



SECRETARÍA DE ESTADO DE  
SANIDAD

DIRECCIÓN GENERAL DE  
SALUD PÚBLICA

Centro de Coordinación de Alertas y  
Emergencias Sanitarias

31 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 20 (del 17 al 23 de mayo), se identifica mediante marcador SGTF o PCR específica en la gran mayoría de los casos, con un rango entre el 64,5% y el 100% entre las diferentes CCAA.

#### Variantes B.1.351 y P1:

- **B.1.351:** Predominante 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:** Predominante en América del Sur, especialmente en Brasil. Presente en numerosos países europeos en baja frecuencia. 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 20 (del 17 al 23 de mayo), con datos de 12 CCAA, el porcentaje de casos compatibles con las variantes B.1.351 o P.1 estimados por PCR se encuentra en un rango entre 0% y 8%.

## 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 (por 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 actualiza de acuerdo a las nuevas evidencias en relación al impacto sobre la salud pública.

**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 gravedad y la letalidad Escaso escape de la inmunidad previa.	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. Prevalencia algo más elevada en algunos departamentos de Francia.
<b>P.1</b>	S: N501Y, E484K, K417T, del ORF1b	Probable aumento de la transmisibilidad y escape a la respuesta inmune.	Dominante en América del Sur, especialmente en Brasil. Baja frecuencia en países europeo (prevalencia más elevada 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
<b>P.2</b>	E484K	Mutaciones compatibles con escape a la respuesta inmune frente a variantes previas.	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 escape a la respuesta inmune frente a variantes previas. 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 moderado escape a la respuesta inmune frente a variantes previas.	Aumento en noviembre-diciembre en California. Escasos casos en países europeos.
<b>B.1.526</b>	E484K, A701V D253G	Mutaciones compatibles con escape a la respuesta inmune frente a variantes previas.	Rápida expansión en área metropolitana de Nueva York
<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>B.1.1.7 con E484K</b>	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>B.1.617*</b>	L452R, P618R, +/- E484Q	Mutaciones compatibles con posible escape a la inmunidad y con moderado aumento de transmisibilidad. Leve disminución de la efectividad vacunal.	Reciente expansión en la India coincidiendo con aumento de la incidencia. La mayoría de casos detectados en otros países, son importados. Mayoritaria en Reino Unido en el momento actual.
<b>B.1.621</b>	R346K, E484K, N501Y	Mutaciones compatibles con aumento de la transmisibilidad y escape a la respuesta inmune frente a variantes previas.	La mayor parte de las secuencias proceden de Colombia.

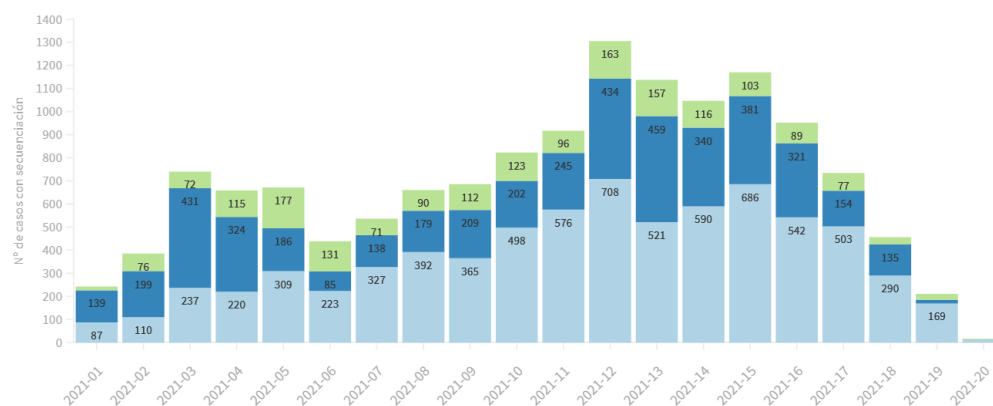
\*Dentro de este linaje se incluyen B.1.617.2 (con la mutación L452R pero sin E484Q y con expansión reciente), B.1.617.1 (con las mutaciones L452R y E484K y con una expansión más limitada), y B.1.627.3 (con las mutaciones L452R y E484Q pero que no ha mostrado expansión).

