



SECRETARÍA DE ESTADO DE  
SANIDAD

DIRECCIÓN GENERAL DE  
SALUD PÚBLICA

Centro de Coordinación de Alertas y  
Emergencias Sanitarias

19 de abril de 2021

## Actualización de la situación epidemiológica de las variantes de SARS-CoV-2 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 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:

- Sustitución rápida de las variantes previas. Dominante en la mayor parte de los países europeos y en algunas otras localizaciones (Israel).
- 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, es de claro predominio en todo el territorio. Todas las CCAA en la semana 14 están por encima del 70% (rango entre el 74,2% y el 98,8%)

#### Variante B.1.351:

- Extendida en Sudáfrica y países vecinos. En Europa, todavía supone un porcentaje pequeño de los casos.
- Probablemente más transmisible y posibilidad de escape a la respuesta inmune adquirida tras la infección natural o la generada por algunas vacunas.
- En España se han notificado 3 nuevos casos desde la última actualización (más de 70 casos acumulados).

#### Variante P.1:

- Extendida en la región amazónica de Brasil. Alta prevalencia en Umbría (Italia).
- Transmisibilidad y virulencia en estudio. Posible escape a la respuesta inmune.
- En España se han detectado 3 nuevas agrupaciones de casos (32 casos en conjunto). Más de 60 casos acumulados.

## Introducción

Continuamente se van describiendo nuevas variantes de SARS-CoV-2. En la tabla 1 se resumen las características de las consideradas en estos momentos como principales variantes de mayor impacto en la salud pública o VOC (de sus siglas en inglés, *variants of concern*). En la tabla 2 se recogen otras variantes denominadas de interés (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.** Variantes de SARS-CoV-2 de mayor impacto en la salud pública (VOC).

Variante	Mutaciones más relevantes	Impacto potencial para la salud pública	Dispersión geográfica
<b>B.1.1.7</b>	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 Europa y otros países como Israel. Rápido aumento a nivel global.
<b>B.1.351 (501.V2)</b>	E484K, N501Y, K417N, L18F, A701V, del ORF1b	Probable aumento de transmisibilidad. Reducción de efectividad de algunas vacunas.	Sudáfrica, Zambia, Botsuana y otros países del cono sur africano; casos en numerosos países europeos. Importante presencia en Tirol (Austria) y en algunas regiones de Francia.
<b>P.1</b>	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 esporádicos y brotes en otros países. Elevada prevalencia en la región de Umbría, Italia.

**Tabla 2.** Principales variantes de interés (VOI).

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

<b>B.1.525</b>	E484K, F888L, 69-70 del, Q677H	Mutaciones compatibles con reducción de la capacidad de neutralización. Puede dar positivo en el cribado para SGTF	Dinamarca, RU, Países Bajos, Noruega, EEUU, Canadá. Relacionados con Nigeria
<b>B.1.427/B.1.429</b>	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>B.1.526</b>	E484K, A701V D253G	Mutaciones compatibles con reducción de la capacidad de neutralización.	Rápida expansión en área metropolitana de Nueva York
<b>C.16</b>	L425R	Mutaciones compatibles con reducción de la capacidad de neutralización.	Expansión geográfica en Portugal desde noviembre
<b>A.23.1</b>	F157L, V367F, Q613H, P681R	Mutaciones compatibles con aumento de la transmisión	Causante de la mayor parte de casos en Uganda. Escasos casos en otros países.
<b>VOC 202102/02</b>	Similar a B.1.1.7 y E484K	Similar a B.1.1.7 y posible mayor escape a la respuesta inmune	Detectada por primera vez en R.U., casos aislados en otros países. Aumento en Tirol (Austria) en Marzo de 2021.
<b>B.1.258Δ</b>	Del 69-70, G12988T, G15598A G18028T, T24910C, T26972C	Posible aumento de la transmisibilidad. Puede dar positivo en el cribado para SGTF	Importante expansión en República Checa y Eslovaquia. Presente también en otros países vecinos.

## Variantes de mayor impacto en la salud pública (VOC)

Actualmente se han detectado casos con las variantes de mayor impacto para la salud pública (VOC) en diversas CCAA. La confirmación de estos casos requiere realizar una secuenciación genómica. 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.

