



SECRETARÍA DE ESTADO DE
SANIDAD

DIRECCIÓN GENERAL DE
SALUD PÚBLICA

Centro de Coordinación de Alertas y
Emergencias Sanitarias

17 de mayo de 2021

Actualización de la situación epidemiológica de las variantes de SARS-CoV-2 de mayor impacto e interés en salud pública en España

Resumen ejecutivo de la situación e implicaciones para la salud pública

- Las variantes de mayor impacto para la salud pública (VOC) son aquellas más transmisibles, más virulentas o que pueden escapar al efecto de los anticuerpos adquiridos tras infección natural o vacunación con variantes previas. Actualmente, se considera que las VOC 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, incluidas las VOC.
- La confirmación de estas variantes se realiza mediante secuenciación. Para su detección preliminar y cribado pueden utilizarse distintas técnicas de PCR.
- En España se ha realizado un esfuerzo por integrar la secuenciación en la vigilancia epidemiológica y ya se dispone de resultados desde el 1 de marzo de 2021.

Variante B.1.1.7:

- Desde hace varios meses es dominante en la mayor parte de los países europeos y en algunas otras localizaciones (Israel).
- Más transmisible, probablemente más letal aunque no parece que escape a la inmunidad.
- En todas las CCAA, en la semana 18 (del 3 al 9 de mayo), se identifica mediante marcador SGTF o PCR específica en la gran mayoría de los casos, con un rango entre el 71,5% y el 100% entre las diferentes CCAA.

Variantes B.1.351 y P1:

- **B.1.351:** Extendida en Sudáfrica y países vecinos. En Europa representa un porcentaje pequeño de los casos. Es probablemente más transmisible y posibilidad de escape a la respuesta inmune adquirida tras la infección natural o la generada por algunas vacunas.
- **P1:** Extendida en la región amazónica de Brasil. Alta prevalencia en Umbría (Italia) pero con extensión limitada a otros territorios. Posible aumento de la transmisibilidad y escape a la respuesta inmune.
- En España, en la semana 18 (del 3 al 9 de mayo), con datos de 12 CCAA, el porcentaje de casos compatibles con las variantes B.1.351 o P.1 estimados por PCR (excluyendo una comunidad en la que se incluyeron numerosas muestras procedentes de la investigación de brotes) se encuentra en un rango entre 0% y 7%.

1. 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 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 actualiza de acuerdo a las nuevas evidencias en cuanto a impacto sobre la salud pública. Recientemente se ha incluido como variantes de interés las variantes B.1.617 y B.1.621.

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.1.1.7	N501Y, del 69-70, P681H, Y144 del, A540D	Aumento de transmisibilidad Posible incremento de la gravedad y la letalidad Escaso efecto sobre la inmunidad previa.	Predominante en Europa y otros países como Israel. Rápido aumento a nivel global.
B.1.351 (501.V2)	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. Prevalencia algo más elevada en algunos departamentos de Francia.
P.1	S: N501Y, E484K, K417T, del ORF1b	Probable aumento de la transmisibilidad y escape a la respuesta inmune.	Región de Manaus (Brasil). Casos esporádicos y brotes en otros países. Elevada prevalencia en la región de Umbría, Italia.

Tabla 2. Variantes de interés SARS-CoV-2 (VOI).

Variante	Mutaciones más relevantes	Impacto potencial para la salud pública	Dispersión geográfica
P.2	E484K	Mutaciones compatibles con escape a la respuesta inmune a variantes previas.	Brasil (Río de Janeiro). Casos aislados en otros países, relacionados con viajes
B.1.525	E484K, F888L, 69-70 del, Q677H	Mutaciones compatibles con escape a la respuesta inmune a variantes previas. Puede dar positivo en el cribado para SGTF	Dinamarca, RU, Países Bajos, Noruega, EEUU, Canadá. Relacionados con Nigeria