## 2. 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. En las semanas más recientes hay información disponible de Andalucía, Baleares, Canarias, Castilla y León, Comunidad Valenciana, Extremadura, Murcia, Navarra, La Rioja, Ceuta y Melilla. 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. Es necesario seguir

avanzando en este proceso de integración, acortar los tiempos de respuesta y, sobre todo, incorporar la información de las comunidades que aún no han podido hacerlo.

**Figura 1.** Número de casos secuenciados en España, en las semanas 9 a 20 (1 de marzo a 23 de mayo) de 2021.



Azul claro: asociado a muestreo aleatorio; azul oscuro: no asociado a muestreo; verde: no consta. Fuente: SiViEs a 21 de mayo. Datos preliminares, sujetos a modificaciones por retrasos de notificación.

**Figura 2.** Porcentaje de casos secuenciados respecto del total de casos en cada comunidad (de aquellas para las que hay información disponible) en las semanas 9 a 19 (1 de marzo a 16 de mayo) de 2021.



Verde: asociado a muestreo aleatorio; Rojo: no asociado a muestreo o no consta. Fuente: SiViEs a 28 de mayo. Datos preliminares, sujetos a modificaciones por retrasos de notificación.

Los datos disponibles nos permiten analizar los resultados para cada tipo de variante: Las tablas 3 y 4 recogen el número de muestras secuenciadas totales y asociadas a muestreo aleatorio respectivamente. La figura 3 representa los porcentajes por tipo de variante según los resultados de los muestreos aleatorios. Estos porcentajes no son representativos a nivel nacional ya que, 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 limitan, por el momento, el valor de esta información.

**Tabla 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) de 2021.

	S-09	S-10	S-11	S-12	S-13	S-14	S-15	S-16	S-17	S-18	S-19
<b>B.1.1.7</b>	518	708	809	1.206	1.047	957	1.079	846	636	398	193
<b>B.1.351</b>	2	0	1	8	5	14	5	4	2	2	3
<b>B.1.525</b>	0	1	4	2	5	3	1	7	3	2	0
<b>B.1.526</b>	0	0	0	0	0	0	0	8	13	12	5
<b>B.1.617</b>	0	0	0	0	0	0	0	1	0	2	0
<b>B.1.617.1</b>	0	0	0	0	0	0	0	0	2	5	0
<b>B.1.617.2</b>	0	0	0	0	0	2	0	2	18	23	3
<b>B.1.621</b>	0	0	0	7	7	3	4	13	21	8	0
<b>P.1</b>	5	1	4	7	8	32	57	55	37	17	7
<b>P.2</b>	33	18	30	30	34	14	10	8	20	6	0
<b>Otras</b>	160	113	97	77	65	61	32	22	20	7	0
<b>Total</b>	718	841	945	1.337	1.171	1.086	1.188	966	772	482	211