### B.1.1.7

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 alguna de sus mutaciones. La correlación entre estos marcadores y la variante B.1.1.7 aumenta a medida que va reemplazando a las otras variantes circulantes.

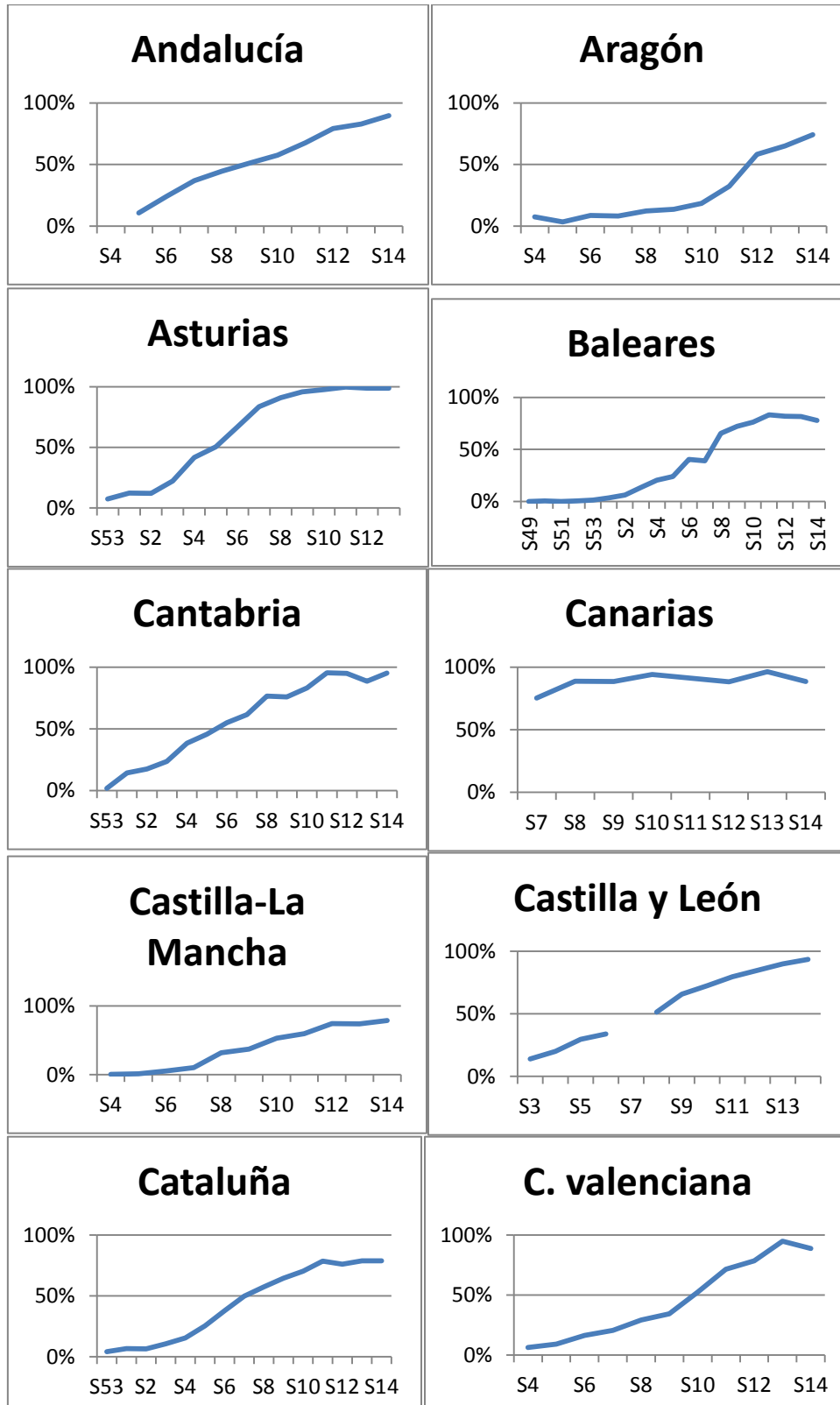
En la tabla 3 se muestran los datos más recientes de cada una de las Comunidades.