B.1.427/B.1.429	L425R, S13I, W152C	Mayor transmisibilidad y leve a moderado escape a la respuesta inmune a variantes previas.	Aumento en noviembre-diciembre en California. Escasos casos en países europeos.
B.1.526	E484K, A701V D253G	Mutaciones compatibles con escape a la respuesta inmune a variantes previas.	Rápida expansión en área metropolitana de Nueva York
A.23.1	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.1.1.7 con E484K	Similar a B.1.1.7 y E484K	Similar a B.1.1.7 y escape a la respuesta inmune	Detectada por primera vez en Reino Unido; casos aislados en otros países.
B.1.617*	L452R, P618R, +/- E484Q	Mutaciones compatibles con posible escape a la inmunidad y con moderado aumento de transmisibilidad	Reciente expansión en la India coincidiendo con aumento de la incidencia. La mayoría de casos detectados en otros países, son importados. Transmisión comunitaria en Reino Unido.
B.1.621	R346K, E484K, N501Y	Mutaciones compatibles con aumento de la transmisibilidad y escape a la respuesta inmune a variantes previas.	La mayor parte de las secuencias proceden de Colombia.

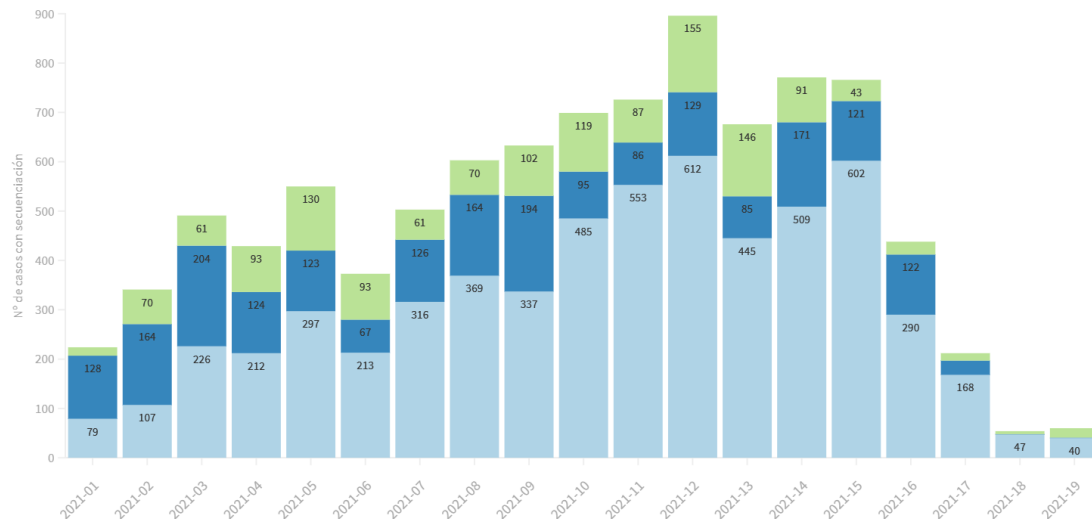
*Dentro de este linaje se incluyen B.1.617.1 (con las mutaciones L452R y E484K y con expansión reciente), B.1.617.2 (con la mutación L452R pero sin E484Q y con expansión reciente) y B.1.627.3 (con las mutaciones L452R y E484Q pero que no ha mostrado expansión).

2. Variantes de mayor impacto en la salud pública (VOC)

Información derivada de la secuenciación e integrada en el Sistema de Vigilancia de España

Desde el inicio de 2021, se ha realizado en España un esfuerzo para la confirmación de la presencia de variantes de SARS-CoV-2 mediante técnicas de secuenciación. Para conocer la incidencia de cada uno de los tipos de variantes de impacto para la salud pública, se lleva a cabo la secuenciación de un muestreo aleatorio de los casos en cada comunidad. Aunque todas las comunidades están llevando a cabo estas actividades de vigilancia basadas en la secuenciación, la información disponible en el Sistema de Vigilancia en España (SiViEs) es todavía limitada. Se trata de información correspondiente a 9 comunidades y las dos ciudades autónomas. Dado que las técnicas de secuenciación completa son laboriosas, los resultados presentan mayor retraso que los cribados con PCR y el número de casos secuenciados incorporados en las últimas semanas es todavía escaso.