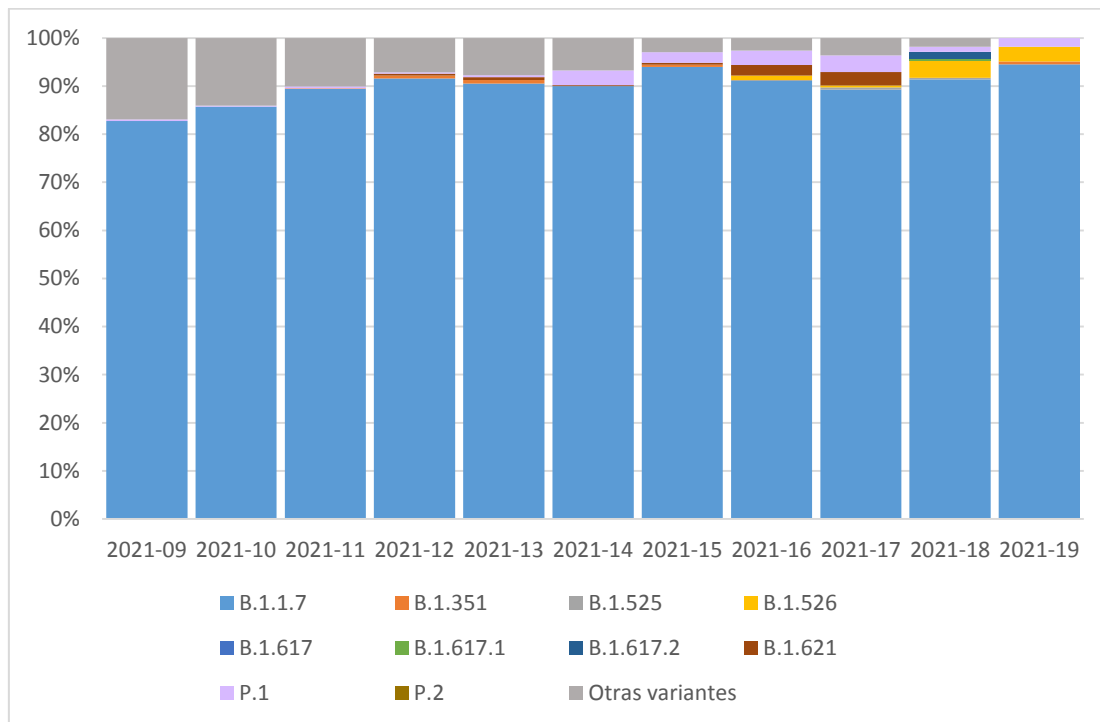
Fuente: SiViEs a 28 de mayo de 2021. Datos preliminares, sujetos a modificaciones por retrasos de notificación.

**Tabla 4.** Número de muestras aleatorias secuenciadas en España por tipo de variante y por semana epidemiológica entre las semanas 9 y 19 (28 de febrero a 16 de mayo) de 2021.

	S-09	S-10	S-11	S-12	S-13	S-14	S-15	S-16	S-17	S-18	S-19
<b>B.1.1.7</b>	283	414	513	643	467	523	640	488	442	255	155
<b>B.1.351</b>	0	0	1	4	4	0	3	0	0	0	1
<b>B.1.525</b>	0	0	0	0	0	0	0	1	2	1	0
<b>B.1.526</b>	0	0	0	0	0	0	0	5	2	10	5
<b>B.1.617</b>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<b>B.1.617.1</b>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
<b>B.1.617.2</b>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4	0
<b>B.1.621</b>	0	0	0	3	3	1	3	12	14	0	0
<b>P.1</b>	1	1	2	2	2	18	15	16	17	3	3
<b>P.2</b>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<b>Otras</b>	58	68	58	50	40	39	20	14	18	5	0
<b>Total</b>	342	483	574	702	516	581	681	536	495	279	164

Fuente: SiViEs a 28 de mayo de 2021. Datos preliminares, sujetos a modificaciones por retrasos de notificación.

**Figura 3:** Porcentaje de cada tipo de variante por semana epidemiológica entre las semanas 9 y 19 (28 de febrero a 16 de mayo) de 2021 entre el número de muestras secuenciadas seleccionadas aleatoriamente.



Fuente: SiViEs a 21 de mayo de 2021. Datos preliminares, sujetos a modificaciones por retrasos de notificación

### 3. 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 5 se muestran los datos más recientes de cada una de las Comunidades.

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 4). 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. Por primera vez desde la semana 14, dos comunidades muestran un descenso por debajo del 70% aunque los datos de Cataluña son

todavía preliminares. La evolución de este marcador en las próximas semanas y los resultados de la secuenciación de los muestreos correspondientes a estas fechas podrían aportar los datos necesarios para valorar si se trata de un verdadero cambio en la tendencia.