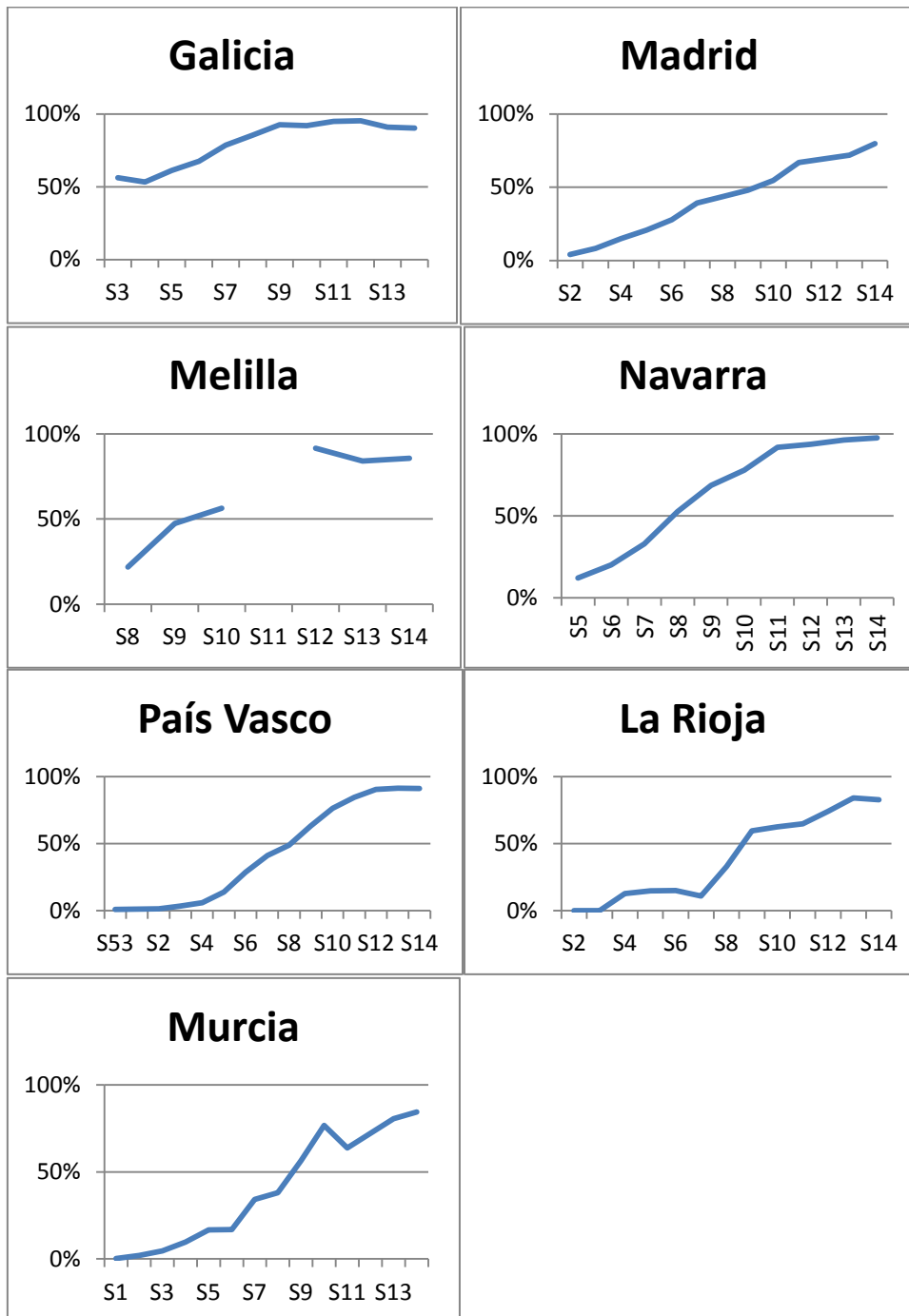
**Tabla 3.** Porcentaje de B.1.1.7 estimado mediante marcador SGTF o PCR específica y número de muestras realizadas con esta técnica durante las semanas epidemiológicas a las que se hace referencia