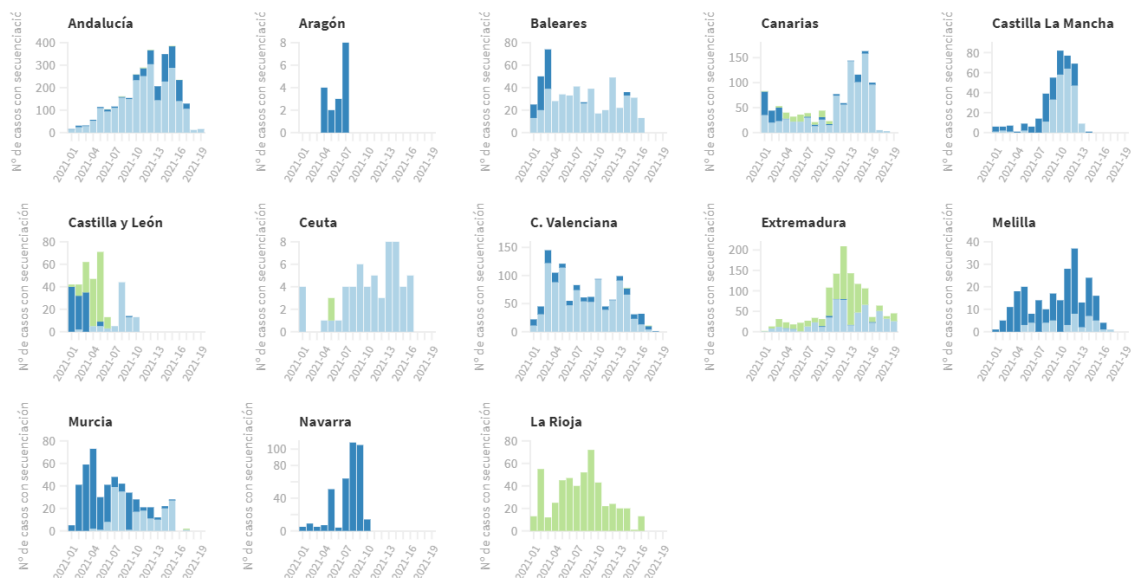
Figura 1. Número de casos secuenciados en España, en las semanas 9 a 19 de 2021 (1 de marzo a 16 de mayo).



Azul claro: asociado a muestreo aleatorio; azul oscuro: no asociado a muestreo; verde: no consta

Fuente: SiViEs, a 17 de mayo. Datos preliminares, sujetos a modificaciones por retrasos de notificación.

Figura 2. Número de casos secuenciados en las comunidades autónomas en las semanas 9 a 19 de 2021 (1 de marzo a 16 de mayo).



