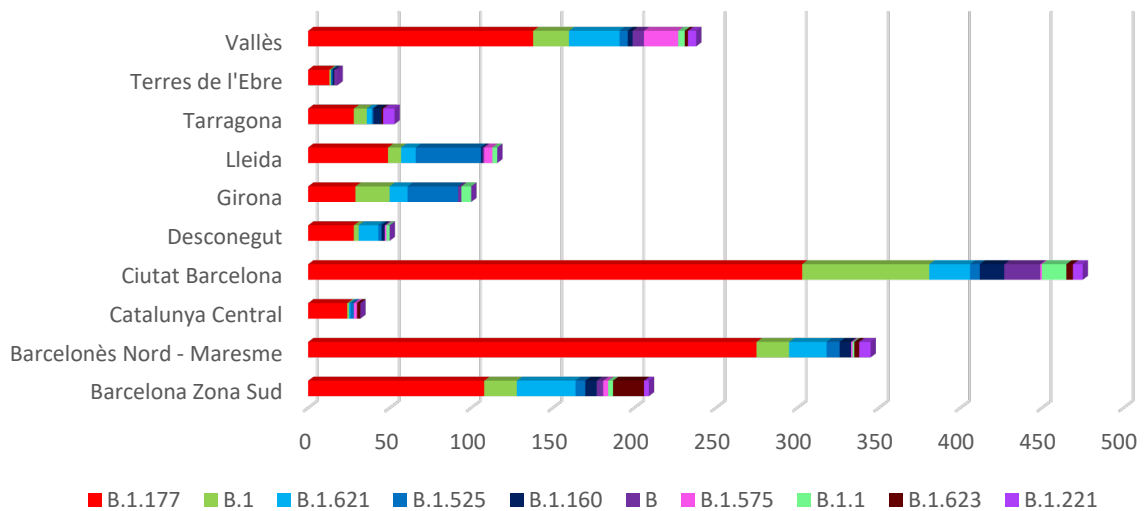
Variantes de interés (VOI, *variants of interest*)

Todavía se desconoce la repercusión que pueden tener otras variantes diferentes de las mencionadas anteriormente. Por ello es recomendable el seguimiento de los casos con el fin de conocer cambios de la situación epidemiológica.

En el análisis de los linajes de las VOI, el B.1.177 ha sido el más frecuente, con un 48,2% (995 casos), seguido del B.1, con un 8,8% (182 casos), y el B.1.621, con un 4,9% (151 casos) (tabla 8).

Durante el periodo de estudio, por región sanitaria se observa que Barcelona concentra la mayoría de los casos de la B.1.177 y de la variante B.1 (figura 7).

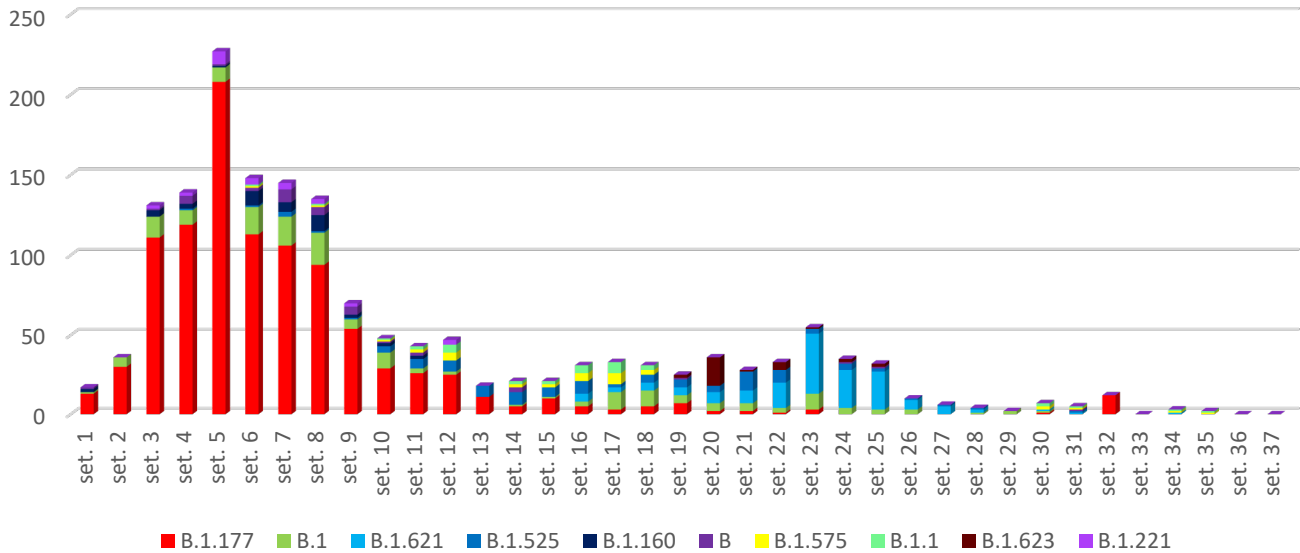
Figura 7. Número de casos de los 10 linajes por VOI de SARS-CoV-2 más frecuentes por SVE. Cataluña, 4 de enero - 19 de septiembre de 2021



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 presente durante las semanas 3 a 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. El último caso se notificó en la semana 34 (figura 8).

Figura 8. Número de casos de los 10 linajes por VOI de SARS-CoV-2 más frecuentes por semanas. Cataluña, 4 de enero - 19 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 8. VOI y otras variantes circulantes. Cataluña, 4 de enero - 19 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%



LINAJE	CASOS	% CASOS	LINAJE	CASOS	% CASOS
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%
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	151	7,3%
B.1.1.77	2	0,1%	B.1.621.1	12	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	48,2%	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	2.066	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 NOTIFICANTES

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 DEL VARIANTE DELTA

Althaia (Red Asistencial Universitaria de Manresa)

CATLAB

Hospital Clínico

Hospital Joan XXIII



ANEXO 2. MUTACIONES Y 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 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 la América del Sur, especialmente en el 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 a las variantes previas.	Aumento en noviembre-diciembre en California. Pocos casos en países europeos.
P.2 (zeta)	E484K	Mutaciones compatibles con el escape a la respuesta inmunitaria respecto a 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 a las variantes previas. Puede dar positivo en el cribado para SGTF.	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
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 el 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 el 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 importante porcentaje 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 el 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.