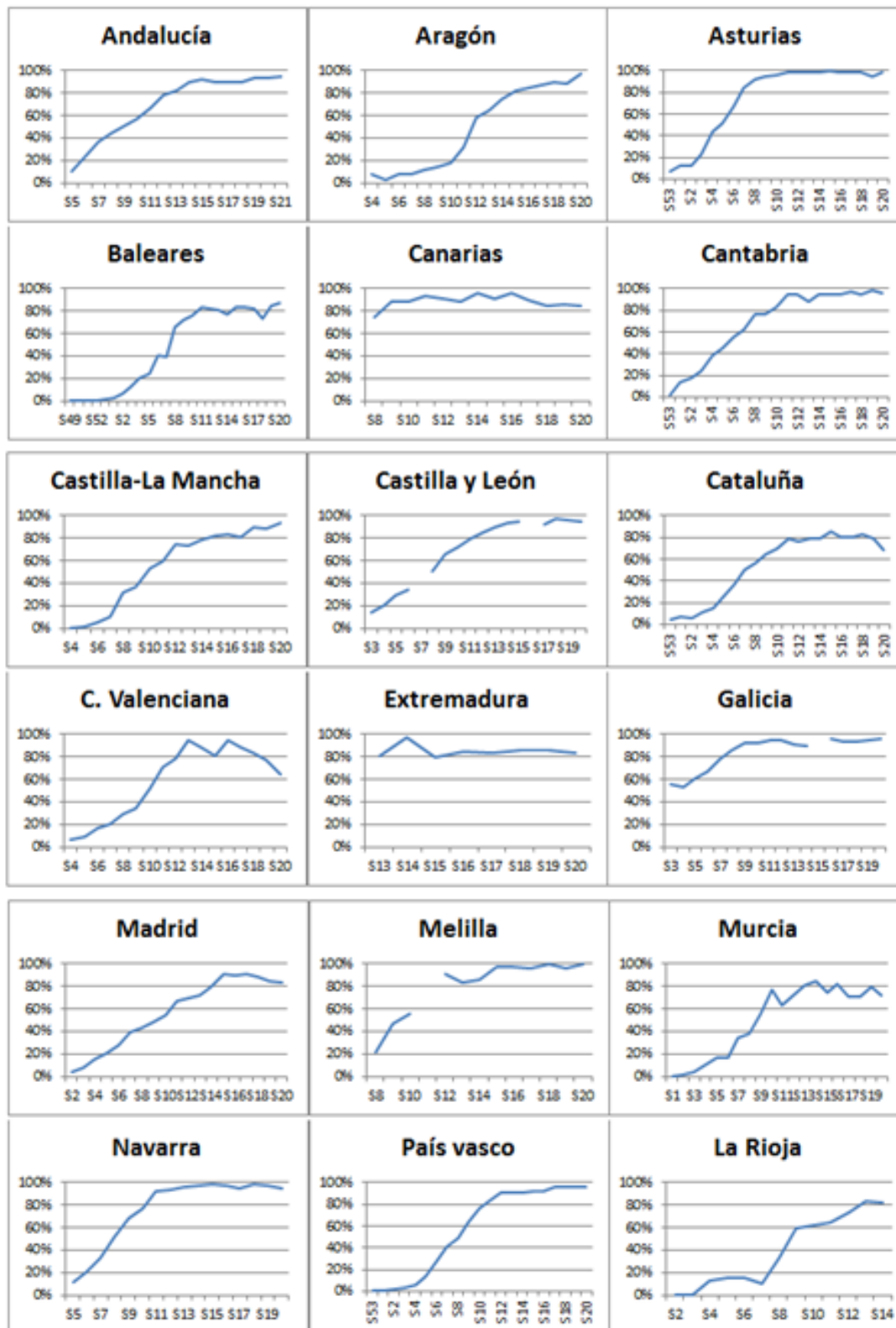
**Tabla 5.** Porcentaje de B.1.1.7 estimado mediante marcador SGTF o PCR específica y número de muestras analizadas con esta técnica durante las semanas epidemiológicas a las que se hace referencia