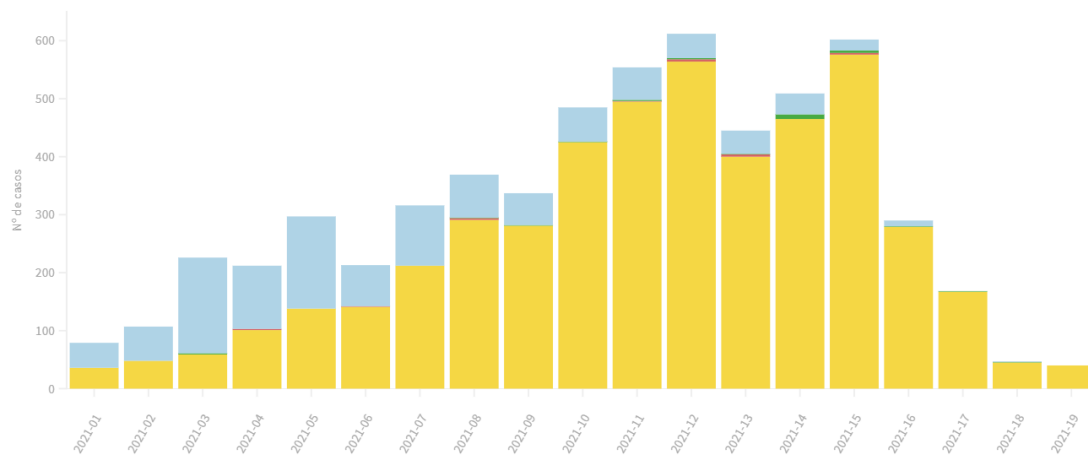
Azul claro: asociado a muestreo aleatorio; azul oscuro: no asociado a muestreo; verde: no consta

Fuente: SiViEs a 17 de mayo. Datos preliminares, sujetos a modificaciones por retrasos de notificación.

A pesar de que los muestreos se realizan de forma aleatoria, la ausencia de datos de algunas comunidades y la diferente proporción en la que contribuye cada una de ellas respecto al total

de sus casos confirmados no permiten establecer todavía porcentajes representativos a nivel nacional de la circulación de cada una de las variantes de mayor impacto para la salud pública. No obstante, el número de casos secuenciados de cada tipo de variante respecto al total en estos muestreos y su evolución siguen ofreciendo una información valiosa que se refleja en la figura.

Figura 3: Número de muestras secuenciadas en España por tipo de variante y por semana epidemiológica entre las semanas 9 y 19 (28 de febrero a 16 de mayo).



Amarillo: B.1.1.7; rojo: B.1.351; verde: P.1; azul claro: otras.

Fuente: SiViEs a 9 de mayo. Datos preliminares, sujetos a modificaciones por retrasos de notificación.

Información derivada de los cribados mediante PCR específicas

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 analizadas con esta técnica durante las semanas epidemiológicas a las que se hace referencia

