



SECRETARÍA DE ESTADO DE
SANIDAD

DIRECCIÓN GENERAL DE SALUD
PÚBLICA

Centro de Coordinación de Alertas y
Emergencias Sanitarias

12 de marzo de 2021

Actualización de la situación epidemiológica de las variantes de importancia en salud pública en España

Resumen ejecutivo de la situación e implicaciones para la salud pública

- Las variantes de interés para la salud pública son aquellas que se transmiten mejor, más virulentas (causan enfermedad más grave o mayor mortalidad) o que pueden escapar al efecto de los anticuerpos adquiridos tras infección natural o vacunación con variantes previas. Actualmente las de mayor importancia son tres: B.1.1.7 (británica), B.1.351 (Sudafricana) y P.1 (brasileña).
- Las mutaciones más relevantes que se están vigilando en estos momentos son N501Y (compartida por B.1.1.7, B.1.351 y P.1) y E484K (compartida por B.1.351 y P.1).
- Las medidas de prevención (mascarilla, distancia interpersonal, higiene de manos y ventilación) son eficaces para todas las variantes.
- La confirmación de estas variantes se realiza mediante secuenciación. Para su detección y cribado pueden utilizarse distintas técnicas de PCR.
- En España se está integrando la secuenciación en la vigilancia epidemiológica.

Variante B.1.1.7:

- Dominante en Reino Unido, Irlanda e Israel. Rápida sustitución de las variantes previas.
- Más transmisible, probablemente más letal y no parece que el escape a la inmunidad sea importante.
- La situación en España, estimada mediante marcador SGTF o PCR específica N501Y, es muy variable (entre el 13,6% y el 96% según los datos disponibles en la semana 10 de 2021) de unas comunidades a otras y se observa un aumento rápido de su distribución en las últimas semanas.

Variante B.1.351:

- Extendida en Sudáfrica y países vecinos. Aumento progresivo en Europa aunque todavía supone un porcentaje pequeño de los casos.
- Probablemente más transmisible y posibilidad de escape a la respuesta inmune adquirida tras infección natural o generada por algunas vacunas.
- En España se han detectado más de 50 casos confirmados o con vínculo con caso confirmado (2 casos esporádicos y 8 brotes, 6 de ellos sin vínculo conocido con los países más afectados).

Variante P.1:

- Extendida en la región amazónica de Brasil. Escasos casos comunicados en otros países.
- Transmisibilidad y virulencia en estudio. Posible escape a la respuesta inmune.
- En España se han detectado 3 casos vinculados con viaje a Brasil y otro caso y tres brotes (con 13 casos) sin vínculo epidemiológico.



Introducción

Continuamente se van describiendo nuevas variantes. En la tabla 1 se resumen las características de las consideradas en estos momentos como principales variantes de mayor importancia para la salud pública o VOC (de sus siglas en inglés, *variants of concern*). En la tabla 2 se recogen otras variantes que están suscitando un interés creciente (VOI, por sus siglas en inglés, *variants of interest*). El listado de variantes se irá actualizando de acuerdo a la importancia epidemiológica de cada una en cada momento.

Tabla 1. Principales variantes de importancia para la salud pública (VOC).

Variante	Mutaciones más relevantes	Impacto potencial para la salud pública	Dispersión geográfica
B.1.1.7	N501Y, del 69-70, P681H, Y144 del, A540D	Aumento de transmisibilidad Posible incremento de la letalidad Escaso efecto sobre la inmunidad. Ligera reducción de efectividad vacunal.	Predominante en Reino Unido, Irlanda, Israel y rápida progresión en otros países (especialmente países europeos)
B.1.351 (501.V2)	E484K, N501Y, K417N, L18F, A701V, del ORF1b	Probable aumento de transmisibilidad. Reducción de neutralización de sueros mono y policlonales. Reducción de efectividad vacunal entre moderada y alta.	Sudáfrica, Zambia, Botswana y otros países del cono sur africano; casos en numerosos países europeos. Importante presencia en Tirol (Austria).
P.1	S: N501Y, E484K, K417T, del ORF1b	Transmisibilidad y escape a la respuesta inmune en estudio. Reducción de títulos de anticuerpos neutralizantes en sueros de vacunados.	Región de Manaus (Brasil). Casos en otros países, la mayoría con vínculo con Brasil.

Tabla 2. Otras variantes de interés (VOI).