Comunidad autónoma	Última semana epidemiológica con datos disponibles	% Probable B.1.1.7 (n)	% semana previa (n)
Andalucía	21	95,5 (961)	93,1 (773)
Aragón	20	97,8 (182)	89 (118)
Asturias	20	99 (196)	95,1 (224)
Baleares	20	87,5 (186)	84,5 (239)
Canarias	20	84,3 (337)	85,9 (291)
Cantabria	20	95,8 (96)	98,2 (112)
Castilla-La Mancha	20	93,7 (739)	88,6 (1263)
Castilla y León	20	95,2 (312)	96,5 (514)
Cataluña	20	68,6 (964)	79,6 (1725)
Ceuta*	-	-	-
C. Valenciana	20	64,5 (62)	76,9 (91)
Extremadura	20	83,5 (309)	86,2 (369)
Galicia	20	96 (723)	94,6 (649)
Madrid	20	83,5 (369)	84,4 (642)
Melilla	20	100 (25)	95,6(46)
Murcia	20	72,4 (145)	79,1 (129)
Navarra	20	94,5 (366)	98,1 (420)
País Vasco	20	96,6(892)	96,5 (1086)
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 83 muestras, 72 de las cuales correspondían a la variante B.1.1.7.

Figura 4. 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.

La variante B.1.621, que presenta las mutaciones N501Y y E484K, podría dar también resultados positivos en el cribado.

**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	20	0,4 (234)	0 (209)
Aragón	20	0 (76)	1,5 (65)
Asturias	20	4,3* (185))	1,6 (189)
Canarias	20	3,26 (337)	6,2 (291)
Cantabria	20	2,08 (96)	0 (112)
Castilla-La Mancha	20	1,8 (272)	0,4 (1263)
Cataluña	20	8 (323)	1,5 (471)
C. Valenciana	20	5,6 (54)	2,4 (41)
Extremadura	20	0 (309)	0,3 (369)
Galicia	19	3 (572)	4,8 (413))
Madrid	20	5,7 (369)	5 (642)
Navarra	20	4,9* (366)	0,2 (420)
País Vasco	20	3,9* (892)	2,5 (1086)

Fuente: elaboración propia con información aportada por las CCAA.

\*Asturias: 4,3% compatible con P.1; Navarra: 2,5 compatible con B.1.351 y 2,5 compatible con P.1; País Vasco: 0,1% compatible con B.1.351 y 3,8% compatible con P.1



SECRETARIA DE ESTADO DE SANIDAD
DIRECCIÓN GENERAL DE SALUD PÚBLICA

Centro de Coordinación de Alertas y  
Emergencias Sanitarias

## 4. Casos y brotes (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 recogen los casos y brotes por estas variantes. No se trata de un recuento exhaustivo de todos los casos detectados en España sino de un resumen de los casos y brotes más relevantes notificados hasta la fecha.

**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:** En las últimas semanas se ha detectado un nuevo brote con 4 casos. 68 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.

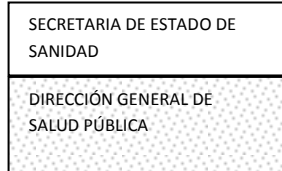
**A.23.1:** tres casos confirmados en una misma Comunidad. Uno de ellos asociado a otro caso no secuenciado.

**B.1.526:** En el último mes se han detectado en una misma comunidad 11 casos esporádicos y 5 brotes de 3, 8, 5 y 6 casos respectivamente sin que hayan podido ser vinculados a viaje internacional. 37 casos acumulados hasta ahora, 8 de ellos vinculados 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:** esta semana se han notificado 3 brotes. Uno con 13 casos sin vínculos con viaje detectados, otro con 3 casos relacionado con un viaje a Dubái y otro con 23 casos originado a partir de un caso importado desde Polonia. Además, se encuentra pendiente de confirmación un cuarto posible brote con otros tres casos sin vínculos conocidos con viajes internacionales.

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 cinco brotes del sublinaje B.1.617.2 en barcos con varios tripulantes



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

afectados. Además se han detectado otros tres casos posiblemente relacionados con uno de estos brotes.

**B.1.621:** 29 casos fueron confirmados en una misma comunidad. 17 de ellos, casos aislados. El resto pertenecían a casos implicados en brotes: 11 brotes con un total de 122 casos. Se ha descartado la posibilidad de viajes internacionales recientes en todos ellos. Cuatro correspondían a fallos vacunales.