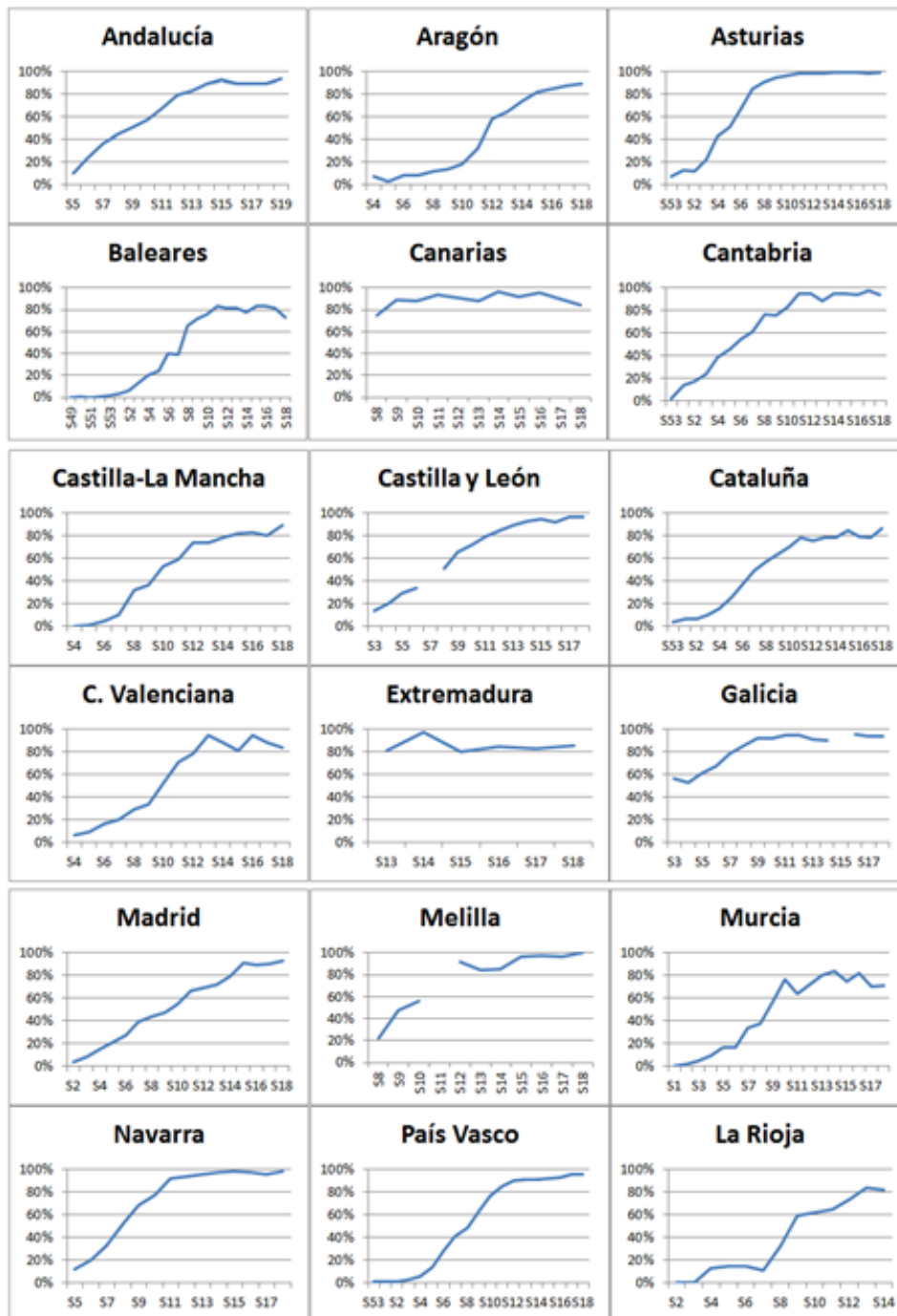
Comunidad autónoma	Última semana epidemiológica con datos disponibles	% Probable B.1.1.7 (n)	% semana previa (n)
Andalucía	19	93,9 (807)	89,4 (818)
Aragón	18	89,9 (307)	87,8 (213)
Asturias	18	99,5 (207)	98,6 (292)
Baleares	18	73,5 (283)	81,8 (352)
Canarias	18	84,7 (275)	90,2 (409)
Cantabria	18	94,3 (337)	97,8 (539)
Castilla-La Mancha	18	89,9 (1068)	80,8 (1313)
Castilla y León	18	97 (527)	92,4 (565)
Cataluña	18	86,8 (2073)	78,7 (2855)
Ceuta*	-	-	-
C. Valenciana	18	83,6 (55)	89 (181)
Extremadura	18	86,9 (379)	83,2 (469)
Galicia	18	94,1 (522)	93,9 (509)
Madrid	18	93 (518)	90,6 (1135)
Melilla	18	100 (46)	96,7 (60)
Murcia	18	71,5 (151)	70,4 (169)
Navarra	18	98,8 (506)	95,5 (464)
País Vasco	18	96,2 (2243)	96,3 (2837)
La Rioja	14	82,6 (167)	84 (131)

Fuente: elaboración propia con información aportada por las CCAA.

*Los datos más completos para Ceuta son los de secuenciación. Desde enero de 2021 se han secuenciado 78 muestras, 69 de las cuales correspondían a la variante B.1.1.7.