Comunidad autónoma	Última semana epidemiológica con datos disponibles	% Probable B.1.1.7 (n)	% semana previa (n)
Andalucía	14	96 (909)	89,8 (898)
Aragón	14	74,2 (453)	65 (200)
Asturias	13	98,8 (329)	98,7 (404)
Baleares	14	77,8 (311)	81,6 (278)
Canarias	14	88,4 (335)	96,4 (292)
Cantabria	14	95 (242)	88,6 (167)
Castilla-La Mancha	14	78,6 (1076)	76,6 (646)
Castilla y León	14	93,5 (695)	89,9 (556)
Cataluña	14	78,7 (1830)	78,7 (2062)
Ceuta	-	-	-
C. Valenciana	14	88,7 (72)	94,8 (77)
Extremadura	14	97,7 (564)	81,6 (544)
Galicia	14	90,3 (248)	90,9 (231)
Madrid	14	79,8 (564)	71,9 (491)
Melilla	14	85,6 (132)	84 (50)
Murcia	14	84,4 (205)	80,6 (180)
Navarra	14	96,1 (724)	93,7 (429)
País Vasco	14	91,1 (2392)	91,2 (1758)
La Rioja	14	82,6 (167)	84 (131)

Las series de datos nos permiten observar la evolución de la variante en distintas comunidades a lo largo de las últimas semanas (Figura 1). Actualmente no se observan diferencias importantes intra-comunitarias en las diferentes CCAA. 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

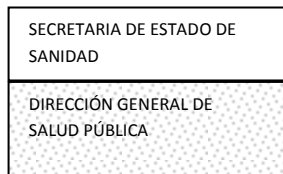




Fuente: elaboración propia con datos aportados por las Comunidades Autónomas

### B.1.351

Desde la última actualización se han notificado tres nuevos casos, dos de ellos relacionados entre sí y todos relacionados con viajes internacionales (Tanzania y Emiratos Árabes) Hasta la fecha se han detectado 4 casos esporádicos y 9 brotes (en los que el total de casos implicados



era de 72 personas). El número de casos acumulados es 79. En el 15% se ha constatado vínculos con países del continente africano.

## P.1

Desde la última actualización se han notificado tres nuevas agrupaciones de casos, una de 7 casos (dos confirmados por secuenciación), otra de 16 (4 confirmados) y otra de 9 (1 caso confirmado). El número de casos acumulados asciende a 67. El 15% se han vinculado a distintos países americanos (Brasil, Venezuela, Argentina o Paraguay).

## Variantes de interés (VOI)

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 ha 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:** desde la última actualización, se han notificado 4 casos esporádicos y 3 nuevas agrupaciones de casos: una de 6 casos, otra de 9 y otra de 22 personas. Entre todas ellas, dos personas habían recibido la pauta vacunal completa y 6 con una sola dosis. No se ha constatado relación con viajes internacionales.

**P.1.429:** desde la actualización, se ha notificado un nuevo caso importado con antecedente de viaje a Estados Unidos. El número de casos acumulados es de 26, la mayoría de ellos sin relación conocida con viajes.

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

**A.23.1:** tres casos confirmados en una misma Comunidad. Uno de ellos asociado a otro caso no secuenciado.

**B.1.258Δ:** 34 casos secuenciados hasta ahora en 5 comunidades autónomas. 16 de ellos en una misma comunidad y 5 de ellos formando parte del mismo brote junto a otros dos casos no secuenciados.



SECRETARIA DE ESTADO DE SANIDAD
DIRECCIÓN GENERAL DE SALUD PÚBLICA

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

**B.1.526:** Desde la última actualización se ha detectado una agrupación de 7 casos (uno confirmado mediante secuenciación) vinculado epidemiológicamente con Ecuador. Previamente se había confirmado un caso esporádico mediante secuenciación, vinculado a Nueva York (Estados Unidos).

**B.1.1.7 con mutación E484K:** Se ha notificado un caso esporádico sin antecedente de viaje internacional.