Variante	Mutaciones más relevantes	Impacto potencial para la salud pública	Dispersión geográfica
P.2	E484K	Mutaciones compatibles con reducción de la capacidad de neutralización.	Brasil (Río de Janeiro). Casos aislados en otros países, relacionados con viajes



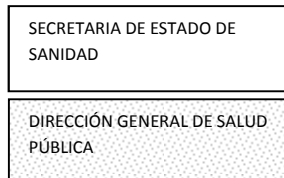
B.1.525	E484K, F888L, 69-70 del, Q677H	Mutaciones compatibles con reducción de la capacidad de neutralización.	Dinamarca, RU, Países Bajos, Noruega, EEUU, Canadá. Relacionados con Nigeria
B.1.429	L425R, S13I, W152C	Mayor transmisibilidad y leve a moderada disminución de la capacidad de neutralización (sueros de pacientes convalecientes y de vacunados).	Aumento en noviembre-diciembre en California. Escasos casos en países europeos.
B.1.526	E484K, A701V D253G	Mutaciones compatibles con reducción de la capacidad de neutralización.	Rápida expansión en área metropolitana de Nueva York
C.16	L425R	Mutaciones compatibles con reducción de la capacidad de neutralización.	Expansión geográfica en Portugal desde noviembre
A.23.1	F157L, V367F, Q613H, P681R	Mutaciones compatibles con aumento de la transmisión	Detectada recientemente en RU. Escasos casos en otros países.
VOC 202102/02	Similar a B.1.1.7 y E484K	Similar a B.1.1.7 y posible mayor escape a la respuesta inmune	23 casos en Inglaterra, un caso en Países Bajos.

Situación en España

Actualmente se han detectado casos confirmados mediante secuenciación en todas las comunidades y ciudades autónomas. El número de casos secuenciados depende en gran medida de la capacidad de secuenciación de cada una de ellas por lo que no representan la prevalencia en las distintas regiones. La integración de la secuenciación en la vigilancia epidemiológica con muestreos poblacionales aleatorios está en proceso de implementación, y los resultados aún son preliminares, por lo que no se muestran en este informe. De forma paralela, se ha establecido un sistema de cribado para poder estimar la prevalencia de las distintas variantes en España. Este sistema está aportando una información muy valiosa, pero aún no permite conocer con precisión la prevalencia general, cuya estimación se realizará en breve con los datos de los muestreos aleatorios secuenciados.

B.1.1.7

Esta variante da negativo a la detección del gen S (SGTF) en las pruebas diagnósticas PCR que incluyen dicha diana, por lo que el uso de estas pruebas puede servir de cribado para valorar la



evolución de la presencia de la variante B.1.1.7 en un territorio. También se pueden usar como medida indirecta de la presencia de esta variante PCR's específicas dirigidas frente a la mutación N501Y, si bien esta mutación también se observa en las otra dos variantes de interés (B.1.351 y P.1).

Disponemos de datos indirectos de su evolución en nuestro territorio por cribados mediante la detección del marcador SGTF o mediante PCR específica dirigida frente a la mutación N501Y. La correlación entre estos marcadores y la variante B.1.1.7 aumenta a medida que va reemplazando a las otras variantes circulantes. En algunas zonas de nuestro país, de las que se dispone de datos, esta correlación es superior al 90% en las últimas semanas.

En la tabla 3 se muestran los datos más recientes de cada una de las Comunidades.

Tabla 3. Porcentaje de B.1.1.7 estimado mediante marcador SGTF o PCR específica N501Y y número de muestras realizadas con esta técnica durante las semanas epidemiológicas a las que se hace referencia

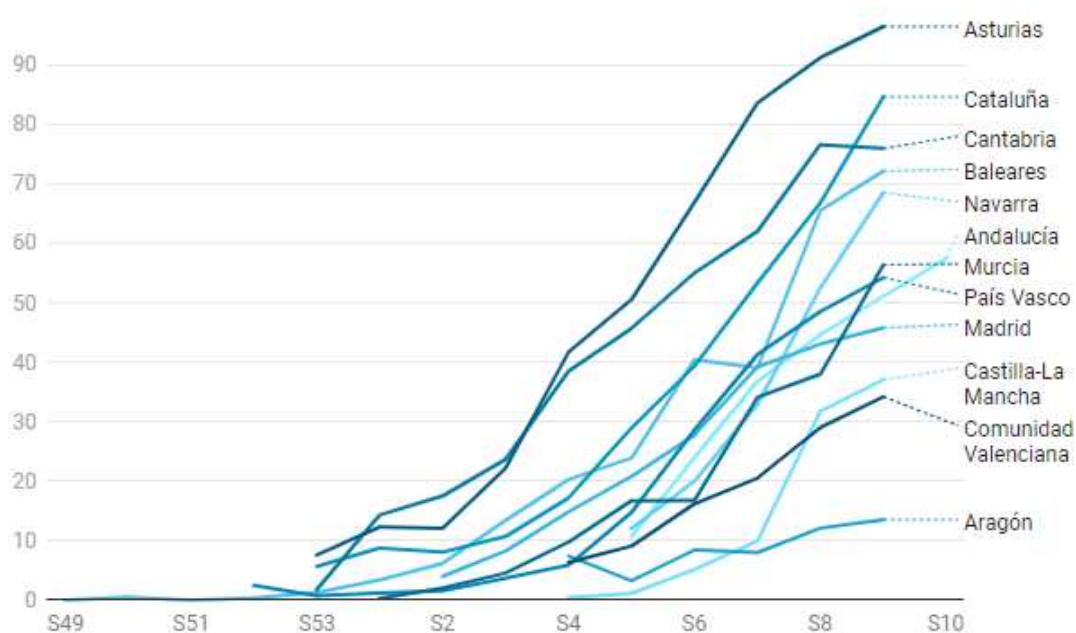
Comunidad autónoma	Última semana epidemiológica con datos disponibles	% SGTF o N501Y (n)	% semana previa (n)
Andalucía	10	57,5 (814)	51,1(805)
Aragón	9	13,6 (310)	12,1 (404)
Asturias	9	96,4 (335)	91,2 (332)
Baleares	9	72,1 (208)	65,5 (290)
Canarias*	-	-	-
Cantabria	9	75,9 (108)	76,5 (209)
Castilla-La Mancha	9	37,1 (356)	31,8 (384)
Castilla y León	53 (2020)	14,3 (519)	
Cataluña	9	84,6 (1091)	66,8 (1777)
Ceuta	-	-	-
C. Valenciana	9	34,2 (79)	29 (186)
Extremadura	-	-	-
Galicia	4	53,3 (60)	56,2 (48)
Madrid	9	45,8 (511)	43,1 (799)
Melilla	9	47,4 (76)	21,8 (78)
Murcia	9	56,4 (291)	38 (484)
Navarra	8	68,5 (181)	52,5 (200)
País Vasco	9	54,2 (830)	48,6 (725)
La Rioja	3	0 (300)	-