Durante los primeros meses de 2021 todas las comunidades registraron una progresiva expansión hasta alcanzar los niveles actuales en los que se mantiene estable (figura 3). A pesar del predominio observado desde hace semanas, es importante continuar vigilando la prevalencia de B.1.1.7 mediante este método hasta disponer de información representativa de la secuenciación en todas las comunidades ya que un descenso en su prevalencia podría ser un marcador indirecto de la expansión de otras variantes.

Figura 3. 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 y P.1

Un número cada vez mayor de laboratorios está empezando a utilizar pruebas de PCR capaces de identificar muestras compatibles con variantes B.1.351 o P.1 (aunque en la mayoría de los casos no es posible diferenciar entre ambas). Los datos disponibles corresponden a 9 CCAA en las semanas 15 y 16 (tabla 4). Hay que tener en cuenta que no en todas las muestras analizadas corresponden a casos seleccionados aleatoriamente. Por esta razón y por no disponer de datos de todas las CCAA, los resultados no pueden considerarse representativos a nivel nacional.

Tabla 4. Porcentaje de probables B.1.351/P.1 estimado mediante marcador PCR específica y número de muestras analizadas con esta técnica durante las semanas epidemiológicas a las que se hace referencia

Comunidad autónoma	Última semana epidemiológica con datos disponibles	% Probable B.1.351/P.1	% semana previa (n)
Andalucía	18	0 (157)	0(146)
Aragón	18	0 (208)	0 (95)
Asturias	18	1* (200)	5,5 (253)
Canarias	18	13,7** (197)	2,5 (209)
Cantabria	18	2,1 (337)	0,4 (539)
Cataluña	18	1,5 (735)	1,6 (1160)
C. Valenciana	18	7 (43)	8,4 (119)
Extremadura	18	0 (379)	0,8 (469)
Galicia	18	4,8 (413)	2,5 (403)
Madrid	18	3,5 (482)	3,4 (1028)
Navarra	18	1,2 (506)	0,6 (464)
País Vasco	18	1,8* (2243)	2,6 (2837)

Fuente: elaboración propia con información aportada por las CCAA.

*Asturias: 1% compatible con P.1; País Vasco: 0,4% compatible con B.1.351 y 1,38% compatible con P.1

**Canarias: en la semana 18 se incluyen muestras de dos brotes ocasionados por B.1.351 y P.1 respectivamente.

3. 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. A continuación se resumen los casos y brotes por estas variantes notificados hasta ahora.



SECRETARIA DE ESTADO DE SANIDAD
DIRECCIÓN GENERAL DE SALUD PÚBLICA

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

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 confirmado 5 nuevos casos pertenecientes a un brote de 14 personas. En total 48 casos acumulados, 7 de ellos relacionados con un viaje internacional.

B.1.429: el número de casos acumulados es de 26, la mayoría de ellos sin relación conocida con viajes.

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

B.1.526: desde la última actualización se ha notificado una agrupación de 3 casos detectados sin que conste antecedente de viaje internacional. 14 casos acumulados hasta ahora, 8 de ellos vinculados todos a viajes a países americanos.

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

B.1.617: desde la última actualización se ha notificado un nuevo brote con 7 casos del linaje B.1.617.2 en un barco.

Anteriormente se habían notificado un brote, con 5 casos (2 confirmados por secuenciación pertenecientes al sublinaje B.1.617.1) que afecta a distintas CCAA relacionado con un caso importado de la India y tres brotes del sublinaje B.1.617.2 en barcos con varios tripulantes afectados. El primero de ellos con 8 casos, y dos posteriormente con 6 y 4 casos. Además se han detectado otros tres casos posiblemente relacionados con uno de estos brotes.

Se han detectado además, algunos casos esporádicos en viajeros procedentes de India.

B.1.621: catorce casos pertenecientes a este linaje han sido secuenciados en una comunidad autónoma. Corresponden a 5 casos esporádicos y 5 brotes con un total de 57 casos sin antecedentes conocidos de viajes internacionales. Se ha confirmado otro caso en un viajero procedente de Colombia.