*Se dispone de información sobre la Comunidad de Canarias basada en los resultados de secuenciación de muestras no aleatorias. Según estos datos, el porcentaje de muestras secuenciadas entre la semana 52 de 2020 y la 7 de 2021 correspondiente a la variante fue del 18,28% (en la semana 7, 10 de 37 muestras secuenciadas).

Estas series de datos nos permiten observar la evolución de la variante en distintas comunidades a lo largo de las últimas semanas (Figura 1). Es importante destacar que en

aquellas comunidades en las que se dispone datos desglosados para cada laboratorio se observan importantes diferencias regionales. Los datos considerados poco representativos (por proceder de un número reducido de laboratorios en comunidades pluriprovinciales) han sido excluidos del gráfico. En algunos casos se recogen parte de los datos retrospectivamente de manera que los valores de la serie pueden variar de una semana a otra.

Figura 1. Evolución de los marcadores de B.1.1.7 por comunidades en las últimas semanas



Fuente: elaboración propia con datos aportados por las Comunidades Autónomas

B.1.351

Hasta la fecha se han detectado dos casos esporádicos y 8 brotes (en los que el total de casos implicados era de 55 personas). Se han confirmado 22 de estos casos mediante secuenciación. Dos brotes y un caso esporádico están relacionados con viajes a Tanzania, Camerún y Sudáfrica respectivamente.

En 6 brotes y un caso esporádico no se ha podido identificar ningún vínculo con las zonas de alta prevalencia. Cuatro de estos brotes han sido detectados en un mismo municipio.

P.1

Se han detectado dos casos aislados y tres brotes, con un total de 15 casos.

En un caso esporádico y dos brotes con 13 casos en total, no ha podido establecerse vínculo epidemiológico con Brasil. Uno de los casos incluido dentro de uno de estos brotes es un caso de reinfección probable.



SECRETARÍA DE ESTADO DE
SANIDAD

DIRECCIÓN GENERAL DE SALUD
PÚBLICA

**Centro de Coordinación de Alertas y
Emergencias Sanitarias**

Otras variantes

La repercusión que otras variantes, diferentes a las mencionadas, puedan llegar a tener en la Salud Pública todavía se desconoce. No obstante, la combinación de mutaciones que presentan o su expansión a nivel local en ciertas localizaciones hacen recomendable el seguimiento de su situación epidemiológica en estos momentos.

P.2: Se han detectado dos casos esporádicos en viajeros procedentes de Brasil (ambos confirmados mediante secuenciación). Por otra parte se han detectado un brote familiar con tres casos positivos (de los cuales uno confirmado por secuenciación) y un brote hospitalario con 9 casos (todos confirmados por secuenciación) sin vínculos conocidos con Brasil.

B.1.525: en enero de 2021 se detectó un caso por secuenciación. No se tienen datos epidemiológicos de este caso.

P.1.429: Se han detectado 25 casos (6 de ellos confirmados por secuenciación). Se trata de 3 casos esporádicos y tres brotes en una misma comunidad autónoma (con un total de 22 casos implicados). En ninguno de los casos se han identificado antecedentes de viaje.

C.16: se ha detectado un caso confirmado por secuenciación. No se tienen datos epidemiológicos de este caso.